



## CFX Maestro Dx SE 소프트웨어

사용자 가이드  
버전 2.3

REF	12014330
	12014334
	12014335
	12014348
	12014349
	12016659
	12016687

설명서 개정: 2022년 5월  
소프트웨어 개정: 2.3





# CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition

사용자 가이드

버전 2.3



## Bio-Rad™ 기술 지원

미국의 Bio-Rad 기술 지원 부서는 월요일에서 금요일까지, 태평양 시간으로 오전 5시에서 오후 5시까지 열립니다.

**전화:** 1-800-424-6723, 옵션 2

**이메일:** Support@bio-rad.com(미국/캐나다 전용)

미국과 캐나다 이외 지역의 기술 지원의 경우, 현지 기술 지원 사무소에 연락하거나 [bio-rad.com](https://www.bio-rad.com)에서 Contact us(문의하기) 링크를 클릭하십시오.

## 고지사항

본 출판물은 어느 일부도 Bio-Rad Laboratories, Inc.의 서면 허가 없이 사진 복사, 녹화, 또는 모든 정보 저장 또는 검색 시스템을 비롯한 전자 또는 기계 방식 중 어떤 형태 또는 수단으로든 복사하거나 전송할 수 없습니다.

Bio-Rad에서는 언제든지 해당 제품 및 서비스를 변경할 수 있는 권한을 보유합니다. 본 가이드는 고지 없이 변경될 수 있습니다. Bio-Rad에서는 정확성을 보장하기 위해 항상 최선의 준비를 다하고 있지만, 그럼에도 본 정보의 오류 또는 누락이나 본 정보의 응용 또는 사용으로 인해 발생하는 모든 손해에 일절 책임이 없습니다.

BIO-RAD는 Bio-Rad Laboratories, Inc.의 상표입니다.

SYBR은 Thermo Fisher Scientific Inc.의 상표입니다.

EvaGreen은 Biotium, Inc.의 상표입니다.

여기에 사용된 모든 상표는 해당 소유주의 자산입니다.












Copyright © 2022 by Bio-Rad Laboratories, Inc. All rights reserved.



## 사용 용도

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition™이 포함된 CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템™은 형광 기반 PCR을 수행하여 핵산 서열을 검출하고 정량화하기 위한 것입니다. 시스템과 소프트웨어는 교육을 받은 검사실 기술자가 체외 진단용으로 사용합니다. 시스템은 진단용으로 제작되고 라벨에 표시된 타사 진단용 핵산 검사와 함께 사용할 수 있습니다.

## 기호 사전

 제조사	 로트 번호
 사용	 체외 진단용
 온도 한계	 카탈로그 번호
 사용 지침 참조	 테스트 수
 함께 사용	 일련 번호
<b>Rx Only</b> 처방 사용만	 라텍스 포함

 CE Marking - 규정 (EU) 2017/746 IVDR	
--	--

## 번역

제품 문서는 전자 미디어에서 추가 언어로 제공될 수 있습니다.

## 개정 내역

문서	날짜	변경 설명
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 가이드, 2.0 (Doc ID #10000135631)	2020년 12월	버전 A, 처음 출시
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 가이드, 2.3 (Doc ID #10000135631)	2022년 5월	<ul style="list-style-type: none"><li>■ CFX Opus Deepwell Dx를 지원하도록 업데이트됨</li><li>■ 업데이트된 기호 사전 표</li><li>■ 소개에 사이버 보안 메모 추가</li></ul>



# 목차

사용 용도 .....	iii
기호 사전 .....	iii
번역 .....	iv
개정 내역 .....	v
<b>안전 및 규제 준수 .....</b>	<b>17</b>
안전 경고 라벨 .....	17
안전 및 규제 준수 .....	19
안전 준수 .....	19
전자기 호환성(EMC) .....	20
EMC 경고 및 참고 사항 .....	20
환경 요구 사항 .....	22
위험 .....	23
생물학적 위험 .....	23
화학적 위험 .....	24
폭발 또는 가연성 위험 .....	24
전기적 위험 .....	24
운송 .....	25
배터리 .....	25
폐기 .....	25
보증 .....	25
<b>1장 소개 .....</b>	<b>27</b>
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition의 주요 특징 .....	29
더 알아보기 .....	29
<b>2장 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 설치 .....</b>	<b>31</b>
시스템 요구 사항 .....	32
CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 설치 .....	33
연결된 기기 감지 .....	34
소프트웨어 파일 .....	35

<b>3장 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 계정 관리</b> .....	37
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 시작 .....	38
Microsoft Windows 사용자를 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 컴퓨터에 추가 .....	40
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 추가 및 제거 .....	42
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 역할 관리 .....	43
역할 및 권한 보기 .....	44
<b>4장 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용</b> .....	45
보안 파일 .....	45
<b>5장 작업 영역</b> .....	55
홈 창 .....	56
시작 마법사 .....	57
프로토콜 편집기 창 .....	58
플레이트 편집기 창 .....	59
데이터 분석 창 .....	60
<b>6장 홈 창</b> .....	61
홈 창 .....	62
파일 메뉴 명령 .....	63
보기 메뉴 명령 .....	63
사용자 메뉴 명령 .....	64
실행 메뉴 명령 .....	64
툴 메뉴 명령 .....	65
도움말 메뉴 명령 .....	65
툴바 명령 .....	66
시작 마법사 .....	68
상태 표시줄 .....	68
감지된 기기 창 .....	69
기기 속성 보기 .....	72
시작하기 전에 .....	73
반응 마스터 혼합 생성 .....	73
새 염료 보정 .....	75
사용자 기본 설정 지정 .....	78
<b>7장 프로토콜 만들기</b> .....	95
프로토콜 단계의 파라미터 및 범위 .....	96

프로토콜 편집기 창 .....	98
파일 메뉴 명령 .....	98
메뉴 명령 설정 .....	99
도구 메뉴 명령 .....	99
툴바 명령 .....	99
프로토콜 편집 제어 .....	100
프로토콜 편집기에서 프로토콜 작성 .....	103
프로토콜 편집기에서 새 프로토콜 열기 .....	103
프로토콜 편집기에서 기존 프로토콜 열기 .....	104
새 프로토콜 설정 .....	105
프로토콜에 단계 추가 .....	108
구배 단계 삽입 .....	109
GOTO 단계 삽입 .....	110
용해 곡선 단계 삽입 .....	110
플레이트 판독 단계 추가 또는 제거 .....	112
단계 옵션 변경 .....	112
단계 삭제 .....	113
프로토콜 복사, 내보내기 또는 인쇄 .....	113
프로토콜 자동작성기로 프로토콜 만들기 .....	114
Ta 계산기 사용 .....	116
Ta 계산기 정보 .....	116
<b>8장 플레이트 준비 .....</b>	<b>121</b>
플레이트 편집기 창 .....	122
파일 메뉴 명령 .....	122
편집 메뉴 명령 .....	123
메뉴 명령 설정 .....	123
도구 메뉴 명령 편집 .....	124
툴바 명령 .....	124
플레이트 편집기로 플레이트 파일 만들기 .....	126
플레이트 편집기에서 새 플레이트 파일 열기 .....	126
플레이트 편집기에서 기존 플레이트 파일 열기 .....	128
새 플레이트 파일 설정 .....	129
플레이트 파일에 임의 선택형 파라미터 할당 .....	136
웹에 표적 할당 .....	136

웹에 검체명 할당 .....	138
웹에 생물학적 집단 할당 .....	140
웹에 인공 복제 번호 할당 .....	142
표준 검체 유형에 희석 시리즈 할당 .....	143
웹 내용을 다른 웹로 복사 .....	144
웹에 메모 추가하기 .....	145
웹의 모든 내용 정리 .....	145
실험 설정 변경 .....	147
웹 그룹 만들기 .....	150
추적 유형 변경 .....	152
스프레드시트 형식으로 플레이트 보기, 내보내기 및 가져오기 .....	153
플레이트 설정 마법사로 플레이트 레이아웃 생성 .....	155
플레이트 설정 마법사 사용 .....	155
<b>9장 실험 실행</b> .....	<b>159</b>
실행 설정 창 .....	160
실행 설정 창에 액세스 .....	161
프로토콜 탭 .....	162
플레이트 탭 .....	164
실행 시작 탭 .....	167
실험 실행 .....	168
실행 세부 사항 대화 상자 .....	170
실행 상태 탭 .....	170
실시간 상태 탭 .....	173
시간 상태 탭 .....	176
PrimePCR 실험 수행 .....	177
분석을 위해 독립형 데이터 전송 .....	179
이메일을 통해 데이터 전송 .....	179
파일을 CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템으로 전송 .....	179
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition를 통해 데이터 전송 .....	181
USB 드라이브로 데이터 전송 .....	181
CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템을 사용하여 공유 네트워크 드라이브를 통해 데이터 전송 .....	182
데이터 파일 만들기 .....	182
<b>10장 데이터 분석 개요</b> .....	<b>183</b>
데이터 분석 창 .....	183



데이터 분석 툴바 .....	184
데이터 분석 메뉴 표시줄 .....	185
탭 세부 사항 .....	187
단계 번호 선택기 .....	188
데이터 분석에서 웰 그룹 보기 .....	189
실행 후 웰 내용물 변경 .....	189
데이터 분석 설정 .....	190
역치값 조정 .....	190
기준선 설정 .....	190
분석 모드 .....	191
분석할 사이클 .....	191
웰 선택기 .....	193
웰 선택기의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목 .....	194
분석에서 일시적으로 웰 제외 .....	195
차트 .....	196
차트 도구 .....	196
차트에서 영역 확대 .....	204
차트를 Microsoft 파일에 복사 .....	204
차트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 항목 .....	204
스프레드시트 .....	206
스프레드시트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 항목 .....	206
내보내기 .....	208
모든 데이터 시트 내보내기 .....	208
RDML 파일 내보내기 .....	209
사용자 지정 내보내기 파일 만들기 .....	210
LIMS 폴더로 내보내기 .....	211
Seegene 형식 데이터 내보내기 .....	211
<b>11장 데이터 분석 세부 사항 .....</b>	<b>213</b>
정량 탭 .....	214
형광물질 옵션 .....	214
추적 유형 대화 상자 .....	214
로그 배열 옵션 .....	216
표준 곡선 차트 .....	217
증폭화 차트 메뉴 옵션 .....	218

정량 탭 스프레드시트 .....	218
정량 데이터 탭 .....	220
결과 스프레드시트 .....	220
표준 곡선 결과 스프레드시트 .....	222
플레이트 스프레드시트 .....	223
RFU 스프레드시트 .....	224
용해 곡선 탭 .....	225
용해 곡선 데이터 조정 .....	227
용해 곡선 데이터 탭 .....	228
용해 피크 스프레드시트 .....	228
플레이트 스프레드시트 .....	229
RFU 스프레드시트 .....	230
-d(RFU)/dT 스프레드시트 .....	231
종료점 탭 .....	232
결과 데이터 .....	233
종료점 데이터 분석 조정 .....	234
종료점 분석의 RFU 스프레드시트 .....	234
대립 유전자 식별 탭 .....	235
대립 유전자 식별 데이터 조정 .....	236
차트 메뉴 옵션 .....	237
대립 유전자 식별 스프레드시트 .....	237
사용자 지정 데이터 보기 탭 .....	238
사용자 지정 데이터 보기 생성 .....	239
QC 탭 .....	240
QC 기준 변경 .....	240
QC 실패 웹 제외 .....	241
실행 정보 탭 .....	242
데이터 분석 보고서 .....	243
데이터 분석 보고서 범주 .....	244
데이터 분석 보고서 생성 .....	247
웹 그룹 보고서 생성 .....	248
<b>12장 유전자 발현 분석 .....</b>	<b>249</b>
유전자 발현 분석의 플레이트 설정 .....	249
가이드를 활용한 플레이트 설정 .....	250

유전자 발현 차트 .....	251
그래프 표시 .....	252
차트 보기 변경 및 주석 달기 .....	254
유전자 발현 데이터 조정 .....	259
실험 설정 .....	261
마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션 .....	262
데이터 스프레드시트 .....	263
세부 사항 표시 옵션 .....	264
클러스터그램 .....	266
설정 .....	266
마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션 .....	266
데이터 스프레드시트 .....	266
산포도 .....	267
설정 .....	267
오른쪽 마우스 클릭 메뉴 옵션 .....	267
데이터 스프레드시트 .....	267
결과 스프레드시트 .....	268
유전자 연구 .....	269
실행 간 보정 .....	269
유전자 연구 대화 상자 .....	270
연구 설정 탭 .....	270
유전자 연구 준비 .....	271
연구 분석 탭 .....	272
유전자 연구 보고서 범주 .....	273
유전자 연구 보고서 생성하기 .....	275
<b>부록 A 데이터 분석 계산 .....</b>	<b>277</b>
반응 효율 .....	277
상대 수량 .....	277
대조군 선택 시 상대 수량 .....	278
상대 수량의 표준 편차 .....	278
효율 보정 Cq (CqE) .....	279
평균 효율 보정 Cq (MCqE) .....	279
정규화 발현 .....	280
생물학적 집단의 발현 및 상대 수량 .....	281

대조군 선택 시 표준화 발현 .....	281
정규화 발현 표준 편차 .....	282
최고 발현 수준으로 조정된 표준화 발현 .....	283
최저 발현 수준으로 조정된 표준화 발현 .....	283
평균 발현 수준으로 조정된 표준화 발현 .....	283
조정된 표준화 발현의 표준 편차 .....	284
평균 표준 오차(lg) 및 표준 편차(lg)에 대한 오차 막대 .....	285
배수 변화 .....	286
보정된 값 공식 .....	287
생물학적 집단 분석의 신뢰구간 계산 .....	288
상자수염 차트 계산 .....	288
<b>부록 B 감사 추적 .....</b>	<b>291</b>
감사 추적 보기 .....	291
감사 가능한 이벤트 .....	293
<b>부록 C LIMS 통합 .....</b>	<b>297</b>
LIMS 호환 데이터 파일 생성 .....	297
LIMS 폴더 및 데이터 내보내기 옵션 설정 .....	297
LIMS 프로토콜 생성 .....	299
LIMS 파일 생성 .....	299
LIMS 실행 시작 .....	302
데이터를 LIMS로 내보내기 .....	303
<b>부록 D CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 문제 해결 .....</b>	<b>305</b>
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 파일 및 폴더 허용 .....	305
응용프로그램 로그 .....	306
응용프로그램 및 펌웨어 로그 파일 검색 .....	307
문제 해결 .....	307
전원 오류 .....	307
파일을 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터로 전송 .....	308
수동으로 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 설치 .....	308
드라이버 재설치 .....	308
<b>부록 E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products .....</b>	<b>311</b>
Software Notices .....	312
ZedGraph .....	312

Standard Open License Text .....	312
LGPL-2.1 .....	312
<b>부록 F 참고 문헌 .....</b>	<b>325</b>

## 목차

# 안전 및 규제 준수

CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx, 및 CFX Opus Deepwell Dx 실시간 PCR 시스템(이 가이드에서 CFX Opus Dx 시스템으로 알려짐) 시스템은 작동 중에 매우 빠르게 가열 및 냉각됩니다. 실시간 PCR 시스템의 안전한 운영을 위해 Bio-Rad에서는 이 섹션과 이 설명서 전체에 나열된 안전 사양을 따르는 것을 권장합니다.

## 안전 경고 라벨

CFX Opus Dx 시스템 및 이 설명서에 게시된 경고 라벨은 부상 또는 위험 요소를 사용자에게 경고합니다. 표1에 각 안전 경고 라벨이 정의되어 있습니다.

표1. 일반 안전 경고








아이콘	의미
	이 설명서를 읽기 전에 CFX Opus Dx 시스템을 작동하면 부상을 입을 수 있습니다. 이 설명서 또는 Bio-Rad에 의해 지정되지 않은 방식으로 이 기기를 사용하면 기기의 보호 기능이 손상되거나 비활성화될 수 있습니다.
  	CFX Opus Dx 시스템 자체와 관련된 생물학적 위험이나 방사능 위험은 없습니다. 이러한 위험은 테스트 중인 검체를 통해 시스템에 유입될 때만 문제가 됩니다. 생물학적 위험 또는 방사성 검체를 취급할 때 검사실 및 위치에 따른 권장 예방 조치 및 지침을 준수하십시오. 이러한 지침에는 사용 중인 위험 물질에 대한 세척, 모니터링 및 폐기 방법이 포함되어야 합니다. 또한 위에서 확인한 바와 같이, 폭발 위험이 적거나 검체 용기에서 액체 또는 증기가 배출될 위험이 있습니다. 위험 물질로 작업할 때 배출된 물질로 인한 부상 위험은 위험 물질 자체가 기기 안팎으로 흩어질 수 있는 위험과 더해집니다. 사용자는 이러한 상황에 대해 적절한 예방 조치를 취해야 합니다.
	CFX Opus Dx 시스템은 심각한 화상을 입을 만큼 충분히 높은 온도에서 작동합니다. 뚜껑을 열고 검체를 분리하기 전에는 항상 검체 블록을 실온으로 식히십시오. 검체 블록이 식은 후에도 주변 영역과 히터 플레이트는 꽤 오랫동안 뜨거울 수 있습니다. 기기를 식힐 시간이 충분하지 않은 상황에서는 열 장갑 또는 "오븐 장갑"과 같은 보호 장비를 사용하는 것이 좋습니다.

표1. 일반 안전 경고, 계속

아이콘	의미
	CFX Opus Dx 시스템 이 통합된 모든 시스템의 안전 및 성능은 전적으로 시스템 어셈블러의 책임입니다.
	<p>CFX Opus Dx 시스템 은 정상 작동 과정에서 검체의 액체가 끓거나 증발할 정도로 뜨거워져 검체 용기에 압력을 가할 수 있습니다. 검체 용기가 고장날 가능성이 있으며 누출, 액체 스프레이 또는 폭발성 파열로 이어지고 기기 안팎에서 증기 또는 액체가 배출됩니다.</p> <p>사용자는 항상 뚜껑을 닫은 상태로 기기를 작동하거나 작동 중에 안전 고글, 열 장갑 및 기타 개인 보호 장비를 착용하여 부상을 방지해야 합니다. 실행을 중단한 후와 같이 검체가 아직 뜨거울 때 기기를 열면 가압된 용기가 액체를 누출, 분사 또는 분출할 수 있습니다. 뚜껑을 열기 전에 항상 검체를 식히십시오.</p> <p>사용자는 위험한 파열 또는 폭발의 가능성을 증가시킬 수 있으므로 열려 있거나, 느슨하거나, 구멍이 났거나, 손상된 뚜껑이나 씰로 반응을 실행해서는 안 됩니다.</p> <p>사용자는 위험한 파열 또는 폭발 가능성을 높일 수 있는 휘발성 시약으로 반응을 실행해서는 안 됩니다.</p>



## 안전 및 규제 준수

### 안전 준수

CFX Opus Dx 시스템은 테스트를 거쳐 다음 안전 및 전자기 표준의 모든 해당 요구 사항을 준수하는 것으로 확인되었습니다.

- IEC 61010-1:2010 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 1부: 일반적인 요구 사항
- IEC 61010-2-010:2019 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-010부: 물질 가열용 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- IEC 61010-2-081:2019 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-081부: 분석 및 기타 목적을 위한 자동 및 반자동 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- IEC 61010-2-101:2018 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-101부: 체외 진단용(IVD) 의료 장비에 대한 특정 요구 사항
  
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-1-12:2018 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항, 1부: 일반적인 요구 사항
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-2-010:19 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항, 2-010부: 물질 가열용 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-2-081:19 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항, 2-081부: 분석 및 기타 목적을 위한 자동 및 반자동 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- CSA-C22.2 NO. 61010-2-101:19 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항, 2-101부: 체외 진단용(IVD) 의료 장비에 대한 특정 요구 사항
  
- EN 61010-1:2010 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 1부: 일반적인 요구 사항
- EN 61010-2-010:2014 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-010부: 물질 가열용 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- EN 61010-2-081:2015 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-081부: 분석 및 기타 목적을 위한 자동 및 반자동 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- EN 61010-2-101:2017 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-101부: 체외 진단용(IVD) 의료 장비에 대한 특정 요구 사항

- UL 61010-1:2012 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 1부: 일반적인 요구 사항
- UL 61010-2-010:2019 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-010부: 물질 가열용 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- UL 61010-2-081:2019 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-081부: 분석 및 기타 목적을 위한 자동 및 반자동 검사실 장비에 대한 특정 요구 사항
- UL 61010-2-101:19 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — 2-101부: 체외 진단용(IVD) 의료 장비에 대한 특정 요구 사항

## 전자기 호환성(EMC)

CFX Opus Dx 시스템은 테스트를 거쳐 다음 전자기 호환성 표준의 모든 해당 요구 사항을 준수하는 것으로 확인되었습니다.

- IEC 61326-1:2012 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — EMC 요구 사항 — 1부: 일반적인 요구 사항. Class A 장치로 테스트됨
- IEC 61326-2-6:2012 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — EMC 요구 사항 — 2-6부: 체외 진단용(IVD) 의료 장비에 대한 특정 요구 사항
- EN 61326-1:2013 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — EMC 요구 사항 — 1부: 일반적인 요구 사항. Class A 장치로 테스트됨
- EN 61326-2-6:2013 측정, 제어, 검사실 사용을 위한 전기 장비에 대한 안전 요구 사항 — EMC 요구 사항 — 2-6부: 체외 진단용(IVD) 의료 장비에 대한 특정 요구 사항
- FCC 15부, B절, 15.107 및 15.109항. Class A 디지털 장치로 테스트됨
- CAN ICES-003v6:2019 간섭 유발 장비 표준, 정보 기술 장비(디지털 장비 포함) — 측정 한계 및 방법. Class A 제한 테스트

## EMC 경고 및 참고 사항

- **경고:** Bio-Rad의 명시적인 승인 없이 이 장치를 변경 또는 수정할 경우 사용자의 장비 작동 권한이 무효화될 수 있습니다.
- **참고:** 이 장비는 테스트를 거쳐 FCC 규칙의 15부 조항에 따른 Class A 디지털 장치에 대한 제한을 준수합니다. 이러한 제한은 상업 환경에서 장비 작동 시 해로운 간섭에 대한 적절한 보호를 제공하도록 설계되었습니다. 이 장비에서는 무선 주파수 에너지를 생성하고 사용하며 방사할 수 있으며 사용 설명서에 따라 설치 및 사용되지 않으면 무선 통신과의 해로운 간섭을 일으킬 수 있습니다. 이 장비를 거주 구역에서 작동할 경우 해로운 간섭이 발생할 가능성이 높으며, 이 경우 사용자가 스스로 비용을 들여 간섭을 교정해야 합니다.

- **FCC 규정 준수 관련 참고 사항:** 본 기기는 Class A 디지털 장비에 대한 FCC 규칙 15부, B절에 따라 테스트하고 규칙을 준수하는 것으로 확인되었습니다. 그러나 본 기기는 사실상 제조 당시 인용된 FCC 규정과 관련하여 47 CFR 15.103(c)에 따라 "면제된 장치"에 해당하므로 이러한 준수는 자발적인 것임에 유의해 주십시오.
- **케이블 관련 참고 사항:** 이 기기는 기기와 함께 제공되는 특별히 설계된 USB 케이블을 사용하여 EMC 준수 여부를 테스트했습니다. 이 케이블 또는 Bio-Rad EMC 방출 제한을 지속적으로 준수하려면 이 기기와 함께 승인된 교체품을 사용해야 합니다.

## 환경 요구 사항

CFX Opus Dx 시스템은 다음 표에 나열된 환경 조건에서 안전하게 작동하도록 설계되었습니다.

**표2. CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템 환경 요구 사항**

파라미터	사양
환경	실내 전용
작동 고도	최대 해발 2,000미터
주변 실온	15~31°C*
운송 및 보관 온도	-20°~60°C** -4~140°F
상대 습도	20%~80%(비응축)***
작동 전원	100~240 VAC ±10%, 50/60Hz, 최대 850W
주전원 전압 변동	±10%
최대 전원 사용	<850와트
퓨즈	10 A, 250 V, 5 x 20 mm, 속단형 (qty. 2)
과전압 범주	II
오염 등급	2

\*이 온도 범위 밖에서 기기를 작동하면 성능 사양을 충족하지 않을 수 있습니다. 5~40°C 사이의 실내 온도가 안전한 것으로 간주됩니다.

\*\*이러한 온도 조건을 충족하려면 기기를 배송 컨테이너에 보관하고 운송하십시오.

\*\*\*4°C에서 기기를 작동하는 것은 이러한 조건에서 18시간으로 제한되어야 합니다. 습도가 60% 미만(비응축)인 경우 4°C에서 최대 72시간 동안 유지할 수 있습니다.

## 위험

CFX Opus Dx 시스템은 제조업체에서 규정한 방법으로 사용할 경우 안전하게 작동하도록 설계되었습니다. 제조업체가 지정하지 않은 방식으로 시스템 또는 관련 구성요소를 사용하는 경우 기기에서 제공하는 고유한 보호 기능이 손상될 수 있습니다. Bio-Rad는 이 장비를 지정되지 않은 방식으로 사용하거나 Bio-Rad 또는 공인 대리인이 수행하지 않은 기기 수정으로 인해 발생하는 부상이나 손상에 대해 책임을 지지 않습니다. CFX Opus Dx 시스템 정비는 Bio-Rad에 대한 교육을 받은 사람만 수행해야 합니다.

### 생물학적 위험

CFX Opus Dx 시스템은 실험실 제품입니다. 하지만, 생물학적으로 위험한 검체가 있을 경우, 다음 지침을 준수하고 검사실과 지역에 해당하는 현지 지침을 따르십시오.

**참고:** 이 기기의 정상 작동 중에는 생물학적 위험 물질이 배출되지 않습니다.

### 일반 주의 사항

- 검사실 가운, 검사실 장갑 및 측면 보호 장치가 있는 보안경이나 고글을 항상 착용합니다.
- 눈, 코, 입에 손을 대면 안 됩니다.
- 전염될 수 있는 물질을 다루기 전에 상처나 찰과상이 있는 부분을 완전히 보호합니다.
- 전염될 수 있는 물질을 취급한 후 검사실을 떠나기 전에 비누와 물로 손을 철저히 씻어야 합니다.
- 벤치에서 작업하기 전, 손목시계와 장신구를 벗습니다.
- 전염성이 있거나 전염될 수 있는 모든 물질은 깨지지 않거나 새지 않는 용기에 보관합니다.
- 검사실을 떠나기 전에 보호복을 벗습니다.
- 장갑을 착용한 손으로 글을 쓰거나 전화를 받거나 전등 스위치를 켜거나 다른 사람이 장갑을 착용하지 않고 만질 수 있는 물건을 만지면 안 됩니다.
- 장갑을 자주 바꿔줍니다. 장갑이 오염된 것으로 보이면 즉시 폐기합니다.
- 제대로 오염을 제거할 수 없는 물질을 전염 가능한 물질에 노출해서는 안 됩니다.
- 생물학적 위험이 있는 물질을 취급하는 작업이 완료되면 적절한 살균제(예를 들어, 가정용 표백제를 1:10으로 희석)로 작업장의 오염 물질을 제거합니다.

## 표면 오염 물질 제거



**경고!** 전기충격을 방지하려면, 오염물질 제거 절차를 수행하기 전에 항상 기기를 끄고 플러그를 뽑으십시오.

다음 부분을 병원 등급 살균제, 바이러스 박멸제, 곰팡이 방지제 또는 소독제로 청소할 수 있습니다.

- 외부 덮개 및 새시
- 내부 검체 블록 표면 및 검체 블록 웰
- 제어판 및 디스플레이

소독제를 준비하고 바르려면, 제품 제조자가 제공한 지침을 참고하십시오. 소독제를 바른 후에 물로 여러 번 검체 블록 및 검체 블록 웰을 항상 씻어내십시오. 물로 헹군 후 검체 블록과 검체 블록 웰을 완전히 건조시키십시오.

**중요:** 마모성이나 부식성 세정제 또는 강한 알칼리성 용액은 사용하지 마십시오. 이러한 작용제는 표면을 긁을 수 있으며 검체 블록에 손상을 주어, 정밀한 열 제어의 손실을 가져옵니다.

## 생물학적 위험 물질의 폐기

현지, 지역 및 국가의 검사실 규정에 따라 잠재적으로 오염된 다음 물질을 폐기하십시오.

- 임상 검체
- 시약
- 사용한 반응조 또는 오염 가능성이 있는 기타 소모품

## 화학적 위험

CFX Opus Dx 시스템에는 잠재적으로 위험한 화학 물질이 포함되어 있지 않습니다.

## 폭발 또는 가연성 위험

CFX Opus Dx 시스템은 Bio-Rad 검사실에서 규정한 대로 적절한 방식으로 사용하면 가연성 또는 폭발과 관련된 현저한 위험을 내포하지 않습니다.

## 전기적 위험

CFX Opus Dx 시스템은 물리적인 수정 없이 올바르게 설치 및 작동되고 적절한 사양의 전원에 연결되어 있는 경우 작업자에게 일반적인 전기적 위험을 초래하지 않습니다.

## 운송

CFX Opus Dx 시스템을 이동하거나 배송하기 전에 오염 제거 절차를 수행해야 합니다. 시스템이 손상되지 않도록 항상 Bio-Rad 제공 포장재와 함께 별도 용기에 넣어 시스템을 이동하거나 운송하십시오.

시스템 운송에 대한 정보와 적절한 포장재를 요청하려면 지역 Bio-Rad 사무소에 문의하십시오.

## 배터리

CFX Opus Dx 시스템은 1개 3V 리튬 금속 코인 셀 배터리를 AC 전력 손실 시 시간 설정을 유지합니다. 장치를 끈 후 시간이 설정된 상태로 유지되지 않을 경우 배터리가 약해진 것일 수 있습니다.



**경고!** 배터리를 교체하려고 시도하지 마십시오. 사용자가 수리할 수 없습니다. 대신 Bio-Rad 기술 지원에 문의하십시오.

### 미국 캘리포니아 주에만 해당

- 과염소산염 물질 — 리튬 배터리에는 과염소산 염 물질이 포함되어 있으므로 특수 취급 방침이 적용될 수 있습니다. [www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate](http://www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate)을 참조하십시오.

## 폐기

CFX Opus Dx 시스템에는 전기 재료가 포함되어 있습니다. 이런 재료들은 폐기물 및 전자 장비에 대한 유럽연합 지침 2012/19/EU — WEEE 지침에 따라 미분류 폐기물로 처리해야 하며 별도로 수집해야 합니다. 폐기 전에 국가별 특정 지침에 대해서는 현지 Bio-Rad 대표부에 연락하십시오.

## 보증

CFX Opus Dx 시스템 및 관련 액세서리에는 표준 Bio-Rad 보증이 적용됩니다. 보증 세부 사항에 관해서는 현지 Bio-Rad 사무소에 연락하시기 바랍니다.

안전 및 규제 준수



# 1장 소개

Bio-Rad의 고성능 PCR 증폭 시스템은 최신 기술 발전을 특징으로 하며 계놈 실험을 위한 핵산 증폭에서 더 높은 정확도와 재현성을 제공합니다.

Bio-Rad의 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition은 다음 기기와 호환되며 Bio-Rad의 PrimePCR 프라이머 및 프로브 분석에 최적화된 실행 파일을 제공합니다.

- CFX Opus 96 Dx 실시간 PCR 시스템(이 가이드에서는 CFX Opus 96 Dx로 알려짐)
- CFX Opus 384 Dx 실시간 PCR 시스템(이 가이드에서는 CFX Opus 384 Dx로 알려짐)
- CFX Opus Deepwell Dx 실시간 PCR 시스템(이 가이드에서는 CFX Opus Deepwell Dx로 알려짐)

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition(이 가이드에서는 CFX Maestro Dx SE로 알려짐)을 사용하면 복잡한 데이터를 해석하고 강력하고 정밀한 유전 연구를 수행할 수 있습니다. t-검정, 일원 ANOVA, PrimePCR 대조군 분석, 참조 유전자 선택기 도구 등의 도구를 활용하여 몇 번의 클릭만으로 연구를 설정하고 유전자 발현 연구를 이해할 수 있습니다. 연구 후에는 CFX Maestro Dx SE의 고급 사용자 지정 데이터 시각화 및 주석 도구로 연구 결과의 출판이나 게시를 준비할 수 있습니다.

**참고:** CFX Maestro의 일부 화면 표시는 이 사용 설명서에 표시된 것과 다르게 나타날 수 있습니다. 소프트웨어의 표시가 올바르고 기능이 동일합니다.

**중요:** 사이버 보안은 사이버 공격으로부터 사이버 공간의 자산을 보호하는 것입니다. Bio-Rad의 사이버 보안은 사이버 공간에서 사람들, 정보, 시스템 및 명성을 보호합니다. 사이버 공간은 상시 기술적으로 상호 연결된 세계로서 사람들, 조직, 정보 및 기술로 이루어져 있습니다.

사이버 보안 문제에는 빠른 대응이 중요합니다! 기기에 사이버 보안 문제가 있거나 사이트의 사이버 보안이 침해되었다고 생각하는 경우, 즉시 Bio-Rad 담당자에게 기술 지원을 문의하십시오.

## CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition의 주요 특징

CFX Maestro Dx SE를 사용하여 다음을 수행할 수 있습니다.

- 막대 차트, 클러스터그램 또는 산포도를 사용하여 데이터를 분석해 결과를 빠르게 해석하고 이해할 수 있습니다.
- 데이터 표현을 사용자 정의하고 발표와 보고서 생성을 위한 고해상도 그래프를 내보낼 수 있습니다.
- PrimePCR 분석 대조군으로 RNA 품질을 결정하고 실험의 문제를 해결할 수 있습니다.
- 적절한 참조 유전자를 선택하고 Reference Gene Selection Tool(참조 유전자 선택 도구)로 유전자의 안정성을 분석할 수 있습니다.
- 유전자 발현 분석에서 일원 ANOVA를 포함한 통계 분석을 수행할 수 있습니다.

이 사용자 가이드에서는 이러한 특징과 특징의 사용 방법에 대해 설명합니다.

## 더 알아보기

CFX Maestro Dx SE를 설치하고 관련 Bio-Rad PCR 기기를 설정한 후 이 가이드뿐 아니라 모든 보기의 도움말 메뉴에서 상세 CFX Maestro Dx SE 도움말 항목에 액세스할 수 있습니다.

**팁:** CFX Maestro Dx SE 창의 오른쪽 상단에 있는 Bio-Rad 로고를 클릭하여 Bio-Rad 웹사이트를 시작하십시오. 이 사이트에는 기술 정보, 설명서, 비디오, 제품 정보 및 기술 지원에 대한 링크가 포함되어 있습니다. 이 사이트에서는 또한 PCR, 실시간 PCR 및 유전자 발현과 관련된 다양한 방법 및 응용프로그램에 대한 많은 기술 자료를 제공합니다.

## 1장 소개

## 2장 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 설치

이 장에서는 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 설치 방법을 설명합니다. Bio-Rad 지원 실시간 PCR 기기 설정 관련 정보는 해당 가이드를 참조하십시오.

CFX Maestro Dx SE는 CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 실시간 PCR 시스템의 실시간 PCR 데이터를 분석하는 데 필요합니다. 이 소프트웨어를 사용하여 소프트웨어 제어 모드로 이러한 시스템을 제어할 수도 있습니다.

CFX Opus Dx 시스템은 액세서리 백에 USB 케이블과 함께 제공됩니다. USB 케이블을 사용하여 CFX Maestro Dx SE를 실행하는 컴퓨터를 CFX Opus Dx 시스템에 연결하십시오.

포장재를 제거하고 향후 사용을 위해 보관하십시오. 누락된 품목이나 손상된 품목이 있을 경우 현지 Bio-Rad 사무소에 문의하십시오.

## 시스템 요구 사항

표3에는 CFX Maestro Dx SE를 실행하는 컴퓨터의 최소 및 권장 시스템 요구 사항이 나열되어 있습니다.

**표3. CFX Maestro Dx SE용 컴퓨터 요구 사항**

시스템	최소	권장
운영 체제	최신 보안 업데이트가 포함된 Microsoft Windows 10(64비트 전용), 빌드 1511 이상.	최신 보안 업데이트가 포함된 Microsoft Windows 10(64비트 전용), 빌드 1511 이상.
참고:	Windows 11도 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition을 지원합니다.	
중요:	CFX Maestro Dx SE를 실행하는 컴퓨터에서 보안 부팅을 비활성화해야 합니다. CFX Maestro Dx SE를 실행하는 컴퓨터는 실행이 진행 중인 경우 시스템 또는 보안 업데이트 후 자동으로 다시 시작되지 않도록 구성해야 합니다. 도움이 필요하면 시스템 관리자에게 문의하십시오.	
포트	USB 2.0 고속 포트 2개	USB 2.0 고속 포트 2개
하드 디스크 공간	128GB	128GB
프로세서 속도	2.4GHz, 듀얼 코어	2.4GHz, 쿼드 코어
RAM	4GB RAM	8GB RAM
화면 해상도	1024 x 768 트루 컬러 모드	1280 x 1024 트루 컬러 모드
PDF 리더		지원 Microsoft Office Suites 중 하나에서 제공되는 Adobe PDF 리더 또는 Windows PDF 리더 ■ 2016 ■ 2019
현지화	영어, 중국어, 러시아어로 지원되는 Microsoft Windows 64비트 OS	영어, 중국어, 러시아어로 지원되는 Microsoft Windows 64비트 OS

**참고:** CFX Automation Control 소프트웨어를 CFX Maestro Dx SE와 동일한 컴퓨터에서 실행하려는 경우, 화면 해상도를 1280 x 1024 트루 컬러 모드로 설정하십시오.

## CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 설치

**중요:** 소프트웨어를 설치 또는 업그레이드하려면 먼저 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에서 연결된 모든 기기를 분리해야 합니다. 소프트웨어 설치 중에 기기를 끌 필요는 없습니다. 모든 실행은 저장하고 현재 실행 중인 실험이 없도록 하십시오.

**참고:** 설치 절차를 시작하기 전에 보안 부팅이 비활성화되어 있는지 확인하십시오. 실행이 진행 중인 경우 시스템 또는 보안 업데이트 후 자동으로 다시 시작되지 않도록 컴퓨터가 구성되어 있는지 확인하십시오. 도움이 필요하면 시스템 관리자에게 문의하십시오.

### CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 설치 방법

1. 필요 시 컴퓨터에서 연결된 모든 기기를 분리합니다.

CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에서 기기의 USB 케이블을 찾아 분리합니다. CFX Opus Dx 시스템에 삽입된 말단은 제자리에 두어도 됩니다.

2. 관리자 권한으로 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 로그인합니다.
3. CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 USB 드라이브를 컴퓨터 USB 포트에 꽂습니다.
4. Windows 탐색기에서 CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 USB 드라이브로 이동하여 엽니다.

USB 드라이브에는 릴리스 정보 및 다음 폴더가 포함되어 있습니다.

- CFX
- 드라이버
- 펌웨어
- 빠른 시작

다른 파일과 함께 CFX 폴더에는 CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 설치 프로그램이 포함되어 있습니다(CFXMaestroDxSetup.exe).

5. CFX 폴더를 열고 CFXMaestroDxSetup.exe를 두 번 클릭하여 설치 프로그램을 시작합니다.
6. 화면에 표시된 설치 안내를 따릅니다.

완료되면 Bio-RadCFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 아이콘이 컴퓨터 바탕 화면에 나타납니다.

**팁:** CFX Maestro 설치 프로그램은 자동으로 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 설명서를 설치합니다. 이 설명서를 찾으려면 Help(도움말) 메뉴로 이동하여 Open User Guides(사용자 설명서 열기)를 선택하십시오.

7. 설치가 완료되면 소프트웨어 USB 드라이브를 안전하게 뺄 수 있습니다.

## 연결된 기기 감지

설치하는 동안 CFX Maestro Dx SE 설치 프로그램은 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 기기 드라이버를 자동으로 설치합니다. CFX Maestro Dx SE는 소프트웨어를 시작할 때 연결된 기기를 감지합니다.

### 연결된 기기 감지 방법

1. 아직 수행하지 않았다면 제공된 USB B형 케이블의 스퀘어(수)형 끝 부분을 기기 베이스 뒷면에 위치한 USB B형 포트에 삽입합니다.
2. 다른쪽(포트) 끝을 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터의 USB 포트에 삽입합니다.
3. 기기를 아직 실행하지 않았다면 기기의 전원 스위치를 눌러 기기를 켭니다.
4. CFX Maestro Dx SE를 시작합니다.

소프트웨어는 연결된 기기를 자동으로 감지하며 Home(홈) 창의 Detected Instruments(감지된 기기) 창에 기기 이름을 표시합니다.

**참고:** 기기가 Detected Instruments(감지된 기기) 창에 표시되지 않으면 USB 케이블이 제대로 설치되었는지 확인하십시오. 드라이버를 다시 설치하려면 CFX Maestro Dx SE의 Home(홈) 창에서 Tools(도구) > Reinstall Instrument Drivers(기기 드라이버 재설치)를 선택하십시오.



## 소프트웨어 파일

표4에는 CFX Maestro Dx SE 파일 형식이 나와 있습니다.

**표4. CFX Maestro Dx SE 파일 형식**

파일 형식	확장자	세부 사항
프로토콜	.prcl	PCR 실행을 위한 프로토콜 설정 세부 사항이 포함되어 있습니다.
플레이트	.pltd	PCR 실행을 위한 플레이트 설정 세부 사항이 포함되어 있습니다.
데이터	.pcrd	실험 실행 및 PCR 분석 결과가 포함되어 있습니다.
PrimePCR 실행	.csv	Prime PCR 플레이트의 프로토콜 및 플레이트 레이아웃이 포함되어 있습니다.
유전자 연구	.mgxd	여러 PCR 실행 및 유전자 발현 분석의 결과가 포함되어 있습니다.
독립형 사전 데이터 파일	.zpcr	데이터 파일로 전환되는 독립형 작동 형광 판독값이 포함되어 있습니다.
LIMS	.plrn	LIMS 호환 결과를 실행하는 데 필요한 플레이트 설정 및 프로토콜 정보가 포함되어 있습니다.
JSON	.json	CFX Opus Dx 시스템에서만 생성되는 읽기 전용 파일입니다. 이 파일에는 실행 파일을 선택할 때 File Browser(파일 브라우저)의 세부 정보 창에 나타나는 실행 파일 데이터가 포함되어 있습니다. 이 파일은 실행이 완료된 후에 생성됩니다. 저장 위치가 USB 드라이브 또는 공유 네트워크 폴더일 때 .zpcr 파일과 함께 내보내지고 데이터 파일과 함께 저장됩니다.



## 3장 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 계정 관리

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition에서 사용자는 Windows 사용자 이름과 암호로 로그인합니다. CFX Maestro Dx SE를 설치한 사람에게 Administrator 역할이 자동으로 할당되며 사용자 계정 및 역할을 만들고 관리할 수 있습니다. 소프트웨어에 로그인하여 사용하려면 다른 모든 사용자에게 사용자 계정이 할당되어야 합니다.

**중요:** 사용자 계정과 역할을 할당하려면 먼저 각 사용자는 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 Windows 계정과 암호가 있어야 합니다. 사용자는 Windows 사용자 그룹 또는 Windows 관리자 그룹의 구성원이 될 수 있습니다. Windows 사용자 그룹의 구성원은 자신의 CFX Maestro Dx SE 파일 및 폴더에만 액세스할 수 있습니다. Windows 관리자 그룹의 구성원은 컴퓨터에 있는 모든 사용자의 파일과 폴더에 액세스할 수 있습니다.

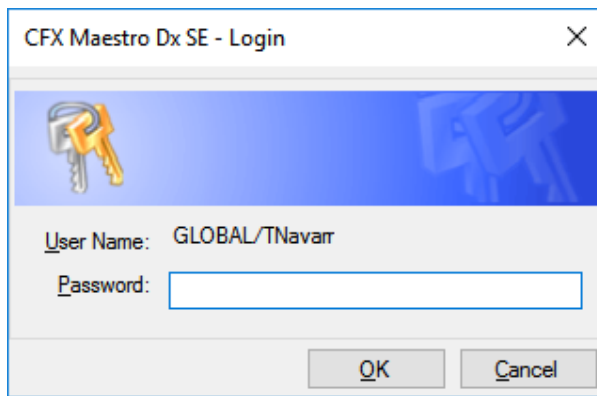
이 장에서는 해당 사용자를 CFX Maestro Dx SE에 추가하기 위해 Microsoft Windows 사용자를 생성하는 방법에 대해 설명합니다. 또한 CFX Maestro Dx SE 사용자를 추가하고 사용자 역할과 권한을 관리하는 방법도 설명합니다.

## CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 시작

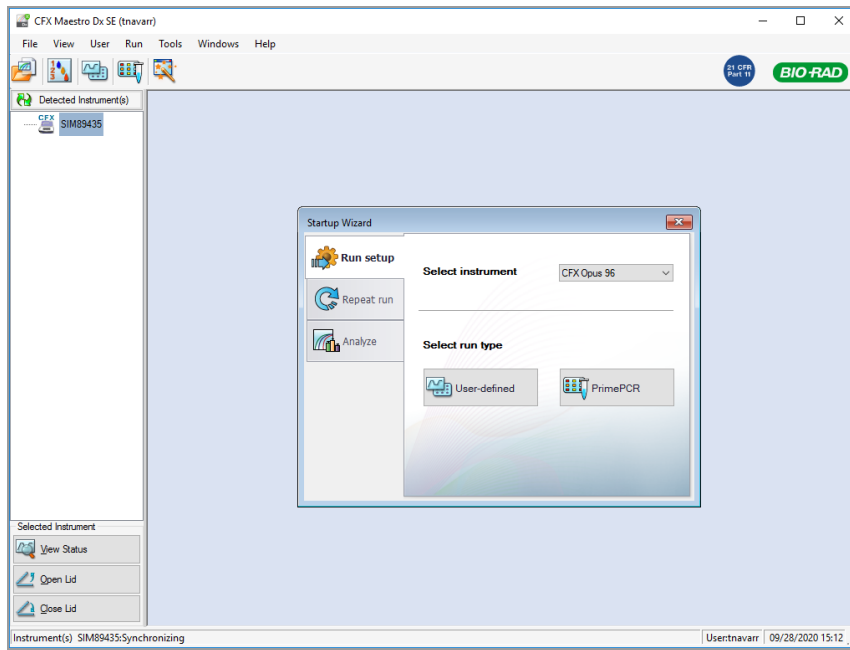
**참고:** 각 사용자는 Windows 사용자 이름과 암호를 사용하여 로그인해야 합니다.

### CFX Maestro Dx SE를 시작하는 방법

1. CFX Maestro Dx SE 컴퓨터 바탕 화면에서 CFX Maestro Dx SE 바로 가기 아이콘을 두 번 클릭하여 응용프로그램을 시작합니다.
2. Login(로그인) 대화 상자에서 Windows 암호를 입력하고 OK(확인)을 클릭합니다.



CFX Maestro Dx SE에서 홈 창이 열립니다. 제목 표시줄에는 로그인한 사용자의 Windows 사용자 이름이 표시되고 메뉴 표시줄에는 소프트웨어가 21 CFR Part 11을 준수함을 나타내는 파란색 스티커가 표시됩니다. 예를 들면 다음과 같습니다.



## Microsoft Windows 사용자를 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 컴퓨터에 추가

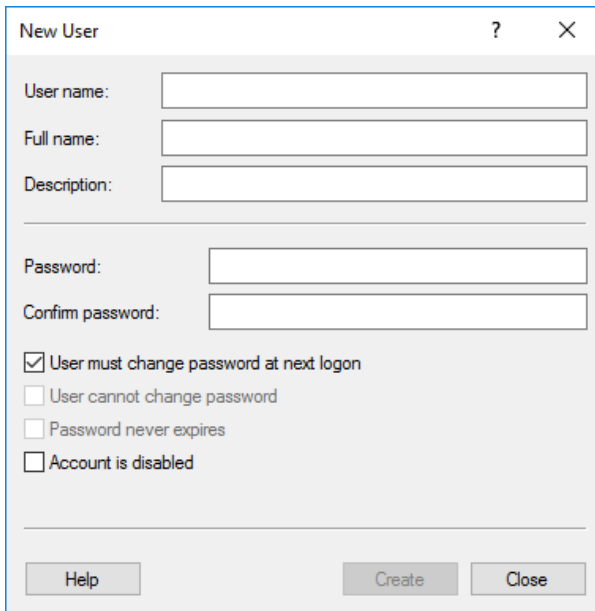
모든 사용자는 Windows 사용자 이름과 암호로 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 로그인해야 합니다. 정확한 감사 추적을 위해 시작 > 설정 > 계정 대화 상자를 통해 Windows 사용자 계정을 추가할 수 없습니다. Windows 사용자 계정은 컴퓨터 관리 콘솔을 통해 추가해야 합니다.

**중요:** 관련 CFX Maestro Dx SE 사용자를 만든 후 Windows 사용자 속성(사용자 이름 및 전체 이름 포함)을 변경하면 CFX Maestro Dx SE 사용자가 무효화됩니다. Windows 사용자를 저장하고 관련 CFX Maestro Dx SE 사용자를 만들기 전에 정보가 올바른지 확인하십시오.

**팁:** Windows 계정을 만들기 전에 Microsoft Windows 관리 설명서를 검토하고 자세한 내용은 Windows 시스템 관리자에게 문의하십시오.

### Windows 사용자 계정을 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 추가하는 방법

1. CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 Windows 관리자 그룹의 구성원으로 로그인합니다.
2. 바탕 화면에서 내 컴퓨터를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Manage(관리)를 선택하여 Computer Management(컴퓨터 관리) 콘솔을 엽니다.
3. Computer Management(컴퓨터 관리) 콘솔에서 Local Users and Groups(로컬 사용자 및 그룹)을 확장합니다.
4. Users(사용자) 폴더를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 New User(새 사용자)를 선택하여 New User(새 사용자) 대화 상자를 엽니다.



The image shows a 'New User' dialog box with the following fields and options:

- User name: [Text Input]
- Full name: [Text Input]
- Description: [Text Input]
- Password: [Text Input]
- Confirm password: [Text Input]
- User must change password at next logon
- User cannot change password
- Password never expires
- Account is disabled

Buttons at the bottom: Help, Create, Close.

5. New User(새 사용자) 대화 상자에서 다음 필드를 완료해야 합니다.
  - User name(사용자 이름)
  - Full name(전체 이름)
  - Password(암호)
  - Confirm password(암호 확인)
6. Create(만들기)를 클릭합니다.

## CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 추가 및 제거

**팁:** CFX Maestro Dx SE Administrator 역할을 가진 사용자만 CFX Maestro Dx SE 사용자 계정을 만들고 제거할 수 있습니다. CFX Maestro Dx SE를 설치한 사람에게 Administrator 역할이 자동으로 할당됩니다. 이 사람은 다른 사용자에게 Administrator 역할을 할당할 수 있습니다.

**참고:** CFX Maestro Dx SE에서 한 명 이상의 사용자에게 Administrator 역할이 할당되어야 합니다.

### CFX Maestro Dx SE 사용자 계정을 추가하는 방법

1. 각 의도된 사용자가 Windows 사용자 그룹 또는 Windows 관리자 그룹의 구성원이고 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 Windows 암호가 있는지 확인합니다.
2. CFX Maestro Dx SE를 시작한 후 Administrator로 로그인합니다.
3. Home(홈) 창에서 User(사용자) > User Administration(사용자 관리)을 선택합니다.

User Administration(사용자 관리) 대화 상자가 표시됩니다.

The image shows the 'User Administration' dialog box. It is divided into two main sections: 'Manage Users' and 'Manage Rights (Managed by Administrator only)'. The 'Manage Users' section contains a table with columns for User Name, Full Name, Role, Domain, and Remove. The 'Manage Rights' section contains a table with columns for Rights, Principal, Operator, and Guest, with checkboxes for each user role.

Manage Users					
	User Name	Full Name	Role	Domain	Remove
1	tnavar	Theresa Navarro	Administrator	GLOBAL	<input type="checkbox"/>
2	vbala	Vivek Balaguru	Principal	USHERJ28KYF2	<input type="checkbox"/>
3	msnyder	Matther Snyder	Principal	USHERJ28KYF2	<input type="checkbox"/>
4	bbrizel	Bradley Brizel	Operator	GLOBAL	<input type="checkbox"/>
5	Guest	Guest User	Guest	USHERJ28KYF2	<input type="checkbox"/>
6					<input type="checkbox"/>

Manage Rights (Managed by Administrator only)				
	Rights	Principal	Operator	Guest
1	Start, pause and abort runs	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
2	Add repeats to a run	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
3	Perform skip steps	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
4	Perform instrument calibration	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
5	Apply different calibrations to a data	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
6	Edit or replace plate during run	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
7	Edit or replace the plate after a run	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
8	Rename instruments	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
9	Save any file	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
10	Change threshold and baselines	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
11	Print reports	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
12	Setup Email	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Buttons: Restore Default Rights, OK, Cancel



4. Manage Users(사용자 관리) 섹션에서 각 사용자에게 다음 정보를 제공합니다.
  - **User name(사용자 이름)** — CFX Maestro Dx SE에서 사용자의 Windows 로그인 사용자 이름이  
여야 합니다.
  - **Full name(전체 이름)** — 사용자의 전체 이름입니다.  
  
이 이름은 감사 추적의 Full User(전체 사용자) 필드에 나타납니다. 이 이름은 Windows 사용자  
만들 때 Full Name(전체 이름) 필드에 입력한 이름과 동일해야 합니다.
  - **Role(역할)** — 사용자에게 할당할 역할입니다.  
  
**참고:** 드롭다운 목록에서 역할을 하나만 선택할 수 있습니다. 자세한 내용은 [CFX Maestro  
Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 역할 관리](#)를 참조하십시오.
  - **Domain(도메인)** — 사용자가 소프트웨어에 액세스하는 Windows 도메인입니다.  
  
자세한 내용은 Windows 시스템 관리자에게 문의하십시오.
5. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 User Administration(사용자 관리)  
대화 상자를 닫습니다.

#### CFX Maestro Dx SE 사용자 계정을 제거하는 방법

1. CFX Maestro Dx SE를 시작한 후 Administrator로 로그인합니다.
2. Home(홈) 창에서 User(사용자) > User Administration(사용자 관리)를 선택하여 User Administration  
(사용자 관리) 대화 상자를 엽니다.
3. Manage Users(사용자 관리) 창에서 제거할 각 사용자에게 대해 Remove(제거)를 선택합니다.
4. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 User Administration(사용자 관리)  
대화 상자를 닫습니다.

## CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 역할 관리

**중요:** CFX Maestro Dx SE에서는 한 명 이상의 사용자에게 Administrator 역할을 할당해야 합니다. 두  
명 이상의 사용자에게 이 역할을 할당할 수 있습니다.

CFX Maestro Dx SE에는 4개의 사용자 역할이 있습니다. 소프트웨어에 액세스하려면 각 사용자에게 역할  
을 할당해야 합니다. 사용자에게 하나의 역할만 할당할 수 있지만 언제든지 사용자의 역할을 변경할 수 있  
습니다.

Administrator 역할을 제외하고 각 역할에 할당된 권한을 변경할 수 있습니다. 역할이 할당된 모든 사용자  
는 해당 역할의 권한만 상속합니다.

기본적으로 각 역할에 대한 권한은 다음과 같습니다.

- Administrator — 모든 권한이 있으며, 이러한 권한은 변경할 수 없습니다.

- Principal — 이메일 설정을 제외한 모든 권한이 있습니다.
- Operator — 사이클을 건너뛰고 이메일을 설정하는 것을 제외한 모든 권한이 있습니다.
- Guest — 파일을 읽을 수만 있습니다.

CFX Maestro Dx SE에서 역할을 할당할 때 각 사용자의 요구 사항을 신중하게 결정하십시오. 예를 들어 저장 권한이 없으면 Guest 역할이 할당된 사용자는 파일에 서명할 수 없습니다. 이메일 계정을 설정할 수 있는 권한이 없으면 실행이 완료될 때 어떤 역할도 이메일을 수신하지 않습니다.

### 역할에 대한 권한을 수정하는 방법

1. CFX Maestro Dx SE를 시작한 후 Administrator로 로그인합니다.
2. Home(홈) 창에서 User(사용자) > User Administration(사용자 관리)를 선택하여 User Administration(사용자 관리) 대화 상자를 엽니다.
3. Manage Rights(권한 관리) 섹션에서 각 역할에 대해 필요에 따라 특정 권한의 확인란을 선택 취소하거나 선택합니다.
4. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 User Administration(사용자 관리) 대화 상자를 닫습니다.

## 역할 및 권한 보기

**팁:** Principal, Operator 또는 Guest 사용자 역할이 지정된 사용자는 사용자 설정, 권한 및 역할을 볼 수만 있습니다. Administrator 역할이 할당된 사용자는 모든 사용자 권한 및 역할을 볼 수 있습니다.

### 현재 사용자 역할 및 권한 확인 방법

- ▶ Home(홈) 창에서 User(사용자) > User Administration(사용자 관리)을 선택하십시오.

User Administration(사용자 관리) 창에 나열된 사용자 설정, 권한, 역할을 수정하려면 CFX Maestro Dx SE 관리자에게 문의하십시오.

## 4장 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용

**중요:** CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition에서는 Microsoft Windows 사용자 인증을 사용하여 보안 CFX 데이터 파일에 대한 액세스를 확인합니다. 21 CFR Part 11 요구 사항을 준수하는 환경을 만들려면 Windows 관리자에게 문의하십시오.

CFX Maestro Dx SE를 사용하면 다음 작업을 수행할 수 있습니다.

- 데이터 및 유전자 연구 파일에 서명합니다.
- 암호는 데이터 파일을 보호합니다.
- 감사 추적을 보고 인쇄합니다.

이 섹션에서는 이러한 기능에 대해 자세히 설명합니다.

### 보안 파일

기본적으로 CFX Maestro Dx SE는 로그인한 사용자의 개인 폴더에 보안 파일을 저장합니다.

C:\Users\\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDX\My qPCR

해당 폴더에 .pcrd 파일을 저장하고 편집할 수 있습니다. 이 폴더에는 읽기 전용 파일이 포함된 다른 폴더(예: 샘플 파일 폴더)에 대한 링크가 있습니다. 그러나 관리자는 해당 폴더의 내용을 삭제할 수 있습니다.

**팁:** 또는 Windows 시스템 관리자가 공유 폴더를 만들고 CFX Maestro Dx SE 관리자는 모든 파일을 해당 폴더에 저장하도록 소프트웨어를 프로그래밍할 수 있습니다.

CFX Maestro Dx SE에서 플레이트, 프로토콜, 데이터 및 유전자 연구 파일은 저장될 때 안전한 것으로 표시됩니다. CFX Maestro 소프트웨어 또는 CFX Maestro Dx SE에서 이 파일을 만들 수 있습니다. 이러한 파일은 CFX Maestro Dx SE에 저장한 후 CFX Maestro Dx SE에서만 열 수 있습니다.

CFX Maestro Dx SE는 모든 보안 데이터 및 유전자 연구 파일(각각 .pcrd 및 .mgxd 파일)에 대한 감사 추적을 생성합니다. 소프트웨어는 파일의 감사 추적에 감사 가능한 모든 활동을 기록합니다. 자세한 내용은 [291페이지의 감사 추적](#)을 참조하십시오.

### 보안 파일 서명

CFX Maestro Dx SE에 파일을 저장한 후 사용자는 전자 서명을 추가할 수 있습니다. 파일에 서명하려면 사용자의 역할에 파일을 저장할 수 있는 권한이 있어야 합니다. 예를 들어 기본적으로 Guest 역할에는 파일

을 저장할 수 있는 권한이 없으므로 이 역할이 할당된 사용자는 파일에 서명할 수 없습니다.

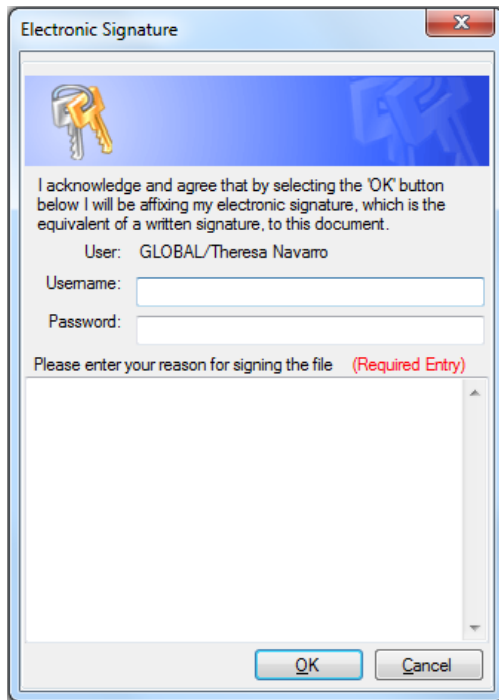
CFX Maestro Dx SE에서 서명된 파일은 읽기 전용으로 설정되지 않습니다. 해당 파일은 여러 번 검토, 수정 및 서명할 수 있습니다. 모든 변경 사항과 서명은 파일의 감사 추적에서 추적됩니다. 다음 파일 형식에 서명할 수 있습니다.

- 데이터 파일(.pcrd)
- 유전자 연구 파일(.mgxd)

**참고:** 서명하기 전에 파일을 저장해야 합니다. 최근에 CFX Maestro Dx SE에서 결과를 수행한 경우 결과 데이터 파일을 먼저 저장하십시오.

### 파일에 서명하는 방법

1. Windows 로그인 자격 증명으로 CFX Maestro Dx SE에 로그인합니다.
2. 서명할 보안 데이터 파일 또는 유전자 연구 파일을 엽니다.
3. File(파일) > Sign(서명)을 선택합니다. Electronic Signature(전자 서명) 대화 상자가 나타납니다.



4. Windows 사용자 이름과 암호 및 파일 서명 이유를 입력합니다.

사용자 이름과 서명 이유는 감사 추적에 포함됩니다(자세한 내용은 [291페이지의 감사 추적](#)을 참조하십시오).

5. OK(확인)를 클릭하여 서명을 제출하고 대화 상자를 닫습니다.

## 보안 파일 수정

CFX Maestro Dx SE에서 사용자는 서명된 데이터와 서명되지 않은 데이터 및 유전자 연구 파일을 포함한 보안 파일을 수정할 수 있습니다. 소프트웨어는 수정된 보안 데이터 또는 유전자 연구 파일을 저장할 때 변경 이유를 제공하라는 메시지를 표시합니다. 변경 사항은 파일의 감사 추적에서 추적됩니다.

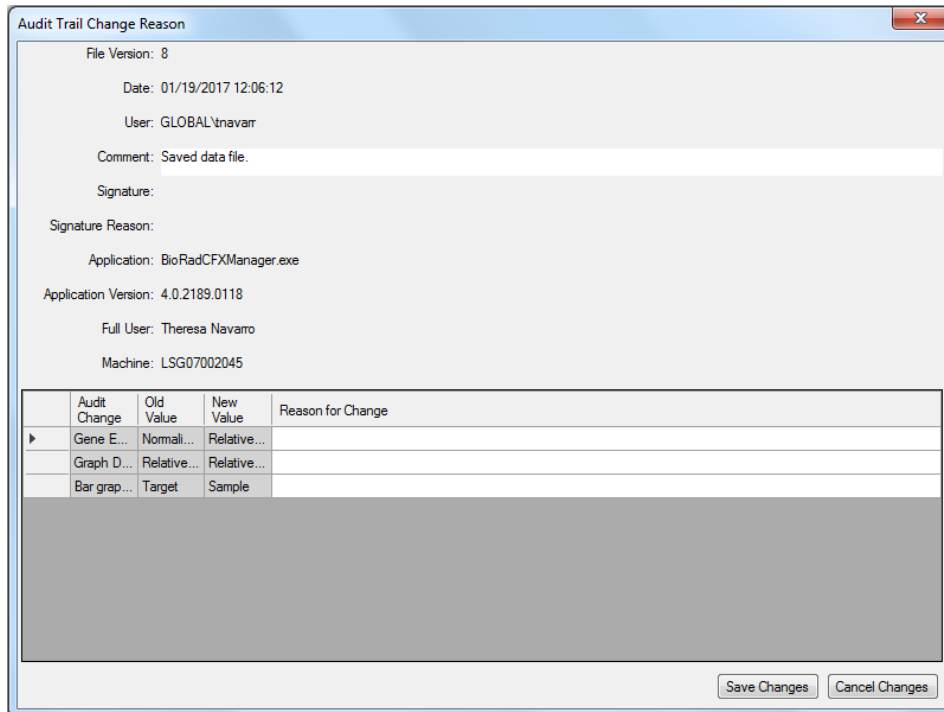
**팁:** 소프트웨어는 플레이트 또는 프로토콜 파일에 대한 감사 추적을 생성하지 않기 때문에 해당 파일에 대한 변경 사항을 저장할 때 이유를 제공하라는 메시지가 표시되지 않습니다.

### 수정된 데이터 또는 유전자 연구 파일을 저장하는 방법

1. Windows 로그인 자격 증명으로 CFX Maestro Dx SE에 로그인합니다.
2. 보안 데이터 파일 또는 유전자 연구 파일을 열고 수정합니다.

**팁:** 감사 가능한 활동 목록은 [293페이지의 감사 가능한 이벤트](#)를 참조하십시오.

3. File(파일) > Save(저장)을 선택합니다. Audit Trail Change Reason(감사 추적 변경 이유) 대화 상자가 나타납니다.



이 대화 상자에는 각 수정 이벤트에 대한 파일의 감사 추적 헤더에 기록된 다음 정보가 표시됩니다.

- **Date(날짜)** — 변경이 발생한 날짜입니다.

- **User(사용자)** — 로그인한 사용자의 Windows 도메인 및 사용자 이름입니다.
- **Comment(설명)** — 마지막으로 저장된 설명입니다.
- **Signature(서명)** — 파일에 마지막으로 서명한 사람의 전자 서명입니다.
- **Signature reason(서명 이유)** — 서명 이유입니다.
- **Application(응용 프로그램)** — CFX Maestro Dx SE(올바른 BioRadCFXManager.exe로 나타납니다).
- **Application version(응용 프로그램 버전)** — CFX Maestro Dx SE의 현재 버전입니다.
- **Full user(전체 사용자)** — 로그인한 사용자의 전체 이름입니다.

참고: 이 이름은 감사 추적에 표시됩니다.

- **Machine(컴퓨터)** — 설치된 컴퓨터입니다.

변경 테이블에는 수정의 결과로 발생한 감사 가능한 변경이 표시됩니다. 변경 이유에 대한 간략한 설명도 표시될 수 있습니다.

**팁:** Reason for Change(변경 이유) 열에서 설명을 추가하거나 편집할 수 있습니다.

4. 변경 목록을 검토합니다. 필요한 경우 자세한 이유를 제공합니다.
5. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - **Save Changes(변경 사항 저장)**을 클릭하여 파일에 대한 변경 사항과 테이블에 대한 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.  
파일의 변경 사항과 변경 이유는 파일의 감사 추적에 나타납니다.
  - **Cancel Changes(변경 취소)**를 클릭하여 파일을 이전 상태로 되돌리고 대화 상자를 닫습니다.  
변경 사항은 파일에 저장되지 않으며 감사 추적은 업데이트되지 않습니다.

## 파일을 보호하는 암호

추가 보안 수준으로 CFX Maestro Dx SE에서는 사용자가 모든 보안 파일에 암호를 설정할 수 있습니다. 보안 파일에 암호를 설정할 때 다음 조건을 고려하십시오.

조건	동작
암호가 필요하지 않습니다.	모든 사용자는 권한에 따라 보안 파일을 열고 수정하고 저장할 수 있습니다.
파일에는 저장 암호가 필요합니다.	모든 사용자는 보안 파일을 열 수 있으며 저장 암호를 아는 사용자는 보안 파일을 수정하고 저장할 수 있습니다.
파일에는 열기 암호가 필요합니다.	열기 암호를 아는 사용자만 보안 파일을 열고, 수정하고, 저장할 수 있습니다.
파일에는 열기 암호와 저장 암호가 모두 필요합니다.	일부 사용자는 보안 파일을 열 수 있으며 해당 사용자의 하위 그룹은 파일을 수정하고 저장할 수 있습니다.

사용자의 역할에 따라 사용자는 다른 이름으로 저장을 수행하여 다른 이름으로 새 보안 파일을 만들거나 다음 중 하나에 해당하는 동일한 이름의 파일을 다른 위치에 저장할 수 있습니다.

- 보안 파일은 암호로 보호되지 않습니다.
- 사용자는 파일을 열 수 있는 암호가 있습니다.

**팁:** 새 파일은 암호 보호 없이 저장됩니다. 원본 파일은 암호를 유지합니다.

역할에 따라 사용자는 다음 중 하나에 해당되는 원본 파일을 수정하고 저장할 수 있습니다.

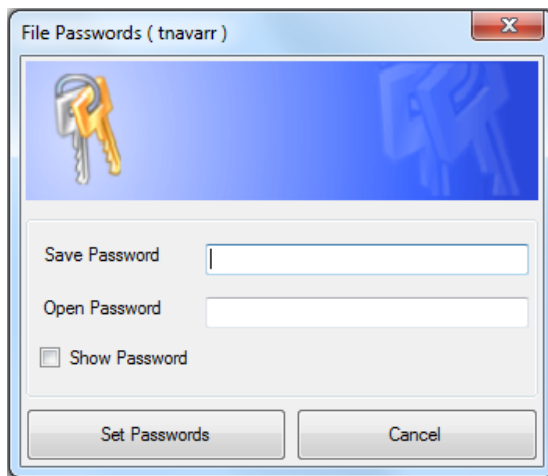
- 파일이 암호로 보호되지 않습니다.
- 사용자는 파일 열기 암호와 저장 암호를 가지고 있습니다.

**참고:** 사용자의 역할에는 암호를 설정하기 위해 파일을 저장할 수 있는 권한이 포함되어야 합니다. 예를 들어 Guest 역할의 사용자는 파일을 저장할 수 없으므로 파일에 암호를 설정할 수 없습니다.

**중요:** CFX Maestro Dx SE 관리자만 암호를 재설정하거나 제거할 수 있습니다.

### 파일을 암호로 보호하려면

1. Windows 자격 증명으로 CFX Maestro Dx SE에 로그인합니다.
2. 보안 파일을 엽니다.
3. File(파일) > File Passwords(파일 암호)를 선택합니다. File Passwords(파일 암호) 대화 상자가 나타납니다.



4. Save Password(저장 암호) 및 Open Password(열기 암호) 상자에 암호를 입력합니다.

**팁:** 기본적으로 암호는 입력할 때 별표 문자로 표시됩니다. Show Password(암호 표시)를 선택하면 입력할 때 암호가 표시됩니다.

**중요:** 암호는 대소문자를 구분합니다. CFX Maestro Dx SE는 암호에 대한 제한을 설정하지 않습니다. 가장 좋은 방법은 사이트의 암호 요구 사항에 대해 시스템 관리자에게 문의하는 것입니다.

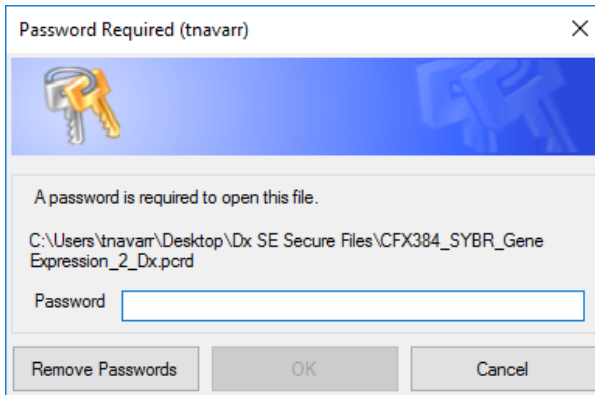
5. Set Passwords(암호 설정)를 클릭하여 암호를 설정하고 대화 상자를 닫습니다.
6. File(파일) > Save(저장)를 선택하여 변경 사항을 파일에 저장합니다.



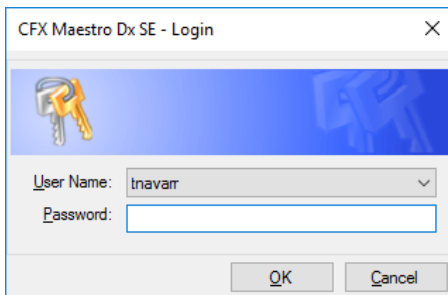
## 암호를 제거하는 방법

**중요:** 암호를 제거하려면 CFX Maestro Dx SE 관리자여야 합니다.

1. Password Required(암호 필요) 대화 상자에서 Remove Passwords(암호 제거)를 클릭합니다.



CFX Maestro Dx SE Login(로그인) 대화 상자가 나타납니다.



2. CFX Maestro Dx SE 관리자의 Windows 사용자 이름과 암호를 제공한 후 OK(확인)를 클릭합니다.

원본 데이터 파일이 나타납니다.

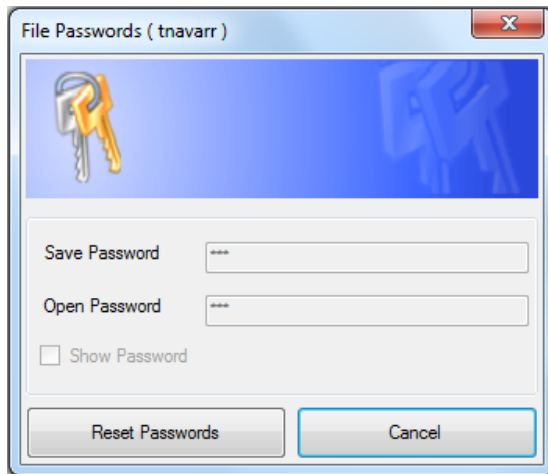
**중요:** 암호를 제거하려면 파일을 저장해야 합니다.

3. File(파일) > Save(저장)를 선택하여 변경 사항을 파일에 저장합니다.

## 암호를 변경하는 방법

**중요:** CFX Maestro Dx SE 관리자만 암호를 변경할 수 있습니다.

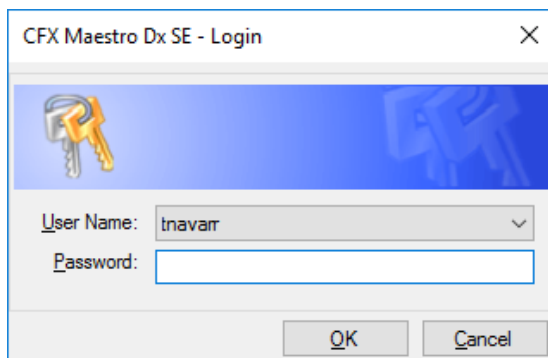
1. 보안 파일을 엽니다.
2. File(파일) > File Passwords(파일 암호)를 선택합니다. File Passwords(파일 암호) 대화 상자가 나타납니다.



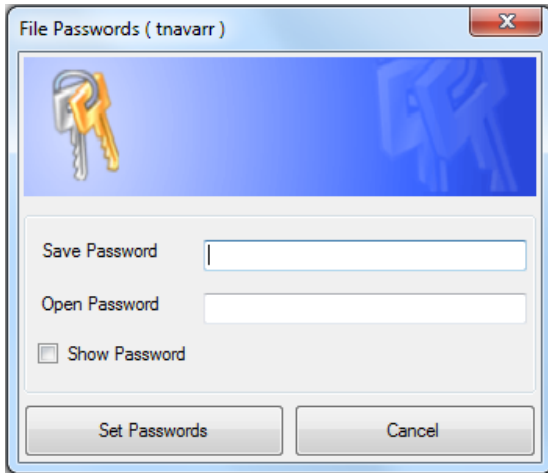
**팁:** Save Password(저장 암호), Open Password(열기 암호) 및 Show Password(암호 표시)가 비활성화됩니다.

3. Reset Passwords(암호 재설정)을 클릭합니다.

CFX Maestro Dx SE Login(로그인) 대화 상자가 나타납니다.



4. CFX Maestro Dx SE 관리자의 Windows 사용자 이름과 암호를 제공한 후 OK(확인)를 클릭합니다.  
File Passwords(파일 암호) 대화 상자가 나타납니다.



5. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 암호 보호를 재설정하려면 해당 암호 상자에 새 암호를 입력합니다.
  - 암호 보호를 제거하려면 암호 상자 선택을 취소합니다.
6. Set Passwords(암호 설정)를 클릭하여 암호 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 종료합니다.



