

製薬支援キャピラリー電気泳動システム

PA 800 Plus

キャピラリー電気泳動システム

P/ACE MDQ Plus

日本語チュートリアルマニュアル



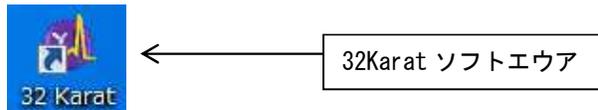
目次

章	項目	ページ
1-1	PA 800 Plus本体とPCの起動	3
1-2	P/ACE MDQ Plus本体とPCの起動	4
2	ダイレクトコントロール	5
3-1	ユニバーサルバイアルとサンプルバイアル	7
3-2	バイアルのセットアップ	8
4-1	キャピラリーカートリッジの取り付け UVまたはPDA	9
4-2	キャピラリーカートリッジの取り付け 蛍光(LIF)検出	10
5-1	各キットに対応したメソッド (PA 800 Plusのみ設定)	11
5-2	メソッドの編集方法について	12
6	サンプルの分析 (シングルラン)	18
7-1	サンプルの分析 (シークエンステーブルの作成)	19
7-2	サンプルの分析 (シークエンスラン)	23
8-1	データの開き方と取扱い	24
8-2	データ解析	30
8-3	ピークテーブルの作成	34
8-4	未知試料の定量	35
9	データのエクスポート	39
10	データのプリントアウト	40
Appendix		
A-1	補正面積 (Corrected Area) の算出	43
A-2	バイアル自動交換 (Vial Increment) 機能	44
A-3	シークエンスの中断 (Action 機能)	45
A-4	システムの構成 (ディテクタ/サンプルトレイ) 設定	47
A-5	ピーク解析アルゴリズム (Caesar Integration)	49
A-6	一部ピークを除いての面積値/補正面積値%算出	50
B-1	キャピラリーカートリッジの作成	51
B-2	ディテクタの取付け・交換	57
B-3	PDAディテクタ波長校正	59
B-4	UV/PDAディテクタ用 重水素ランプの管理・交換	60
C-1	電極・バイアルオープナーと、その周辺の洗浄/清掃	62
C-2	クーラントの補充	64

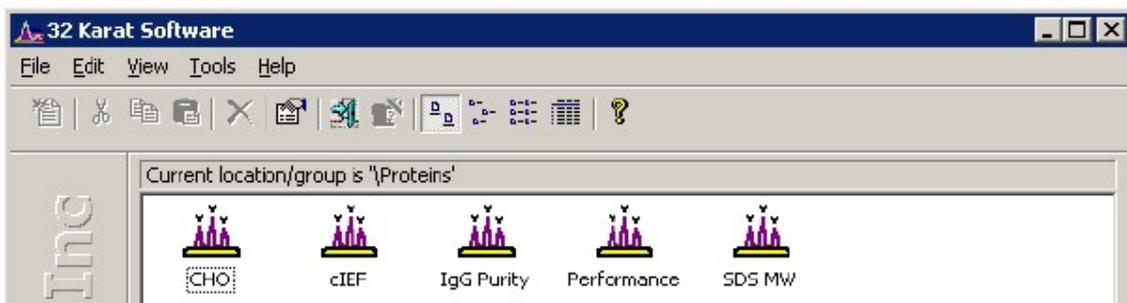
1-1 PA 800 Plus 本体と PC の起動

① PA 800 Plus 本体と PC の電源を入れます。(どちらが先でも OK です。)
(Win XP 版の場合は PC ユーザーネーム / パスワードを入力してください。初期設定は **administrator** / **gold** です。)

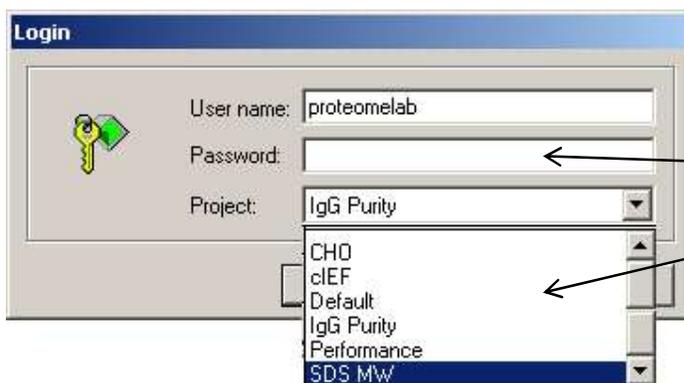
② PA 800 Plus のイニシャライズ (数分) が完了したらソフトウェアを起動します。



③ 使用するシステムアイコンをクリックして起動します。システム本体に装着されているディテクタに応じたプログラムを起動させないと本体の操作ができませんので、ディテクタ交換時などは注意してください。



プログラム	キット	ディテクタ	プロジェクト名
CHO	糖鎖解析キット	LIF	CHO
cIEF	等電点電気泳動キット	UV	cIEF
IgG Purity	IgG アッセイキット	PDA	IgG Purity
SDS MW	SDS ゲル分子重量解析キット	PDA	SDS MW
Performance	機器チェック用	PDA	Performance



プログラムをクリックした後に
Login 画面が表示されます。

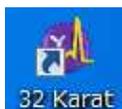
User name **proteomelab**

Password **pa800**

Project は各モジュールに
対応した物を選択してください。
パスワードは共通です。

1-2 P/ACE MDQ Plus 本体と PC の起動

- ① P/ACE MDQ Plus 本体と PC の電源を入れます。(どちらが先でも OK です。)
(P/ACE MDQ で、Win XP 版の場合は PC ユーザー名/パスワードを入力してください。
初期設定は **administrator/gold** です。)
- ② P/ACE MDQ Plus のイニシャライズ (数分) が完了したらソフトウェアを起動します。



← 32Karat ソフトウェア

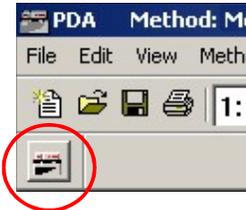
- ③ P/ACE MDQ Plus には標準で UV ディテクタが装着されています。これを使用する場合は UV をクリックして、起動します。
(オプションディテクタを装着して使用する場合は、それぞれのシステムアイコンを作成すると便利です。)



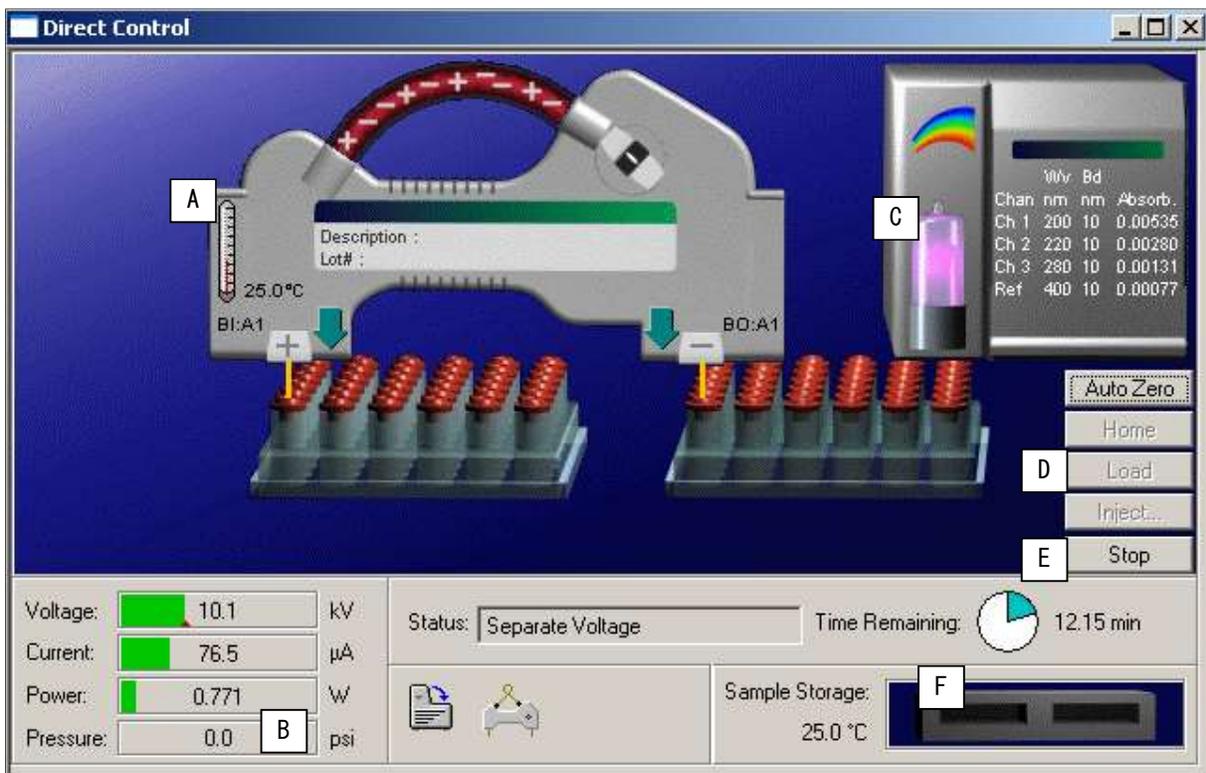
2 ダイレクトコントロール

ダイレクトコントロール画面は、キャピラリー交換やバイアル類のセットアップ、メンテナンスなどで使用する重要な画面です。ここでは特に使用頻度の高い内容について説明します。

- ① システム本体と PC を立ち上げたらダイレクトコントロール画面を立ち上げます。
ソフトウェア左上部のアイコンをクリックするか、
プルダウンメニューより [Control] → [Direct Control] → [View] を選択します。



※下図は PDA 装着時の画面です。

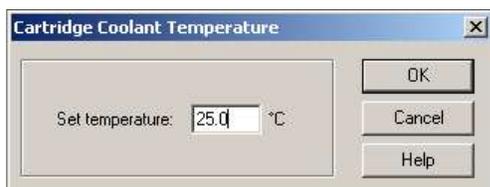


※ダイレクトコントロール画面で A から F の部分をマウスでクリックすると以下のような操作が出来ます。

項目	内容
A	キャピラリー温度の変更
B	手動での送液 (キャピラリーの洗浄など)
C	ランプの ON, OFF
D	バイアルやキャピラリーへのアクセス
E	手動操作の強制終了
F	サンプルの保管温度の変更

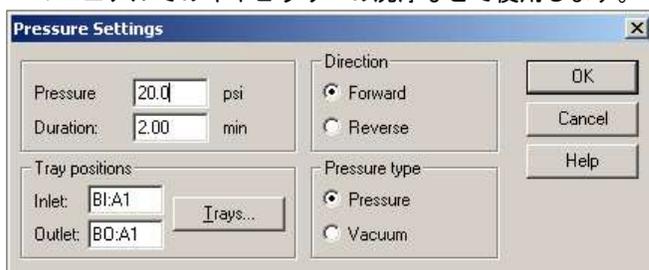
A. キャピラリー温度の変更

マニュアルでキャピラリーの温度を変更します。(15 ~ 60°C)



B. 手動での送液

マニュアルでのキャピラリーの洗浄などで使用します。



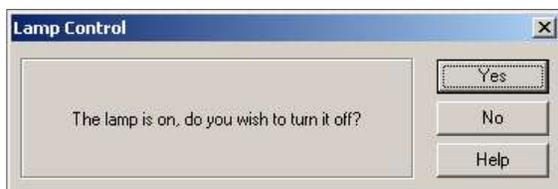
項目	内容
Pressure	0.1 ~ 100 psi
Duration	0.1 ~ 999.99 min
Direction	Forward を選択
Pressure Type	Pressure を選択
Tray Position	Trays をクリックしてそれぞれのバイアル位置を選択

C. ランプの ON, OFF

MDQ を起動するとランプは自動的に点灯します。

UV ランプをウォーミングアップする為に使用する 30 分程度前に MDQ 本体を起動してください。

分析を行なわないときは OFF にする事をお勧めします。



D. バイアルやキャピラリーへのアクセス

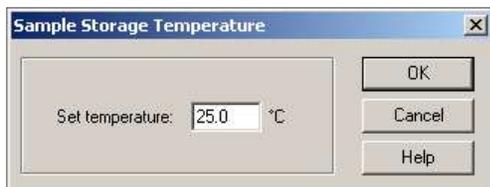
Load ボタンをクリックする事でバイアルやキャピラリーへのアクセスが可能となります。

E. 手動操作の強制終了

Stop ボタンをクリックする事で手動での送液などの作業を強制終了する事が出来ます。

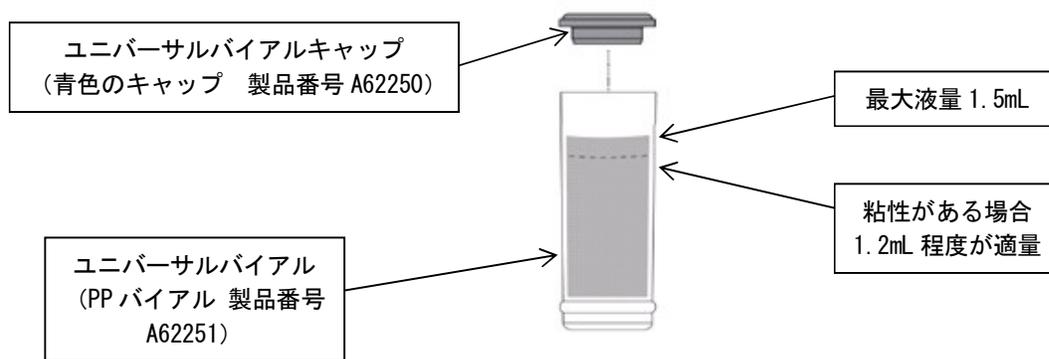
F. サンプルの保管温度の変更

マニュアルでサンプルの保管温度の変更を行ないます。(4 ~ 60°C)

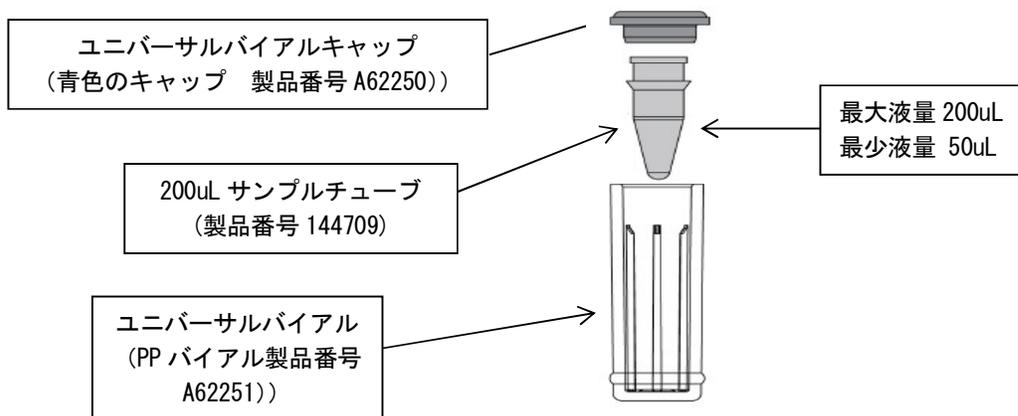


3-1 ユニバーサルバイアルとサンプルバイアル

- ① 泳動液や洗浄液はユニバーサルバイアルに入れます。
粘性のあるゲルを入れすぎると電流漏れを発生するリスクがあり、本体の故障につながりますので入れすぎにはご注意ください。



- ② サンプルは 200 μ L のサンプルチューブをユニバーサルバイアルの中に入れて本体にセットします。



- ③ 泳動液やサンプルに気泡が含まれているとノイズピークの発生の原因となります。
また不溶物も電気泳動に悪影響を及ぼしますのでフィルターろ過をお勧めします。

※サンプルバイアルの底に気泡がないことを確認してください。
遠心機などでスピンドウンしてください。

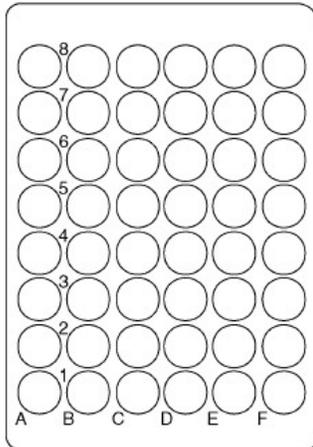
※粘性の低い泳動液は超音波洗浄機での脱気をしてください。

※粘性の高いポリマー溶液は必要に応じて減圧下での脱気をしてください。(5~15Hg で 5分)

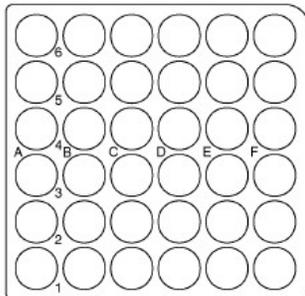
3-2 バイアルのセットアップ

- ① ダイレクトコントロールより[LOAD]をクリックして装置の準備をします。
- ② バイアル類を所定の位置においてください。(カチッと音が鳴るまで押し込みます。)
- ③ 装置のカバーを閉じるとトレイが自動的にホームポジションに戻ります。

※初期設定では、インレットとアウトレットともにバッファトレイのA1です



サンプルトレイ
48 ポジション



バッファトレイ
36 ポジション

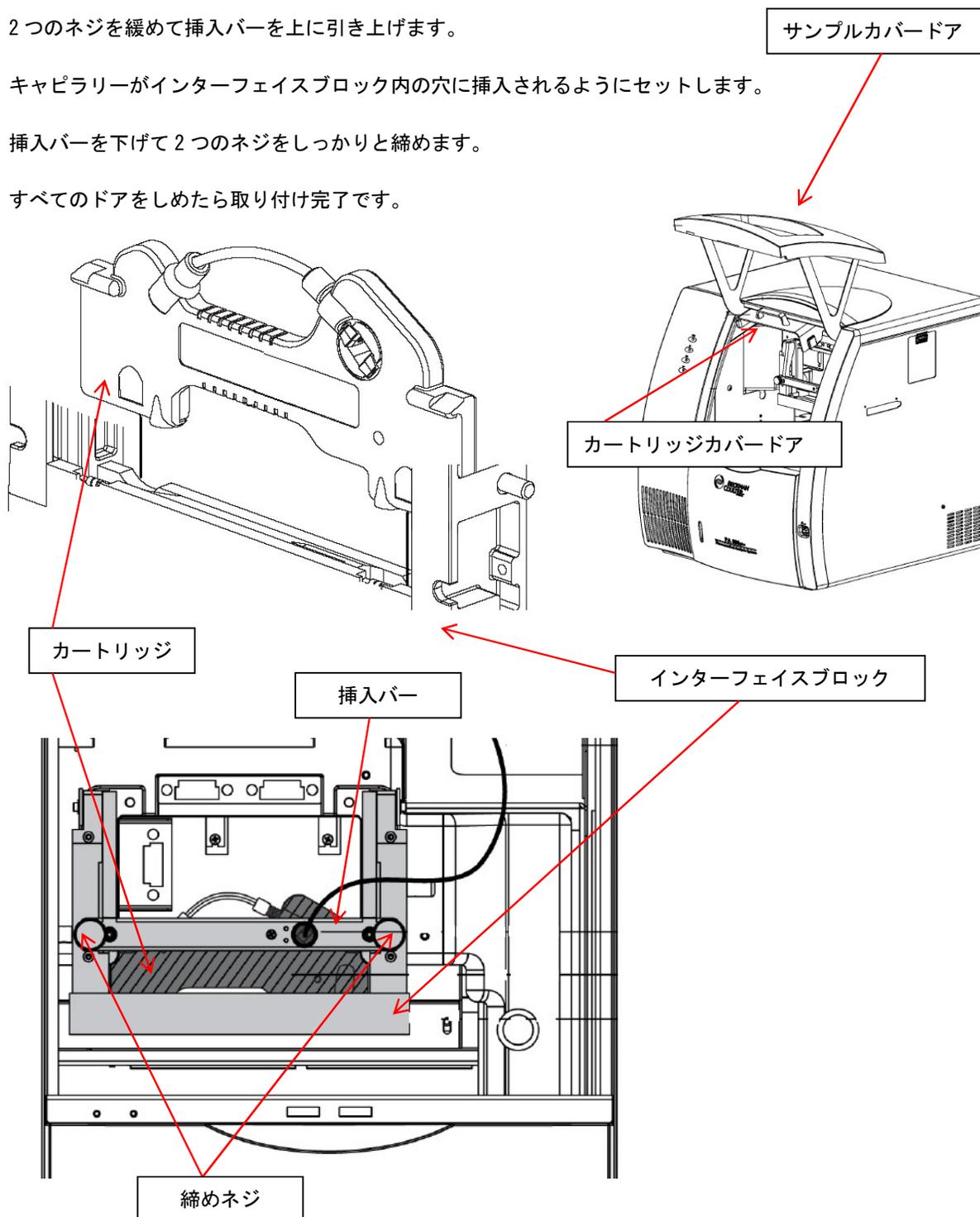


サンプルトレイ
左:インレット (SI)
右:アウトレット (SO)

バッファトレイ
左:インレット (BI)
右:アウトレット (BO)

4-1 キャピラリーカートリッジの取り付け UV または PDA デテクタ使用時

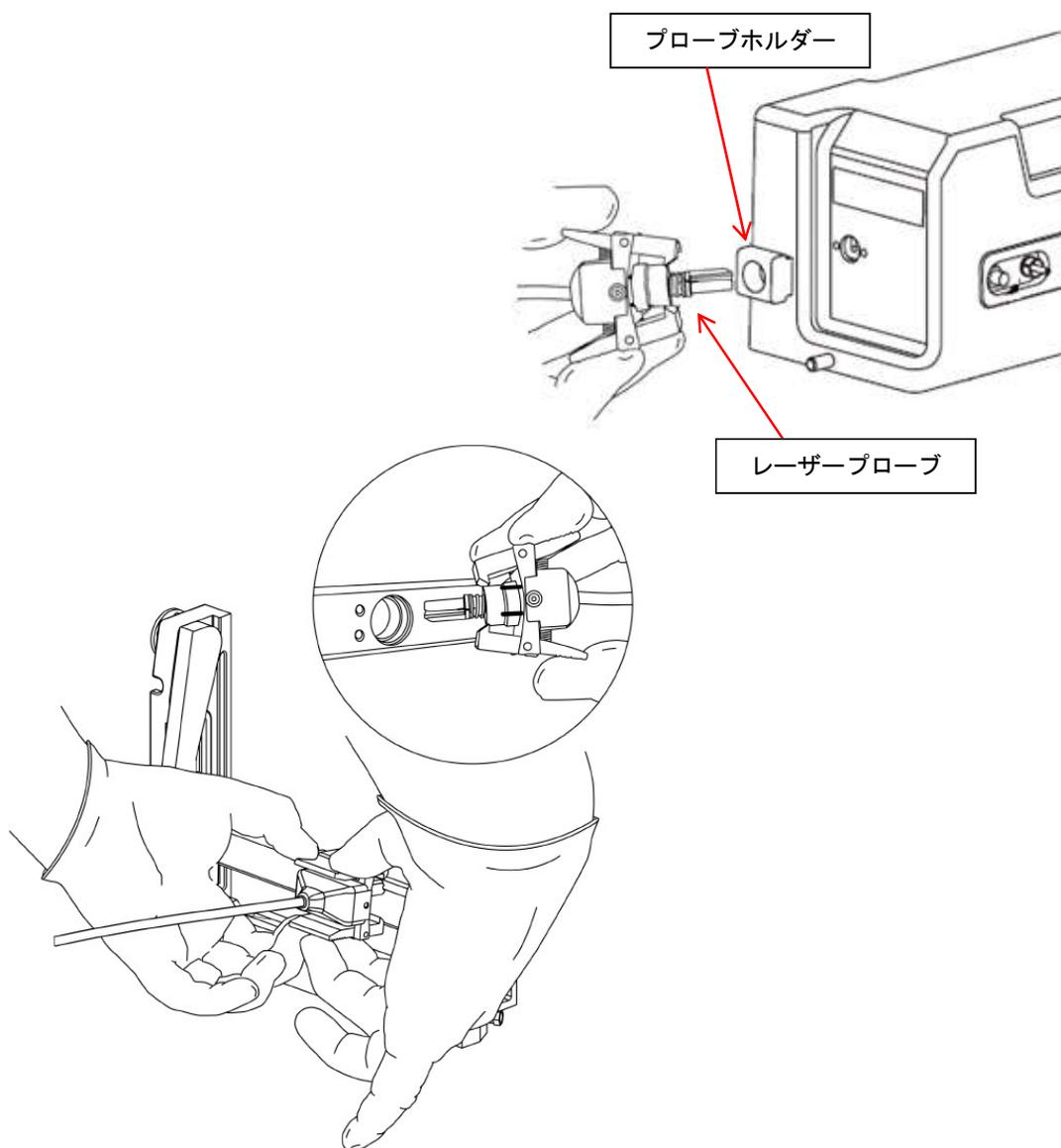
- ① ダイレクトコントロール画面より[Load]ボタンをクリックして PA 800 plus 本体の準備をします。
- ② サンプルカバードアとカートリッジカバードアを開けます。
- ③ 2つのネジを緩めて挿入バーを上に取り上げます。
- ④ キャピラリーがインターフェイスブロック内の穴に挿入されるようにセットします。
- ⑤ 挿入バーを下げて2つのネジをしっかりと締めます。
- ⑥ すべてのドアをしめたら取り付け完了です。



4-2 キャピラリーカートリッジの取り付け 蛍光（LIF）検出器使用時

蛍光（LIF）検出器の取付けは、Appendix B-2 デテクタの取付け・交換の、蛍光（LIF）検出器のセットを参照してください。

- ① 蛍光検出をする場合は、蛍光検出用のアパーチャーを取り付けたキャピラリーカートリッジを PA 800 plus 本体に取り付けて挿入バーを下してネジを締めます。
- ② 一旦両側のネジをバランスよく2回転半緩めてください。
- ③ レーザプローブをプローブホルダーから外し、挿入バーに取り付けてください。
- ④ 再度両側のネジをバランスよく完全に締め、キャピラリーカートリッジを固定します。
- ⑤ カートリッジを取り外すときは、先にレーザープローブを外してプローブホルダーに取り付けて、そのあとで本体からカートリッジを取り外してください。



