

# Agilent 2100 バイオアナライザを より良くお使いいただくために

～ DNA・RNA・Protein ～

- バイオアナライザ豆知識
- 便利な機能のご紹介
- よく報告されるトラブル・ご質問



アジレント・テクノロジー株式会社  
バイオアプリケーショングループ

The Measure of Confidence



**Agilent Technologies**

# Contents

---

## バイオアナライザ 豆知識

- ・ 泳動原理 ..... 3
- ・ Kit の種類 ..... 5
- ・ Expert Software のバージョンの違い ..... 6
- ・ サイズの算出方法 ..... 7
- ・ 濃度の算出方法 ..... 8
- ・ RIN の計算フロー ..... 14
- ・ RNA Assay の選択 ..... 16
- ・ 様々な RIN ..... 17

## 便利な機能のご紹介

- ・ スメアアッセイ ..... 18
- ・ ピークの編集 ..... 22
- ・ electropherogram の重ねがき ..... 23
- ・ Comparison 機能 ..... 24
- ・ データ出力 ..... 25

## よく報告されるトラブル・ご質問

### 実験操作編

- ・ トラブルシューティング ..... 27
- ・ サンプル調製時 ..... 28
- ・ チップ調製時 ..... 30
- ・ 電極のメンテナンス ..... 33

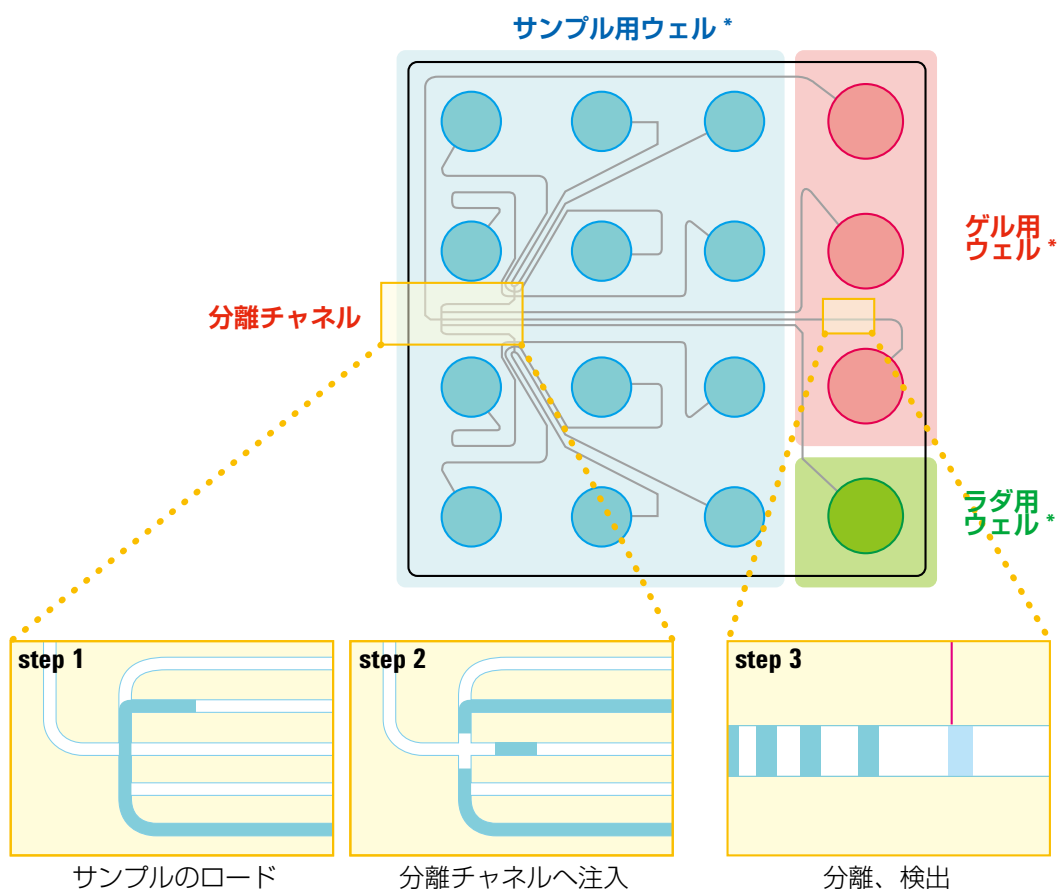
### Expert 編

- ・ ピークが認識されない ..... 34
- ・ バンド・ピークがずれる ..... 35
- ・ RIN が表示されない ..... 36
- ・ rRNA ピークを編集したい ... 37
- ・ サイズ表示にならない ..... 38
- ・ 故障かな...と思ったら ..... 40
- ・ Short Circuit Test ..... 41
- ・ 修理・点検 ..... 42
- ・ サポートサイトのご案内 ..... 43



## 泳動原理

バイオアナライザでは 16 本の電極全てを使用して電界をかけます。  
ロードされたサンプルの一部が分離チャンネルに injection されます。



\* ゲル用、ラダ用、サンプル用ウェルの位置は Kit により異なります。



## 泳動原理 ～ 高感度 Assay ～

高感度 Assay (High Sensitivity DNA Kit, RNA Pico Assay) では流路内でサンプルをスタッキングをすることにより高感度化を実現しています。

### サンプルのスタッキングによる高感度化

導電率 小 = 電流 小 = 抵抗 大

導電率 大 = 電流 大 = 抵抗 小



試料ゾーン=試料ウェルの緩衝液&試料  
緩衝液=Chip Capillary内のgel/dye

注) サンプル中の塩濃度が高いとスタッキングがうまく行えず、泳動に影響が出ます (p28 参照)。

注) 高感度 Kit と通常感度 (DNA HighSensitivity と DNA1000/7500/12000、RNA Nano と Pico) の電極\* は別にご用意いただくことをご勧めしております。

併用する場合は、使用前に必ず電極をとりはずし洗浄してください。\*

\* 16pin 電極カートリッジ (型番: 5065-4413)

\*\* 実際の操作は以下の FAQ の資料をご参照ください。

[https://www.chem-agilent.com/lscaboath/BIO\\_FAQ/index3-Bio.htm#bio01](https://www.chem-agilent.com/lscaboath/BIO_FAQ/index3-Bio.htm#bio01)  
(ログイン名、Password はお問い合わせください)





## Kit の種類

泳動したいサンプルのサイズ、濃度に応じて適宜選択してください。  
ソフトウェアのバージョンによって使用できる Kit が異なります (p6 参照)。

### DNA

Kit	Size	Conc.
DNA1000	25-1000 bp	0.1-50 ng/μL <sup>*1</sup>
DNA7500	100-7500 bp	0.5-50 ng/μL <sup>*1</sup>
DNA12000	100-12000 bp	0.5-50 ng/μL <sup>*1</sup>
High Sensitivity DNA	50-7000 bp	5-500 pg/μL <sup>*1</sup>

\*1 : ラダをサンプルとした場合

### RNA

Kit	Size	Conc.
RNA Nano	—	5-500 ng/μL
RNA Pico	—	50-5000 pg/μL
Small RNA	6-150 nt	1-100 ng/μL <sup>*2</sup>

\*2 : total RNA をサンプルとした場合

### Protein

Kit	Size	Conc.
Protein80	5-80 kDa	6-4000 ng/μL <sup>*3</sup>
Protein230	14-230 kDa	6-5000 ng/μL <sup>*3</sup>
High Sensitivity Protein 250	10-250 kDa	1-3000 ng/μL <sup>*4</sup>

\*3 : CAII をサンプルとした場合

\*4 : ラベル化に必要な量。より濃度の低いサンプルをラベル化するプロトコルもございます。



## Expert software のバージョンの違い

ソフトウェアのバージョンによって使用できる Kit、Assay が異なります。

注) バージョンにより必要な PC スペックが異なります。詳細はお問い合わせください。

### RIN を計算したい

➡ Ver. 02.03 以上でご覧いただけます  
ただし以前の ver で取得したデータを別 PC で解析することが可能

### Small RNA Kit を使いたい

➡ Ver. 02.05 以上でご使用いただけます

### High Sensitivity Protein250 Kit を使いたい

➡ Ver. 02.06 以上でご使用いただけます

### High Sensitivity DNA Kit を使いたい

➡ Ver. 02.07 以上でご使用いただけます

### Windows7 を使いたい

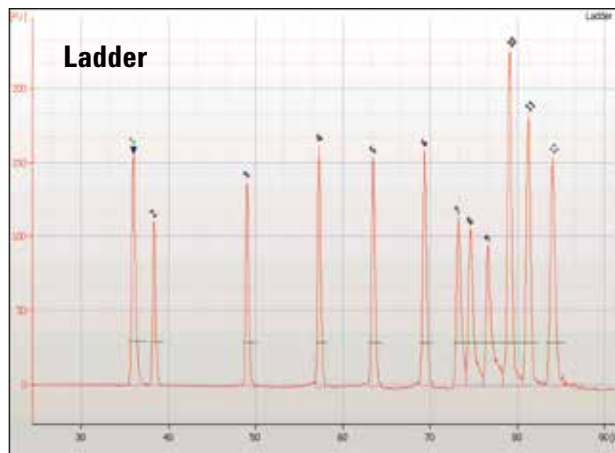
➡ Ver. 02.08 以上でご使用いただけます

注) Expert ソフトウェアは下位互換性がありません。  
新しいバージョンで得たデータは、より古いバージョンでは見ることはできません。

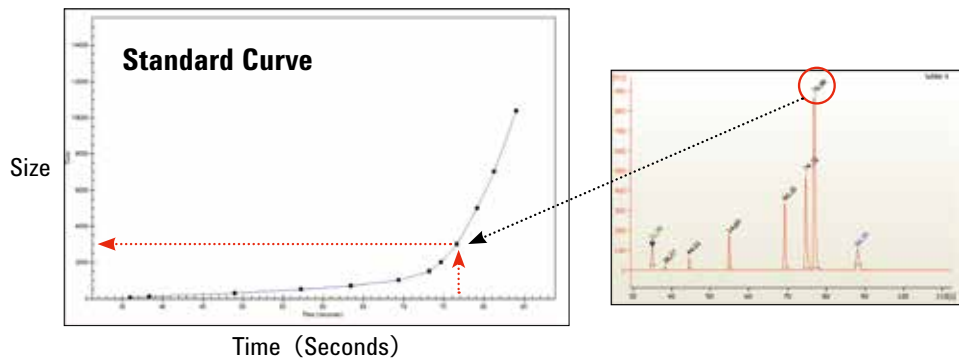


# サイズの算出方法

例) DNA7500 assay



	Size
1	50
2	100
3	300
4	500
5	700
6	1000
7	1500
8	2000
9	3000
10	5000
11	7000
12	10380



