TapeStation Analysis Software 簡易マニュアル_A02.01以降



ver. 2.1_2015.11 ご注意)本マニュアルに記載した内容は予告なしに変更することがあります 最新版は巻末のサポートページからダウンロードしてください



データの表示	
データを開く	2
Homeタブの構成	3
アイコンの説明	5

データ解析

Electropherogramの表示	7
Ladderの設定	8
ピークの編集・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・	9
Regionの設定	10
Peak/Sample Tableの編集	11
Comparison fileの作成(Electropherogramの重ねがき) …	12
DNA	13
Genomic DNAのみの機能	14
RNA	16
Protein	18
データ出力	20
ノポート作成	20

ログファイルの作成		24
-----------	--	----

<u>Ver2.0_2015.11での主な変更点</u>

D5000、High Sensitivity D5000及び4200TapeStationで取得したデータの解析機能を追記しました





■データをダブルクリックすると開きます。



デフォルト設定ではデータはMy Documents>Agilent>2200 TapeStation Dataに保存されます。 データファイルの拡張子はアッセイ名です。 例) D1000データ → 2014-01-13-01.**D1000**

■または、デスクトップ上のアイコンをダブルクリックしソフトウェアを起動します



Tool bar上の

をクリック、もしくはFile タブ→Openでファイルを選択します。

🚽 Save As	Recent Files		Recent	Places		
🚞 Open	IgG pur 🗽 Pick a	file to load	·	-		
Close	Eukaryo	Agilent > 2200 TapeStation Data >	Demo Files	- 4	Demo Filesの	検索
ent Files	C:¥Use 整理 ▼	新しいフォルダー			8	= • 🗆 (
Report	C:¥User	名前	更新日時	種類	サイズ	
	- 2013-1	3 Lougle of PNA Quality HCP6K	25/11/10 21:05	HC R6K TapaSt	405 KB	
rt Data	C:¥User	3 Levels of RNA Quality R6K	25/11/10 21:05	R6K TaneStatio	658 KB	
erties	2013-1	D1000 D1000	25/11/10 21:05	D1000 TapeStat	1 280 KB	
	C:¥User	DISCOUNTERS D1K	25/11/10 21:05	D1K TapeStatio	783 KB	
	- 2013-11	NNA ladders.HSD1K	25/11/10 21:05	HS D1K TapeSt	1.072 KB	
	C:¥User 🤰 🗉	Eukarvotic High Sensitivity RNA.HSR	25/11/10 21:05	HS RNA TapeSt	1.542 KB	-91.19
	- 2013-1	Eukarvotic RNA.RNA	25/11/10 21:05	RNA TapeStatio	1.482 KB	を表示
	2012 11	Genomic DNA.gDNA	25/11/10 21:05	qDNA TapeStati	1,014 KB	ファイ
	C:XU:cel	High Sensitivity D1000.HSD1000	25/11/10 21:05	HS D1000 Tape	1,332 KB	選択!
	2013-11	IgG purification from lysate.P200	25/11/10 21:05	P200 TapeStati	836 KB	র.
	C:¥User	Prokaryotic High Sensitivity RNA.HS	25/11/10 21:05	HS RNA TapeSt	794 KB	
	2013-1	Prokaryotic RNA.RNA	25/11/10 21:05	RNA TapeStatio	786 KB	
	C:¥User	SureSelect Post Shear Samples.D1K	25/11/10 21:05	D1K TapeStatio	2,025 KB	
	- 2013-12					
	C:¥User					
	2013-1:					
	C:VUser					
	2013-11	ファイル名(N): ation Data¥Demo	Files¥IgG purification	on from lysate.P200 🗸	All TapeStation	Data Files (*
	C:¥User					

Homeタブの構成

- ・Ribbon:操作アイコンが表示されます。表示されるアイコンはAssayにより異なります。
- ・Sample Information: データファイル名、サンプルウェル、サンプル名が表示されます。
- Gel Image: Markerで補正されたゲル画像が表示されます。
 Lower Markerは緑、Upper Markerは紫のバンドで示されます。
 Alertがある場合はレーン上部、DINやRINeはレーン下部に表示されます。