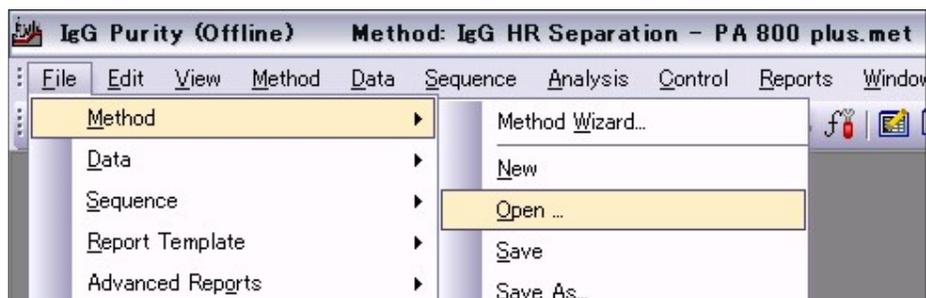
5-1 各キットに対応したメソッド

(PA 800 Plus のみの設定です。)

PA 800 plus では各々のアプリケーションに応じたメソッドがすでに用意されており、それを使用することで簡単に分析を開始することができます。

キット	メソッド名	目的
IgG アッセイ (PDA デテクタ用)	IgG HR Conditioning	IgG の高分解能分析の為のキャピラリーの平衡化
	IgG HR Separation	IgG の高分解能分析の為の分析用
	IgG HR Shutdown	IgG の高分解能分析の為の分析終了用
	IgG HS Conditioning	IgG の高速分析の為のキャピラリーの平衡化
	IgG HS Separation	IgG の高速分析の為の分析用
	IgG HS Shutdown	IgG の高速分析の為の分析終了
SDS ゲル分子量解析 (PDA デテクタ用)	SDS MW Conditioning	タンパクの分子量解析の為のキャピラリーの平衡化
	SDS MW Separation	タンパクの分子量解析の為の分析用
	SDS Shutdown	タンパクの分子量解析の為の分析終了用
等電点電気泳動 (UV デテクタ用)	cIEF Conditioning	等電点電気泳動の為のキャピラリーの平衡化
	cIEF Separation	等電点電気泳動の為の分析用
	cIEF Shutdown	等電点電気泳動の為の分析終了用
糖鎖解析 (LIF デテクタ用)	CHO Conditioning	糖鎖解析の為のキャピラリー平衡化
	CHO Separation	糖鎖解析の為の分析用
	CHO Separation Maltose	糖鎖解析の為の分析用 (マルトース)
	CHO Shutdown	糖鎖解析の為の分析終了用

- ① メソッドを使用するにはプルダウンメニューの [File] から [Method] → [Open] を選択して目的のメソッドを開きます。



- ② メソッドは各モジュールプログラムを立ち上げる時にアプリケーションに対応したProject を立ち上げるとすぐに対応したメソッドが開くことができますが、違う場合は以下のフォルダーから開いてください。

IgG アッセイキット C:¥32Karat¥Projects¥Default¥ IgG
 SDS ゲル分子量解析キット C:¥32Karat¥Projects¥Default¥ SDS
 等電点電気泳動キット C:¥32Karat¥Projects¥Default¥ cIEF
 糖鎖解析キット C:¥32Karat¥Projects¥Default¥ CHO

5-2 メソッドの編集方法について

メソッドは目的に応じて泳動時間や検出波長など各パラメータを編集することが可能です。また必要な場合は、新規に作成できます。ここでは、既存メソッドの編集の形で説明します。

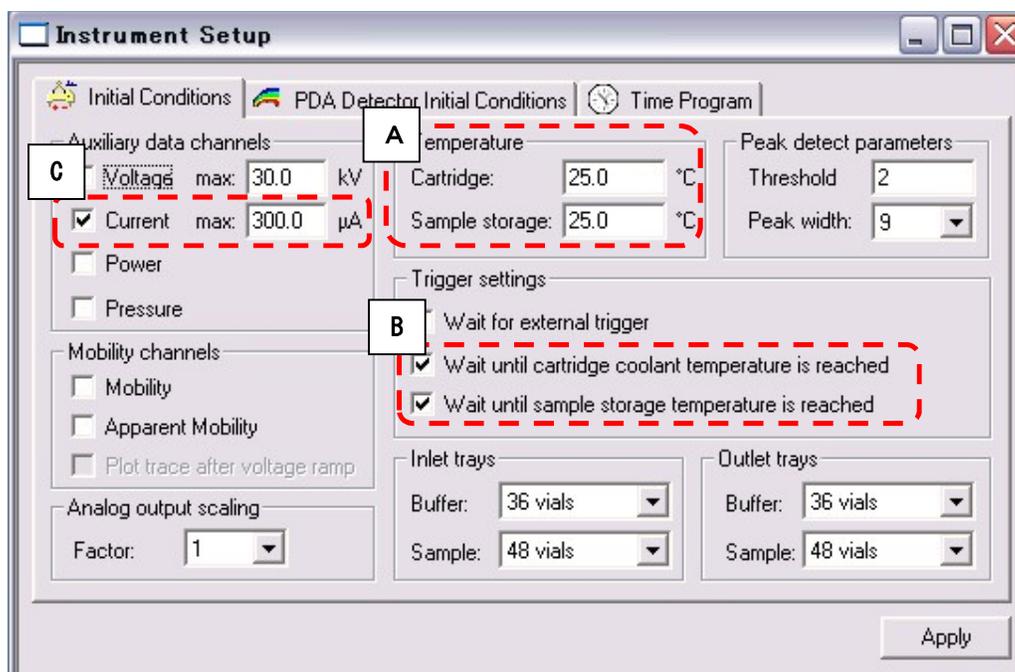
- ① 目的のメソッドを開いた後にパラメータなどを確認する場合はプルダウンメニューの [Method] から [Instrument Setup] を選択します。



- ② メソッドを編集した場合はプルダウンメニューの [File] から [Method] → [Save] もしくは [Save As] で保存します。

(Initial Conditions 画面)

この画面ではキャピラリーの温度やサンプルの温度の設定が可能です。



A キャピラリーの温度とサンプルの温度

B このチェックを入れることで温度が安定するまで泳動を始めません。

C 過電流が流れた時のリミッターの値

【参考】 PA800 Plus 用アプリケーション Separation メソッドの初期設定

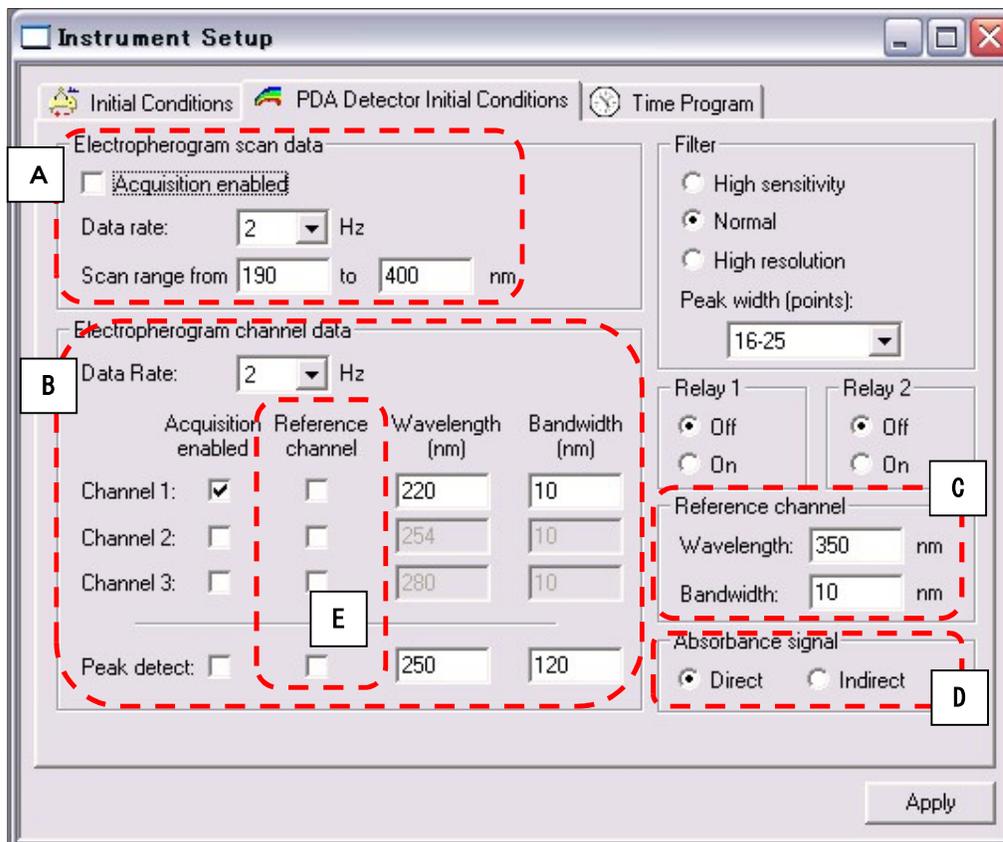
アプリケーション	キャピラリー温度	サンプル温度	Current max
IgG アッセイ	25°C	25°C	300 μA
SDS ゲル分子量解析	25°C	25°C	300 μA
等電点電気泳動	20°C	10°C	20 μA
糖鎖解析	20°C	10°C	40 μA

(Detector Initial Conditions 画面)

この画面ではデータ収集の為の波長の設定が可能です。

PDA ディテクタ画面

(PA800 Plus では IgG アッセイ、SDS ゲル分子量解析が該当、測定波長は共に 220nm)



A Electropherogram Scan data

- ・ PDA (190 ~ 600nm) によるスキャンデータの設定です。
- ・ Acquisition enabled にチェックを入れると有効となります。

B Electropherogram channel data

- ・ 単波長データ (最大 4 波長) の取得に関する設定です。
- ・ Acquisition enabled にチェックを入れて波長を入力します。

C Reference channel

- ・ 設定した波長をベースラインにする事が出来ます。
- ・ **E** のチェックボックスにチェックを入れて、**C** には波長を入力します。

D Absorbance signal

- ・ インダイレクト検出を行なう場合は Indirect を選択します。(ピークの上下を逆転します)

UV デテクタ画面

(PA800 Plus では等電点電気泳動が該当、測定波長は 280nm)

Instrument Setup

Initial Conditions UV Detector Initial Conditions Time Program

Electropherogram channel

Acquisition enabled

Wavelength: 280 nm

Data rate: 2 Hz

Filter

High sensitivity

Normal

High resolution

Peak width (points): 16-25

Relay 1: Off On

Relay 2: Off On

Absorbance signal

Direct Indirect

Apply

PA 800 plus には標準で以下の UV フィルタが装着されています。
200nm、214nm、254nm、280nm

LIF デテクタ画面

(PA800 Plus では糖鎖解析、蛍光波長は 488nm、励起波長は 520nm)

Instrument Setup

Initial Conditions LIF Detector Initial Conditions Time Program

Electropherogram channel 1

Acquisition enabled

Dynamic range: 100 RFU

Filter settings

High sensitivity

Normal

High resolution

Peak width (pts): 16-25

Signal

Direct Indirect

Laser/filter description - information only

Excitation wavelength: 488 nm

Emission wavelength: 520 nm

Data rate

Both channels: 4 Hz

Relay 1: Off On

Relay 2: Off On

Electropherogram channel 2

Acquisition enabled

Dynamic range: 100 RFU

Filter settings

High sensitivity

Normal

High resolution

Peak width (pts): 16-25

Signal

Direct Indirect

Laser/filter description - information only

Excitation wavelength: 635 nm

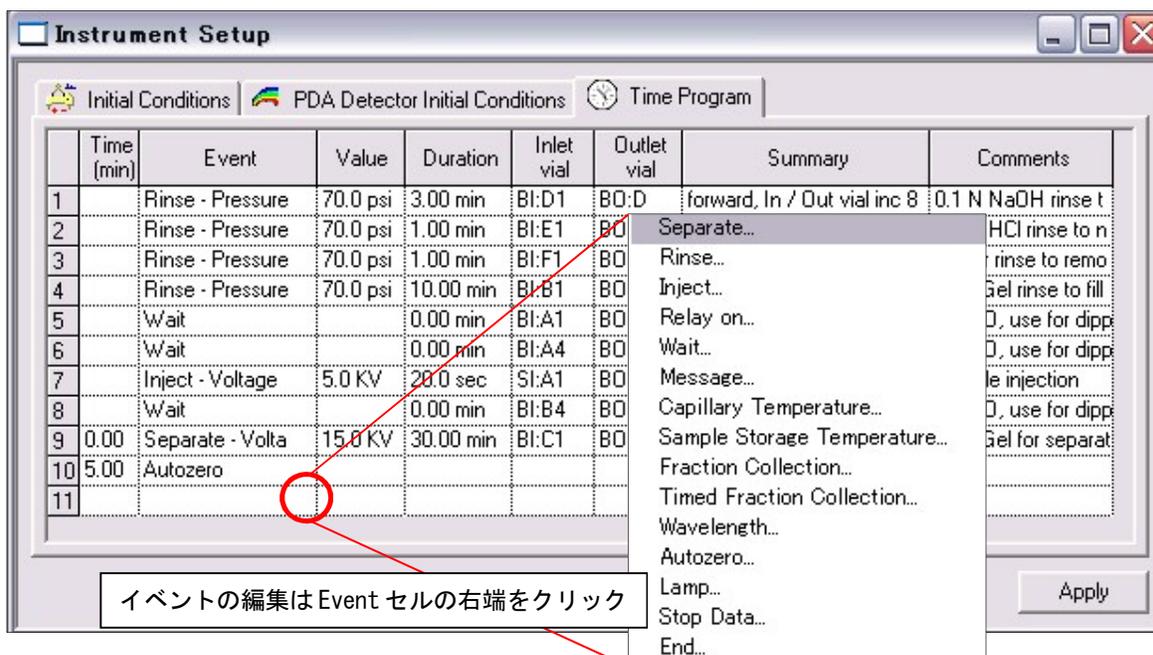
Emission wavelength: 675 nm

Apply

PA 800 plus には標準で 488nm のノッチフィルタ 520nm のエミッションバンドパスフィルタが装着されています。

(Time Program 画面)

各アプリケーションに対応した Time Program の詳細はそれぞれのキットのマニュアルを確認してください。
ここではそれぞれのイベントについて説明します。



項目	内容
Time	データ収集の開始後の時間
Event	実行するイベントの内容 (洗浄やインジェクション、泳動など)
Value	実行するイベントの値 (圧力、電圧など)
Duration	実行するコマンドの所要時間
Inlet vial	インレットトレイの場所 (BI:A1 はバッファトレイのインレットの A1) (SI:A1 はサンプルトレイのインレットの A1)
Outlet vial	アウトレットトレイの場所 (BO:A1 はバッファトレイのアウトレットの A1)
Summary	実行するイベントのその他の重要な内容 (電圧の向きなど)
Comments	テキストコメント

各々のイベントを編集および追加する場合は Time Program の Event をクリックすることで可能となります。

各イベント	内容
Separate	電気泳動
Rinse	キャピラリーの洗浄やバッファ充填
Inject	サンプルインジェクション
Relay on	外部機器 (MS) への信号出力
Wait	バイアル中でのキャピラリーの待機
Capillary Temperature	キャピラリーの温度設定の変更
Sample Storage Temperature	サンプルの保存温度設定の変更
Fraction Collection	フラクションの設定
Wavelength	泳動中の測定波長の変更
Autozero	オートゼロ
Lamp	ランプのオン、オフ
Stop Data	データストップ
End	メソッドの終了

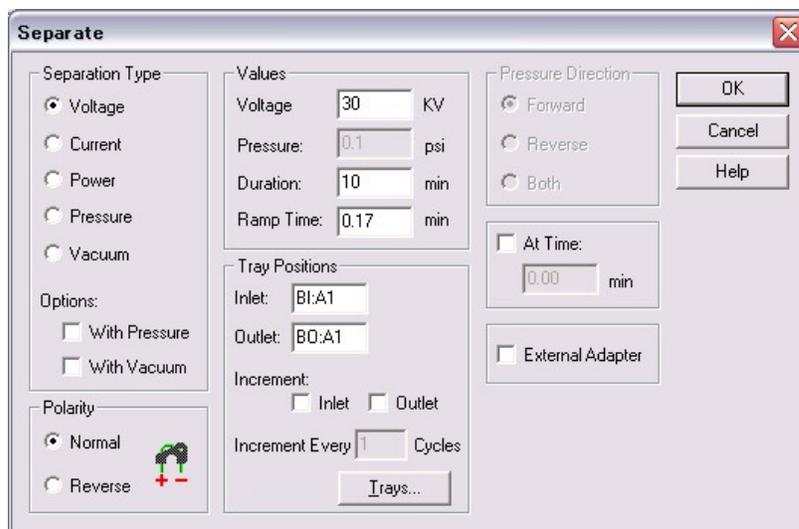
Rinse (リンス)

項目		内容	
Pressure Type	Pressure	加圧による送液	
Values	Pressure	圧力の入力	0.1~30psi
	Duration	リンスの時間	0.1~999.99min
Tray Positions	Trays...	Tray をクリックする事でバイアルポジションを選択	
Pressure Direction	Forward	Inlet から Outlet への送液	
	Reverse	Outlet から Inlet への送液	
At Time		チェックを入れる事でデータの取得を開始	

Inject (サンプルインジェクション)

項目		内容	
Injection Type	Voltage	電圧による注入	
	Pressure	圧力による注入	
Polarity	Normal	Normal	Outlet 側が-
	Reverse	Reverse	Outlet 側が+
Pressure Direction	Forward	Inlet から Outlet への送液	
	Reverse	Outlet から Inlet への送液	
Values	Pressure	圧力の入力	0.1~25psi
	Duration	注入の時間	1~99.9sec
Tray Positions	Trays...	Tray をクリックする事でバイアルポジションを選択	

Separate (泳動)



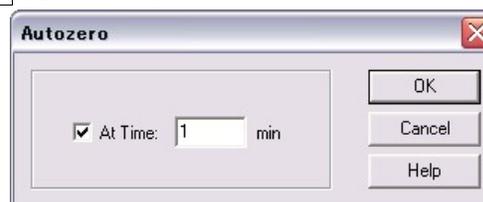
項目		内容	
Separation Type	Voltage	電圧一定での泳動	
Polarity	Normal	Outlet 側が-	
	Reverse	Outlet 側が+	
Values	Voltage	電圧の入力	1~30kV
	Duration	分析時間の入力	0.1~999.99min
	Ramp Time	最大電圧までの到達時間	0.1~999.99min
Tray Positions	Trays...	Tray をクリックする事でバイアルポジションを選択	
At Time		チェックを入れる事でデータの取得を開始	

Wait (キャピラリーの待機)



項目	内容
Duration	バイアル中で待機する時間
Tray Positions	Tray をクリックする事でバイアルポジションを選択

Autozero (オートゼロ)



項目	内容
At Time	At Time にチェックを入れて時間を入力 ※1 であれば分析開始後 1min 後に Autozero

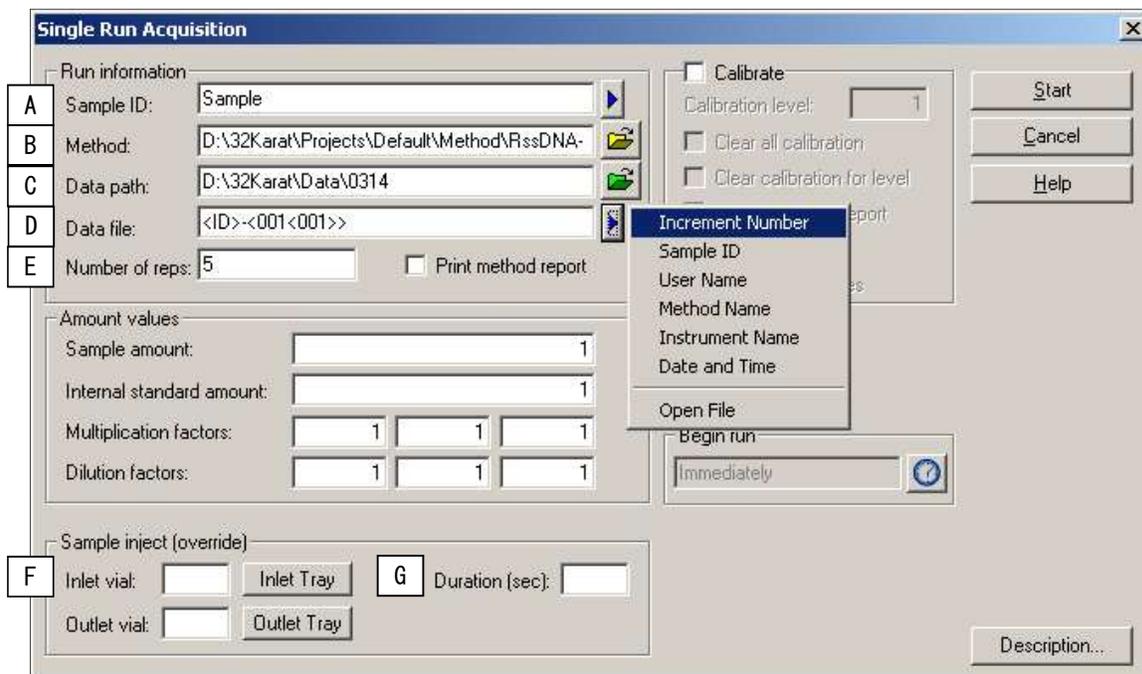
Lamp Control (ランプの ON, OFF)



項目	内容
At Time	At Time にチェックを入れて時間を入力 ※15 であれば分析開始後 15min 後に ON, OFF

6 サンプルの分析（シングルラン）

- ① ソフトウェアの画面右上にあるスタートボタン  をクリックします。
- ② 表示された Single Run Acquisition 画面よりサンプルの名前などを入力します。



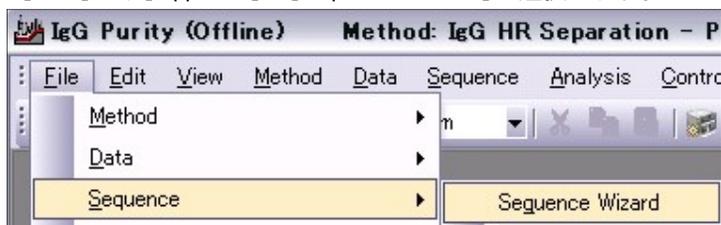
A	サンプル ID の入力
B	メソッドの選択（  をクリックしてメソッドを選択）
C	データの保存先の選択（  からフォルダを選択）
D	データファイル名の入力（  をクリックして Sample ID などを選びます。）
E	繰り返し回数を入力
F	サンプルバイアルの位置
G	インジェクション時間の入力

- ③ 実行するメソッドと同じバイアルからサンプルをインジェクションする場合は [Start] をクリックします
- ④ メソッドとは異なるバイアルからインジェクションする場合は [Inlet Tray] をクリックしてバイアルを選択します。
- ⑤ Duration (sec) に数値を入れる事で、メソッドと違うインジェクション時間を入れる事も可能です。圧力や電圧の変更はできません。
- ⑥ メソッド実行中に再びスタートボタン  をクリックする事で次の分析の予約をする事が出来ます。サンプル名やバイアルポジションなどを入力して [Submit] をクリックして下さい。
- ⑦ 予約の確認は、プルダウンメニューの [Control] から [Run Queue...] で確認できます。
- ⑧ 予約の取消はこの画面から取消したい行を右クリックして Delete を選択してください。

7-1 サンプルの分析（シーケンステーブルの作成）

シーケンステーブルの作成

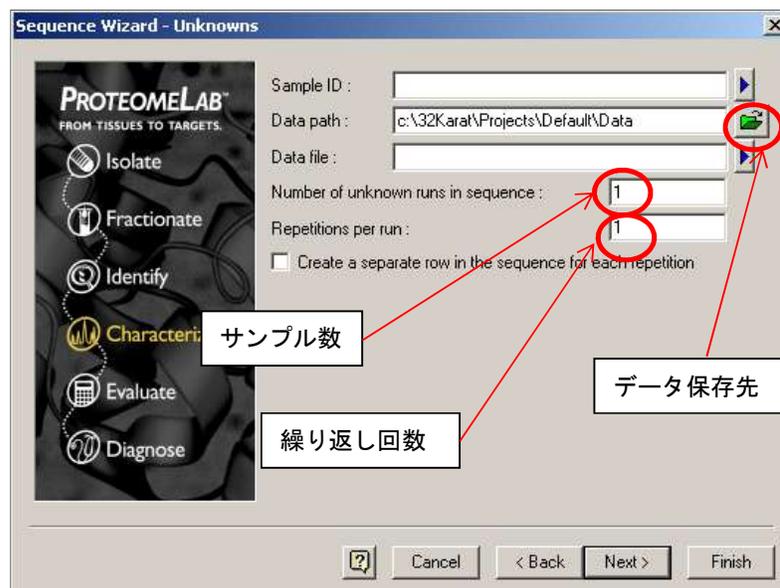
- ① プルダウンメニューの[File]より[Sequence]→[Sequence Wizard]と選択します。



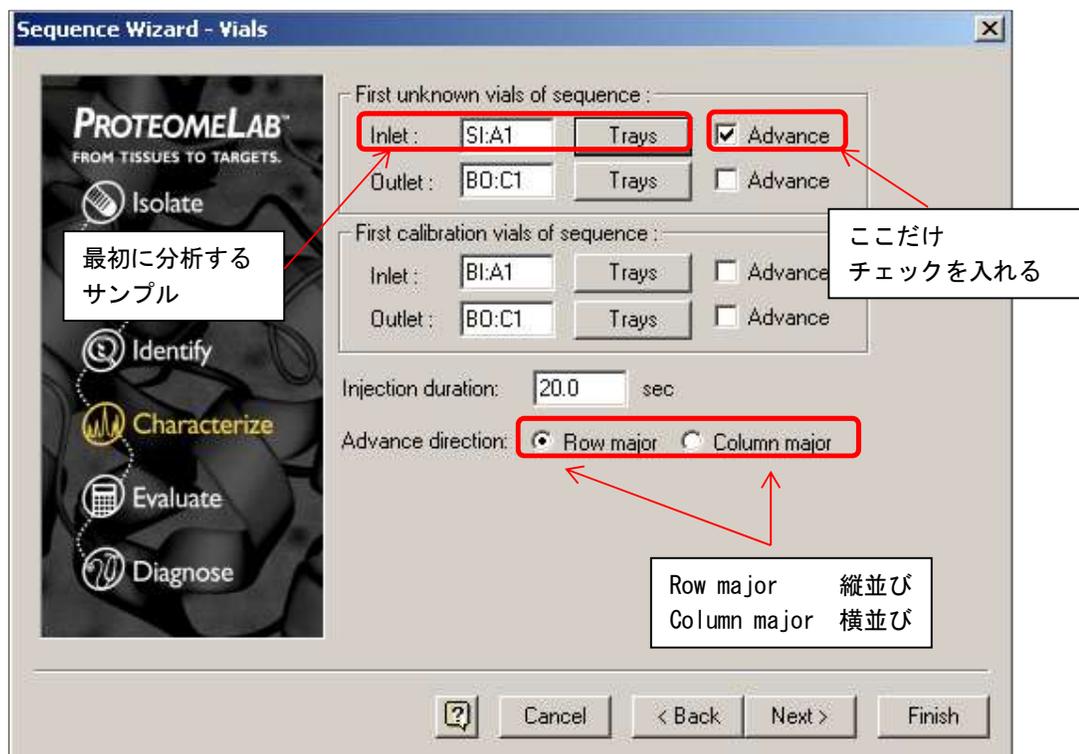
- ② 下図より使用するメソッドを  から選択して[Next]をクリックします。



