

簡易版 2100 エキスパートソフトウェア Ver. 02.08 ユーザーズガイド Electrophoresis



本ユーザーズガイドは2100 エキスパート ソフトウェアの簡易版取り扱い説明書です。
詳細機能については“**Agilent 2100 Bioanalyzer** 2100 expert Guide (PN ; G2946-90004)”を
ご覧ください。2100 expert ソフトウェアのHelpメニューの Contexts and Index からご覧いただけます。

ラボチップの調製については、各キットに添付のReagent kit をご覧ください。

Ver.08.16.13



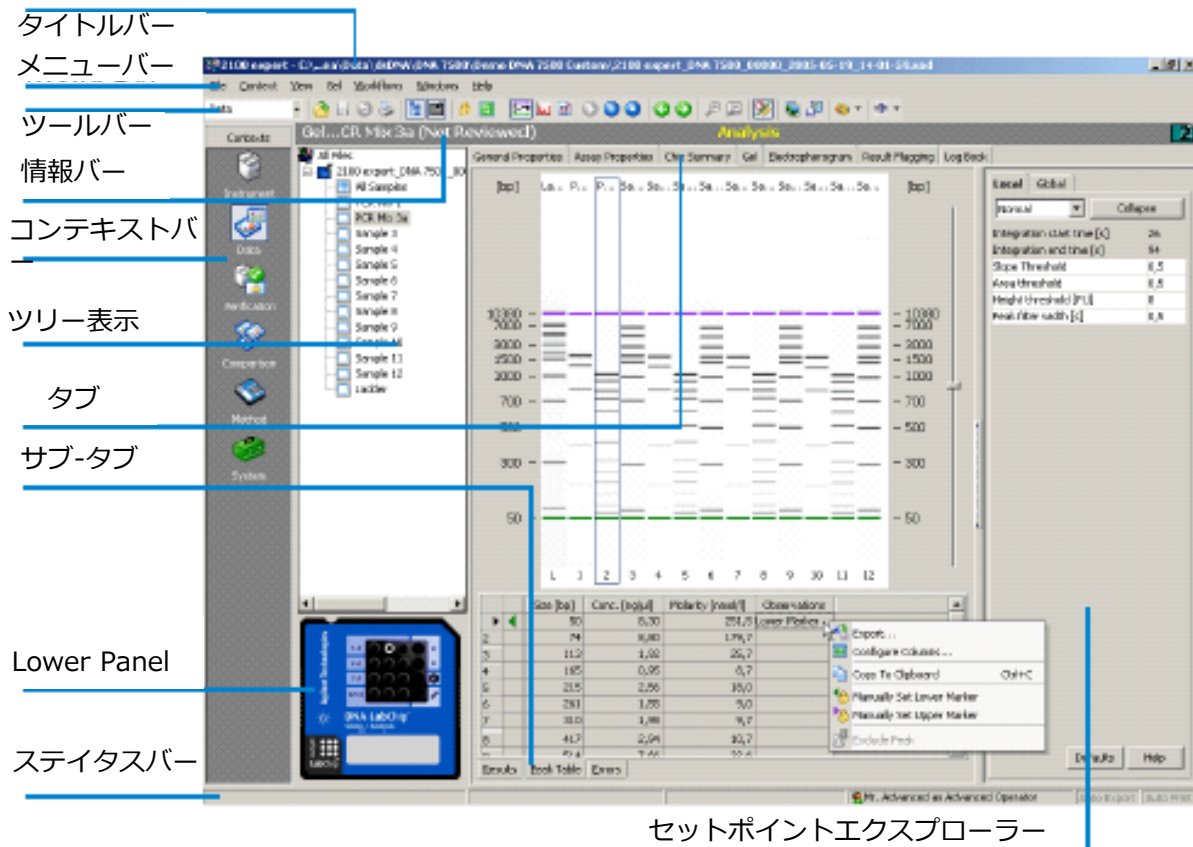
目次

はじめに～2100 エキスパート ソフトウェアの構成	3
1. バイオアナライザの準備	4
2. 分析を実行する	5
3. データを表示する	8
・ゲルイメージ	9
・エレクトロフェログラム.....	10
4. データを解析する	12
・サブタブの紹介.....	12
・Peak Table サブタブ	13
・Region サブタブ	16
・Results サブタブ.....	18
・Fragment サブタブ	20
5. 分析設定を変更する.....	21
・セットポイントエクスプローラー機能	21
・マニュアルインテグレーション機能.....	23
・任意のレーンだけ抽出する (SaveSelectedSample)	25
6. データのアウトプット.....	26
・印刷機能	26
・画面のコピー	27
・転送 (Export)	28
7. チップ間比較(Comparison コンテキスト)	29
8. ハードウェア診断	33
付録 1. フラグ機能	38
付録 2. Support Package.....	41



はじめに～

2100エキスパートソフトウェアの画面表示



重要 2100 エクスパートソフトウェアの構成

2100 エクスパートソフトウェアは次の6つのコンテキストから構成されます。

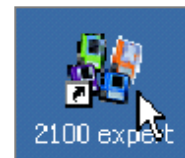


- **Instrument** コンテキスト -- 分析スタート、ストップなどの本体制御画面
- **Data** コンテキスト -- データを見る、ピーク設定を変更するなどの分析画面
- **Verification** コンテキスト -- 稼動性能適格性確認試験(OQ)のためのドキュメント作成画面
- **Comparison** コンテキスト -- 複数にわたるデータを比較分析する画面
- **Assay** コンテキスト -- 解析設定をカスタマイズしたassayファイルの作成画面
- **System** コンテキスト -- ファイル名やデータ保存先のなどの設定変更画面

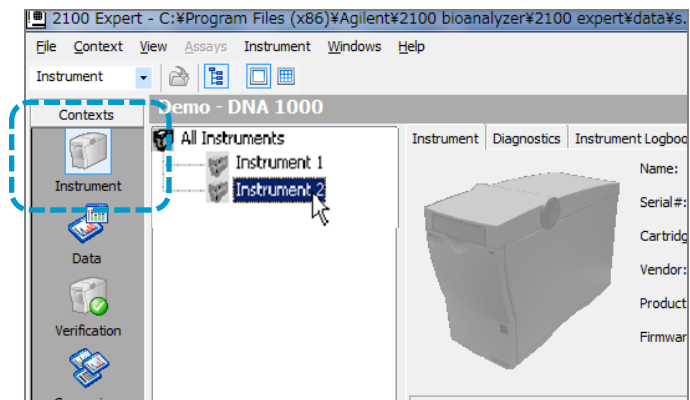
コンテキストの切り替えは、コンテキストバー（下図参照）のいずれかの絵をクリックすることで行えます。

1. バイオアナライザの準備

(1) デスクトップのアイコンをダブルクリックし、2100 エキスパートソフトウェアを立ち上げてください。下記の画面 (Instrument コンテキスト) が表示されます。

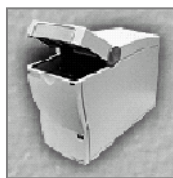


(2) コンテキストバーから “Instrument” コンテキストを選択してください。



(3) 複数台バイオアナライザを接続している場合、ツリー表示から装置を選択してください。

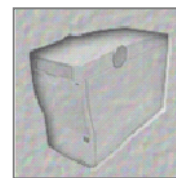
(4) ソフトウェアがバイオアナライザ本体を正常に認識しているかどうか、画面中央のアイコンで確認してください。



本体を正常に認識しています。蓋が開いている状態です。



本体を正常に認識しています。



本体を認識していません。下図をご参考ください。

トラブルシュート 1

バイオアナライザ本体が接続されていない場合

- ・バイオアナライザ本体の電源が入っているかどうか確認してください。
- ・PCと本体のケーブルが正しく接続されているかどうか確認してください。
- ・下図に従い、COMポートの設定を行ってください。

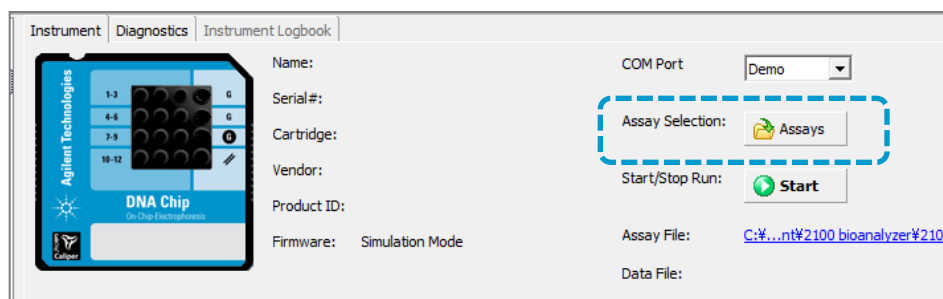


COM PORT欄のプルダウンから、数字(1,2,もしくはその他の数字)を選択してください。

(Demoを選択するとオフライン用となり、測定できません。)

2. 分析を実行する

(1) InstrumentタブのAssay ボタンから 実行したいAssayを選択します。



ご使用のキットやサンプルタイプに応じて、適切なアッセイを選択してから次のステップに進んでください。

DNAアッセイ 5種類

フォルダ	アッセイ名	使用キット	対象サンプル	備考
dsDNA	DNA 1000 Series II	DNA 1000 キット	dsDNA 25-1000 bp	
	DNA 7500 Series II	DNA 7500 キット	dsDNA 100-7500 bp	
	DNA 12000 Series II	DNA 12000 キット	dsDNA 100-12000bp	
	DNA 12000 Laddering Series II	DNA 12000 キット	dsDNA 100-12000bp アポトーシス細胞からの DNAサンプル	ノイズピーク除去アル ゴリズムを含みます
	High Sensitivity DNA	High Sensitivity DNA キット	dsDNA 50-7500 bp	

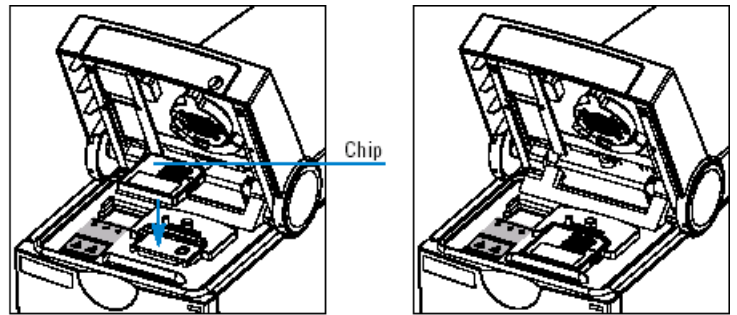
RNAアッセイ 9種類

フォルダ	アッセイ名	使用キット	サンプルタイプ	備考
RNA	Eukaryote Total RNA Nano Series II	RNA 6000 Nano キット	真核生物由来 totalRNA	RIN計算
	Prokaryote Total RNA Nano Series II	RNA 6000 Nano キット	原核生物由来 totalRNA	RIN計算
	Plant RNA Nano	RNA 6000 Nano キット	植物由来 totalRNA	RIN計算
	mRNA Nano Series II	RNA 6000 Nano キット	mRNA, cRNA	(RIN計算できません)
	Eukaryote Total RNA Pico Series II	RNA 6000 Pico キット	真核生物由来 totalRNA	RIN計算
	Prokaryote Total RNA Pico Series II	RNA 6000 Pico キット	原核生物由来 totalRNA	RIN計算
	Plant RNA Pico	RNA 6000 Pico キット	植物由来 totalRNA	RIN計算
	mRNA Pico Series II	RNA 6000 Pico キット	mRNA, cRNA	(RIN計算できません)
	Small RNA Series II	Small RNA キット	totalRNA, smallRNA抽出物	(RIN計算できません)

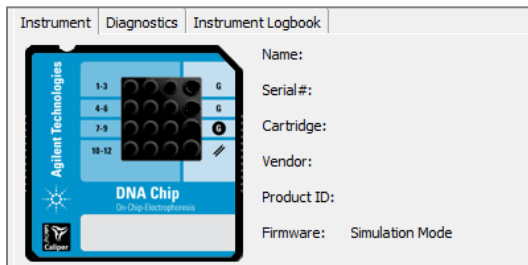
Proteinアッセイ 3種類

フォルダ	アッセイ名	使用キット	サンプルタイプ	備考
Protein	Protein 80 Series II	Protein 80 キット	5 - 80 KDa	
	Protein 230 Series II	Protein 230 キット	14 - 230 KDa	
	High Sensitivity Protein 250	High Sensitivity Protein 250 キット	10 - 250 kDa	

(2) バイオアナライザの蓋を開け、正しく調製されたラボチップを台座に乗せます。



(3) 蓋を閉めた後、ソフトウェア上のアイコンがラボチップの絵に変わることを確認して下さい。選択したアッセイによってラボチップの色は変わります

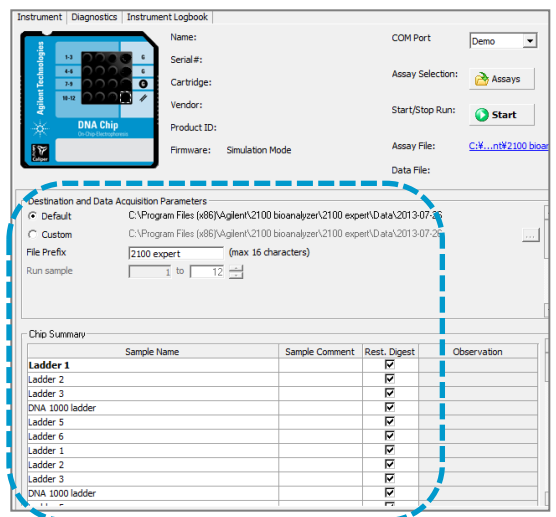


トラブル；

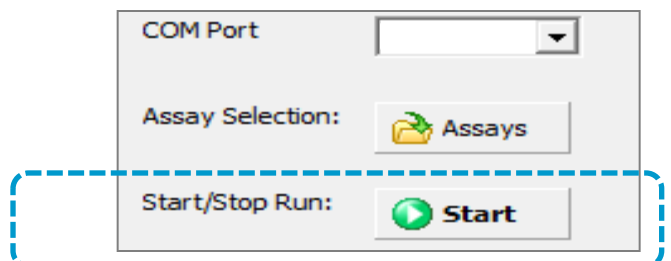
調製済みのラボチップを入れたにも関わらず、アイコンがラボチップの絵に変わらない場合