- ① ラダは既知のサイズなのでソフトウェアにはあらかじめピークサイズがインプットされています。
- ② ラダレーンのピークの Migration time をもとに、Standard Curve を描きます。
- ③ それぞれのピークの Migration time から Standard Curve をもとにサイズを算出します。

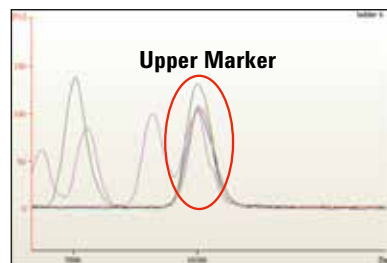
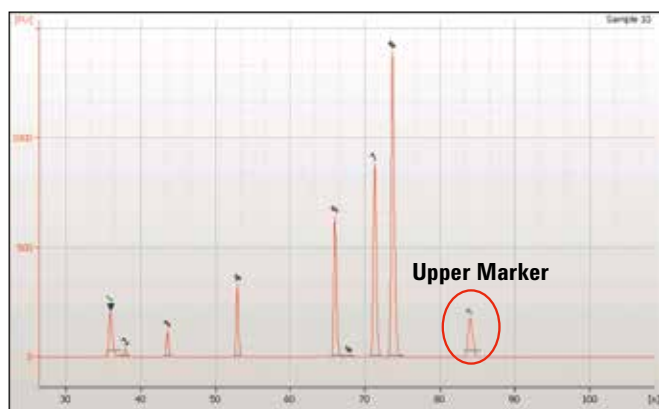
Ladder size は Assay Property から、Standard Curve は Chip Summary から確認可能



## 濃度の算出方法 ～ DNA Assay ～

注) 濃度の算出方法は Assay によって異なります

正しい定量値を得るためにはそれぞれの定量で使用される Marker や Ladder が正しく泳動・認識される必要があります。



Overlaid Samples

- ① Marker に入っている Upper Marker は既知濃度です。
- ② 各レーンの Upper Marker のエリアを基準にインジェクション量の補正を行います。
- ③ 各ピークがもつサイズをもとに、correction factor をかけます。  
correction factor: Agilent がもつ経験的な値、インジェクション時のサイズによるバイアスを補正します。
- ④ サイズに応じてモル濃度計算をおこないます。

Peak Conc.

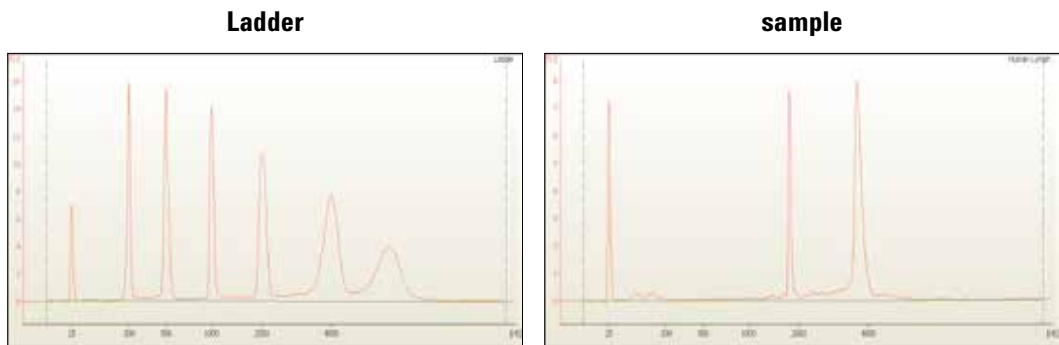
= (The Area) \* (UpperMarker known conc./UpperMarker Area)  
\* (injection bias factor)







## 濃度の算出方法 ～ RNA(Nano/Pico) Assay ～



① Ladder に入っている RNA は既知濃度です。

Nano : 150 ng/μL

Pico : 1000 pg/μL

② Ladder 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**

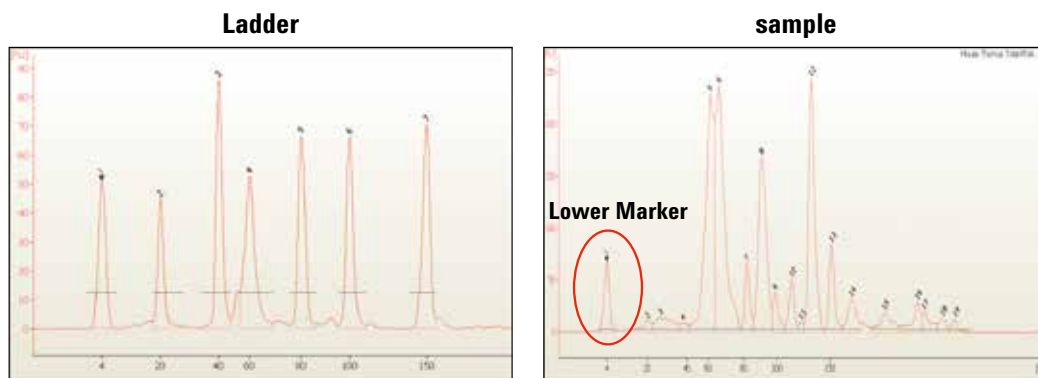
RNA Conc. (ng/μL) = (The Area) \* (Ladder Area) / (150 \* Sample Area)

**Pico**

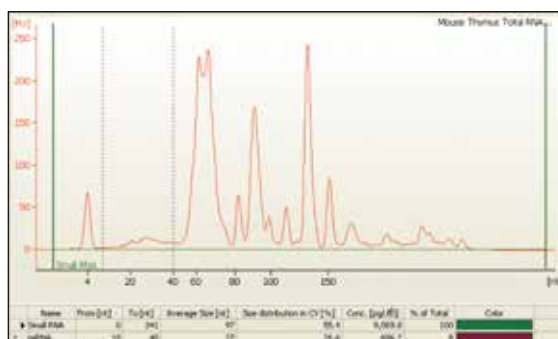
RNA Conc. (pg/μL) = (The Area) \* (Ladder Area) / (1000 \* Sample Area)



## 濃度の算出方法 ~ Small RNA Assay ~

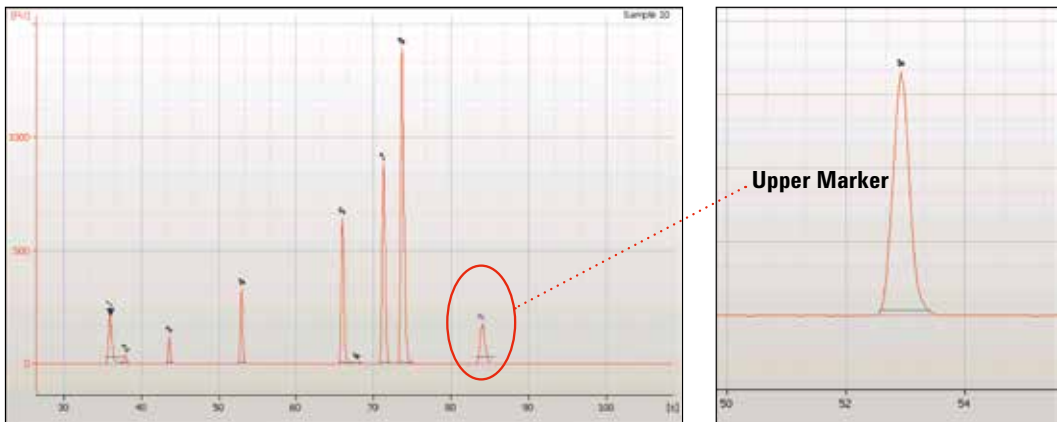


- ① Ladder に入っている各ピークは既知濃度です。
- ② Ladder の各ピークのエリアを基準にサイズごとの補正値を計算します。
- ③ 各レーンの Lower Marker は既知濃度（500 pg/μL）です。
- ④ ②と③で求めた factor で miRNA、small RNA と想定される領域の濃度を計算します。





## 濃度の算出方法 ～ Protein80 & 230 Assay ～



① 各レーンの Upper Marker のエリアを基準にインジェクション量の補正を行います。Protein 80、230Kit では Upper Marker を使います。

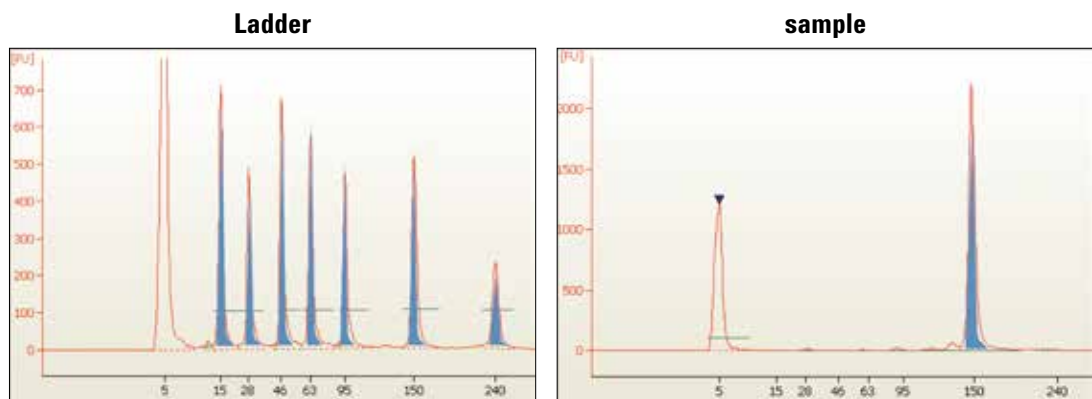
② 各ピークの補正值をかけます。

$$\text{Peak Conc.} = (\text{The Area}) * (\text{Marker known conc.} / \text{Marker Area})$$

\*ただし、ラベル化効率はタンパク質の種類によって異なります。(p13 参照)



## 濃度の算出方法 ～ High Sensitivity Protein250 Assay ～



Ladder の Time Corrected Area (TCA)\* と濃度 (4,167 pg/μL\*\*) をもとに Sample の TCA から算出します。

\* 移動速度による影響を補正した面積値

\*\* 通常プロトコルで調製時の Sample Buffer と混合するときの ladder 濃度 (ladder のもとの濃度 = 1 mg/mL)