## 5장 작업 영역

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition은 플레이트 설정, PCR 프로토콜 개발, CFX Opus Dx Deepwell Dx 기기에서의 실행 및 PCR 실행 데이터 분석을 위한 인터페이스를 제공합니다.

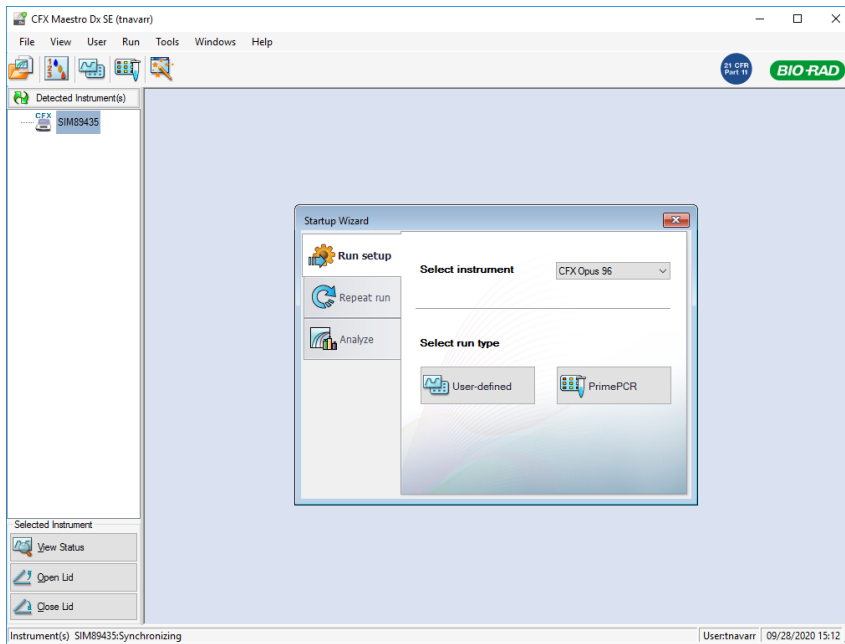
CFX Maestro Dx SE에는 다섯 가지 주요 작업 영역이 있습니다.

- 홈 창
- 시작 마법사
- 프로토콜 편집기 창
- 플레이트 편집기 창
- 데이터 분석 창

각 작업 영역과 간략한 설명을 이 장에서 확인할 수 있습니다.

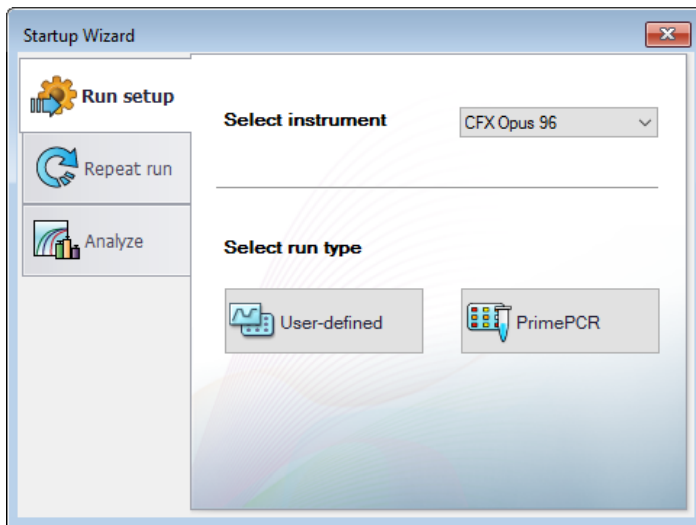
## 홈 창

CFX Maestro Dx SE는 Home(홈) 창을 열고 Startup Wizard(시작 마법사)를 표시하는데, 여기에서 실험, 수행 또는 실행 반복이나 기존 실행 분석을 설정할 수 있습니다. 또한 Home(홈) 창에서 응용프로그램과 기기 로고를 볼 수 있고, 사용자를 만들거나 관리할 수 있으며 다수의 유용한 도구에 액세스할 수 있습니다. 자세한 내용은 6장, 홈 창을 참조하십시오.



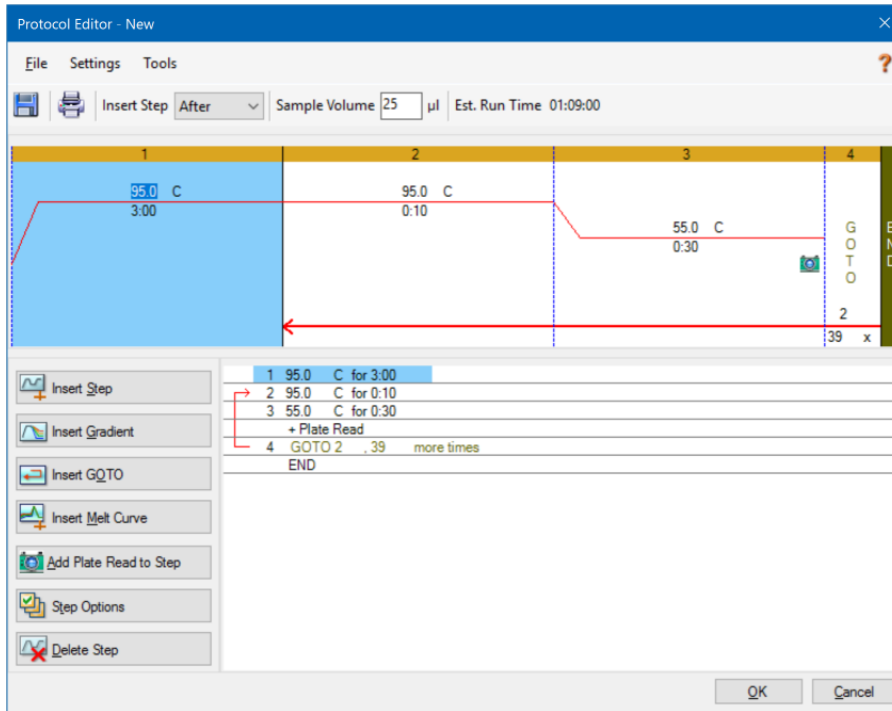
## 시작 마법사

Startup Wizard(시작 마법사)를 사용하여 사용자 정의 실험을 빠르게 설정하고 실행하며 PrimePCR 실험을 실행합니다. 또한 이 마법사를 사용하여 실행을 반복하거나 실행 데이터를 분석할 수 있습니다.



## 프로토콜 편집기 창

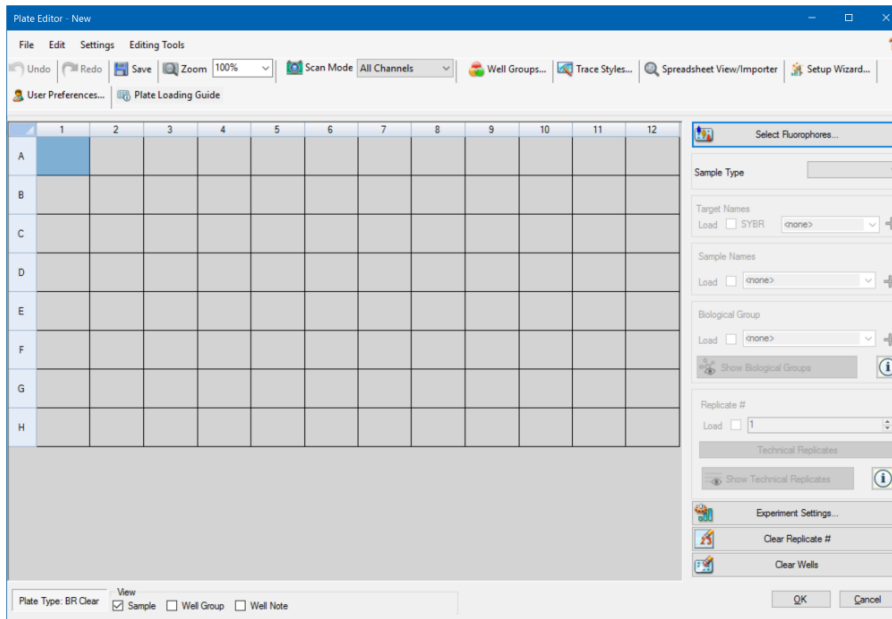
Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창에서는 프로토콜을 생성, 열기, 검토, 편집할 수 있습니다. 열린 프로토콜의 뚜껑 온도를 수정할 수도 있습니다. Protocol Editor(프로토콜 편집기) 기능은 7장, 프로토콜 만들기에 자세히 설명되어 있습니다.





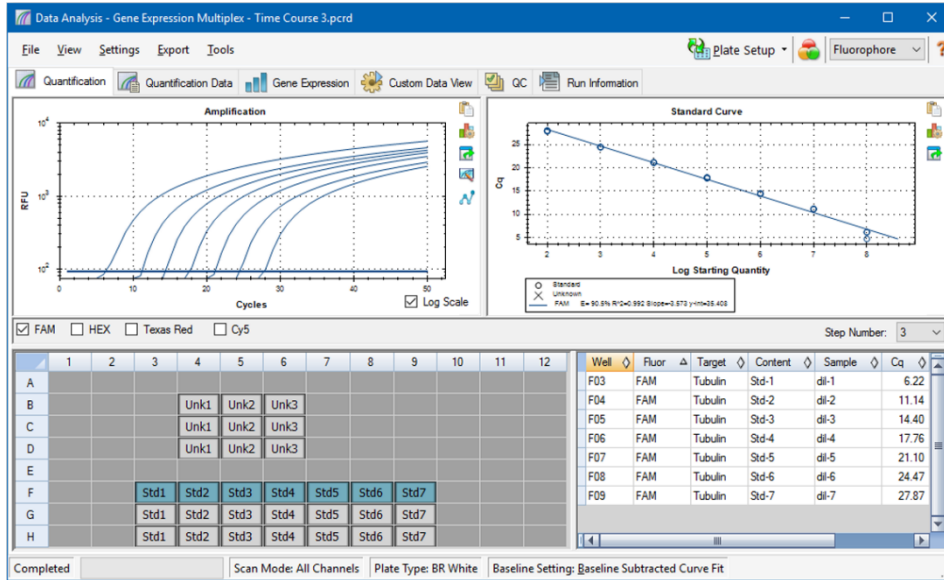
## 플레이트 편집기 창

Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서는 플레이트를 생성, 열기, 검토, 편집할 수 있습니다. Plate Editor(플레이트 편집기) 기능은 8장, [플레이트 준비](#)에 자세히 설명되어 있습니다.



## 데이터 분석 창

Data Analysis(데이터 분석) 창에서는 실행 데이터를 확인 및 비교하고, 통계 분석을 수행하고, 데이터를 내보내고, 출판용 보고서를 생성할 수 있습니다. 데이터 분석 기능은 10장, 데이터 분석 개요 및 11장, 데이터 분석 세부 사항에서 자세히 설명합니다.



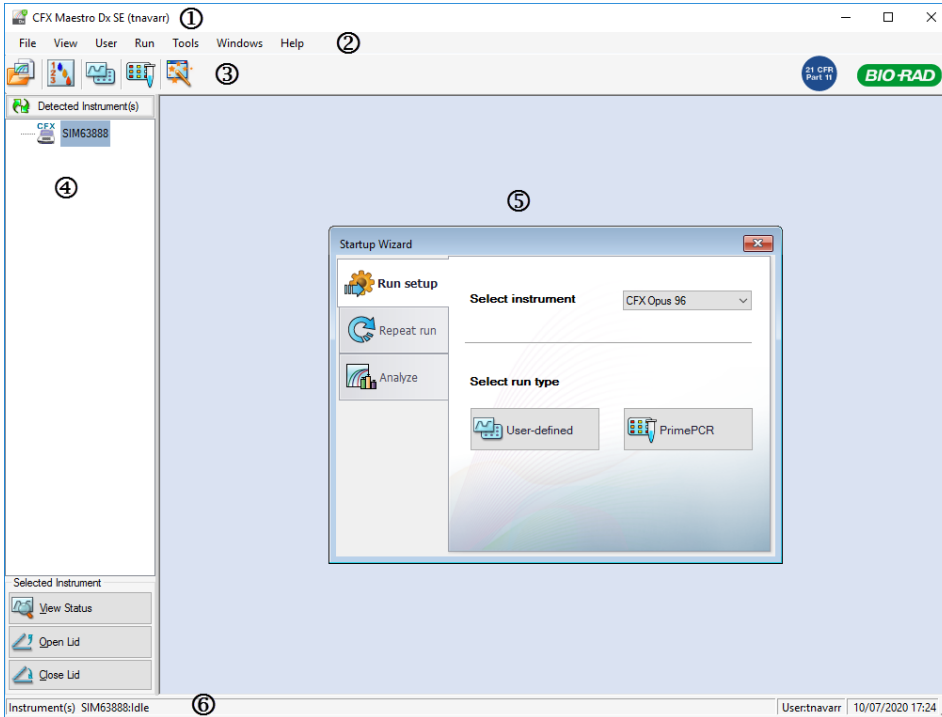
## 6장 홈 창

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition에서는 PCR 프로토콜을 개발하고, CFX Dx 시스템에서 이 프로토콜을 실행하며, PCR 실행 데이터를 분석하기 위한 인터페이스를 제공합니다.

이 절에서는 CFX Maestro Dx SE를 소개하고 Home(홈) 창에서 액세스할 수 있는 기능을 설명합니다.

## 홈 창

CFX Maestro Dx SE는 Home(홈) 창을 열고 Startup Wizard(시작 마법사)를 표시하는데, 여기에서 실행, 실행 수행 또는 반복이나 기존 실행 분석을 설정할 수 있습니다. 또한 Home(홈) 창에서 응용프로그램과 기기 로그를 볼 수 있고, 사용자를 만들거나 관리할 수 있으며 다수의 유용한 도구에 액세스할 수 있습니다.



### 범례

1. 소프트웨어 제목 표시줄에는 소프트웨어 이름과 로그인한 사용자의 이름이 표시됩니다.

---

2. 메뉴 바로 File(파일) View(보기), Users(사용자), Run(실행), Tools(도구), Window(창) 및 Help (도움말) 메뉴 명령에 빠르게 액세스할 수 있습니다.

---

3. 툴바 명령으로 메뉴 옵션에 빠르게 액세스할 수 있습니다.

---

4. 왼쪽 창에는 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 연결된 기기가 표시되며 뚜껑을 작동할 수 있고 기기 상태를 볼 수 있는 버튼이 제공됩니다.

---

5. 기본 창에는 작업 창이 표시됩니다. Home(홈) 화면의 기본 작업 창은 Startup Wizard(시작 마법사)입니다.

---

6. 상태 표시줄에는 연결된 기기의 이름과 로그인 사용자 이름이 표시됩니다.

## 파일 메뉴 명령

**New(새 작업)** — 새 프로토콜, 플레이트 또는 유전자 연구를 작성하기 위해 선택할 수 있는 대화 상자를 엽니다.

**Open(열기)** — 기존 프로토콜, 플레이트, 데이터 파일, 유전자 연구, LIMS 파일, 독립 실행형 기기(독립형 실행)에서 실행 또는 PrimePCR 실행 파일을 탐색하고 열기 위해 선택할 수 있는 대화 상자를 엽니다.

**Recent Data Files(최근 데이터 파일)** — 최근에 연 PCR 파일 목록을 표시합니다.

**Repeat a Run(실행 반복)** — 저장한 PCR 파일의 위치로 Windows 탐색기를 열고, 여기에서 반복할 실행의 위치를 찾을 수 있습니다.

**Exit(나가기)** — CFX Maestro Dx SE를 닫습니다.

## 보기 메뉴 명령

**Application Log(응용프로그램 로그)** — 첫 설치 시점부터 현재까지의 소프트웨어 사용 로그를 표시합니다.

**Run Reports(실행 보고서)** — 실행 보고서 목록을 표시합니다.

**Startup Wizard(시작 마법사)** — 기본 창에 Startup Wizard(시작 마법사)를 표시합니다.

**Run Setup(실행 설정)** — 기본 창에 Run Setup(실행 설정) 창을 표시합니다.

**Instrument Summary(기기 요약)** — 기본 창에 Instrument Summary(기기 요약) 창을 표시합니다.

**Detected Instruments(감지된 기기)** — 왼쪽 창에 연결된 기기를 표시하거나 표시하지 않는 보기 간에 전환합니다. 기본적으로 소프트웨어는 왼쪽 창에 연결된 기기를 표시합니다.

**Toolbar(툴바)** — 화면 상단에 툴바를 표시하거나 표시하지 않는 보기 간 전환합니다. 기본적으로 소프트웨어는 툴바를 표시합니다.

**Status Bar(상태 표시줄)** — 화면 하단에 상태 표시줄을 표시하거나 표시하지 않는 보기가 간 전환합니다. 기본적으로 소프트웨어는 상태 표시줄을 표시합니다.

**Show(표시)** — 다음을 수행할 수 있는 대화 상자를 엽니다.

- 상태 로그 보기 또는 차단
- CFX Maestro Dx SE 데이터 폴더 열기 및 확인
- 사용자 데이터 폴더 열기 및 확인
- LIMS 파일 폴더 열기 및 확인
- PrimePCR 폴더 열기 및 확인
- 실행 내역 확인

- 모든 연결된 기기의 속성 확인

## 사용자 메뉴 명령

**Select User(사용자 선택)** — User Name(사용자 이름) 드롭다운 목록에서 사용자를 선택할 수 있고 응용 프로그램에 로그인할 수 있는 로그인 화면을 엽니다.

**Change Password(암호 변경)** — Change Password(암호 변경) 대화 상자를 열어 사용자가 암호를 변경할 수 있습니다.

**참고:** 이 옵션은 CFX Maestro Dx SE에 대해 비활성화됩니다. 사용자는 CFX Maestro Dx SE 암호를 변경하기 위해 자신의 Windows 암호를 변경해야 합니다.

**User Preferences(사용자 기본 설정)** — User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 열어 다음에 대한 기본 설정을 변경할 수 있습니다.

- 실행 완료 시 이메일 알림 전송 및 수신
- 데이터 파일 저장
- Protocol Editor(프로토콜 편집기) 또는 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)를 통한 프로토콜 작성
- 플레이트 작성
- 데이터 분석
- 유전자 발현 분석 수행
- 데이터 품질 측정
- CFX 기기 데이터 내보내기

**User Administration(사용자 관리)** — User Administration(사용자 관리) 대화 상자를 열어 관리자가 사용자를 생성하고, 역할 권한을 수정하고, 역할을 사용자에게 할당할 수 있습니다.

**Bio-Rad Service Login(서비스 로그인)** — Bio-Rad 기술 서비스 직원 전용입니다. 이 명령을 선택하지 마십시오.

## 실행 메뉴 명령

**User-defined Run(사용자 정의 실행)** — Run Setup(실행 설정) 창을 열며, 여기서 사용자 정의 프로토콜 및 플레이트를 설정하고 선택한 기기에서 PCR 실험을 실행할 수 있습니다.

**PrimePCR Run(PrimePCR 실행)** — 선택한 기기를 바탕으로 로드된 기본값 PrimePCR 프로토콜 및 플레이트 레이아웃으로 Run Setup(실행 설정) 창에서 Start Run(실행 시작) 탭을 엽니다.

**End-Point Only Run(종료점만 실행)** — 선택한 기기를 바탕으로 로드된 기본 종료점 프로토콜 및 플레이트 레이아웃으로 Run Setup(실행 설정) 창에서 Start Run(실행 시작) 탭을 엽니다.

**Qualification Run(검증 실행)** — 선택한 기기에 로드된 기본값 Bio-Rad 검증 프로토콜 및 플레이트 레이아웃으로 Run Setup(실행 설정) 창에서 Start Run(실행 시작) 탭을 엽니다.

## 툴 메뉴 명령

**Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)** — 반응 혼합을 생성하고 계산을 인쇄할 수 있는 Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)를 엽니다.

**Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)** — 새 프로토콜을 쉽게 생성할 수 있는 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기) 대화 상자를 엽니다.

**T<sub>a</sub> Calculator(T<sub>a</sub> 계산기)** — 프라이머의 어닐링 온도를 쉽게 계산할 수 있는 T<sub>a</sub> Calculator(계산기)를 엽니다.

**Dye Calibration Wizard(형광 보정 마법사)** — 새 형광물질에 대해 기기를 보정할 수 있는 Dye Calibration wizard(형광 보정 마법사)를 엽니다.

**Reinstall Instrument Drivers(기기 드라이버 재설치)** — Bio-Rad의 실시간 PCR 시스템과의 통신을 제어하는 드라이버를 재설치합니다.

**Zip Data and Log Files(데이터 및 로그 파일 압축)** — 보관이나 이메일 전송을 위해 파일을 선택하여 압축하고 압축 파일로 저장할 수 있는 대화 상자를 엽니다.

**Batch Analysis(배치 분석)** — 한 번에 두 개 이상의 데이터 파일을 분석하기 위한 파라미터를 설정할 수 있는 Batch Analysis(배치 분석) 대화 상자를 엽니다.

**Options(옵션)** — 다음을 수행할 수 있는 대화 상자를 엽니다.

- 이메일 서버 설정 구성
- LIMS, Seegene 및 기타 데이터 파일의 내보내기 설정 구성

**팁:** Seegene 형식으로 데이터를 내보내도록 선택한 경우 내보내기 시 Seegene Viewer를 자동으로 시작하는 옵션을 선택할 수도 있습니다.

- 사용자 인터페이스에 표시되는 언어(영어, 중국어, 러시아어)를 변경

**중요:** 선택한 언어를 표시하려면 CFX Maestro Dx SE를 다시 시작해야 합니다.

**중요:** 운영 체제의 언어는 CFX Maestro Dx SE 인터페이스에 표시하려는 언어와 일치해야 합니다.

## 도움말 메뉴 명령

**팁:** Help(도움말) 메뉴는 모든 CFX Maestro Dx SE 창에 있는 메뉴 표시줄에서 이용할 수 있습니다.

**Contents(목차)** — CFX Maestro Dx SE 도움말에 Contents(목차) 탭을 표시합니다.

**Index(색인)** — CFX Maestro Dx SE 도움말에 Index(색인) 탭을 표시합니다.

**Search(검색)** — CFX Maestro Dx SE 도움말에 Search(검색) 탭을 표시합니다.

**Open User Guide(사용자 가이드 열기)** — 이 가이드의 PDF를 엽니다.

**Additional Documentation(추가 문서)** — CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템 사용 설명서에 대한 액세스를 제공합니다.

**Release Notes(릴리스 노트)** — 설치된 CFX Maestro Dx SE 버전에 대한 릴리스 노트 문서를 엽니다.

**Video Resources(동영상 관련 자료)** — 설명용 영상 등의 Bio-Rad 동영상 자료가 있는 웹 사이트를 엽니다.

**qPCR Applications and Technologies Web Site(qPCR 응용프로그램 및 기술 웹 사이트)** — Bio-Rad의 qPCR 응용 및 기술 웹 사이트를 열며, 사이트에서 실시간 PCR(qPCR)에 대해 더 자세히 알아볼 수 있습니다.

**PCR Reagents Web Site(PCR 시약 웹 사이트)** — Bio-Rad의 PCR 및 qPCR 시약 웹 사이트를 열며, 사이트에서 PCR 시약, 최고혼합(supermix), 염료, 키트를 주문할 수 있습니다.

**PCR Plastic Consumables Web Site(PCR 플라스틱 소모품 웹 사이트)** — Bio-Rad의 PCR 플라스틱 및 소모품 웹 사이트를 열며, 사이트에서 PCR 플레이트, 플레이트 씰, 튜브, 마개, 기타 플라스틱 액세서리를 주문할 수 있습니다.

**Software Web Site(소프트웨어 웹 사이트)** — Bio-Rad의 PCR 분석 소프트웨어 웹 사이트를 열며, 사이트에서 Bio-Rad CFX Maestro Dx SE의 업데이트된 버전을 주문할 수 있습니다.

**About(소개)** — CFX Maestro Dx SE 저작권 및 버전 정보가 표시됩니다.

## 툴바 명령



— Windows 탐색기를 열고 데이터 파일이나 유전자 연구 파일을 탐색하여 열 수 있습니다.



— Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)를 엽니다.



— Run Setup(실행 설정) 창을 엽니다.



— 선택된 기기를 기준으로 기본 PrimePCR 프로토콜 및 플레이트 배치를 로딩하여 Run Setup(실행 설정) 창을 엽니다.



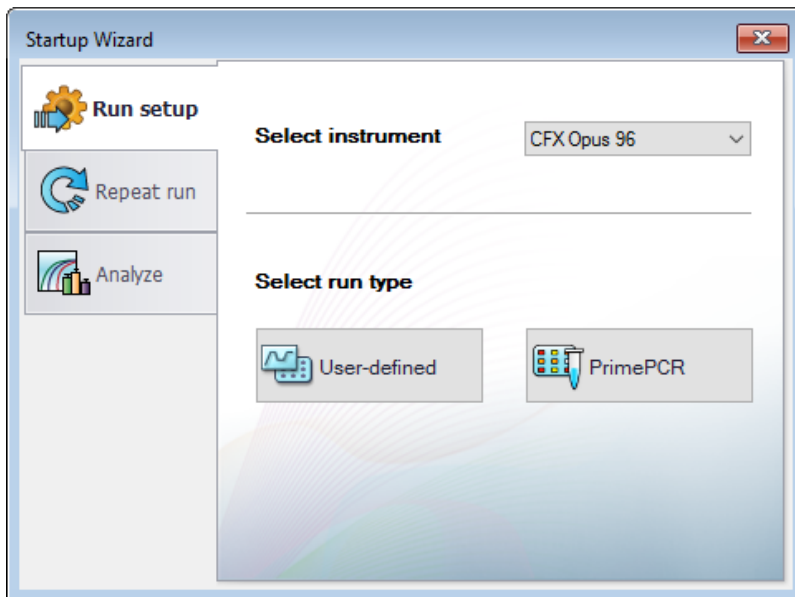


— Startup Wizard(시작 마법사)를 엽니다.

## 시작 마법사

CFX Maestro Dx SE을 시작할 때, 작업 창에 Startup Wizard(시작 마법사)가 표시됩니다. 시작 마법사에서 다음 작업을 할 수 있습니다.

- 감지된 기기에서 기기를 선택하고 사용자 정의 실행 또는 PrimePCR 실행을 설정할 수 있습니다.
- 실행을 열고 반복할 수 있습니다.
- 데이터 파일을 열어 한 번의 실행 결과 또는 여러 유전자 발현 실행 결과에 대한 유전자 연구 파일의 결과를 분석할 수 있습니다.



이러한 작업은 다음 장에 상세히 설명되어 있습니다.

## 상태 표시줄

기본 소프트웨어 창 하단의 상태 표시줄 왼쪽에는 감지된 기기의 현재 상태가 표시됩니다. 상태 표시줄의 오른쪽에는 현재 사용자의 이름과 날짜 및 시간이 표시됩니다.

## 감지된 기기 창

Detected Instruments(감지된 기기) 창에는 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 연결된 각 기기가 표시됩니다. 기본적으로 각 기기는 아이콘으로 표시되며 일련번호는 이름으로 표시됩니다.

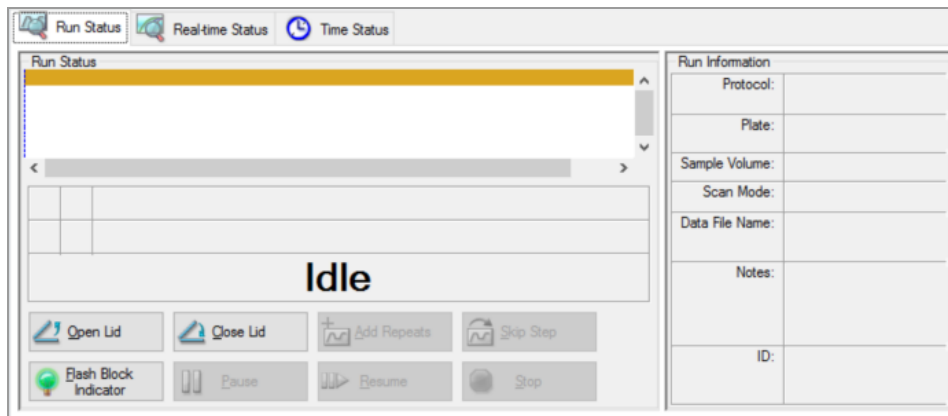
이 창에서 다음 작업을 수행할 수 있습니다.

- 선택한 기기의 속성 및 보정 염료 확인  
기기 속성에 대한 정보는 [72페이지의 기기 속성 보기](#)를 참조하십시오.
- 연결된 기기 상태 확인
- 선택한 기기의 전동 뚜껑 열기
- 선택한 기기의 전동 뚜껑 닫기
- 모든 연결된 기기 상태 확인

### 연결된 기기의 상태를 확인하는 방법

- ▶ Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 대상 기기를 선택하고 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - Selected Instrument(선택한 기기) 섹션에서 View Status(상태 보기)를 클릭하십시오.
  - 마우스 오른쪽 버튼을 클릭한 후 표시된 메뉴에서 View Status(상태 보기)를 선택하십시오.

Run Details(실행 세부 사항) 대화 상자가 나타나고 Run Status(실행 상태) 탭이 표시됩니다. 선택한 기기의 상태가 실행 상태 창 아래에 표시됩니다. 예:



### 기기의 뚜껑을 열거나 닫는 방법

- ▶ Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 대상 기기를 선택하고 다음 중 하나를 수행하십시오.

- Selected Instrument(선택한 기기) 섹션에서 Open Lid(뚜껑 열기) 또는 Close Lid(뚜껑 닫기)를 클릭하십시오.
- 마우스 오른쪽 버튼을 클릭한 후 표시된 메뉴에서 해당하는 동작을 선택하십시오.
- Run Details(실행 세부 사항) 대화 상자를 연 다음 Run Status(실행 상태) 탭을 선택하고 Open Lid(뚜껑 열기) 또는 Close Lid(뚜껑 닫기)를 클릭하십시오.

#### 모든 감지된 기기의 상태를 보는 방법

▶ 다음 중 하나를 수행합니다.

- Detected Instruments(감지된 기기) 창의 All Instruments(모든 기기) 섹션에서 View Summary(요약 보기)를 클릭하십시오.
- 메뉴 바에서 View(보기) > Instrument Summary(기기 요약)를 선택하십시오.










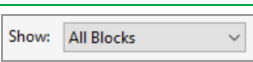
Instrument Summary(기기 요약) 대화 상자가 표시됩니다.

**팁:** 시스템이 연결된 기기를 한 대만 감지할 경우 Detected Instruments(감지된 기기) 창의 All Instruments(모든 기기) 섹션이 표시되지 않습니다. 한 대의 기기에 대한 기기 요약을 확인하려면 View(보기) > Instrument Summary(기기 요약)를 선택하십시오.

## 기기 요약 툴바 제어

표5에는 기기 요약 툴바의 제어 및 기능이 나와 있습니다.

표5. 기기 요약 툴바 제어

버튼	버튼 이름	기능
	새 검사 실행 생성	Run Setup(실행 설정) 창을 열어 선택한 블록에 실행을 생성합니다.
	정지	선택한 블록에 대한 현재 실행을 정지합니다.
	일시 중지	선택한 블록에 대한 현재 실행을 일시 중지합니다.
	재개	선택한 블록에 대한 실행을 재개합니다.
	블록 표시기 점멸	선택한 블록의 뚜껑에 있는 표시기 LED가 점멸합니다.
	뚜껑 열기	선택한 블록의 전동 뚜껑을 엽니다.
	뚜껑 닫기	선택한 블록의 전동 뚜껑을 닫습니다.
	선택한 블록 숨기기	Instrument Summary(기기 요약) 목록에서 선택한 블록을 표시합니다.
	모든 블록 표시	Instrument Summary(기기 요약) 목록에서 선택한 블록을 표시합니다.
	표시	목록에 표시할 블록을 선택합니다. 옵션 중 하나를 선택하여 모든 감지된 블록, 모든 유휴 블록, 현재 사용자가 실행 중인 모든 블록 또는 모든 실행 블록을 표시합니다.

## 기기 속성 보기

Detected Instruments(감지된 기기) 창에서는 선택된 기기의 속성, 운반 나사 상태, 운반 나사 상태 (CFX Connect 및 CFX Touch 기기만 해당), 보정 형광(형광물질) 목록을 비롯한 세부 사항을 볼 수 있습니다.

### 기기 속성을 보는 방법

- ▶ Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 표적 기기를 마우스 오른쪽 버튼으로 선택하고 이후 나타나는 메뉴에서 Properties(속성)를 선택하십시오.

### 속성 탭

Properties(속성) 탭은 선택된 기기의 모델, 구성품 일련 번호, 펌웨어 버전 등 기술적 세부 사항을 제시합니다. 기기의 기본값 이름(일련 번호)은 Detected Instruments(감지된 기기) 창과 Instrument Properties(기기 속성) 대화 상자의 헤더 표시줄을 비롯한 많은 위치에 표시됩니다. 기기의 이름은 기기를 더 쉽게 식별할 수 있도록 변경 가능합니다.

**참고:** CFX Maestro를 사용하여 CFX Opus 기기의 이름을 변경할 수 없습니다.

### 보정 형광 탭

Calibrated Dyes(보정 형광) 탭은 선택된 기기의 보정 형광물질과 플레이트를 보여줍니다.

	Fluorophore	Channel	Plate Type	Calibrated By	Date	Errors
1	Cal Gold 540	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
2	Cal Gold 540	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
3	Cal Orange 560	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
4	Cal Orange 560	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
5	FAM	1	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
6	FAM	1	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
7	HEX	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
8	HEX	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
9	SYBR	1	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
10	SYBR	1	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
11	VIC	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
12	VIC	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>

보정에 대한 자세한 정보는 Detail(세부 사항) 열의 Info(정보) 버튼을 클릭하십시오.

## 시작하기 전에

이 섹션에서는 CFX Maestro Dx SE를 사용하기 전에 수행해야 할 작업을 설명합니다. 해당 작업은 다음과 같습니다.

- 반응 마스터 혼합 생성
- 새 염료 보정

### 반응 마스터 혼합 생성

CFX Maestro Dx SE의 마스터 혼합 계산기를 이용하여 마스터 혼합 내 각 성분의 필요한 분량을 쉽게 계산할 수 있습니다. 기본 프린터로 마스터 혼합 계산 표를 인쇄하고 향후 사용을 위해 각 표적에 대한 계산을 저장할 수 있습니다.

#### 마스터 혼합 계산기로 반응 마스터 혼합을 생성하는 방법

1. Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)를 열려면 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Tools(도구) > Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)를 선택하십시오.
  - 툴바에서 Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)를 클릭하십시오.Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)가 나타납니다.

## 6장 흠 창

Component	Volume Per Reaction (µl)	Total Volume for 96 Reactions + (5)%
*		

2. Reaction(반응) 섹션에서 검출 방법을 선택합니다.
  - SYBR® Green/EvaGreen®
  - Probes(프로브)
3. 새 표적을 생성하려면 Target(표적) 섹션에서 Create New(새 표적 생성)를 클릭합니다. 표적 드롭다운 목록에 새 표적 이름이 나타납니다.
4. (선택 사항) 기본 대상 이름을 변경하려면 다음 작업을 수행합니다.
  - a. 드롭다운 목록에서 대상 이름을 강조표시하십시오.
  - b. Target(표적) 상자에 새 표적 이름을 입력하십시오.
  - c. Enter 키를 누르십시오.
5. 정방향 및 역방향 프라이머 및 모든 프로브에 시작 농도와 최종 농도를 조정합니다.
6. Master Mix Setup(마스터 혼합 설정) 섹션에서 다음에 대한 값을 조정합니다.
  - 실행할 반응 수



- 웰당 반응 분량
  - 웰당 템플릿 분량
  - 웰당 최고혼합(supermix) 농도
  - 웰당 초과 반응 분량
7. (선택 사항) 필요에 따라 여러 표적에 2~6 단계를 수행합니다.
  8. Choose Target to Calculate(계산할 대상 선택) 섹션에서 계산할 대상을 선택합니다.  
**팁:** 동시에 대상을 하나만 계산하거나 여러 개 또는 모든 대상을 계산할 수 있습니다.  
 선택한 각 표적에 필요한 성분의 계산된 분량이 마스터 혼합 표에 나타납니다.
  9. Set as Default(기본값으로 설정)를 클릭하여 Target(표적) 및 Master Mix Setup(마스터 혼합 설정) 섹션의 수량 입력값을 새 기본값으로 설정합니다.
  10. OK(확인)를 클릭하여 Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기) 대화 상자의 내용을 저장합니다.

#### 마스터 혼합 계산 표 인쇄 방법

- ▶ 마스터 혼합 계산 표를 인쇄하려면 Print(인쇄)를 클릭하십시오.  
 계산 표가 기본 프린터로 인쇄됩니다.

#### 마스터 혼합 계산 표를 PDF로 저장하는 방법

- ▶ 기본 프린터를 PDF 드라이버로 변경한 다음 Master Mix Calculator(마스터 혼합 계산기)에서 Print(인쇄)를 클릭하십시오.

#### 대상 삭제 방법

- ▶ 드롭다운 대상 목록을 사용하여 대상을 선택하고 Remove(제거)를 클릭하십시오.  
**중요:** 대상 목록에서 대상을 삭제하면 해당 대상을 사용하는 모든 마스터 혼합 계산기에서도 대상이 삭제됩니다. 대상을 삭제할 때 주의하십시오.

## 새 염료 보정

CFX Opus 96 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템은 흰색 웰과 투명 웰 플레이트에서 흔히 사용되는 형광 물질에 대해 공장에서 보정됩니다. CFX Opus 384 Dx 시스템은 흰색 웰 플레이트에서만 일반적으로 사용되는 형광물질에 대해 공장에서 보정됩니다. 표6에는 각 기기가 보정되는 형광물질 및 채널이 나열되어 있습니다.

**참고:** CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템에는 FRET 화학 전용 채널도 포함되어 있습니다. 이 채널은 특정 염료에 대한 보정이 필요하지 않습니다.

