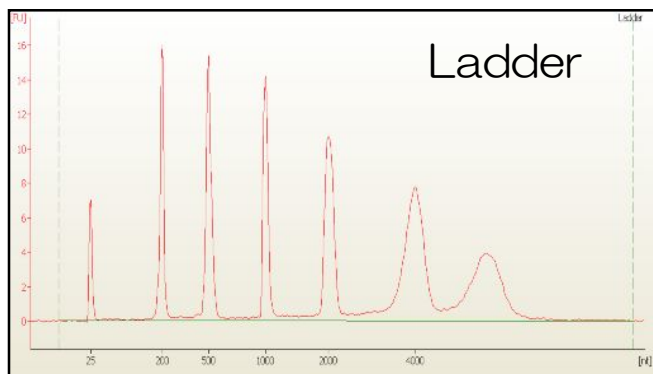




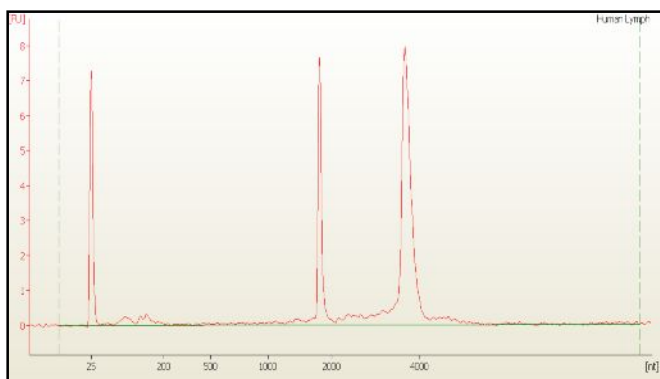
# 濃度の算出方法 -RNA(Nano/Pico) assay-



①Ladderに入っているRNAは既知濃度です

Nano: 150ng/ul

Pico : 1000pg/ul



②Ladderのエリアを基準に濃度を算出します

Ladder Area : Ladder Conc.

= Sample Area : Sample Conc.

Nano

RNA Conc. (ng/ul) = (The Area) \* (Ladder Area) / (150 \* Sample Area)

Pico

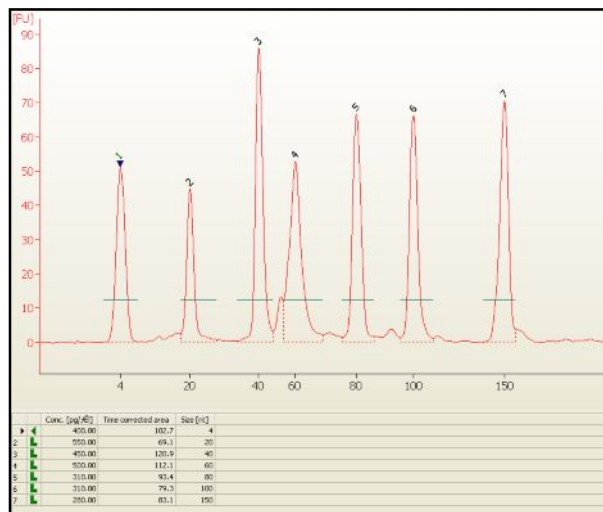
RNA Conc. (pg/ul) = (The Area) \* (Ladder Area) / (1000 \* Sample Area)





# 濃度の算出方法 -small RNA assay-

Ladder



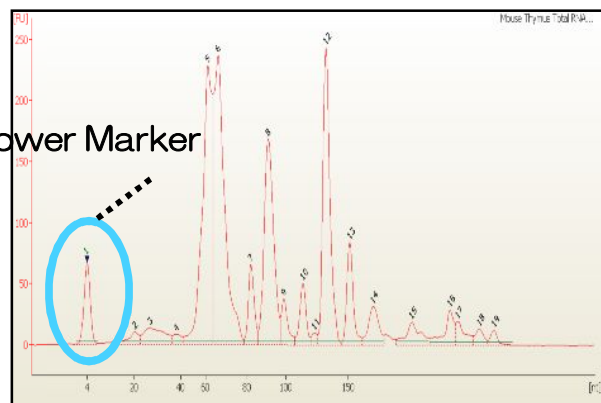
①Ladderに入っている各ピークは既知濃度です

②Ladderの各ピークのエリアを基準にサイズごとの補正值を計算します

③各レーンのLower Markerは既知濃度 (500pg/ul) です

④ ②と③で求めたfactorでmiRNA、small RNAと想定される領域の濃度を計算します

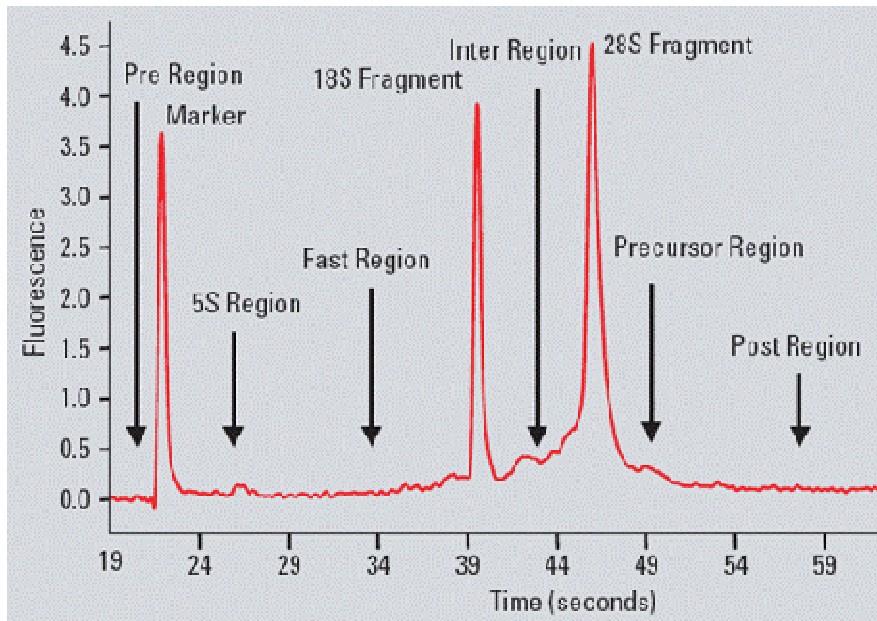
Lower Marker





# RIN計算のフロー

① エレクトロフェログラムの region分けをおこないます



② Anomaly thresholdによる 異常データの検出をおこないます

- フラグ 赤字→Critical  
⇒RIN値が計算されず
- フラグ 黒字→Criticalではない  
⇒RIN値は計算される

- Unexpected baseline signal
- Unexpected signal in pre-region
- Unexpected signal in 5S-region
- Unexpected signal in fast-region
- Unexpected signal in inter-region
- Unexpected signal in precursor-region
- Unexpected signal in post-region
- Unexpected ribosomal ratio
- Unexpected sample type
- Unexpected lower marker