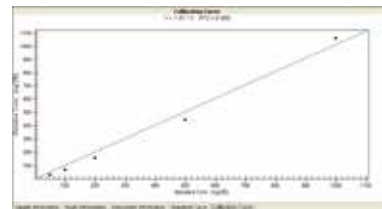
$$\text{Peak conc.} = (\text{sample TCA}) * (\text{Ladder Conc.}) / (\text{Ladder TCA})$$



## 濃度の算出方法 ～ Protein Assay ～

ラベル化効率はタンパク質により異なります。  
Upper Marker や Ladder のみで補正する (p11、12) 他、標品による濃度補正も可能です。

Sample Name	Sample Com...	Use For Calibration	Conc. [ng/μl]	Status
IgG non-red.		<input type="checkbox"/>	0	✓
IgG 1:5 (red.)		<input checked="" type="checkbox"/>	200	✓
IgG 1:20 (red.)		<input checked="" type="checkbox"/>	50	✓
IgG 1:10 (red.)		<input checked="" type="checkbox"/>	100	✓
IgG 1:2 (red.)		<input checked="" type="checkbox"/>	500	✓
IgG (pur. red.)		<input checked="" type="checkbox"/>	1000	✓
IgG non-red.		<input type="checkbox"/>	0	✓
Low Range ladder		<input type="checkbox"/>	0	✓
Low Range ladder		<input type="checkbox"/>	0	✓
PBS blank		<input type="checkbox"/>	0	✓
Ladder		<input type="checkbox"/>	0	✓

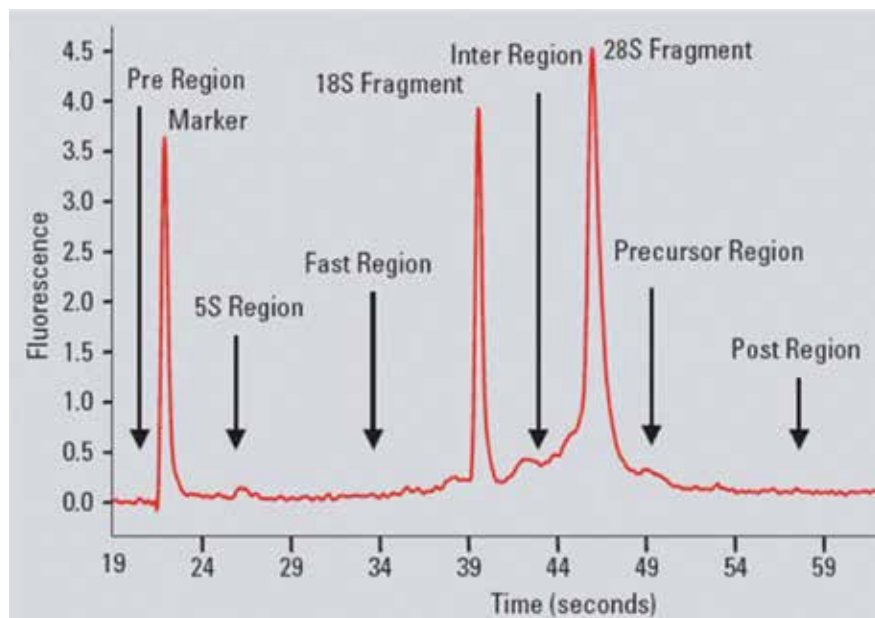


- ① 10 ウェルのうち、何ウェルかに濃度をふった標品、残りにサンプルを入れて測定します。
- ② データファイルを開き、Chip Summary に標品の情報を入力します。
- ③ ソフトウェアが標品のメインピークをもとに Standard Curve をかきます。
- ④ ③をもとに濃度を補正し算出します。



## RIN 計算のフロー

- ① Human、Mouse、Rat の典型的な total RNA のデータをもとにしたアルゴリズムを使用して計算されます。



- ② 異常データの検出をおこないます。  
Human、Mouse、Rat の典型的な total RNA のデータをもとに①で設定した region に対し “Anomaly Threshold” を設定しています (p15 参照)。
- ③ RIN の計算を行います。

参照論文 : <http://www.biomedcentral.com/1471-2199/7/3>





## RIN の計算フロー ～ フラグ ～

典型的な total RNA の泳動パターンと異なる場合、Error が表示されフラグがたちます。

**Critical な項目** → RIN が表示されません (N/A と表示)。\* フラグは●で表示されます。

異常と判断された箇所	表示される Error
ベースライン	Unexpected baseline signal
5S 領域	Unexpected signal in 5S-region
低分子領域	Unexpected signal in fast-region
18S/28S 間領域	Unexpected signal in inter-region
rRNA ratio	Unexpected ribosomal ratio
サンプルタイプ (rRNA 位置)	Unexpected sample type

**Critical でない項目** → RIN は表示されます。 フラグは●で表示されます。

異常と判断された箇所	表示される Error
Lower Marker より低分子領域	Unexpected signal in pre-region
前駆物質領域	Unexpected signal in precursor-region
高分子領域	Unexpected signal in post-region
Lower Marker	Unexpected lower marker

\* フラグを解除すると RIN が表示されます (p36 参照)



## RNA Assay の選択

目的に応じて適切な Assay を泳動前に選択してください。

注) 泳動後、データを解析しなおすことはできません。

### 真核生物の total RNA を解析したい

- ➔ Eukaryote total RNA Nano/Pico Series II  
rRNA の位置は 18S、28S で設定されています。

### 原核生物の total RNA を解析したい

- ➔ Prokaryote total RNA Nano/Pico Series II  
rRNA の位置は 16S、23S で設定されています。  
生物種により、非分解の RNA でも RIN が 10 にならない場合があります (p17 参照)。

### 植物の total RNA を解析したい

- ➔ Plant total RNA Nano/Pico Series II  
rRNA の位置は 18S、25S で設定されています。  
複数の rRNA がある組織の場合、非分解の RNA でも RIN が 10 にならない場合があります (p17 参照)。

### mRNA や増幅した cRNA を解析したい

- ➔ mRNA Nano/Pico Series II  
total RNA の解析より泳動時間が長く、より長い RNA を検出できます。  
rRNA の混入率が計算されません。  
RIN は計算されません。

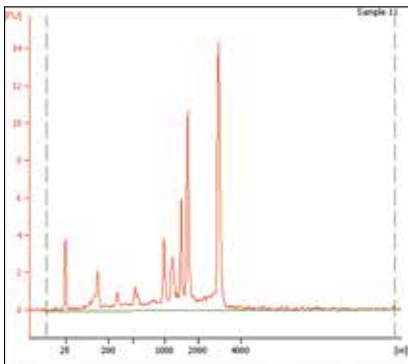




# 様々な RIN

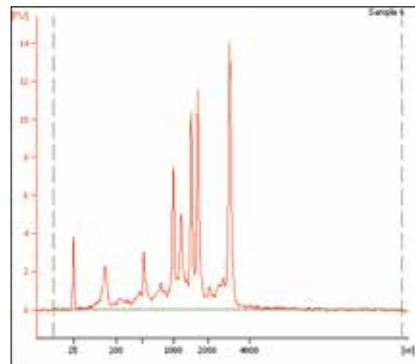
Human、Mouse、Rat の total RNA 以外の場合、非分解の RNA でも RIN が 10 にならない場合があります。

RIN 7.2



Arabidopsis leaves

RIN 6.5



Tomato leaves

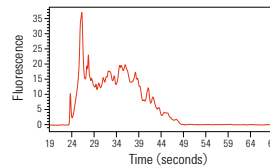
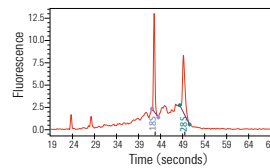
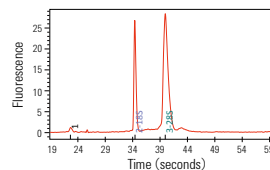
RIN が参考にできない生物種の場合、rRNA のピークとそれ以外の領域のシグナル、特に低分子領域のシグナルをチェックしてください。

checkpoint1  
rRNA のピーク

checkpoint2  
rRNA のピーク間

checkpoint3  
低分子領域

分解





便利な機能のご紹介

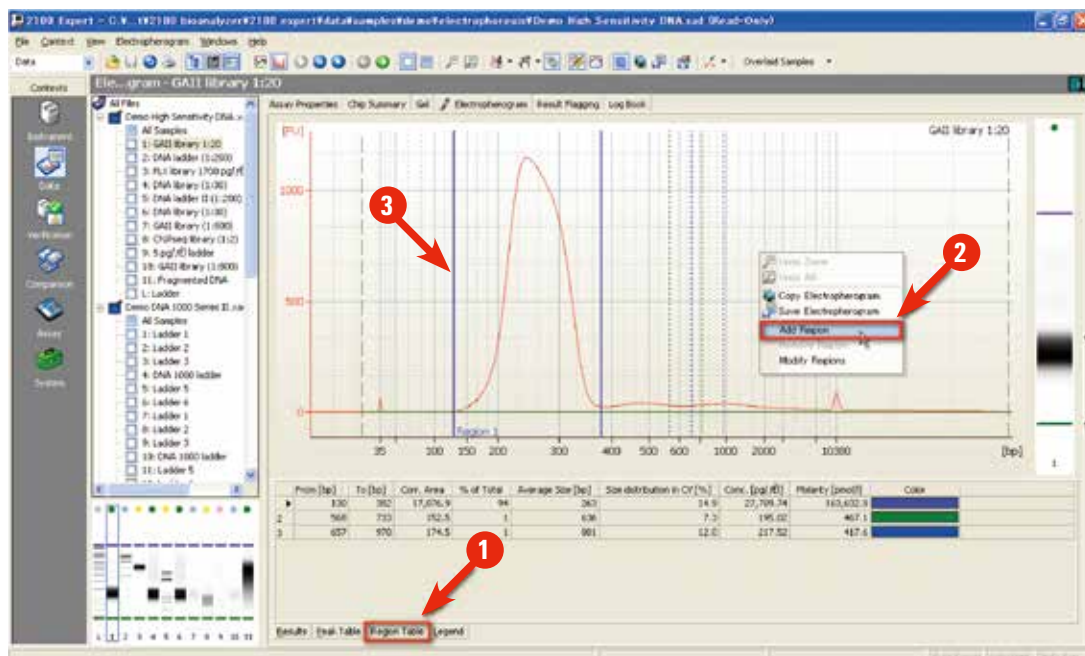
# スミアアッセイ ~ DNA Assay ~

任意のピークの特徴を数値化できます。

示される値

- ・範囲
- ・割合
- ・濃度
- ・平均サイズ など

- ① Region Table を選択します (DNA のみ、その他は次頁参照)。
- ② 画面上で右クリック、“Add Region” を選択します。  
(High Sensitivity DNA Assay の場合は、Default で Region が表示されます。)
- ③ 現れた縦線を数値化したいピークに合わせてます。





## スメアアッセイ ～ DNA Assay 以外 ～

DNA assay 以外の場合、スメアアッセイはデフォルト設定ではありません。  
(Region Table タブがありません。)

- ① Setpoint Explorer を表示します。
- ② プルダウンから “Advanced” を選択します。
- ③ “Smear Analysis” の “Perform Smear Analysis” を ON にします。
- ④ Region Table が表示されます。以後の手順は前頁を参照。

The screenshot shows the 'Local' settings pane on the right side of the software. The 'Advanced' dropdown menu is open, and the 'Perform Smear Analysis' checkbox is checked. The 'Region Table' tab is selected at the bottom of the interface.