- ③ 続いてサンプル ID名、データの保存先、データファイル名、サンプル数などを入力して[Next]をクリックします。



- ④ 最初に分析するサンプルバイアルの位置を Inlet の [Trays] をクリックしてバイアルを選択し、Advance のチェックボックスの一番上だけチェックマークを入れてその他のチェックは外して Finish をクリックします。



- ⑤ 以上の作業で下図のようなシークエンステーブルが表示されます。

Sequence: untitled.seq							A	B	C	D	E	F
Run #	Status	Run	Level	Cond	Custom	Reps	Sample	Sample	Sample	Sample ID	Method	Filename
1		Unkno	0	n/a	Unconfi	1	SI:A1	BO:C1	20.0	IgG assay001	PA 800 plus.met	IgG assay001_.dat
2		Unkno	0	n/a	Unconfi	1	SI:A2	BO:C1	20.0	IgG assay002	PA 800 plus.met	IgG assay002_.dat
3		Unkno	0	n/a	Unconfi	1	SI:A3	BO:C1	20.0	IgG assay003	PA 800 plus.met	IgG assay003_.dat
4							SI:A4	BO:C1	20.0	IgG assay004	PA 800 plus.met	IgG assay004_.dat
5							SI:A5	BO:C1	20.0	IgG assay005	PA 800 plus.met	IgG assay005_.dat
6							SI:A6	BO:C1	20.0	IgG assay006	PA 800 plus.met	IgG assay006_.dat
7							SI:A7	BO:C1	20.0	IgG assay007	PA 800 plus.met	IgG assay007_.dat
8							SI:A8	BO:C1	20.0	IgG assay008	PA 800 plus.met	IgG assay008_.dat
9							SI:B1	BO:C1	20.0	IgG assay009	PA 800 plus.met	IgG assay009_.dat
10							SI:B2	BO:C1	20.0	IgG assay010	PA 800 plus.met	IgG assay010_.dat
11												

A サンプルポジション
B 廃液ポジション
C インジェクション時間
D サンプル名
E メソッド名
F ファイル名

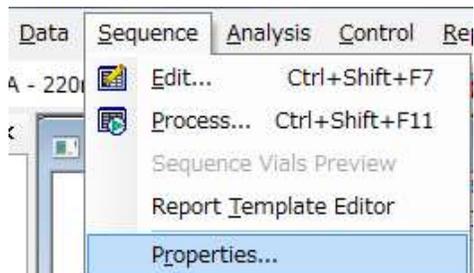
- ⑥ サンプル名やファイル名を入力してその他の情報に間違いがなければ、プルダウンメニューの [File] より [Sequence] → [Save Sequence as...] より名前をつけて保存します。

シークエンステーブルの便利な機能

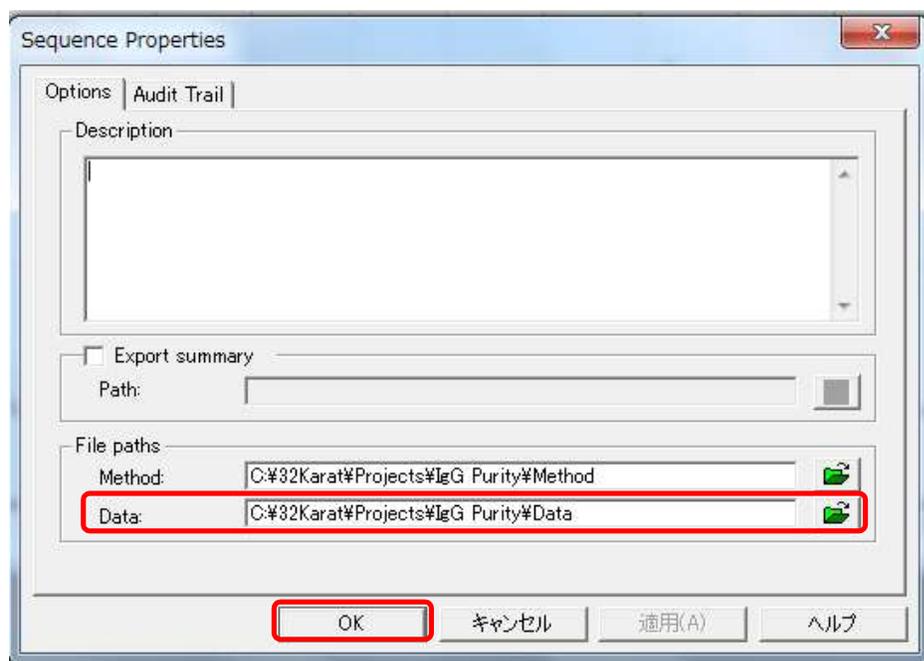
作成された、またはそれぞれのアプリケーション毎に用意されているシークエンスを Save as されて使用される場合は、以下の機能が便利です。

(Sequence Property による、取得データ保存先の設定)

- ① プルダウンメニューの [Sequence] から [Properties] を選択します。



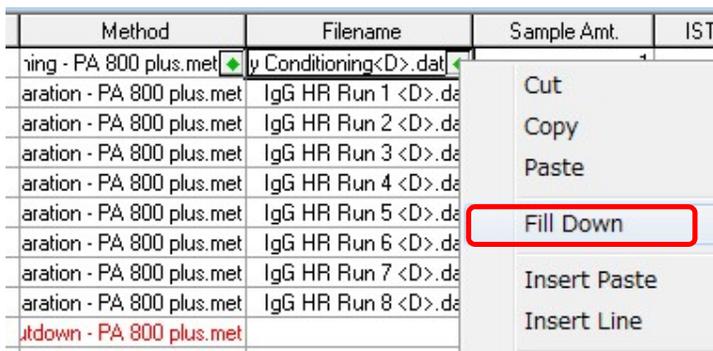
- ② 表示された Sequence Properties 画面で、File paths の Data: で取得データの保存先を選択・設定し OK します。末尾に%xxx と入力することで、新しいディレクトリを [xxx] の名前で作成できます。(OK クリック時に作成されます)



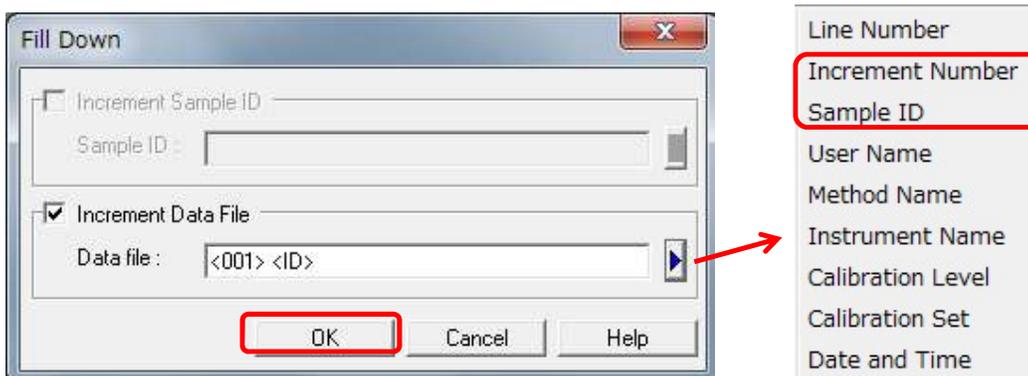
(Fill Downによる、データファイル名設定)

- ① 編集したいシークエンスの、データファイル名を設定する最上段の行の Filename 欄をクリックします。現れる右端の◆を右クリックし、Fill Down を選びます。

Method	Filename	Sample Amt.	IST
ring - PA 800 plus.met	y Conditioning<D>.dat		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 1 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 2 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 3 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 4 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 5 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 6 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 7 <D>.de		
aration - PA 800 plus.met	IgG HR Run 8 <D>.de		
tdown - PA 800 plus.met			



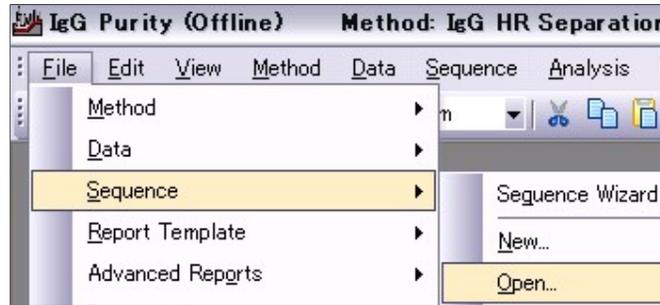
- ② Increment Data File 部分に、右端 ▶ から必要な項目を選択・設定し、OK します。選択行以下の Filename 欄が更新されます。(下図は、Increment Number と Sample ID を選択しています)



- ③ <Sample ID> を使用する場合は、予めシークエンスの Sample ID 列に各サンプルの名称・情報を入力してください。

7-2 シークエンスラン

- ① プルダウンメニューの[File]から[Sequence]→[Open]を選択して目的のシーケンステーブルを開きます。

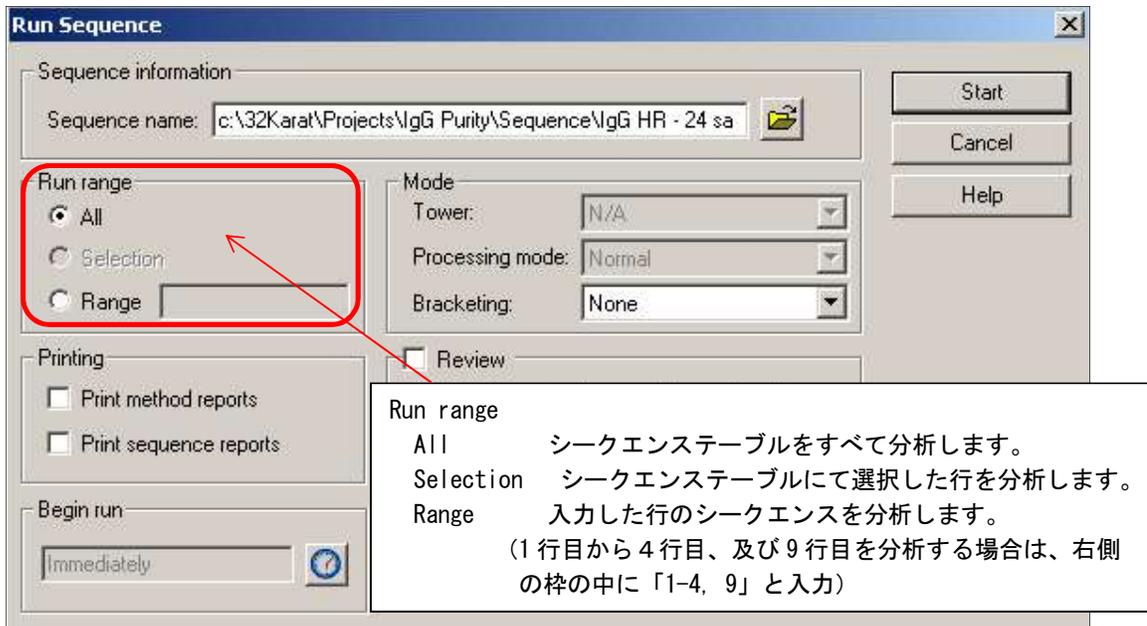


- ② シークエンスの内容を確認する場合はプルダウンメニューの[Sequence]から[Edit]を選択します。



- ③ シークエンス分析をする場合は画面右上のシーケンスランボタン  をクリックします。

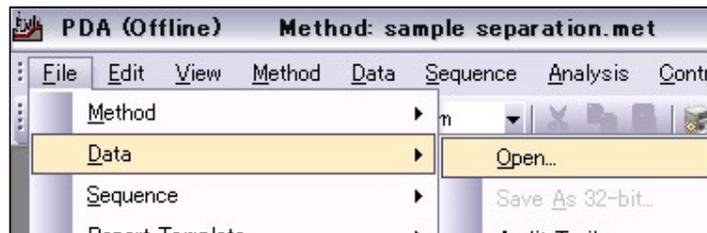
- ④ 表示された Run Sequence 画面より Start をクリックすれば泳動開始です。



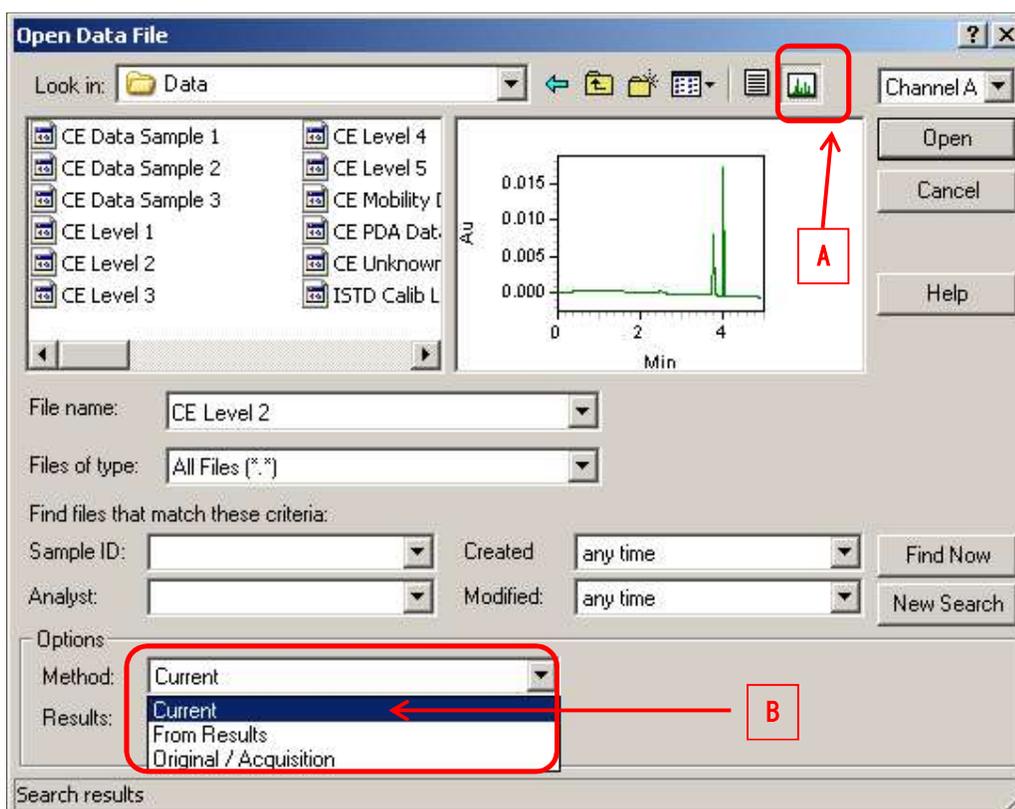
8-1 データの開き方と取扱い

(データを開く)

- ① プルダウンメニュー[File] → [Data] → [Open]、またはメニューボタンの  をクリックして[Open Data]を選択します。



- ② 表示されたダイアログボックスより開きたいデータを選択して[Open]をクリックします。



A Preview ボタン  をクリックすることで、あらかじめ選択したデータを確認することが可能です。

B Options から Method の項目を変更することで、データを開くときに同時にメソッドを読み込むことが可能です。通常は Current を選択してください。

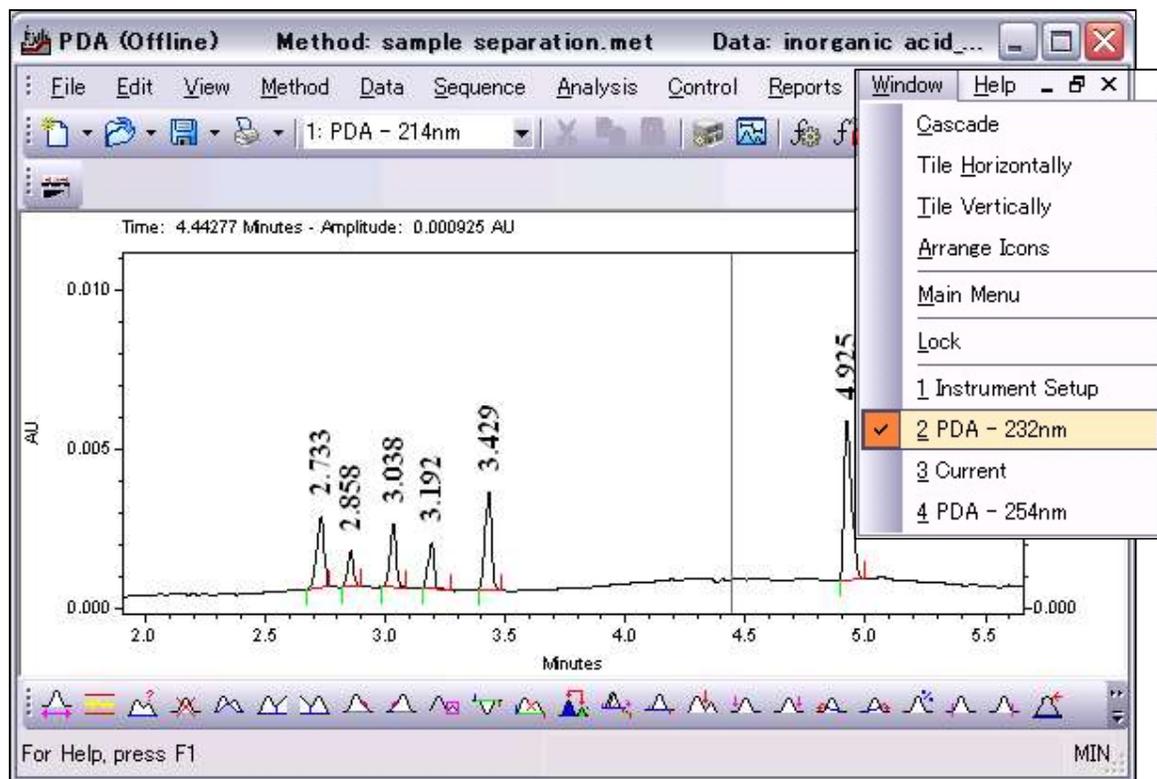
- ・ Current 現在開いているメソッドをそのまま使用する。
- ・ From Results 最後の解析時に使用したメソッドを開く
- ・ Original/Acquisition 分析時に使用したメソッドを開く

※From Results と Original/Acquisition はメソッドを再構築します。

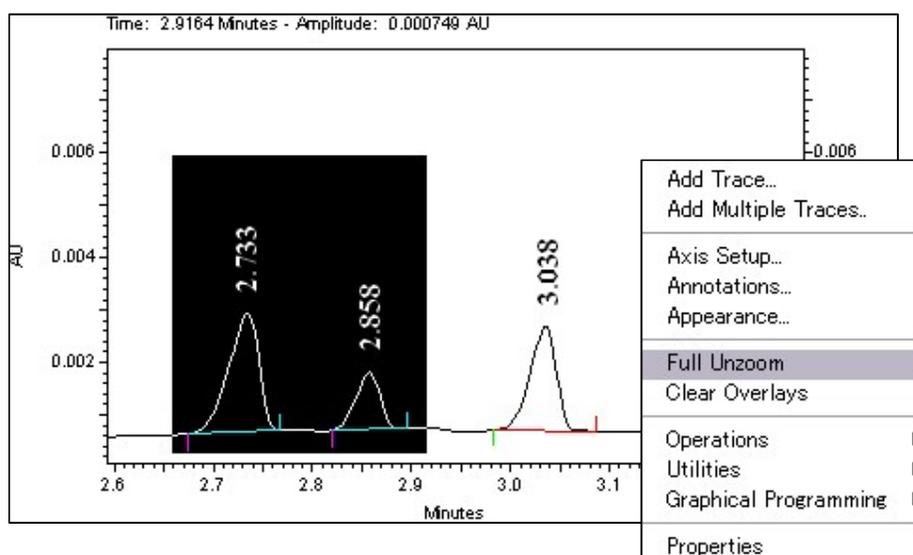
このメソッドを別の解析で使用する場合はメソッドを別の名前保存する必要があります。

(データの取り扱い)

- ① データを開くと以下のように開きますが、もし画面が整理されていないときはプルダウンメニューの [Window] から目的のデータを選択してください。



- ② データを拡大するには目的の範囲をマウスで選択してください。縮小する場合は右クリックして [Full Unzoom] を選択します。また画面上をダブルクリックすることで一工程前の画面サイズに戻る事もできます。



(右クリックメニュー)

データ画面上を右クリックすることで以下のようなメニューが表示されます。
この「右クリックメニュー」はその他にもさまざまな便利な機能の起点です。

Add Trace...
Add Multiple Traces..
Axis Setup...
Annotations...
Appearance...
Full Unzoom
Clear Overlays
Operations ▶
Utilities ▶
Graphical Programming ▶
Properties

右クリックのメニュー	内容
Add Traces	単一データの重ね合わせ
Add Multiple Traces	複数データの重ね合わせ
Axis Setup	データ画面の尺度調整
Annotations	面積や時間、名前などの表示
Appearance	クロマトやアノテーション項目の色の変更
Full Unzoom	データのアンズーム
Clear Overlays	重ね合わせたデータのクリア
Operations	下表を参照
Utilities	下表を参照
Graphical Programming	データの積分パラメータ
Properties	スケール調整やピークの色などの変更

Move Trace
Stack Traces...
Align
Stretch
Normalize
Smooth
1st Derivative
2nd Derivative
Add
Subtract
Multiply
Divide

Operations のメニュー	内容
Move Trace	マニュアルで波形データを移動
Stack Traces	重ね合わせたデータの位置調整
Align	2 データのピーク同士での X 軸方向の位置合わせ
Stretch	2 データのピーク間での X 軸方向の尺度合わせ
Normalize	2 データのピーク間での Y 軸方向の尺度合わせ
Smooth	ノイズレベルの大きなデータのノイズの除去
1st Derivative	1 次導関数(微分)による解析結果の表示
2nd Derivative	2 次導関数(微分)による解析結果の表示
Add	データ A とデータ B を足し合わせたクロマトの作成
Subtract	データ A からデータ B を減算したクロマトの作成
Multiply	データ A とデータ B をかけたクロマトの作成
Divide	データ A のデータ B に対する比のクロマトの作成

Print
Copy to Clipboard
Save Trace...

Utilities のメニュー	内容
Print	表示されているデータのプリントアウト
Copy to Clipboard	表示されているデータの画像ファイルの作成
Save Trace	表示されているクロマトをデータファイルに再変換

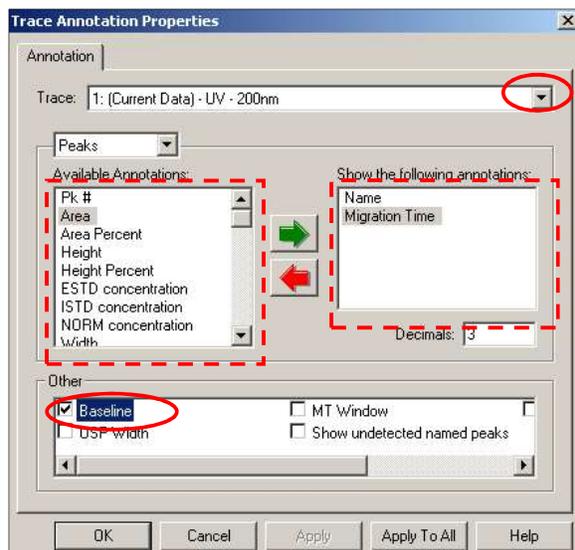
(アノテーションの設定・・・Annotations)

- ① データ上でマウスを右クリックし、[Annotations]を選択します。

項目	内容
Pk #	ピークの番号
Name	ピークの名前
Migration Time	検出時間
Area	面積
Area Percent	面積%
Height	高さ
ESTD concentration	定量値 (絶対検量線法)
ISTD concentration	定量値 (修正内部標準法)
Relative MT	相対検出時間

項目	内容
Theoretical plates (USP)	理論段数 (USP)
Theoretical plates (JP)	理論段数 (JP)
Resolution (USP)	分解能 (USP)
Resolution (JP)	分解能 (JP)
Apparent Mobility	見かけの移動度
Mobility	移動度
Corrected Area	補正面積
Corrected Area Percent	補正面積%
Quality	分子量や pI などの計算値

- ② 表示されたダイアログボックスの[Available Annotations]から表示させたい項目 (面積や時間など) を選択して  をクリックし右側のボックスに移動して[OK]をクリックします。
- ③ 複数データを重ね合わせているときは[Trace]より目的のデータを選ぶことができます。
- ④ [Other]より[Baseline]のチェックの有無によりベースラインの表示、非表示を選択する事が出来ます。



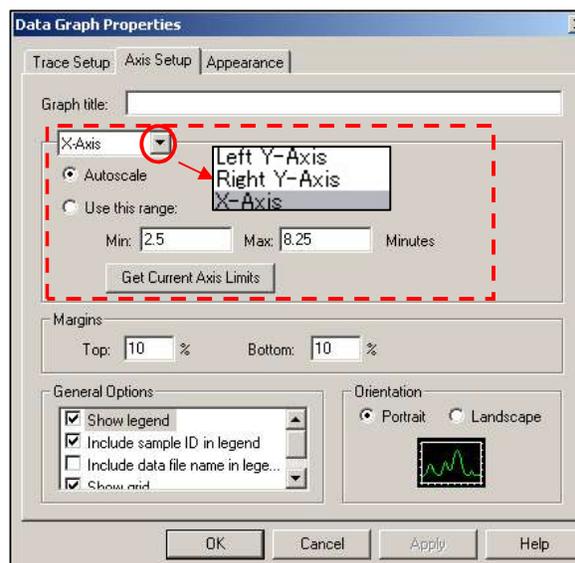
補正面積 (Corrected Area)

CE では、後ろのピークよりも先に検出されるピークのほうが検出部位を速く移動します。そのためピーク面積の偏りが生じますが、補正ピーク面積を用いる事でこの偏りを除外することもできます。