**중요:** 공장에서 보정된 염료의 사용자 정의 보정을 수행하는 경우 기기는 공장에서 보정 대신 사용자 정의 보정을 사용합니다.

**표6. 공장 보정된 발형광단, 채널, 기기**

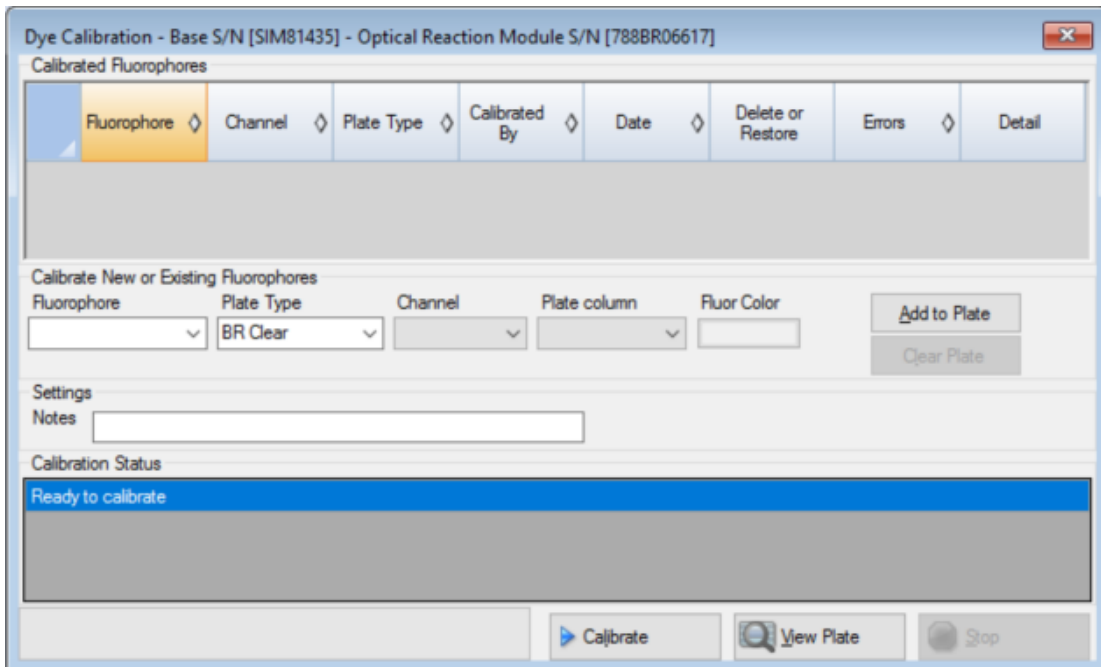
형광물질	채널	여기, nm	감지, nm	기기
FAM, SYBR® Green I	1	450–490	515–530	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템
VIC, HEX, CAL Fluor Gold 540, Cal Fluor Orange 560	2	515–535	560–580	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템
ROX, Texas Red, CAL Fluor Red 610, TEX 615	3	560–590	610–650	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템
CY5, Quasar 670	4	620–650	675–690	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템
Quasar 705, Cy5.5	5	672–684	705–730	CFX Opus 96 Dx 시스템 전용

**FRET 화학(공장에서 보정되지 않음)**

형광물질	채널	여기, nm	감지, nm	기기
공장에서 보정되지 않은 색상	FRET	450-490	560-580	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템

### CFX 시스템의 새 염료 보정 방법

1. Home(홈) 창의 Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 표적 기기를 선택합니다.
2. Tools(툴) > Calibration Wizard(보정 마법사)를 선택하여 Dye Calibration(염료 보정) 마법사를 엽니다.



표적 기기에 대해 이미 보정된 형광물질이 Calibrated Fluorophores(보정된 형광물질) 표에 표시됩니다.

3. Calibrate New or Existing Fluorophores(새 또는 기존 형광물질 보정) 섹션의 드롭다운 목록에서 보정할 형광물질을 선택합니다.

형광물질 이름이 목록에 없는 경우, 텍스트 박스에 이름을 입력하여 목록에 추가합니다.

**중요:** 맞춤 보정된 형광물질의 이름을 지정할 때 주의하십시오. 공장에서 보정된 형광물질과 이름이 같은 형광물질에 대한 사용자 지정 염료 보정을 생성하는 경우, 사용자 정의 형광물질(공장에서 보정된 형광물질이 아님)이 실행 중에 기기에서 사용됩니다.

4. 형광물질의 플레이트 유형을 선택합니다.  
플레이트 유형이 목록에 없는 경우, 텍스트 박스에 이름을 입력하여 목록에 추가하십시오.
5. 형광물질의 채널을 선택합니다.
6. 형광물질의 플레이트 열을 선택합니다.
7. (선택 사항) 형광물질과 연계할 색상을 입력합니다.
8. 형광물질을 추가하려면 Add to Plate(플레이트에 추가)를 클릭합니다.
9. (선택 사항) 해당 플레이트와 관련하여 보정할 각 형광물질을 추가하려면 3~8 단계를 반복합니다.
10. 형광물질 추가가 완료된 후 Pure Dye Plate Display(순수 염료 플레이트 디스플레이) 창을 열려면 View Plate(플레이트 보기)를 클릭합니다.  
이 창을 가이드로 활용하여 플레이트에 염료를 로드하십시오.
11. 염료 보정에는 96웰 또는 384웰 플레이트를 준비합니다.
  - a. Pure Dye Plate Display(순수 염료 플레이트 디스플레이)에 제시된 패턴을 따라 피펫으로 염료 용액을 각 웰에 옮기십시오.
  - b. 각 형광물질마다 네 개의 웰을 300nM 염료 용액 50 $\mu$ l(96웰 또는 deep well 플레이트) 또는 30 $\mu$ l(384웰 플레이트)로 채우십시오. 플레이트에 빈 웰이 최소 절반 이상 포함되어 있는지 확인하십시오.
  - c. 실험에서 사용할 밀봉 방법으로 플레이트를 밀봉하십시오.
12. 블록에 보정 플레이트를 배치하고 뚜껑을 닫습니다.
13. Dye Calibration(염료 보정) 마법사에서 Calibrate(보정)를 클릭한 후 OK(확인)를 클릭하여 블록 내에 플레이트가 들어 있음을 확인합니다.
14. CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition에서 보정 실행이 완료되면 대화 상자가 나타납니다. 보정을 마치고 Dye Calibration Viewer(염료 보정 뷰어)를 열려면 Yes(예)를 클릭합니다.
15. 창을 닫으려면 OK(확인)를 클릭합니다.

## 사용자 기본 설정 지정

**팁:** CFX Maestro Dx SE를 사용하기 위해 이 작업을 수행할 필요는 없습니다. 이 섹션을 건너뛰고 다음에 언제든지 수행할 수 있습니다.

CFX Maestro Dx SE에서 각 사용자는 자신의 작업 환경을 사용자 지정할 수 있습니다. 예를 들면 Users(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정) 메뉴에서 다음을 수행할 수 있습니다.

- 실행 완료 이메일 알림 설정

**참고:** 이 권한이 부여된 역할을 가진 사용자만 이 기능을 사용할 수 있습니다. 자세한 내용은 [43페이지의 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 역할 관리](#)를 참조하십시오.

- 다음에 대한 기본값 설정 변경

- 파일 저장 위치
- 실행 설정 파일
- 파일 명명 접두사

- 새 프로토콜 및 플레이트 생성 시 사용할 기본값 파라미터 설정

- 기본값 데이터 분석 및 유전자 발현 파라미터 설정
- 기본값 정도 관리 파라미터 사용자 지정
- 데이터 내보내기 파라미터 사용자 지정

Tools(도구) 메뉴에서 다음을 수행할 수 있습니다.

- 마스터 혼합 생성
- 특정 기기에 대해 형광 보정

**참고:** 마스터 혼합 및 형광 보정은 소프트웨어에 로그인하는 모든 사람들이 사용할 수 있습니다.

이 섹션에서는 이러한 작업을 수행하는 방법을 설명합니다.

## 이메일 알림 설정

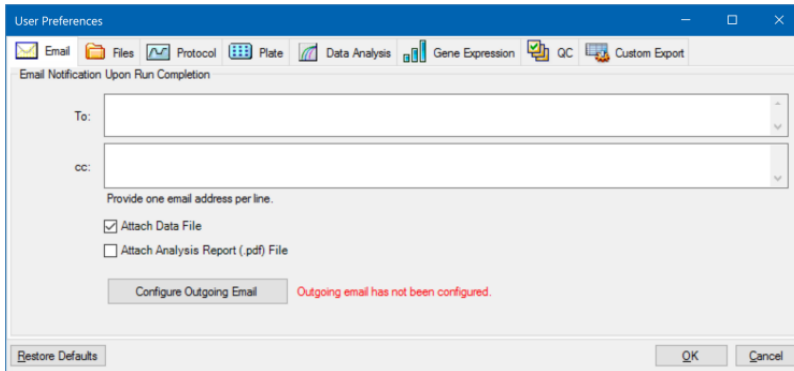
CFX Maestro Dx SE에서는 외부 이메일 서버와의 연결을 수립하여 사용자 목록에 실행 완료 이메일 알림을 전달할 수 있습니다. 원하는 경우 사용자 목록에 데이터 파일과 분석 보고서를 첨부할 수도 있습니다. CFX Maestro Dx SE 및 SMTP 서버 간에 연결을 설정하려면 [81페이지의 SMTP 서버에 Security Edition 연결](#)을 참조하십시오.

**참고:** 사용자가 이메일 설정 기능에 액세스할 수 있는 권한은 사용자 역할과 관리자가 할당한 권한에 따라 좌우됩니다. 사용자 및 역할 관리에 대한 자세한 내용은 [43페이지의 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 사용자 역할 관리](#)를 참조하십시오.

## 이메일 알림 설정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.

User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자가 나타나고 Email(이메일) 탭이 표시됩니다.



**참고:** 시스템은 CFX Maestro Dx SE에 유효한 SMTP 서버가 설정되어 있지 않았다는 것을 감지할 경우 이를 알려줍니다. 이메일 SMTP 서버를 구성하려면 Configure Outgoing Email(외부 이메일 구성)을 클릭하여 Options(옵션) 대화 상자를 여십시오. 자세한 내용은 [81페이지의 SMTP 서버에 Security Edition 연결](#)을 참조하십시오.

2. To(받는 사람) 텍스트 상자에 실행 완료를 알려주려는 각 개인의 이메일 주소를 입력합니다. 실행이 완료되면 모든 수신인이 이메일을 받게 됩니다.

**참고:** 각 이메일 주소는 다른 줄에 입력해야 합니다. 각 주소를 입력한 후 Enter 또는 Return을 누르십시오.

3. (선택 사항) cc(참조) 텍스트 상자에 각 이메일 알림의 사본을 전달하고 싶은 수신인의 이메일 주소를 모두 입력합니다.
4. (선택 사항) 모든 수신인은 데이터 파일 사본을 첨부 파일로 수신하도록 기본값이 설정되어 있습니다. 데이터 파일 사본을 첨부하지 않으려면 이 확인란을 선택 해제합니다.
5. (선택 사항) 분석 보고서 PDF를 이메일에 첨부하려면 Attach Analysis Report(분석 보고서 첨부)를 선택합니다.
6. 변경 사항을 저장하고 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 닫으려면 OK(확인)를 클릭합니다.

**참고:** 서비스 제공업체에 따라 이메일 알림을 휴대폰으로 보내도록 시스템을 구성할 수 있습니다. 휴대폰의 이메일 주소에 대한 특정 정보는 휴대폰 서비스 제공업체에 문의하십시오. User Preferences(사용자 기본 설정) 화면의 To(받는 사람) 텍스트 상자에 휴대폰의 이메일 주소(예: 5552221234@your\_service\_provider\_EmailDomain.net)를 입력합니다.

#### 수신인 이메일 주소 편집 방법

- ▶ 필요에 따라 이메일 주소를 변경하고 OK(확인)를 클릭합니다.

### 이메일 수신인 제거 방법

1. 이메일 수신인을 선택하고 Delete 키를 누릅니다.
2. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

### SMTP 서버에 Security Edition 연결

**중요:** 일부 상업용 웹 메일 서비스 제공업체는 이메일 보안을 강화했습니다. 이러한 계정을 사용하는 경우 CFX Maestro Dx SE에서 이메일을 전송하는 것을 허용하려면 해당 계정 설정에서 **Allow less secure apps**(보안 수준이 낮은 앱에 대한 액세스 허용) 설정을 활성화해야 합니다. 자세한 내용은 해당 웹메일 서비스 제공업체의 보안 정보를 참조하십시오.

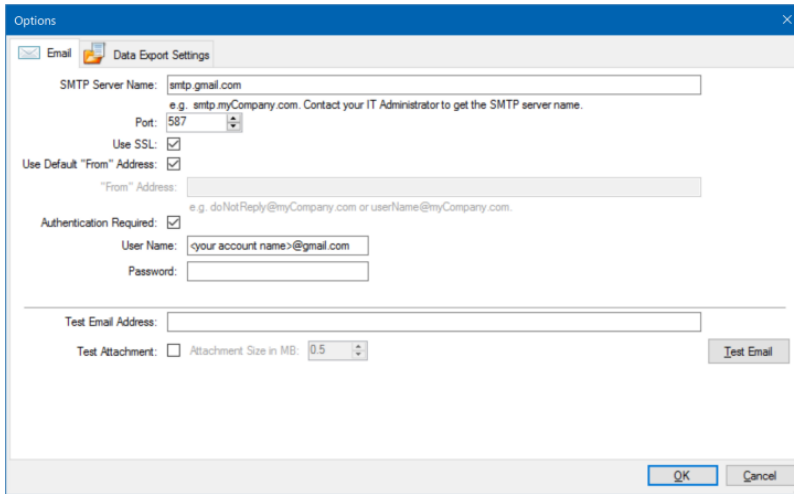
Google Gmail 또는 Microsoft Office 365 SMTP 서버를 사용하여 이메일을 보내는 경우 2단계 인증을 활성화하고 Gmail 또는 Office365 계정 설정에서 “앱 암호”를 생성해야 합니다. Maestro Email Setup(Maestro 이메일 설정) 대화 상자에서 인증을 받으려면 일반 이메일 암호 대신 “앱 암호”를 복사하여 Password(암호) 필드에 붙여넣습니다.

CFX Maestro Dx SE에서 이메일 알림을 전송하려면 먼저 이 소프트웨어와 이메일 서버 간에 연결이 설정되어야 합니다.

### 이메일 서버와 CFX Maestro Dx SE 연결 방법

1. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하고 Email(이메일) 탭에서 Configure Outgoing Email(외부 이메일 구성)을 클릭합니다.
  - Tools(도구) > Options(옵션)을 선택합니다.

Options(옵션) 대화 상자가 나타나고 Email(이메일) 탭이 표시됩니다.



2. 회사에 대한 다음 정보를 제공합니다.

- **SMTP Server Name(SMTP 서버 이름)** — 회사의 외부 이메일 서버 이름.
- **Port(포트)** — SMTP 서버 포트 번호. 보통은 25입니다.
- **Use SSL(SSL 사용)** — SSL(Secure Sockets Layer) 옵션. 일부 SMTP 서버는 이 설정이 필요합니다. 회사에서 필요하지 않은 경우 확인란을 선택 해제하십시오.
- **Use Default "From" Address(기본 "발신인" 주소 사용)** — 회사의 이메일 서버 이름. 일부 SMTP 서버에서는 전송된 모든 이메일에 특정 도메인에 기반한 "발신인" 주소가 있어야 합니다 (예: name@YourCompany.com). 이 경우 이 확인란을 선택 해제하고 유효한 이메일 주소를 제공하십시오.
- **Authentication Required(필수 인증)** — 사이트에서 계정 인증이 필요한 경우 이 확인란이 선택 되었는지 확인하십시오.
- **User Name(사용자 이름)** — 인증된 계정의 이름. Authentication Required(필수 인증)가 선택된 경우에만 필요합니다.



- **Password(암호)** — 인증된 계정의 암호. Authentication Required(필수 인증)가 선택된 경우에만 필요합니다.

**중요:** Google Gmail 또는 Microsoft Office 365 SMTP 서버를 사용하여 이메일을 보내는 경우 2단계 인증을 활성화하고 Gmail 또는 Office365 계정 설정에서 “앱 암호”를 생성해야 합니다. Maestro Email Setup(Maestro 이메일 설정) 대화 상자에서 인증을 받으려면 일반 이메일 암호 대신 “앱 암호”를 복사하여 CFX Maestro Dx SE의 Password(암호) 필드에 붙여넣습니다.

SMTP 서버 설정이 올바른지 확인하려면 Test Email Address(이메일 주소 테스트) 텍스트 상자에 유효한 이메일 주소를 입력하고 Test Email(이메일 테스트)을 클릭합니다.

**참고:** 일부 SMTP 서버에서는 첨부 파일을 허용하지 않으며, 어떤 서버에서는 특정 크기까지만 첨부 파일을 허용하기도 합니다. CFX Maestro Dx SE 소프트웨어를 통해 데이터 파일 및/또는 보고서를 이메일로 전송하려면 Test Attachment(첨부 파일 테스트)를 선택하고 Attachment Size in MB(첨부 파일 크기(MB))를 5메가바이트(MB) 이상으로 설정하십시오.

3. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

### 기본값 파일 설정 변경

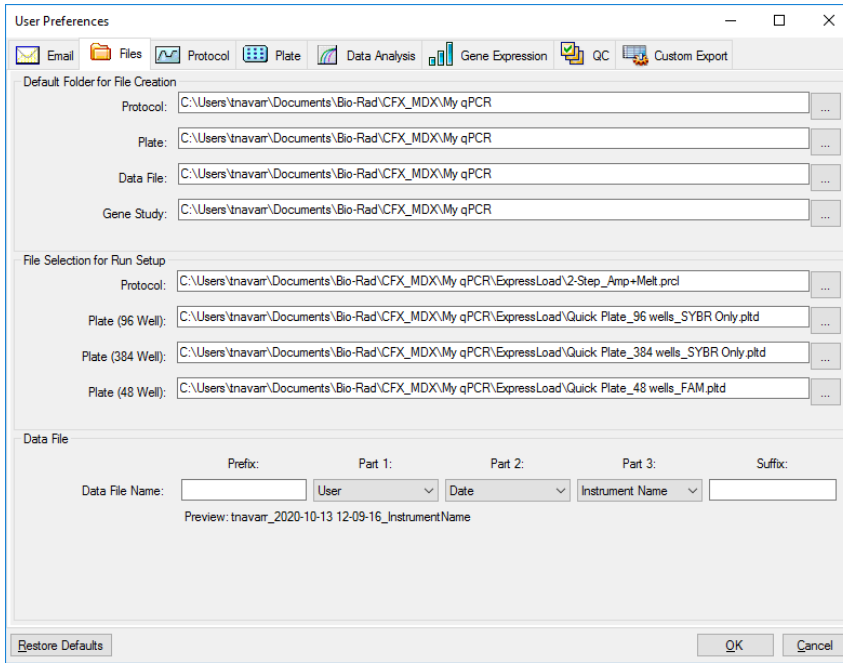
User Preference(사용자 기본 설정) 대화 상자의 Files(파일) 탭에서 다음 사항을 변경할 수 있습니다.

- CFX Maestro Dx SE 파일을 저장할 기본값 위치
- 실행 설정을 위한 기본값 파일
- 파라미터 이름을 지정하는 기본값 파일

### 기본값 파일 설정 변경 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Files(파일) 탭을 선택합니다.

## 6장 홈 창



3. Default Folder for File Creation(파일 생성용 기본값 폴더) 섹션에서 새 파일을 저장할 기본값 폴더를 탐색하고 선택합니다. 각 파일 형식마다 다른 위치를 선택할 수 있습니다.

- 프로토콜
- 플레이트
- 데이터 파일
- 유전자 연구

4. File Selection for Run Setup(실행 설정용 파일 선택) 섹션에서 Experiment Setup(실험 설정) 창을 열면 표시되는 표적 프로토콜 및 플레이트 파일을 탐색하고 선택합니다.

5. Data File(데이터 파일) 섹션에서 데이터 파일의 접두사 및/또는 접미사를 정의합니다. 어떤 부분이라도 더 큰 목록에서 새 값을 선택하십시오. Prefix and Suffix(접두사 및 접미사) 텍스트 상자에 사용자 지정 접두사 및 접미사 값을 제공할 수도 있습니다.

CFX Maestro Dx SE가 선택 상자 아래에 파일 이름 미리 보기를 표시합니다.

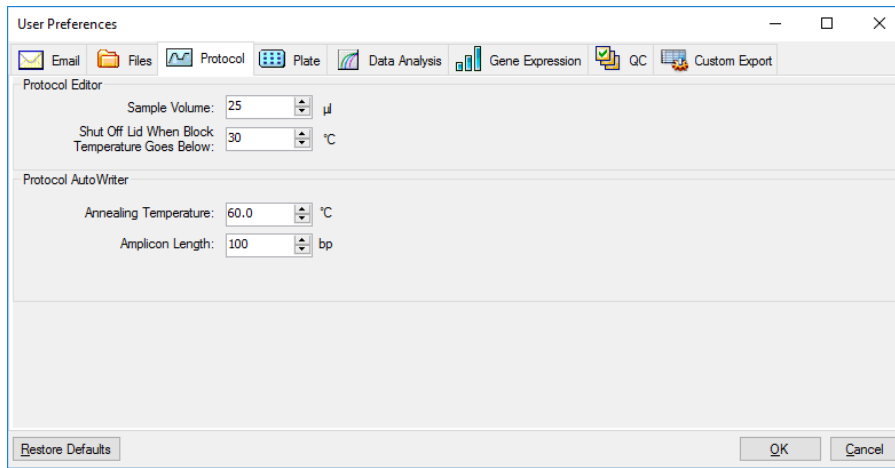
6. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

## 기본값 프로토콜 파라미터 설정

### 프로토콜 편집기 및 프로토콜 자동작성기에 대한 기본값 프로토콜 파라미터 설정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Protocol(프로토콜) 탭을 선택합니다.



3. Protocol Editor(프로토콜 편집기) 섹션에서 프로토콜 편집기에 나타나는 다음 설정에 대한 값을 지정합니다.
  - **Sample volume(검체 용량)** — 웰의 각 검체 용량(µl 단위).
  - **Lid Shutoff temperature(뚜껑 차단 온도)** — 작동 중에 뚜껑 히터가 꺼지는 온도(°C).
4. Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기) 섹션에서 프로토콜 자동작성기에 나타나는 다음 설정에 대한 값을 지정합니다.
  - **Annealing temperature(어닐링 온도)** — iProof DNA 중합효소, iTaq DNA 중합효소 또는 기타 중합효소를 사용하는 실험 온도(°C 단위).
  - **Amplicon length(앰플리콘 길이)** — 앰플리콘 길이(bp 단위).
5. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하여야 합니다.

## 기본값 플레이트 파라미터 설정

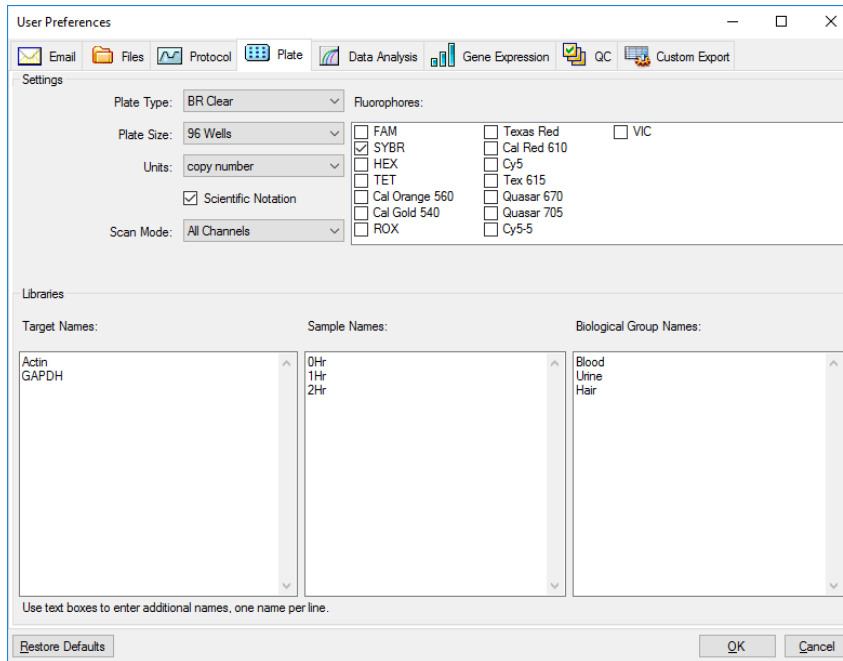
Plate(플레이트) 탭에서 변경한 사항들은 소프트웨어의 모든 사용자가 이용할 수 있습니다. 플레이트 설정 중에 변경한 사항들은 해당 플레이트 파일을 저장하고 닫은 후에만 사용자들이 이용할 수 있습니다.

User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 다음을 수행할 수 있습니다.

- 기본값 플레이트 파라미터를 설정합니다.
- 새 표적, 검체, 생물학적 집단 이름을 각 라이브러리에 추가합니다.
- 표적, 검체, 생물학적 집단 이름을 각 라이브러리에서 삭제합니다.

## 기본값 플레이트 파라미터 설정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Plate(플레이트) 탭을 선택합니다.



3. 새 플레이트 파일에 다음 설정 값을 지정합니다. 이 값들은 Plate Editor(플레이트 편집기) 창에 표시됩니다.

- **Plate type(플레이트 유형)**

- **Plate size(플레이트 크기)**

- **Units(단위)** — 표준을 포함하는 웰에 대한 시작 템플릿의 농도.

CFX Maestro Dx SE에서는 이 단위를 사용하여 Data Analysis(데이터 분석)의 Quantification(정량) 탭에서 표준 곡선을 생성합니다.

- **Scientific notation(과학적 표기법)** — 이 항목을 선택하면 CFX Maestro Dx SE에서 농도 단위를 과학적 표기법으로 표시합니다.

- **Scan mode(스캔 모드)** — 실행 중 스캔할 채널 수 또는 유형.

- **Fluorophores(형광물질)** — Plate Editor(플레이트 편집기) 웰 로드 제어 기능에 표시되는 기본값 형광물질.

- **Libraries(라이브러리)** — 실험에서 일반적으로 사용하는 표적, 검체, 생물학적 집단 이름.

- Target names(표적명)** — 표적 유전자 및 서열의 이름.

- Sample names(검체명)** — 실험 검체명 또는 검체 특성 식별 이름(예를 들어 Mouse1, Mouse2, Mouse3).

- Biological group names(생물학적 집단 이름)** — 치료 상태 또는 조건(예를 들어 0시간, 1시간, 2시간) 유사 검체 그룹 이름.

4. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

#### 새 표적, 검체 또는 생물학적 그룹 이름을 추가하는 방법

▶ 해당 라이브러리 상자에서 표적, 검체 또는 생물학적 집단 이름을 입력하고 OK(확인)를 클릭하십시오.

#### 표적, 검체 또는 생물학적 집단 이름을 삭제하는 방법

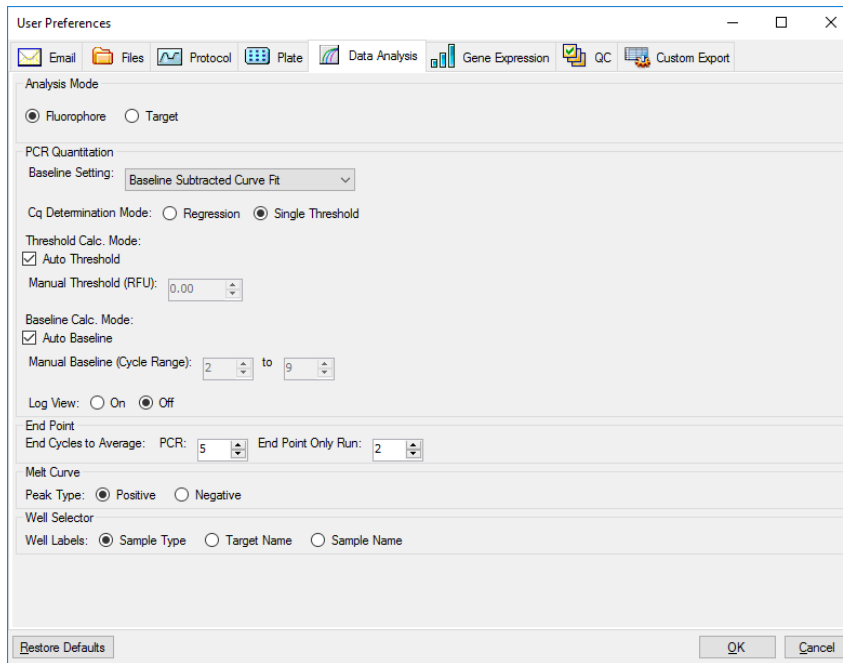
▶ 해당 라이브러리 박스에서 이름을 선택하고 Delete 키를 누른 후 OK(확인)를 클릭하십시오.

**중요:** 라이브러리에서 제거한 이름은 소프트웨어에서도 제거되며 사용자가 더 이상 사용할 수 없습니다. 기본값 CFX Maestro Dx SE 이름을 복원하려면 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하십시오. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 기본값 CFX Maestro Dx SE 이름을 삭제할 때 및 이 버튼을 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

## 기본값 데이터 분석 파라미터 설정

### 기본값 데이터 분석 파라미터 설정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Data Analysis(데이터 분석) 탭을 선택합니다.



3. Analysis Mode(분석 모드) 섹션에서 데이터를 분석할 모드를 선택합니다(형광물질 또는 표적).
4. PCR Quantitation(PCR 정량) 섹션에서 아래 옵션에 대한 기본 파라미터를 설정합니다.

- **Baseline Setting(기준선 설정)** — 분석 모드에 대한 기준선 방법.
- **Cq Determination Mode(Cq 측정 모드)** — 각 형광성 추적에 대해 C<sub>q</sub> 값이 계산되는 모드(회귀 또는 단일 역치값).
- **Threshold Calc. Mode(역치값 계산 모드)** — 종료점 표적량.

기본값은 Auto(자동)입니다. 즉, 소프트웨어가 자동으로 종료점 표적을 계산합니다. 특정 역치값을 설정하려면 Auto(자동) 확인란의 선택을 해제하고 상대 형광성 단위(또는 RFU)로 계산된 종료점 양을 입력하십시오. 최대값은 65000.00RFU입니다. 이후 실행의 데이터 파일은 이 역치값 설정을 사용하게 됩니다.

- **Baseline Calc. Mode(기준선 계산 모드)** — 모든 추적에 대한 기준선 값.

기본값은 Auto(자동)입니다. 즉, 소프트웨어가 모든 추적에 대해 기준선을 자동으로 계산합니다. 특정 기준선 값을 설정하려면 Auto(자동) 확인란의 선택을 해제하고 사이클 범위에 대한 최소값 및 최대값을 입력하십시오(1부터 9999까지). 이후 실행의 데이터 파일은 이 사이클 범위를 사용하게 됩니다.

- **Log View(로그 보기)** — 소프트웨어가 증폭화 데이터를 표시하는 방식을 결정합니다.

- On(켜짐)** — 증폭화 데이터가 반로그도표로 표시됩니다.
- Off(꺼짐)** — (기본값) 증폭화 데이터가 선형 도표로 표시됩니다.

5. End Point(종료점) 섹션에서 종료점 계산 시 계산할 평균 종료 사이클 수를 선택합니다.

- **PCR** — 정량 데이터에 대한 평균 종료 사이클 수(기본값 5).
- **End Point Only run(종료점만 실행)** — 종료점 데이터에 대한 평균 종료 사이클 수(기본값 2).

6. Melt Curve(용해 곡선) 섹션에서 검출할 피크 유형을 선택합니다(양성 또는 음성).
7. Well Selector(웰 선택기) 섹션에서 웰 라벨 표시 방법을 선택합니다(검체 유형, 표적명 또는 검체명).
8. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

## 기본값 유전자 발현 데이터 파일 파라미터 설정

### 새 유전자 발현 데이터 파일의 기본 파라미터 설정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Gene Expression(유전자 발현) 탭을 선택합니다.
3. 다음 설정 값을 지정합니다.

- **Relative to(비교 기준)** — 유전자 발현 데이터 대조군(1에서 시작) 또는 0과 비교한 유전자 발현 데이터를 그래프로 표시합니다.
  - Zero(0)** — 소프트웨어에서 대조군을 무시합니다. Experiment Settings(실험 설정) 창에 할당된 대조군 검체가 없는 경우 이 항목이 기본값이 됩니다.
  - Control(대조군)** — 소프트웨어가 Experiment Setup(실험 설정) 창에 할당된 대조군 검체를 기준으로 데이터를 계산합니다.
- **X-axis(X축)** — X축에 검체 또는 표적을 그래프로 표시합니다.

- **Y-axis(Y축)** — Y축에 선형, log2 또는 log10 배율을 그래프로 표시합니다.
- **Scaling(배율 조정)** — 그래프 배율 조정 옵션(기본값 옵션은 배율 조정되지 않음):
  - **Highest(최고)** — 소프트웨어가 그래프를 최고 데이터 포인트로 배율 조정합니다.
  - **Lowest(최저)** — 소프트웨어가 그래프를 최저 데이터 포인트로 배율 조정합니다.
  - **Unscaled(배율 조정되지 않음)** — 소프트웨어가 그래프에서 배율 조정되지 않은 데이터를 표시합니다.
- **Mode(모드)** — 상대 수량( $\Delta C_q$ ) 또는 표준화 발현( $\Delta\Delta C_q$ ) 분석 모드.
- **Error Bar(오차 막대)** — 표준 편차(Std. Dev.) 또는 평균의 표준 오차(Std. Error Mean)로 표시되는 데이터 변동성.
- **Error Bar Multiplier(오차 막대 승수)** — 오차 바를 그래프로 표시하는 데 사용되는 표준 편차 승수(기본값은 1).

승수는 2 또는 3으로 증가시킬 수 있습니다.
- **Sample Types to Exclude(제외할 검체 유형)** — 분석에서 제외할 검체 유형.

분석에서 제외할 검체는 한 개 이상 선택할 수 있습니다. 모든 검체 유형을 제외하려면 선택된 모든 검체 유형의 확인란을 선택 해제하십시오.

4. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하여야 합니다.

### 정도 관리 규칙 사용자 지정

CFX Maestro Dx SE에서 정도 관리 규칙을 설정할 수 있으며, 이 규칙은 Data Analysis(데이터 분석) 창의 데이터에 적용됩니다. 소프트웨어는 설정한 규칙에 반하는 데이터의 타당성을 검증합니다.

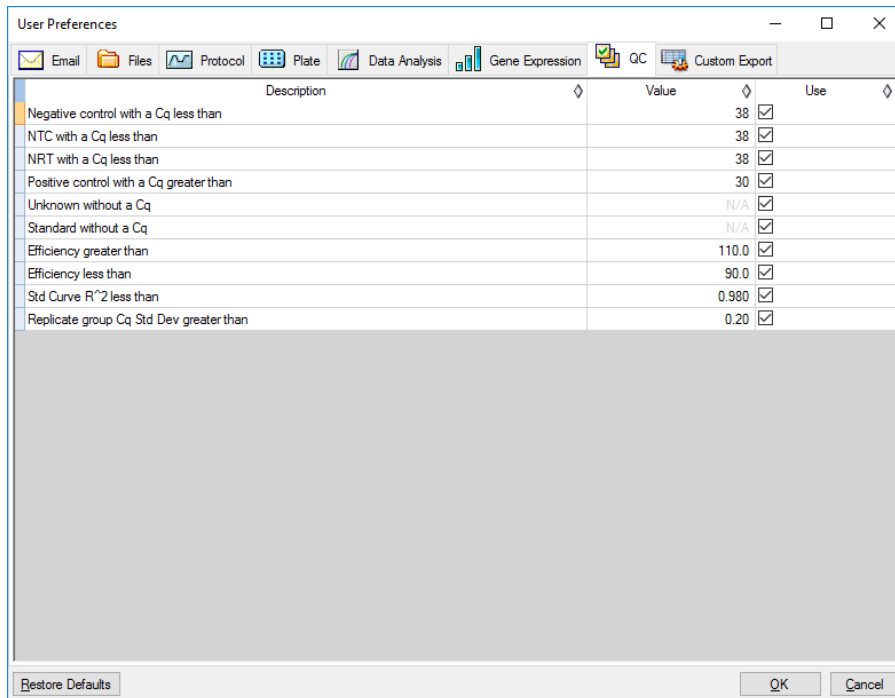
**참고:** 기본적으로 모든 정도 관리 규칙이 활성화되어 있습니다.

**팁:** Data Analysis(데이터 분석) 창의 QC 모듈에 있는 분석에서 QC 파라미터를 달성하지 못한 웰을 쉽게 제외할 수 있습니다.

### 품질 관리 규칙 사용자 지정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 QC 탭을 선택합니다.





설명:

- **NTC** — 음성 대조군
- **NRT** — 비역전사효소 대조군
- **Efficiency(효율)** — 반응 효율
- **Std Curve R<sup>2</sup>** — 표준 곡선의 R 제곱 값
- **Replicate group Cq Std Dev(복제군 Cq Std Dev)** — 각 복제군에 대해 계산된 표준편차

3. 각 QC 규칙에 대해 다음 중 하나를 수행합니다.

- 기본값을 사용하려면 아무것도 하지 마십시오.
- 해당 값을 변경하려면 Value(값) 텍스트 상자를 클릭하고 새 값을 입력한 후 Enter 키를 누르십시오.
- 규칙을 사용하지 않으려면 Use(사용) 확인란 선택을 취소하십시오.

4. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하여야 합니다.

## 데이터 내보내기 파라미터 사용자 지정

아래 형식으로 CFX Maestro Dx SE 데이터를 내보낼 수 있습니다.