ラボチップの調製に問題があります。
(液量が少ない、気泡があるなど)
再度調製を確認してください。

(4) オプション；データ保存場所、ファイル名、サンプル数、サンプル名を確認・記入します。



(5) Startボタンを押してください。

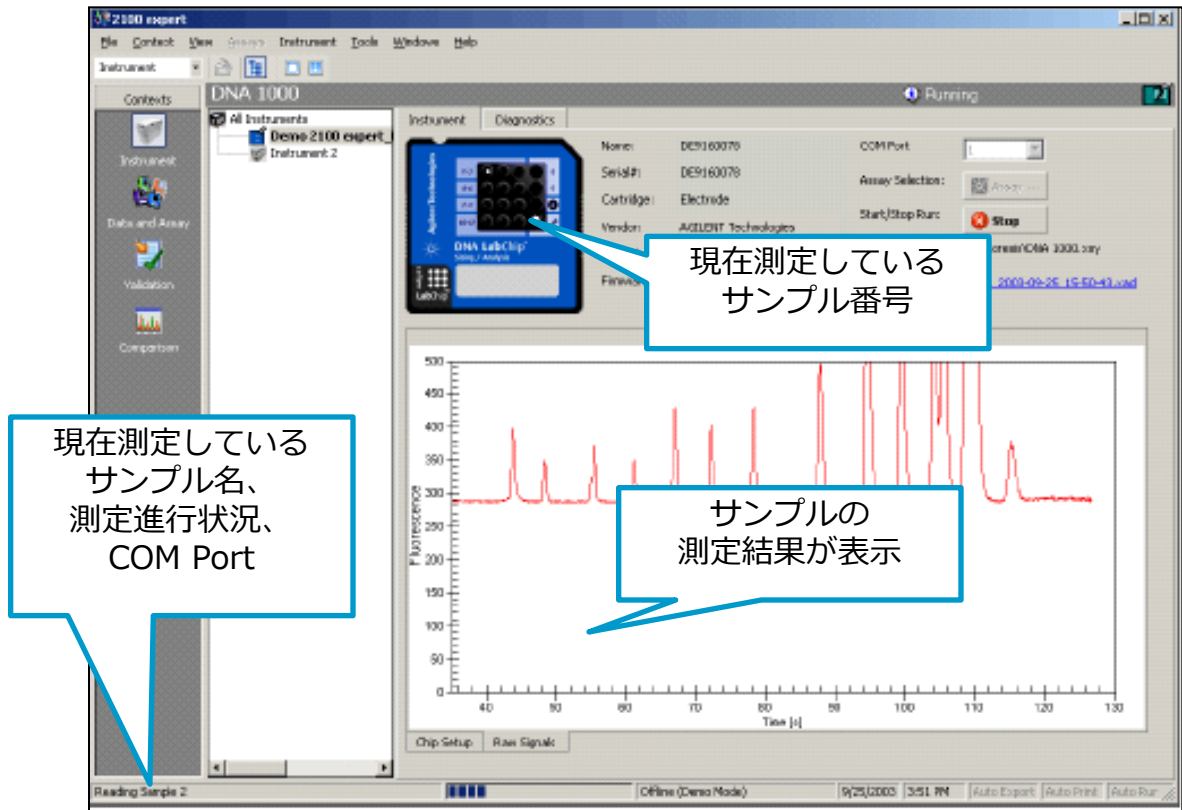


(6) 分析が始まります。スタート開始後、数分は電圧チェック、温調、フォーカシングなどの初期化を行います。

注意；

分析中は装置に振動を与えないでください。

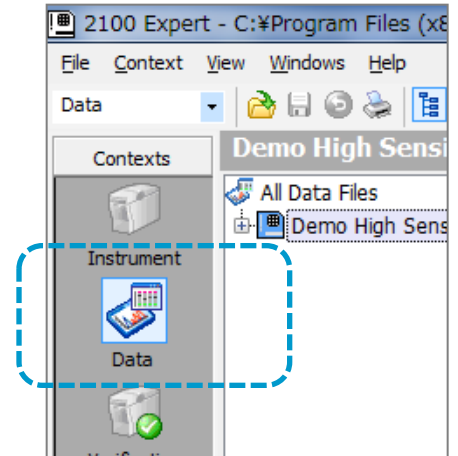
装置のランプが点滅している間は蓋を開けないでください。



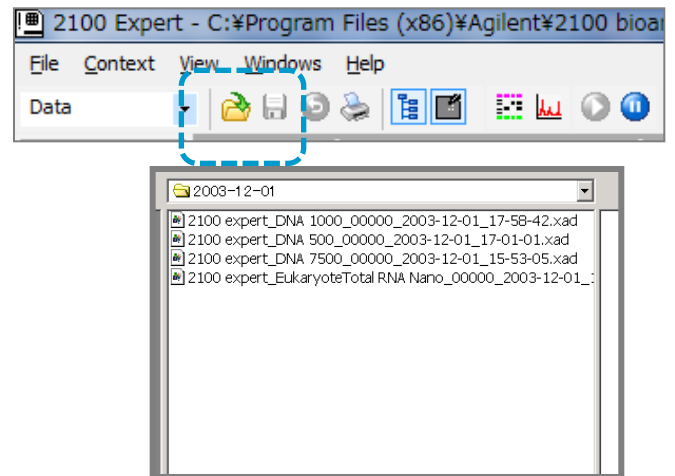
(7) 分析が終わると、自動的に初期画面にもどります。ラボチップをバイオアナライザから取り出し、クリーニングチップで電極洗浄を行ってください。
(電極洗浄については各Reagent kit guideを参照ください。キットごとに洗浄方法が異なります。)

3. データを表示する

(1) コンテキストバーから“Data”コンテキストをクリックしてください。



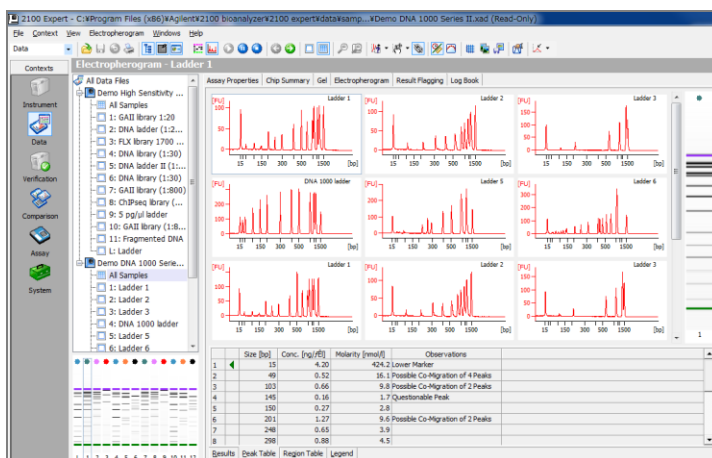
(2) Fileメニュー> Open (あるいはツールバーのOpen; 右図) を選択し、フォルダの中からファイルを選びます。(測定中および測定終了後は、この作業を行わなくても測定データが開かれています。)



ノート

2100 エキスパートソフトウェアによる分析データの拡張子は“xad” です。

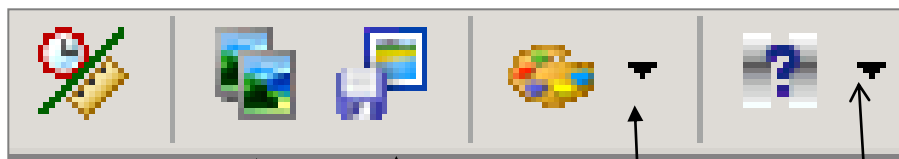
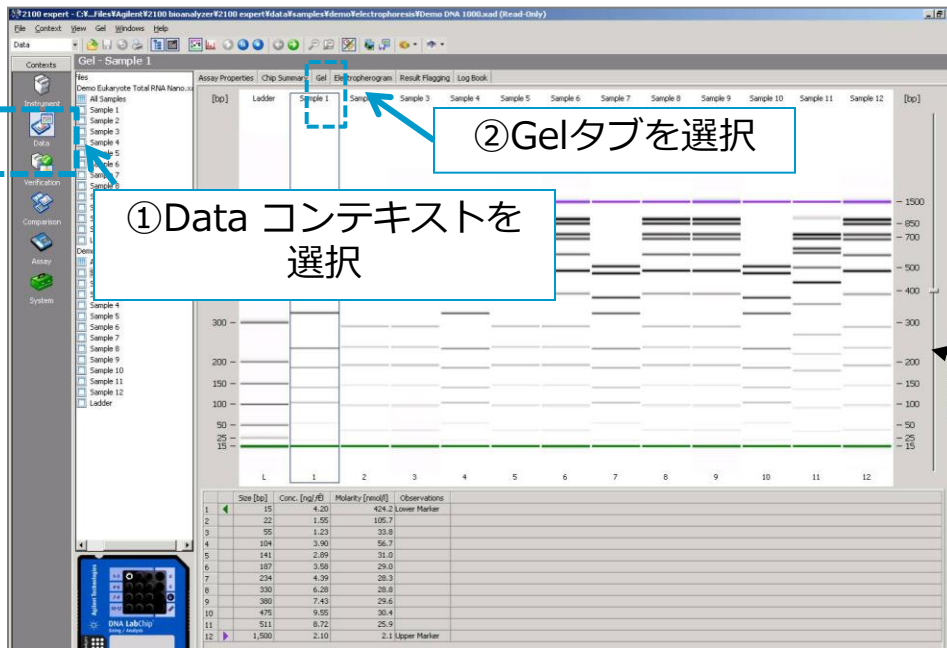
(3) ファイルが開きます。



データ表示は選択タブで様々な切り替えることができます。

3-1 ゲルイメージ表示機能

“Data” コンテキストにてGelタブを押すと、ゲルイメージが表示されます。



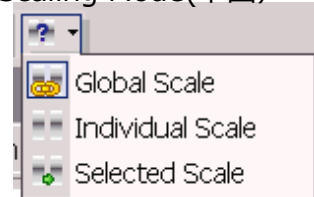
Show Sizes
(ゲルの表示を時間/サイズに変更)

Copy Gel

Gel Colorボタン;
ゲルイメージの
配色変更機能

Save Gel Image to file

Scaling Mode(下図)



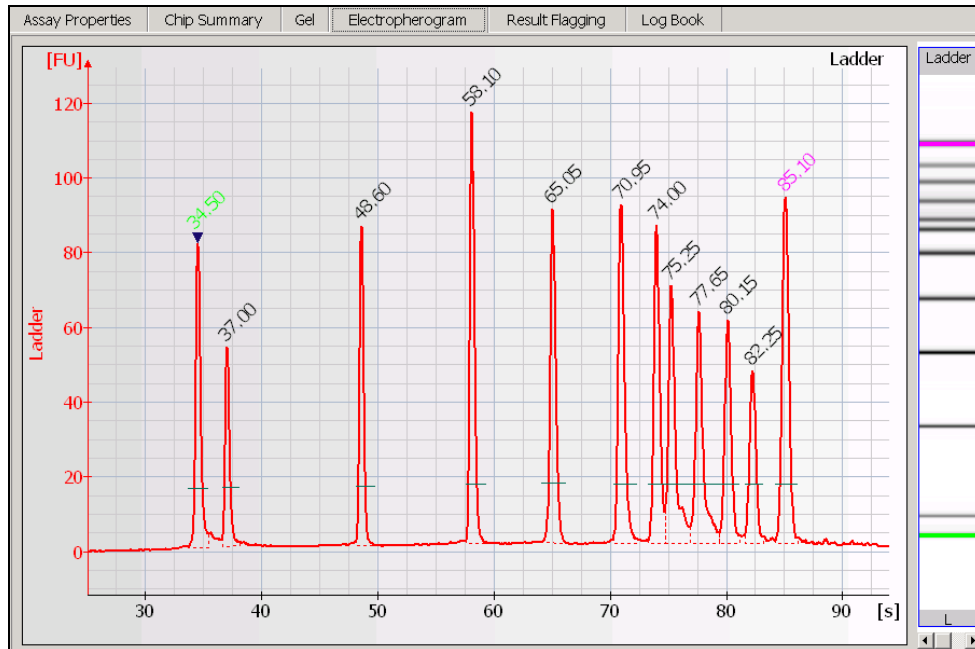
Global Scale ; チップのすべてのウェルのなかで最も濃いバンドを基準にして、全ウェルを同じスケールにします。

Individual Scale ; 個々のウェルの最適スケールにします。従って、同じチップ内でもそれぞれのウェルのスケールは異なります。

Selected Scale ; 選択したウェルが最適表示となるように、全てのウェルのスケールを合せます。

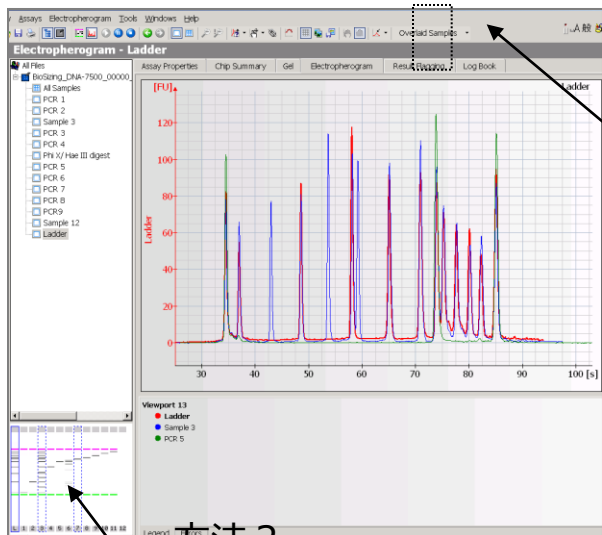
3-2 エレクトロフェログラム表示機能

“Data” コンテキストにてElectropherogramタブを押すと、エレクトロフェログラムが表示されます。



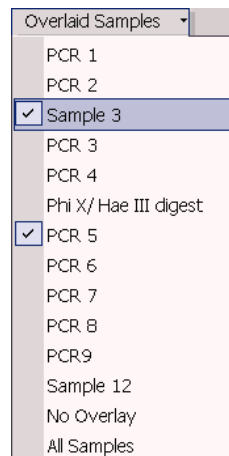
3-2-1 データ重ね描き表示

任意のエレクトロフェログラムを重ねて表示することができます。



方法 1

ツールバーのOverlaid Samples から重ね描きしたいサンプルを選びます。



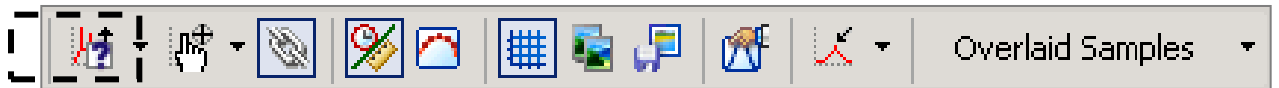
方法 2

Small Gel 表示 ウィンドウで重ねて見たいサンプルを選択します。コントロールキー Ctrl を押しながら、重ね描きしたいウェルをクリックしてください。選択されたデータは点線で囲まれます