この算出方法については Appendix A-1、「補正面積 (Corrected Area) の算出」を参照ください。

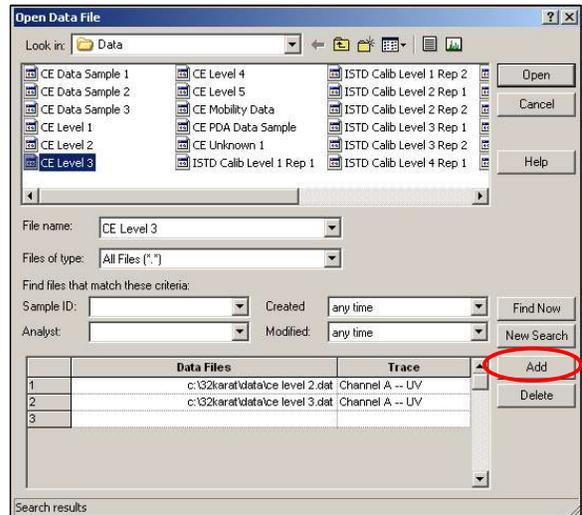
(座標軸の数値設定・・・Axis Setup)

- ① データ上でマウスを右クリックし、[Properties]を選択して表示されたダイアログボックス [Data Graph Properties] から Axis Setup を選択します。なお右クリックから Axis Setup を選択しても表示されます。
- ② X 軸 (時間)、Y 軸 (吸光強度) を設定して [OK] をクリックします。複数データを表示している場合、Y 軸の吸光度の値は右側および左側の Y 軸でそれぞれ違う値を設定することができます。



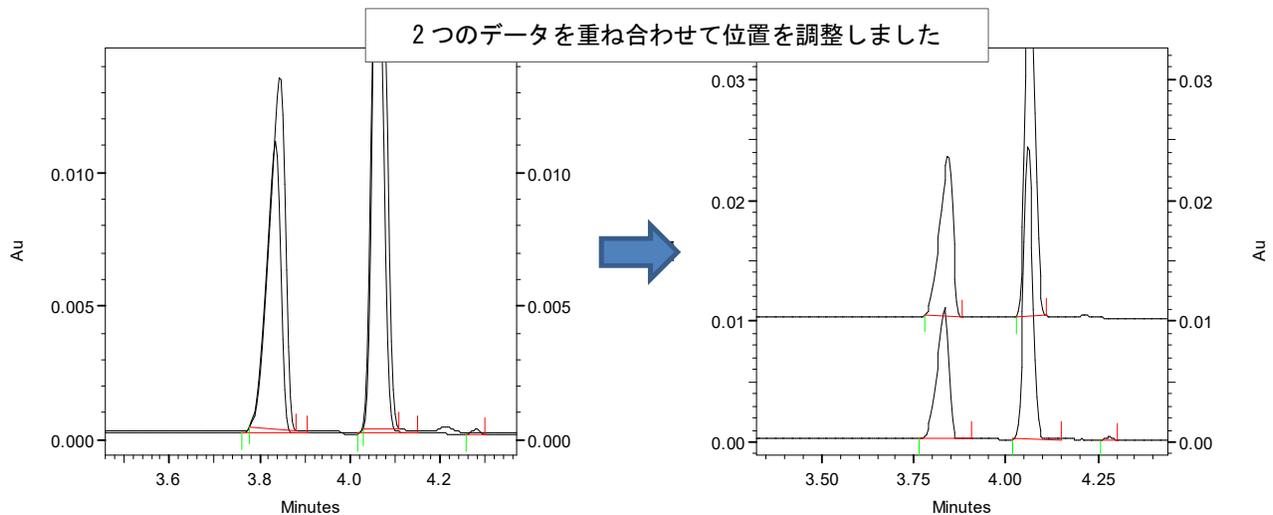
(データの重ね合わせ・・・Add Multiple Traces)

- ① データ上でマウスを右クリックし、[Add Multiple Traces]を選択します。
- ② 表示されたダイアログボックスより重ね合わせたいデータを選択して[add]をクリックします
- ③ 複数の波長で測定しているときには Trace から波長を選択して[Open]をクリックします。
- ④ またマウスを右クリックし、[Add Traces]を選択すると一つだけデータを重ねることができます。



(重ね合わせたデータの位置調整・・・Stack Trace)

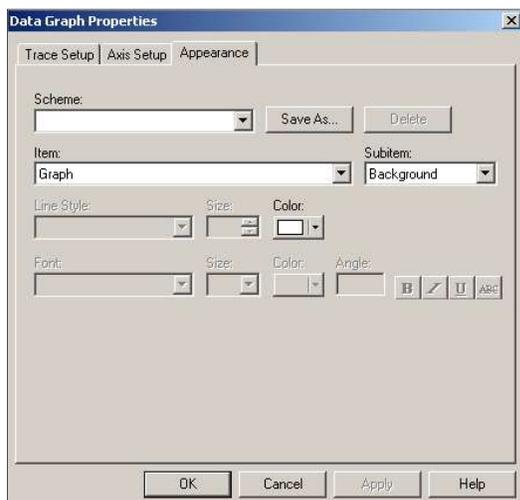
- ① データ上でマウスを右クリックし、[Operation]から[Stack Trace]を選択します。
- ② 表示されたダイアログボックスに数値を入力する事で重ね合わせたデータを X 軸や Y 軸方向に移動させて表示する事が出来ます。



(エレクトロフェログラムの画像ファイルへの変換・・・Copy to Clipboard)

- ① データ上でマウスを右クリックし、[Utilities]から[Copy to Clipboard]を選択してメモリーに保存します。
- ② Paint や Word などのソフトウェアの機能で貼り付け (Paste) をする事で画像ファイルに変換できます。

(エレクトロフェログラムやアノテーション項目の色やフォントの変更・・・Properties & Appearance)
 データ上でマウスを右クリックし、Properties を選択して表示されたダイアログボックス [Data Graph Properties] から [Appearance] を選択します。この機能は右クリックから [Appearance] を選択しても表示されます。



各項目	内容
Schemes	設定された各種項目の呼び出し
Save As	設定された各種項目の保存
Delete	設定された各種項目の削除
Item	変更したいクロマトの選択
Subitem	変更したい項目の選択
Line Style	クロマトの色や太さの設定
Font	アノテーションの色やフォントの設定

エレクトロフェログラムの色の変更

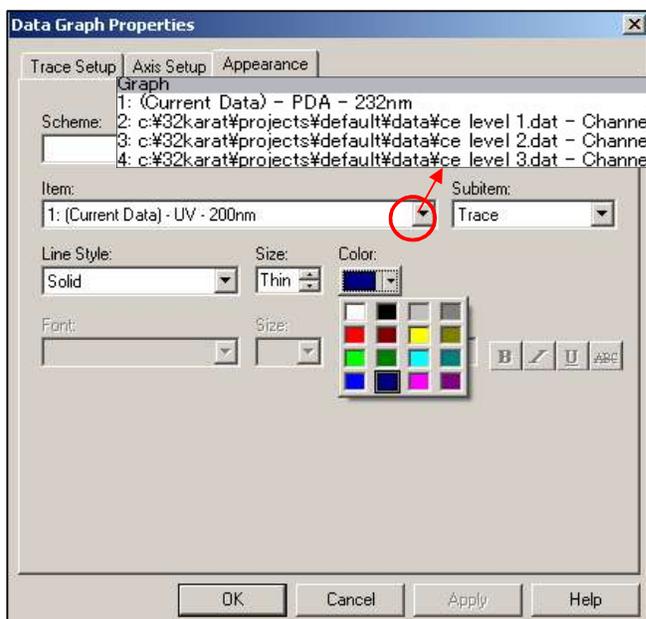
[Item] よりエレクトロフェログラムの色を変更したいデータを選択し、[Subitem] から [Trace] を選択します。つぎに [Color] から表示させたい色を選択して [OK] をクリックします。線の太さを変えたいときは [Line Style] の [Size] を変更します。

アノテーションの色やフォントの変更

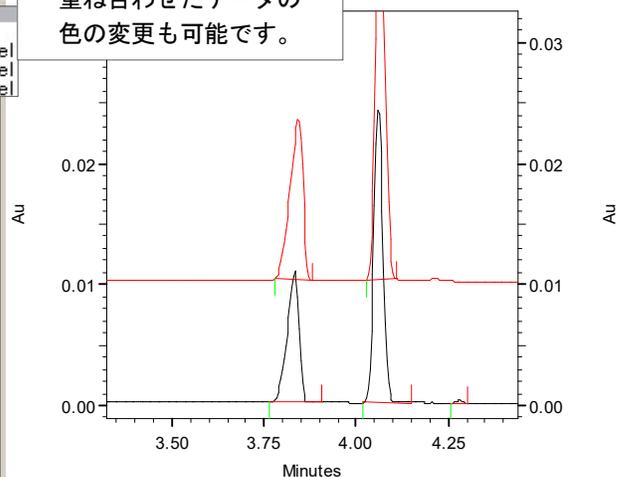
[Item] よりエレクトロフェログラムの色を変更したいデータを選択し、[Subitem] から [Annotation] を選択します。つぎに [Font] や [Size]、[Color] から表示させたい色などを選択して [OK] をクリックします。

設定された項目の保存と呼び出し

- ① ここまでに設定された項目は [Save As] をクリックすることですべて保存することができます。
- ② 次回からは上記のように細かく設定しなくても [Scheme] から一気に変更することが可能です。



重ね合わせたデータの
色の変更も可能です。

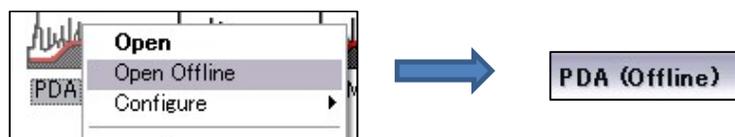


8-2 データ解析

データは泳動終了後に自動解析されますが、泳動を途中で止めた場合や解析パラメータを編集した時には再解析する必要があります。また泳動途中の画面では既存のデータの解析は出来ませんので、Offline モードを立ち上げる必要があります。

(Offline モードの起動)

- ① 32Karat ソフトウェアを立ち上げた後の画面より、使用したいプログラムのアイコンを右クリックして [Open Offline] をクリックします。ソフトウェアの画面左上には (Offline) 表記されます。

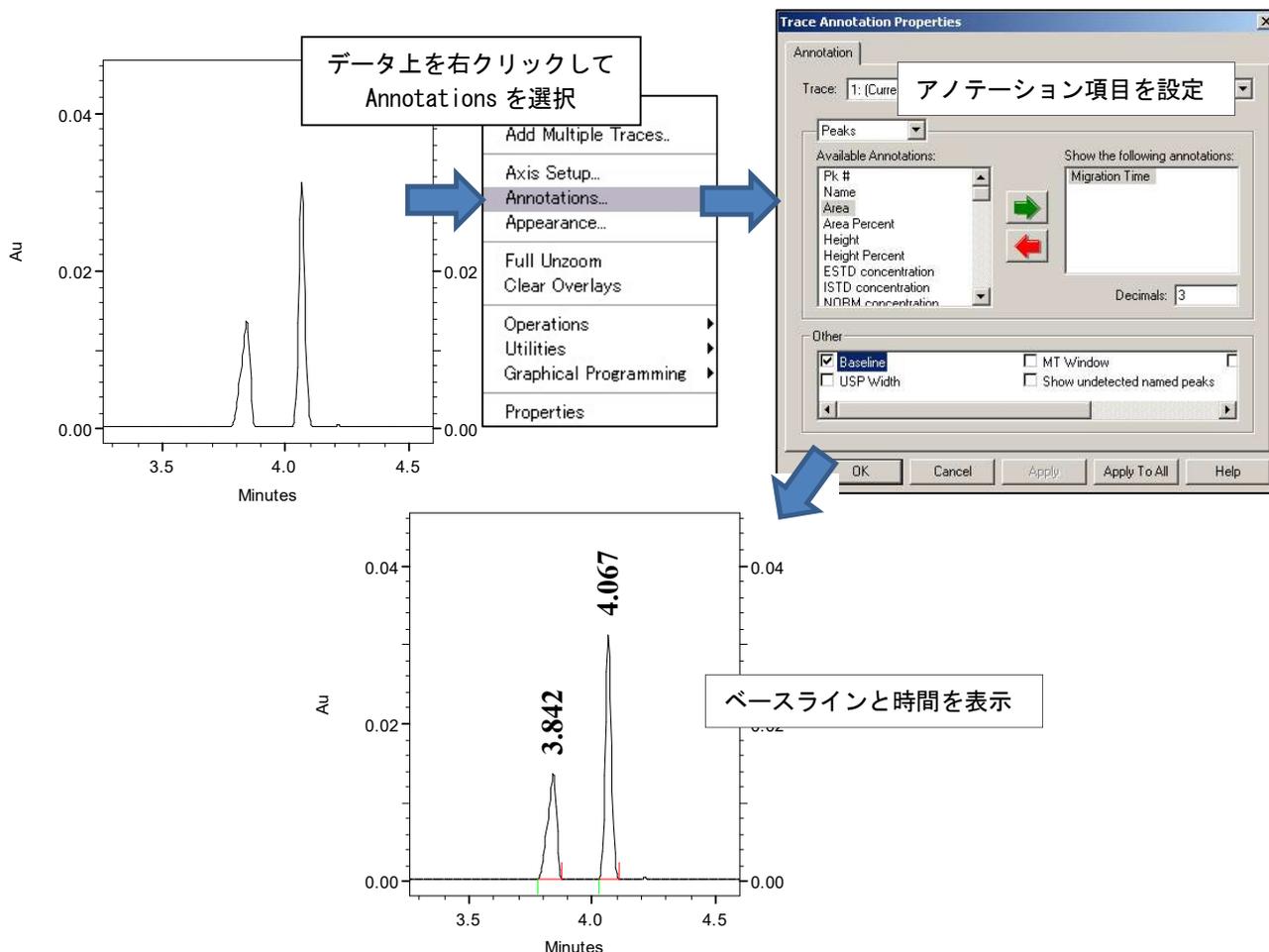


(データの解析と再解析)

- ① 解析されていないデータを開いたときは画面上部中央の解析ボタンをクリックします。プルダウンメニューの [Analysis] から [Analyze] を選択しても大丈夫です。



- ② もしベースラインや時間などの項目が表示されない時はアノテーションの項目を確認してください。



(解析パラメータについて)

解析パラメータを適切な値に設定する事で最適なベースラインを引いてデータを解析する事ができます。
これらはメソッドや各データに保存することができます。

目的のデータを開いたらプルダウンメニューの[Method]から[Integration Events]を選択します。

#	Event	Start Time	Stop Time	Value
1	<input checked="" type="checkbox"/> Width	0.000	0.000	0.2
2	<input checked="" type="checkbox"/> Threshold	0.000	0.000	50
3	<input checked="" type="checkbox"/>			

- ① 表示された解析パラメータ（インテグレーションイベント）で Width と Threshold は解析で必須となるパラメータであり、Width = 0.2 , Threshold = 50 がそれぞれのデフォルトです。値を小さくすることで小さなピークが積分計算され、大きくすることで小さなピークは積分されません。そのほかのパラメータはここで入力する事も可能ですが、ソフトウェア下部にあるインテグレーションアイコン群から解析パラメータを設定する事も出来ます。



パラメータ	項目	内容
1	width	ピーク幅の設定（デフォルトは0.2）
2	Threshold	ピークを決定するための Y 軸方向の検出感度の設定（デフォルトは50）
3	Shoulder sensitivity	ショルダーピークの検出パラメータ
4	Integration off	特定のピークに対する積分計算の中止
5	Valley Peak	ベースラインの谷割り
6	Horizontal baseline	ベースラインを水平方向に引く →方向
7	Backward Horizontal	ベースラインを水平方向に引く ←方向
8	Tangent Skimming	テーリングピーク上の微小ピークの検出
9	Front Tangent Skimming	リーディングピーク上の微小ピークの検出
10	Minimum Area	積分計算させる最小ピークの決定(面積より)
11	Negative Peak	負方向(ベースラインより下)ピークの積分計算の設定
12	Disable peak end	ピークエンドの検出禁止
13	Reassign Peak	ピークテーブル中の同定ピークの変更(ピーク名は同じ)
14	Manual baseline	マニュアルによるベースライン引き直し
15	Manual Peak	マニュアルによるピークの検出
16	Split peak	ピークの垂直分割
17	Force peak start	ピークスタートの移動
18	Force peak stop	ピークエンドの移動
19	Move baseline start	ベースラインのスタート位置の移動(ベースライン)
20	Move baseline stop	ベースラインのストップ位置の移動(ベースライン)
21	Percentile Point	近接した複数ピークの分割方法の調整
22	Left Slope Sensitivity	ピークのフロントサイドのショルダーピークの検出
23	Right Slope Sensitivity	ピークのエンドサイドのショルダーピークの検出
24	Define Qualitative analysis peak	サイズマーカーによる検量線の作成の為の検出時間とサイズの決定
25	Define Qualitative analysis peak limit	上記アプリケーションの為の範囲の指定
26	Adjust Retention Time Window	クロマトグラフ上でのピークの MT ウィンドウの設定
27	Adjust Group Range	クロマトグラフ上でのピークグループの MT ウィンドウの設定
28	Define single peak	ピークテーブルの作成(単一ピーク)
29	Define peaks	ピークテーブルの作成(検出されているすべてのピーク)
30	Define groups	ピークのグルーピングの指定
31	5 Hz	最適データレートの表示(デフォルトでは4Hz)

(データの解析方法)

① Width の調整 (ピーク幅の設定)

- ① キャピラリー電気泳動で検出されるピーク幅が HPLC に比べて大変細いために、width の値を 0.2 より小さくすることがよくあります。
- ② まずプルダウンメニューの [File] から [Method] → [Integration Events] と選択します。
- ③ ピーク幅が細い場合は Width の値を小さくしてメソッドを保存します。
- ④ 画面上部中央の解析ボタン  をクリックすると新しいパラメータを使って解析します。
- ⑤ パラメータ中の Start Time=0 と Stop Time=0 はデータの最初から最後までという意味です。

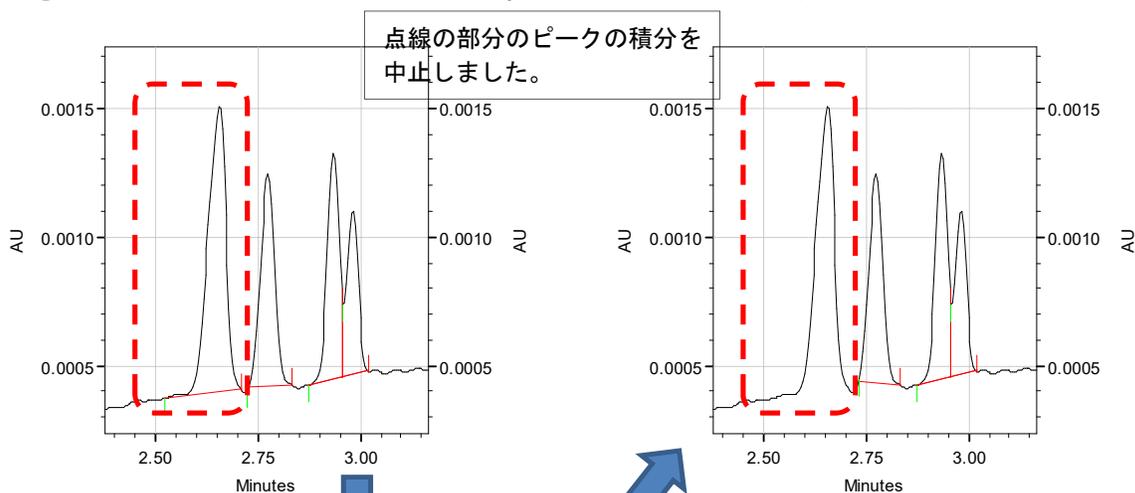
#	Event	Start Time	Stop Time	Value
1	<input checked="" type="checkbox"/> Width	0.000	0.000	0.2
2	<input checked="" type="checkbox"/> Threshold	0.000	0.000	50
3	<input checked="" type="checkbox"/> 			

② Threshold の調整 (Y 軸方向の検出感度の設定)

- ① Width の設定と同様に [Integration Event] を呼び出して Threshold の値を変更します。
- ② 大きな値ほど小さなピークを積分しなくなります。

③ Integration off (特定のピークに対する積分計算の中止)

- ① Integration Event アイコン群より Integration Off  を選択します。
- ② 画面下部に Select Start of Integration Off と表示されるので、マウスの縦軸でそのピークの始まりを選択します。
- ③ 続いて Select End of Integration Off と表示されるので、マウスの縦軸でそのピークの終わりを選択します。
- ④ 表示されたパラメータを確認して Analyze Now をクリックすると解析します。



Integration Off

Start Time: 2.5 Minutes

Stop Time: 2.7 Minutes

Value: 0

Insert into Integration Events table

Insert into Manual Integration Fixes table

Add to Table

Cancel

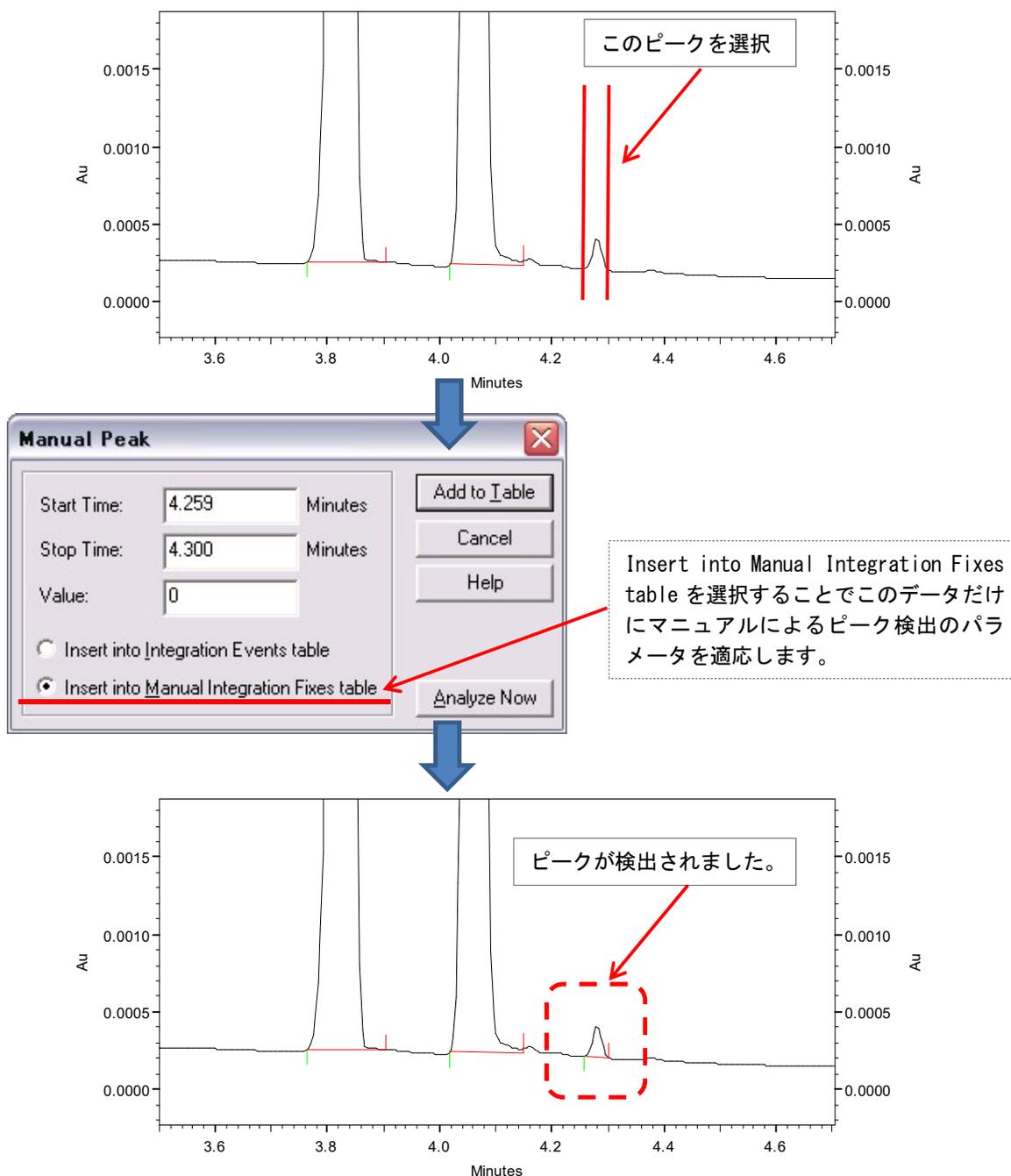
Help

Analyze Now

- A) Insert into Integration Events table
設定したパラメータをメソッドに登録して、このメソッドを使用するデータの解析に適応
- B) Insert into Manual Integration Fixes table
設定したパラメータはこのデータのために適応登録したパラメータはプルダウンの [Data] から [Manual Integration Fixes] をクリックして確認可能

④ Manual Peak (マニュアルによるピークの検出)

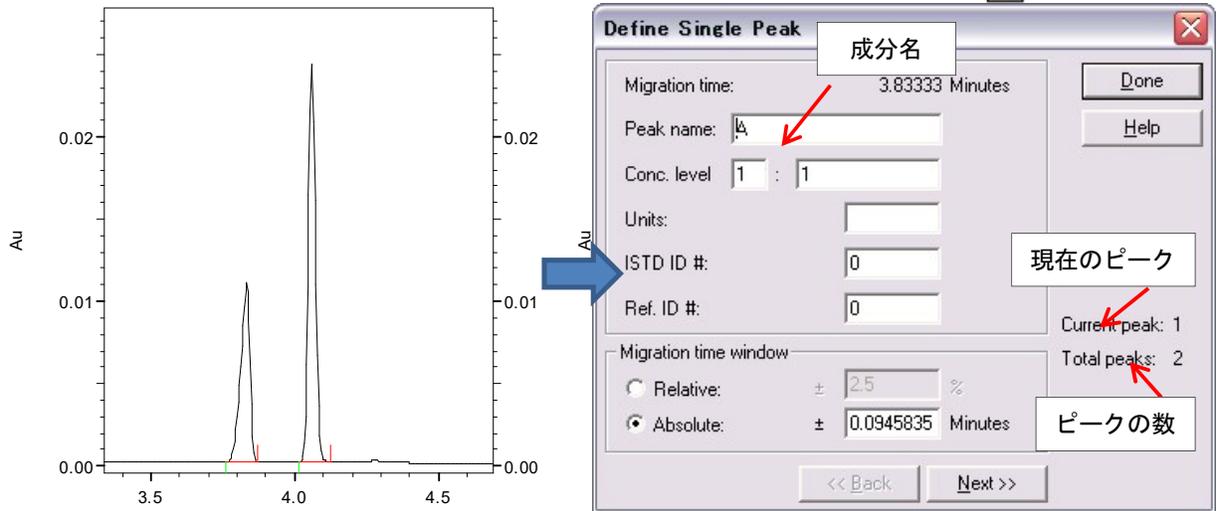
- ① 積分されなかったピークのベースラインをマニュアルで引く場合、Integration Event アイコン群より Manual Peak  を選択します。
- ② 「Click start point for the new peak」と表示されるので、検出したいピークの始めにマウスの縦軸を合わせてクリックします。
- ③ つづいて「Click end point for the new peak」と表示されるので、検出したいピークの終わりにマウスの縦軸を合わせてクリックします。
- ④ 時間パラメータを確認し、[Insert into Manual Integration Fixes table]を選択して[Analyze Now]をクリックします。