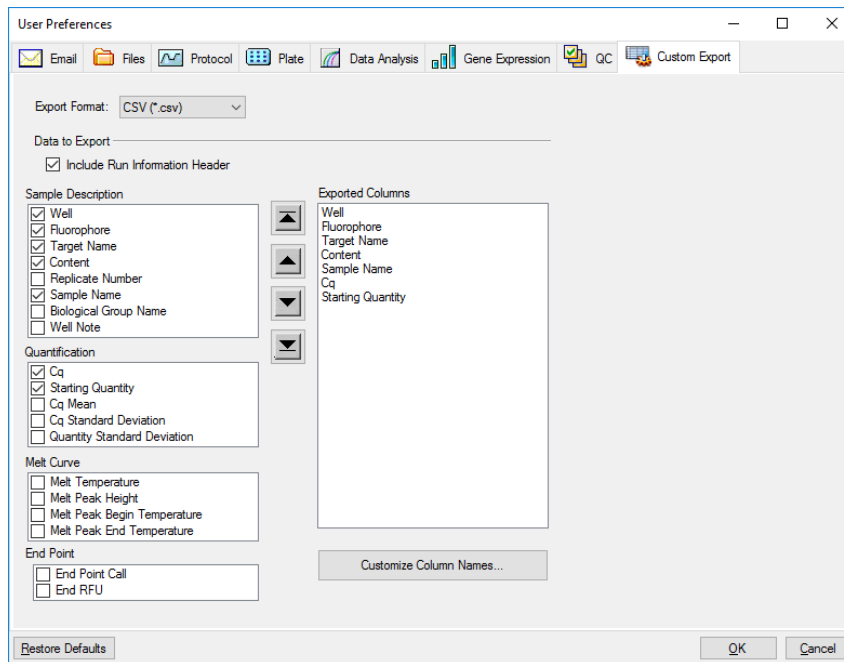
- 텍스트(.txt)
- CSV(.csv)
- Excel(.xls, .xlsx)
- XML(.xml)
- HTML(.html)

**중요:** 데이터를 Microsoft Excel 스프레드시트로 내보내려면 컴퓨터에 Microsoft Excel이 설치되어 있어야 합니다.

내보낼 데이터의 유형을 지정하고 내보내기된 데이터의 결과물을 사용자 지정할 수 있습니다.

### 데이터 내보내기 파라미터 사용자 지정 방법

1. User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)를 선택하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 엽니다.
2. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Custom Export(사용자 지정 내보내기)를 선택합니다.



3. Export Format(내보내기 형식) 드롭다운 목록에서 데이터를 내보낼 형식을 선택합니다.

4. Data to Export(내보낼 데이터) 선택에서 내보낼 데이터 유형의 확인란을 선택하거나 선택을 해제합니다. Exported Columns list(내보내기된 열 목록) 상자에 선택한 항목이 표시됩니다.

**참고:** 기본적으로 헤더에 실행 정보가 포함됩니다. 실행 정보가 포함되기를 원치 않을 경우 이 상자의 선택을 해제하십시오.

5. 선택한 항목의 출력 표시 순서를 변경할 수 있습니다.

Exported Columns list(내보내기된 열 목록) 상자에서 항목을 강조표시하고 목록의 왼쪽에 있는 화살표 버튼을 클릭하여 항목을 위 또는 아래로 이동합니다.

6. 선택한 항목의 출력 열 이름을 변경할 수도 있습니다.

- a. Customize Column Names(열 이름 사용자 지정)을 클릭합니다.

Column Name Customizer(열 이름 사용자 지정기) 대화 상자가 표시됩니다.

- b. 기본 열 이름을 변경하려면 해당 Custom Name(사용자 지정 이름) 필드에 새 이름을 입력합니다.

- c. 다음 중 하나를 수행합니다.

- OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Custom Export(사용자 지정 내보내기) 탭으로 돌아가십시오. 새 이름은 Exported Columns list(내보내기된 열 목록) 기본값 열 이름 옆의 괄호 안에 표시됩니다.
- 변경 사항을 지우고 Custom Export(사용자 지정 내보내기) 탭으로 돌아가려면 Cancel(취소)을 클릭하십시오.

7. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하면 모든 탭의 모든 기본 설정이 기존 공장 설정으로 재설정됩니다. 이 버튼을 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

## 6장 흠 창

## 7장 프로토콜 만들기

프로토콜은 특정 시퀀스에서 수행되는 단계들의 집합입니다. CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition에서 모든 단계가 기기의 옵션과 연결됩니다. 예를 들어, 단계는 기기에서 블록과 뚜껑 온도를 제어하거나, 블록 전체에 걸쳐 온도 차이를 적용하거나, 플레이트 판독을 하거나 용해 곡선 분석을 수행하도록 지시합니다. 각 옵션은 각각 다른 플레이트 및 실행 유형에 지정됩니다.

CFX Maestro Dx SE에서는 프로토콜 생성을 위한 두 가지 옵션인 Protocol Editor(프로토콜 편집기) 및 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동 작성기)를 제공합니다.

프로토콜 편집기 기능에는 다음이 포함됩니다.

- 프로토콜을 신속하게 작성하기 위한 표준 프로토콜 대조물질
- 선택된 열 수에 대한 구배를 신속하게 계산하는 기능
- 선택된 플레이트 유형에 대한 실행 시간을 신속하게 계산하는 기능
- 프로토콜 단계를 편집하는 기능
- 재사용을 위해 프로토콜을 저장하는 기능
- 기본 프린터로 프로토콜을 인쇄하는 기능

Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)는 사용자가 제공한 파라미터를 사용하여 사용자 지정 PCR 프로토콜을 핫 스타트, 초기 변성, 어닐링, 연장 단계로 자동 생성합니다. 그 후 제안된 프로토콜을 그림으로 볼 수 있고, 편집, 실행 또는 저장이 가능합니다.

## 프로토콜 단계의 파라미터 및 범위

표7의 정보를 사용하여 프로토콜의 단계에 대한 기본 설정을 수정하십시오.

### 온도 단계

목표 온도는 4.0~100.0°C 사이의 값이며 1/10도로 설정됩니다. 시스템은 이 온도까지 상승하고 지정된 시간(유지 시간) 동안 해당 값을 유지합니다.

### 구배 단계

구배 범위는 구배 단계에서 더 낮은 온도와 더 높은 온도의 차이입니다. 최대 허용 범위는 24°C입니다. 낮은 온도는 30.0~99.0°C 사이의 값이며 1/10도로 설정됩니다. 최고 온도는 100°C입니다. 열 사이클러는 블록 전체에서 목표 온도 구배까지 상승하고 지정된 유지 시간 동안 해당 온도를 유지합니다.

**중요:** 기기는 구배 값을 계산합니다. 구배 계산기의 상단 및 하단 필드에 값을 입력하면 소프트웨어가 나머지 필드의 온도를 자동으로 계산하고 할당합니다. 상단 및 하단 필드 사이의 필드에 온도를 입력하면 기기가 나머지 필드를 자동으로 계산합니다. 모든 필드에 온도 값을 수동으로 입력할 수 없습니다.

표7. 프로토콜 단계의 파라미터 및 범위

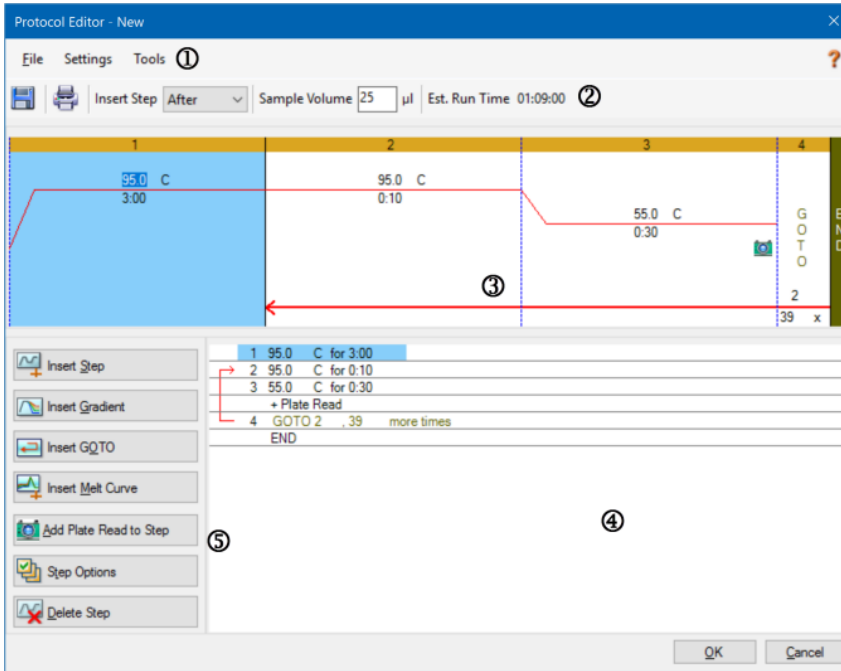
파라미터	범위	설명
램프 속도	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ CFX Opus 96 Dx 시스템의 경우: 초당 0.1~5°C</li> <li>■ CFX Opus 384 Dx 시스템의 경우: 초당 0.1~2.5°C</li> <li>■ CFX Opus Deepwell Dx 시스템의 경우: 초당 0.1~2.5°C</li> </ul>	열 사이클러가 해당 단계에서 지정된 속도로 목표 온도까지 상승하도록 지시합니다. 온도 단계에만 사용할 수 있습니다.
증분	주기당 -10.0~10.0°C(10분의 1도)	열 사이클러가 각 주기마다 단계의 목표 온도를 변경하도록 지시합니다. 여기서 양수는 온도를 높이고 음수는 온도를 낮춥니다. 온도 단계에만 사용할 수 있습니다.
연장	주기당 -60~60초의 시간	열 사이클러에 각 주기의 유지 시간을 연장하도록 지시합니다. 양수는 유지 시간을 늘리고 음수는 유지 시간을 줄입니다. 온도 및 구배 단계 모두에서 사용할 수 있습니다.

표7. 프로토콜 단계의 파라미터 및 범위, 계속

파라미터	범위	설명
경고음	(파라미터 없음)	열 사이클러가 해당 단계의 목표 온도에 도달했음을 알리기 위해 경고음을 울리도록 열 사이클러에 지시합니다. 온도 단계에만 사용할 수 있습니다.
플레이트 판독	(파라미터 없음)	열 사이클러가 선택한 단계에 플레이트 판독을 추가하도록 지시합니다. 온도 및 구배 단계 모두에서 사용할 수 있습니다.

## 프로토콜 편집기 창

Protocol Editor(프로토콜 편집기)를 사용하여 프로토콜을 생성, 열기, 검토 및 편집하십시오. 기본적으로, 프로토콜 편집기는 96웰 플레이트에 대한 일반 실시간 2단계 프로토콜을 표시합니다.



### 범례

1. 메뉴 모음에서는 File(파일), Settings(설정), Tools(도구) 메뉴 명령에 빠르게 액세스할 수 있습니다.

---

2. 도구 모음으로 프로토콜 저장 및 인쇄, 단계를 삽입할 위치 결정, 검체량 결정 및 예상 프로토콜 실행 시간 보기에 빠르게 액세스할 수 있습니다.

---

3. 기본 창에는 프로토콜의 그래프 표현이 표시됩니다.

---

4. 아래쪽 창에는 프로토콜 개요가 표시됩니다.

---

5. 왼쪽 창에는 프로토콜을 사용자 지정하기 위해 추가할 수 있는 프로토콜 대조군이 표시됩니다.

## 파일 메뉴 명령

**Save(저장)** — 현재 프로토콜을 저장합니다.

**Save As(다른 이름으로 저장)** — 현재 프로토콜을 새 이름 또는 새 위치로 저장합니다.



**File Passwords(파일 암호)** — 사용자가 파일 저장 및 파일 열기 암호를 설정할 수 있습니다.

**팁:** 자세한 내용은 [49페이지의 파일을 보호하는 암호](#)를 참조하십시오.

**Close(닫기)** — Protocol Editor(프로토콜 편집기)를 닫습니다.

## 메뉴 명령 설정

**Lid Settings(뚜껑 설정)** — 뚜껑 온도를 변경하거나 설정할 수 있는 Lid Setting(뚜껑 설정) 대화 상자를 엽니다.

## 도구 메뉴 명령

**Gradient Calculator(구배 계산기)** — 구배 단계의 블록 유형을 선택할 수 있는 대화 상자를 엽니다. 기본값은 96웰입니다.

**Run time Calculator(실행 시간 계산기)** — Run Setup(실행 설정) 창의 추정 실행 시간을 계산하기 위한 플레이트 유형과 스캔 모드를 선택할 수 있는 대화 상자를 엽니다. 기본값은 96웰, 모든 채널입니다.

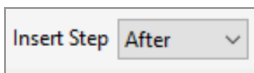
## 툴바 명령



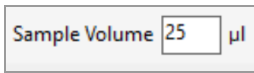
— 현재 프로토콜 파일을 저장합니다.



— 선택된 창을 인쇄합니다.

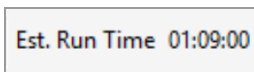


— 이 명령을 사용하여 현재 선택된 단계와 관련하여 단계를 저장할 위치를 선택합니다.



— 이 명령을 사용하여 µl 단위로 검체 용량을 입력합니다. 검체 용량은 블록 유형에 따라 다릅니다

- 96웰 블록의 경우 범위는 0~50µl입니다.
- 384웰 블록의 경우 범위는 0~30µl입니다.
- 96-deep well 블록의 경우 범위는 0~125µl입니다.



— 프로토콜 단계, 램프 속도 및 선택된 블록 유형을 토대로 추정 실행 시간을 표시합니다.

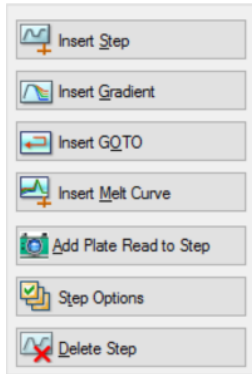


— 프로토콜에 관한 도움말 정보가 표시됩니다.

## 프로토콜 편집 제어

Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창의 왼쪽 창에는 프로토콜 생성 시에 사용할 수 있는 제어 기능들이 포함되어 있습니다.

각 제어 기능마다 프로토콜의 단계를 나타내는 파라미터들을 포함하고 있습니다. 각 파라미터는 변경할 수 있으며, 추가하거나 제거하여 프로토콜을 사용자 지정할 수 있습니다. 이 섹션에서는 각 제어 기능의 옵션을 설명합니다.



- **Insert Step(단계 삽입)** — 선택된 단계의 앞뒤에 단계를 삽입합니다. 프로토콜의 그래픽 디스플레이 또는 프로토콜 개요에서 온도와 대기 시간 값을 편집할 수 있습니다.
- **Insert Gradient(구배 삽입)** — 구배 계산기에서 선택된 웰 블록 유형에 따라 구배 단계를 삽입합니다. 구배 단계가 삽입되면 표시되는 Gradient(구배) 창에서 구배 범위를 편집할 수 있습니다.
- **Insert GOTO(GOTO 삽입)** — 사이클링(루프) 단계를 삽입합니다. 이 단계는 지정된 사이클 수의 시퀀스에서 특정 단계를 반복할 것을 소프트웨어에 지시합니다. 반복은 첫 번째 사이클이 완료된 후 시작됩니다. 예를 들어 2~4단계를 39회 반복하도록 소프트웨어에 지시할 수 있습니다. 마지막 반복이 끝난 이후에는 결과적으로 소프트웨어가 2~4단계를 총 40회 수행

한 상태입니다. 그래픽 디스플레이 또는 프로토콜 개요에서 돌아가기(GOTO) 단계와 사이클 수를 편집할 수 있습니다.

- **Insert Melt Curve(용해 곡선 삽입)** — 용해 곡선 판독 단계를 삽입합니다.
- **Insert Plate Read to Step(단계에 플레이트 판독 삽입)** — 선택된 단계에 플레이트 판독 명령을 추가합니다. 플레이트 판독에서는 사이클 종료 시 형광물질 양을 측정합니다. 플레이트 판독 단계는 보통 GOTO 루프의 마지막 단계입니다.

**팁:** 단계에 플레이트 판독 명령을 추가하면 단계 선택 시 해당 버튼이 Remove Plate Read(플레이트 판독 제거)로 바뀝니다.

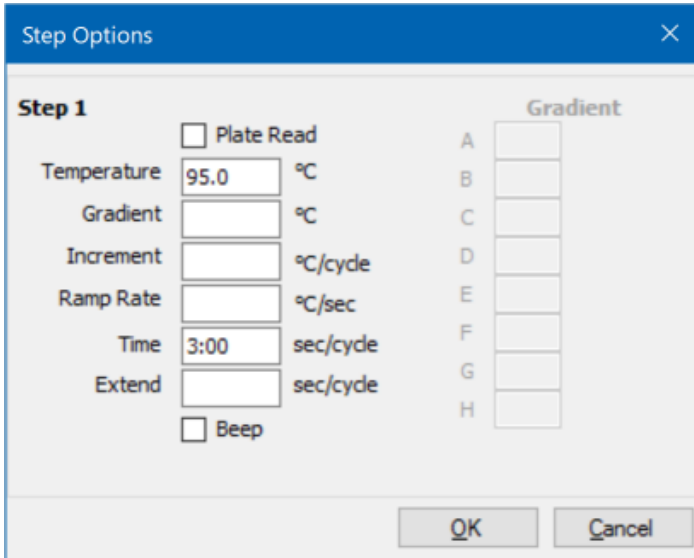
- **Remove Plate Read(플레이트 판독 제거)** — 선택된 단계에서 플레이트 판독 명령을 제거합니다.

**팁:** 단계에서 플레이트 판독을 제거하면 단계 선택 시 해당 버튼이 Add Plate Read(플레이트 판독 추가)로 바뀝니다.

- **Step Options(단계 옵션)** — Step Options(단계 옵션) 대화 상자를 열고 선택된 단계에서 이용 가능한 옵션을 표시합니다. 단계 옵션에 대한 자세한 내용은 [102페이지의 단계 옵션](#)을 참조하십시오.  
**팁:** 그래픽 디스플레이에서 단계를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하여 Step Options(단계 옵션)에 액세스할 수도 있습니다.
- **Delete Step(단계 삭제)** — 선택된 단계를 프로토콜에서 삭제합니다.

## 단계 옵션

Step Options(단계 옵션) 대화 상자를 열어 단계를 추가, 변경 또는 삭제할 수 있는 옵션을 보십시오.



- **Plate Read(플레이트 판독)** — 선택되면 단계에 플레이트 판독을 추가합니다.
- **Temperature(온도)** — 선택된 단계에 대한 표적 온도를 설정합니다.
- **Gradient(구배)** — 단계의 구배 범위를 설정합니다. 범위는 1~24°C입니다.  
참고: 구배는 블록 앞면에서 가장 낮은 온도(이미지의 H열)와 블록의 뒷면에서 가장 높은 온도(이미지의 A열)로 실행됩니다.
- **Increment(증분)** — 선택된 단계의 온도를 증가(또는 감소)시키는 양입니다. 이 값은 각 사이클에 표적 온도에 추가됩니다. 범위는 ±0.1~10°C입니다.  
참고: 온도를 감소시키려면 수치 앞에 마이너스 기호(-)를 입력하십시오(예를 들어, -5°C).
- **Ramp Rate(램프 속도)** — 선택된 단계에 대한 램프 속도입니다. 범위는 블록 크기에 따라 결정됩니다.
- **Time(시간)** — 선택된 단계에 대한 대기시간입니다.
- **Extend(연장)** — 선택된 단계를 연장하거나 축소시킨 시간의 양(초)입니다. 이 옵션은 각 사이클의 대기 시간에 추가됩니다. 범위는 ±1~60초입니다.
- **Beep(경고음)** — 이 옵션을 선택하면 단계 중에 경고음이 울립니다.  
팁: 옵션 범위 밖의 수를 입력하면, 소프트웨어가 범위 내에서 가장 가까운 항목으로 수를 변경합니다.

## 프로토콜 편집기에서 프로토콜 작성

Protocol Editor(프로토콜 편집기)를 사용하여 사용자 지정 프로토콜 파일을 작성할 수 있습니다. 또한 이전에 저장한 프로토콜 파일이나 CFX Maestro Dx SE와 함께 발송된 검체 프로토콜 파일을 편집하고 저장할 수 있습니다.

새 프로토콜을 작성하려면 다음 작업을 수행합니다.

- Protocol Editor(프로토콜 편집기)에서 프로토콜을 여십시오.

**팁:** Protocol Editor(프로토콜 편집기)에서 새 프로토콜이나 기존 프로토콜을 열 수 있습니다.

- 새 프로토콜을 설정하십시오.
- 프로토콜 대조군 창에서 프로토콜에 단계를 추가하십시오.
- 단계의 특성을 편집하십시오.
- 프로토콜을 저장하십시오.

**팁:** 이전에 저장한 파일이나 검체 프로토콜 파일에서 새 프로토콜을 작성하려면 [104페이지의 프로토콜 편집기에서 기존 프로토콜 열기](#)를 참조하십시오.

## 프로토콜 편집기에서 새 프로토콜 열기

CFX Maestro Dx SE는 다음 위치에서 새 프로토콜 파일을 여는 여러 옵션을 제공합니다.

- Home(홈) 창의 File(파일) 메뉴
- Home(홈) 창의 Run Setup(설정 실행) 대화 상자
- Home(홈) 창의 Startup Wizard(시작 마법사) 대화 상자

### 홈 창에서 새 프로토콜 파일을 여는 방법

- ▶ Home(홈) 창에서 File(파일) > Open(열기) > Protocol(프로토콜)을 선택하십시오.

Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창이 열리면서 기본 프로토콜 파일이 표시됩니다.

**팁:** 기본 프로토콜 설정에 대한 내용은 [83페이지의 기본값 파일 설정 변경](#)을 참조하십시오.

### 실행 설정 대화 상자에서 새 프로토콜을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행하여 Run Setup(실행 설정) 대화 상자를 엽니다.
  - Run(실행) > User-defined Run(사용자 정의 실행)을 선택하십시오.
  - 툴바에서 User-defined Run Setup(사용자 정의 실행 설정)을 클릭하십시오.

Run Setup(실행 설정) 대화 상자에서 Protocol(프로토콜) 탭이 열리고 기본값 프로토콜 파일이 표시됩니다.

2. Create New(새로 생성)를 클릭하십시오.

Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창이 열리면서 기본 실시간 프로토콜이 표시됩니다.

#### 시작 마법사에서 새 프로토콜 파일을 여는 방법

1. 현재 열려 있는 상태가 아닌 경우 Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행하여 Startup Wizard(시작 마법사)를 엽니다.

- View(보기) > Startup Wizard(시작 마법사)를 선택하십시오.
- 툴바에서 Startup Wizard(시작 마법사)를 클릭하십시오.

2. 필요한 경우 드롭다운 목록에서 기기 유형을 선택합니다.

3. 실행 유형으로 User-defined(사용자 정의)를 클릭합니다.

Run Setup(실행 설정) 대화 상자로 Protocol(프로토콜) 탭이 열리며 기본값 프로토콜 파일이 표시됩니다.

4. Create New(새로 생성)를 클릭합니다.

Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창이 열리면서 기본 실시간 프로토콜이 표시됩니다.

#### 실행 메뉴에서 새 프로토콜을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행하여 Run Setup(실행 설정) 대화 상자를 엽니다.

- Run(실행) > User-defined Run(사용자 정의 실행)을 선택하십시오.
- 툴바에서 User-defined Run Setup(사용자 정의 실행 설정)을 클릭하십시오.

Run Setup(실행 설정) 대화 상자에서 Protocol(프로토콜) 탭이 열리고 기본값 프로토콜 파일이 표시됩니다.

2. Create New(새로 생성)를 클릭하십시오.

Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창이 열리면서 기본값 실시간 프로토콜 파일이 표시됩니다.

### 프로토콜 편집기에서 기존 프로토콜 열기

CFX Maestro Dx SE에서는 직접 편집할 수 있는 샘플 프로토콜 파일을 제공하며 이 파일은 사용자 지정 새 프로토콜로 저장도 가능합니다. 또한 기존 사용자 지정 프로토콜에서 새 프로토콜을 생성할 수 있습니다.

#### 샘플 프로토콜 파일을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 File(파일) > Open(열기) > Protocol(프로토콜)을 선택합니다.

기본적으로 Windows 탐색기가 CFX Maestro Dx SE Sample files(검체 파일) 폴더 위치로 열립니다.

2. Sample files(검체 파일) 폴더를 엽니다. 아래와 같은 폴더가 나타납니다.
  - **ConventionalProtocols** — 일반 PCR 분석의 예시 프로토콜 파일이 포함되어 있습니다.
  - **DataFiles** — CFX Maestro Dx SE의 기능을 탐색할 때 사용할 수 있는 예시 데이터 파일이 포함되어 있습니다.
  - **MeltCalibration** — Bio-Rad의 Precision Melt Analysis 소프트웨어와 함께 사용할 수 있는 예시 프로토콜 파일이 포함되어 있습니다.
  - **Plates** — 예시 플레이트 파일이 포함되어 있습니다.
  - **RealTimeProtocols** — 실시간 PCR 분석의 예시 프로토콜 파일이 포함되어 있습니다.
3. 수행하려는 실행 유형에 맞게 ConventionalProtocols 또는 RealTimeProtocols 프로토콜 폴더를 엽니다.
4. 원하는 프로토콜을 선택하고 Open(열기)을 클릭합니다.  
Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창에서 검체 프로토콜이 열립니다.
5. 프로토콜을 새 이름으로 또는 새 위치에 저장하려면 File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)를 선택합니다.

### 기존 프로토콜을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - File(파일) > Open(열기) > Protocol(프로토콜)을 선택하고 대상 프로토콜을 찾아 선택한 후 Open(열기)을 클릭하십시오.
  - Startup Wizard(시작 마법사)를 열고 다음 중 하나를 수행하십시오.
    - 표시된 프로토콜을 편집하려면 Edit Selected(선택 사항 편집)를 클릭하십시오.
    - 다른 기존 프로토콜을 편집하려면 Select Existing(기존 항목 선택)을 클릭한 후 대상 파일을 찾으십시오.

Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창에서 프로토콜이 열립니다.
2. 프로토콜을 새 이름으로 또는 새 위치에 저장하려면 File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)를 선택합니다.

### 새 프로토콜 설정

**팁:** 사용자 프로토콜 파일에 필요한 파라미터가 포함되어 있는 경우(예를 들어, 기존 플레이트 파일을 편집하는 경우) 이 섹션을 건너뛸 수 있습니다. [108페이지의 프로토콜에 단계 추가](#)로 진행하십시오.

새 프로토콜 파일은 다음 파라미터가 필요합니다.

- 블록 유형

## 7장 프로토콜 만들기

- 선택된 블록 유형에 대한 스캔 모드
- 뚜껑 온도
- 검체 용량



## 블록 유형 설정

CFX Maestro Dx SE는 블록 유형을 기준으로 구배 단계에 대한 온도 증분을 자동으로 계산합니다.

**참고:** Protocol Editor(프로토콜 편집기)의 플레이트 유형 설정은 반응 모듈의 플레이트와 동일해야 합니다.

### 블록 유형 설정 방법

- ▶ Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창에서 Tools(도구) > Gradient Calculator(구배 계산기)를 선택하고 나타나는 드롭다운 목록에서 적절한 플레이트 유형을 선택하십시오.

## 선택된 블록 유형에 맞는 스캔 모드 선택

프로토콜에 대한 실행 시간을 측정하려면, 표적 블록 유형과 스캔 모드를 선택하십시오.

### 블록 유형과 스캔 모드 선택 방법

- ▶ Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창에서 Tools(도구) > Run time Calculator(실행 시간 계산기)를 선택하고 나타나는 드롭다운 목록에서 적절한 플레이트 유형과 스캔 모드를 선택하십시오.

## 뚜껑 온도 조정

CFX Maestro Dx SE는 아래와 같이 뚜껑 온도를 설정합니다.

- 96웰 및 deep well 기기 — 105.0°C
- 384웰 기기 — 95.0°C

기본 설정을 바꾸거나 프로토콜의 필요에 따라 뚜껑 히터를 끌 수 있습니다.

### 뚜껑 온도 조정 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서 Settings(설정) > Lid Settings(뚜껑 설정)를 선택합니다.  
Lid Settings(뚜껑 설정) 대화 상자가 표시됩니다.
2. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - User Defined(사용자 정의)를 선택한 다음 텍스트 상자에 온도 값을 입력하십시오.
  - Trun Off Lid Heater(뚜껑 히터 끄기)를 선택하십시오.
3. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 수락하고 대화 상자를 닫습니다.

## 검체 용량 설정

기본적으로 CFX Maestro Dx SE는 각 웰에 대한 검체 용량을 25 $\mu$ l로 설정합니다. 검체 용량은 블록 유형에 따라 다릅니다. 예는 다음과 같습니다.

- 96-웰 블록은 0~50 $\mu$ l입니다.
- 384-웰 블록은 0~30 $\mu$ l입니다.

기기는 2가지 온도 제어 모드 중 하나를 사용하여 검체가 프로토콜의 표적 온도에 도달하는 시간을 측정합니다.

- **계산 모드** — 검체 용량이 블록에 적합한 0이 아닌 용량으로 설정되어 있다면, 기기는 검체 용량을 기준으로 검체 온도를 계산합니다. 이것은 표준 모드입니다.
- **블록 모드** — 검체 용량이 0 $\mu$ l로 설정되어 있다면 기기는 블록 온도에서 측정된 온도와 동일한 검체 온도를 기록합니다.

### 특정 블록에 대한 검체 용량 설정 방법

- ▶ Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서 툴바에 있는 Sample Volume(검체 용량) 텍스트 상자에 올바른 값을 입력하십시오.

**팁:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 기본 검체 용량을 변경할 수 있습니다. [83페이지의 기본값 파일 설정 변경](#)을 참조하십시오.

## 프로토콜에 단계 추가

### 프로토콜에 단계 추가 방법

1. Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창에서 프로토콜을 엽니다.
2. 새 단계를 삽입할 위치를 결정합니다. 툴바의 Step(단계) 드롭다운 목록에서 Before(전) 또는 After(후)를 선택합니다.
3. 그래프에서 새 단계를 삽입하려고 계획하는 단계 전 또는 후를 선택합니다.
4. 왼쪽 창에서 Insert Step(단계 삽입)을 클릭합니다.
5. 온도나 대기 시간을 변경하려면, 그래프나 프로토콜 개요의 기본값을 클릭하고 새 값을 입력합니다.
6. (선택 사항) 왼쪽 창에서 Step Options(단계 옵션)을 클릭하여 Step Options(단계 옵션) 대화 상자를 표시하고 선택한 단계에 사용할 수 있는 옵션을 변경합니다.

**팁:** 그래프 창이나 프로토콜 개요 창의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴에 있는 Step Options(단계 옵션) 대화 상자에 액세스할 수 있습니다.

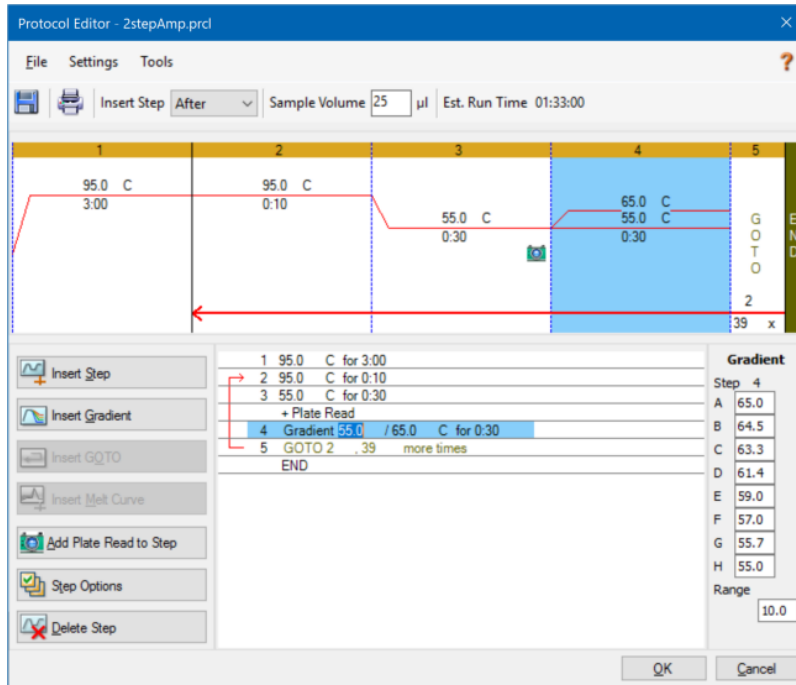
7. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 프로토콜 변경사항을 저장합니다.  
Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자가 표시됩니다.

- Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자에 새 프로토콜의 이름을 입력하고 Save(저장)을 클릭합니다.

## 구배 단계 삽입

### 구배 단계 삽입 방법

- 구배를 위한 플레이트 크기가 기기의 블록 유형, 즉 96웰, 384웰 또는 deep well과 동일한지 확인합니다.
- 구배가 처음일 경우 구배를 위한 플레이트 크기를 선택합니다.  
Tools(도구) > Gradient Calculator(구배 계산기)를 선택하고 드롭다운 목록에서 적절한 웰 유형을 선택합니다.
- 툴바의 Insert Step(삽입 단계) 드롭다운 목록에서 Before(앞) 또는 After(뒤)를 선택합니다.
- 그래프 또는 아웃라인 창에서 구배 단계를 삽입할 앞 단계 또는 뒤 단계를 선택합니다.
- 왼쪽 창에서 Insert Gradient(구배 삽입)를 클릭합니다. 그래프 및 아웃라인 창에서 새 구배 단계가 강조 표시됩니다. 예:



구배의 각 행 온도가 오른쪽 창의 Gradient(구배) 표에 표시됩니다.

6. 구배 온도 범위를 편집하려면 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 그래프 또는 아웃라인 창에서 기본 온도를 클릭한 다음 새 온도를 입력하십시오.
  - Step Options(단계 옵션)를 클릭하여 Step Options(단계 옵션) 창에 구배 범위를 입력하십시오.
  - Gradient(구배) 표에서 Range(범위) 값을 변경하십시오.
7. 유지 시간을 편집하려면 그래프 또는 텍스트 보기에서 기본값 시간을 클릭하고 새 시간을 입력합니다.
8. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장합니다.

## GOTO 단계 삽입

**참고:** GOTO 세트에 GOTO 단계를 삽입할 수 없습니다. 중첩된 GOTO 루프를 생성할 수 없습니다.

### GOTO 단계 삽입 방법

1. 툴바의 Insert Step(삽입 단계) 드롭다운 목록에서 Before(앞) 또는 After(뒤)를 선택합니다.
2. 그래프에서 GOTO 단계를 삽입할 앞 또는 뒤 단계를 선택합니다.
3. 왼쪽 창에서 Insert GOTO(GOTO 삽입)를 클릭합니다.
4. GOTO 단계 수 또는 GOTO 복제 수를 편집하려면 그래프 또는 개요 창에서 기본값 숫자를 선택한 다음 새 값을 입력합니다.
5. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장합니다.

## 용해 곡선 단계 삽입

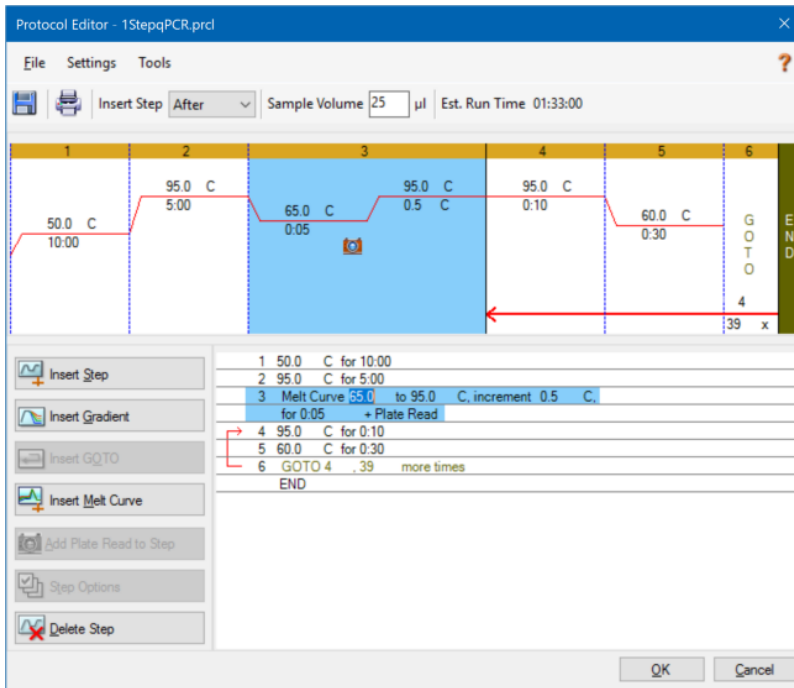
**팁:** GOTO 루프 안에 용해 곡선 단계를 삽입할 수 없습니다.

**참고:** 용해 곡선 단계에는 프로토콜에 나와 있지 않은 단계를 시작할 때 30초 대기가 포함됩니다.

### 용해 곡선 단계 삽입

1. 툴바의 Insert Step(삽입 단계) 드롭다운 목록에서 Before(앞) 또는 After(뒤)를 선택합니다.
2. 그래프에서 용해 곡선 단계를 삽입하려고 하는 앞 또는 뒤 단계를 선택합니다.

3. 왼쪽 창에서 Insert Melt Curve(용해 곡선 삽입)를 클릭합니다. 예를 들어, 그래프 및 개요 창에서 새 용해 곡선 단계가 강조표시됩니다.



4. 용해 온도 범위나 증분 시간을 편집하려면, 그래프 또는 개요 창에서 기본 수치를 선택하고 새 값을 입력합니다.
5. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장합니다.

## 플레이트 판독 단계 추가 또는 제거

**팁:** 단계에 플레이트 판독 명령을 추가하면 단계 선택 시 해당 버튼이 Remove Plate Read(플레이트 판독 제거)로 바뀝니다.

### 플레이트 판독을 단계에 추가하는 방법

1. 툴바의 Insert Step(단계 삽입) 드롭 다운 목록에서 Before(전) 또는 After(후)를 선택합니다.
2. 그래프에서 플레이트 판독 단계를 삽입하려고 하는 단계 전 또는 후를 선택합니다.
3. 왼쪽 창에서 Add Plate Read to Step(단계로 플레이트 판독 추가)를 클릭하여 선택한 단계에 플레이트 판독을 추가합니다.
4. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 변경 사항을 저장합니다.

### 단계에서 플레이트 판독을 제거하는 방법

- ▶ 그래프에서 플레이트 판독이 포함된 단계를 선택하고 왼쪽 창에서 Remove Plate Read(플레이트 판독 제거)를 클릭하십시오.

## 단계 옵션 변경

### 선택된 단계에 대한 단계 옵션 변경 방법

1. 그래프 또는 아웃라인 창에서 표적 단계를 선택합니다.
2. 왼쪽 창에서 Step Options(단계 옵션)을 클릭하여 Step Options(단계 옵션) 대화 상자를 엽니다.  
아니면, 창 중 하나에서 표적 단계를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 나타나는 메뉴에서 Step Options(단계 옵션)을 선택합니다.
3. 옵션을 추가, 수정 또는 제거하려면 다음 작업을 수행합니다.
  - 적절한 텍스트 상자에 값을 입력하십시오.
  - 특정 텍스트 상자의 값을 편집하십시오.
  - 확인란을 선택하거나 선택 취소하십시오.
4. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Step Options(단계 옵션) 대화 상자를 닫습니다.
5. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 프로토콜을 저장합니다.