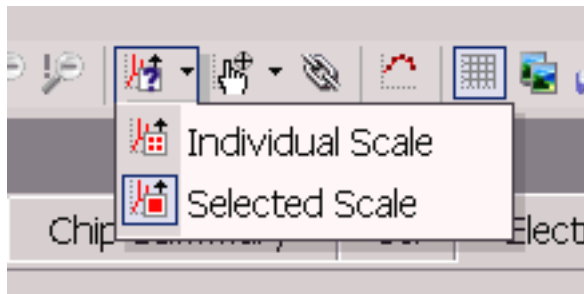
3-2-2 エレクトロフェログラムのスケール機能

エレクトロフェログラム (シングルウェル表示の時) には2つのスケール調整モードがあります。

(1) ツールバーの中にあるScaling Mode(下図) の下向き矢印をクリックします。



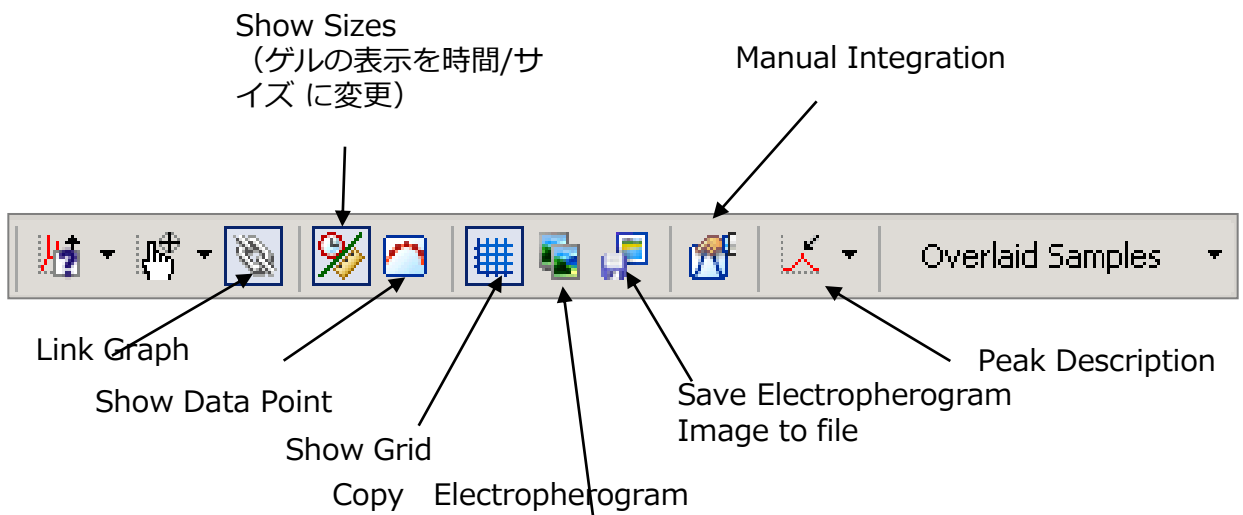
(2) 2種類のうち、いずれかをクリックしてください。



Individual Scale ; 個々のウェルの夫々を最適スケールにします。従って、各ウェルのスケールは異なります。

Selected Scale ; 選択したウェルが最適表示となるスケールに、全てのウェルのスケールを合せます。

3-2-3 その他エレクトロフェログラム画面の機能



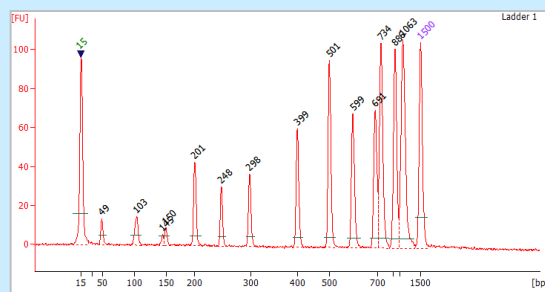
4. データを解析する

解析用途に応じて、様々なサブタブをご用意しております。

□シャープな形状のピーク濃度・サイズを解析する場合

- PCR産物
- 制限酵素消化産物
- たんぱく精製サンプル

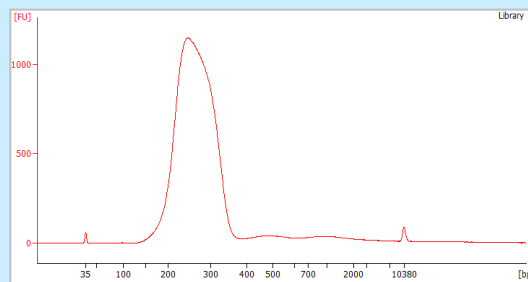
⇒4-1 Peak Table サブタブへ



□ブロードな形状のピーク濃度・サイズを解析する場合

- 次世代シーケンスサンプル
- smallRNAサンプル
- たんぱく粗精製サンプル

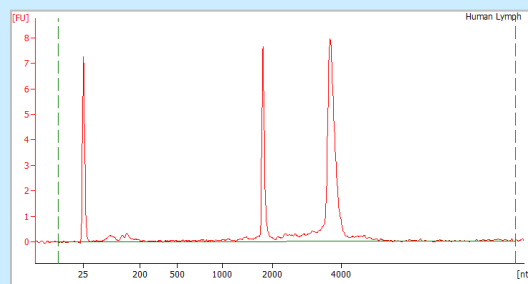
⇒4-2 Region Table サブタブへ



□RNAサンプルのクオリティーチェック

- totalRNA サンプル
- mRNAサンプル
- smallRNAサンプル

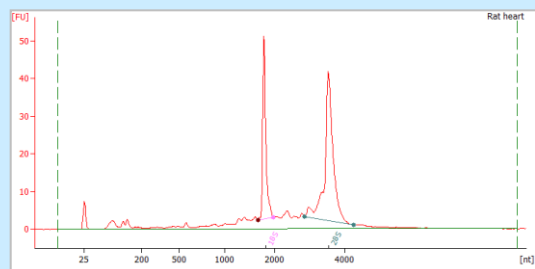
⇒4-3 Results サブタブへ



□RNAサンプルのrRNA解析

- totalRNA サンプル
- mRNAサンプル

⇒4-4 Fragment Tableサブタブへ



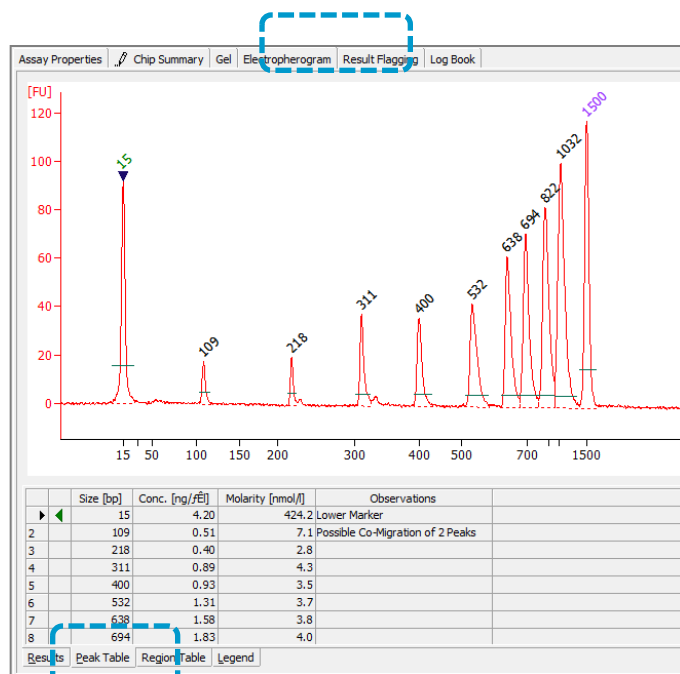
4-1 Peak Tableサブタブ

PCR産物などのシャープな形状のピーク濃度・サイズを解析する場合に適しています。

(1) Electropherogramタブを開き、Peak Tableサブタブを選択します。

エレクトロフェログラムの下のテーブル

- ・ピーク番号
 - ・サイズ
 - ・濃度
 - ・Mol濃度
 - ・Observation(Lower/Upper Marker)
- を表示します。

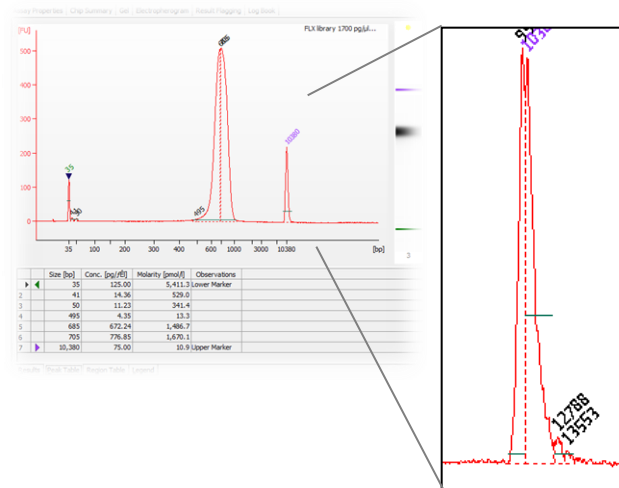


Lower Marker; ピークの上に緑の数字
Upper Marker; ピークの上に紫の数字

ピークが割れている例

各ピークの境目は赤い点線で示されています。

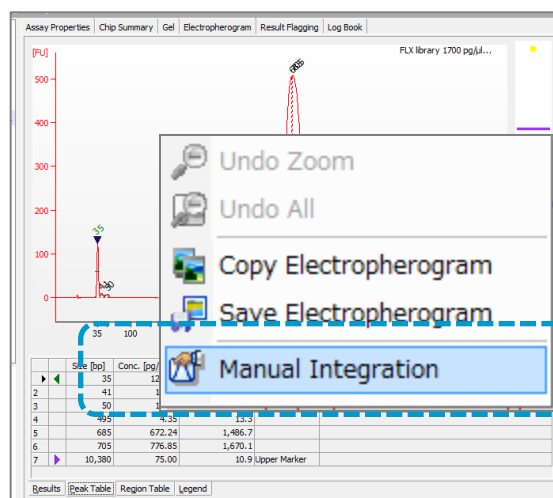
正しくシングルピークとして認識していることを確認してください。特に、Upper Markerのエリアは濃度補正に使うため、正しく認識されている必要があります。



- ・各ピークの積分線を変更したい場合
 - ・目的のピークが表示されていない場合
- ⇒ p14 ピークがスプリットしている場合
⇒ p15 Upper Markerピークを正しく捉えていない場合

❖ピークがスプリットしている場合

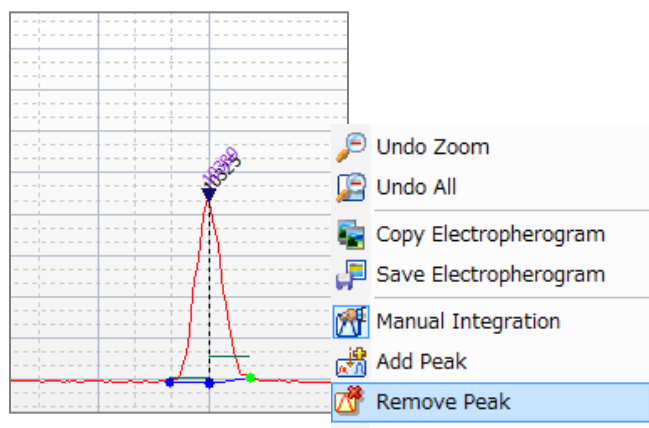
a) グラフ上で右クリック > **Manual Integration** 選択



b) 各ピークの下にドット付の青いベースラインが表示されます。

削除したいベースラインのドットをクリックします。(選択されたドットがグリーンに変わります)

c) 右クリックから Remove Peak にてピーク削除します。

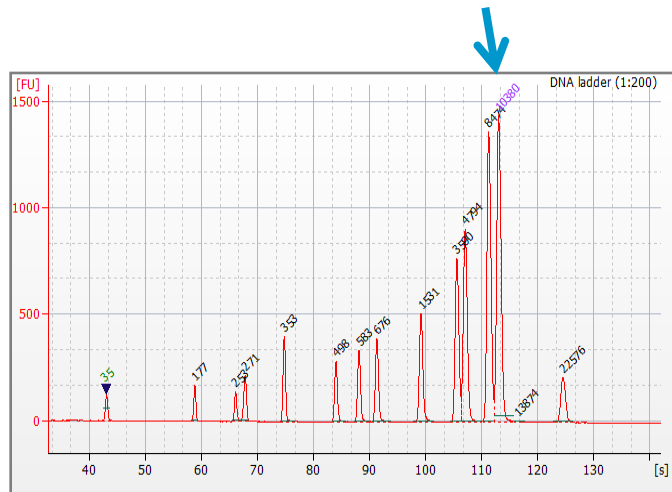


c) ドットをドラッグで動かします。

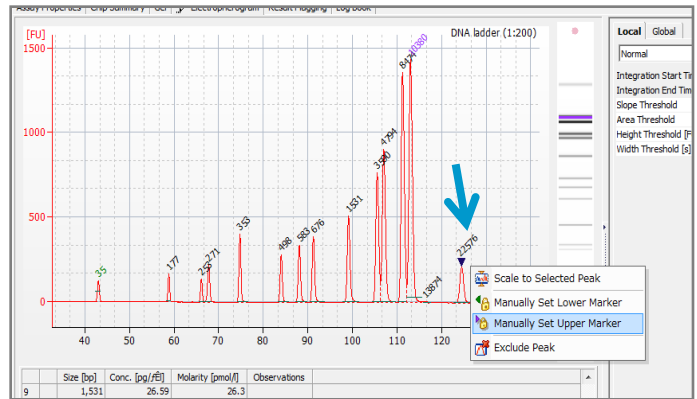


❖ Upper Markerピークを正しく捉えていない場合

異なるピークをLower/Upper Markerと認識している場合

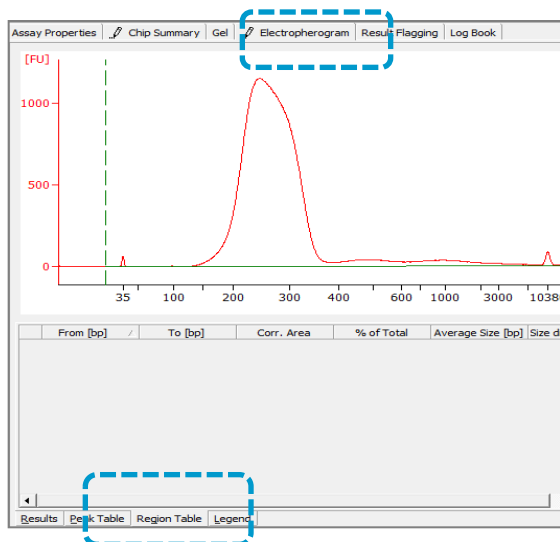


正しいピークを選択し、右クリック
> Manually Set Upper Markerを選択して下さい。

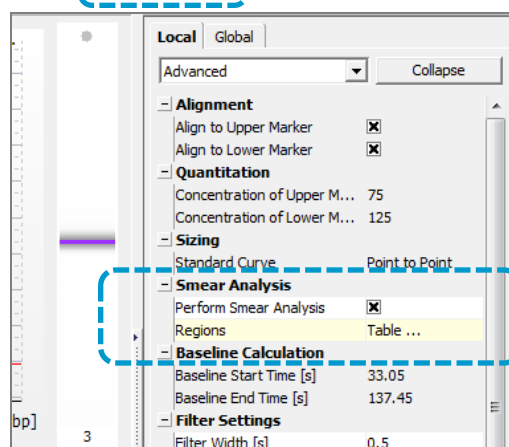


4-2 Region Tableサブタブ

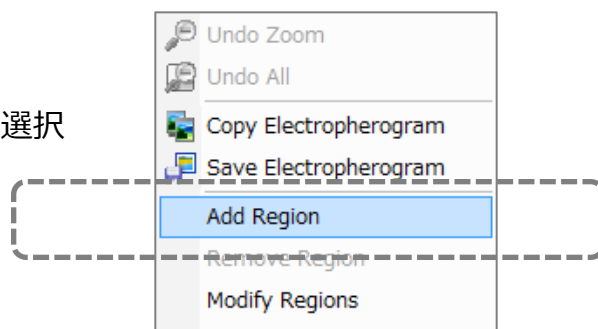
(1) Electropherogramタブを開き、Region Tableサブタブを選択します。