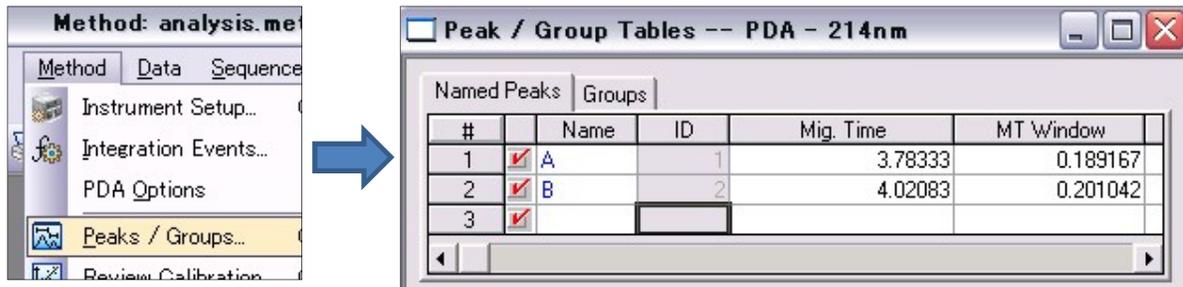
8-3 ピークテーブルの作成 (Peak / Group)

ピークテーブルを作成することで、未知試料の定性や定量を行うことができます。

- ① データの解析が終了したら、Integration Event アイコン群より Define Single Peak  を選択します。

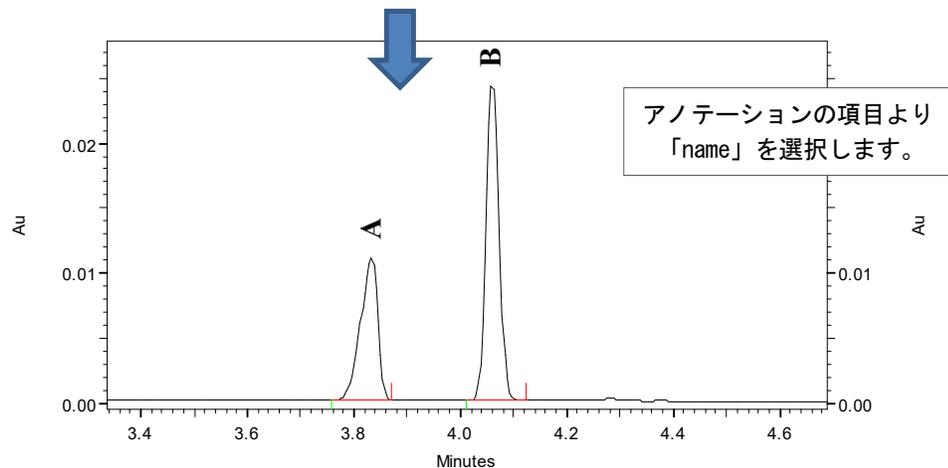


- ② Peak name より成分の名前を入力して [Next] をクリックします。(終了する場合は Done をクリックします。)
 ③ 作成したピークテーブルを確認する場合はプルダウンメニューの [Method] より [Peaks/Groups] を選択します。



#	Name	ID	Mig. Time	MT Window
1	A	1	3.78333	0.189167
2	B	2	4.02083	0.201042
3				

ピークテーブルを開くと名前 (Name)、検出時間 (Mig. Time)、ピーク同定許容範囲 (MT Window) が入力されています。ちなみに MT Window には Mig. Time の5%の値が入力されています。この値を大きくする事でピーク同定するときの時間の許容範囲が大きくなる事が出来ます。



8-4 未知試料の定量 (Calibration Analysis)

ピークテーブルを作成することで検量線の作成が可能となり、未知試料の定量を行うことができます。

(ピークテーブルの編集)

- ① 前述に従ってピークテーブルを作成します。

#	Name	ID	Mig. Time	MT Window	Ref. ID #	ISTD. ID #	Resoluti
1	A	1	3.78333	0.189167	0	0	
2	B	2	4.02083	0.201042	0	0	
3							

- ② スクロールバーを動かして検量線の種類などを入力します。

#	Name	ID	Analysis Channel	Quantitate	Fit Type	Zero	Calib Flag
1	A	1	PDA - 200nm	Area	Linear	<input type="checkbox"/>	Replace
2	B	2	PDA - 200nm	Area	Linear	<input type="checkbox"/>	Replace
3						<input type="checkbox"/>	

- Analysis Channel : 検量線作成に使用する波長を選択します。
- Quantitate : 検量線作成に使用する解析値を選択します。
- Fit Type : 検量線の種類を選択します。通常は Linear を選択すると良いでしょう。
- Zero : 検量線がゼロ点と通るか通らないかを選択します。

- ③ スクロールバーを動かして、検量線に使用する標準品の成分濃度を Level の欄に入力します。
Level 1 から Level 10 まであり最大 10 点まで入力することができます。

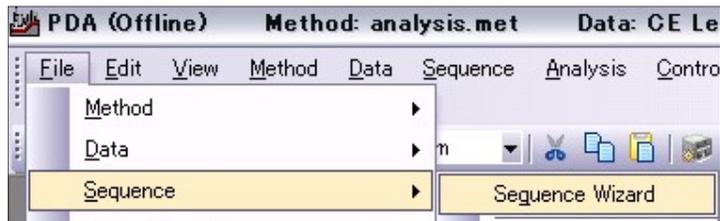
#	Name	ID	Level 2	Level 3	Level 4	Level 5	Level 6
1	A	1	20	30			
2	B	2	40	80			
3							

- ④ 以上の作業が完了したらプルダウンメニューの [File] から [Method] → [Save] を選択してメソッドを保存します。

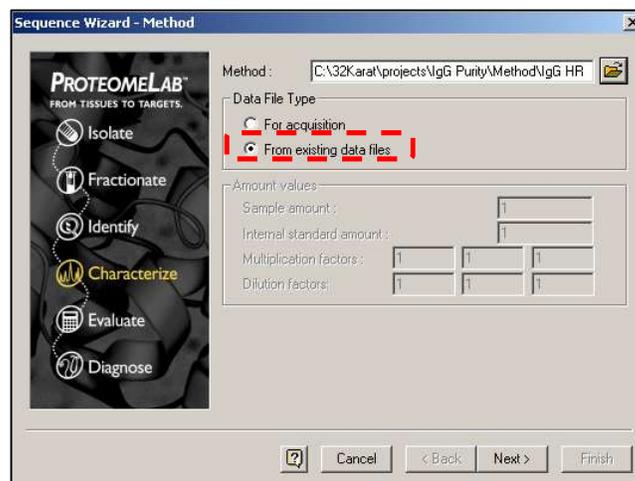
(検量線の作成)

検量線の作成には各濃度の標準品の分析の終了時に自動的に作成することも可能ですが、ベースラインの引き直しなど手直しが必要なこともありますので、すべての標準品の分析が終了してデータを見直した後で検量線を作成することをお勧めします。

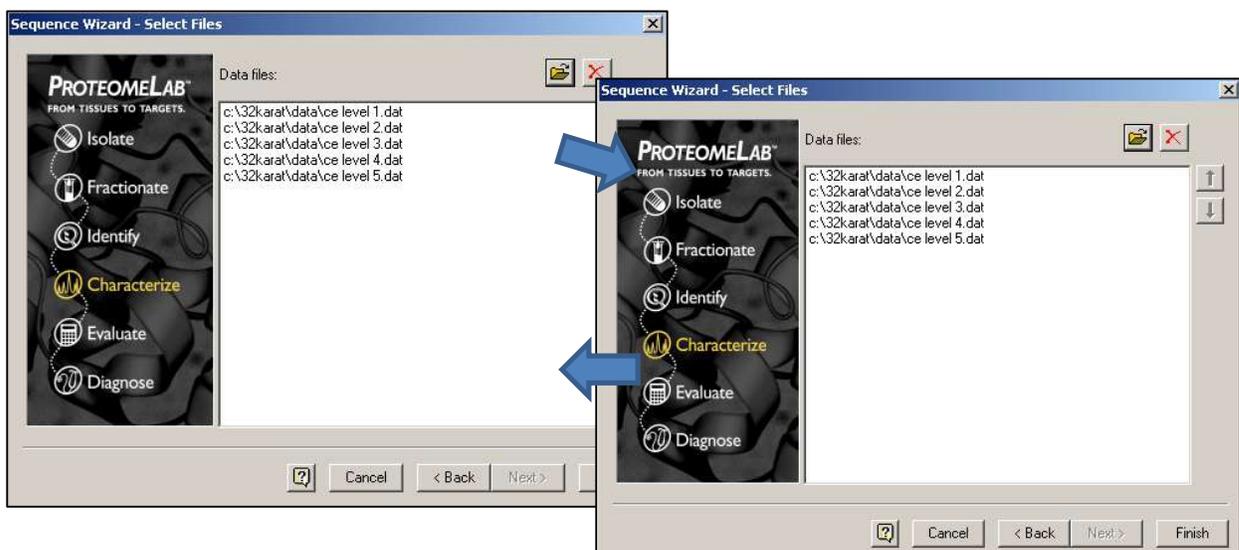
- ① プルダウンメニューの[File]より[Sequence]→[Sequence Wizard]と選択します。



- ② Sequence Wizardが表示されたら[From existing data files]を選択して[Next]をクリックします。



- ③  を選択して標準品のデータを選択して[Finish]をクリックします。



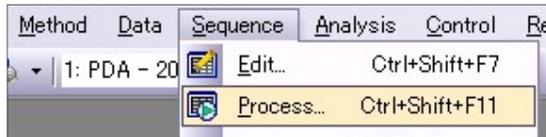
データを選択して[Add]をクリックし
最後に[Open]をクリックします。

- ④ Sequence テーブルよりサンプルの各濃度に対応した Level を入力して Sequence テーブルを保存します。

Run #	tatu	Run Type	Level	Conc	Custom	Reps	amg	i:ampl	amc	Sample ID	Method	Filename	Sample Amt.
1		Calibration	1		Unconfigured	1				CALIBRATEr2	alysis.met	level 1.dat	1
2		Calibration	2		Unconfigured	1				CALIBRATEr1	analysis.met	ce level 2.dat	1
3		Calibration	3		Unconfigured	1				CALIBRATEr3	analysis.met	ce level 3.dat	1
4													

Level にサンプル濃度に対応した Level を入力します。
ここに数値を入力することで、Run Type が Calibration に変更され色が青色に変更されます

- ⑤ プルダウンメニューの [File] より [Sequence] → [Save As] で名前を付けて保存します。
- ⑥ 続いてプルダウンメニューの [Sequence] から [Process] を選択します。



(注意) Sequence Run ボタンではありませんのでご注意ください。

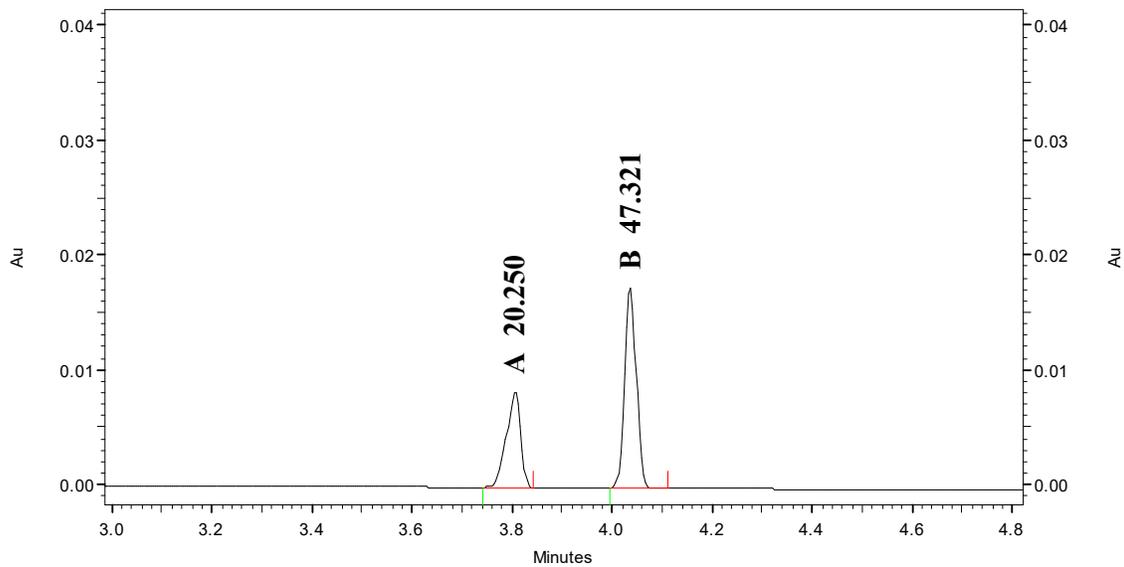
- ⑦ 順次データを開いて解析を行っていきますので、終了したら検量線を確認します。
プルダウンメニューの [Method] から [Qualitative Analysis] を選択します。

Level	Amount	Area	RF	Last Area	Res
1	10	8328	00120076849183477		
2	20	16769	00119267696344445		
3	30	24675	00121580547112462		

External Standard Curve
Average RF: 0.00120308
RF Std Ev: 1.17368e-005
RF %RSD: 0.975558
Scaling: None
LSQ Weighting: None
Force Through Zero: Off
Replicate Mode: Replace
Linear Fit $ax + b$
 $a = 0.00122303$
 $b = -0.290873$
Goodness of fit (r^2): 0.999643

(未知試料の定量)

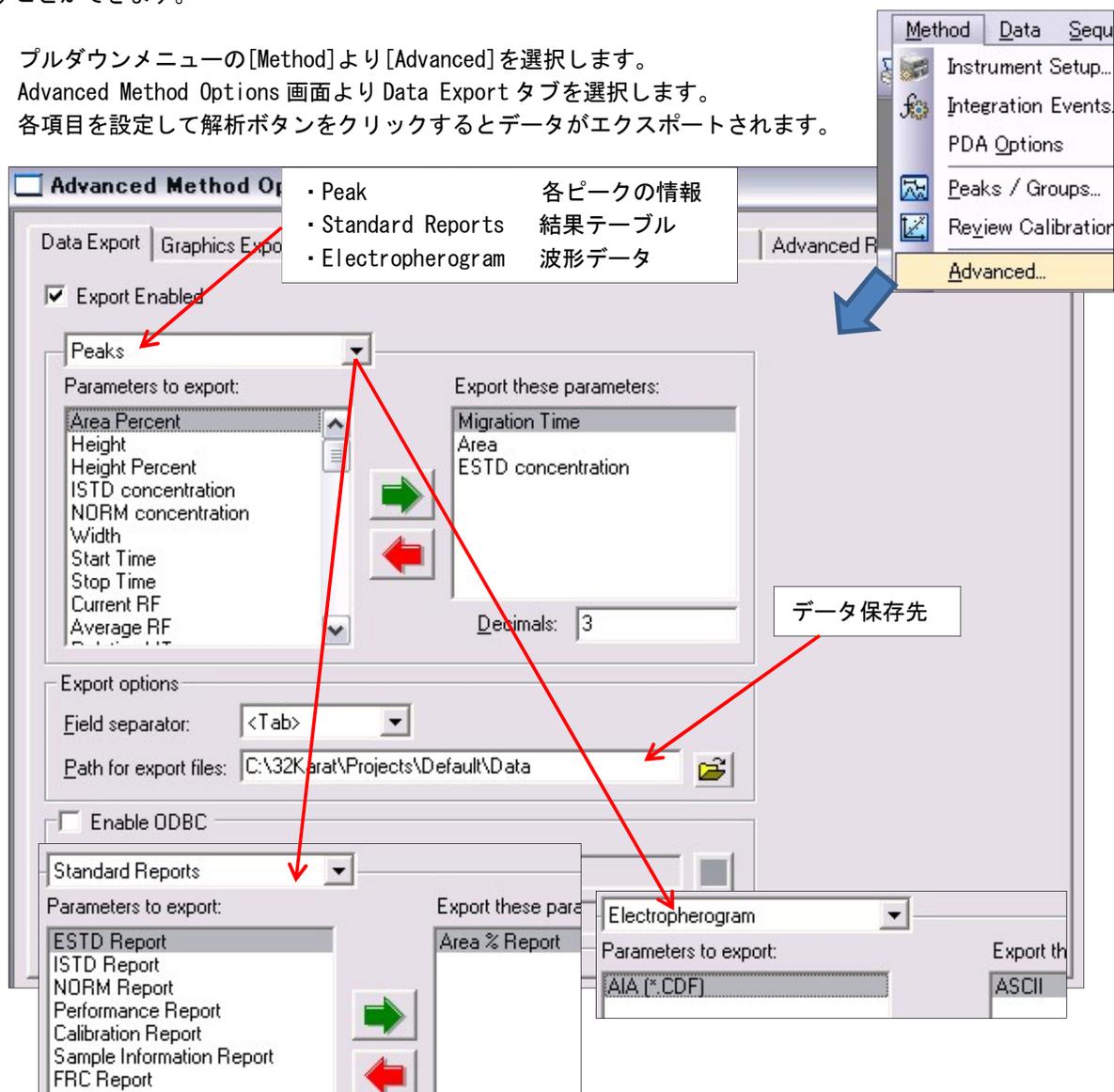
- ① 前述の作業でメソッドにピークテーブルと検量線が保存されました。今後、このメソッドを使用することで未知試料の定量が可能となります。
- ② アノテーションの項目は ESTD concentration を選んでください。



9 データのエクスポート

解析された情報（検出時間、面積、エレクトロフェログラムなど）はCSVファイルやASCIIファイルとして取り出すことができます。

- ① プルダウンメニューの[Method]より[Advanced]を選択します。
- ② Advanced Method Options 画面より Data Export タブを選択します。
- ③ 各項目を設定して解析ボタンをクリックするとデータがエクスポートされます。



	A	B	C	D	E	F	G
1	Report	Channel	# Peaks	Date	Time	Sample Id	File Na
2	Area%	Channel A	4	2012/4/5	11:28:52	Untitled	C:\32K
3	Pkno	Mig. Time	Area	Area %	Height	Height %	Flags
4	1	1.917	489678	23.438	119306	26.571	BB
5	2	2.283	506385	24.238	107888	24.028	BB
6	3	2.575	606621	29.036	138348	30.812	BB
7	4	2.967	486528	23.288	83462	18.588	BB
8							
9	Totals		2089212	100	449004	100	

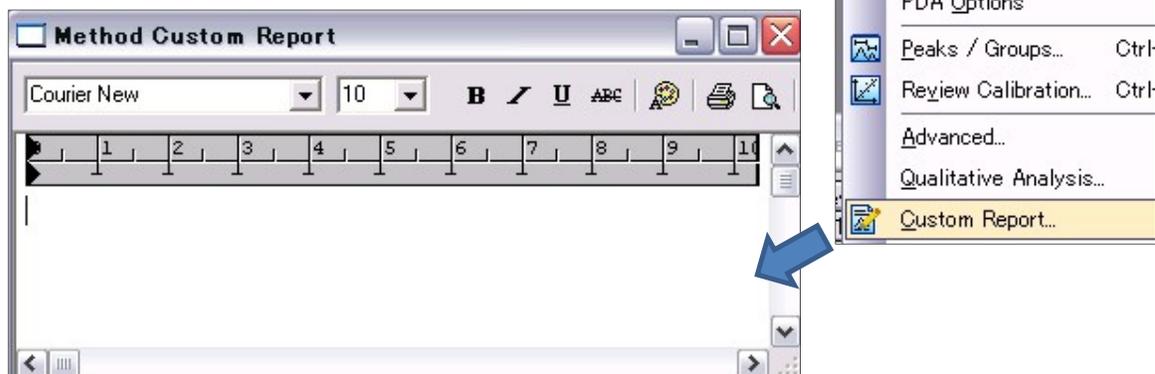
Standard Report による Area% Report の一例

10 データのプリントアウト

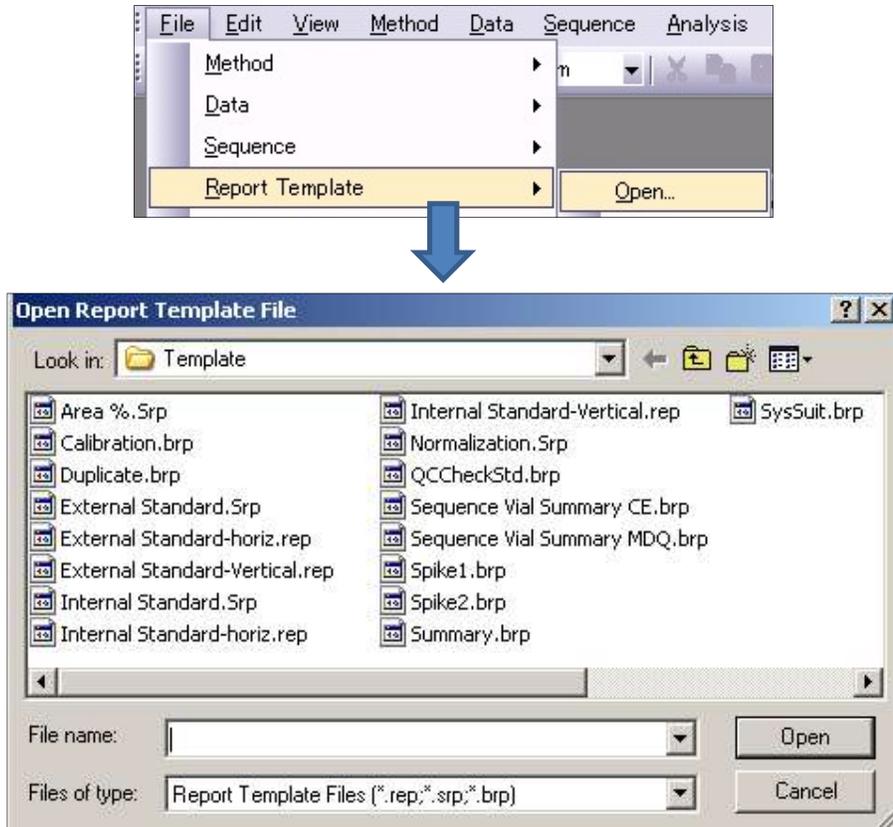
32Karat ソフトウェアではユーザー側で自由にプリントアウトのフォーマットを設定することができます。

① プリントアウトしたいデータおよび解析に使用したメソッドを開きます。

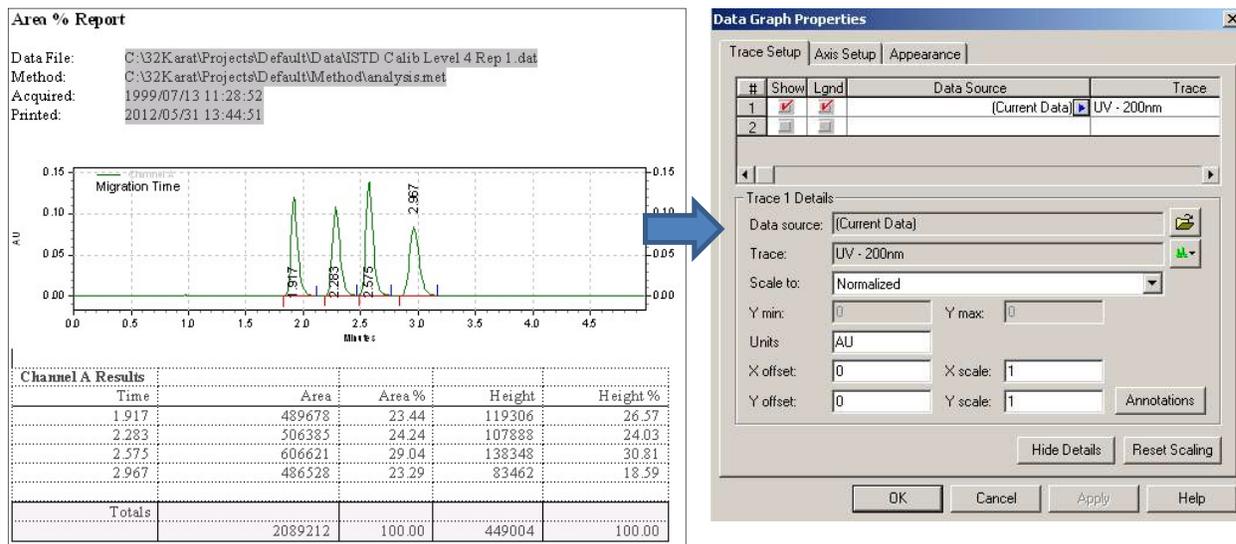
② プルダウンメニューの[Method]より[Custom Report]を選択します。プリントアウトのフォーマットを設定していない場合は下図のように白紙のフォーマットが表示されます。



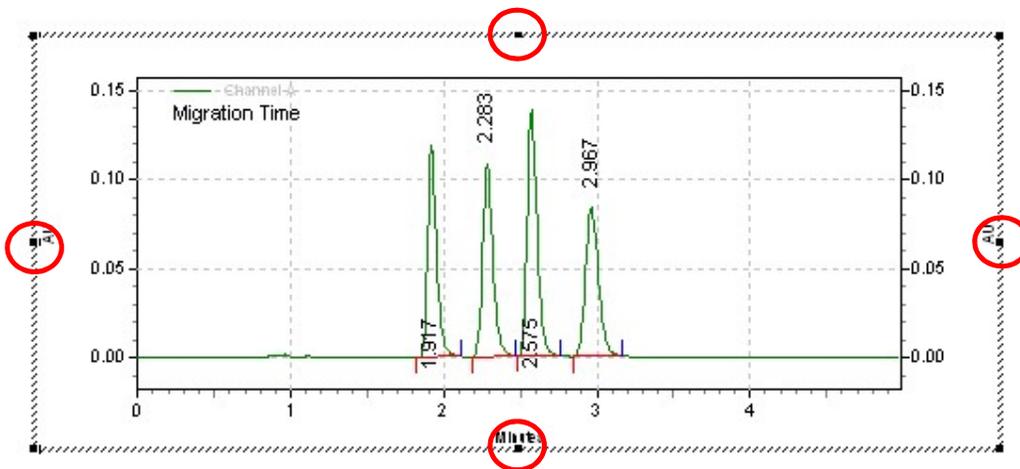
③ 白紙の状態からフォーマットを設定することもできますが、テンプレートがいくつかあるのでそれを利用すると良いでしょう。プルダウンメニューの[File]から[Report Template]→[Open]を選択します。テンプレートは C:\¥32Karat¥Projects¥Default¥Template に保存されています。Area %が編集も簡単で便利です。