・Peak Table: 選択したサンプルの各ピークのサイズや濃度等が表示されます。 表示される項目はアッセイにより異なります。

・Sample Table: 全サンプルの濃度等が表示されます。 表示される項目はアッセイにより異なります。

Peak Table Sample Table

Peak/Sample Tableはタブで切り替えます



4200TapeStationで複数のScreenTpaeで泳動した場合



Tape毎にデータを表示することができます。 Plate Selector右のTapeの絵をクリックしてください。



例) ScrennTape1枚目のデータ









Electropherogramの表示

Electropherogramはシグナルの詳細を確認、編集するのに適しています。

"Electropherogram"のアイコンをクリックします。 Gel-imageの横にElectropherogramが表示されます。 ウェル、サンプル名、レーンで選択されたサンプル(青く表示)のElectropherogramが表示されます。



Peak Tableのデータ

選択されたサンプル(青く表示)のデータが表示されます。表示項目はアッセイにより異なります。 詳細はそれぞれのアッセイのページをご参照ください。

Sample Tableのデータ

全てのサンプルのデータが表示されます。表示項目はアッセイにより異なります。 詳細はそれぞれのアッセイのページをご参照ください。 データに問題があった場合、タブに "小"が表示されますので内容を確認してください。 "Observations" カラムの "?" をクリックすると、Helpで詳細を見ることができます。 Alertの内容に関しましてはp20-21をご参照ください。



ソフトウェアがLadderと設定したウェル及びレーンには "L"と表示されます。



■Ladderを泳動した場合

・1番目のウェルにLadderを泳動した場合

(泳動時にController software上でLadderを入れた箇所が黄色で表示されていた場合)

→ Ladder設定の必要はありません。



・1番目以外にLadderを泳動した場合

①Ladderを泳動したウェルもしくはレーンを選択します。

② 🚴 Assign をクリックします。

③指定したウェル及びレーンに "L"と表示されます。

■Ladderを泳動しなかった場合

ソフトウェアに保存されているLadderデータを使用します。

- ! Genomic DNA、D5000、High Sensitivity D5000のLadderデータはソフトウェアに保存されていません。
 毎回Ladderを泳動する必要があります。
- ! Ladderを泳動した場合と比較して、サイズが正確に測定できない可能性があります

 ① Insert もしくは Insert All をクリックします。
 ②挿入されたLadderが表示され、サンプルのサイズが 計算されます。

も性があ	あります	A0(L)	A1	we A (1, 04 - 00000 J)			- 0.4
L 1 2 A	response Auger A	, MAX AN BI CO	01 61 91 64	C Raad C Raad C Raad C	Totactor Redre	An 21 Seture 2010 AZ DISC LANSE	
		2		Service connection (101-10)			
	Compare Descriptions All: 01000 Ladder All: 01000 Ladder All: 01000 Ladder All: Observed House gDNA (3 rag/s) Cli: Sheared House gDNA (3 rag/s) Cli: Sheared House gDNA (3 rag/s) (1): Sheared House gDNA (3 rag/s)	Pesi Table Samp	e Table	·	n 2	00 00 00 00 00 00 00 00 00	Size (tp)
	F1: Lodder A G3: Lodder B	110	1.94	29.5	11.25		1
	A2: D1000 Ladder	299	2.22	11.4	12.00		- 11
	82: 600bp fragment (30 ng/µ) (2: 600bp fragment (5 ng/µ)	400	2.10	8.45	12.62		
	Contra Academic	511	2.39	7.02	13.22		- U.
	A Concerno	647	2.17	4.79	12.55		
	AL CONFORMATION						





Electropherogram上でピークの編集を行います。



200

ソフトウェアが認識したピークにはベースラインが表示されています。 編集したいピークのベースラインをクリックします。 選択したベースラインが赤く表示され、自由に動かすことができます。ピークトップも自由に動かすことができます





Electropherogram上で右クリックし、"Add Peak"を選択します。"Delete Peak"で削除できます。





Size [bp]

500

A

Edit Peaks

もしくは "Edit Peaks"アイコンをONにすると、ダブルクリックでピークが追加されます。

<u>Markerが認識されていない または 間違って認識されている場合</u> Markerのピークを選択し(赤く表示されます) 右クリックから "Assign as Lower/Upper Marker"を 選択してください。

<u>Electropherogramの拡大</u>

Electropherogram上でドラッグすると拡大できます。("Edit Peaks"はOFFにしてください)









任意の範囲でのaverage sizeや濃度を計算したい場合はRegion Assayが最適です。

■ Regionを設定する

 (1) "Region" アイコンをクリックします。
 (2) Electropherogram上で右クリック、 "Add Region"を選択します。
 (3) 任意の範囲に設定します。