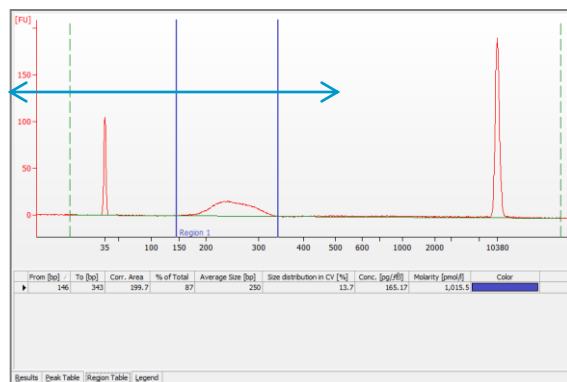
- ❖ Regionタブが表示されていない場合、
 - a) ViewメニューからSetpointsを選択し、セットポイントエクスプローラーを表示します。
 - b) [Global]タブを選択します。
 - c) [Advanced] モードを選択します。
 - d) [Smear Analysis]の [Perform Smear Analysis]にチェックを入れます。



(2) エレクトロフェログラム上で **Add Region** 選択



(3) Region位置をドラッグで調整

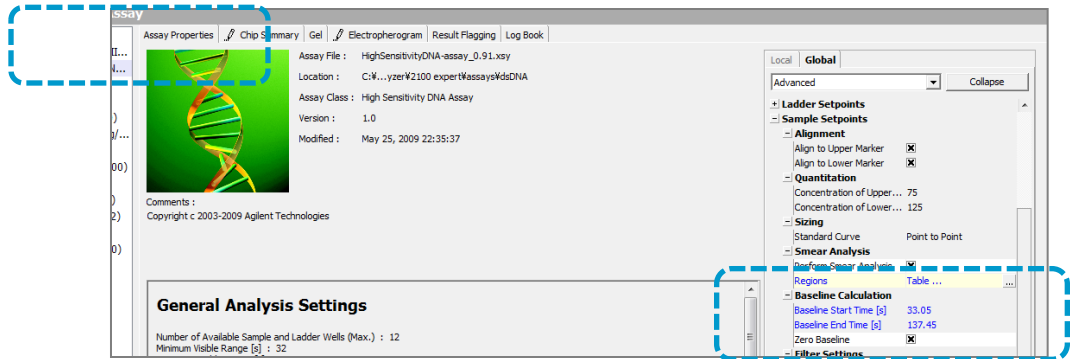


(4) Tableにサイズ、濃度、Molarityなどの情報が表示されます。

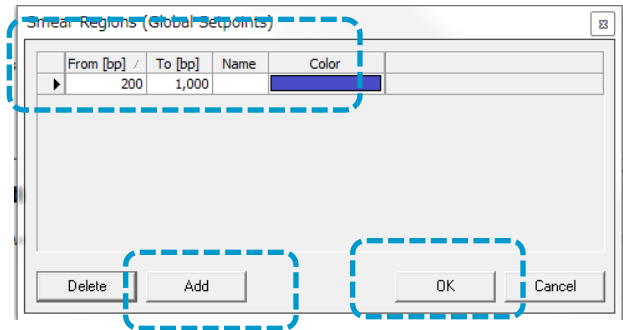
❖全レーン同一のRegionを設定する方法

(1) Assay Propertiesタブを選択

(2) Globalタブの中のSmear Analysisの下のTableをダブルクリック

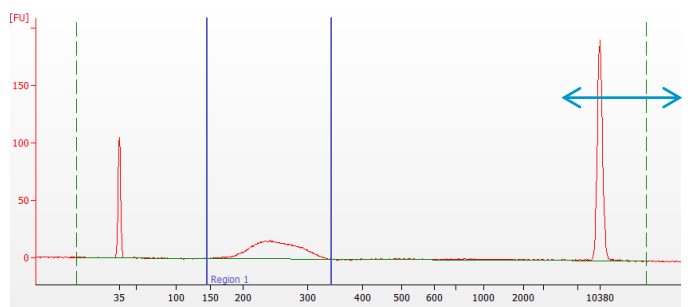
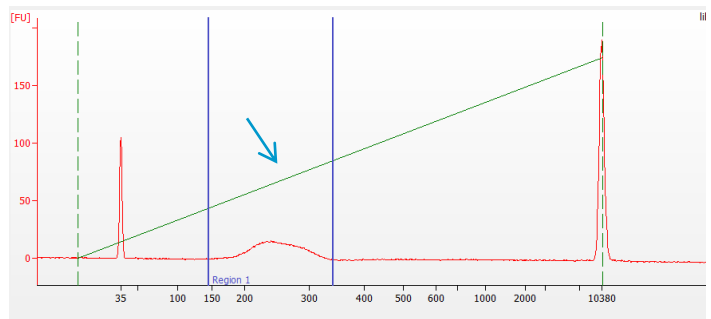


(3) 表示されたボックスにRegionをAddボタンで追加、From ,Toに任意の数字を入力してOKボタンを押します。



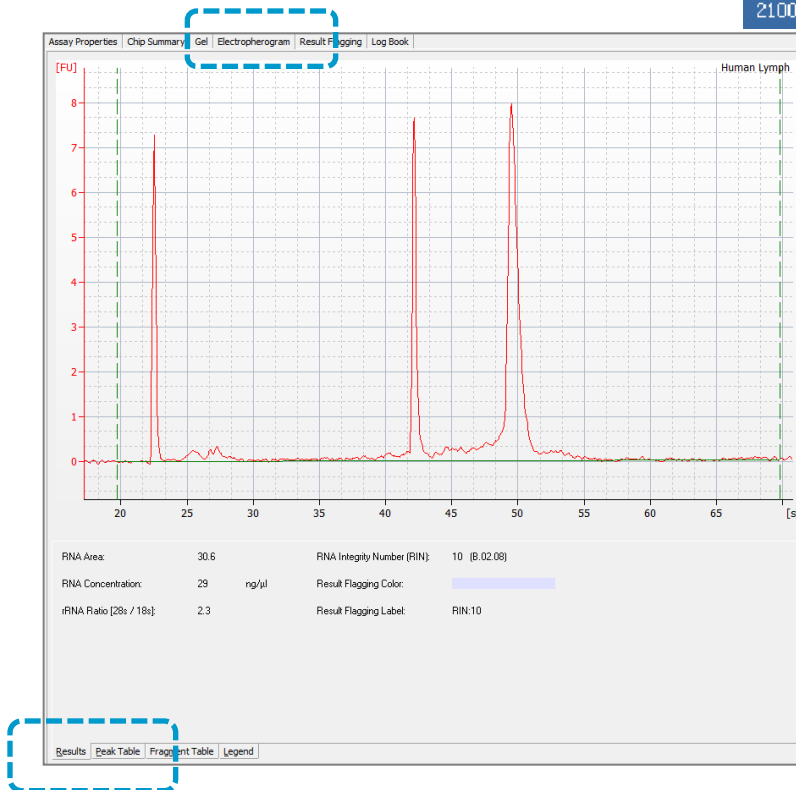
ポイント

Region Tableで計算している濃度は、緑の点線で示される始点・終点を結んだ実線から上のエリアを使用します。
右図のようにずれている場合、始点・終点をずらして下さい。



4-3 Results サブタブ

- (1) Electropherogramタブを開き、Resultsサブタブを選択します。



□totalRNA用のアッセイでは

- RNA Area;面積値
- RNA Concentration;濃度
- rRNA Ratio;
 - Eukaryote totalRNAアッセイでは28S/18S
 - Prokaryote totalRNAアッセイでは23S/16S
 - Plant totalRNAアッセイでは25S/18S
- RNA Integrity Number (RIN) ; 分解の度合いを 1 – 10 の数字で表示

トラブルシュート

RNA Integrity Number(RIN)がNAと表示される場合、次ページをご覧ください。

□mRNA用のアッセイでは

- RNA Area;面積値
- RNA Concentration;濃度
- rRNA Contamination; rRNAピークが占める割合(%)

□smallRNA用のアッセイでは

- Small RNA Concentration; Integration StartからEnd(緑点縦破線) までの濃度
- miRNA Concentration ; 10-40 nt の濃度
- miRNA/Small RNA Ratio(%); 上記の比率

❖ RIN = NAと表示される場合

RINはHuman, Mouse, Ratのtotal RNAの泳動パターンを基に設計されており、典型的なパターンと異なる場合警告の意味でフラグを立て、RINがN/Aとなり非表示となります。フラグを解除していただくとRINが再表示されます。

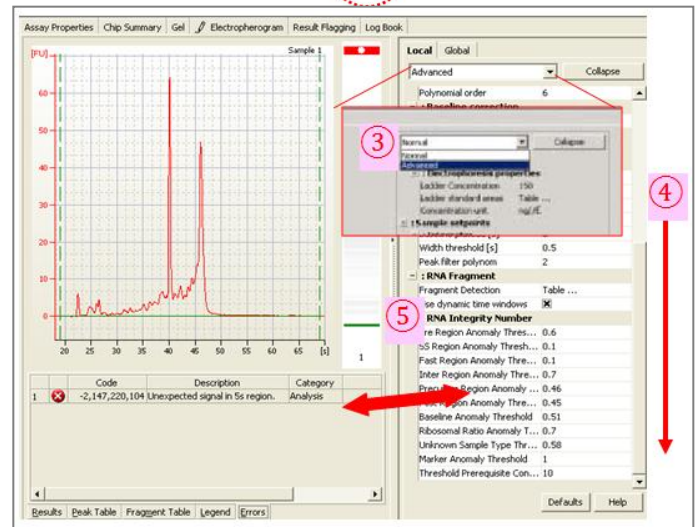
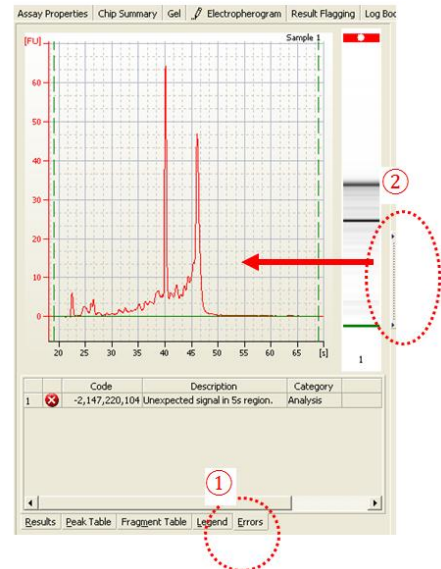
1) フラグのたっているレーンを開き、グラフの下にある“Error”タブ①を開きます。
ここにフラグ情報が記載されています。

2) セットポイントエクスプローラーを開くために、②のボタンを左側にドラッグします（左クリックを押したまま左側に移動させる）

3) “Normal”モードから“Advance”モードに切り替えます

③
(タブから“Advance”を選択する)

4) スクロールを一番下まで下げます④
5) RNA Integrity Numberの項目の中で、フラグのたっている項目の数値を下図のように変更します。



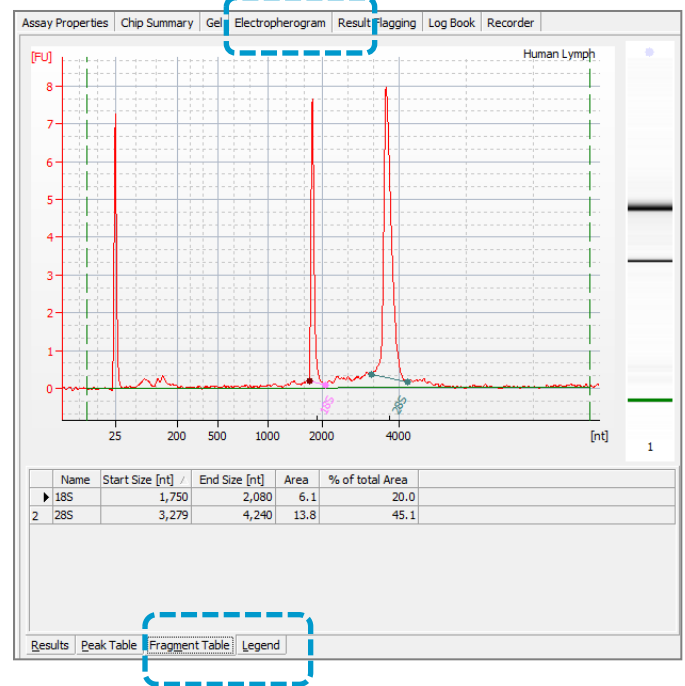
Error (Errorタブで表示されるDescriptionカラム)	Setpoint Explorerの項目	数値
Unexpected signal in pre-region	Pre Region Anomaly ...	1以上に変更
Unexpected signal in 5S-region	5S Region Anomaly...	1以上に変更
Unexpected signal in fast-region	Fast Region Anomaly...	1以上に変更
Unexpected signal in inter-region	Inter Region Anomaly...	1以上に変更
Unexpected signal in precursor-region	Precursor Region Anomaly...	1以上に変更
Unexpected signal in post-region	Post Region Anomaly...	1以上に変更
Unexpected baseline signal	Baseline Anomaly...	1以上に変更
Unexpected ribosomal ratio	Ribosomal Ratio Anomaly...	1以上に変更
Unexpected sample type	Unknown Sample Type...	1以上に変更
Total RNA concentration too low	Threshold Prerequisite Concentration ...	0に変更

4-4 Fragment Tableサブタブ

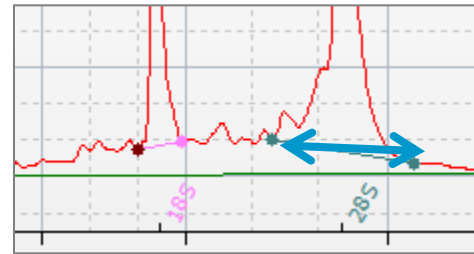
Electropherogramタブを開き、
Fragmentサブタブを選択します。

各rRNAピークについて下記情報がテーブル
で表示されます。

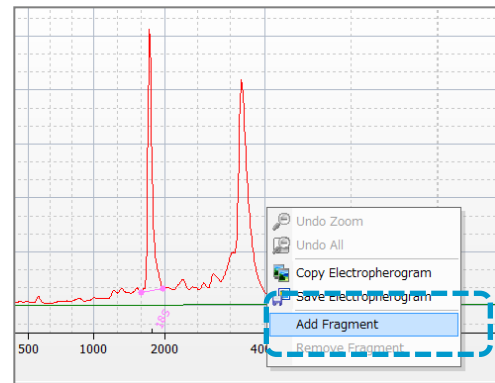
- Start Size
- End Size
- Area
- % of total RNA



ドット付のベースラインは各rRNAの区
切り線を示しており、ドラッグで
動かすことができます。



画面上で右クリックからAdd
Fragmentを選択することで、rRNA
ピークを増やすことができます。



5. 分析設定を変更する

5-1 セットポイントエクスプローラー機能

ピーク認識の設定値（ピーク幅、ピーク高）は、セットポイントエクスプローラーで変更することができます。（測定後のデータに関しても、設定値を変更することができます。）