## 단계 삭제

**중요:** 이 기능은 실행 취소할 수 없습니다. 단계를 삭제할 때에는 주의하십시오.

### 프로토콜에서 단계를 삭제하는 방법

1. 그래프 또는 아웃라인 창에서 단계를 선택합니다.
2. 왼쪽 창에서 Delete Step(단계 삭제)을 클릭하여 선택한 단계를 삭제합니다.
3. OK(확인)를 클릭한 다음 Yes(예)를 클릭하여 프로토콜을 저장합니다.

## 프로토콜 복사, 내보내기 또는 인쇄

### 프로토콜 복사 방법

- ▶ 프로토콜 개요를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Copy Protocol(프로토콜 복사)을 선택하십시오.  
개요를 .txt, .xls, .doc 또는 .ppt 파일에 붙여넣을 수 있습니다.

### 프로토콜 내보내기 방법

1. 프로토콜 개요를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Export Protocol(프로토콜 내보내기)을 선택합니다.  
Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자가 표시됩니다.
2. (선택 사항) Windows Explorer에서 프로토콜 파일을 저장할 폴더를 탐색합니다.
3. File name(파일 이름)에 내보내기할 프로토콜 파일의 이름을 입력합니다.
4. Save(저장)를 클릭합니다.

### 프로토콜 인쇄 방법

- ▶ 프로토콜 개요를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭한 다음 Print(인쇄)를 선택하십시오.  
기본 프린터로 프로토콜 개요를 인쇄할 수 있습니다.

## 프로토콜 자동작성기로 프로토콜 만들기

**중요:** Bio-Rad는 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)로 생성한 프로토콜을 실행할 때 항상 PCR 결과를 제공된다고 보장할 수 없습니다.

CFX Maestro Dx SE의 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)는 다음 입력 파라미터에 기반하여 자동으로 사이클링 프로토콜을 생성합니다.

- **Amplicon length(앰플리콘 길이)** — PCR 결과의 예상 길이
- **Annealing temperature(어닐링 온도)** — 사용되는 프라이머의 반응  $T_a$   
 $T_a$  값을 알 수 없는 경우  $T_a$  계산기를 사용하여 지정 프라이머 시퀀스에 따라 자동 계산할 수 있습니다.

**참고:**  $T_a$  값은 선택된 효소와 프로토콜 속도에 근거한 프라이머 용해 온도( $T_m$ ) 정보를 기반으로 조정됩니다.

- **Enzyme type(효소 유형)** — DNA 중합효소(iTaq™ DNA polymerase(iTaq™ DNA 중합효소), iProof™ DNA polymerase(iProof™ DNA 중합효소) 또는 Other(기타))  
iTaq 또는 iProof DNA 중합효소가 아닌 효소를 사용하는 경우 구배 범위, 핫 스타트 활성화 시간(초), 최종 연장 시간(초)을 비롯한 추가 정보를 입력할 수 있습니다.
- **Run speed(실행 속도)** — 반응 속도(표준, 고속 또는 초고속)  
Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)는 지정된 속도 설정에 따라 프로토콜을 최적화합니다. 총 실행 시간은 단계와 사이클의 수, 각 단계별 배양 시간, 목표 온도에서 균일성이 달성되기까지 소요된 시간에 따라 결정됩니다.

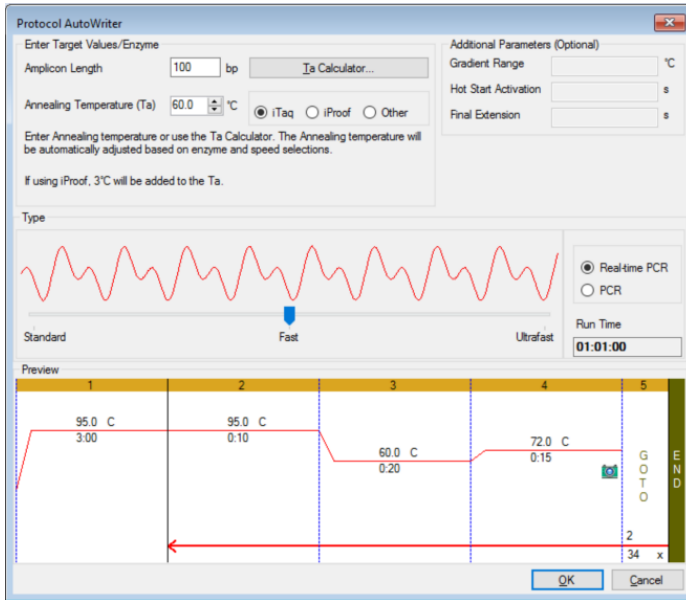
Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)는 직접 입력한 파라미터와 표준 PCR 가이드라인을 이용하여, 사용자 지정된 PCR 프로토콜을 핫 스타트, 초기 변성, 어닐링, 연장 단계로 자동 생성합니다. 그런 다음 제안된 프로토콜을 그래픽으로 볼 수 있고, 편집, 실행 또는 저장이 가능합니다.



## CFX Maestro Dx SE의 프로토콜 자동작성기를 이용하여 새 프로토콜을 생성하는 방법

1. Home(홈) 창에서 Tools(툴) > Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)를 선택합니다.

Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기) 대화 상자가 나타납니다.



2. Enter Target Values/Enzyme(목표 값 입력/효소) 섹션에서 다음 작업을 수행합니다.

- 프라이머의 어닐링 온도( $T_a$ )를 알고 있는 경우 입력하십시오.

**팁:** 자세한 내용은 [116페이지의  \$T\_a\$  계산기 사용](#)을 참조하십시오.

**참고:**  $T_a$  Calculator( $T_a$  계산기)에서 사용되는 계산에 대한 자세한 내용은 Breslauer et al. 1986 자료를 참조하십시오.

- 앰플리콘 길이를 염기쌍(base pairs, bp) 단위로 입력하십시오.
- 옵션 목록(iTaq™ DNA polymerase(iTaq™ DNA 중합효소), iProof™ DNA polymerase(iProof™ DNA 중합효소) 또는 Other(기타))에서 효소 유형을 선택하십시오.

**팁:** 효소 유형으로 Other(기타)를 선택하면 Additional Parameters(추가 파라미터)(선택 사항) 섹션의 파라미터가 활성화됩니다.

3. 효소 유형으로 Other(기타)를 선택한 경우에는 다음 파라미터 중 하나 또는 모두를 프로토콜에 추가할 수 있습니다.
  - 구배 범위
  - 핫 스타트 활성화 온도
  - 최종 연장 시간
4. Type(유형) 섹션에서 슬라이딩 막대를 움직여 프로토콜 속도(Standard(표준), Fast(고속) 또는 Ultrafast(초고속))를 선택합니다. CFX Maestro Dx SE는 총 실행 시간을 조정합니다.
5. 수행할 PCR 유형을 선택합니다(실시간 PCR이 기본값).

실시간 PCR을 사용하면 CFX Maestro Dx SE에서 형광 데이터를 수집하는 플레이트 판독 단계를 추가합니다.
6. Preview(미리 보기) 섹션에서 프로토콜을 확인합니다. 필요에 따라 내용을 변경할 수 있습니다.
7. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 새 프로토콜을 저장하려면 OK(확인)를 클릭하십시오. 저장 후 프로토콜이 Startup Wizard(시작 마법사)에서 열립니다. 프로토콜의 내용을 변경해야 하는 경우 Edit Selected(선택 사항 편집)를 클릭하십시오. 예를 들어, 뚜껑 온도와 검체 용량을 변경해야 할 수 있습니다.
  - 프로토콜을 저장하지 않고 창을 닫으려면 Cancel(취소)을 클릭하십시오.

## T<sub>a</sub> 계산기 사용

프라이머에 대한 어닐링 온도를 알 수 없으면 T<sub>a</sub> 계산기를 사용하여 값을 계산할 수 있습니다. Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기) 또는 Protocol Editor(프로토콜 편집기)의 값을 사용하여 프로토콜을 만들 수 있습니다.

### T<sub>a</sub> 계산기 정보

T<sub>a</sub> 계산기는 표준 속도에서 각 프라이머의 T<sub>m</sub> 값과 프로토콜의 T<sub>a</sub> 값을 계산합니다.

프로토콜의 T<sub>a</sub>는 다음 규칙이 적용된 평균 프라이머 T<sub>m</sub> 값을 토대로 합니다.

- 프라이머 T<sub>m</sub> 값의 차이가 >4°C인 경우, T<sub>a</sub> = (2가지 프라이머 T<sub>m</sub> 값 중 낮은 값 + 2) - 4°C
- T<sub>m</sub> 값의 차이가 ≤4°C인 경우, T<sub>a</sub> = (프라이머 T<sub>m</sub> 값의 평균) - 4°C

## 염기쌍 카운팅 방법

각 프라이머에 대해 T<sub>a</sub> 계산기는 14개 이하의 염기쌍(bp) 서열에 대해 염기쌍 카운팅 방법을 사용합니다.

$$T_m = ((w*A + x*T) * 2) + ((y*G + z*C) * 4)$$

여기서 w, x, y 및 z는 각각 서열에서 베이스 A, T, G 및 C의 번호입니다.

## 최근린 방법

14bp가 넘는 시퀀스의 경우 최근린 방법이 사용됩니다. 최근린 방법에서는 용해 온도 계산이 엔트로피(올리고핵산염의 임의성에 대한 측정치 또는 순서), 엔탈피(올리고핵산염에 의해 방출 또는 흡수된 열), 자유 에너지, 온도 간의 열역학적 관계를 바탕으로 합니다.

$$\Delta H = \Delta G + T * \Delta S$$

설명:

- $\Delta H$  = 엔탈피 값, Cal/Mole\*K
- T = 온도, Kelvin
- $\Delta S$  = 엔트로피 값, Cal/Mole\*K
- $\Delta G$  = Gibbs 자유 에너지, Cal/Mole\*K

엔트로피와 엔탈피 간 변화는 표8(Breslauer et al. 1986)에 제시된 뉴클레오티드쌍의 값을 합하여 직접 계산됩니다.

평형 시 반응물 및 생성물의 농도와 자유 에너지 간 관계는 다음과 같이 도출됩니다.

$$\Delta G = R * T * \ln((DNA * \text{프라이머}) / (DNA + \text{프라이머}))$$

여기서 R은 기체 상수입니다(1.986 Cal/Mole\*K).

두 방정식에서 G를 치환하고 T를 풀면 다음과 같습니다.

$$T = \Delta H / (\Delta S + R * \ln((DNA * \text{프라이머}) / (DNA + \text{프라이머})))$$

이 때 DNA와 DNA-프라이머 복합체의 농도는 같다고 가정합니다.

경험적으로, 단일가닥 DNA에서 B형 DNA로 전이가 일어날 때 5kcal의 자유 에너지(3.4kcal)가 발생한다고 확인되었습니다(Sugimoto 외. 1996). 이는 나선 개시 에너지일 것입니다. 마지막으로 염기(salt)에 대한 보정을 추가하면 T<sub>a</sub> 계산기를 사용하는 방정식이 도출됩니다.

$$T = (\Delta H - 5(KCal/K * Mole)) / (\Delta S + (R * \ln(1/(primer)))) + 16.6 \log_{10}(\text{염물농도})$$

1 M NaCl에서 여러 파라미터가 결정되기 때문에 염 농도에 대한 보정 상수는 필요하지 않으며, 1의 log<sub>10</sub>은 0입니다.

열역학적 계산은 pH 7.0에서 어날링이 발생하는 것으로 추정합니다.  $T_m$  계산은 시퀀스가 비대칭적이며 한 개 이상의 G 또는 C를 포함하는 것으로 추정합니다.

타당한  $T_m$  값을 도출하려면 올리고핵산염 시퀀스의 길이가 최소 14개 염기여야 합니다. 염기가 14개 미만 일 경우 염기쌍 카운팅 방법을 사용하십시오(아래 표8 참조).

**표8. Breslauer 상호 작용 상수**

상호 작용		$\Delta H$	$\Delta S$	$\Delta G$
AA	TT	9.1	24	1.5
AT	TA	8.6	23.9	1.5
AC	TG	6.5	17.3	1.3
AG	TC	7.8	20.8	1.6
TA	AT	6	16.9	0.9
TT	AA	9.1	24	1.9
TC	AG	5.6	13.5	1.6
TG	AC	5.8	12.9	1.9
CA	GT	5.8	12.9	1.9
CT	GA	7.8	20.8	1.6
CC	GG	11	26.6	3.1
CG	GC	11.9	27.8	3.6
GA	CT	5.6	13.5	1.6
GT	CA	6.5	17.3	1.3
GC	CG	11.1	26.7	3.1
GG	CC	11	26.6	3.1

## T<sub>a</sub> 계산기 사용

### T<sub>a</sub> 계산기 사용 방법

1. T<sub>a</sub> 계산기를 열려면 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 현재 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)에 있을 경우 T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기)를 클릭하십시오.
  - Home(홈) 창에서 Tools(도구) > T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기)를 선택하십시오.

T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기) 대화 상자가 표시됩니다.

2. Forward Primer(정방향 프라이머) 텍스트 상자에 정방향 프라이머 시퀀스를 입력 또는 붙여넣습니다.
 

**팁:** 대화 상자 왼쪽의 A, T, G, C 버튼을 사용하여 시퀀스를 입력할 수도 있습니다.
3. Reverse Primer(역방향 프라이머) 텍스트 상자에 역방향 프라이머 시퀀스를 입력 또는 붙여넣습니다.
4. Calculate(계산)를 클릭합니다.

## 7장 프로토콜 만들기

T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기)가 각 프라이머의 T<sub>m</sub>과 T<sub>m</sub> 및 T<sub>a</sub> 값의 평균을 계산합니다. 예는 다음과 같습니다.

Field	Value	Unit
Forward Primer	5' CTG GAG CCT TCA GTT GCA G	
Reverse Primer	5' GAA GAT GGT GAT GGG ATT TC	
Forward T <sub>m</sub>	59.7	°C
Reverse T <sub>m</sub>	56.9	°C
Average of primer T <sub>m</sub> 's	58.3	°C
T <sub>a</sub> at Standard Speed (iTaQ)	54.3	°C

프라이머 T<sub>m</sub> 값이 4°C 넘게 떨어져 있으면 Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)는 하한 프라이머 T<sub>m</sub> 값 + 2°C를 사용하여 T<sub>a</sub> 값을 계산하며, 이는 사용자가 추후 효소 및 반응 속도를 변경하여 수정할 수 있습니다.

T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기)는 iTaq DNA 중합효소로 표준 속도에 대한 어닐링 온도를 생성합니다. 다른 효소를 사용하면 속도 설정이 자동으로 T<sub>a</sub>를 조정합니다.

5. 다음 중 하나를 수행합니다.

- Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)에서 T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기)를 연 경우 OK(확인)를 클릭하십시오. Protocol AutoWriter(프로토콜 자동작성기)로 돌아갑니다. 어닐링 온도가 자동으로 수정됩니다.
- Tools(도구) 메뉴에서 T<sub>a</sub> Calculator(Ta 계산기)를 연 경우 계산을 기록하고 Cancel(취소)을 클릭하여 계산기를 닫으십시오.

## 8장 플레이트 준비

플레이트 파일에는 실행 파라미터(예를 들어, 스캔 모드, 형광물질 및 웰 내용물)가 포함되어 있습니다. CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition은 실행 후 웰 내용을 프로토콜 중 수집된 형광물질 데이터와 연결하며 Data Analysis(데이터 분석) 창의 적합한 분석에 적용합니다. 예를 들어, 표준 검체 유형으로 로딩된 웰은 표준 곡선을 생성하는 데 사용됩니다.

CFX Maestro Dx SE에서는 플레이트 생성을 위한 두 가지 옵션인 실시간 PCR 실행을 위한 플레이트 편집기와 정규화된 유전자 발현 분석을 위한 설정 마법사를 제공합니다.

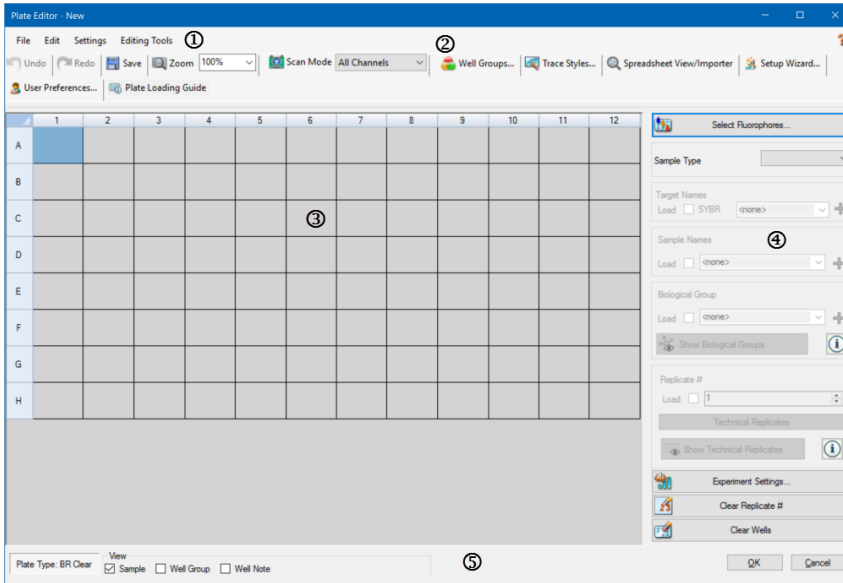
Plate Editor(플레이트 편집기)에는 다음 특징이 있습니다.

- 표준 형광물질 및 플레이트 웰에 할당된 검체 유형
- 유전자 발현 분석을 위한 기준 표적과 대조 검체를 설정하는 기능
- 실행 전, 실행 중 또는 실행 후 플레이트 설정을 편집하는 기능
- 재사용을 위해 플레이트 파일을 저장하는 기능
- 기본 프린터로 플레이트 파일을 인쇄하는 기능

Setup Wizard(설정 마법사)는 표준화 유전자 발현 분석을 위한 플레이트 배치를 하도록 안내합니다. 실행 전, 실행 중, 실행 후에 Setup Wizard(설정 마법사)를 사용할 수 있습니다.

## 플레이트 편집기 창

Plate Editor(플레이트 편집기)를 사용하여 사용자 지정 플레이트를 생성하거나 기존 플레이트를 수정합니다.



### 범례

1. 메뉴 모음에서는 File(파일), Settings(설정) 메뉴 명령과 플레이트 편집 도구 옵션으로 빠르게 액세스할 수 있습니다.

---

2. 툴바에서는 중요한 플레이트 장착 기능으로 빠르게 액세스할 수 있습니다.

---

3. 기본 창에는 플레이트 개요와 사용자가 적용한 플레이트 옵션이 표시됩니다.

---

4. 오른쪽 창에는 플레이트를 사용자 지정할 때 사용하는 옵션이 표시됩니다.

---

5. 하단 창에는 플레이트 유형이 표시되며 이 창에서는 보기 옵션으로 빠르게 액세스할 수 있습니다.

## 파일 메뉴 명령

**Save(저장)** — User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자의 Files(파일) 탭에 명시된 위치에 플레이트 데이터 파일을 저장합니다. 자세한 내용은 [83페이지의 기본값 파일 설정 변경](#)을 참조하십시오. 이 메뉴 항목은 새 플레이트 파일을 만들 때 사용할 수 있습니다.



**Save As(다른 이름으로 저장)** — 열려 있는 플레이트 데이터 파일을 사용자가 제공한 새 이름으로 저장합니다. 이 메뉴 항목은 새 플레이트 파일을 만들 때 사용할 수 있습니다.

**File Passwords(파일 암호)** — 사용자가 파일 저장 및 파일 열기 암호를 설정할 수 있습니다.

**Extract Plate(플레이트 추출)** — 사용자가 플레이트 파일(.pltd)을 추출/저장할 수 있는 대화 상자를 엽니다. 이 메뉴 항목은 기존 플레이트 파일을 보거나 편집할 때 사용할 수 있습니다.

**Print(인쇄)** — 열려 있는 플레이트 데이터 파일을 인쇄합니다.

**Close(닫기)** — Plate Editor(플레이트 편집기)를 닫습니다.

## 편집 메뉴 명령

**Undo(실행 취소)** — 플레이트 파일이 저장되기 전의 플레이트 파일 변경 사항을 되돌립니다.

**Redo(다시 실행)** — 플레이트 파일이 저장되기 전까지의 최근 실행 취소 동작을 되돌립니다.

## 메뉴 명령 설정

**Plate Size(플레이트 크기)** — 실행을 위한 플레이트 크기를 선택할 수 있는 대화 상자를 엽니다.

**참고:** 플레이트 크기는 실행이 수행되는 기기의 블록 크기와 동일해야 합니다.

다음에 대해 96웨를 선택합니다.

- CFX Opus 96 Dx
- CFX Opus Deepwell Dx

다음에 대해 384웨를 선택합니다.

- CFX Opus 384Dx

**Plate Type(플레이트 유형)** — BR White(BR 흰색) 또는 BR Clear(BR 투명) 중 검체를 고정할 플레이트의 웰 유형을 선택할 수 있습니다. 데이터를 정확하게 분석하려면 선택한 플레이트와 실행에 사용되는 플레이트의 유형이 동일해야 합니다.

**참고:** 새 플레이트 유형을 보정해야 합니다. 자세한 내용은 [75페이지의 새 염료 보정](#)을 참조하십시오.

**Number Convention(수치 규칙)** — 과학적 표기법으로 단위를 표시할 옵션을 선택하거나 선택 해제할 수 있습니다. 기본값은 과학적 표기법으로 단위를 표시하는 것입니다.

**Units(단위)** — 알 수 없는 곡선 대 표준 곡선 정량을 수행할 때 스프레드시트에 표시되는 단위를 선택할 수 있습니다.

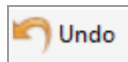
## 도구 메뉴 명령 편집

**Setup Wizard(설정 마법사)** — 현재 플레이트에 대한 레이아웃과 분석 파라미터를 정의할 수 있는 Setup Wizard(설정 마법사)를 엽니다. 실행 전, 실행 중, 실행 완료 후에 Setup Wizard(설정 마법사)를 사용할 수 있습니다.

**Spreadsheet View/Importer(스프레드시트 보기/가져오기)** — 스프레드시트 형식의 템플릿으로 플레이트 레이아웃을 표시하는 View(보기) 대화 상자를 엽니다. 이 대화 상자를 사용하여 .csv 형식의 플레이트 템플릿 데이터를 내보내거나 가져올 수 있습니다.

**Flip Plate(플레이트 돌리기)** — 플레이트 내용을 180° 돌립니다.

## 툴바 명령



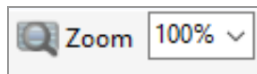
플레이트의 변경 사항을 되돌립니다. CFX Maestro Dx SE는 최대 10개의 실행 취소 작업을 지원합니다.



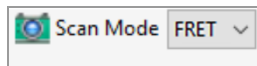
가장 최근의 실행 취소 작업을 되돌립니다. CFX Maestro Dx SE는 최대 10개의 재실행 작업을 지원합니다.



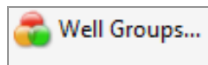
현재 플레이트 파일을 저장합니다.



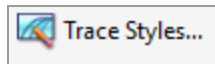
플레이트 보기 배율을 높이거나 낮출 수 있는 드롭다운 목록을 표시합니다.



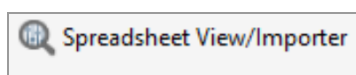
스캔 모드를 선택할 수 있는 드롭다운 목록이 표시됩니다. 이는 기기에 실행 중 형광 데이터를 수집할 채널을 알려줍니다.



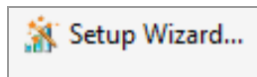
현재 플레이트에 대한 웰 그룹을 생성할 수 있는 Well Groups Manager(웰 그룹 관리자)를 엽니다.



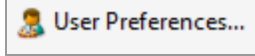
증폭화 추적에 대한 색상과 기호를 선택할 수 있는 대화 상자를 표시합니다.



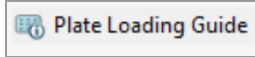
스프레드시트 형식의 템플릿으로 플레이트 레이아웃을 표시하는 View(보기) 대화 상자를 엽니다. 이 대화 상자를 사용하여 .csv 형식의 플레이트 템플릿 데이터를 내보내거나 가져올 수 있습니다.



현재 플레이트에 대한 레이아웃과 분석 파라미터를 정의할 수 있는 Setup Wizard(설정 마법사)를 엽니다. 실행 전, 실행 중, 실행 후에 Setup Wizard(설정 마법사)를 사용할 수 있습니다.



User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상화에서 Plate(플레이트) 탭을 엽니다. 여기에서 플레이트 레이아웃 파라미터를 정의하거나 표적, 검체, 생물학적 집단 이름을 생성 또는 삭제할 수 있습니다. Plate(플레이트) 탭에서 만든 변경 사항은 이후 Plate Editor(플레이트 편집기)를 열면 사용할 수 있습니다.



플레이트를 설정하고 웰을 로드하는 데 필요한 필수 단계를 표시합니다.

## 플레이트 편집기로 플레이트 파일 만들기

Plate Editor(플레이트 편집기)를 사용하여 사용자 지정 플레이트 파일을 작성할 수 있습니다. 또한 이전에 저장한 플레이트 파일이나 CFX Opus Dx 시스템과 함께 발송된 검체 플레이트 파일을 편집하고 저장할 수 있습니다.

새 플레이트를 만들려면 다음 작업을 수행합니다.

- Plate Editor(플레이트 편집기)에서 플레이트 파일을 여십시오.
- 플레이트 유형을 선택하십시오.  
**참고:** 플레이트 파일에 대한 플레이트 유형은 반응 모듈의 플레이트와 동일해야 합니다.
- 프로토콜에서 사용할 스캔 모드를 선택하십시오.
- 플레이트에서 사용할 형광물질을 선택하십시오.
- 검체 유형, 표적 및 검체를 선택하십시오.
- 해당되는 경우, 인공 복제를 선택하십시오.
- 플레이트 레이아웃을 저장하십시오.

**팁:** 이전에 저장한 파일이나 검체 플레이트 파일에서 새 플레이트를 만들려면 [128페이지의 플레이트 편집기에서 기존 플레이트 파일 열기](#)를 참조하십시오.

## 플레이트 편집기에서 새 플레이트 파일 열기

CFX Maestro Dx SE에서는 다음 위치에서 새 플레이트 파일을 열 수 있는 여러 가지 옵션을 제공합니다.

- Home(홈) 창
- Startup Wizard(시작 마법사) 대화 상자
- Run Setup(실행 설정) 대화 상자

### Home(홈) 창에서 새 플레이트 파일을 여는 방법

- ▶ File(파일) > New(새로 만들기) > Plate(플레이트)를 선택하십시오.

Plate Editor(플레이트 편집기) 창이 열리고 선택된 기기의 기본 플레이트 파일이 표시됩니다.

**팁:** 기본값 플레이트 파일을 설정하는 방법에 대한 내용은 [83페이지의 기본값 파일 설정 변경](#)을 참조하십시오.

### Startup Wizard(시작 마법사)에서 새 플레이트 파일을 여는 방법

1. 현재 열려 있는 상태가 아닌 경우 Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행하여 Startup Wizard(시작 마법사)를 엽니다.
  - View(보기) > Startup Wizard(시작 마법사)를 선택하십시오.
  - 툴바에서 Startup Wizard(시작 마법사)를 클릭하십시오.
2. 필요한 경우 드롭다운 목록에서 기기 유형을 선택합니다.
3. 새 플레이트를 생성하려면 실행 유형으로 User-defined(사용자 정의)를 클릭합니다.  
Run Setup(실행 설정) 대화 상자가 열리고 Protocol(프로토콜) 탭이 표시됩니다.
4. Plate(플레이트) 탭을 클릭하고 Create New(새로 만들기)를 클릭합니다.  
Plate Editor(플레이트 편집기) 창이 열리고 선택된 기기의 기본값 플레이트 레이아웃이 표시됩니다.

### Run Setup(실행 설정) 대화 상자에서 새 플레이트 파일을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행하여 Run Setup(실행 설정) 대화 상자를 엽니다.
  - Run(실행) > User-defined Run(사용자 정의 실행)을 선택하십시오.
  - 툴바에서 User-defined Run Setup(사용자 정의 실행 설정)을 클릭하십시오.Protocol(프로토콜) 탭에 Run Setup(실행 설정) 대화 상자가 열립니다.
2. 새 플레이트를 생성하려면 Plate(플레이트) 탭을 클릭하고 Create New(새로 만들기)를 클릭합니다.  
Plate Editor(플레이트 편집기) 창이 열리고 선택된 기기의 기본값 플레이트 레이아웃이 표시됩니다.

## 플레이트 편집기에서 기존 플레이트 파일 열기

CFX Maestro Dx SE는 편집할 수 있고 새 플레이트로 저장할 수 있는 검체 플레이트 파일을 제공합니다. 또한 이전에 저장된 플레이트 파일에서 새 플레이트 파일을 생성할 수 있습니다.

### 검체 플레이트 파일을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 File(파일) > Open(열기) > Plate(플레이트)를 선택합니다.  
Windows 탐색기는 CFX Opus Dx 시스템 Sample(검체) 파일 폴더의 위치를 엽니다.
2. Sample(검체) 파일 폴더를 연 다음 Plates(플레이트) 폴더를 엽니다.
3. 플레이트 파일을 선택하고 Open(열기)을 클릭합니다.  
Sample(검체) 플레이트 파일이 Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서 열립니다.
4. File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)를 선택하고 플레이트 파일을 새 이름으로 또는 새 폴더에 저장합니다.

### 이전에 저장된 플레이트 파일을 여는 방법

1. Home(홈) 창에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - File(파일) > Open(열기)를 선택하고, 표적 플레이트를 탐색하여 선택하며 Open(열기)을 클릭하십시오.
  - Startup Wizard(시작 마법사)를 열고 다음 중 하나를 수행하십시오.
    - 기존 플레이트 파일을 편집하려면 Select Existing(기존 항목 선택)을 클릭하고 표적 파일로 이동하십시오.
    - 표시된 플레이트 파일을 편집하려면 Edit Selected(선택 사항 편집)를 클릭하십시오.  
Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서 표적 플레이트가 열립니다.
2. File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)를 선택하고 플레이트 파일을 새 이름으로 또는 새 폴더에 저장합니다.

## 새 플레이트 파일 설정

**팁:** 사용자 플레이트 파일에 필요한 파라미터가 포함되어 있는 경우(예를 들어, 검체나 기존 플레이트 파일을 편집하는 경우) 이 섹션을 건너뛸 수 있습니다. [136페이지의 플레이트 파일에 임의 선택형 파라미터 할당](#) 을 참조하십시오.

새 플레이트 파일은 다음 파라미터가 필요합니다.

- 플레이트 크기
- 플레이트 유형
- 스캔 모드
- 하나의 형광물질(염료)
- 하나의 검체 유형

### 플레이트 크기 및 유형 선택

**중요:** 플레이트 설정 중에 플레이트 크기를 선택해야 합니다. 실행 중이나 후에는 플레이트 크기를 변경할 수 없습니다.

소프트웨어는 실행 중에 플레이트 크기와 유형을 모든 웰에 적용합니다. 선택된 플레이트 크기가 실행에 사용하는 플레이트와 동일한지 확인합니다.

Bio-Rad의 CFX Opus Dx 시스템은 많은 형광 염료 및 플레이트 조합에 대해 공장에서 보정됩니다. 보정은 기기, 염료 및 플레이트 유형에 따라 다릅니다. 사용할 형광물질이 선택한 플레이트 유형에 대해 보정되어 있는지 확인합니다.

**팁:** 기기에서 염료와 플레이트 유형의 새 조합을 보정하려면 Tools(도구) > Dye Calibration Wizard(염료 보정 마법사)를 선택하십시오. 염료와 플레이트 유형에 대한 자세한 내용은 [75페이지의 새 염료 보정](#) 을 참조하십시오.

### 스캔 모드 선택

CFX Opus 96 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템은 5개 채널(FRET 포함)에서 형광물질을 여기 및 감지합니다. CFX Opus 384 Dx 시스템은 4개 채널(FRET 포함)에서 형광물질을 여기하고 감지합니다. 모든 시스템은 여러 데이터 획득 스캔 모드를 사용하여 실행 중에 형광물질 데이터를 수집합니다.

CFX Maestro Dx SE는 세 가지 스캔 모드를 제공합니다.

- All Channels(모든 채널)
  - CFX Opus 96 Dx 및 CFX Opus Deepwell Dx 시스템에서 채널 1부터 5까지 스캔합니다.
  - CFX Opus 384 Dx 시스템에서 채널 1~4 스캔

- SYBR®/FAM
  - 채널 1만 스캔
  - 빠른 스캔 제공
- FRET
  - FRET 채널만 스캔
  - 빠른 스캔 제공

### 형광물질 선택

**중요:** CFX 시스템은 실행을 시작하기 전에 사용자가 플레이트에서 지정한 형광물질이 해당 기기에서 보정되었는지 확인합니다. 플레이트에 해당 기기에서 보정되지 않은 형광물질이 포함되어 있을 경우 플레이트를 실행할 수 없습니다.

실행하기 전에 플레이트 레이아웃에 한 개 이상의 형광물질을 장착해야 합니다. 이때 필요한 만큼 여러 개의 형광물질을 추가할 수 있으나, 플레이트에 한 개 이상의 형광물질이 포함되어야 합니다. 선택한 형광물질이 Target Names(표적 이름)의 표적에 대한 옵션으로 표시됩니다.

Plate Editor(플레이트 편집기) 웰 로드 제어에 형광물질(또는 플레이트 염료)를 로드할 때에는 Select Fluorophores(형광물질) 대화 상자를 사용하십시오. Select Fluorophores(형광물질 선택) 대화 상자에 표시되는 형광물질은 선택한 스캔 모드에 따라 다릅니다.

- All Channels(모든 채널)

모든 사용 가능한 형광물질이 표시됩니다.

**팁:** 필요한 만큼 여러 개의 형광물질을 추가할 수 있지만 각 웰에 채널당 한 개의 형광물질만 로드할 수 있습니다.

- SYBR®/FAM

채널 1 형광물질만 표시됩니다.

- FRET

채널 6 형광물질만 표시됩니다.

**팁:** 채널 6 FRET 형광물질은 선택한 스캔 모드가 FRET일 경우에만 표시됩니다. All Channels(모든 채널) 스캔 모드에서는 이용할 수 없습니다.

**참고:** Select Fluorophore(형광물질 선택) 대화 상자에서 형광물질을 직접 추가하거나 삭제할 수 없습니다. Calibration Wizard(보정 마법사)를 사용하여 기기에서 새 형광물질을 보정해야 합니다. 보정 후 새 형광물질이 자동으로 이 목록에 추가됩니다. 자세한 내용은 [75페이지의 새 염료 보정](#)을 참조하십시오.



## 검체 유형 선택

**중요:** 실행 전에 플레이트 웰에 할당할 검체 유형을 한 개 이상 선택해야 합니다.

CFX Maestro Dx SE는 다섯 가지 검체 유형을 제공합니다.

- 알 수 없음
- 표준
- NTC(비템플릿 대조군)
- 양성 대조군
- 음성 대조군
- NRT(비역전사효소)

플레이트 웰에 검체 유형을 할당합니다.

## 새 플레이트 설정

### 새 플레이트 설정 방법

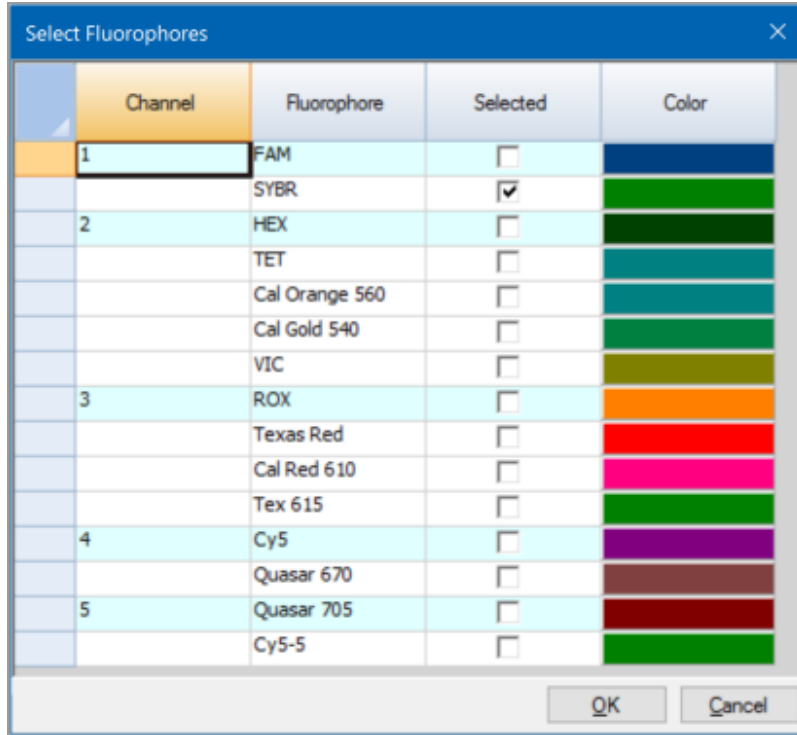
1. Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서 새 플레이트를 엽니다.
2. 플레이트 크기를 설정하려면 Settings(설정) > Plate Size(플레이트 크기)를 선택한 후 드롭다운 메뉴에서 적절한 플레이트 크기를 선택합니다.
3. 플레이트 유형을 설정하려면 Settings(설정) > Plate Type(유형)을 선택한 후 드롭다운 메뉴에서 BR White(BR 흰색) 또는 BR Clear(BR 투명)를 선택합니다.
4. 원하는 경우에 따라 Settings(설정) 메뉴에서 숫자 규칙과 디스플레이 단위를 변경할 수 있습니다.
  - 숫자 규칙을 변경하려면 Settings(설정) > Number Convention(수치 규칙)을 선택한 후 Scientific Notation(과학적 표기법)을 선택하십시오.
 