もしくは "Edit Regions"アイコンをONにすると、 ダブルクリックでRegionが追加されます。



■全てのレーンで同じRegionを設定する場合

 (1) "Region Settings"アイコンをクリックします。
 (2) Region設定画面に任意の数字を入力し、 Apply to fileをクリックします。





A

000 1,000 5,000

Peak/Sample Tableを編集する

■表示されていない項目を追加したい

Tableの項目カラム上(□□)で右クリック → "Show Column Chooser"を選択

Column Chooserの中から表示したい 項目をドラッグし、項目カラム上へ移動し、 矢印 🟅 が表示されたらその場所に 選択した項目を追加できます。

Column Chooserに表示される項目はアッセイや Tableによって異なります。

項目をTableから除きたい場合は、 カラムをColumn Chooserへドラッグします。 またはTable外にColumnをドラッグします。

<u>R</u> ==

111

M

📰 🏠 🍳



Peak Table Sample Table 285/185 (Area)

Column 右下に 🧐 が表示されます。

L	Peak Tal	ole Sa	mple Table	285/	/18S (Area)	
	Well	RINe	285/185 (Ar	ea)	Total RNA Area	Con
	A1	-				
	R1	89	2.2		7 80	

■サンプル名を入力/編集したい

Peak Table	Sample Table					
Well		Conc. [ng/µl]	ample Description	Alert	Observations	
	A1	122	adder		Ladder	A
	B1	208	at kidney total RNA Omi			
	C1	220	at kidney total RNA 2.5			
	D1	217	at kidney total RNA 5mi			
	E1	205	at kidne, tool RNA 10m			
	F1	203	at kidney total RNA 15m	1		
	G1	210	at kidney total RNA 20n			
	H1	180	at kidney total RNA 25m	2		

サンプル名はSample Tableで記入できます。 "Sample Description"に入力してください。 テキストファイルやエクセルからcopy & pasteも可能です。

Comparison fileを作成する(Electropherogramの重ねがきをする)

注) 同じAssayでも2200で取得したデータと 4200で取得したデータは比較することができません。



- 比較したいデータを開き、 選択した状態(青く表示)で
 "Comparison" タブをクリックします。
- ②①で選択したデータと同じアッセイの データのサンプル名とgel imageが 表示されます。(違うアッセイ間では 比較できません。)
 重ねがきをするデータのサンプル名 もしくはgel imageをクリックします。
- ③選択したサンプルのgel imageと
 Electropherogramが表示されます。
 表示を取り消す場合は、もう一度
 サンプル名かgel imageをクリックします。
- ④選択した全てを取り消す場合は"Remove All Lanes" をクリックします。



 ⑤"Save Comparison File"アイコンをクリックすると 作成したファイルを保存できます。
 Comparison fileの拡張子はアッセイの前に "c"がつきます。
 例) D1000のComparison file → Comparison_X_Lanes_xxx.cD1000



Electropherogramの色などの表示形式は変更できます。 変更したいサンプル名もしくはgel image上で 右クリックします。



200 300 500 1,000 1,500



表示されない項目がある場合p10をご参照ください。



その他追加できる項目 は は り 10参照)

現日	内谷	(追加方法はpi
Size [bp]	ピークトップ のサイズ	•% of Total
Conc. [ng/µl or pg/µl]	ピークの濃度	•Area •Average Size [bp]
Peak Molarity [nmol/l or pmol/l]	ピークのMolarity	•From [%] •From [bp]
% Integrated Area	計算されたピーク面積の%	•Height •Peak Number
Peak comment	ピークについてコメントを記入できます。	•Run Distance [%]
Observations	Markerなどが表示されます	•To [bp]

Sample Table: 全サンプルのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)
Conc. [ng/µl or pg/µl]	サンプルの濃度*	・Source
Sample Description	記入されたサンプル名などが表示されます。 入力も可能です。	(Comparison fileのデータを用いた場合、 元のデータのfile名が表示されます)
Alert	データに問題があった場合、" 🤔 "が表示されます。	
Observations	Ladder, Alertの内容などが表示されます。	
*D1000/HSD1000は認	認識されたピークの合計の濃度になります	

・Region表示の場合



Sample TableはGelもしくはElectropherogram表示と同じです。 ! Regionの濃度はSample Tableには反映されません!