(1) コンテキストsから“Data”コンテキストをクリックしてください。

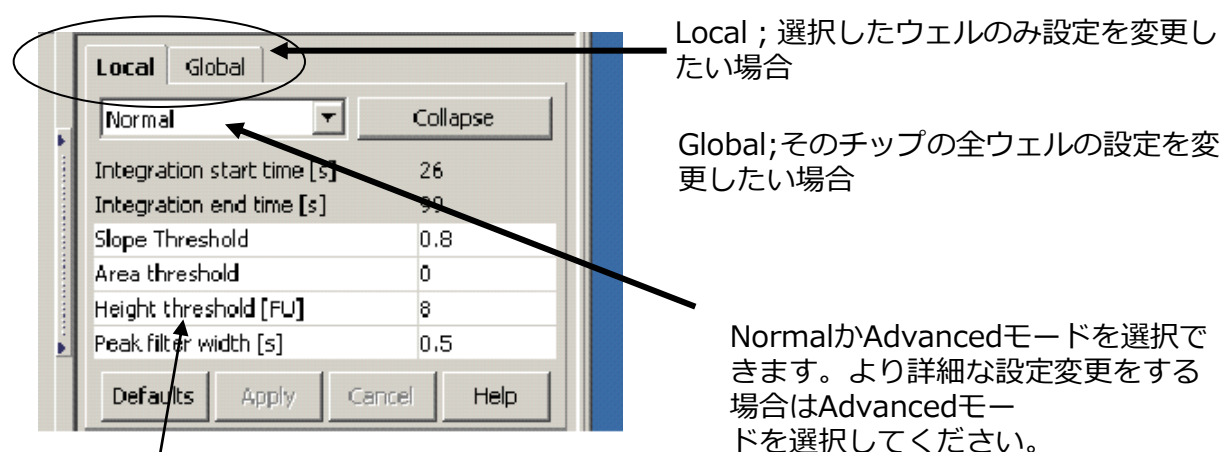
(2) 下記のうち、いずれかのタブを選択してください。

- *Assay Properties Tab*
- *Electropherogram Tab (Single/Grid 表示)*
- *Gel Tab*

(3) *Gel* タブ、*Electropherogram* タブを選択している場合は、画面右端のバー(下図)をクリックしてください。（*Assay Properties* タブを選択している場合は画面右端にすでにセットポイントエクスプローラーが表示されています。）



(4) 下記のセットポイントエクスプローラーで、様々な設定値が変更できます。



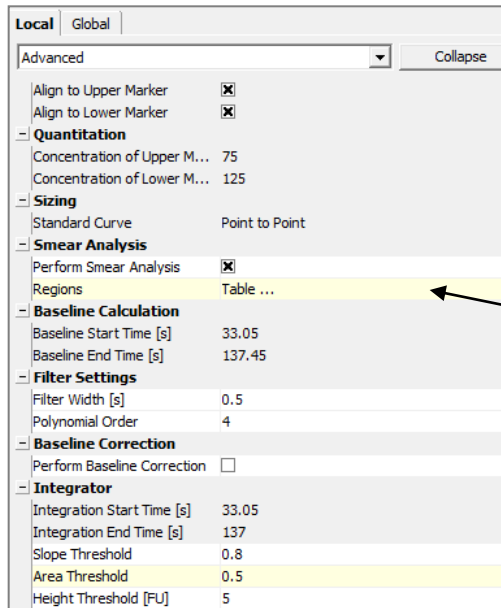
Local ; 選択したウェルのみ設定を変更したい場合

Global ; そのチップの全ウェルの設定を変更したい場合

NormalかAdvancedモードを選択できます。より詳細な設定変更をする場合はAdvancedモードを選択してください。

各設定項目については2100 expert User's Guideを参照ください。

(5) 変更したい項目に数値を入力した後、キーボードのenterキーをクリックしてください。



数値を変更した項目は黄色で表示されます。

マニュアルインテグレーション機能

2100エキスパートソフトウェアの電気泳動分析では、マニュアルインテグレーションを行うことができます。マニュアルインテグレーションにより、ピークのベースラインを移動させたり、加えたり、削除したりすることができます。

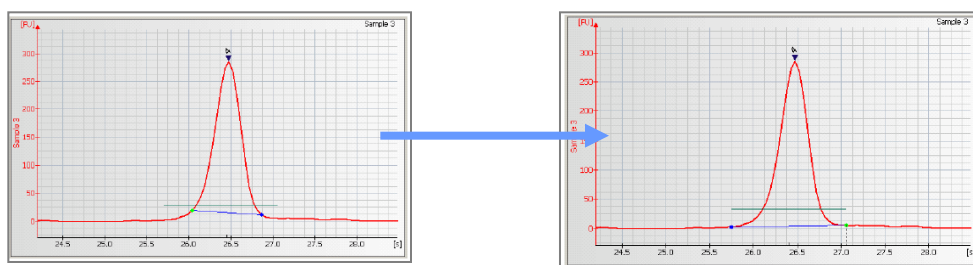
この機能は、一部のアッセイには適応できません。(DNA、Protein, smallRNAアッセイのみ適応できます。)

(1) ベースラインを移動する

1 [Data and Assay]コンテキスト中の[Electropherogram]タブを選択し、エレクトロフェログラムを拡大し、目的のピークを大きく表示します。

2 ツールバー中の[Manual Integration]ボタン  をクリックします。

3 ベースラインポイントを適切な場所に設定します。

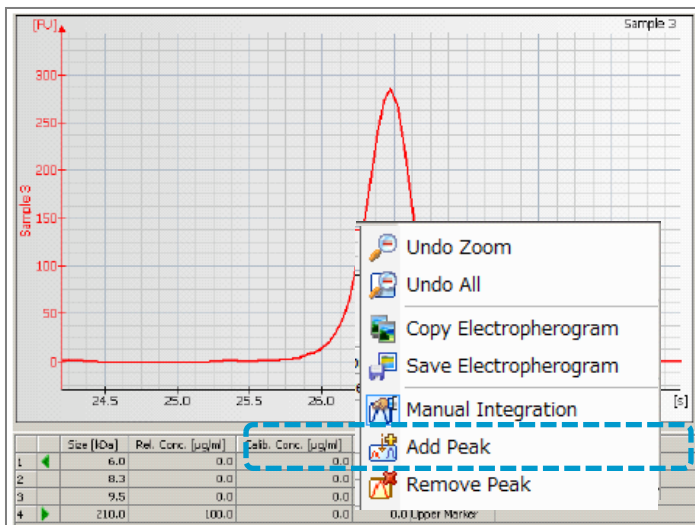


ヒント

垂線に沿ってピークベースラインポイントを移動させるためには、CTRLキーおよび左のマウスボタンを押してドラッグしてください。エレクトロフェログラムに沿ってピークベースラインポイントを移動させるためには、左のマウスボタンのみを押してドラッグしてください。

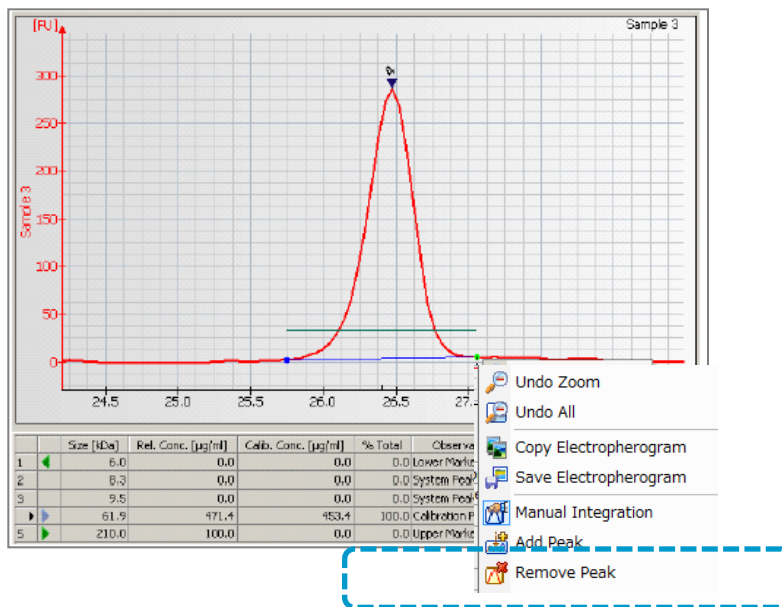
(2) ピークの追加

エレクトロフェログラム上で右クリックし、表示メニューより[Add Peak]を選択します。



(2) ピークの削除

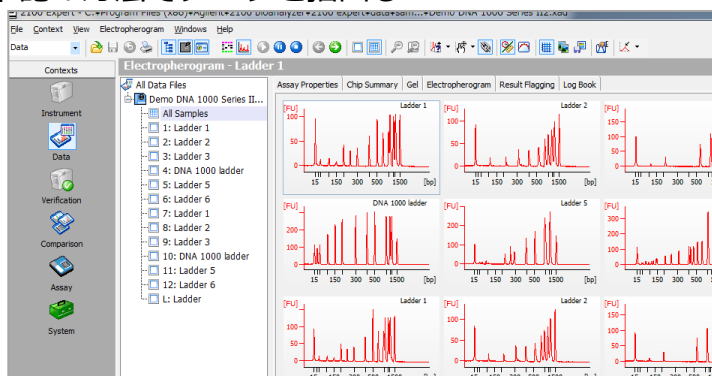
ベースラインポイントを右クリックし、表示メニューから[Remove Peak]を選択します。2つのベースラインポイントとそれを結ぶ線が消えます。



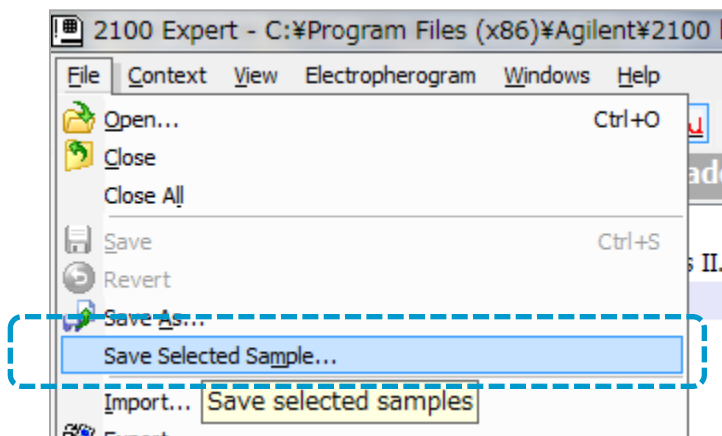
5-3 任意のレーンだけ抽出する (SaveSelectedSample)

分析した全レーンの中から、あるレーンだけを抽出して保存したい、余分なレーンを外したい、という場合下記の方法でデータを抽出して別名保存することができます。

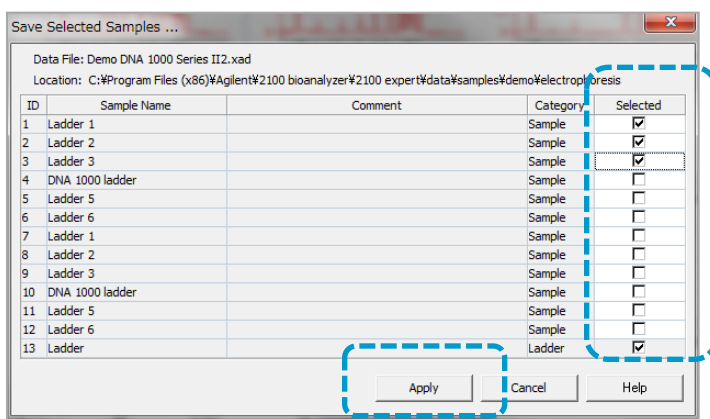
(1) Dataコンテキストで該当のデータを開きます。



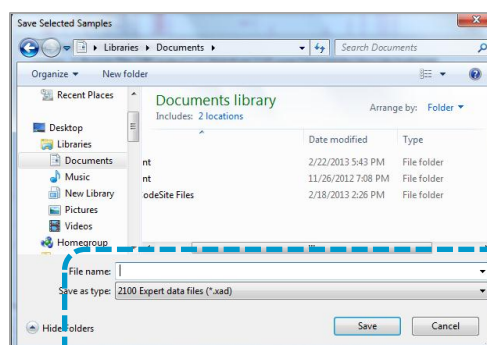
(2) File メニューから Save Selected Sample を選択します。



(3) データ内のサンプルが表示されます。抽出したいサンプルにチェックを入れ、Applyボタンを押します。



(4) 名前を付けて任意の場所に保存します。



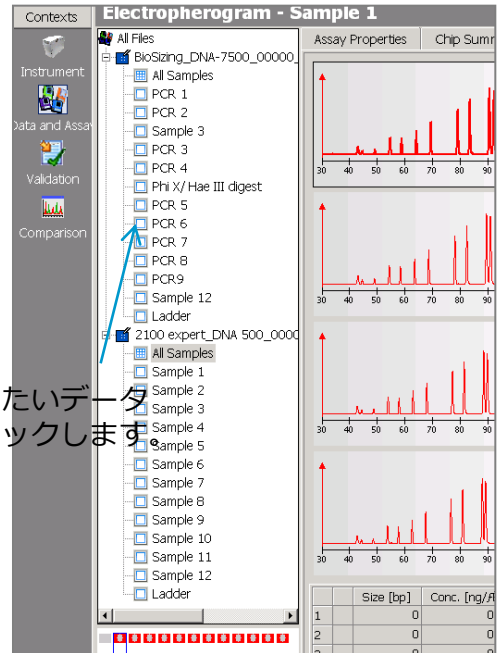
6. データをアウトプットする

6-1 印刷機能

(1) コンテキストバーから“Data ” コンテキストをクリックしてください。

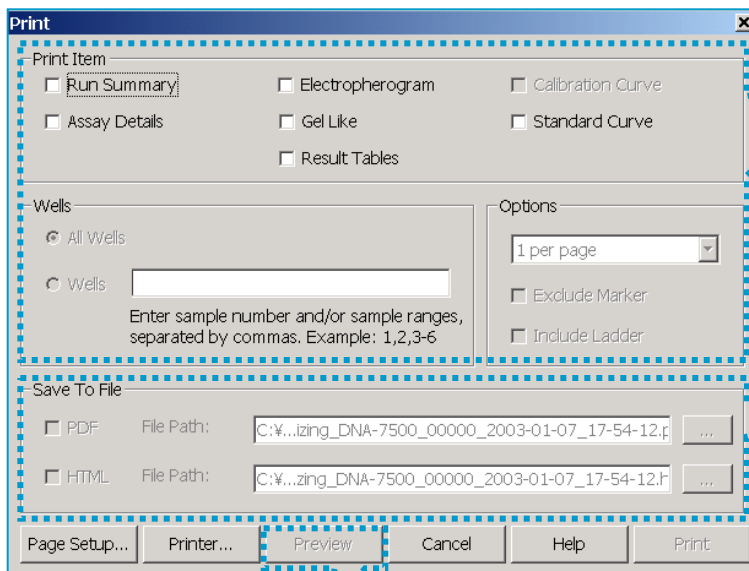
(2) 複数のデータが開かれている場合、印刷したいデータをツリー表示パネルで選択してください。