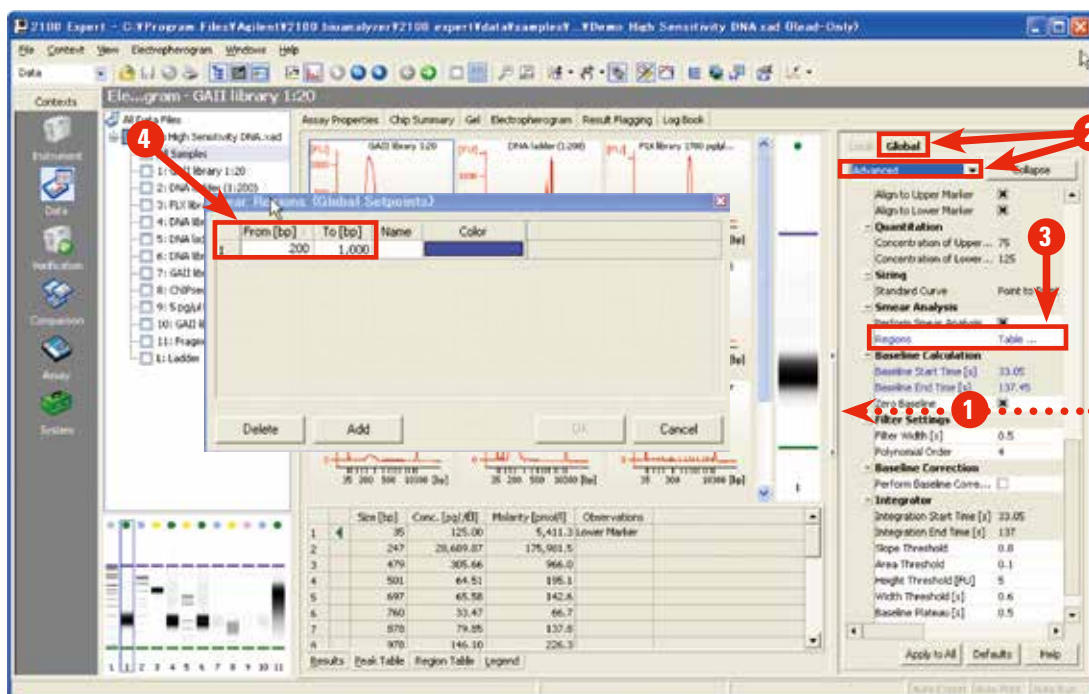


便利な機能のご紹介

# スメアアッセイ




全てのサンプルを同じ Region で設定したい場合

- ① Setpoint Explorer を表示します。
- ② “Global” タブを選択し、プルダウンから “Advanced” を選択します。
- ③ “Smear Analysis” の “Regions” 横の “Table ...” をダブルクリックします。
- ④ “Smear Regions (Global Setpoints)” の “From” “To” に任意の数字を入力します。

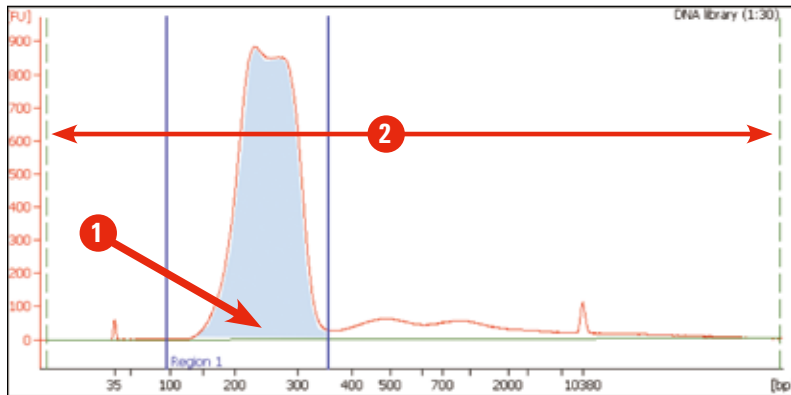




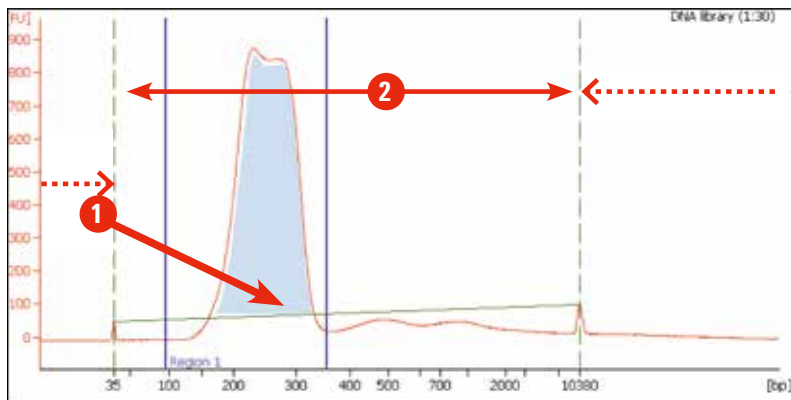
## スメアアッセイ 注意点

- ① Region Table のベースラインは  で示されます。  
ベースラインで区切られたエリア内  の定量値が表示されます。
- ② ベースラインの始点・終点は  により調整できます。

### ○ 正しいベースライン



### × 正しくないベースライン






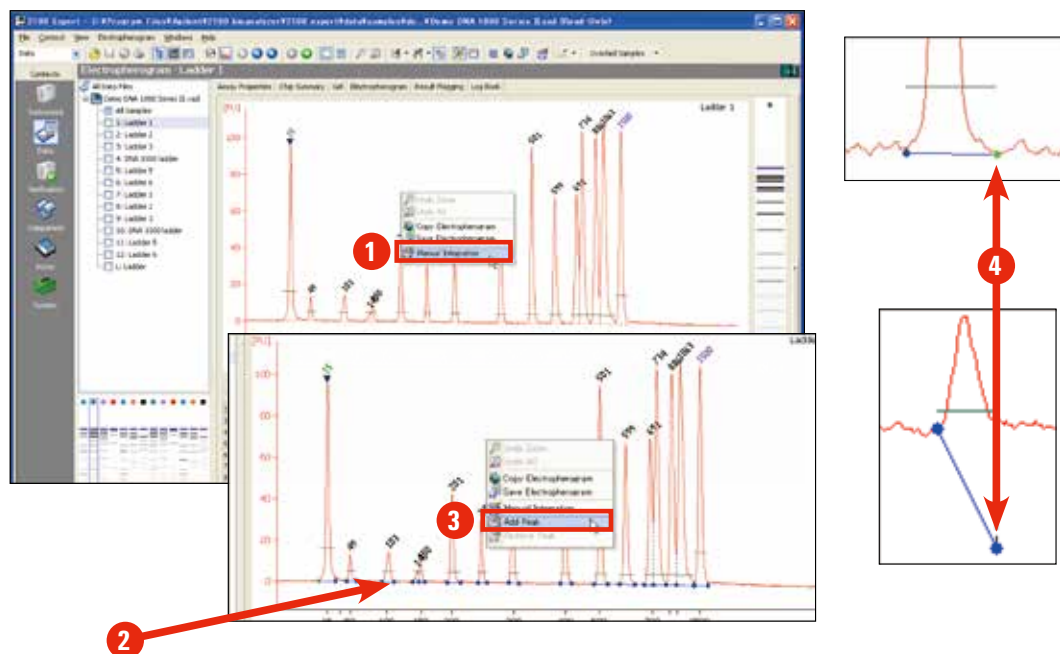
便利な機能のご紹介

## ピークの編集

認識されていないピークを認識させたい、ベースラインを編集したい場合、Manual Integration 機能を使用します。

注) RNA ではこの機能は使用できません。  
rRNA ピークの編集は p37 をご参照ください。

- ① Electropherogram 上で右クリックし、“Manual Integration” を選択。
- ② ベースライン  が表示されます。
- ③ ピークを追加・削除する場合は、右クリックで “Add/Remove Peak” を選択してください。
- ④ ベースラインを編集する場合は、● をドラッグします。  
Ctrl キーを押しながらドラッグすると縦方向に動かせます。