**팁:** 기본적으로 Scientific Notation(과학적 표기법)이 선택되어 있습니다. 이 경우 Scientific Notation(과학적 표기법)을 선택하면 기본값이 지워지고 숫자 규칙이 표준 형태로 설정됩니다.
  - 디스플레이 단위를 변경하려면 Settings(설정) > Units(단위)를 선택한 후 새 단위 값을 선택하십시오.
5. 스캔 모드를 설정하려면 Plate Editor(플레이트 편집기) 창 툴바의 Scan Mode(스캔 모드) 드롭다운 목록에서 적절한 스캔 모드를 선택합니다.

6. 플레이트의 필수 형광물질을 선택합니다.

- a. 오른쪽 창에서 Select Fluorophores(형광물질 선택)를 클릭하십시오.

Select Fluorophores(형광물질 선택) 대화 상자가 나타납니다. 5단계에서 선택한 스캔 모드 유형에 이용 가능한 형광물질이 표시됩니다. 예는 아래와 같습니다.



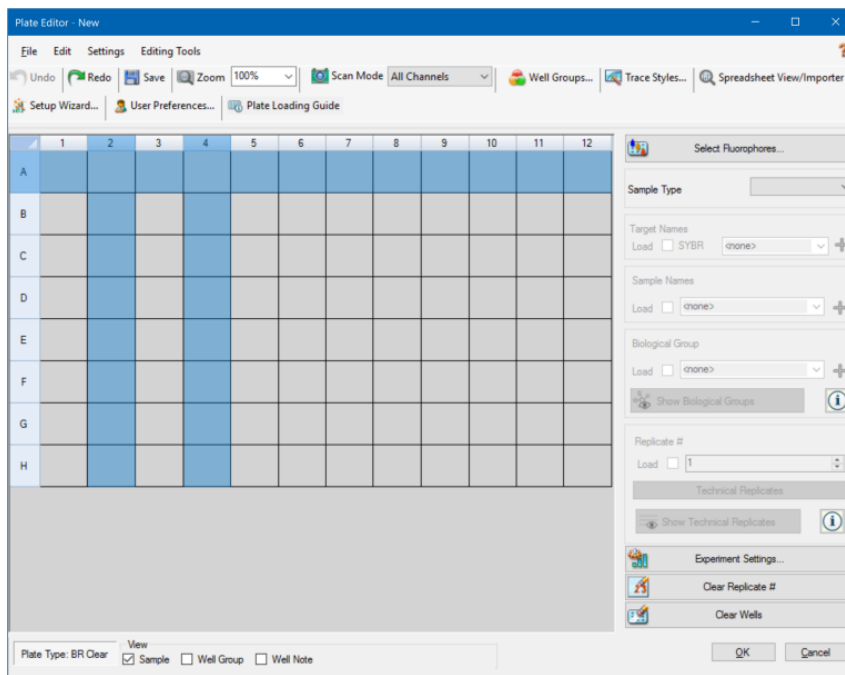
- b. 형광물질을 선택하려면 해당 형광물질의 Selected(선택됨) 확인란을 클릭하십시오.  
**팁:** 목록에서 형광물질을 제거하려면 해당 형광물질의 Selected(선택됨) 확인란을 선택 해제하십시오.
- c. 형광물질의 디스플레이 색상을 변경하려면 해당 형광물질의 Color(색상) 상자를 클릭하십시오.  
**참고:** 선택한 색상은 Plate Editor(플레이트 편집기) 창과 Data Analysis(데이터 분석) 차트 모드에서 표시되는 형광물질 색상으로 적용됩니다.
- d. Color(색상) 대화 상자에서 원하는 색상을 선택하거나 Define Custom Colors(사용자 지정 색상 정의)를 클릭하여 형광물질을 표시할 때 적용될 새 색상을 생성할 수 있습니다.
- e. 변경사항을 저장하고 Fluorophores(형광물질 선택) 대화 상자를 나가려면 OK(확인)를 클릭하십시오.

7. 검체 유형을 로드할 웰을 최소 한 개 이상 선택해야 합니다. 기본값은 웰 A1이 선택되어 있는 상태입니다.

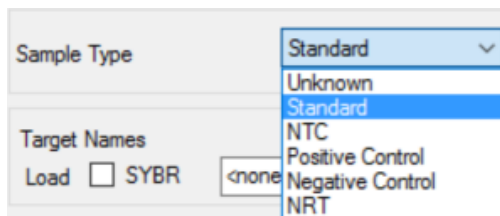
플레이트 창에서 다음 작업 중 하나를 수행합니다.

- 여러 개의 인접 웰을 로드하려면 웰 하나를 클릭하고 표적 웰로 드래그하십시오.
- 여러 개의 비인접 웰을 로드하려면 Control 키를 누른 상태에서 각 웰을 클릭하십시오.
- 검체 유형이 동일한 열 전체를 로드하려면 열 번호를 클릭하십시오.
- 행 전체를 로드하려면 해당 행 번호를 클릭하십시오.
- 전체 플레이트를 로드하려면 플레이트의 왼쪽 상단을 클릭하십시오.

예는 아래와 같습니다.



8. Sample Type(검체 유형) 드롭다운 메뉴에서 검체 유형을 선택된 웰에 할당합니다.

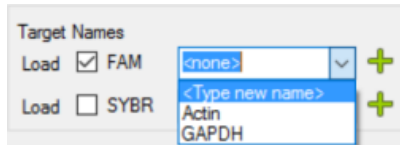


9. 검체 유형을 포함하는 모든 웰에 최소한 한 개 이상의 형광물질을 할당합니다. 두 개 이상의 형광물질을 웰 또는 웰 그룹에 할당할 수 있습니다.

**참고:** 채널당 할당 가능한 형광물질 개수는 한 개뿐입니다. 동일한 채널의 두 개 이상의 형광물질을 동일한 웰에 할당할 수 없습니다.

**팁:** 형광물질은 표적과 연계할 수 있습니다. 또는 이 단계에서는 형광물질만 웰에 할당하고 실험을 실행한 후 형광물질을 표적과 연계할 수도 있습니다.

- 선택한 웰에 형광물질만 할당하려면 Target Names(표적 이름) 섹션의 오른쪽 창에서 해당 형광물질의 Load(로드) 확인란을 선택하십시오.
- 표적과 형광물질을 연계하려면 Target Names(표적 이름) 섹션에서 해당 형광물질의 드롭다운 목록에서 표적 이름을 선택하십시오. 소프트웨어가 자동으로 해당 Load(로드) 확인란을 선택합니다.



10. Standard(표준) 검체 유형을 포함한 웰의 경우에는 농도를 반드시 로드해야 합니다. 각 웰의 농도 값은 서로 다를 수 있습니다. 기본값은 CFX Maestro Dx SE에서 Standard(표준) 검체 유형을 갖는 모든 웰에 1.00E+06의 농도를 로드하는 설정입니다. 이 값은 필요 시 변경할 수 있습니다.

- a. 플레이트 창에서 Standard(표준) 웰 또는 웰 그룹을 선택하십시오.
- b. Concentration(농도) 섹션에서 Load(로드)를 클릭하여 선택된 웰 또는 웰에 값을 로드하십시오.
- c. (선택 사항) 다른 농도를 로드하려면 Concentration(농도) 텍스트 상자에서 새 값을 입력한 후 Enter 키를 누르십시오.
- d. Standard(표준) 검체 유형을 갖는 모든 웰에 대해 이 단계를 반복하십시오.

**팁:** 모든 Standard(표준) 웰에 동일한 농도를 로드하려면 Concentration(농도) 값 아래의 드롭다운 목록에서 <All>(모두)이 표시되도록 하십시오. 특정 형광물질을 갖는 모든 웰에 동일한 농도 값을 로드하려면 드롭다운 목록을 클릭한 후 형광물질을 선택하십시오.

11. 새 플레이트를 저장하려면 OK(확인)를 클릭합니다.

## 플레이트 편집기 도구의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목

표9에는 도구의 아무 웨어나 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭했을 때 Spreadsheet View/Importer(스프레드시트 보기/가져오기 도구) 도구에서 사용할 수 있는 메뉴 항목이 나와 있습니다. 이 메뉴는 Spreadsheet View/Importer(스프레드시트 보기/가져오기 도구)에도 나타납니다.

**표9. 플레이트 스프레드시트 보기/가져오기 도구의 마우스 오른쪽 클릭 메뉴 항목**

항목	기능
Copy(복사)	전체 스프레드시트를 복사합니다.
Copy as Image(이미지 로 복사)	스프레드시트를 이미지 파일로 복사합니다.
Print(인쇄)	스프레드시트를 인쇄합니다.
Print Selection(인쇄 선택)	선택한 셀만 인쇄합니다.
Export to Excel(Excel로 내보내기)	Excel 스프레드시트로 파일을 내보냅니다.
Export to CSV(CSV로 내보내기)	파일을 .csv 파일로 내보냅니다.
Export to Xml(Xml로 내 보내기)	파일을 .xml 파일로 내보냅니다.
Export to Html(Html로 내보내기)	파일을 .html 파일로 내보냅니다.
Find(찾기)	특정 텍스트를 검색합니다.
Sort(정렬)	Sort(정렬) 창에서 데이터 열을 최대 세 개까지 선택하여 스프레드시트를 정렬합니다.

## 플레이트 파일에 임의 선택형 파라미터 할당

플레이트 파일에는 실행을 위해 검체와 함께 로드한 각 웰의 콘텐츠에 대한 정보가 들어 있습니다. CFX Maestro Dx SE는 실행 후 웰 콘텐츠를 프로토콜 중 수집된 형광물질 데이터와 연결하며 Data Analysis(데이터 분석) 창의 적합한 분석에 적용합니다.

CFX Maestro Dx SE에서는 실험을 실행하기 전, 실행 중 또는 실행한 후에도 플레이트의 각 웰에 파라미터를 할당할 수 있습니다. 기존 플레이트 파일 또는 새 플레이트 파일에 파라미터를 할당할 수 있습니다. 파라미터에는 다음이 포함됩니다.

- **Target names(표적 이름)** — 로드된 각 웰의 표적 또는 관심 표적(유전자 또는 시퀀스).
- **Sample names(검체명)** — mouse1, mouse2 또는 mouse3 등 로드된 각 웰 내 검체에 해당되는 식별자 또는 조건.
- **Biological groups(생물학적 집단)** — 0Hr, 1Hr 또는 2Hr과 같이 웰 그룹에 해당되는 식별자 또는 조건.

**팁:** Data Analysis(데이터 분석) 창의 Gene Expression(유전자 발현) 탭에서 데이터를 비교하려면 웰 간 표적 이름, 검체명, 생물학적 집단이 동일해야 합니다. 각 이름의 대소문자, 구두점, 띄어쓰기가 동일해야 합니다. 예를 들어, "Actin"은 "actin"과 같지 않고 "2Hr"은 "2 hr"과 같지 않으며 "Mouse 1"은 "mouse1"과 같지 않습니다. 이름 일관성을 유지하려면 Home(홈) 창에서 사용할 수 있는 User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정) > Plate(플레이트)의 Libraries(라이브러리) 섹션에 이름을 입력하십시오.

- **Technical replicates(인공 복제)** — 동일한 검체 및 표적 조합을 분석하는 데 사용되는 각 웰입니다. 즉, 복제 qPCR 반응입니다.
- **Dilution series(희석 시리즈)** — 분석할 표준 곡선 데이터를 생성할 복제 그룹 내 표준 검체 유형의 농도를 변경할 양입니다.

### 웰에 표적 할당

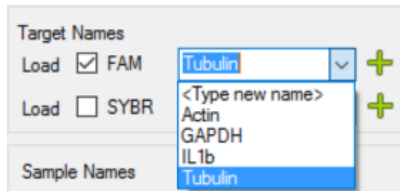
**팁:** 하나 또는 여러 개의 웰에 동일한 표적 이름을 할당할 수 있습니다. 또한 동일한 웰에 여러 개의 표적을 할당할 수도 있습니다.

**중요:** 표적을 할당한 후 OK(확인)를 클릭하면 변경 사항이 저장되며 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바의 Undo(실행 취소)가 비활성화됩니다. OK(확인)를 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

#### 웰 또는 웰 그룹에 표적을 할당하는 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)에서 검체 유형에 웰 또는 웰 그룹이 할당되었는지 확인합니다.  
 웰을 대상으로 한 검체 유형 할당에 대한 정보는 [131페이지의 검체 유형 선택](#)을 참조하십시오.

2. 플레이트 창에서 웰 또는 웰 그룹을 선택합니다.
  - 웰 한 개를 선택하려면 웰을 클릭하십시오.
  - 여러 개의 인접 웰을 선택하려면 웰 하나를 클릭하고 표적 웰로 드래그하십시오.
  - 여러 개의 비인접 웰을 선택하려면 Control 키를 누른 상태에서 각 웰을 클릭하십시오.
  - 검체 유형이 동일한 열 전체를 선택하려면 열 번호를 클릭하십시오.
  - 행 전체를 선택하려면 해당 행 번호를 클릭하십시오.
3. 오른쪽 창의 Target Name(표적 이름) 드롭다운 목록에서 선택한 각 형광물질에 대한 이름을 선택합니다.



4. 표적을 할당해야 하는 각 웰 또는 웰 그룹에 **3단계**를 반복합니다.
 

**팁:** 선택한 각 형광물질에 같거나 다른 표적 이름을 할당할 수 있습니다.
5. 변경 사항을 적용하고 플레이트를 저장하려면 OK(확인)을 클릭합니다.
 

**참고:** 플레이트를 잘못 변경했을 경우 OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 적용하기 전에 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Undo(실행 취소)를 클릭하십시오.

### 표적 이름을 제거하는 방법

- ▶ 선택한 웰 또는 웰 그룹에서 표적 이름을 삭제하려면 해당 Load(로드) 확인란의 선택을 해제하십시오.
 

**중요:** 웰에서 표적 이름을 삭제하면 연관된 형광물질도 삭제됩니다. 웰에서 표적 이름을 삭제할 때에는 주의하십시오.

### 목록에 표적 이름을 추가하는 방법

- ▶ 드롭다운 목록에 표적 이름을 추가하려면 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - Target Name(표적 이름) 드롭다운 목록에 이름을 입력하고 Enter 키를 누르십시오.
 

**팁:** 하나의 목록에 추가한 표적 이름은 모든 다른 표적 목록에 표시됩니다.
  - 드롭다운 목록 오른쪽에 있는 녹색 + 기호를 클릭하고 표적 이름을 입력한 다음 Enter 키를 누르십시오.
  - 툴바에서 User Preferences(사용자 기본 설정)를 클릭한 다음 Plate(플레이트) 탭의 Target Names(표적 이름) 라이브러리에 이름을 추가하십시오.

**중요:** 드롭다운 목록에 추가하는 표적 이름은 현재 플레이트에서만, 그리고 웰에 이름을 할당하고 플레이트 레이아웃을 저장한 경우에만 사용할 수 있습니다. 웰에 이름을 할당하고 플레이트 레이아웃을 저장하지 않으면 이름이 저장되지 않으며 향후 사용할 수 없습니다. 표적 이름을 영구적으로 추가하려면 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화상자를 사용하여 Target Names(표적 이름) 라이브러리에도 추가하십시오. 라이브러리에 추가하는 이름은 Plate Editor(플레이트 편집기)를 다시 연 후부터 사용할 수 있습니다. 자세한 내용은 [86페이지의 기본값 플레이트 파라미터 설정](#)을 참조하십시오.

### 목록에서 표적 이름을 삭제하는 방법

1. 툴바에서 User Preferences(사용자 기본 설정)를 클릭합니다.  
User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자가 나타나고 Plate(플레이트) 탭이 표시됩니다.
2. Plate(플레이트) 탭의 Target Names(표적 이름) 라이브러리에서 삭제할 이름을 선택하고 Delete 키를 누릅니다.
3. OK(확인)를 눌러 변경 사항을 저장하고 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** 플레이트 파일과 함께 저장한 표적 이름은 삭제할 수 없습니다. Target Names(표적 이름) 드롭다운 목록에 추가하고 플레이트와 함께 사용 및 저장하지 않는 사용자 지정 이름은 목록에서 자동으로 삭제됩니다. Target Names(표적 이름) 라이브러리에서 삭제하는 이름은 소프트웨어에서 영구적으로 삭제되며 사용자가 더 이상 사용할 수 없습니다. 표적 이름을 삭제할 때에는 주의하십시오.

### 웰에 검체명 할당

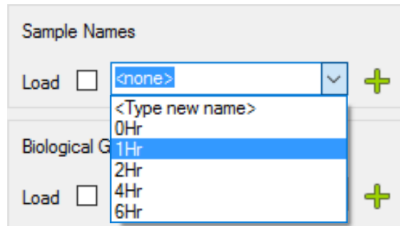
**참고:** 검체명을 할당하려면 한 개 이상의 형광물질에서 선택한 웰을 할당해야 합니다. 선택한 웰이 형광물질에 할당되지 않을 경우 Sample Names(검체명) 드롭다운 목록이 비활성화됩니다. 형광물질 할당에 대한 내용은 [136페이지의 웰에 표적 할당](#)을 참조하십시오.

**팁:** 각 웰 또는 웰 그룹에 한 개의 검체명만 할당할 수 있습니다.

### 웰 또는 웰 그룹에 검체명을 할당하는 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)에서 형광물질에 웰 또는 웰 그룹이 할당되었는지 확인합니다.
2. 플레이트 창에서 웰 또는 웰 그룹을 선택합니다.
3. 오른쪽 창의 Sample Names(검체명) 드롭다운 목록에서 이름을 선택합니다.  
소프트웨어가 자동으로 해당 Load(로드) 확인란을 선택합니다.





4. 검체명을 할당해야 하는 각 웰 또는 웰 그룹에 **3단계**를 반복합니다.
5. 변경 사항을 적용하고 플레이트를 저장하려면 OK(확인)을 클릭합니다.

**참고:** 플레이트를 잘못 변경했을 경우 OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 적용하기 전에 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Undo(실행 취소)를 클릭하십시오.

### 검체명을 제거하는 방법

- ▶ 선택한 웰 또는 웰 그룹에서 검체명을 삭제하려면 해당 Load(로드) 확인란의 선택을 해제하십시오.

### 목록에 검체명을 추가하는 방법

- ▶ 드롭다운 목록에 검체명을 추가하려면 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - Sample Names(검체명) 드롭다운 목록에 이름을 입력하고 Enter 키를 누르십시오.
  - 드롭다운 목록 오른쪽에 있는 녹색 + 기호를 클릭하고 검체명을 입력하십시오.
  - 툴바에서 User Preferences(사용자 기본 설정)를 클릭한 다음 Plate(플레이트) 탭의 Sample Names(검체명) 라이브러리에 이름을 추가하십시오.

**중요:** 드롭다운 목록에 추가하는 검체명은 현재 플레이트에서만, 그리고 웰에 이름을 할당하고 플레이트 레이아웃을 저장한 경우에만 사용할 수 있습니다. 웰에 이름을 할당하고 플레이트 레이아웃을 저장하지 않으면 이름이 저장되지 않으며 향후 사용할 수 없습니다. 검체명을 영구적으로 추가하려면 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화상자를 사용하여 Sample Names library(검체명 라이브러리)에도 추가하십시오. 라이브러리에 추가하는 이름은 Plate Editor(플레이트 편집기)를 다시 연 후부터 사용할 수 있습니다. 자세한 내용은 [86페이지의 기본값 플레이트 파라미터 설정](#)을 참조하십시오.

### 목록에서 검체명을 삭제하는 방법

1. 툴바에서 User Preferences(사용자 기본 설정)를 클릭합니다.  
User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자가 나타나고 Plate(플레이트) 탭이 표시됩니다.
2. Plate(플레이트) 탭의 Sample Names(검체명) 라이브러리에서 삭제할 이름을 선택하고 Delete 키를 누릅니다.
3. OK(확인)를 눌러 변경 사항을 저장하고 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** 플레이트 파일과 함께 저장한 검체명은 삭제할 수 없습니다. Sample Names(검체명) 드롭다운 목록에 추가하고 플레이트와 함께 사용 및 저장하지 않는 사용자 지정 이름은 목록에서 자동으로 삭제됩니다. Sample Names(검체명) 라이브러리에서 삭제하는 이름은 소프트웨어에서 영구적으로 삭제되며 사용자가 더 이상 사용할 수 없습니다. 검체명을 삭제할 때에는 주의하십시오.

## 웰에 생물학적 집단 할당

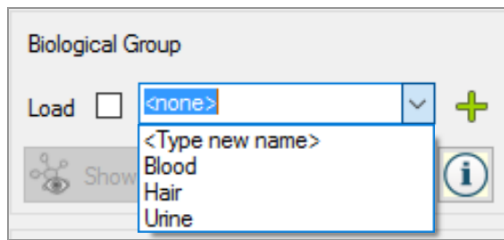
**참고:** 생물학적 집단을 할당하려면 한 개 이상의 형광물질에서 선택한 웰을 할당해야 합니다. 형광물질 할당하면 Biological Groups(생물학적 집단) 드롭다운 목록이 활성화됩니다. 형광물질 할당에 대한 내용은 [136페이지의 웰에 표적 할당](#)을 참조하십시오.

**팁:** 각 웰 또는 웰 그룹에 한 개의 생물학적 집단을 할당할 수 있습니다.

### 웰 또는 웰 그룹에 생물학적 집단을 할당하는 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)에서 웰 또는 웰 그룹이 형광물질에 할당되었는지 확인합니다.
2. 플레이트 창에서 웰 또는 웰 그룹을 선택합니다.
3. 오른쪽 창의 Biological Group(생물학적 집단) 드롭다운 목록에서 선택합니다.

CFX Maestro Dx SE가 자동으로 Load(로드) 확인란을 선택합니다.



4. 생물학적 집단을 할당해야 하는 각 웰 또는 웰 그룹에 **3단계**를 반복합니다.
5. 변경 사항을 적용하고 플레이트를 저장하려면 OK(확인)을 클릭합니다.

**참고:** 플레이트를 잘못 변경했을 경우 OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 적용하기 전에 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Undo(실행 취소)를 클릭하십시오.

### 생물학적 집단을 제거하는 방법

- ▶ 선택한 웰 또는 웰 그룹에서 생물학적 집단을 제거하려면 해당 Load(로드) 확인란의 선택을 해제하십시오.

### 목록에 생물학적 집단을 추가하는 방법

- ▶ 드롭다운 목록에 생물학적 집단을 추가하려면 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - Biological Group(생물학적 집단) 드롭다운 상자에 이름을 입력하고 Enter 키를 누르십시오.

- 드롭다운 목록 오른쪽에 있는 녹색 + 기호를 클릭하고 생물학적 집단 이름을 입력하십시오.
- 툴바에서 User Preferences(사용자 기본 설정)를 클릭한 다음 Plate(플레이트) 탭의 Biological Group Names(생물학적 집단 이름) 라이브러리에 이름을 추가하십시오.

**중요:** 드롭다운 목록에 추가하는 생물학적 집단 이름은 현재 플레이트에서만, 그리고 웰에 이름을 할당하고 플레이트 레이아웃을 저장한 경우에만 사용할 수 있습니다. 웰에 이름을 할당하고 플레이트 레이아웃을 저장하지 않으면 이름이 저장되지 않으며 향후 사용할 수 없습니다. 생물학적 집단 이름을 영구적으로 추가하려면 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 사용하여 Biological Group Names(생물학적 집단 이름) 라이브러리에 추가하십시오. 라이브러리에 추가하는 이름은 Plate Editor(플레이트 편집기)를 다시 연 후부터 사용할 수 있습니다. 자세한 내용은 [86페이지의 기본값 플레이트 파라미터 설정](#)을 참조하십시오.

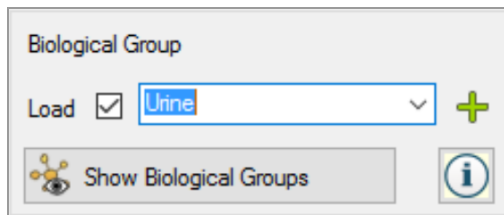
### 목록에서 생물학적 집단 이름을 삭제하는 방법

1. 툴바에서 User Preferences(사용자 기본 설정)를 클릭합니다.  
User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자가 나타나고 Plate(플레이트) 탭이 표시됩니다.
2. Plate(플레이트) 탭의 Biological Group Names(생물학적 집단 이름) 라이브러리에서 삭제할 이름을 선택하고 Delete 키를 누릅니다.
3. OK(확인)를 눌러 변경 사항을 저장하고 User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자를 닫습니다.

**중요:** 플레이트 파일과 함께 저장한 생물학적 집단 이름은 삭제할 수 없습니다. Biological Group Names(생물학적 집단 이름) 드롭다운 목록에 추가하고 플레이트와 함께 사용 및 저장하지 않는 사용자 지정 이름은 목록에서 자동으로 삭제됩니다. Biological Group Names(생물학적 집단 이름) 라이브러리에서 삭제하는 이름은 소프트웨어에서 영구적으로 삭제되며 더 이상 사용할 수 없습니다. 생물학적 이름을 삭제할 때는 주의하십시오.

### 플레이트의 모든 생물학적 집단을 보는 방법

- ▶ 플레이트의 모든 생물학적 집단을 보려면 Show Biological Groups(생물학적 집단 표시)를 클릭하십시오.



각 집단은 특정 색상으로 식별되며 Show Biological Groups(생물학적 집단 표시) 버튼이 Hide Biological Groups(생물학적 집단 숨기기)로 바뀝니다.

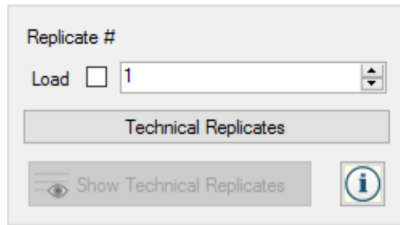
웰의 색상을 지우려면 Hide Biological Groups(생물학적 집단 숨기기)를 클릭하십시오. 또는 플레이트의 아무 웰이나 클릭하여 생물학적 집단을 숨길 수도 있습니다.

## 웰에 인공 복제 번호 할당

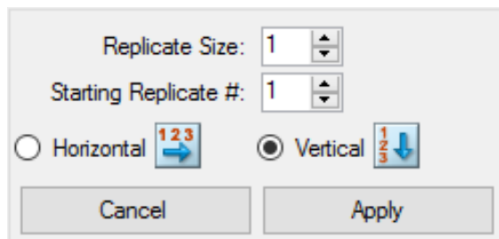
**중요:** 인공 복제 번호를 할당하려면 선택된 웰 내에 동일한 웰 내용물이 포함되어야 합니다. 즉, 선택된 웰은 검체 유형 및 형광물질이 동일해야 합니다. 적절한 경우 이러한 웰은 동일한 표적 이름 및 검체 명과 동일한 생물학적 집단에도 할당되어야 합니다. 이 사항들이 동일하지 않으면 CFX Maestro Dx SE에서 이 옵션이 활성화되지 않습니다.

### 웰 그룹에 인공 복제 번호를 할당하는 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)에서 웰 그룹의 내용물이 동일한지 확인합니다.
2. 플레이트 창에서 표적 웰 그룹을 선택합니다.
3. 선택된 모든 웰에 동일한 복제수를 할당하려면 Replicate #(복제수) 섹션에서 오른쪽 창의 상자 안에 복제수를 입력하고 Load(로드)를 선택합니다.



4. (선택 사항) 선택된 웰에 복제 시리즈를 적용하려면 다음 작업을 수행합니다.
  - a. Technical Replicates(인공 복제)를 클릭합니다. Replicate #(복제 번호) 섹션이 다음 옵션을 표시하도록 변경됩니다.



- **Replicate size(복제 크기)** — 각 복제 그룹 내 웰의 수를 나타내는 숫자
- **Starting replicate #(시작 복제 번호)** — 선택된 복제 그룹의 복제 시리즈 중 첫 번째 숫자

**참고:** 기본적으로 CFX Maestro Dx SE에서 표시하는 시작 복제 번호는 플레이트에 할당된 마지막 인공 복제 번호보다 하나가 큰 숫자입니다. 예를 들어 플레이트의 마지막 인공 복제

번호가 5였다면 다음 시작 번호는 6입니다. 시작 번호는 아직 할당되지 않은 어느 숫자로든 바꿀 수 있습니다.

- 로드 방향(수평 또는 수직)

- b. 시리즈에 파라미터를 적용하고 Replicate #(복제 번호) 디스플레이로 돌아가려면 Apply(적용)를 클릭하십시오.

5. 변경 사항을 적용하고 플레이트를 저장하려면 OK(확인)을 클릭합니다.

**참고:** 플레이트를 잘못 변경했을 경우 OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 적용하기 전에 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Undo(실행 취소)를 클릭하십시오.

### 복제 시리즈에서 웰을 제거하는 방법

- ▶ 제거할 웰 또는 웰 그룹을 선택하고 Replicate #(복제 번호) Load(로드) 확인란을 선택 해제하십시오. 아니면 Clear Replicate #(복제수 지우기)를 클릭하여 선택된 웰 또는 웰 그룹에서 복제수를 지울 수도 있습니다.

### 플레이트의 모든 인공 복제를 보는 방법

- ▶ 플레이트의 모든 인공 복제를 보려면 Show Technical Replicates(인공 복제 표시)를 클릭하십시오. 각 그룹이 특정 색상별로 식별되고 Show Technical Replicates(인공 복제 표시) 버튼이 Hide Technical Replicates(인공 복제 숨기기)로 바뀝니다. 웰의 색상을 지우려면 Hide Technical Replicates(인공 복제 숨기기)를 클릭하십시오. 또는 플레이트의 아무 웰이나 클릭하여 인공 복제를 숨길 수도 있습니다.

## 표준 검체 유형에 희석 시리즈 할당

앞서 언급한 바와 같이, 검체 유형이 표준인 모든 웰에는 반드시 농도 값이 할당되어야 합니다. 희석 시리즈를 검체 유형이 표준인 여러 웰에 할당할 수 있습니다.

**참고:** 웰 그룹에 희석 시리즈를 할당하려면 웰이 인공 복제 시리즈에 포함되어 있어야 합니다. 복제 시리즈에 웰을 추가하는 방법은 [142페이지의 웰에 인공 복제 번호 할당](#)을 참조하십시오.

### 표준 검체 웰 그룹에 희석 시리즈를 할당하는 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)에서 아래 요건이 충족되는지 확인합니다.
  - 웰 그룹의 검체 유형이 표준입니다.
  - 그룹 내 모든 웰에 한 개 이상의 형광물질이 할당되어 있으며 모두 동일한 형광물질을 포함하고 있습니다.
  - 그룹 내 모든 웰이 동일한 인공 복제 시리즈에 포함되어 있습니다.

**참고:** CFX Maestro Dx SE는 선택한 웰이 모두 이러한 기준에 부합할 때만 Dilution Series(희석 시리즈) 옵션을 활성화합니다.

2. 플레이트 창에서 표적 웰 그룹을 선택합니다.
3. 오른쪽 창의 Concentration(농도) 섹션에서 Dilution Series(희석 시리즈)를 클릭합니다. Concentration(농도) 섹션이 바뀌면서 아래 옵션이 표시됩니다.

- **Starting concentration(시작 농도)** — 시리즈가 시작되는 농도 값
- **Replicates from and to(복제 시작점 및 종료점)** — 희석 인자가 적용될 시리즈 내 복제
- **Dilution factor(희석 인자)** — 각 복제 그룹 내 농도 변화량

4. 옵션에 대한 값을 설정하거나 기본값을 사용합니다.
5. 기본적으로 희석 시리즈는 희석 인자만큼 낮아집니다. Increasing(증가)을 선택하여 희석 시리즈를 높이십시오.
6. (선택 사항) 기본적으로 희석 인자는 복제 시리즈 내의 모든 형광물질에 적용됩니다. 시리즈에 두 개 이상의 형광물질이 포함되어 있으며 희석을 하나의 형광물질에만 적용하고자 할 경우 드롭다운 목록에서 선택하십시오.
7. Apply(적용)를 클릭하여 웰 그룹에 희석 시리즈를 적용하고 Concentration(농도) 보기로 돌아갑니다.
8. 변경 사항을 적용하고 플레이트를 저장하려면 OK(확인)을 클릭합니다.

## 웰 내용을 다른 웰로 복사

웰의 내용을 복사하여 이를 하나의 웰이나 여러 웰에 붙여넣기할 수 있습니다. 하지만, 단 하나의 웰의 내용을 복사할 수 있습니다. 여러 웰을 선택하여 그 내용을 복사할 수 없습니다.

### 웰 내용을 다른 웰로 복사하는 방법

1. 플레이트 창에서 복사할 웰을 선택합니다.
2. 웰을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Copy Well(웰 복사)을 선택합니다.
3. 내용을 붙여넣을 웰을 선택합니다.

- 웰 한 개를 선택하려면 웰을 클릭하십시오.
  - 여러 개의 인접 웰을 선택하려면 웰 하나를 클릭하고 표적 웰로 드래그하십시오.
  - 여러 개의 비인접 웰을 선택하려면 Control 키를 누른 상태에서 각 웰을 클릭하십시오.
4. 표적 웰을 선택한 상태에서 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Paste Well(웰 붙여넣기)를 선택합니다.  
CFX Maestro Dx SE는 첫 번째 웰의 내용을 선택한 웰에 붙여넣습니다.

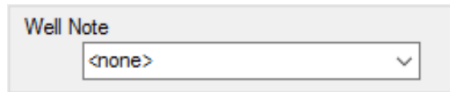
## 웰에 메모 추가하기

웰에 설명 메모를 추가할 수 있습니다. Data Analysis(데이터 분석) 창의 정량 탭에서 웰 메모를 볼 수 있습니다.

### 웰에 메모 추가 방법

1. 플레이트 창에서 메모를 추가할 웰 또는 웰 그룹을 선택합니다.
2. 보기 절의 맨 아래 창에서 Well Note(웰 메모)를 선택합니다.

오른쪽 창에 Well Note(웰 메모) 영역이 나타납니다.



3. 텍스트 상자에 메모 내용을 입력하고 Enter 키를 누릅니다.

선택한 웰의 맨 아래에 텍스트가 나타납니다.

**팁:** 이전에 웰 메모를 생성한 경우 드롭다운 목록에서 해당 메모를 선택하여 선택한 웰에 적용할 수 있습니다.

## 웰의 모든 내용 정리

개별 웰, 웰 그룹 또는 모든 내용의 전체 플레이트를 정리할 수 있습니다. 웰을 정리해도 플레이트 판독 중에 수집된 형광물질 데이터는 삭제되지 않습니다.

**중요:** 웰을 정리하면 웰의 내용이 영원히 삭제됩니다. OK(확인)를 클릭하고 웰 정리 후 플레이트를 저장한 경우, 제거 작업을 실행 취소할 수 없습니다. 웰을 정리할 때에는 주의해야 합니다.

### 모든 설정의 웰 정리 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)의 플레이트 창에서 웰이나 웰 그룹을 선택합니다.
  - 웰 한 개를 선택하려면 웰을 클릭하십시오.
  - 여러 개의 인접 웰을 선택하려면 웰 하나를 클릭하고 표적 웰로 드래그하십시오.

- 여러 개의 비인접 웰을 선택하려면 Control 키를 누른 상태에서 각 웰을 클릭하십시오.
  - 검체 유형이 동일한 열 전체를 선택하려면 열 번호를 클릭하십시오.
  - 행 전체를 선택하려면 해당 행 번호를 클릭하십시오.
2. 오른쪽 창에서 Clear Well(웰 정리)을 클릭합니다.
- CFX Maestro Dx SE는 선택된 모든 설정의 웰을 정리합니다.
3. 다음 중 하나를 수행합니다.
- 웰을 잘못 정리한 경우, OK(확인)를 클릭하여 변경사항을 적용하기 전에 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바의 Undo(실행 취소)를 클릭합니다.
- 중요:** Undo(실행 취소)를 클릭하기 전에 OK(확인)를 클릭하면 변경사항이 저장되며 Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바의 Undo(실행 취소)를 사용할 수 없습니다.
- 변경 사항을 적용하고 플레이트를 저장하려면 OK(확인)을 클릭합니다.



## 실험 설정 변경

플레이트의 웰에 생물학적 집단을 할당한 경우 Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자를 사용하여 표적, 검체 또는 생물학적 집단의 목록을 확인 또는 변경하거나 유전자 발현 분석 검체 집단을 설정하십시오.

Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자의 Targets(표적) 탭에 각 PCR 반응에 대한 표적 이름의 목록(예: 관심 표적 유전자 또는 유전자 서열)이 표시됩니다.

Samples and Biological Groups(검체 및 생물학적 집단) 탭에는 예를 들면 1시간(1Hr) 시점에 수집된 검체 또는 특정 개체(mouse1)에서 수집된 검체와 같이 표적 소스를 나타내는 검체 및 생물학적 집단 이름이 표시됩니다.

### Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자를 사용하여 플레이트 설정을 변경하는 방법

- 다음 방법 중 하나로 Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자를 엽니다.
  - Plate Editor(플레이트 편집기)의 오른쪽 창에서 Experiment Settings(실험 설정)를 클릭하십시오.
  - Data Analysis(데이터 분석) 창의 Gene Expression(유전자 발현) 탭에서 Experiment Settings(실험 설정)를 클릭하십시오.

Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자가 나타나고 Targets(표적) 탭의 내용이 표시됩니다.

	Name	Full Name	Reference	Select To Remove
1	Actin	Actin	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
2	GAPDH	GAPDH	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
3	IL1-b	IL1-b	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
4	Tubulin	Tubulin	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

New:  Add Remove checked item(s)

Show Analysis Settings

Exclude the following sample types from Gene Expression analysis:

NTC  NRT  Negative Control  Positive Control  Standard

OK Cancel

- 새 표적, 검체 또는 생물학적 집단 이름을 추가하려면 해당하는 탭의 New(새 항목) 텍스트 상자에 이름을 입력한 다음 Add(추가)를 클릭합니다.
- 목록에서 표적, 검체 또는 생물학적 집단 이름을 삭제하려면 해당하는 탭의 Select to Remove(선택하여 삭제) 열에서 해당 항목의 확인란을 선택한 다음 Remove checked checked item(s)(선택한 항목 삭제)를 클릭합니다.

4. CFX Maestro Dx SE의 유전자 발현 분석에서 NTC(no template control, 비템플릿 대조군) 유형의 검체는 제외됩니다.

NTC 검체 유형을 포함하려면 Exclude the following sample types(다음 검체 유형 제외) 섹션의 해당 확인란을 선택 해제하십시오. 아래 검체 유형의 해당 확인란을 선택하여 제외할 수 있습니다.