印刷したいデータを
をクリックします



(3) FileメニューからPrintを選択してください。

(4) 下記のダイアログが現れます。印刷したいアイテムにチェックを入れ、Printボタンをクリックしてください。



印刷内容を選択

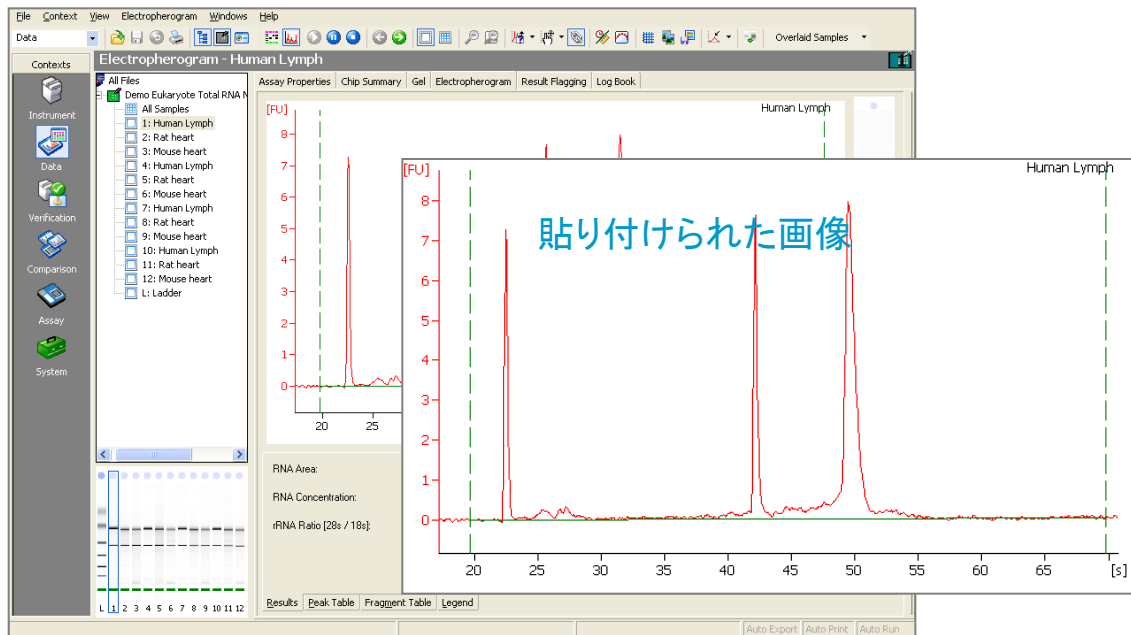
出力形式を選択
(PDF/HTML)

Previewをクリックし
レイアウトを予め確認

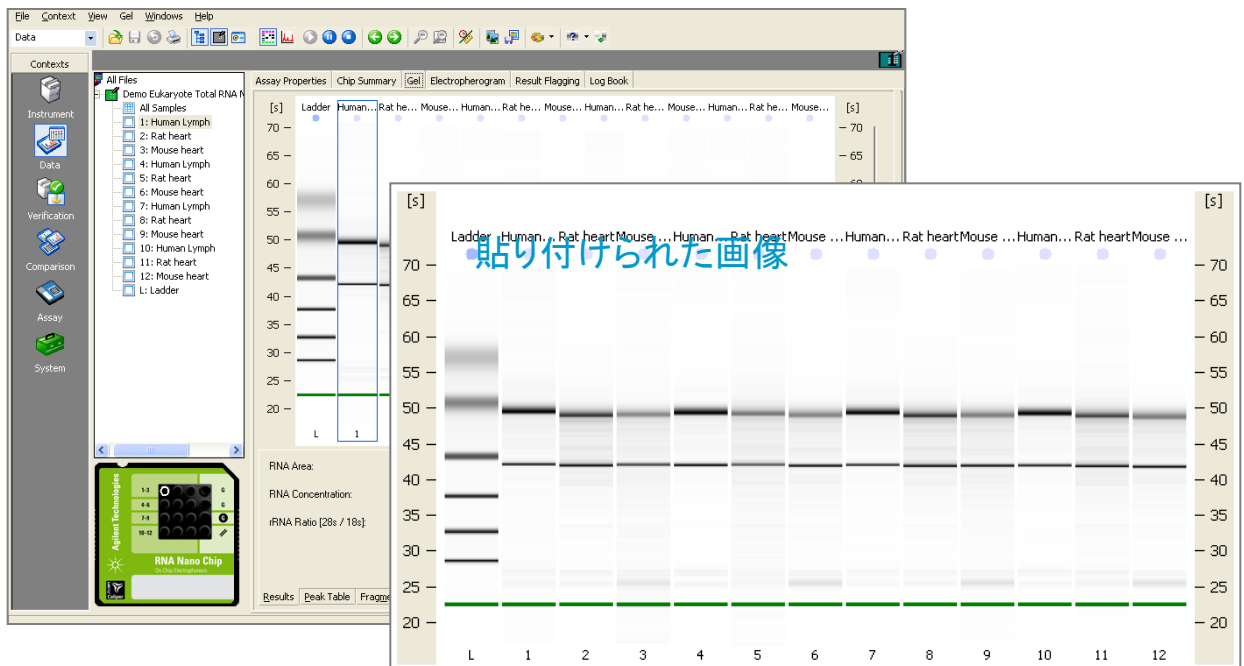
6-2画面のコピー

測定データ画面を簡単にコピーすることができます。

Electropherogram > Copy Electropherogram を選択し、図を貼り付ける先のアプリケーション上にペーストします（Controlを押しながらVを押す）

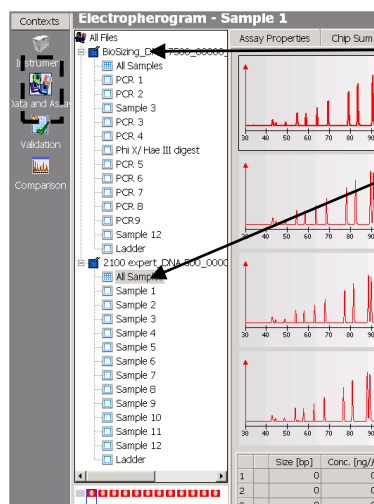


Gel > Copy Gel を選択し、図を貼り付ける先のアプリケーション上にペーストします（Controlを押しながらVを押す）



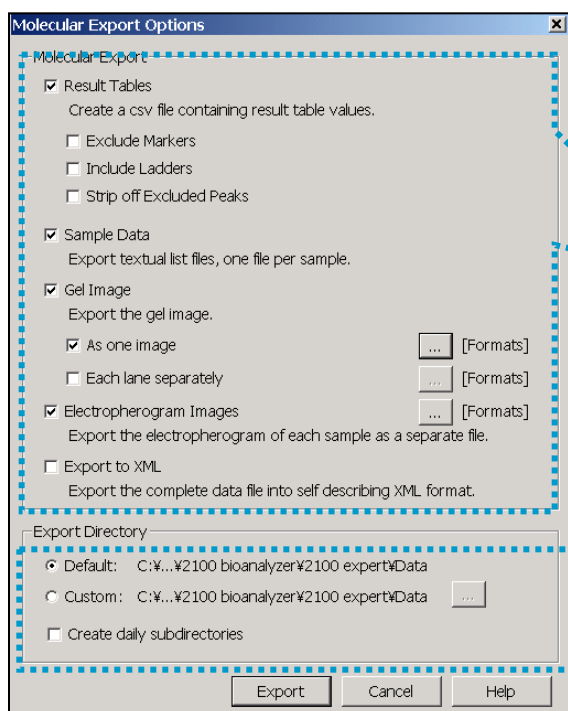
6-3 データを転送 (Export) する

- (1) コンテキストバーから“Data and Assay” をクリックしてください。
- (2) 複数のデータが開かれている場合、転送したいデータを ツリー 表示 パネルで選択してください。



転送したいデータを
をクリックします。

- (3) FileメニューからExportを選択してください。
- (4) 下記のダイアログが現れます。転送したいアイテムと形式に
チェックを入れ、保存先を選択した後、Exportボタンをクリックしてください。



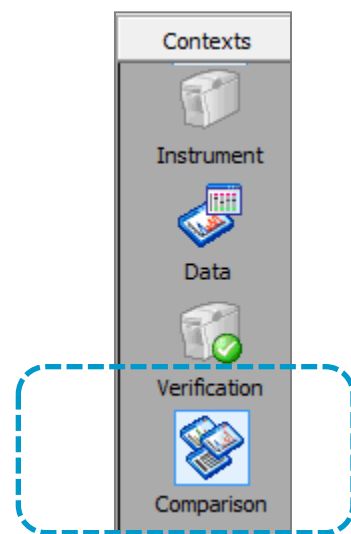
カテゴリーを選択

Export先を設定

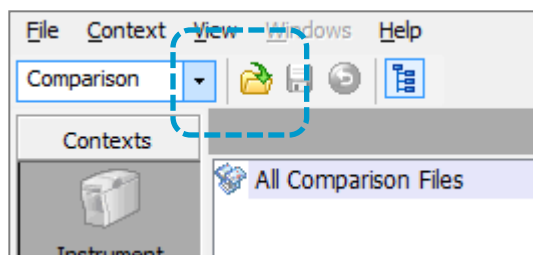
7. チップ間比較(Comparisonコンテキスト)

Comparisonコンテキスト画面では、複数のデータから任意のウェルを選択し、比較表示したり、ファイルに保存することができます。

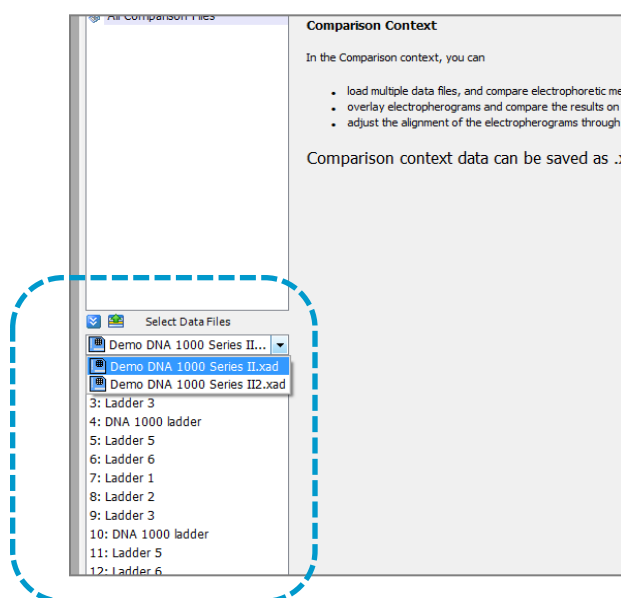
(1) コンテキストバーから“ Comparison”コンテキストをクリックしてください。



(2) Fileメニュー→Open (あるいはツールバーのOpen; 下図) を選択してください。表れたダイアログボックスにて、フォルダの中から比較したいデータファイル (.xad) をいくつか選び、Openボタンをクリックしてください。Dataコンテキストで開いているデータは再度開く必要はありません。

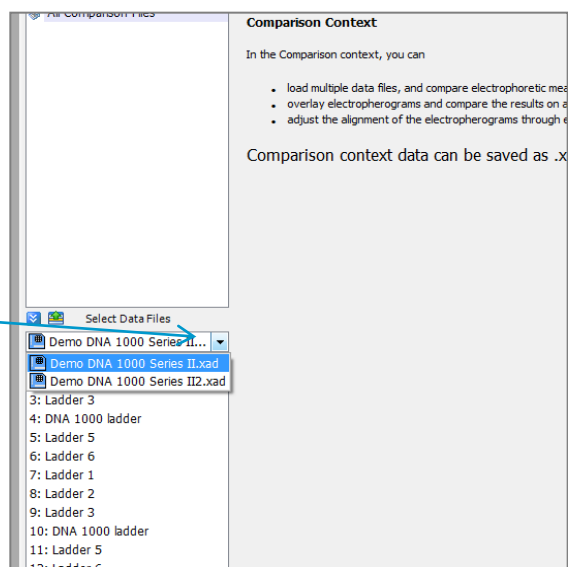


(3) 開いたデータファイルは、画面中央下の“Select Data Files”にリストされます。



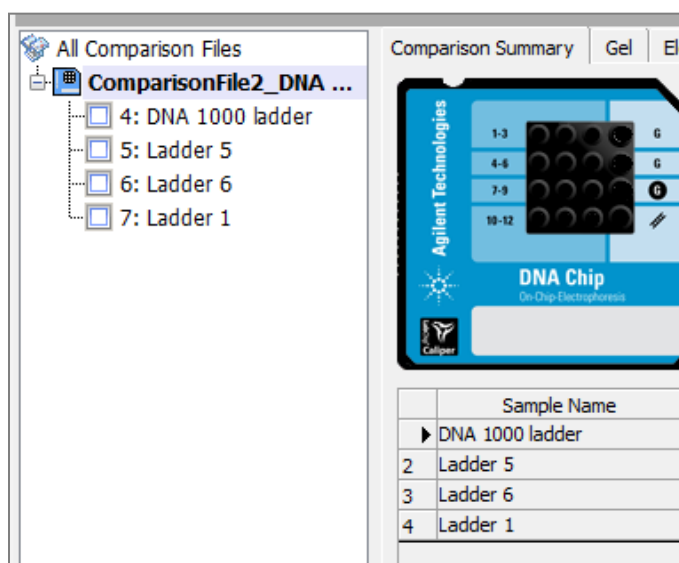
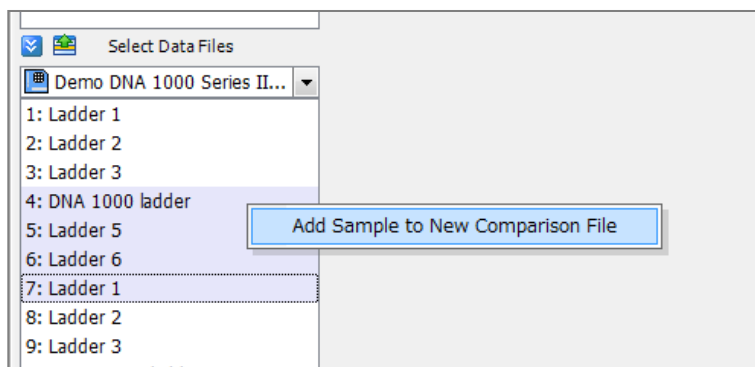
(4) Select Data Filesリストから、比較したいデータファイルを選択します。

下矢印を押してデータファイルを選択します。



(5) データファイルの中から、比較したいウェルを選び、**右クリック**を押してください。

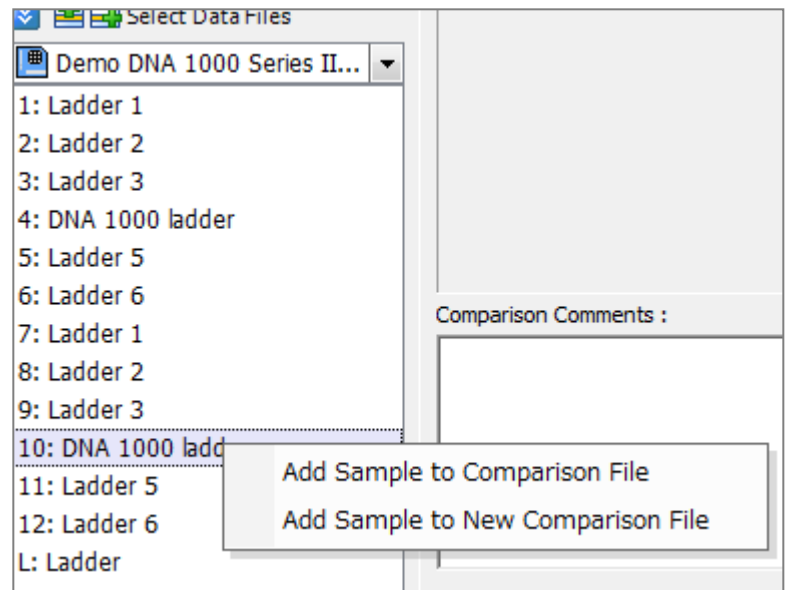
(6) “Add Sample to New Comparison File”をクリックします。