- ④ 下図は Area % Report のテンプレートです。
- ⑤ グラフの部分をダブルクリックする事で横軸（時間）縦軸（吸光強度）の設定や（Axis Setup）グラフの色、文字の大きさ、フォント等の設定が可能です。
- ⑥ Data Graph プロパティを閉じて再度グラフ部分を右クリックすることで、アノテーション項目の設定が可能となります。このような作業は通常の解析画面での作業と同じです。

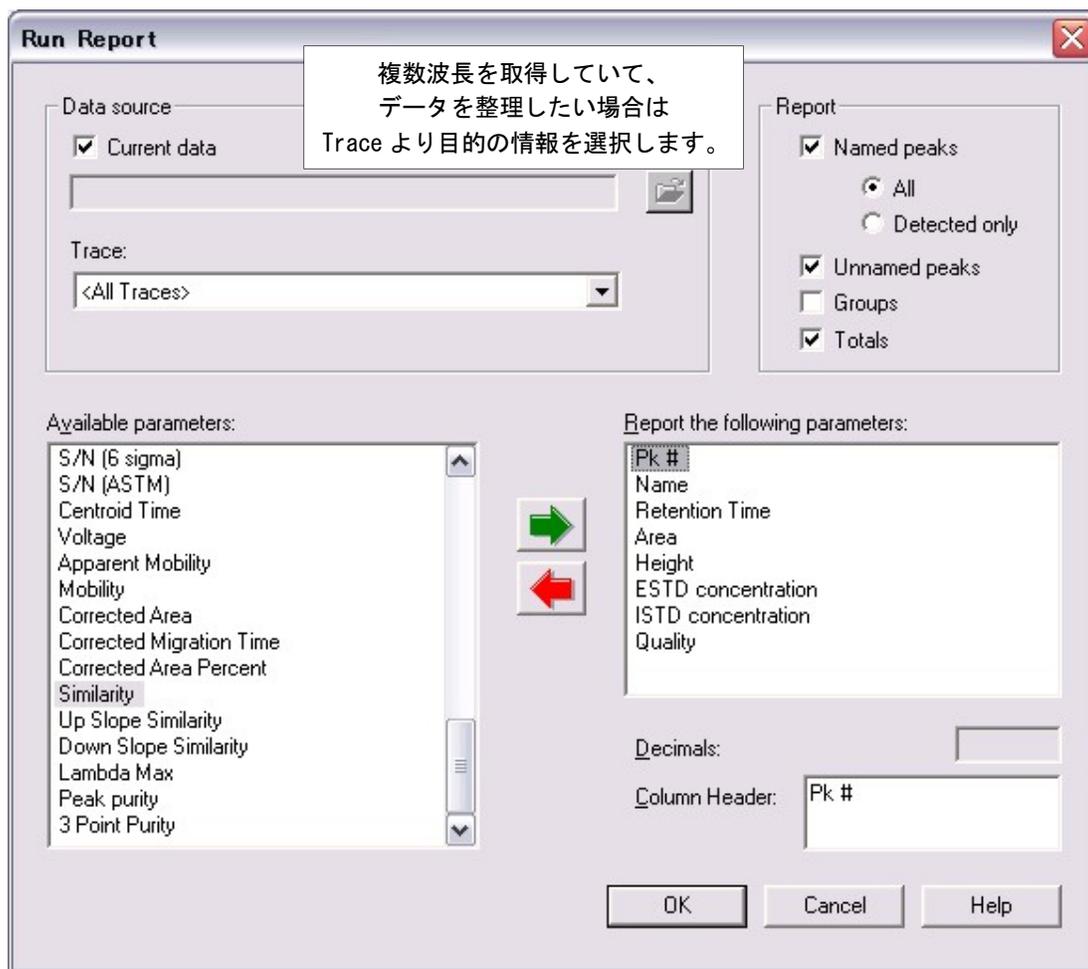


- ⑦ エレクトロフェログラムの大きさを変更する場合はデータエリアをクリックして、周囲の黒い四角をドラッグして大きさを変更します。



- ⑧ データの重ね書きなどの作業は通常の解析画面での作業と同じです。

- ⑨ 結果テーブルの変更には表の部分を右クリックして、[Report Properties]を選択すると Run Report 画面が表示されます。ここから結果テーブルに表示させたい情報の変更が可能です。



項目	内容
Pk #	ピークの番号
Name	ピークの名前
Retention Time	検出時間
Area	面積
Area Percent	面積%
Height	高さ
ESTD concentration	定量値 (絶対検量線法)
ISTD concentration	定量値 (修正内部標準法)
Relative MT	相対検出時間

項目	内容
Theoretical plates (USP)	理論段数 (USP)
Theoretical plates (JP)	理論段数 (JP)
Resolution (USP)	分解能 (USP)
Resolution (JP)	分解能 (JP)
Apparent Mobility	見かけの移動度
Mobility	移動度
Corrected Area	補正面積
Corrected Area Percent	補正面積%
Quality	分子量や pI などの計算値

Appendix A-1 補正面積 (Corrected Area) の算出

キャピラリー電気泳動の検出部は分離系内に設置されており、検出部通過速度がサンプルごとに異なります。すなわち早く検出される成分ほど速く通過します。従って HPLC と同様の面積値算出では、遅く検出されるピークほど時間軸方向に広く、大きな面積値となります。

この現象を補正するために、面積値に各成分の移動速度を掛けた補正面積が用いられます。32 カラットソフトウェアでは、以下の式で算出されます。

$$A_{corr} = v A = Ld A/t$$

A_{corr} : (速度) 補正面積値、 v : 移動速度、 A : ピーク面積値 (未補正)
 t : 移動/検出時間 (秒)、 Ld : 検出器までのキャピラリーの長さ (有効長、cm)

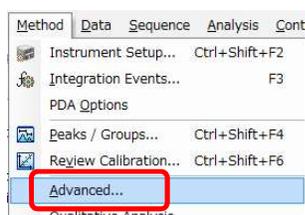
(Ld は各成分に共通なため、時間で割算したのと同じバランスになります。)

(移動時間は本ソフトウェア上では通常「分」表示ですが、この算出では「秒」を用いています。)

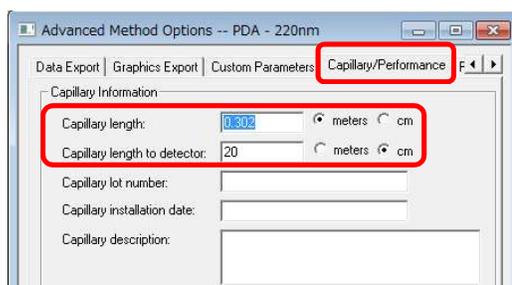
キャピラリー有効長 (Ld) の Method への登録

キャピラリー有効長が未入力または 0 の場合は、 $Ld = 0$ で、 A_{corr} はすべて 0 になります。

- ① プルダウンメニューの [Method] から [Advanced] を選び、現れた画面で [Capillary/Performance] タブを選択します。



- ② 現れた画面で [Capillary/Performance] タブを選択します。表示された画面で、Capillary length 及び Capillary length to detector を設定し OK します。



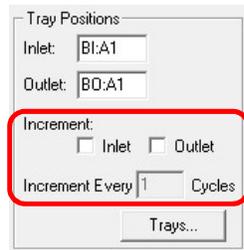
- ③ メソッドを保存し、再解析します。
- ④ エレクトロフェログラム画面の Annotation 機能、またはレポート書式にて、結果を確認してください。

Appendix A-2 バイアル自動交換 (Vial Increment) 機能

泳動の安定性を保つために、一定回数の泳動ごとに自動的に泳動液・洗浄液バイアルを交換する、便利な機能です。

同一シーケンスの中で、同一メソッドを設定回数以上ランさせた場合にバイアルを交換します。途中で他のメソッドが組み込まれてランされる場合は、積算回数で交換します。

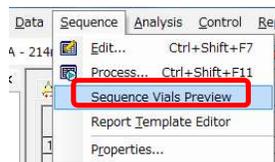
- ① メソッドの Time Program で、各行ごとに設定します。Event を選び、各 Event の詳細設定画面の Tray Position で、Increment させるバイアル (Inlet/Outlet/Inlet, Outlet の双方) と、変更のサイクルを設定します。



バイアルの交換順序について

トレー上のひとつ後側へ交換されます。一番奥のポジションの次は右隣の一番手前になります。たとえば、A1→A2→A3→・・・→A6→B1→B2・・・と交換されます。

- ② メソッドを保存し、これを組み込んだ Sequence を作成・保存します。
- ③ シーケンス内のバイアルの交換状況は、プルダウンメニュー [Sequence] の [Sequence Vials Preview] で確認できます。問題なければシーケンスをランさせてください。



Cycle #	Method	Filename	Rep #	Inject In	Inject Out	Inject Time	Other Inject In	Other Inject Out	Rinse Vials In	Rinse Vials Out	Separate Vials In	Separate Vials Out
1	dEF Conditioning - PA 800 plus.met		1 of 1						BI:F1, BI:B1, BI:E1	BO:B1, BO:B1, BO:B1		
1	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A1	BO:B1	99.9			BI:D1, BI:B1, BI:B1	BO:B1, BO:B1, BO:B1	BI:C1, BI:C1	BO:C1, BO:D1
2	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A2	BO:B1	99.9			BI:D1, BI:B1, BI:B1	BO:B1, BO:B1, BO:B1	BI:C1, BI:C1	BO:C1, BO:D1
3	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A3	BO:B1	99.9			BI:D1, BI:B1, BI:B1	BO:B1, BO:B1, BO:B1	BI:C1, BI:C1	BO:C1, BO:D1
4	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A4	BO:B1	99.9			BI:D1, BI:B1, BI:B1	BO:B1, BO:B1, BO:B1	BI:C1, BI:C1	BO:C1, BO:D1
5	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A5	BO:B1	99.9			BI:D1, BI:B1, BI:B1	BO:B1, BO:B1, BO:B1	BI:C1, BI:C1	BO:C1, BO:D1
6	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A6	BO:B1	99.9			BI:D1, BI:B1, BI:B1	BO:B1, BO:B1, BO:B1	BI:C1, BI:C1	BO:C1, BO:D1
7	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A7	BO:B1	99.9			BI:D2, BI:B2, BI:B2	BO:B2, BO:B2, BO:B2	BI:C2, BI:C2	BO:C2, BO:D2
8	dEF Separation 6inc- PA 800 plus.met		1 of 1	SI:A8	BO:B1	99.9			BI:D2, BI:B2, BI:B2	BO:B2, BO:B2, BO:B2	BI:C2, BI:C2	BO:C2, BO:D2

Appendix A-3 シークエンス エラー時の対応 (Action 機能)

エラー発生時に、再度その泳動を行う、または以下の泳動を中断してシーケンスを終了させるには、Action 機能を設定してください。

- ① シークエンステーブル右端部分の Action を設定します。設定する行の Action 部分をクリックしてください。

Dilutor 2	Dilutor 3	Action	Description
1	1	HW	
1	1	HW	
1	1	HW	
1	1		

- ② **エラーが発生した行を再度ランさせる場合は**、現れた画面で、Test、Result、Action を右側の▼より以下のように選択してください。これで OK すると当該行の Action に HW と表示されます。
Parameter には、Reinject (試料再注入) を試みる回数を入力します。

#	Test	Result	Action	Parameter
1	Hardware Status	Recoverable	Reinject	1
2				

- ③ 同じ Action 設定を他の行へ反映させるには、Copy Paste してください。
④ シークエンスを保存、ランさせてください。設定されている行の分析でエラーが発生すると、その行を Parameter に指定した回数だけ再度スタートさせ泳動を試みます。

- ⑤ **以下の泳動を中断してシーケンスを終了させる場合は**、②で現れた画面で、Test、Result、Action を右側の▼より以下のように選択してください。これで OK すると当該行の Action に HW と表示されます。

#	Test	Result	Action	Parameter
1	Hardware Status	Recoverable	Abort	
2				

- ⑥ 同じ Action 設定を他の行へ反映させるには、Copy Paste してください。
⑦ シークエンスを保存、ランさせてください。設定されている行の分析でエラーが発生すると、その時点でシーケンスを止めます。

- ⑧ シークエンスの最後に洗浄用のメソッドを設定している場合は、その行の Run Type を右図の様に Shutdown に設定してください。

Run #	Status	Run Type	Level	Conc. Override	Cus
1	Failed	Unknown	0	n/a	Unc
2	Stopped	Unknown	0	n/a	Unc
3		Unknown	0	n/a	Unc
4		Shutdown	0	n/a	Unc
5					

Sample Run Type(s)

- Clear All Calibration
- Clear Calibration at Level
- Print Calibration Report
- Average Replicates
- Clear Replicates
- Begin Loop
- End Loop
- Shutdown
- Print Additional Reports
- Begin System Suitability
- System Suitability Standard
- End System Suitability
- Begin Summary

Run Type Pe
No paramete

- ⑨ Action を以下のように Run Shutdown を選択すると、エラー発生時には以下の行をスキップして最後の Shutdown に設定された行のみランさせます。

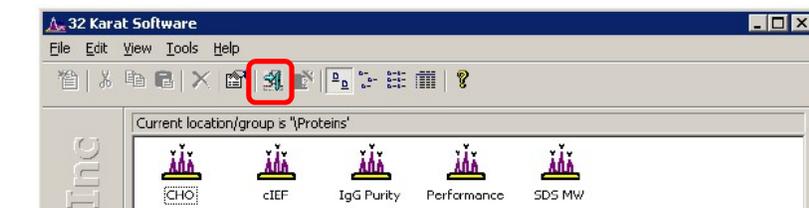
#	Test	Result	Action	Parameter
1	Hardware Status	Recoverable	Run Shutdown	
2				

Appendix A-4 システムの構成（ディテクタ/サンプルトレイ）設定 Configuration

32 カラットソフトウェアでは、Instrument アイコンごとに使用するディテクタ、サンプルトレイ（温度制御される後方のトレイ）のレイアウトを設定し、名前を付けて使用できます。

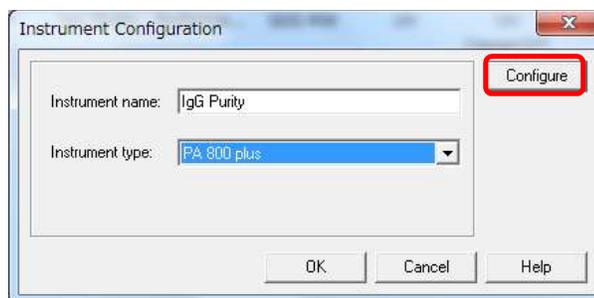
- ① PA800/PA800 Plus の場合は Administration モードで設定/変更します。

Enterprise Login から Administrator 権限を有する User name、Password でモードに入ってください。



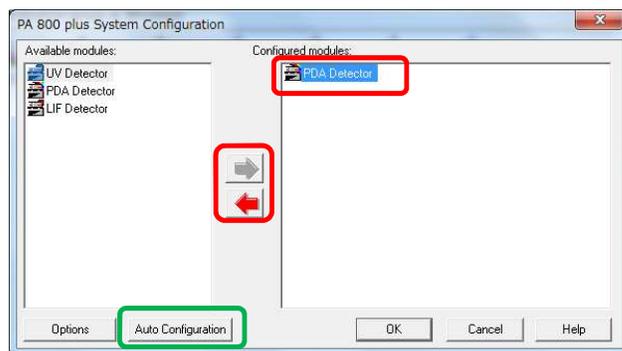
（初期設定では、User name **proteomelab**、Password **pa800** です。）

- ② 変更したいシステムアイコンを右クリックし、[Configure] → [Instrument] を選んでください。現れる画面で Configure をクリックしてください。

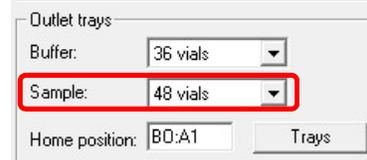
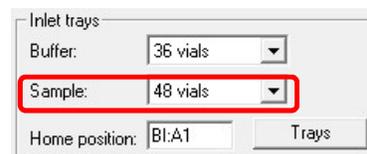


- ③ 下の画面が現れます。

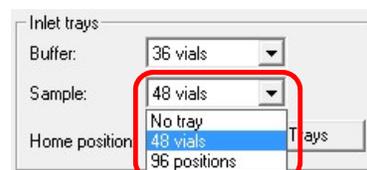
ディテクタの変更 現在選択されているディテクタが右側に表示されるので、これを選択し → で右に移し、変更したいディテクタアイコンを選択して ← （操作時は緑色になります）で左に移してください。



- ④ **サンプルトレイの変更** 右側のディテクタアイコンをクリックし、現れる画面（右図）の右中央部分の Inlet / Outlet trays 部分の Sample の設定を変更してください。右隅の ▾ より選択メニューで選んでください。



- ⑤ 変更が完了したら、OK を数回クリックして、①の画面まで戻ってください。システムのディテクタ及びサンプルトレイ設定を改めた上で、再度立ち上げて泳動してください。



- ⑥ 装置本体に予め使用するディテクタ／サンプルトレイをセットし、これを立ち上げた後に **Auto Configuration** をクリックして自動的に認識・設定させることもできます。
- 認識が完了したら、**OK** を数回クリックして、①の画面まで戻ってください。

新しい Instrument アイコンの作成と設定

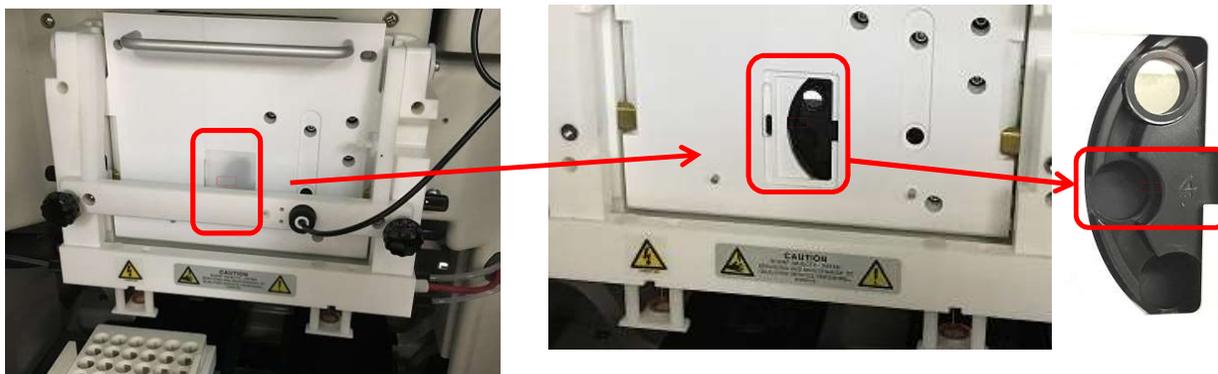
- ⑦ プルダウンメニューの [File] から [New] → [Instrument] を選択してください。右側のアイコンが現れます。



- ⑧ 同時に②の画面が現れます。Instrument Type を PA 800 plus または MDQ Plus に設定してください。③～⑤に従って、ディテクタ、サンプルトレイレイアウトを設定してください。①の画面に戻ったら、アイコンの名称を付けてください。

Appendix A-4a UV ディテクタ用波長選択フィルタの追加／変更 (Configuration)

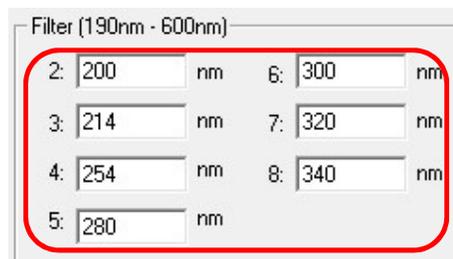
- ⑨ UV ディテクタ用波長選択フィルタは、キャピラリーカートリッジ装着部後方のランプボックスのなかにセットします。下図のようにフィルタホルダを開けて、追加するフィルタをセットし、そのポジション番号を控えてください。(右図では4番のポジションがまだ空いている状態で、その上(3番)のようにセットします)



- ⑩ このフィルタを使用する UV ディテクタが設定された Instrument アイコンを選んで①→③まで進み、右側の UV ディテクタアイコンをクリックしてください。

- ⑪ 現れる画面の左中央部、Filter 部分で、⑧で装着したポジション番号の波長を設定／変更してください。

- ⑫ **OK** を数回クリックして、①の画面まで戻ってください。



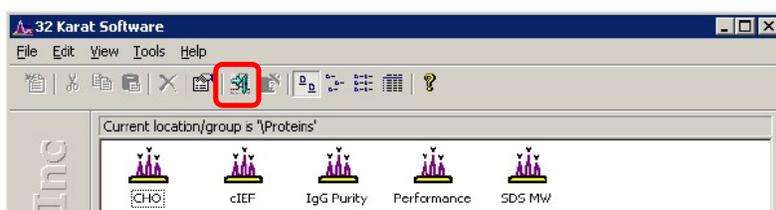
Appendix A-5 ピーク解析アルゴリズム (Caesar Integration)

32 カラットソフトウェアは、2通りのピーク解析アルゴリズムが使えます。この2つは、CE データ向（ピーク形状が正規分布に基づかない場合がある、下向きピークを上向きと同時に解析する機会が多い、という背景に基づく設定）の Caesar Integration と、通常の HPLC データ向です。この選択は、32 Karat Software 画面の Instrument アイコンごとに Caesar Integration On/Off の形で設定できます。**初期設定は On** です。

***注意** : Caesar Integration **Off** の状態で解析されたデータは、**On** の状態で解析できなくなる場合があります。再度 On で解析する可能性がある場合は、Data ファイルをコピーして、元の状態のものを別に保存してください。

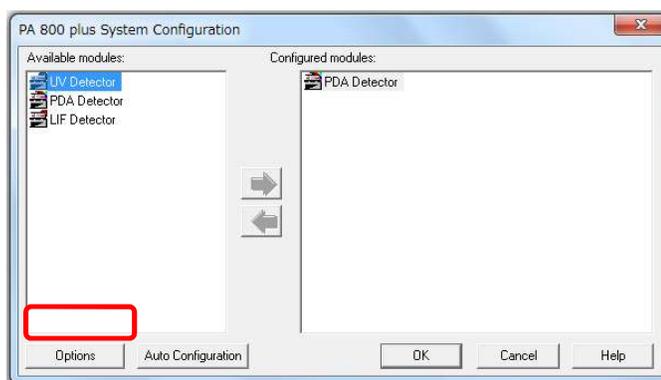
***注意** : Caesar Integration の設定を変更すると、Integration Events table 及び Manual Integration Fixes table において**同じ解析パラメータが設定されていても、解析結果（ピーク認識及びピーク面積）が変わります。**

- ① PA800/PA800 Plus の場合は Administration モードで設定します。Enterprise Login から Administrator 権限を有する User name、Password でモードに入ってください。

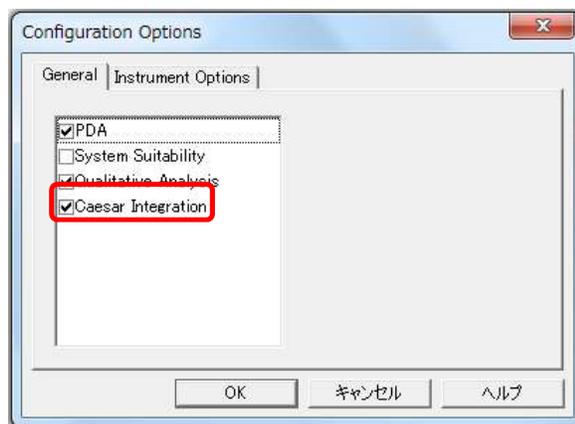


(初期設定では、User name **proteomelab**、 Password **pa800** です。)

- ② 設定する Instrument アイコンを右クリック → [Configure] → [Instrument] を選び、現れる小画面で右上の **Configure** をクリックします。さらに現れる画面（右図）で、左下の **Options** をクリックします。



- ③ Caesar Integration のチェックマークを設定してください。
(チェックマーク付が Caesar Integration On、すなわち CE データ向解析アルゴリズムの状態です)



- ④ **OK** を数回クリックして、①の画面まで戻ってください。

Appendix A-6 一部ピークを除いての面積値／補正面積値%算出

検出されているピークのうち、一部を除いて面積値%または補正面積値%を算出する場合は、解析 Method の Advanced Method Option 機能を使います。参照ピークなどを除く場合に便利です。

ここでは、Peak Table に登録されたピークを対象にしての補正面積値%の算出について記します。

***注意** 算出対象となるピークは、Peak Table に登録されている方が便利です。

- ① 解析に使用する Method を Open し、プルダウンメニュー [Method] → [Advanced] より Advanced Method Options を選択し、Custom Parameters タブを開きます。
- ② **Source** 欄の右隣の ▶ をクリックし、現れる Parameter Source から C:\¥32Karat フォルダ中の PeakAreaPercent.dll を選択してください。
Parameter Name は適切なものを設定してください（ここでは Corrected Area % [Sciex] と設定しています。設定した名称で、データの Annotation として選択できるようになります）。**Type** と **Returns** は下図のように選択してください。
Additional Parameter 部分は **PN[N]_T1_%**（アンダーバー _ は半角スペースです。**[N]** は%算出から除くピークの Peak/Group Table 上の ID 番号です。複数のピークを指定する場合はコンマ (,) で繋いでください。）と入力します。これにより Peak Table に登録されているピークのうち指定したピーク以外の合計を 100% として、各ピークの割合を算出します。
 下図は以上の設定後の画面です（IgG アッセイで、10 kD マーカピーク、ID : 1 を算出から除く設定です）。

算出から除くピークの ID を入力

ここから PeakAreaPercent.dll を選択

#	Name	ID	Mig. Time	MT Window	Ref. ID #	ISTD. ID #
1	10kD	1	12.49	2	1	0
2	LC	2	15	2	1	0
3	NG	3	18	2	1	0
4	HC	4	19	2	1	0
5						