Region Table: 各Regionのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)
From [bp]	Region開始サイズ	•Area
To [bp]	Region終了サイズ	Region Number
Average Size [bp]	Regionの平均サイズ	
Conc. [ng/µl or pg/µl]	Regionの濃度	
Region Molarity [nmol/l or pmol/l]	RegionのMolarity	
% of Total	計算されたRegionの%	
Region comment	Region名などが表示されます。	
Color	設定されたRegionの色	

Genomic DNAのみの機能

ゲノムDNAの分解度を確認する



F1

5.5

DINの表示設定の変更

Fileタブから "Option"を選択します。 設定変更画面で色や値を変更できます。



22.4

Human gDNA (5 min fragmented)

Genomic DNAのみの機能

<u>Scale to MW Range(デフォルトではON)</u>





OFFにすることで、データ範囲が広がり ゲルとbufferの境目のシグナルを確認することができます。



注)RIN®アルゴリズムが改善されたため、A01.04以前で計算されたRIN®と値が異なる場合があります。

<u>Total RNAの分解度を確認する</u>

RNA

■ RIN^e (RNA Integrity Number equivalent)の表示

Gel imageの下及びSample Tableに表示されます。 RIN^eが表示されない場合はp22をご参照ください。



■生物種の切り替え





RNA サンプルの濃度・サイズ等を確認する 表示されない項目がある場合p10をご参照ください。							
・Gel もしくは Electroph	erogran	コ表示の場合					
<u>Peak Table: 各ピークのテ</u>	<u></u>	示されます。	Gel	ectropherogram			
項目		内容		その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)			
Size [nt]		ピークトップのサイズ		•% of Total			
Conc. [ng/µl or pg/µl]		ピークの濃度		•Average Size [nt]			
Peak Molarity [nmol/l or p	omol/l]	ピークのMolarity		•From [%] •From [nt]			
% Integrated Area		計算されたピーク面積の%		•Height •Peak Number •Run Distance [%] •To [%]			
Peak comment		ピークについてコメントを記入できます。					
Observations		Marker, rRNAなどが表示されます		•To [nt]			
Sample Table: 全サンプルのデータが表示されます。							
項目		内容		その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)			
RIN ^e	RIN ^e が表	示されます		•28S/18S (Height)			
28S/18S (Area)	28Sと18	Sのピーク面積の割合	•rRNA Area •Source				
Sample Description	記入されたサンプル名などが表示されます。 入力も可能です。		 (Comparison fileのデータを開いた場合、 元のデータのfile名が表示されます) Total PNA Area 				
Conc. [ng/µl or pg/µl]	サンプルの	濃度		Total KNA Alea			
Alert	データに問	問題があった場合、"①"が表示	示されます。				
Observations	Ladder,	Alertの内容などが表示されま	す。				

・Region表示の場合

Sample TableはGelもしくはElectropherogram表示と同じです。 ! Regionの濃度はSample Tableには反映されません!

Region Table: 各Regionのデータが表示されます。

Ν

Region

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)
From [nt]	Region開始サイズ	·Area
To [nt]	Region終了サイズ	Region Number
Average Size [nt]	Regionの平均サイズ	
Conc. [ng/µl or pg/µl]	Regionの濃度	
Region Molarity [nmol/l or pmol/l]	RegionのMolarity	
% of Total	計算されたRegionの%	
Region comment	Region名などが表示されます。	
Color	設定されたRegionの色	

Protein	
1 I OCCIII	

Electropherogram

Proteinアッセイの場合、SampleとMarkerの 検出波長が異なります。 Electropherogram上ではSampleは青、 Markerは緑で示されます。



Analysis Setting

Proteinアッセイでは分子量及び濃度の解析方法を変更することができます。



- Molecular Weight Fitting Type 分子量の検量線のパラメータを選択できます。 ・Log Linear Piecewise → 対数線形補間 (デフォルト) ・Piecewise Interpolation → 線形補間
- Concentration Method
- 濃度の計算方法を変更できます。
 - ・Custom for run → 設定した濃度を全サンプルに適用します。 (デフォルト)
 - ・Custom for each sample \rightarrow 設定した濃度をそれぞれのサンプルで適用します。

<u>濃度の設定</u>

Proteinアッセイでは濃度は計算されません。 濃度既知のサンプルがある場合、そのサンプルをもとに濃度計算することが可能です。

Peak Tableで基準となるピークに濃度を入力します。 入力した濃度は赤く表示されます。

ſ	Peak Table Sample Table					
	Wavelength	MW [kDa]	Conc. [mg/ml]	Peak Molarity [µmol/l]	% Integrated Area	
	Marker	10.0	-	-	-	1
	Sample	27.4	0.542	19.8	32.43	
	Sample	49.0	1.00 (1.00)	20.4	59.81	
	Sample	59.7	0.0533	0.894	3.19	
	Sample	77.8	0.0529	0.680	3.17	
	Marker	200.0	-	-	-	
	Sample	219.2	0.0235	0.107	1.41	