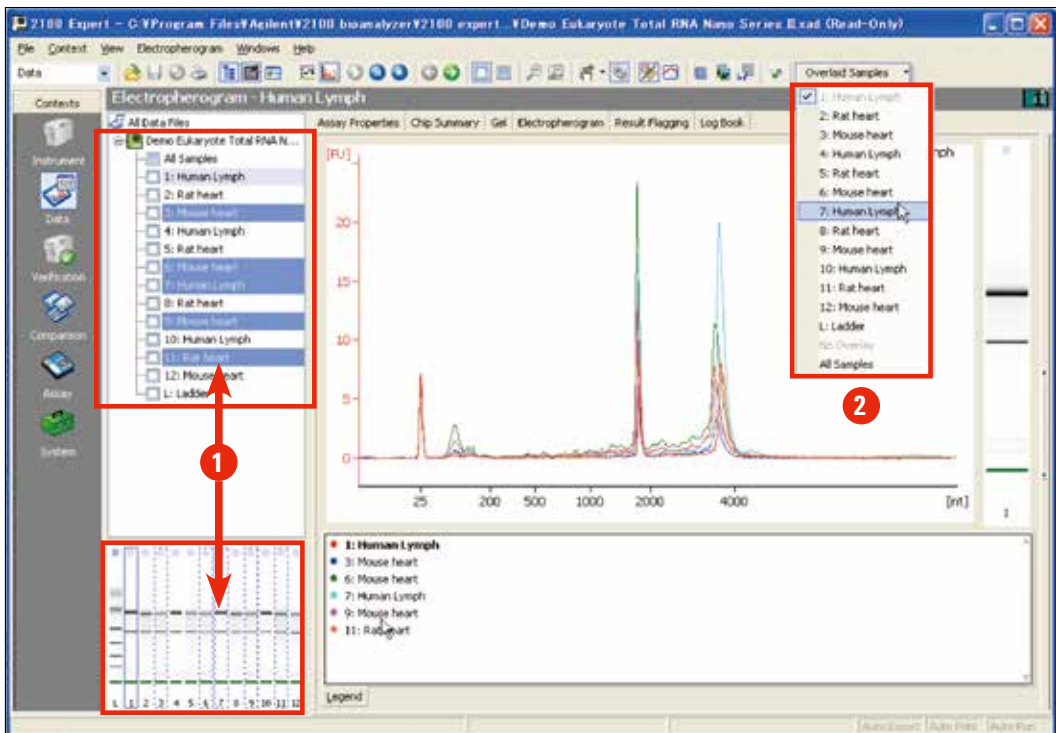




# electropherogram の重ねがき

同一チップ内の electropherogram を簡単に重ねがきできます。

- ① Ctrl キーを押しながら gel image または Sample 名をクリックします。
- ② “Overlay Samples” から選択することもできます。



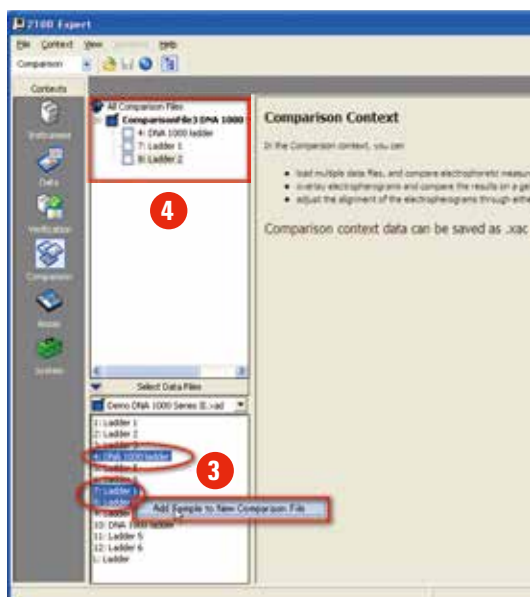
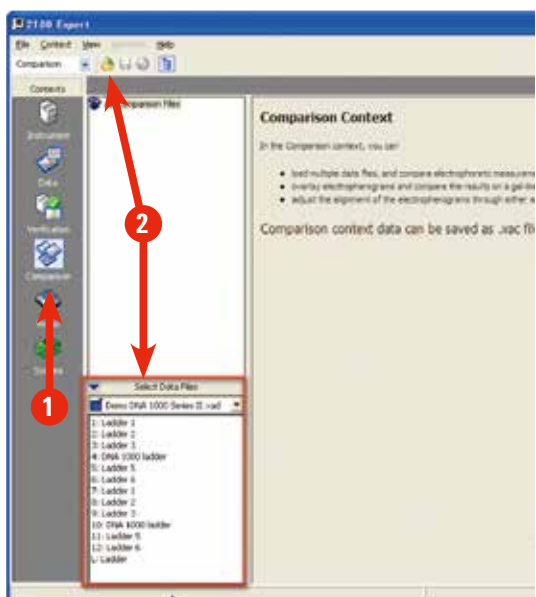


# Comparison 機能

異なるチップからのデータを選択抽出して、ひとつのファイルに統合できます（同じアッセイのみ、最大 48 データまで）。

**注) サイズ表示はできません (p.38 参照)**

- ① Contexts から “Comparison” を選択します。
- ② ファイル（複数選択可）を開きます。  
開いたデータは Select Data File にリストされます。
- ③ 比較したいデータを選択し、右クリックし “Add Sample to New Comparison File” を選択します。
- ④ 次のデータからは “Add Sample to Comparison File” を選択します。
- ⑤ 新しく Comparison ファイル（拡張子 : xac）が作成されます。



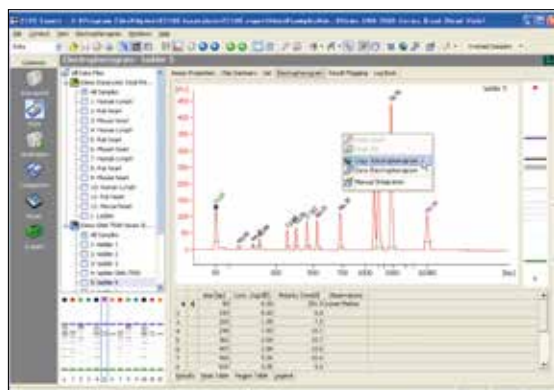




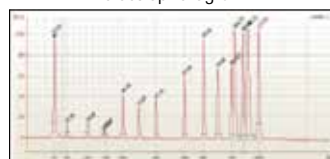
# データ出力

## Copy & paste

出力したいデータ上で右クリックをし、データをコピーすることができます。



electropherogram



Gel image



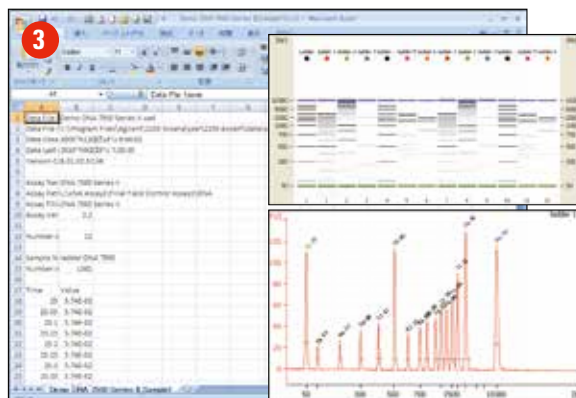
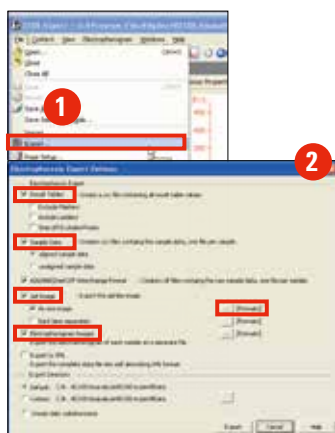
Peak table

Peak No.	Retention Time (min)	Height (AU)	Area (AU)	Label
1	1.12	100	100	
2	1.15	150	150	
3	1.18	200	200	
4	1.21	250	250	
5	1.24	300	300	
6	1.27	350	350	
7	1.30	400	400	
8	1.33	450	450	
9	1.36	500	500	
10	1.39	550	550	
11	1.42	600	600	
12	1.45	650	650	
13	1.48	700	700	
14	1.51	750	750	
15	1.54	800	800	
16	1.57	850	850	
17	1.60	900	900	
18	1.63	950	950	
19	1.66	1000	1000	
20	1.69	1050	1050	
21	1.72	1100	1100	
22	1.75	1150	1150	
23	1.78	1200	1200	
24	1.81	1250	1250	
25	1.84	1300	1300	
26	1.87	1350	1350	
27	1.90	1400	1400	
28	1.93	1450	1450	
29	1.96	1500	1500	
30	1.99	1550	1550	
31	2.02	1600	1600	
32	2.05	1650	1650	
33	2.08	1700	1700	
34	2.11	1750	1750	
35	2.14	1800	1800	
36	2.17	1850	1850	
37	2.20	1900	1900	
38	2.23	1950	1950	
39	2.26	2000	2000	
40	2.29	2050	2050	
41	2.32	2100	2100	
42	2.35	2150	2150	
43	2.38	2200	2200	
44	2.41	2250	2250	
45	2.44	2300	2300	
46	2.47	2350	2350	
47	2.50	2400	2400	
48	2.53	2450	2450	
49	2.56	2500	2500	
50	2.59	2550	2550	
51	2.62	2600	2600	
52	2.65	2650	2650	
53	2.68	2700	2700	
54	2.71	2750	2750	
55	2.74	2800	2800	
56	2.77	2850	2850	
57	2.80	2900	2900	
58	2.83	2950	2950	
59	2.86	3000	3000	
60	2.89	3050	3050	
61	2.92	3100	3100	
62	2.95	3150	3150	
63	2.98	3200	3200	
64	3.01	3250	3250	
65	3.04	3300	3300	
66	3.07	3350	3350	
67	3.10	3400	3400	
68	3.13	3450	3450	
69	3.16	3500	3500	
70	3.19	3550	3550	
71	3.22	3600	3600	
72	3.25	3650	3650	
73	3.28	3700	3700	
74	3.31	3750	3750	
75	3.34	3800	3800	
76	3.37	3850	3850	
77	3.40	3900	3900	
78	3.43	3950	3950	
79	3.46	4000	4000	
80	3.49	4050	4050	
81	3.52	4100	4100	
82	3.55	4150	4150	
83	3.58	4200	4200	
84	3.61	4250	4250	
85	3.64	4300	4300	
86	3.67	4350	4350	
87	3.70	4400	4400	
88	3.73	4450	4450	
89	3.76	4500	4500	
90	3.79	4550	4550	
91	3.82	4600	4600	
92	3.85	4650	4650	
93	3.88	4700	4700	
94	3.91	4750	4750	
95	3.94	4800	4800	
96	3.97	4850	4850	
97	4.00	4900	4900	
98	4.03	4950	4950	
99	4.06	5000	5000	
100	4.09	5050	5050	

## Export

様々な形式で出力できます。

- ① File メニューから “Export” を選択します。
- ② 出力したいデータと形式を選択します。
- ③ シグナルデータを csv 形式で、gel image · electropherogram を BMP、JPEG、TIFF 形式で出力できます。