新しくComparison ファイルが作成され、選択されたウェルがツリー表示に表示されます。

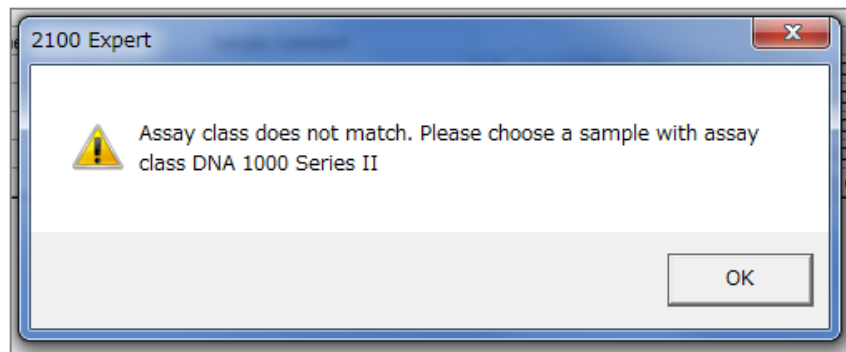
(5) Select Data Filesリストから、比較したいウェルを次々に足していきます。

追加する場合は“**Add Sample to Comparison File**”をクリックします。（新しくComparisonファイルを作成したい場合のみ“**Add Sample to New Comparison File**”を選択します）

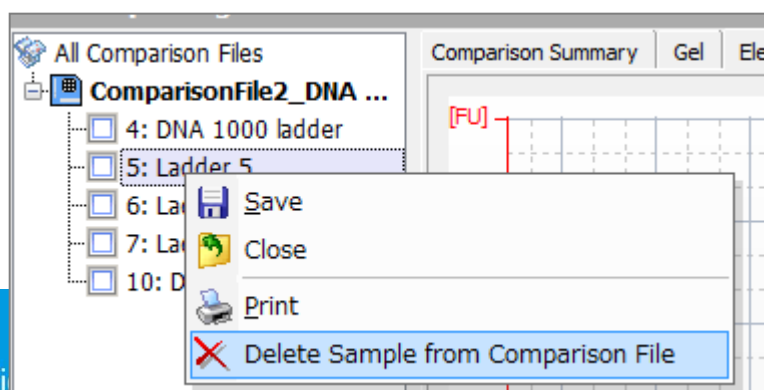


ノート

違うアッセイで得られたデータを比較することはできません。（例えばDNA7500アッセイで得られたデータと、DNA1000アッセイで得られたものを比較することはできません。）違うアッセイで得られたデータを選択した場合、下記のメッセージが表示されます。

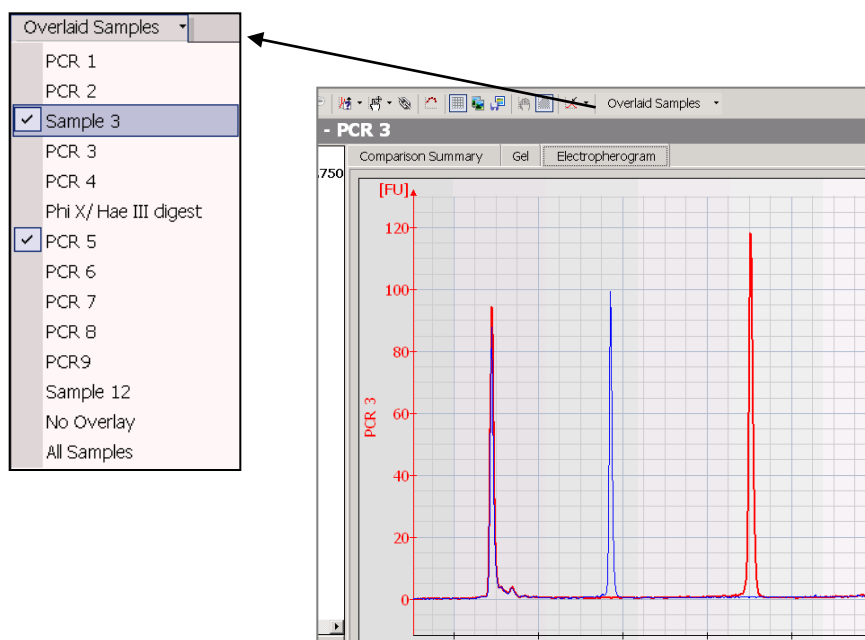


(6) Comparison ファイルからウェルを削除したい場合、ウェルを選択して右クリック後、Delete Sample From Comparison Fileを選択してください。



(7) Comparison ファイル内のエレクトロフェログラムを重ね描きする場合は、下記を実行してください。

- ① Electropherogram タブを選択します。
- ② ツールバーの Overlaid Samples から、重ね描きしたいウェルを選択します。



(8) 作成した Comparison ファイルを保存する場合、File メニューから Save を選択してください。

ノート

Comparison コンテキストでは、横軸表示は秒数のみです。
サイズ (bp, nt, KDa) での表示はできません。

ノート

Comparison ファイルの拡張子は“xac” です。
デフォルト名は分析の種類に由来します。（「ComparisonFileX[分析の種類].xac」、Xは自動的に与えられた番号です。）
例：「ComparisonFile 0 Protein 200.xac」

8. ハードウェア診断

Agilent 2100 バイオアナライザシステムには、ソフトウェア中にハードウェアの診断ツールが用意されています。この診断ツールによりユーザーご自身でバイオアナライザ本体装置の状態についてのチェックを行うことが可能です。

診断ツールのテスト結果は、" passed "もしくは" failed "で表示されます。" failed "は、不完全なハードウェアコンポーネントの存在を示しております。この結果が出た場合は、弊社サポートまでお問い合わせください

【ご用意いただくもの】

① 未使用のラボチップ 1個

RNA,DNA,Proteinラボチップのいずれか。埃の入らない環境で保管いただければ、次回の測定に使用できます。

② テストチップセット

型番 ; G2938-68100もしくはG2938-68300

1セットは装置に付属しております

Expire Date (使用期限) が銀色の袋のシールとテストチップに記載されています。期限内であることをご確認ください。

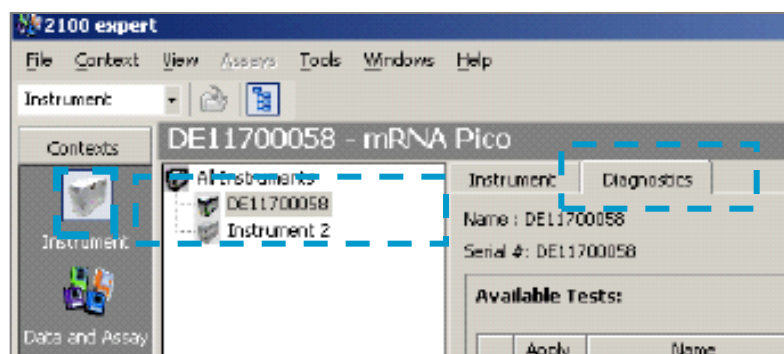


ハードウェア診断の操作手順

(1) コンテキストバーから"Instrument"コンテキストを選択してください。

(2) 複数台バイオアナライザを接続している場合、ツリー表示から診断したい装置を選択してください。

(3) Diagnosticsタブを選択してください。



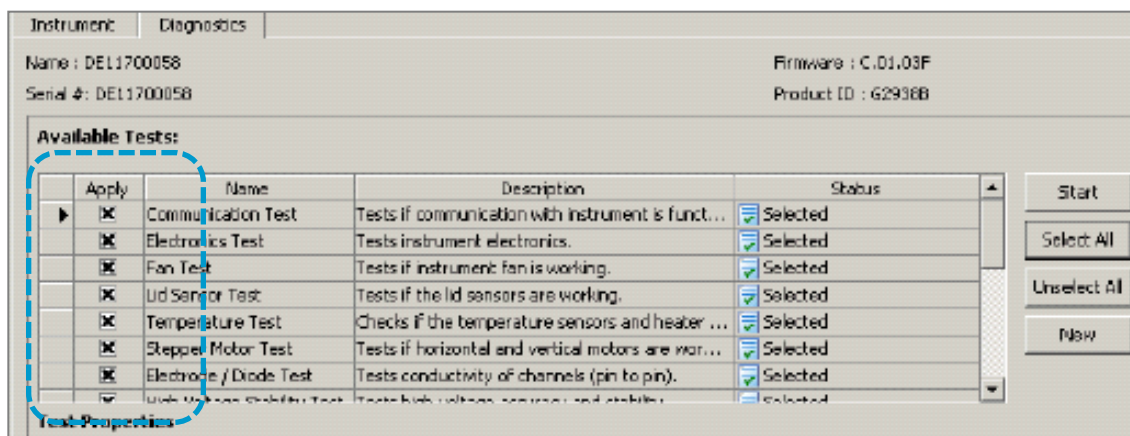
ノート

Diagnosticsタブは装置とソフトウェアが正常に通信されていない場合、選択できません。事前に装置電源が入っているか、接続ケーブルが適切につながっているかどうかを確認してください。

ノート

2100エキスパートソフトウェアが測定を行っている間は、ハードウェア診断を行うことはできません。

(4) Diagnosticsタブにて、診断したい項目のApplyボックスにチェックを入れて下さい。

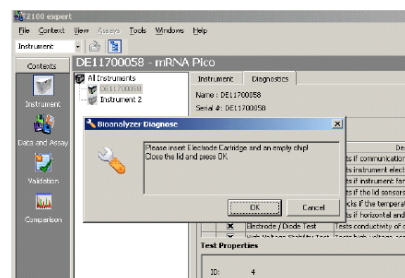


	Name	主なチェック項目
1	Electronics test	電源ボードのチェック
2	Fan test	ファン機能チェック
3	Lid sensor test	Lid(蓋) センサーチェック
4	Stepper motor test	Stepper Motor稼動チェック
5	Temperature test	チップ台座の温調機能チェック
6	HV Stability and Accuracy Test	16個の高圧電源の精度と安定性をチェック
7	HV accuracy test (on-load)	リファレンスチャンネルを使用した高圧電源コントローラーチェック
8	Short circuit test	漏れ電流チェック（電極に水分がついている場合や、温度25℃相対湿度60%以上の部屋の場合、このテストがfailします）*
9	Electrode diode test	電極ピン間の伝導度チェック
10	Optics test	LEDとレーザーのDark Current値をチェック
11	Electrophoresis autofocus test	レーザーのフォーカスと強度チェック
12	Laser stability test	レーザーの安定性チェック

注) 湿度が高い部屋では、漏れ電流値は高くなります。適切な結果を得るために、室温25℃相対湿度60%以下で実施ください

(5) Startボタンを押して下さい。

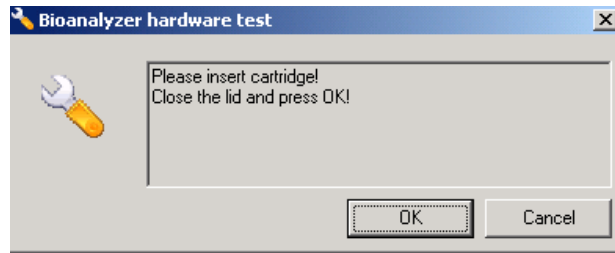
(6) 診断が始まります。表示されるダイアログボックスの指示に従い、各ハードウェア診断項目を進めてください。



各項目における手順

1. Electronic Test

2 Fan Test

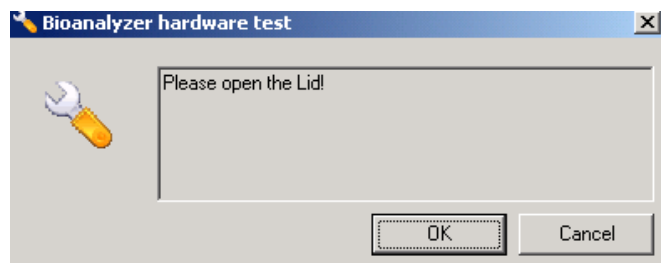


上記の画面が現れます。

- (1) 装置本体の蓋を閉めてください。
- (2) 画面の“OK”ボタンを押してください



3 Lid Sensor Test



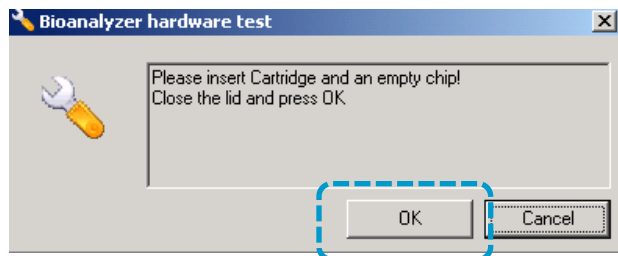
上記の画面が現れます。

- (1) 装置本体の蓋を開けてください。
- (2) 画面の“OK”ボタンを押してください

4 Stepper Motor Test

この項目の操作は不要です。
自動的ソフトウェアが診断を進行します。

5 Temperature Test



上記の画面が現れます。

- (1) 空のラボチップをバイオアナライザにセットしてください
- (2) 装置本体の蓋を閉めてください。
- (3) 画面の“OK”ボタンを押してください

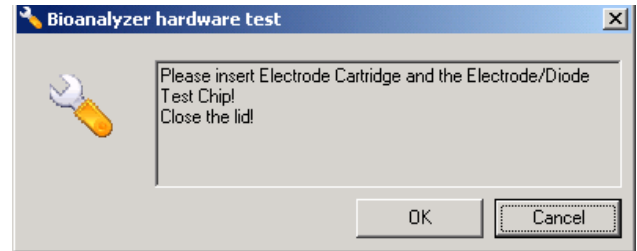
6 HV Stability and Accuracy Test

この項目の操作は不要です。
自動的ソフトウェアが診断を進行します。

8 Short Circuit Test

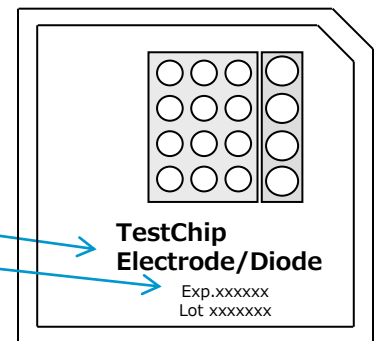
9 Electrode diode test

10 Optics Test



- (1) Electrode/Diode testチップをバイオアナライザにセットしてください
- (2) 装置本体の蓋を閉めてください。
- (3) 画面の“OK”ボタンを押してください