Sample Table: 全サンプルのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)	
Conc. [mg/ml]	サンプル(全ピークの合計)の濃度(設定時のみ)	•Source	
Sample Description	記入されたサンプル名などが表示されます。 入力も可能です。	(Comparison fileのテータを 開いた場合、元のデータのfile名) 表示されます)	
Alert	データに問題があった場合、"介"が表示されます。		
Observations	Ladder, Alertの内容などが表示されます。		

・Region表示の場合

Region

Sample TableはGelもしくはElectropherogram表示と同じです。 ! Regionの濃度はSample Tableには反映されません!

<u>Region Table: 各Regionのデータが表示されます。</u>

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp10参照)
From [kDa]	Region開始サイズ	•Area
To [kDa] Region終了サイズ		Region Number Wavelength
Average MW [kDa]	Regionの平均サイズ	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,
Conc. [mg/mll]	Regionの濃度(設定時のみ)	
Region Molarity [µmol/l]	Region ගMolarity	
% of Total	計算されたRegionの%	
Region comment Region名などが表示されます。		
Color	設定されたRegionの色	



Fileタブから "Export Data"を選択し、出力したい形式を選びます。 Peak/Sample/Region Tableはcsv形式、画像はpng形式で出力されます。

~	표) 🚔 🚍 🗷 📼) 👘	2200 TapeStation Analysis Software A.01.04 - D1000.D1000 [read-only]			
	I File ome				8
	🖬 Save	Export Type	Settings	Preview	
	🧯 Open 📔 Close	Export to CSV	Samples Expand to select individual samples:	Exporting will produce: 1 x Sample Table CSV 1 x Compact Peak Table CSV	
	Recent Files	Export to XML	Include files for:	1 x Compact Region Table CSV 1 x Gel Image	
	Create Report	Export Images	 ✓ Sample Table ✓ Peak Table ✓ Compact Peak Table 		
_	Run Properties		 ✓ Region Table ✓ Compact Region Table 		
	Help		Export Images		
	 Options Exit 		D1000		
			Include each sample's EPG image		
			Exported files location C:¥Users¥ytsumoto¥Desktop Browse		
			D100d		
			Export		
			Open folder after exporting		

レポートを作成する

Fileタブから "Create Report"を選択します。レポートに含むデータは "Settings"で自由に選択できます。 PDF形式で作成されます。

~	🔤) 👝 🚍 🗷 🔹)	220	2200 TapeStation Analysis Software A.01.04 - D1000.D1000 [read-only]	>
-	Home			
	🖀 Save	Settings	Report Preview	
	ing Open	Notes Include Notes Section		
	Recent Files	Gel Image		Ô
2	Create Report	D1000	Notes	
	Export Data	Sample Table	Controller Notes Demo File	
	Help	Thumbnail Electropherograms	Gel Image [Im] Alsi BI CI DI EI FI GI HI AZ BZ CZ DZ EZ FZ GZ HZ	
	Options	Include a thumbnail EPG of each sample	mple the second se	
	· Exit	Electropherograms Expand to select individual samples:		
		 ▶ Samples With each sample, include the: ✓ Peak Table ✓ Region Table and Electropherograms 	я яя	L
		Profile Comparisons	(A)	
		Save As Print	Weil Conc. (ng/µl) Sample Description Alert Observations Preview A1 16.9 D1000 Lodder Lodder	
		Open file after saving	Type text to find	