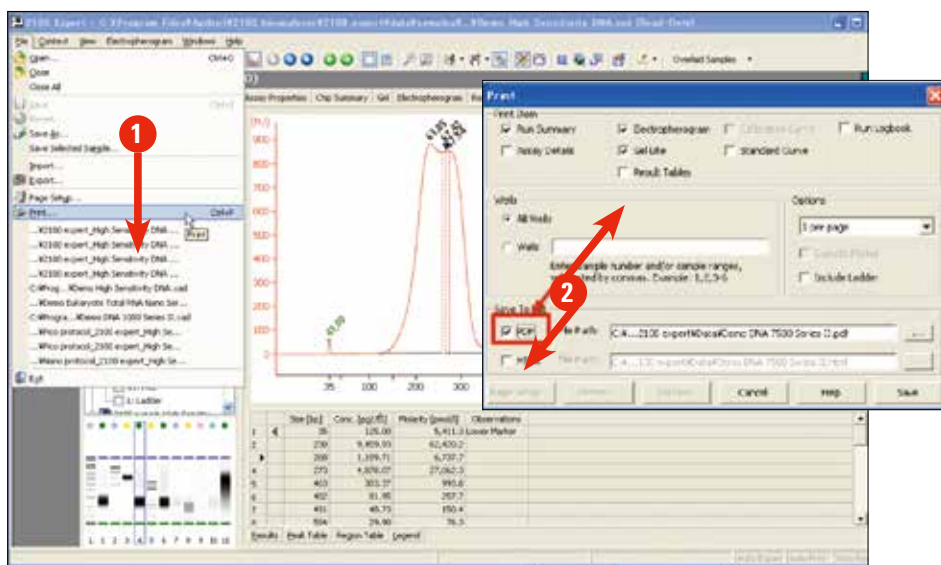
便利な機能のご紹介

# データ出力

## PDF Export

データを report 形式で出力できます。

- ① File メニューから“Print” を選択します。
- ② 出力したデータを選択し、PDF にチェックをいれ保存します。

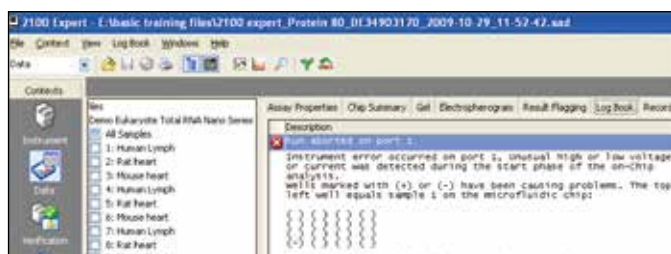


注) 日本語 OS の場合、PDF が作成されない場合があります。

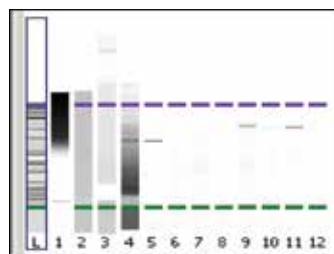


# トラブルシューティング

## エラーがおきた



## データがおかしい



## 原因

- ✓ サンプル
  - 高濃度
  - 高分子等の混入
- ✓ チップ調製
  - gel-dye mix
  - gel 充填圧
  - 気泡の混入
- ✓ ソフトウェア
  - ピーク認識
  - marker の誤認識
- ✓ ハードウェア
  - 電極のメンテナンス
  - 故障





よく報告されるトラブル・ご質問（実験操作編）

## サンプル調製時

注) 問題があるのが 1 サンプルだけの場合でも、Ladder や他のサンプルのデータに影響が出る可能性があります。

✓ サンプル濃度は Kit スペック範囲内ですか？

✓ サンプルに高分子等が混入していませんか？

genomic DNA のような高分子

AMPure beads のような精製時のコンタミネーション

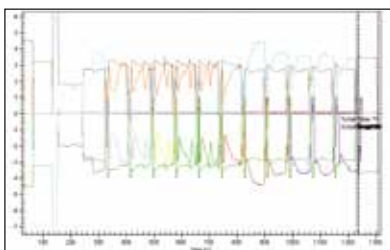


✓ サンプルの溶媒は Kit スペック範囲内ですか？

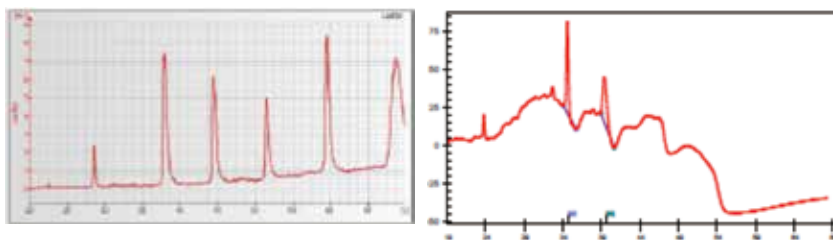
HighSensitivity DNA Kit, RNA Pico → 塩濃度に注意

HighSensitivity DNA Kit → 1x TE を使用

流路が詰まったり、電場が不安定になります。



泳動遅延がおきたり、ベースラインが不安定になります。

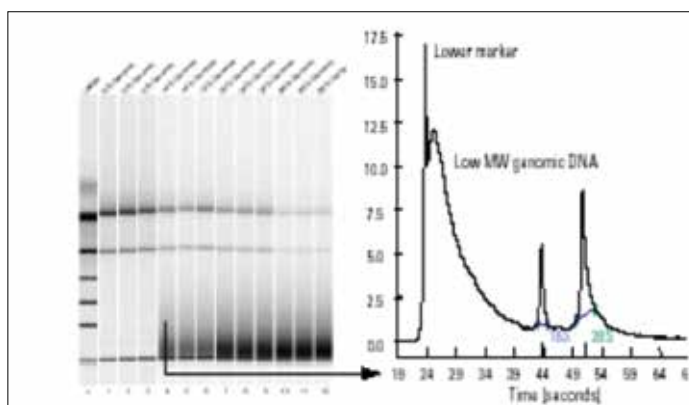




## サンプル調製時 ～ ゲノムの混入例 (RNA) ～

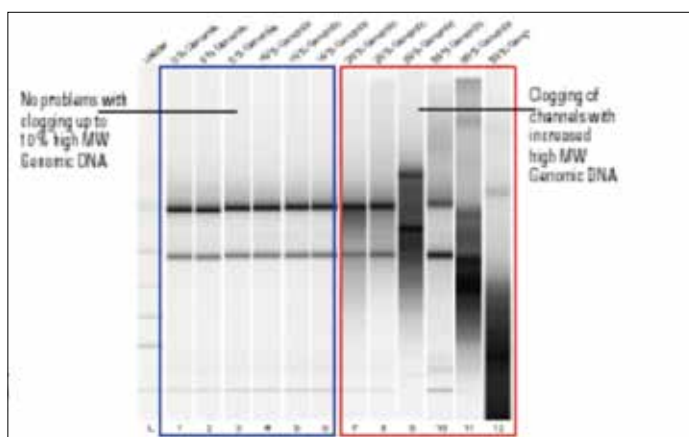
### 100-300 bp のゲノム混入例

rRNA のピークに分解がみられないも関わらず、低分子側にシグナルが観察されます。



### 高分子 (>20k bp) のゲノム混入例

高濃度で混入している場合、分離チャンネルに injection はされないものの流路を塞ぎ電界に影響を与えます。





よく報告されるトラブル・ご質問（実験操作編）

## チップ調製時

### Gel-dye mix 調製 & ゲル充填時

\*Kitによって異なります  
プロトコルを確認してください。

試薬は室温に戻っていますか？

室温が低い部屋でのチップ調製は避けてください

✓ ゲルと色素の量\* は正しいですか？

✓ フィルタ遠心の条件\* は正しいですか？

✓ ストッパーの位置\* は合っていますか？

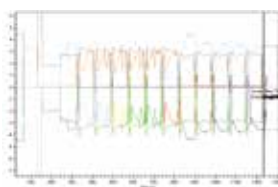
✓ 充填時間\* は合っていますか？

✓ 加圧部にほこり、詰まり、亀裂等はありませんか？\*\*

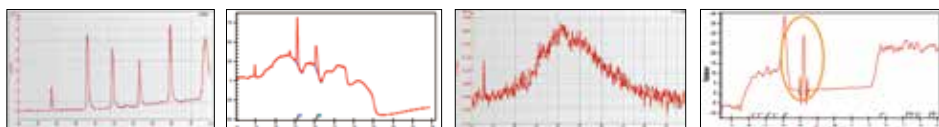
✓ シリンジがメタルクリップにきちんとはまっていますか？\*\*



流路内にゲルが適切に充填されない、色素の過不足によるシグナル低下、電場が不安定になります。



泳動遅延やベースラインが不安定になったり、ノイズが発生します。



\*\* メンテナンス方法等は以下の FAQ の資料をご参照ください。

[https://www.chem-agilent.com/lsc-booth/BIO\\_FAQ/index3-Bio.htm#bio01](https://www.chem-agilent.com/lsc-booth/BIO_FAQ/index3-Bio.htm#bio01)  
(ログイン名、Password はお問い合わせください)



## チップ調製時

### Gel、Buffer、Sample のアプライ

✓ 気泡が入らないよう注意してください。

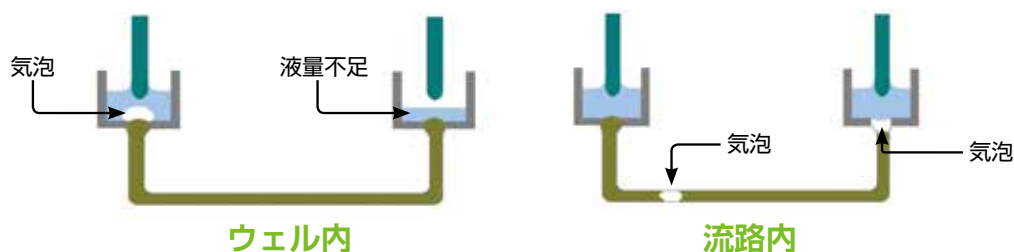
ゲルは粘性が高いので特に注意してください。インバースピペティングでアプライすることをお勧めします。

#### インバースピペティングとは……

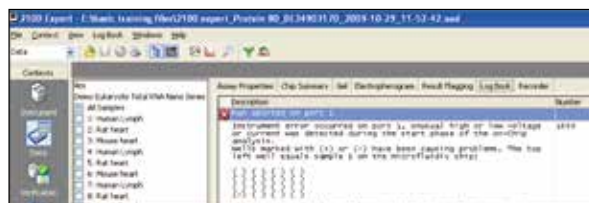
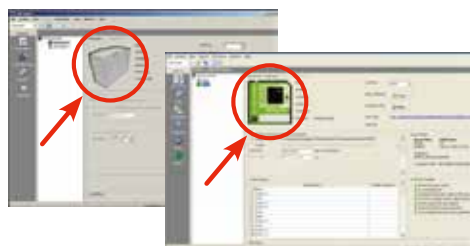
第1ストップから少し押した状態で液を吸い上げ、液を出す際には第1ストップで止める方法です。