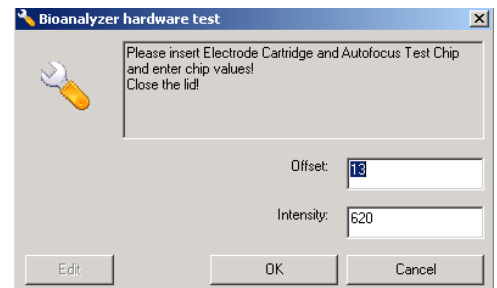
名前を確認ください
期限内であることを確認ください



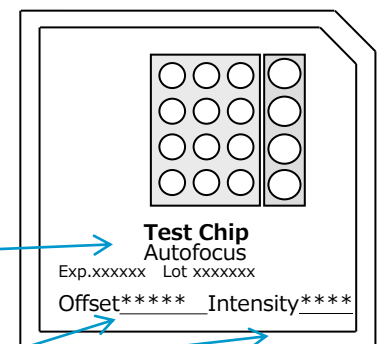
11 Electrophoresis autofocus test

12 Laser stability test

- (1) 上記のダイアログボックスに、Autofocus testチップ情報を入力してください。各 Autofocus testチップにはそれぞれ Offset値とIntensity値が書いてあります。その値を画面に入力してください。
- (2) Autofocus testチップをバイオアナライザにセットしてください
- (3) 装置本体の蓋を閉めてください。
- (4) 画面の“OK”ボタンを押してください

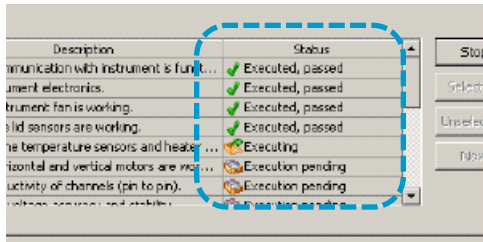


名前を確認ください
期限内であることを確認ください



Offset値とIntensity値
は各チップ固有の値です

(7) 各診断項目のStatus欄には、テスト結果が表示されます。



- *Executing* (進行中)
- *Execution pending* (ペンディング状態)
- *Executed, passed* (診断にパスした状況)
- *Executed, failed* (診断に異常値が見つかった状況)

(8) “Failed”と表示された項目に関しては、再度診断を行ってください。

(9) 再度 “Failed”と表示される項目が残っている場合、下記のファイルをメールに添付の上、

email_japan@agilent.com

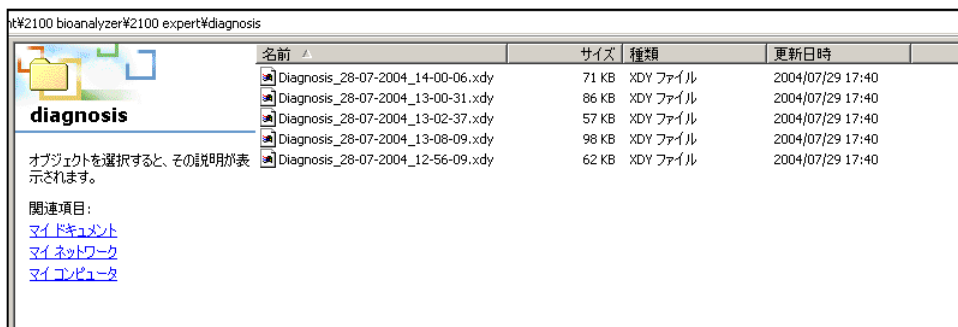
にお送りください。

ハードウェア診断ファイル ; 拡張子.xdy files

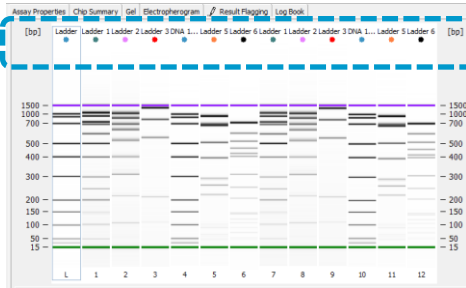
場所 ; Local Drive内の

¥Program Files¥Agilent¥2100 bioanalyzer

¥2100 expert¥diagnosis



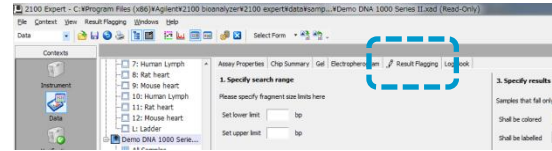
付録1. フラグ機能



フラグ機能では試料に対してユーザー定義の色分け設定を行うことができます。この機能を使えば、特定の特徴をもつ試料を簡単に同定することができます。

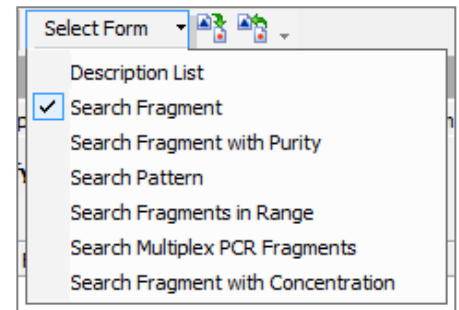
フラグ則は、[Result Flagging]タブ上で定義できます。

このタブは[Data and Assay]コンテキスト上で電気泳動測定データファイル(.xad.)またはアッセイファイル(.xsy)を選択しているときに使用できます。下記の2つのモードがあります。



Form Mode

このモードでは、あらかじめいくつかのフラグ条件がある程度設定されております。あとは基準値を入力するだけです



Editor Mode

このモードでは、よりフレキシブルにフラグの定義を行うことができます。複雑な演算をおこなう場合にはこのモードを使用します。

上記モードの選択



定義したフラグの実行ボタン

定義したフラグのリセットボタン

フラグ則のExport

フラグ則のImport

一度設定したフラグ条件は、

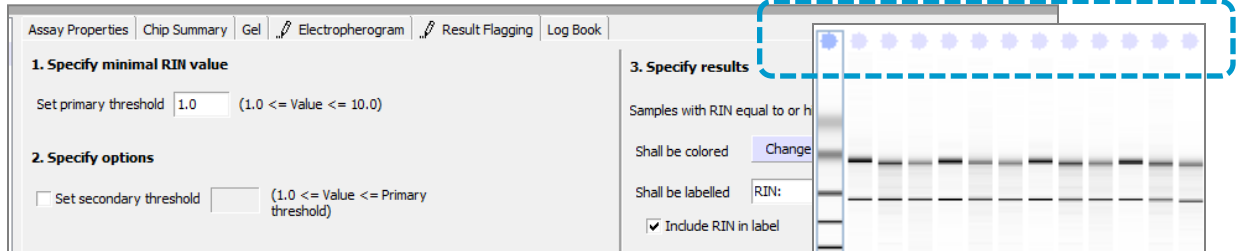
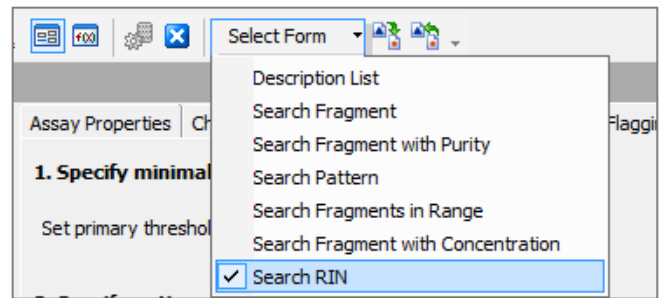
- Save Resultsボタンから名前を付けて保存できます。保存形式は.xmlです。
- Import Rules from Fileから 取り込むことができます。

例 1) totalRNAアッセイでRINの値によって色分けする

totalRNAアッセイでは、Form Modeの'Search RIN'が適応されています。

デフォルトでは、

- ・ RIN1以上のレーン；薄いブルー
- という条件のみが適応されています。

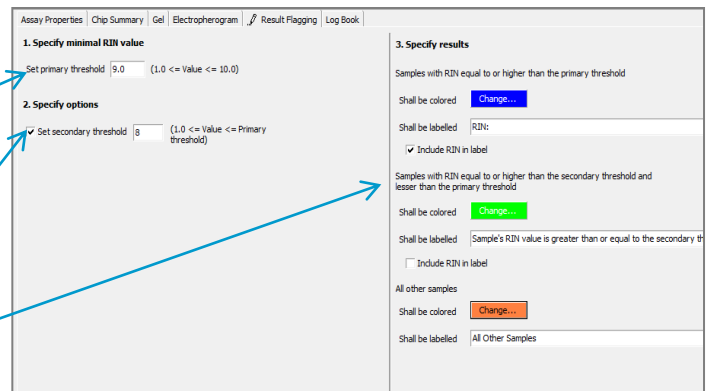


例えば

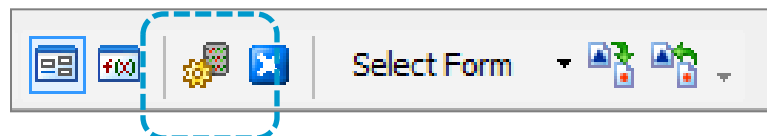
- ・ RINが9以上は青
- ・ RIN 8-9 は緑
- ・ 上記以外はオレンジ

と表示するには、下記のように設定します。

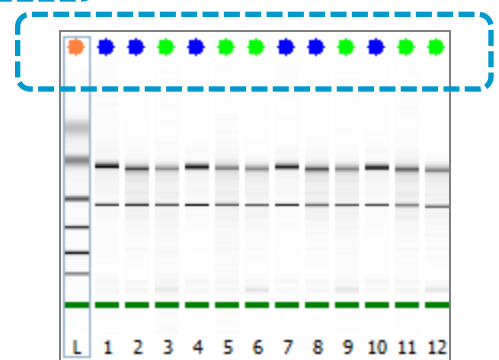
- 1) 1.Specify minimal RIN value Set primary threshold の設定値を9
- 2) 2.Specify options Set secondary threshold をONにし、設定値を8
- 3) 3. Specify resultsのShall be coloredの項目からそれぞれ上記の色を決定



- 4) 実行ボタンを押します。



結果がゲルイメージ上に表示されます



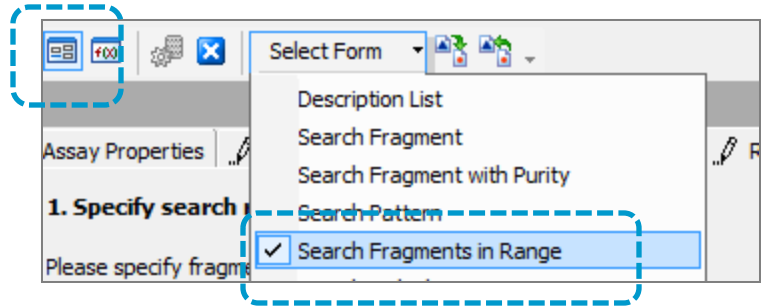
例2) DNA・Proteinアッセイで目的のサイズの濃度によって色分けする

例えば、DNAアッセイにて目的の400-500bpのピークが

- ・検出されていれば緑
- ・10ng/ul以上あればオレンジ
- ・それ以外であれば赤

と表示するには下記のように設定します。

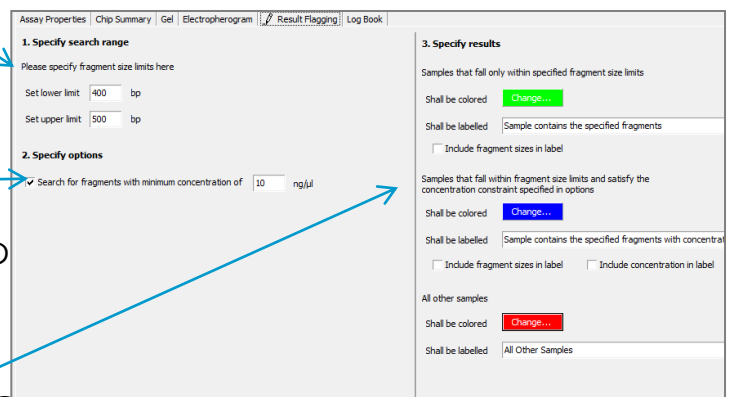
- 1) Form Modeを選択します。
- 2) Select Formから'Search Fragment in Range'を選択します。



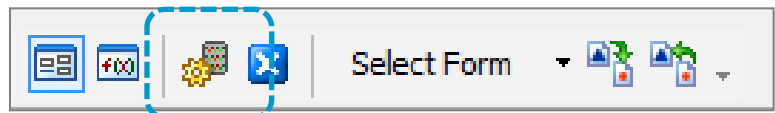
- 1) 1.Specify search rangeにて、
Set lower limit ; 400 bp(任意の値)
Set upper limit; 500 bp (任意の値)

- 2) 2.Specify options
Set secondary threshold をONにし、
設定値を10 ng/ulに設定 (任意の
値)

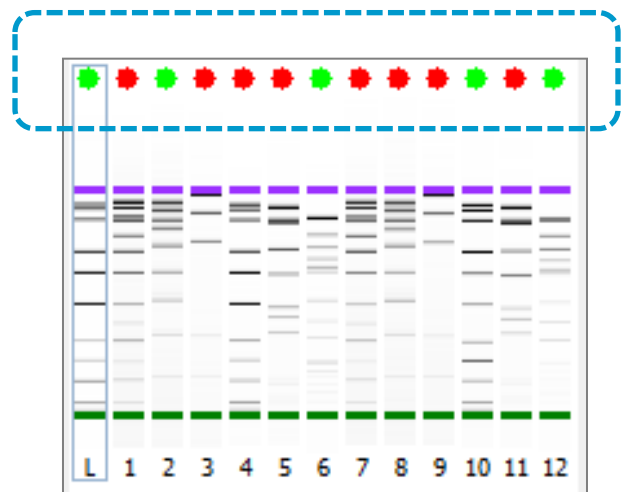
- 3) 3.Specify resultsのShall be coloredの項目からそれぞれ上記の色を決定



- 4) 実行ボタンを押します。



結果がゲルイメージ上に表示されます

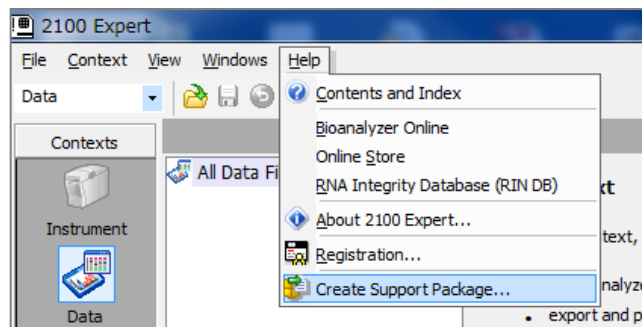


付録 2. Support Package

ソフトウェア機能に異常がある、動作が不安定、という症状の場合、テクニカルサポートスタッフが状況を把握するため、Support Packageファイルを要求することがあります。

Support Package 作成手順

- 1) 2100 expertソフトウェアのHelpメニューから Create Support Packageを選択します。
もしくは、WindowsのStartメニューから All programs>Agilent 2100 Bioanalyzer>Utilities>Create Support Packageを選択してください。



- 2) 以下のダイアログが表示されますので、全ての項目を選択し、“Collect”をクリックしてください。



- 3) デスクトップ上に“Expert”から始まる名称のzipファイルが作成されます。



- 4) ファイルをメールに添付の上、

email_japan@agilent.com

にお送りください。