-20-



Alertについて

データに問題がある場合、Gel imageの上部及びSample Tableに " () "が表示されます。

(♪ → データに問題がある可能性があります。 ▲ → Marker, Ladderが正しく認識されておらず サイズ、RIN^e、DINが計算されません。



Alert内容はObservationsに表示されます。詳細は下表をご参照ください。

Observation	詳細	対処法	
Caution! Expired ScreenTape	SceenTapeの使用期限がきれている。	使用期限を過ぎたScreenTape	
Caution! Expired ScreenTape (used after two weeks of first use)	ScreenTapeの使用期限がきれている。 (最初に使用してから2週間以上 経過している。)	や試薬を使用したデータに関しましては一切保証できませんので ご了承ください。	
DIN edited (Marker position changed)	Lower Markerのピークが編集されたため、 DINが修正された。	DINは表示されます。 ソフトウェアがデフォルトで 計算したDINをまデオスには	
DIN edited (Ladder sizing changed)	Ladderのピークが編集されたため、 DINが修正された。	計算したDINを表示するには "Restore Default Settings" を使用してください。→p5⑬	
File does not have ladder assigned	Ladderが泳動されていない、 またはアサインされていない。	Ladderを泳動した場合は、 正しくアサインしてください。→p7 gDNAアッセイでは必ずLadderを 泳動する必要があります。	
Issue with ladder peak detection (too few peaks detected)	Ladderのピーク数が少ない。 サイジングに影響が出ます。 gDNAアッセイの場合はDINが表示されません。	Ladderのピークを確認し、 正しくアサインしてください。→p22 gDNAの場合はLadderの 調製にご注意ください。	
Issue with ladder peak detection (too many peaks detected)	Ladderのピーク数が多い。 サイジングに影響が出ます。	Ladderのピークを確認し、 正しくアサインしてください。→p22	



Observation	詳細	対処法	
Ladder run as sample	Ladderがサンプルとして認識されている。 gDNAアッセイの場合、DINが表示されません。	Ladderを泳動した場合は、 正しくアサインしてください。→p7 gDNAアッセイでは必ずLadderを 泳動する必要があります。	
Marker(s) not detected	Markerが認識されていない。 データが補正されず、サイズが表示されません。 gDNAの場合はDINが表示されません。	Markerをマニュアルで認識してくだ	
Markers outside standard running position	Markerが予想される移動度から 外れている。 サイジングに影響が出ます。 データが補正されません。	Markerが検出されていない場合は泳動しなおしてください。	
RIN ^e edited	RIN ^e が修正された。	RIN ^e は表示されます。 ソフトウェアがデフォルトで計算した RIN ^e を表示するには "Restore Default Settings"を使用してく ださい。→p5⑬	
RNA concentration outside recommended range for RIN ^e	RIN ^e の推奨濃度範囲外。 RIN ^e が正確でない可能性があります。	RIN®の推奨濃度範囲内で 泳動してください。	
Sample concentration outside recommended range	定量濃度範囲外。 定量値が正確でない可能性があります。	各Kitの定量範囲内で 泳動してください。	
Sample concentration outside functional range for DIN	DINの推奨濃度範囲外。 DINが正確でない可能性があります。	DINの推奨濃度範囲内で 泳動してください。	
The original ladder for this lane had too many peaks	gDNAのcomparison fileにて 元のファイルのLadderのピーク数が多い。	元のファイルのLadderのピークを 陈認してレイマサイント スイギキン	
The original ladder for this lane had too few peaks	gDNAのcomparison fileにて 元のファイルのLadderのピーク数が少ない。	[™] 理動のロビロイア ダインひ C とさい。<br →p22	

DINが表示されない場合

🦺 Ladderのピークを確認してください

GenomicDNAのLadderはLower Markerも含め 14本ピークが現れます。 ピーク数が少ない場合はDINが表示されません。 ピークを追加してください。(方法はp8参照)

gDNAのLadderの分解を避けるため、 Vortex以外の混合(転倒混和やタッピングなど)や 過剰なvortexはしないでください。

SampleのLower Markerを正しくアサインしてください。 (方法はp8参照)





RINeが表示されない場合



RINeが適切な値でない場合

- ・生物種が正しいか確認をしてください。
- RNA Type Eukaryotic C Eukaryotic Prokaryotic

分解度に対しRINeが適切な値でない場合

・18Sまたは16Sのピークを確認してください。



<u>rRNAピークが認識されていない</u> または 間違って認識されている場合

rRNAのピークを選択し(赤く表示されます)右クリックから "Assign as 18S/28S/16S/23S"を選択してください。



rRNAのピークや分解物(低分子側)のシグナル分布から予測される

例) 18Sが正しく認識されていない場合



装置の動作が不安定である、データの不具合が装置由来の可能性がある場合、 ログファイルの送付をお願いすることがあります。

Fileタブより "Help"を選択、 "Export Error Logs"をクリックすると zip形式でファイルが作成されます。



プロトコルなどのダウンロードサイト https://www.chem-agilent.com/lsca-booth/DNAMicroArray/yan_MicroArray.htm (ログイン名、パスワードはお問い合わせください。)