チップの先をウェルの底につけ、ゆっくり液を出します。  
気泡が入った場合は取り除いてください。

### 電流が適切に流れないので、泳動が開始されません。



チップが認識されず泳動がスタートできない、“IV Limit Error” “Run aborted Error” が出て分析がストップします。





よく報告されるトラブル・ご質問 (実験操作編)

# チップ調製時

## Vortex

✓ 液が飛び散っていないか確認してください。

! RNA Pico の場合は Pico 用メモリに合わせてください。

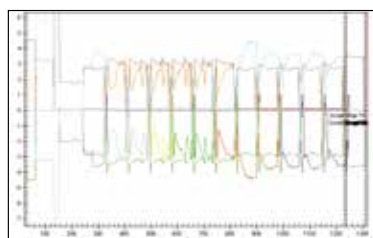
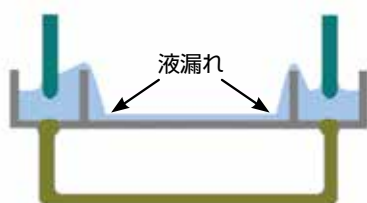
! Vortex 時にパラフィルムなどで蓋するなど、上から圧力をかけないでください。

液が飛び散ってしまった場合は、キムワイプなどで拭きとってください。

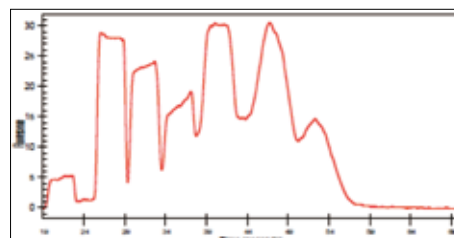
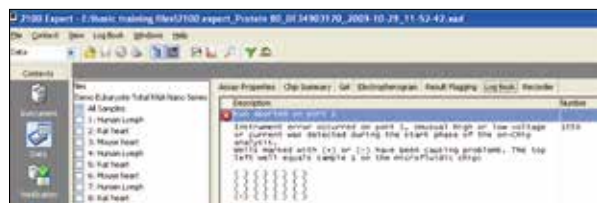
この際も上から圧力はかけないでください。



## 電流が適切に流れません。



“IV Limit Error” “Run aborted Error” が出て分析がストップしたりデータがノイズでうもれたりします。



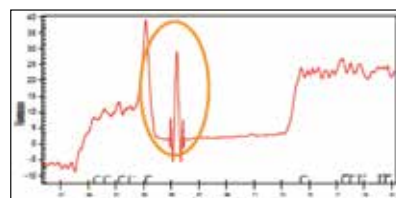
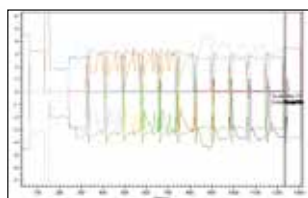
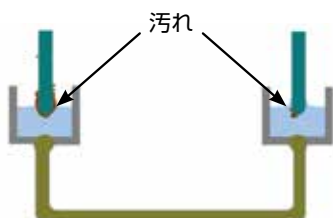




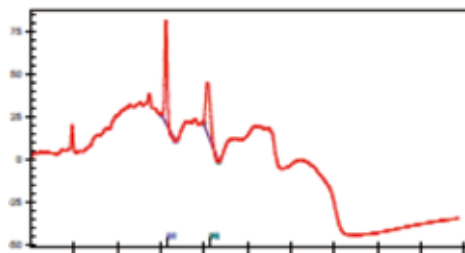
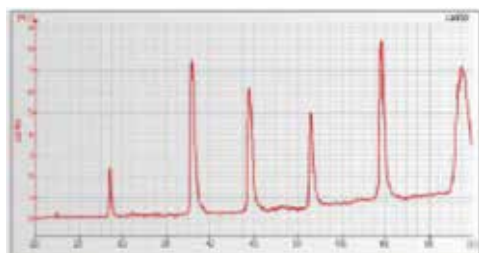
## 電極のメンテナンス

- ✓ 1ヶ月に1度、最低でも2-3ヶ月に1度は取りはずして洗浄してください。
- ✓ DNA1000/7500/12000 と High Sensitivity DNA RNA Nano と Pico の電極は併用しないでください (p4 参照)。
- ✓ 電極洗浄後はよく乾燥させてください。  
ハードウェア診断“Short Circuit Test”を行ってください。

汚れにより電流が適切に流れなかったりノイズが発生したりします。



泳動が開始できない、泳動遅延やベースライン不安定になる、ノイズピークが発生したりします。



実際の操作は以下の FAQ の資料をご参照ください。

[https://www.chem-agilent.com/lsc-booth/BIO\\_FAQ/index3-Bio.htm#bio01](https://www.chem-agilent.com/lsc-booth/BIO_FAQ/index3-Bio.htm#bio01)  
(ログイン名、Password はお問い合わせください)



よく報告されるトラブル・ご質問 (Expert 編)

## ピークが認識されない

設定されている閾値以下のピークは認識されません。  
 (例：シグナルが弱い、ピークがブロードなど)  
 認識させるために Setpoint の値を変更する必要があります。

- ① Setpoint Explorer を表示します。
- ② Threshold の値を変更します。  
 Slope、Area、Height、Width の 4 つの項目があります。  
 Default の値より小さな値 (0.01 など) を入力します。

The screenshot shows the Agilent 2100 Expert software interface. The main window displays a gel electrophoresis result for 'Human Lymph'. The 'Setpoint Explorer' panel on the right is highlighted with a red box, and a red arrow points to the 'Slope Threshold' field, which is circled in red. The table below the gel image shows the following data:

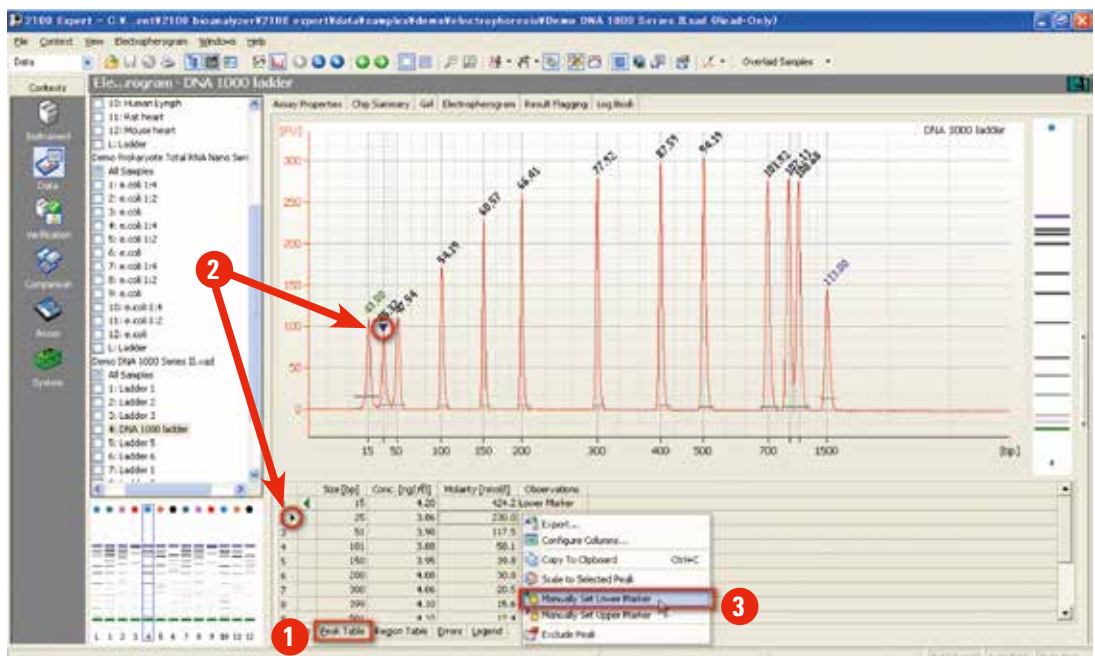
Name	Start Size [nt]	End Size [nt]
1: 18S-C	1,742	1,996
2: 28S	3,174	4,169



## バンド・ピークがずれる

マーカーと近い泳動度のピークがある、マーカーのシグナルが低い場合、間違ったピークがマーカーとして認識されていることがあります。

- ① Peak Table タブを選択してください。
- ② 正しいピークを選択し \* Table 上で右クリック。  
(選択されたピークは ▼ マークが示されます)  
\* ピークが認識されていない場合、認識させる必要があります (前頁参照)。
- ③ “Manually Set Lower/Upper Marker” を選択します。





よく報告されるトラブル・ご質問 (Expert 編)

## RIN が表示されない ver. 02.03 以上 \*

注) mRNA Assay を選択して泳動した場合、RIN は計算されません。

典型的な total RNA パターンと異なると判定された場合、フラグがたち、RIN が非表示 (N/A) となります。⇒ p15 「RIN 計算のフロー参照」

RIN を表示させるためにはフラグのたった項目の設定を変更します。

- ① フラグのたったデータを選択します。
- ② Error タブを開き、エラーの内容を確認します。
- ③ Setpoint で “Advanced” を選択します。
- ④ “RNA Integrity Number”の項目からエラー内容に該当する項目の値を “1” に変更します。

The screenshot shows the Agilent 2100 Expert software interface. The main window displays an electropherogram for 'e.coli 1:4'. On the left, the 'All Files' list shows a tree structure with 'Demo Prokaryote Total RNA N' selected. A red circle and arrow labeled '1' point to a specific data point in the list. Below the electropherogram, a red circle and arrow labeled '2' point to the 'Errors' tab. On the right, the 'Local' settings panel is open, and a red circle and arrow labeled '3' point to the 'Advanced' dropdown menu. Below that, a red circle and arrow labeled '4' point to the 'RNA Integrity Number' setting, which is currently set to 0.5 and needs to be changed to 1.