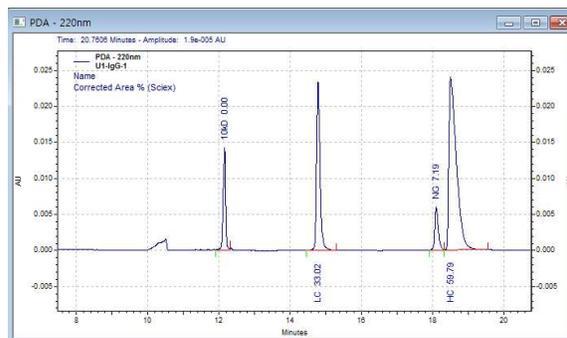
- ③ Method を Save して、データを解析してください。Annotation から Parameter Name で設定した名称を選択すると、指定ピークを除いての各ピークの補正面積値%が表示されます（下図）。同じ名称で、Method Custom Report に盛り込むこともできます。
- ④ キャピラリー等電点電気泳動などで面積値%について計算する場合は、**Additional Parameter** 部分を **PN[N]_T1_REG_%** と入力してください。（入力の詳細は②の記載をご覧ください）

Peak Table に登録されていないピークも含め全ピークを対象とする場合は、

P[N]_T1_%（補正面積%の場合）または

P[N]_T1_REG_%（面積%の場合）と入力してください。

これらの場合、**[N]** は除きたいピークが前から何番目に検出されたかを入力してください。



Appendix B-1 キャピラリーカートリッジの作成

キャピラリーの長さの調整

- ① キャピラリーの入口からキャピラリーウインドウ（検出窓）までの部分（有効長）に印をつけます。
- ② 検出窓からキャピラリーの出口まで（10cm）に印をつけます。
- ③ 検出窓の部分（2mm）に印をつけます。
- ④ キャピラリーの両端から 5cm 程度の余裕を持ってキャピラリーを切り出して下さい。



キャピラリーの検出窓の形成

（キャピラリーウインドウが形成されているキャピラリーではこの作業は必要ありません。）

- ① ライターや線香の炎で、検出窓とする部分のポリイミド被膜を赤くなるまで焼きます。（焼きすぎて窓が大きくなると破損しやすいのでご注意ください。）
- ② 蒸留水にて湿らしたキムワイブなどで拭いて、焼いた被膜を剥がし、透明にします。透明になった部分は破損しやすいので、取扱いに注意してください。

全長または有効長に応じた、クーラントチューブの選択について

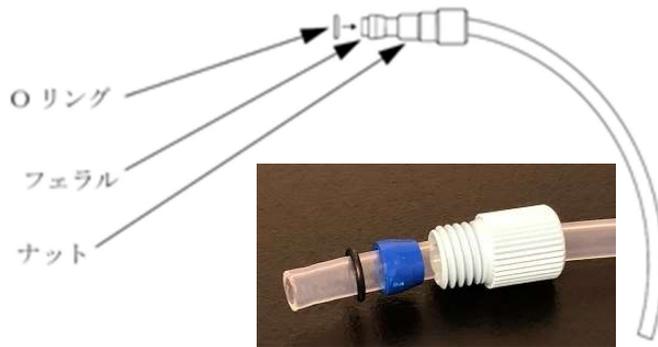
- ① キャピラリーカートリッジには標準で有効長 50cm のクーラントチューブが取り付けられています。
- ② 分析目的に応じて各種有効長に対応したクーラントチューブの取り付けが可能です。

キャピラリーの有効長	キャピラリーの全長	クーラントチューブの長さ
20cm*	30.2cm	14.0cm*
30cm*	40.2cm	22.8cm*
40cm*	50.2cm	32.8cm*
50cm*	60.2cm	42.8cm*
60cm**	70.2cm	52.8cm**
70cm**	80.2cm	62.8cm**
80cm**	90.2cm	72.8cm**
90cm**	100.2cm	82.8cm**
100cm**	110.2cm	92.8cm**

※ あらかじめ切断されたクーラントチューブはチュービングキットの中に含まれています。
 ** これらの長さのチューブはクーラントチューブ 100cm (P/N 144717) を用いて、必要な長さに切断して下さい。

クーラントチューブの交換と取り付け（キャピラリーの有効長を変更する場合）

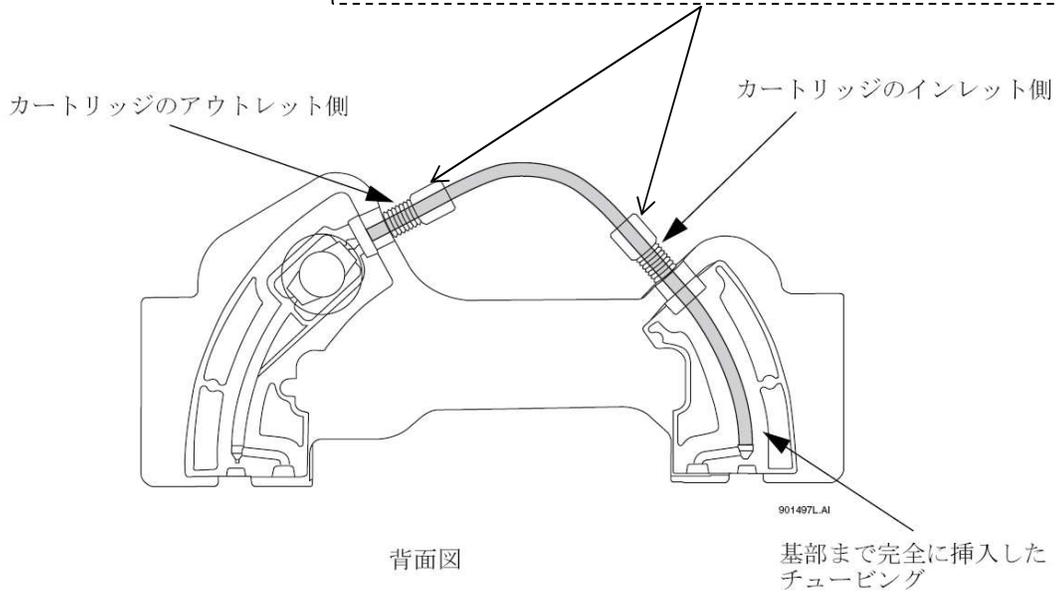
① 下図にあるようにナット、フェラル、Oリングをクーラントチューブの両端に取り付けます。



※フェラルは太い方がOリング側で細い方がナット側です。向き間違えるとカートリッジを破損し、クーラントが漏れてしまいます。

- ② チューブからフェラルを取り外した場合、同じフェラルを再使用するとクーラントがリークする恐れがあります。フェラルは必ず新しい物を使用してください。
- ③ クーラントチューブをカートリッジに挿入してカートリッジ基部にしっかりと押し込みナットを手で締め付けます。
- ④ この時にナットを締め付け過ぎるとカートリッジが破損する事があるので注意してください。磨耗したチューブやフェラルはクーラント漏れの原因となりますので交換してください。

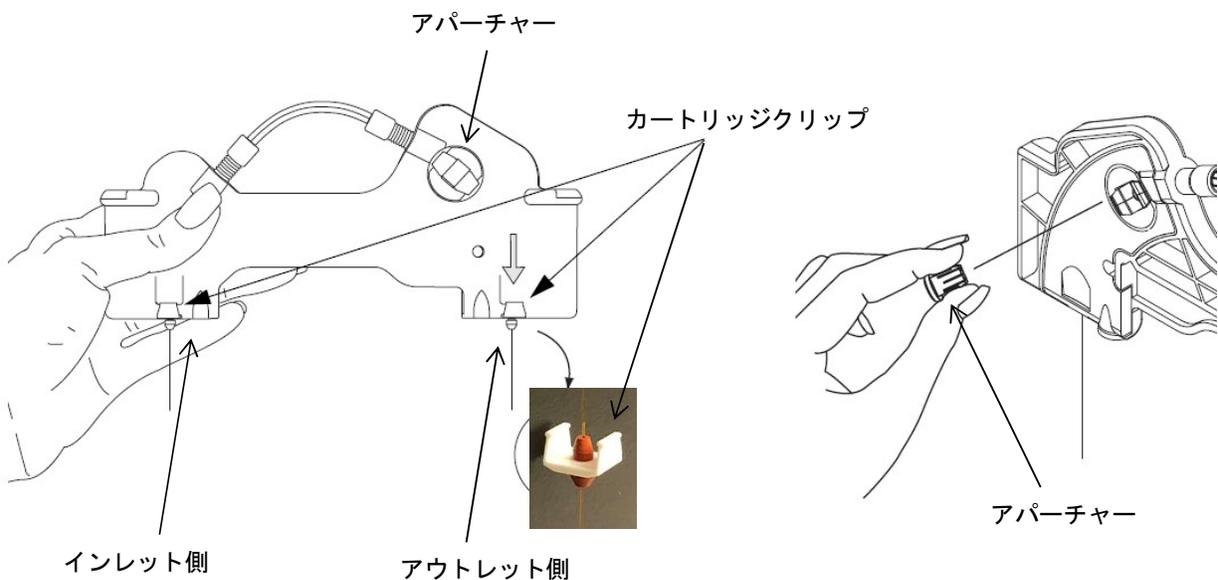
(注意) ナットを強く締めるとカートリッジが破損します。
 (注意) フェラルの向きに注意してください。
 太い方がOリング側（カートリッジ側）です。



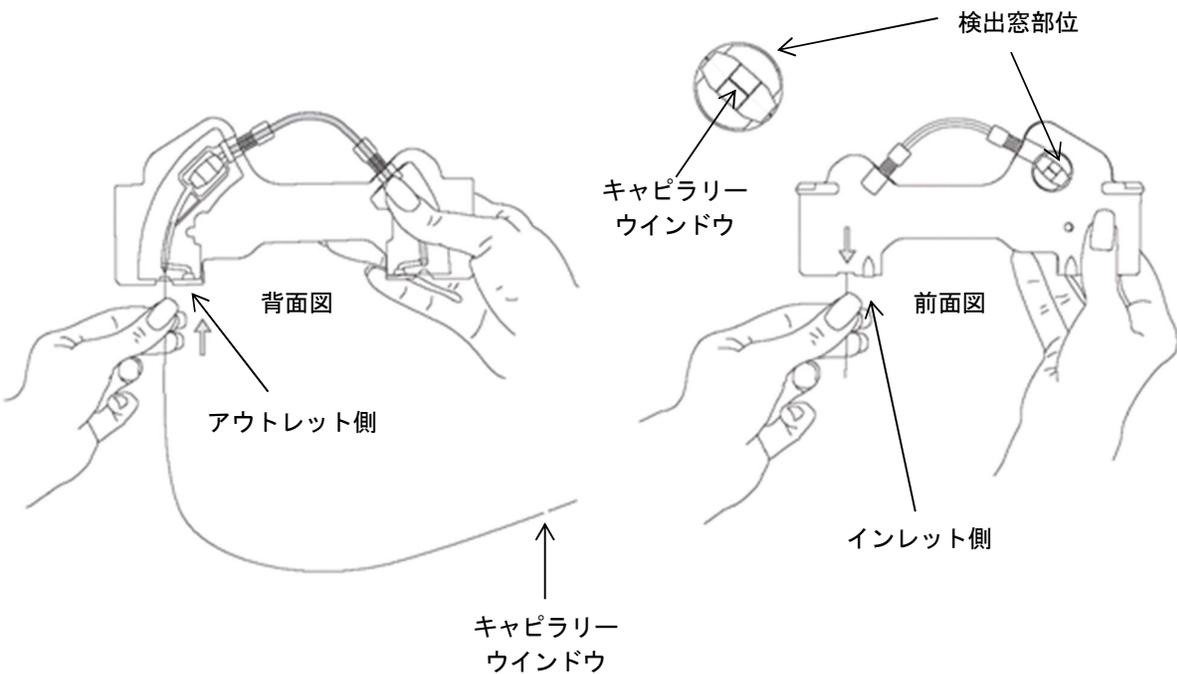
(注意) クーラントチューブの長さが40cmを超える場合は、チューブを1回ループさせてからカートリッジに挿入します。キャピラリーの全長が70cmを超える場合はチューブを2回ループさせて下さい。

キャピラリーカートリッジへのキャピラリーの取り付け方法

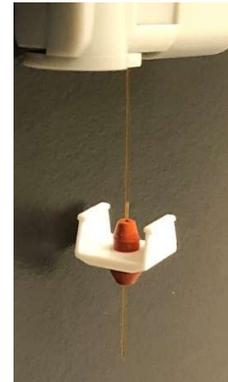
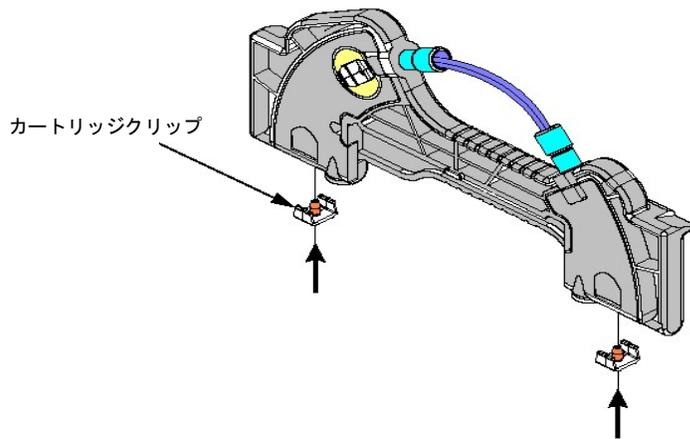
- ① カートリッジに取り付けられているカートリッジクリップ（2 個）とアパーチャーを取り除き、キャピラリーをアウトレット側から引き抜きます。



- ② 下図のようにキャピラリーカートリッジのアウトレット側からキャピラリーを挿入していきます。
- ③ インレット側からキャピラリーの先端が出てきたらキャピラリーを引っ張ってキャピラリーウインドウがカートリッジの検出窓部位の中央に来るように調整して下さい。

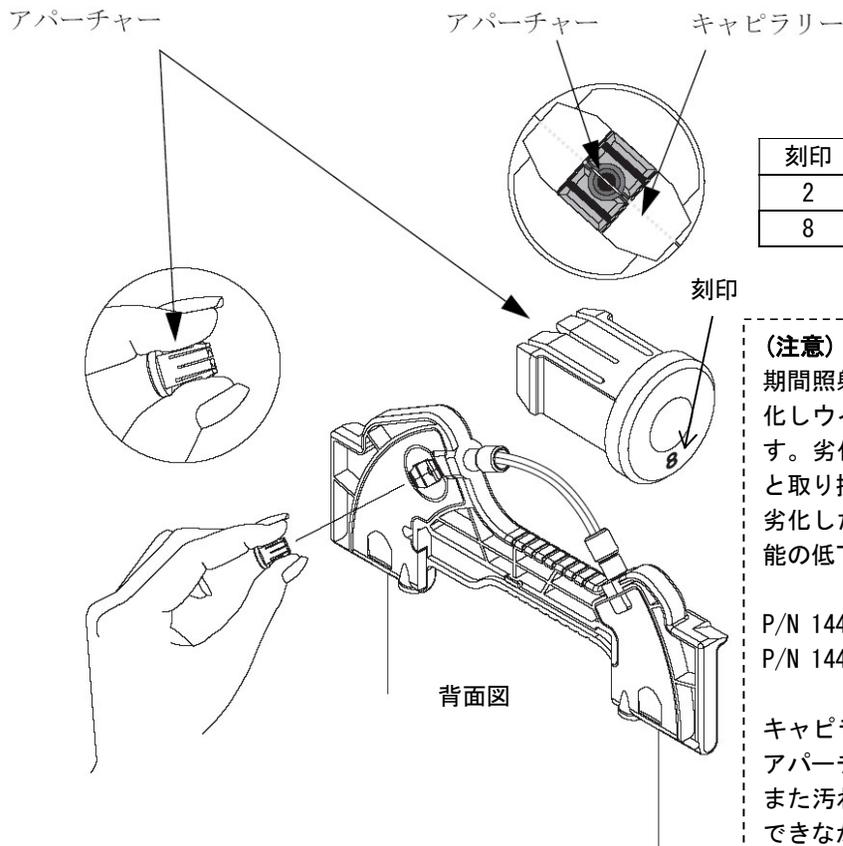


- ④ カートリッジクリップの穴にキャピラリーを通し、キャピラリーの端がカートリッジに対して真っ直ぐになるようにカートリッジに取り付けます。



カートリッジクリップ

- ⑤ 下図のように、カートリッジの背面側からアパーチャーを押し入れます。この時アパーチャーから0リングが外してある事を必ず確認してください。キャピラリーウインドウの破損につながります。



アパーチャーの種類

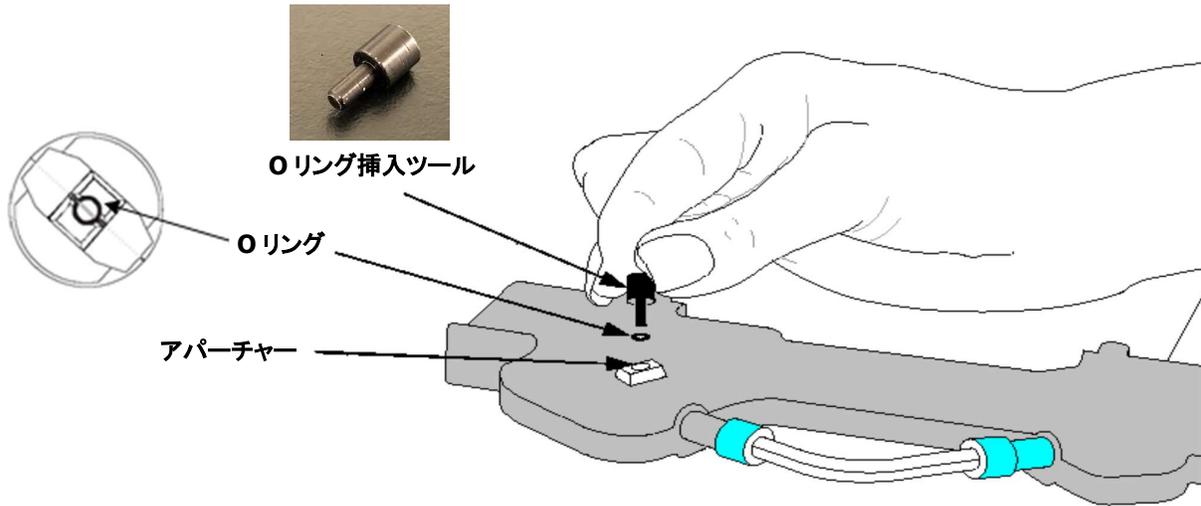
刻印	ウインドウ幅	使用目的
2	200 μm	高分解能用
8	800 μm	高感度用

(注意) アパーチャーは UV ランプを長期間照射することでウインドウ部位が劣化しウインドウ幅が初期よりも拡大します。劣化したアパーチャーは新しいものと取り換えてください。劣化したアパーチャーを使用すると分解能の低下を招きます。

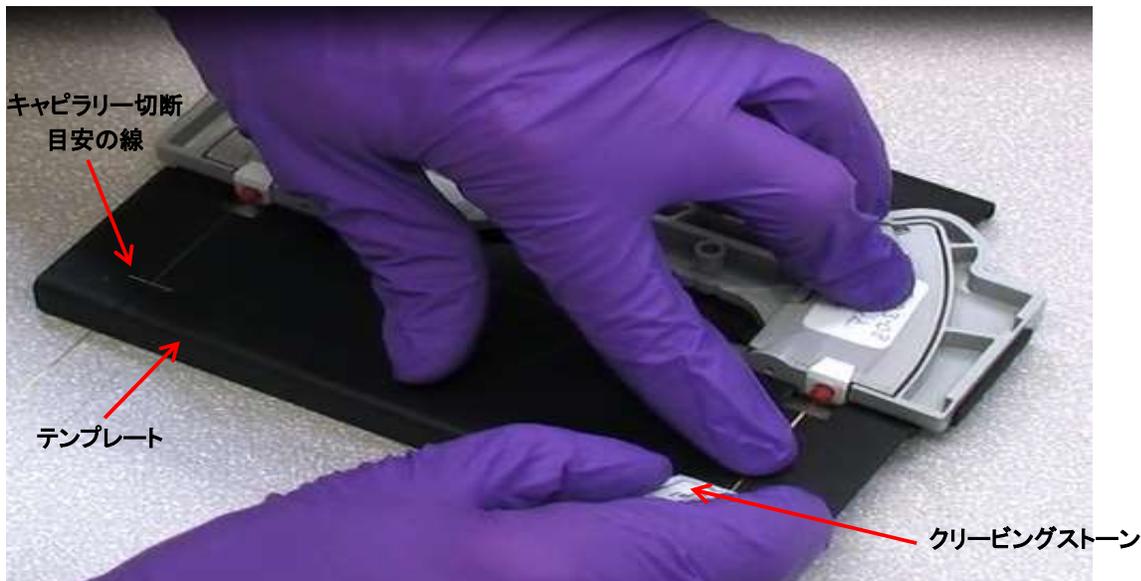
P/N 144711 アパーチャー-800 μm (3個)
P/N 144712 アパーチャー-200 μm (3個)

キャピラリーウインドウが割れたとき、アパーチャーが汚れてしまいます。また汚れたまま使用するとピークが検出できなくなったりする原因となります、また新たにキャピラリーが割れる原因となります。その場合は脱イオン水で洗浄して、しっかりと乾燥させてください。

- ⑥ カートリッジの前面からOリングをアパーチャーの穴に入れて、Oリング挿入ツールにてアパーチャーの中にOリングが入るまでツールを押し込みます。



- ⑦ 下図のようにカートリッジがテンプレートに当たるようにして下向きにカートリッジをセットします。
 ⑧ マークを付けた位置をクリーピングストーンでキズを付けます。この時のこぎりで切るように前後させたり、押し潰したりしないように注意して下さい。キズが外側になるように折曲げると切断できます。
 ⑨ キャピラリーの長さを切りそろえた後に、メタノールなどでマーカークインクの跡を拭き取って下さい。



45° の角度にスムーズなエッジを当てて、キズを付けます。

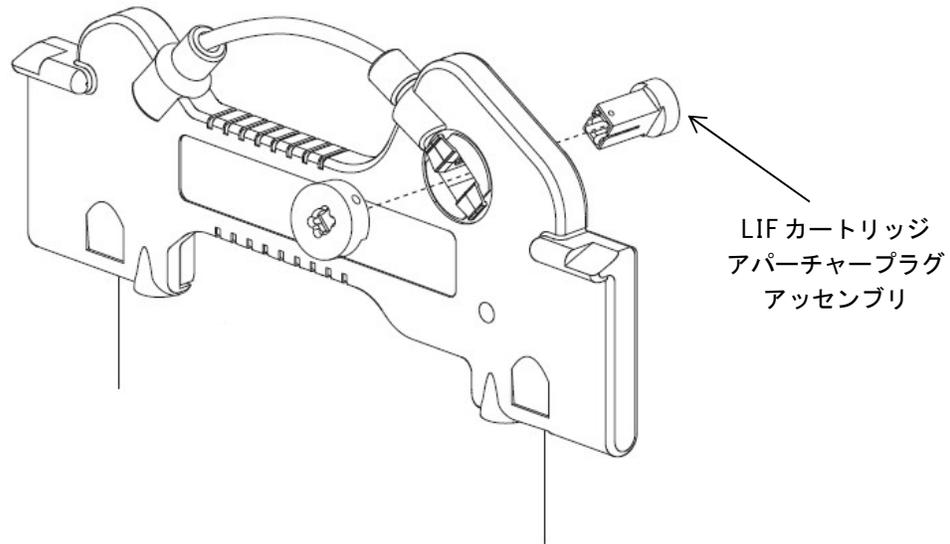


蛍光検出の場合のアパーチャーの取り付け

糖鎖解析など蛍光検出をする場合は専用のアパーチャーを取り付ける必要があります。

前述の手順（キャピラリーカートリッジへのキャピラリーの取り付け方法）の⑤～⑥は以下に従ってください。

- ① キャピラリーを取り付けたらカートリッジの背面側から LIF カートリッジ アパーチャープラグアッセンブリを取り付けます。
- ② 続いてカートリッジの前面からプローブガイドを取り付けます。この時プローブガイドにあるネジをしめる必要はありません。



(注意)

キャピラリーウィンドウが割れたときにアパーチャープラグが汚れてしまいます。汚れたまま使用するとピークが検出できなくなったりする原因となります、また新たにキャピラリーが割れる原因となります。その場合は脱イオン水で湿らした綿棒で拭いてしっかりと乾燥させてください。

このアパーチャーの中には精密なレンズが内蔵されていますので、水や洗剤に浸けたりしないでください。洗淨の為に超音波洗淨機を使用しないでください。乾燥の為に乾燥機も使用しないでください。

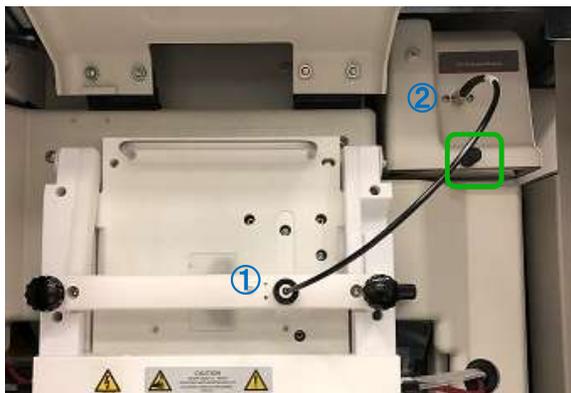
Appendix B-2 ディテクタの取付け・交換

*** 注意** :必ず装置本体の電源を OFF にしてから作業してください。

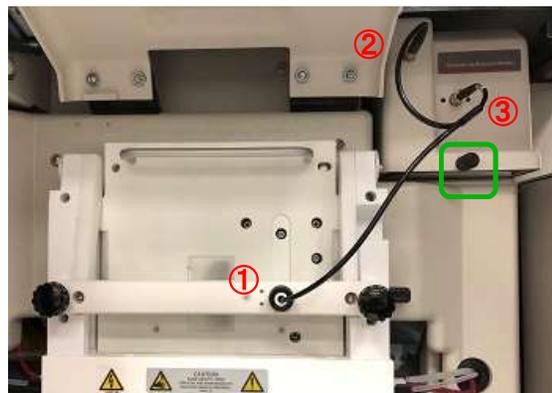
取付け・交換後は、使用するディテクタで Configure されている Instrument で接続・操作してください。必要に応じて Appendix A-4 システムの構成設定に従って Configuration を変更してください。