\*ver. 01.0X をご使用の場合、新しい ver をインストールした別 PC で RIN 計算することが可能です。

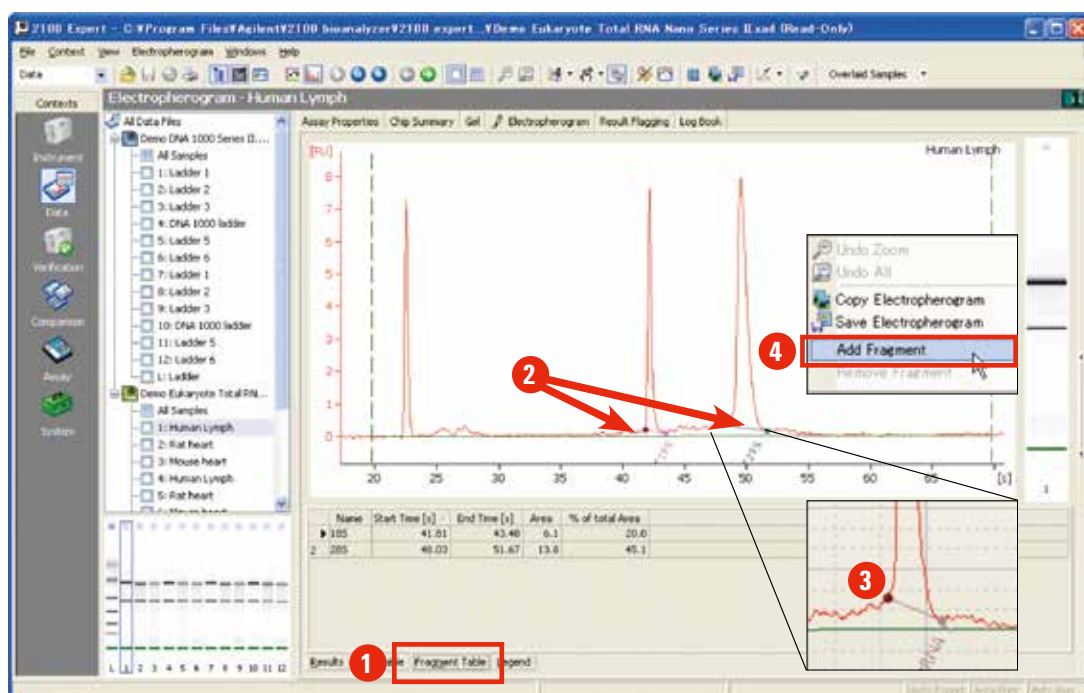




## rRNA ピークを編集したい

rRNA ピークはマニュアルで調整できます。


- ① Fragment Table を選択します。
- ② ベースライン  が表示されます。
- ③  をドラッグしてベースラインを編集します。
- ④ rRNA のピークが認識されていない場合、右クリックし “Add Fragment” を選択してください。→② - ③を行います。





## サイズ表示にならない

注) ver. 01.02 ではサイズ表示はできません。

アイコン  をクリックしても表示が切り替わらない場合、以下の原因が考えられます。



- マーカーが認識されていない場合
  - マーカーのピークが低い等の場合、ピークとして認識されません。ピークを認識させ、マーカーを設定してください。(p.34 の「ピークが認識されない」参照)
- 分析途中でストップボタンを押した場合
  - 分析途中のデータ (Marker が認識されていないデータ) があるとサイズ表示されません (次頁参照)。
- Comparison 機能の場合
  - Comparison モードではサイズ表示ができません。Data モードでは同一チップ上のラダを基にサイズを計算しています。このため、複数のチップ上のデータを比較する Comparison モードでは計算上、サイズ表示が難しく秒表示になります。



## サイズ表示にならない

- 分析途中でストップボタンを押した場合  
→分析途中のデータ (Marker が認識されていないデータ) があるとサイズ表示されません。該当のデータを除く必要があります。
- ① File メニューから “Save Selected Sample” を選択します。
  - ② 分析途中のデータを除いたサンプルにチェックを入れ、Apply をクリックします。
  - ③ 名前を付けて保存をし、そのファイルを開くとサイズ表示されます。

The image illustrates the steps to resolve the issue of size display not working. It shows a screenshot of the software interface with the File menu open, highlighting 'Save Selected Sample' (1). A second screenshot shows the 'Save Selected Samples' dialog box with a table of samples and checkboxes (2). A third screenshot shows the 'Save Selected Sample' dialog box with a list of files (3).

ID	Sample Name	Comment	Category	Selected
1	Ladder 1		Sample	<input checked="" type="checkbox"/>
2	Ladder 2		Sample	<input checked="" type="checkbox"/>
3	Ladder 3		Sample	<input checked="" type="checkbox"/>
4	DNFIA 1000 ladder		Sample	<input checked="" type="checkbox"/>
5	Ladder 5		Sample	<input checked="" type="checkbox"/>
6	Ladder 6		Sample	<input checked="" type="checkbox"/>
7	Ladder 1		Sample	<input type="checkbox"/>
8	Ladder 2		Sample	<input type="checkbox"/>
9	Ladder 3		Sample	<input type="checkbox"/>
10	DNFIA 1000 ladder		Sample	<input type="checkbox"/>
11	Ladder 5		Sample	<input type="checkbox"/>
12	Ladder 6		Sample	<input type="checkbox"/>
13	Ladder		Ladder	<input checked="" type="checkbox"/>



よく報告されるトラブル・ご質問（実験操作編）

## 故障かな…と思ったら

故障かな…？と思ったらハードウェア診断を行ってください

✓ テストチップセットと未使用のチップ1枚を使用します。



テストチップ 2 種類  
Diode/Electrode Chip  
Autofocus Chip



未使用のチップ 1 枚  
どの種類のチップでも  
構いません

✓ Fail の項目があった場合、サポートまでご連絡ください  
“Short Circuit Test” が Fail した場合、次頁をご参照ください。

Instrument Diagnostics Instrument Logbook		
Name :	Firmware : C.01.053	Software :
Serial # : DE34903625	Product ID : G2938C	
<b>Available Tests:</b>		
Name	Description	Status
▶ Electronics Test	Verifies communication of 2100 expert software with the instrument and functionality of instru...	✓ Executed, passed
Fan Test	Verifies functionality of the instrument fan.	✓ Executed, passed
Lid Sensor Test	Verifies functionality of the lid sensors and cartridge identification.	✓ Executed, passed
Stepper Motor Test	Verifies functionality of horizontal and vertical motors.	✓ Executed, passed
Temperature Test	Checks temperature sensors and verifies the heatup rate of the heating plate using internal s...	✓ Executed, passed
HV Stability and Accurac...	Checks high voltage stability and accuracy at four different voltages.	✓ Executed, passed
HV Accuracy Test (Om-L...	Check of channel-reference diode in transmission mode.	✓ Executed, passed
Short Circuit Test	Verifies that the leak current of each channel is within limits.	✗ Executed, failed

実際の操作は以下の FAQ の資料をご参照ください

[https://www.chem-agilent.com/lscabooth/BIO\\_FAQ/index3-Bio.htm#bio01](https://www.chem-agilent.com/lscabooth/BIO_FAQ/index3-Bio.htm#bio01)

(ログイン名、Password はお問い合わせください)







# Short Circuit Test

Short Circuit Test は漏れ電流をチェックするテストです。  
**未使用の新しいチップを使用してください。**



どの種類のチップでも構いません。  
(テスト後、通常の泳動に使用できます。ほこりが入らないよう保管してください。)  
使用済みのチップや Test chip は使用しないでください。

## Short Circuit Test が Fail した場合

✓ **設置環境を確認してください。**

周辺温度：5 ～ 31 °C

相対湿度：80% 未満（室温 5 ～ 31 °C の条件下において）

**ただし結露しないこと**

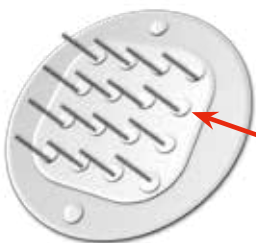
直射日光やエアコンの風が直接当たる場所への設置は避けてください。



✓ **電極を取り外して洗浄した場合**

ピン電極部分（裏も含め）が乾燥していることを確認してください。  
半日ほどデシケータなどで風乾してください。

ピン側



裏側



ピンの根元と裏側の溝に水滴が残っていないかチェックしてください。



よく報告されるトラブル・ご質問

## 修理・点検

### 修理

**G2938A はサポート終了しております。**  
故障の場合は引き取り修理（ドイツ）となります。  
2つのプランから選択できます  
（価格はお問い合わせください）。

#### 1. 通常修理

お預かりした装置を修理しお戻しします。  
1～2ヶ月お時間いただきます。

#### 2. 代替機付き引き取り修理

装置をお預かりしている期間に、代替機をご使用いただけます。



### 年間保守契約

**高額修理費のリスクを避けるため年間保守契約をお勧めしております。**  
2つのプランから選択できます。

#### 1. 交換修理サポート契約

バイオアナライザ本体を良品と交換します。

#### 2. 代替品付き引き取り修理サポート契約

装置をお預かりしている期間に、代替機をご使用  
いただけます。



### 点検

長い間使用していない装置がある、故障していないかどうかチェックしてほしい等  
点検をご希望の場合、内容及び価格をお問い合わせください。



## サポートサイトのご案内

### FAQ



質問をクリックしてください。回答へジャンプします。



バイオアナライザ

#### バイオアナライザ全般について

- 電極はDNA用とRNA用で別に必要か？
- どのようなメンテナンスが日常的に必要か？
- データがおかしい。
- **NEW** 全体的にピークが遅れて出ている。アッパーマーカールが出てくる前に泳動が終了してしまう。

<https://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1004595>

### プロトコル



[https://www.chem-agilent.com/lasca-booth/DNAMicroArray/yan\\_MicroArray.htm#bioa](https://www.chem-agilent.com/lasca-booth/DNAMicroArray/yan_MicroArray.htm#bioa)

(ログイン名、Password はお問い合わせください)

### お問い合わせ窓口

☎ フリーダイヤル : 0120-477-111

☎ Tel: 042-656-7884

E-mail: [email\\_japan@agilent.com](mailto:email_japan@agilent.com)

データに問題がある場合は、生データ (xad file) をメールでお送りいただくとスムーズです。



アジレント・テクノロジー株式会社

本社 / 〒 192-8510 東京都八王子市高倉町 9-1  
●カスタムコンタクトセンター ☎0120-477-111

[www.agilent.com/chem/jp](http://www.agilent.com/chem/jp)

copyright © 2012 Agilent Technologies  
All Rights Reserved.

すべての権利は留保されています。著作権法で認められている場合を除き、本書を許可なく複製、改作、翻訳することは禁止されています。本文書の著作権は全て Agilent Technologies, Inc. が所有しています。

Printed in Japan, December 1, 2012  
5991-1631.JAJP

The Measure of Confidence



**Agilent Technologies**