UV ディテクタ・PDA ディテクタの取付け／交換

それぞれのディテクタがセットされている状態をしめします。

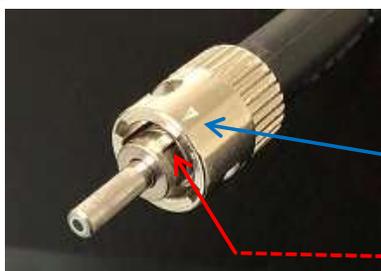


UV ディテクタ



PDA ディテクタ

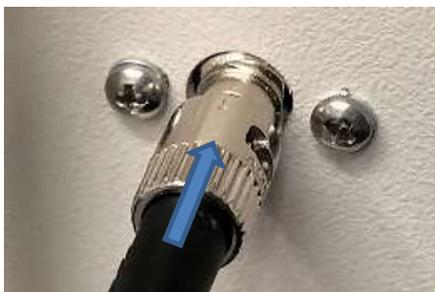
- ① 使用するディテクタを本体右上部分へ挿入し、**ネジ**で固定してください。後側に電気回路コネクタがあるので、しっかり押し込んでください。
- ② それぞれのファイバー（UV と PDA で異なります）を取り付けます。図中の番号の順に接続してください。
- ③ UV ディテクタの②、PDA ディテクタの③の接続は、以下を参照してください。



ファイバー接続部の**突起**を両側の開口部の中央へもってきます。
(以前のものはここに▼マークがあるので、突起と合わせます)



(差込む時に、この突起がディテクタ接続部のスリットに入ります。両側の開口部は接続部**左右の突起**と組み合います)



▼マークをスリットに合わせて差し込み、さらに押し込んで時計回りに 45° 程度回転させ、固定してください。

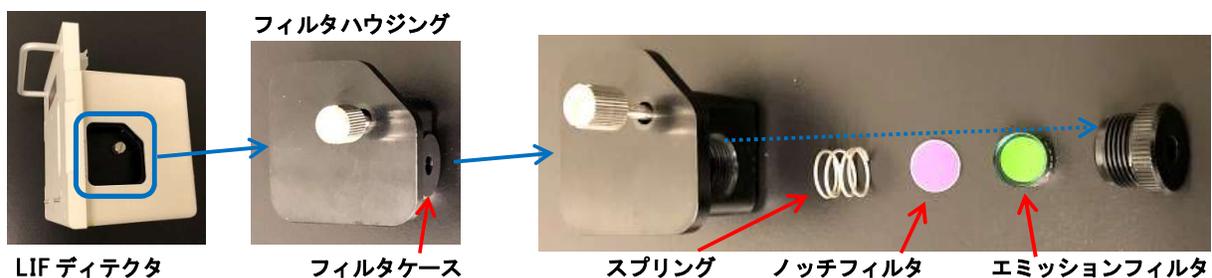
- ④ 交換する場合は、すでにセットされているディテクタを外します。その際にファイバーは ③→②→① または ②→①の順に外してください。その後①～③を行ってください。

蛍光 (LIF) 検出器のセット

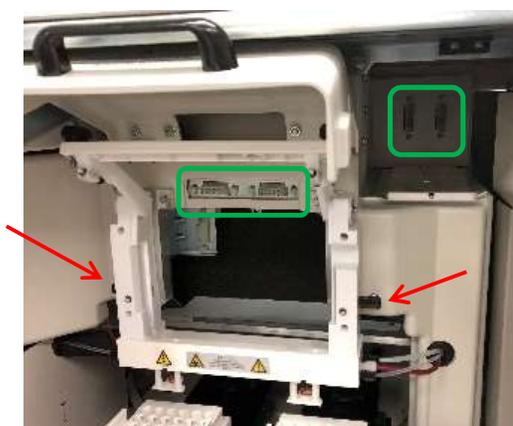
- ⑥ LIF ディテクタ内のエミッションバンドパスフィルタ（蛍光フィルタ、この波長で検出蛍光波長を決定します）を、最初に確認して下さい。

LIF ディテクタ右側面のフィルタハウジングをネジを緩めて外し、Channel 1 側 (CHN 1) のフィルタケースを緩めて外します。スプリング・ノッチフィルタ・エミッションバンドパスフィルタが出てきます。検出波長を変える場合は、エミッションバンドパスフィルタを変えてください。元通りに組み上げてください。

***注意：ノッチフィルタとエミッションバンドパスフィルタの挿入順序を間違えないでください。**（検出がうまくいきません）



- ⑦ ①～④に従って、UV または PDA ディテクタを外してください。
- ⑧ 右図の**ネジ（2か所）**を緩めて、UV ランプボックスを外してください。（図は外した後の状態です）



- ⑨ 下図のように蛍光 (LIF) ディテクタと 488nm 個体レーザーモジュールをそれぞれ所定の位置にセットしてください。LIF ディテクタは上部に、個体レーザーモジュールは後側に**電気回路コネクタ（上図）**があるので、しっかり押し込んでください。それぞれの**ネジ（下図）**を締めて、固定してください。



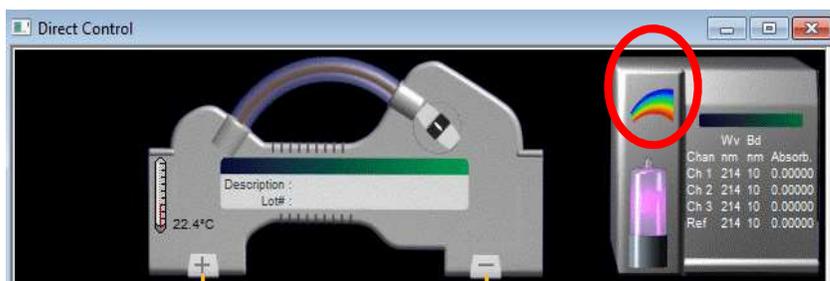
Appendix B-3 PDA ディテクタ波長校正

PDA ディテクタの波長校正は、測定波長を正確に保つために泳動日毎に行うよう推奨します。

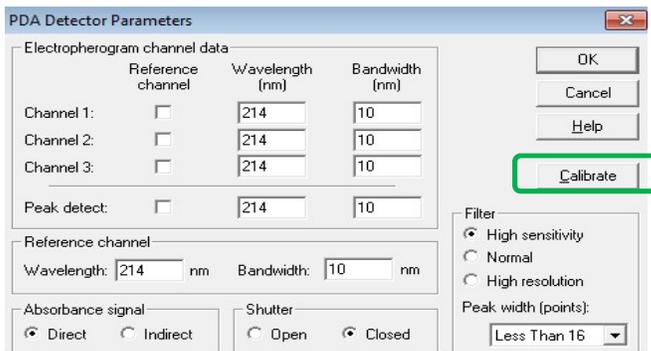
検出ユニット左上の枝分かれファイバーを通して、Hg ランプの輝線を照射し、対応するダイオード素子を基に波長校正します。

Auto Calibration をクリック時に Hg ランプが点灯します。最初はランプエネルギーが弱くて校正できない場合があります。3 回までは試してください。3 回目でもパスしない場合は、技術サービスへご連絡ください。

- ① PDA 検出器がセットされた本体と接続した状態で、Direct Control に入ります。
- ② PDA ディテクタイメージ部分の、虹マークをクリックしてください。



- ③ 現れた画面の右側の、**Calibrate** をクリックしてください。

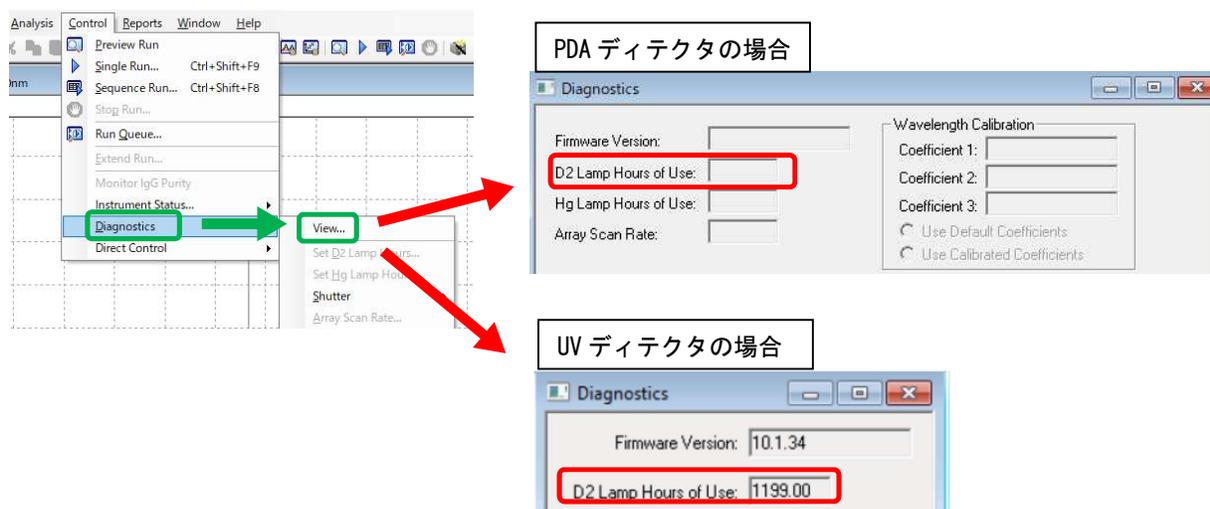


- ④ 数分間待つと結果が表示されます。

Appendix B-4 UV/PDA ディテクタ用 重水素ランプ（製品番号 144667）の管理・交換

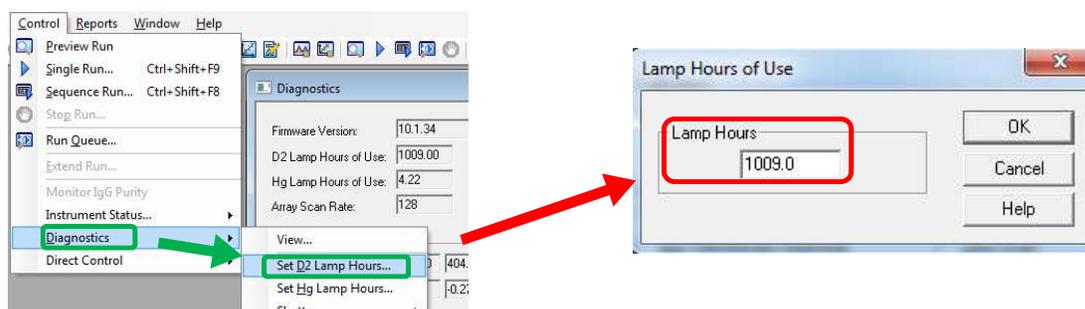
ランプ使用時間の確認

- ① UV または PDA ディテクタがセットされ電源が入った状態の本体と接続した状態で、プルダウンメニュー [Control] → [Diagnostics] → [View] を選択してください。
- ② 開いた Diagnostics 画面の **D2 Lamp Hours of Use** を確認してください。



ランプ使用時間のリセット

- ③ ②の Diagnostics 画面が開いた状態で、プルダウンメニュー [Control] → [Diagnostics] → [Set D2 Lamp Hours...] を選択してください。
- ④ 開いた Lamp Hours of Use 画面で使用時間を変更できます。新しいランプに交換した場合は、**Lamp Hours** を 0 にしてください。



ランプ交換

***注意** セットするランプの透明ガラス部分には触れないようにご注意ください。ランプの性能を損ないます。

***注意** 装置本体の電源を 0ff にしてから作業してください。

***注意** 交換後には③、④に従ってランプ点灯時間をリセットしてください。

⑤ キャピラリーカートリッジを外し、装置本体の電源を落としてください。

⑥ 右図のネジ（2か所）を緩めて、UV ランプボックスを外してください（右図は外した後の状態です）。

***注意** ランプ消灯直後でまだ熱い場合は、十分冷えるまで待ってください。

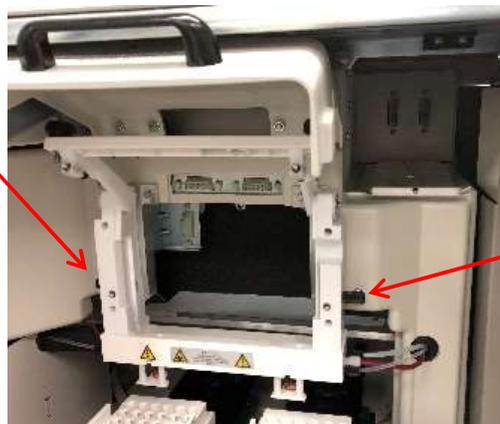
⑦ UV ランプボックスの下側の蓋を開けます（下図 1→2）。

⑧ ランプのケーブルを外してください（下図 2→3、2 A）。

⑨ 装置付属の 7/64 インチ六角レンチでランプのネジを外してください（下図 3、3 A）。

⑩ ランプをゆっくりと引出してください（下図 4→5）。

⑪ セットする重水素ランプの透明ガラス部分に触れないでください。ランプの基底部にオレンジ色のオリング（下図 5）が装着されていることを確認してください。①～⑥の逆の手順で、新しいランプをセットし（下図 6、刻みを合わせ、ネジを十分に固定してください）、UV ランプボックスを元通りにセットしてください。



下図 1



下図 2



下図 3

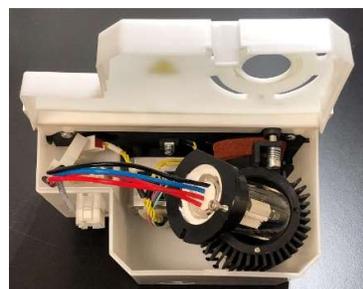
→ 部分を両側から押してケーブルを引抜いてください。



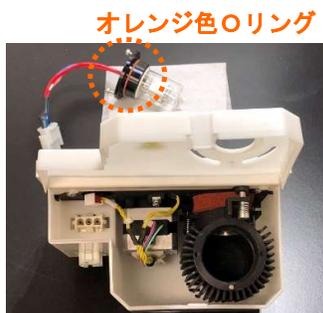
下図 2 A



下図 3 A 7/64 インチ六角レンチ

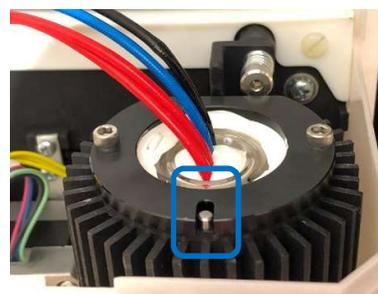


下図 4



下図 5

オレンジ色オリング



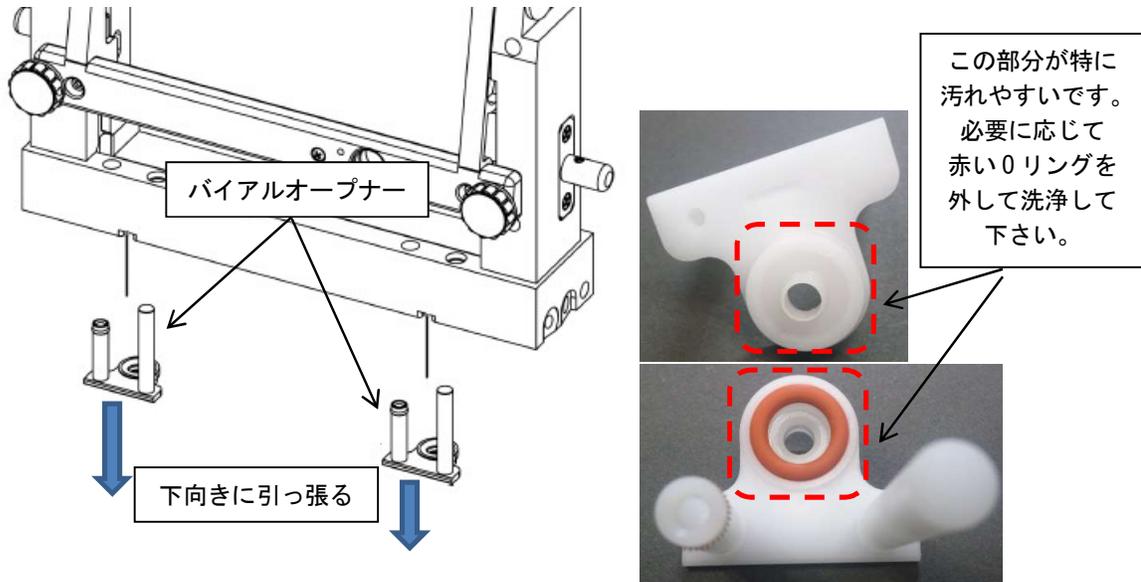
下図 6 ランプの刻みを合わせます。

Appendix C-1 電極・バイアルオープナーと、その周辺の洗浄／清掃

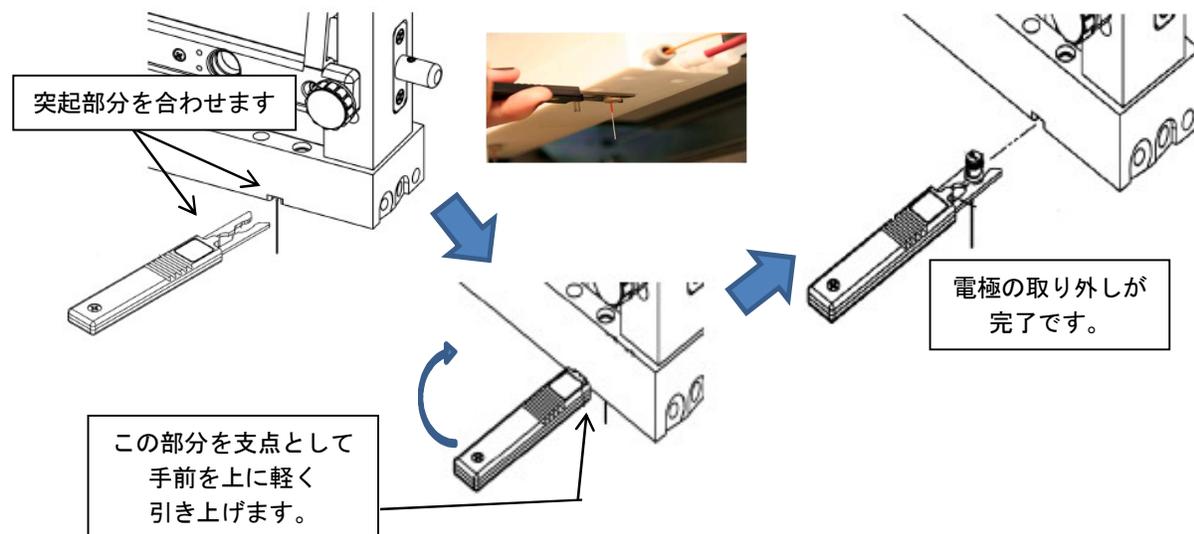
電極とバイアルオープナーは、直接泳動液やサンプルに接触する部分であり、この部分を清浄に保つのは重要です。分析終了後にはメンテナンスの一環として洗浄してください。

特に PA800 Plus の各アプリケーションは粘性の高いポリマー含有の泳動液ですので、毎回洗浄してください。

- ① 分析終了後にキャピラリーカートリッジを本体より取り外したら、そのまま本体電源を落とします。
- ② 下図のようにバイアルオープナーを取り外し、洗浄します。



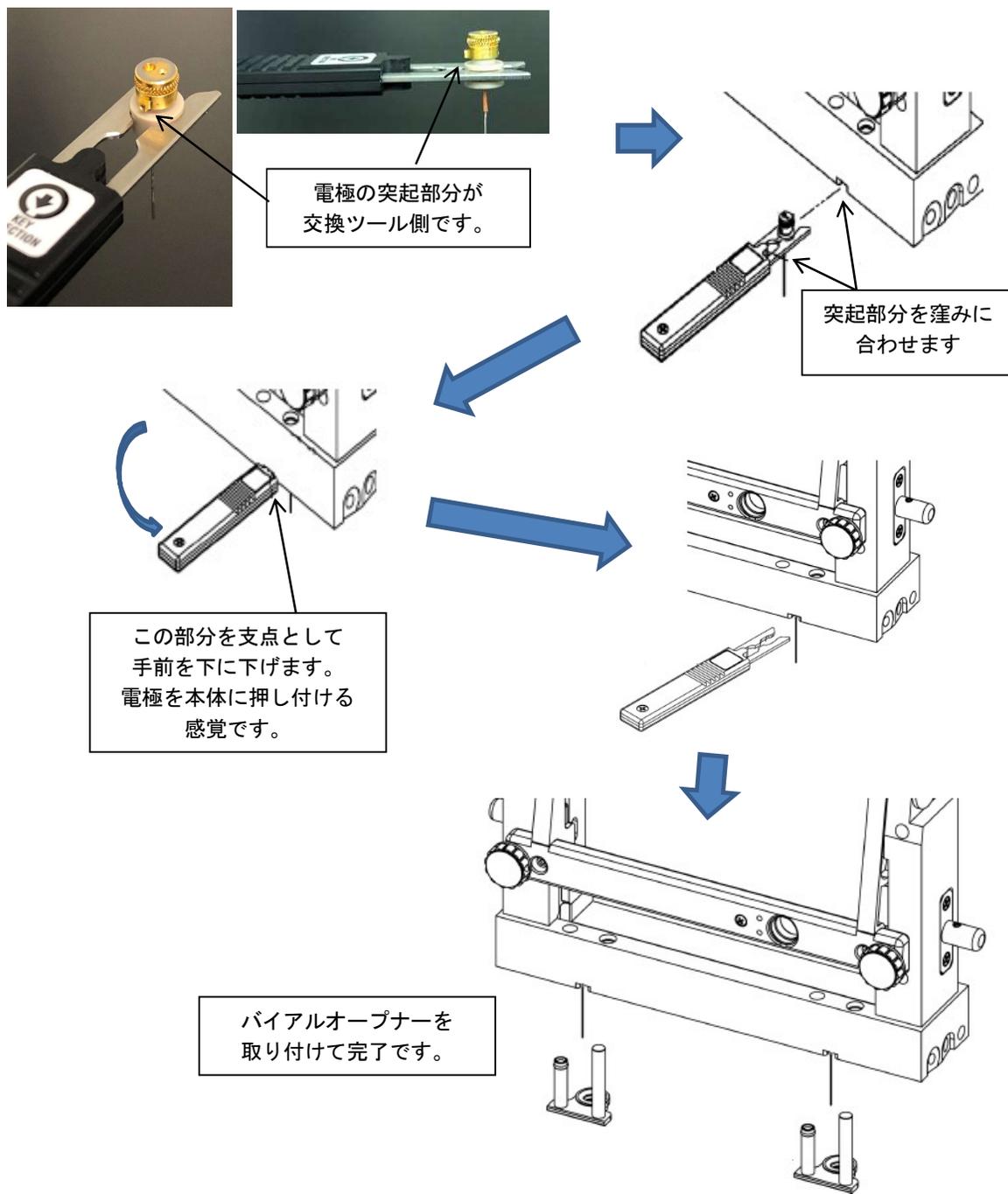
- ③ 同様に電極を電極交換ツールで取り外します。電極も念入りに洗浄します。



- ④ 脱イオン水につけ、15分間超音波洗浄し、よくすすいでください。本体に戻す前に確実に乾かしてください。必要に応じて右図のようにキャピラリーの通る孔を洗浄・乾燥してください。



- ⑤ 洗浄と乾燥が終了したら、電極とバイアルオープナーを本体に取り付けて完了です。

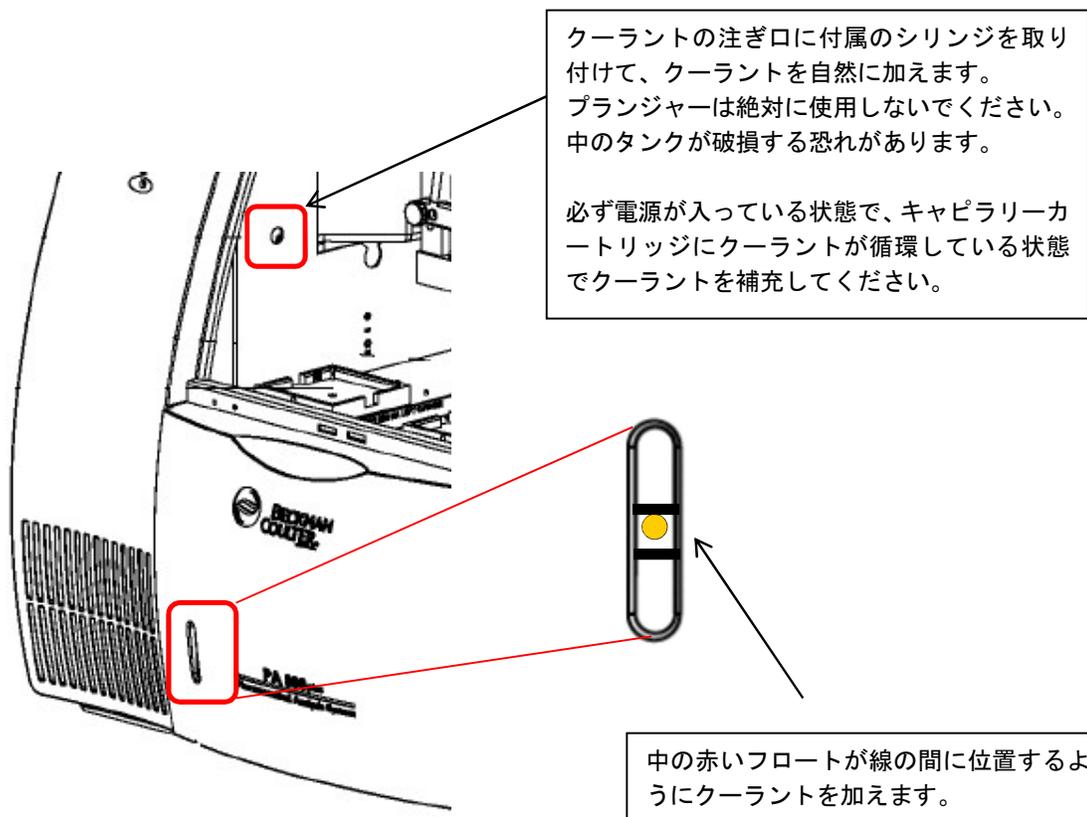


- ⑥ 電極とバイアルオープナーが取り付けられているインターフェースブロック（白いフレーム部分）の下側も、使用を続けていると汚れる場合があります。定期的に付属のミラーで状態を確認してください。汚れた場合は、水を湿らせたワイプで拭き、最後に乾いたワイプで拭いて乾燥させてください。電極がセットされる窪みの中も汚れる場合がありますので、ご注意ください。



Appendix C-2 クーラントの補充

- ① クーラントが不足してエラーメッセージが出たらクーラントを補充してください。





株式会社エービー・サイエックス

本社：〒140-000 東京都品川区北品川4-7-35 御殿山トラストタワー

TEL : 0120(318)551 FAX: 0120(318)040

大阪：〒531-0072 大阪府大阪市北区豊崎 3-19-3 ピアスタワー

URL: <http://www.absciex.jp> e-mai: jp_sales@abscoex.com