- NRT(비역전사효소)
- 음성 대조군
- 양성 대조군
- 표준

5. Targets(표적) 탭에서 다음 작업을 수행합니다.

- a. 유전자 발현 데이터 분석의 참조로 표적을 선택하려면 Reference(참조) 열에서 표적을 선택하십시오.
- b. Analysis Settings(분석 설정) 창의 Gene Expression(유전자 발현)에 적용할 분석 설정을 숨기려면 Show Analysis Settings(분석 설정 표시)의 선택을 해제하십시오.

소프트웨어가 다음 열을 숨깁니다.

- Color(색상)
  - Show Chart(차트 표시)
  - Auto Efficiency(자동 효율)
  - Efficiency (%)(효율 %)
- c. 표적 색상을 Gene Expression(유전자 발현) 차트의 그래프에 표시된 색상으로 변경하려면 Color(색상) 열에서 해당 셀을 클릭한 다음 표시되는 Color(색상) 대화 상자에서 새 색상을 선택하고 OK(확인)를 클릭하십시오.
- d. Gene Expression(유전자 발현) 차트에서 선택한 색상으로 표적을 표시하려면 Show Chart(차트 표시) 열에서 해당 확인란을 선택하십시오.
- e. 한 표적의 데이터에 표준 곡선이 포함되어 있는 경우 CFX Maestro Dx SE는 기본적으로 해당 표적의 상대 효율을 계산합니다.

이전에 확인된 효율 값을 사용하려면 Efficiency (%)(효율 %) 열에서 해당 셀에 값을 입력하고 Enter 키를 누르십시오. CFX Maestro Dx SE는 Auto Efficiency(자동 효율) 확인란 선택을 해제합니다.

6. **Samples and Biological Groups**(검체 및 생물학적 집단) 탭에서 다음 작업을 수행합니다.
  - a. 유전자 발현 데이터 분석의 대조군 검체로 검체 또는 생물학적 집단을 선택하려면 **Control**(대조군) 열에서 해당 확인란을 선택하십시오.
  - b. 실행을 위해 검체 또는 생물학적 집단에 대조군 조건을 할당하려면 **Control**(대조군) 열에서 해당 확인란을 클릭하십시오.
  - c. 선택되어 있지 않다면 **Show Analysis Settings**(분석 설정 표시)를 클릭하여 **Gene Expression**(유전자 발현) 탭에 적용할 분석 파라미터를 확인 또는 변경하십시오. 소프트웨어가 **Color**(색상) 및 **Show Chart**(차트 표시) 열을 숨깁니다.
7. **Experiment Settings**(실험 설정) 대화 상자에서 **OK**(확인)를 클릭하여 파라미터를 저장하고 **Plate Editor**(플레이트 편집기) 창으로 돌아옵니다.

## 웰 그룹 만들기

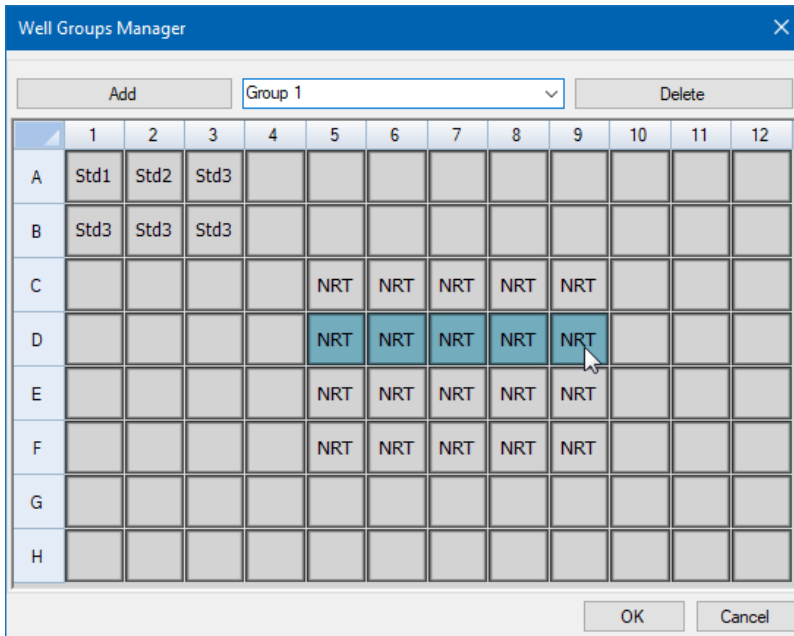
웰 그룹은 단일 플레이트를 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 독립적으로 분석할 수 있는 웰 하위세트로 나눕니다. 웰 그룹이 설정되면 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 하나를 선택하여 독립 그룹으로 데이터를 분석하십시오. 예를 들어 하나의 플레이트에서 여러 실험 실행을 분석하도록 웰 그룹을 설정하거나, 각기 다른 표준 곡선으로 각 웰 그룹을 분석하도록 웰 그룹을 설정하십시오.

**참고:** 기본 웰 그룹은 All Wells(모든 웰)입니다.

### 웰 그룹 생성 방법

1. Well Groups Manager(웰 그룹 관리자)를 열려면 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Well Groups(웰 그룹)를 클릭하십시오.
  - Data Analysis(데이터 분석) 창에서 Manage Well Groups(웰 그룹 관리)를 클릭하십시오.

Well Groups Manager(웰 그룹 관리자) 대화 상자가 표시됩니다.



2. Add(추가)를 클릭하여 새 그룹을 생성합니다. 드롭다운 메뉴에 첫 번째 그룹의 그룹 이름이 Group 1로 표시됩니다.
3. 플레이트 보기에서 웰 그룹을 클릭하고 끌어서 웰 그룹에 대해 웰을 선택합니다. 선택한 웰이 Manager(관리자)에 파란색으로 표시됩니다.
4. (선택 사항) 그룹 이름을 변경하려면 드롭다운 메뉴에서 해당 이름을 선택하고 새 이름을 입력합니다.

5. (선택 사항) 웹 그룹을 삭제하려면 드롭다운 목록에서 이름을 선택하고 Delete(삭제)를 클릭합니다.
6. OK(확인)를 클릭하여 창을 닫거나 Cancel(취소)을 클릭하여 변경사항을 취소하고 창을 닫습니다.

### 웹 그룹 관리자 대화 상자의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목

표10에는 아무 웹이나 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하여 Well Groups Manager(웹 그룹 관리자) 대화 상자에서 사용할 수 있는 메뉴 항목이 나와 있습니다.

**표10. 플레이트 편집기 웹 그룹 관리자 대화 상자의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목**

항목	기능
Copy(복사)	웹 콘텐츠를 복사합니다. 이후 다른 웹에 붙여넣을 수 있습니다.
Copy as Image(이미지로 복사)	웹 섹터 보기를 이미지로 복사합니다.
Print(인쇄)	웹 섹터 보기를 인쇄합니다.
Print Selection(인쇄 선택)	선택한 셀만 인쇄합니다.
Export to Excel(Excel로 내보내기)	Excel 스프레드시트로 데이터를 내보냅니다.
Export to CSV(CSV로 내보내기)	섬표로 구분된 문서로 데이터를 내보냅니다.
Export to Xml(Xml로 내보내기)	.xml 문서로 데이터를 내보냅니다.
Export to Html(Html로 내보내기)	.html 문서로 데이터를 내보냅니다.

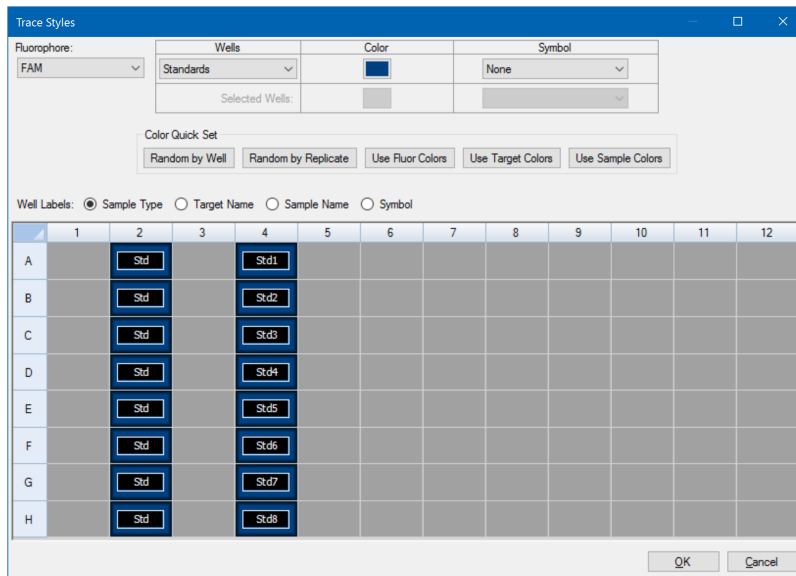
## 추적 유형 변경

플레이트 설정 중이나 실행 진행 중에 증폭 추적의 색상과 유형을 변경할 수 있습니다. 실시간 상태 창에서 데이터가 수집될 때 쉽게 추적을 확인할 수 있습니다.

### 추적 유형 변경 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Trace Styles(추적 유형)를 클릭합니다.

열려 있는 플레이트에 대한 Trace Styles(추적 유형) 대화 상자가 열립니다. 예:



2. 특정 형광물질로 추적 유형을 표시하려면 Fluorophores(형광물질) 드롭다운에서 선택합니다.
3. 추적 표시를 변경하려면 다음 작업을 수행합니다.
  - a. Wells(웰) 드롭다운 목록에서 추적 유형을 선택합니다.
  - b. Color(색상) 열에서 색상을 클릭합니다.
  - c. 표시된 Color(색상) 대화 상자에서 추적에 대해 다른 색상을 선택하고 OK(확인)를 클릭합니다.  
CFX Maestro Dx SE는 그리드의 웰 유형에 대한 색상 변경을 표시합니다.
  - d. (선택 사항) Symbols(기호) 드롭다운 목록에서 추적 기호를 선택합니다.
4. 색상 설정을 빠르게 변경하려면 Color Quick Set(간단 색상 설정) 섹션에서 해당 선택을 클릭합니다.
5. 그리드에서 웰 라벨을 보려면 Well Labels(웰 라벨) 섹션에서 라벨 유형을 선택합니다.
6. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하거나 Cancel(취소)를 클릭하여 변경을 취소합니다.

## 스프레드시트 형식으로 플레이트 보기, 내보내기 및 가져오기

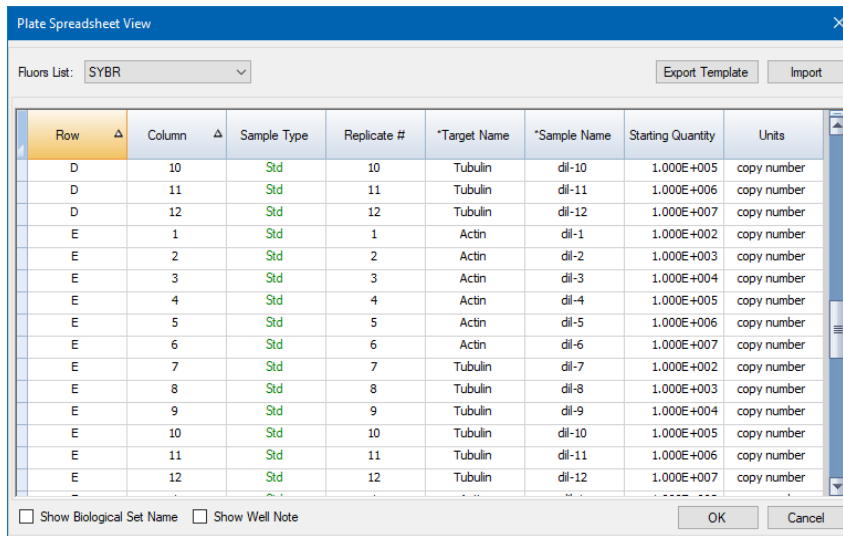
Spreadsheet View/Importer(스프레드시트 보기/가져오기) 도구는 플레이트 콘텐츠를 스프레드시트 형식으로 표시합니다. 뷰어는 아래 설명된 대로 웰 데이터를 보고, 가져오고, 내보낼 수 있는 옵션을 제공합니다.

### 스프레드시트 뷰어를 사용하여 플레이트 데이터 내보내기 및 가져오기

스프레드시트 뷰어에서 대상 이름, 검체 이름, 생물학적 그룹 이름 및 웰 메모를 탭으로 구분된 형식의 템플릿으로 Microsoft Excel과 같은 응용 프로그램으로 내보낼 수 있습니다. 탭으로 구분된 응용 프로그램의 데이터를 실험 정보 파일에서 미리 정의된 플레이트로 가져올 수도 있습니다.

#### 스프레드시트 보기/가져오기 사용 방법

1. 플레이트 파일을 생성하고 저장합니다(플레이트 편집기로 플레이트 파일 만들기 참조).
2. Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Spreadsheet View/Importer(스프레드시트 보기/가져오기) 탭을 클릭하여 Plate Spreadsheet View(플레이트 스프레드시트 보기) 대화 상자를 엽니다.



3. (선택 사항) Show Biological Set Name(생물학적 세트 이름 표시) 및 Show Well Note(웰 메모 표시) 상자를 클릭하여 스프레드시트 보기 및 내보낸 파일에 해당 열을 표시합니다.
4. Export Template(템플릿 내보내기) 버튼을 클릭하여 Excel 파일(.csv 형식)의 빈 템플릿을 만듭니다. 내보낸 파일은 플레이트와 동일한 레이아웃을 표시합니다.

**팁:** 플레이트 파일을 저장할 때 플레이트 파일 이름을 사용하여 파일을 쉽게 식별하십시오.

5. Excel 파일 셀을 웰 내용으로 채웁니다.

**참고:** 열 이름 옆에 별표(\*)가 있는 열의 셀 내용만 편집할 수 있습니다(\*Target Name, \*Sample Name, \*Biological Group Name, \*Well Note).

**참고:** 내보낸 Excel 파일의 Standard Curve(표준 곡선) 및 Quantity(수량) 열에는 값을 추가할 수 없습니다. 해당 데이터를 수정하려면 플레이트 편집기로 돌아가 메뉴 모음에서 Settings(설정) > Units(단위)를 선택합니다. 플레이트 실행이 완료되면 Data Analysis(데이터 분석) 창의 Quantification(정량) 탭에서 Standard Curve(표준 곡선) 차트에 해당 표준의 데이터가 표시됩니다.

6. Import(가져오기) 버튼을 클릭하여 채워진 Excel 파일을 플레이트 편집기로 다시 가져옵니다. 가져온 플레이트 데이터가 Plate Spreadsheet View(플레이트 스프레드시트 보기) 창에 나타납니다.

**중요:** 여러 형광물질이 있는 경우 Plate Spreadsheet View(플레이트 스프레드시트 보기)의 Flours List(형광물질 목록) 드롭다운 메뉴를 사용하여 각 형광물질에 대해 3~5단계를 수행해야 합니다.

7. OK(확인) 버튼을 클릭합니다. 이제 새 플레이트 데이터가 플레이트 편집기 창에 나타납니다.

**팁:** 도구의 웰이나 플레이트 스프레드시트 보기의 테이블 머리글을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하면 Spreadsheet View/Importer(스프레드시트 보기/가져오기 도구) 도구에서 사용 가능한 메뉴 항목을 볼 수 있습니다.



## 플레이트 설정 마법사로 플레이트 레이아웃 생성

Setup Wizard(설정 마법사)를 사용하여 다음을 비롯한 표준화 유전자 발현 분석에 필요한 플레이트 레이아웃 정보를 입력할 수 있습니다.

- 표적 이름
- 검체명
- 플레이트의 표적 및 검체 위치
- 참조 유전자
- 대조군 검체

실행 전, 실행 중, 실행 후에 Setup Wizard(설정 마법사)를 사용할 수 있습니다.

### 플레이트 설정 마법사 사용

이 섹션은 플레이트 Setup Wizard(설정 마법사)를 사용하여 플레이트 레이아웃을 생성하는 방법에 대해 설명합니다. 플레이트 내 각 웰의 내용물을 더 쉽게 보려면 Setup Wizard(설정 마법사) 상단의 Zoom plate(플레이트 확대)를 클릭하십시오.

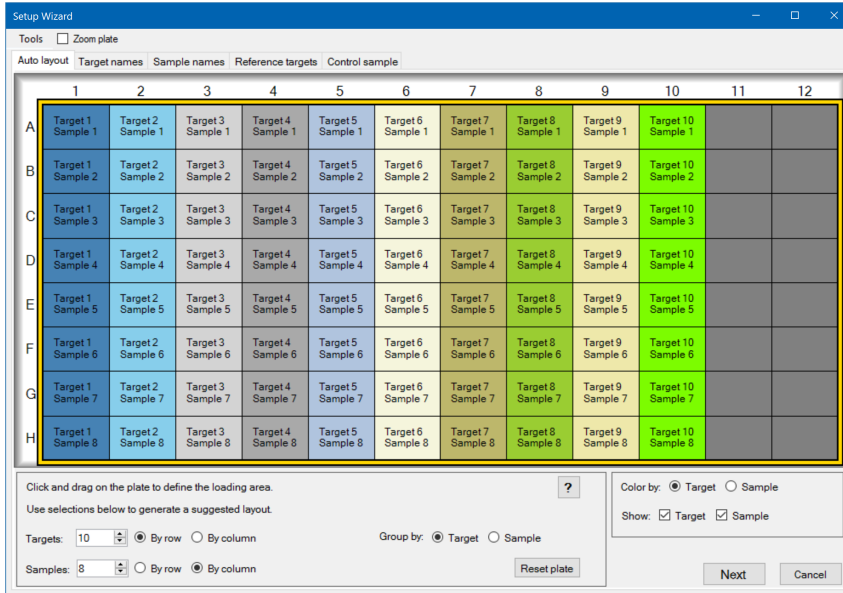
**중요:** Setup Wizard(설정 마법사)의 어느 탭에서든 Auto layout(자동 레이아웃) 탭으로 돌아가면 플레이트 레이아웃이 재설정됩니다. 이 탭을 선택할 때는 주의해야 합니다.

**팁:** Setup Wizard(설정 마법사)에서 Tools(도구) > Clear Plate(플레이트 지우기)를 선택하여 레이아웃을 재설정할 수 있습니다.

#### 플레이트 설정 마법사 사용 방법

1. Plate Editor(플레이트 편집기)를 엽니다.
  2. 설정 마법사를 열려면 다음 중 하나를 수행합니다.
    - Editing Tools(편집 도구) > Setup Wizard(설정 마법사)를 선택하십시오.
    - Plate Editor(플레이트 편집기) 툴바에서 Setup Wizard(설정 마법사)를 클릭하십시오.
- Auto layout(자동 레이아웃) 탭을 표시하는 Setup Wizard(설정 마법사)가 나타납니다.

8장 플레이트 준비



3. Auto layout(자동 레이아웃) 탭에서 다음 작업을 수행합니다.

- a. 그리드에서 웰을 클릭하고 아래로 드래그하여 샘플을 로드할 플레이트 영역을 지정하십시오.
- b. 로드할 표적 및 검체 수를 입력하십시오.

**팁:** 표적 및 검체 수는 선택된 셀의 수와 동일해야 합니다. 입력된 값과 선택된 영역이 일치하지 않으면 수 또는 플레이트 선택 영역 중 하나를 변경하십시오. 플레이트 항목의 방향과 항목 그룹화는 지정 가능합니다.

- c. (선택 사항) 플레이트 방향을 변경하십시오. 예를 들어 열에서 표적을 설정하고 행에서 검체를 설정하거나 검체별로 그룹화하십시오.
- d. Target names(표적 이름) 탭으로 이동하려면 Next(다음)를 클릭하십시오.

**참고:** 플레이트 레이아웃에 일반 패턴이 포함되지 않은 경우, Target names(표적 이름) 탭을 이용하여 표적 위치를 수동으로 지정하거나 Sample names(검체명) 탭에서 플레이트의 검체 위치를 수동으로 조정하십시오. 여러 개의 웰을 선택하려면 클릭 후 드래그하십시오.

4. Target names(표적 이름) 탭에서 표적 그룹의 표적 이름을 정의합니다.

- a. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 그룹별로 표적 이름을 변경하려면 Select by(선택 기준)를 Target(표적)으로 설정하십시오.
  - 웰별로 표적 이름을 변경하려면 Select by(선택 기준)를 Well(웰)로 설정하십시오.
- b. 그리드에서 표적 그룹이나 웰을 선택하고 Target name(표적 이름) 드롭다운 목록에서 이름을 입력하십시오.

**팁:** 오른쪽에 있는 다음 그룹 또는 웰을 선택하려면 Tab 키를 누르고, 아래에 있는 다음 그룹 또는 웰을 선택하려면 Enter 키를 누르십시오. 또는 Target name(표적 이름) 및 Sample name(검체명) 탭에서 Control 키를 누른 상태로 웰을 클릭하여 인접하지 않은 여러 개의 웰을 선택할 수 있습니다.

c. Sample names(검체명) 탭으로 이동하려면 Next(다음)를 클릭하십시오.

5. Sample names(검체명) 탭에서 검체 그룹의 검체명을 정의합니다.
6. Reference targets(참조 표적) 탭으로 이동하려면 Next(다음)를 누릅니다.
7. Reference targets(참조 표적) 탭에서 표준화 유전자 발현의 참조로 사용할 표적을 한 개 이상 선택합니다. 이후 Control sample(대조군 검체) 탭으로 이동하려면 Next(다음)를 누릅니다.
8. Control sample(대조군 검체) 탭에서 상대 유전자 발현 계산의 대조군으로 사용할 검체 한 개를 선택합니다.
9. 플레이트 레이아웃을 저장하고 Plate Editor(플레이트 편집기)로 돌아가려면 OK(확인)를 클릭합니다. Plate Editor(플레이트 편집기)에서 플레이트 파라미터를 추가로 정의할 수 있습니다. 자세한 내용은 [136페이지의 플레이트 파일에 임의 선택형 파라미터 할당](#) 을 참조하십시오.

또는 변경할 사항이 있는 경우 Previous(이전)을 클릭하여 이전 탭으로 돌아갈 수 있습니다.

**참고:** Auto layout(자동 레이아웃) 탭으로 돌아가면 플레이트가 자동으로 재설정됩니다. Previous(이전)을 클릭할 때는 주의하셔야 합니다.

8장 플레이트 준비

## 9장 실험 실행

이 장에서는 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition를 사용하여 사용자 정의 또는 PrimePCR 분석 실험을 실행하는 방법을 설명합니다.

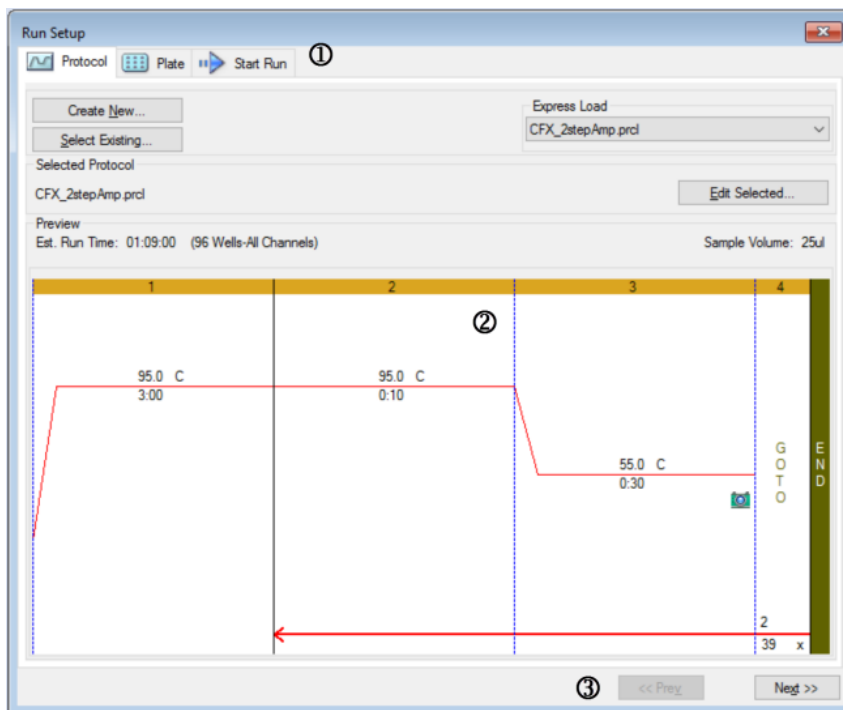
실행 데이터 파일에는 실행을 위한 프로토콜과 플레이트 정보가 포함되어 있습니다. 파일에는 CFX Maestro Dx SE가 실행을 완료한 후 수행하는 분석에서 얻는 데이터도 포함됩니다.

CFX Maestro Dx SE를 사용하면 사용자 정의 또는 PrimePCR 실험을 쉽게 설정 및 실행할 수 있습니다. Run Setup(실행 설정) 창을 통해 실험을 설정하는 공통 단계를 확인할 수 있으며, 이 창에서 실행을 시작할 수 있는 Start Run(실행 시작) 대화 상자를 열 수 있습니다.

## 실행 설정 창

Run Setup(실행 설정) 창에서는 실험을 설정하고 실행하는 데 필요한 파일과 설정에 빠르게 액세스할 수 있습니다. 사용자 정의 실험을 실행하기로 선택하면 Run Setup(실행 설정) 창이 열리면서 Protocol(실행 설정 프로토콜) 탭이 표시됩니다. PrimePCR 실험을 실행하기로 선택하면 Run Setup(실행 설정) 창이 열리며 Start run(실행 시작) 탭이 표시됩니다.

**팁:** PrimePCR에 대한 내용은 [177페이지의 PrimePCR 실험 수행](#)을 참조하십시오. Start Run(실행 시작) 탭에 대한 내용은 [167페이지의 실행 시작 탭](#)을 참조하십시오.



## 범례

1. 탭에는 실험 설정 및 실행 과정이 안내되어 있습니다.
  - Protocol(프로토콜) — Protocol Editor(프로토콜 편집기)에서 실행 또는 편집할 기존 프로토콜을 선택하거나 새 프로토콜을 생성합니다.
  - Plate(플레이트) — Plate Editor(플레이트 편집기)에서 실행 또는 편집할 기존 플레이트를 선택하거나 새 플레이트를 생성합니다.
  - Start Run(실행 시작) — 실행 설정을 확인하고 한 개 이상의 기기 블록을 선택하고 실행을 시작합니다.

---

2. 기본 창에는 적용한 각 탭에 대한 옵션이 표시됩니다.

---

3. 탐색 버튼을 누르면 Start Run(실행 시작) 탭으로 이동합니다.

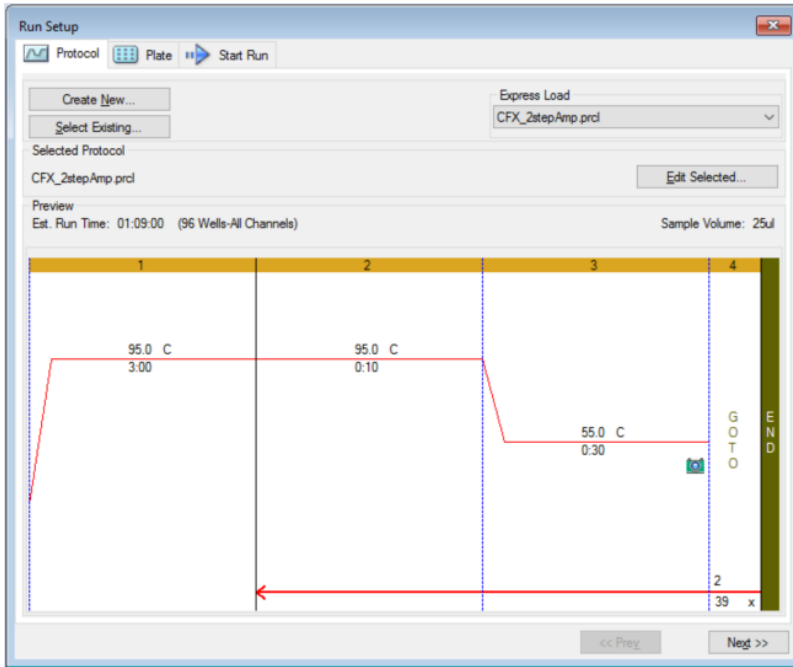
## 실행 설정 창에 액세스

### 실행 설정 창 액세스 방법

- ▶ 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Startup Wizard(시작 마법사)의 Run setup(실행 설정) 탭에서 User-defined(사용자 정의) 또는 PrimePCR을 클릭하십시오.
  - Home(홈) 창의 톨바에서 User-defined Run Setup(사용자 정의 실행 설정) 또는 PrimePCR Run Setup(PrimePCR 실행 설정)을 클릭하십시오.
  - Home(홈) 창에서 Run(실행) > User-defined Run(사용자 정의 실행) 또는 Run(실행) > PrimePCR Run(PrimePCR 실행)을 선택하십시오.

## 프로토콜 탭

Plate(프로토콜) 탭에는 실행하고자 하는 프로토콜 파일의 미리 보기가 표시됩니다. 프로토콜 파일에는 기온도 지침 단계와 램프 속도, 검체 용량, 뚜껑 온도 등을 제어하는 기기 옵션에 대한 지침이 있습니다.



소프트웨어는 기본적으로 User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자의 Files(파일) 탭의 Run Setup(실행 설정) 섹션에 File Selection(파일 선택)에 정의된 프로토콜을 표시합니다. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 기본값 프로토콜을 변경할 수 있습니다. 자세한 내용은 [83 페이지의 기본값 파일 설정 변경](#)을 참조하십시오.

Protocol(프로토콜) 탭에서 다음을 수행할 수 있습니다.

- 실행할 새 프로토콜 생성
- 실행 또는 편집할 기존 프로토콜 선택

프로토콜 생성 및 수정에 대한 자세한 정보는 [7장, 프로토콜 만들기](#)를 참조하십시오.

### 새 프로토콜 생성 방법

1. Protocol(프로토콜) 탭에서 Create New(새 프로토콜 생성)를 클릭합니다.  
Protocol Editor(프로토콜 편집기)가 나타납니다.
2. Protocol Editor(프로토콜 편집기)를 사용하여 새 프로토콜을 생성합니다.



3. OK(확인)를 클릭하여 프로토콜을 저장하고 Run Setup(실행 설정)의 Protocol(프로토콜) 탭으로 돌아갑니다.
4. 프로토콜 세부 사항을 확인하고 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 세부 사항이 올바를 경우 Next(다음)를 클릭하여 Plate(플레이트) 탭으로 이동하십시오.
  - 세부 사항이 올바르지 않을 경우 Edit Selected(선택 항목 편집)를 클릭하여 Protocol Editor(프로토콜 편집기)로 돌아가십시오. 프로토콜 파일을 수정하고, 변경 사항을 저장한 다음 Protocol(프로토콜) 탭의 Next(다음)를 클릭하여 Plate(플레이트) 탭으로 이동하십시오.

### 기존 프로토콜 파일 선택 방법

1. Protocol(프로토콜) 탭에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Select Existing(기존 항목 선택)을 클릭하고 기존 프로토콜 파일로 이동하십시오.
  - Express Load(빠른 로드)를 클릭하고 프로토콜 드롭다운 목록에서 프로토콜을 선택하십시오.  
 팁: Express Load(빠른 로드) 드롭다운 목록에 프로토콜을 추가하거나 제거할 수 있습니다. 자세한 정보는 [빠른 로드 프로토콜 추가 및 제거](#)를 참조하십시오.
2. 프로토콜 세부 사항을 확인하고 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 세부 사항이 올바를 경우 Next(다음)를 클릭하여 Plate(플레이트) 탭으로 이동하십시오.
  - 세부 사항이 올바르지 않을 경우 Edit Selected(선택 항목 편집)를 클릭하여 Protocol Editor(프로토콜 편집기) 창을 여십시오. 프로토콜 파일을 수정하고, 변경 사항을 저장한 다음 Protocol(프로토콜) 탭의 Next(다음)를 클릭하여 Plate(플레이트) 탭으로 이동하십시오.

### 빠른 로드 프로토콜 추가 및 제거

Protocol Editor(프로토콜 편집기) Express Load(빠른 로드) 드롭다운 목록의 내용을 수정할 수 있습니다. 이 목록에 있는 프로토콜은 아래 폴더에 저장됩니다.

c:\Users\Public\Public Documents\Bio-Rad\CFX\_MDX\Users\\ExpressLoad\

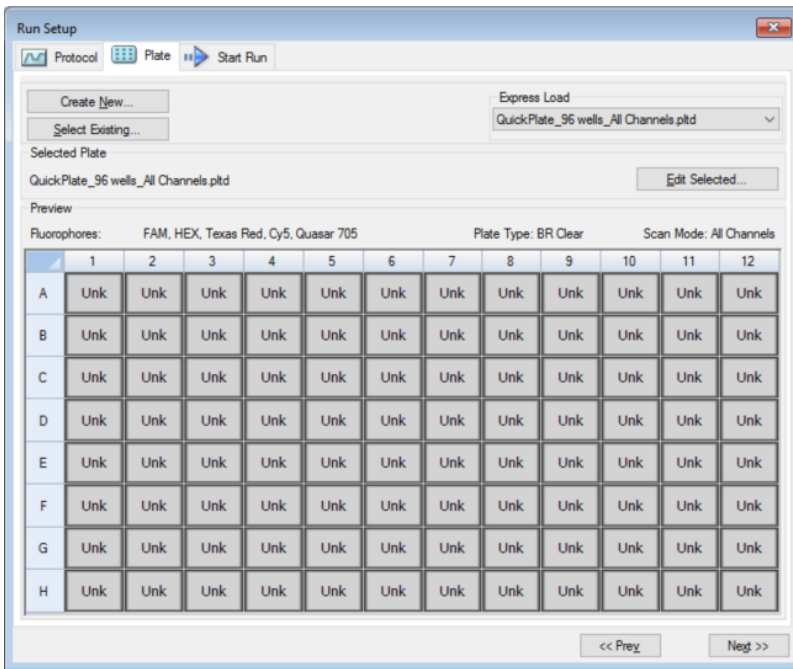
### 프로토콜의 빠른 로드 목록 수정 방법

1. Express Load(빠른 로드) 폴더를 탐색하여 엽니다.
2. 폴더에서 프로토콜 파일(.pctl)을 검토합니다.
3. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 드롭다운 목록에서 제거하려면 폴더에서 프로토콜 파일을 삭제하십시오.
  - 드롭다운 목록에 추가하려면 폴더에 프로토콜 파일을 복사하십시오.

## 플레이트 탭

**참고:** Protocol(프로토콜) 탭에서 선택한 프로토콜에 실시간 PCR 분석을 위한 플레이트 판독 단계가 포함되어 있지 않을 경우 Plate(플레이트) 탭이 숨겨집니다. Plate(플레이트) 탭을 표시하려면 프로토콜에 플레이트 판독을 한 개 이상 추가하십시오.

Plate(플레이트) 탭에는 로드할 플레이트 파일의 미리 보기가 표시됩니다. 실시간 PCR 실행에서 플레이트 파일에는 형광물질, 스캔 모드 및 플레이트 유형을 포함하여 각 웰의 내용에 대한 설명이 포함됩니다. CFX Maestro Dx SE는 데이터 수집 및 분석을 위해 이러한 설명을 사용합니다.



소프트웨어는 기본적으로 User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자의 Files(파일) 탭에 있는 Run Setup(실행 설정) 섹션의 File Selection(파일 선택)에 정의된 플레이트를 표시합니다. User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자에서 기본값 플레이트를 변경할 수 있습니다. 자세한 내용은 [83 페이지의 기본값 파일 설정 변경](#)을 참조하십시오.

Plate(플레이트) 탭에서 다음을 수행할 수 있습니다.

- 로드할 새 플레이트를 생성합니다.
- 로드 또는 편집할 기존 플레이트를 선택합니다.

플레이트 생성 및 수정에 대한 자세한 내용은 [8장, 플레이트 준비](#)를 참조하십시오.

## 새 플레이트 생성 방법

1. Plate(플레이트) 탭에서 Create New(새 플레이트 생성)를 클릭합니다.  
Plate Editor(플레이트 편집기)가 표시됩니다.
2. Plate Editor(플레이트 편집기)를 사용하여 새 플레이트를 생성합니다.
3. OK(확인)를 클릭하여 플레이트를 저장하고 Run Setup(실행 설정)의 Plate(플레이트) 탭으로 돌아갑니다.
4. 플레이트 세부 사항을 확인하고 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 세부 사항이 올바를 경우 Next(다음)를 클릭하여 Start Run(실행 시작) 탭으로 이동하십시오.
  - 세부 사항이 올바르지 않을 경우 Edit Selected(선택 항목 편집)를 클릭하여 Plate Editor(플레이트 편집기)로 돌아가십시오. 플레이트 파일을 수정하고, 변경 사항을 저장한 다음 Plate(플레이트) 탭의 Next(다음)를 클릭하여 Start Run(실행 시작) 탭으로 이동하십시오.

## 기존 플레이트 파일 선택 방법

1. Plate(플레이트) 탭에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Select Existing(기존 항목 선택)을 클릭하고 기존 플레이트 파일로 이동하십시오.
  - Express Load(빠른 로드)를 클릭하고 드롭다운 목록에서 플레이트 파일을 선택하십시오.  
 팁: Express Load(빠른 로드) 드롭다운 목록에 플레이트를 추가하거나 제거할 수 있습니다. 자세한 정보는 [빠른 로드 플레이트 파일 추가 및 제거](#)를 참조하십시오.
2. 플레이트 세부 사항을 확인하고 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 세부 사항이 올바를 경우 Next(다음)를 클릭하여 Start Run(실행 시작) 탭으로 이동하십시오.
  - 세부 사항이 올바르지 않을 경우 Edit Selected(선택 항목 편집)를 클릭하여 Plate Editor(플레이트 편집기) 창을 여십시오. 플레이트 파일을 수정하고, 변경 사항을 저장한 다음 Next(다음)를 클릭하여 Start Run(실행 시작) 탭으로 이동하십시오.

## 빠른 로드 플레이트 파일 추가 및 제거

Plate Editor(플레이트 편집기) Express Load(빠른 로드) 드롭다운 목록의 내용을 수정할 수 있습니다. 이 목록에 표시되는 플레이트는 아래 폴더에 저장됩니다.

c:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDX\Users\\ExpressLoad\

## 플레이트 파일의 빠른 로드 목록 수정 방법

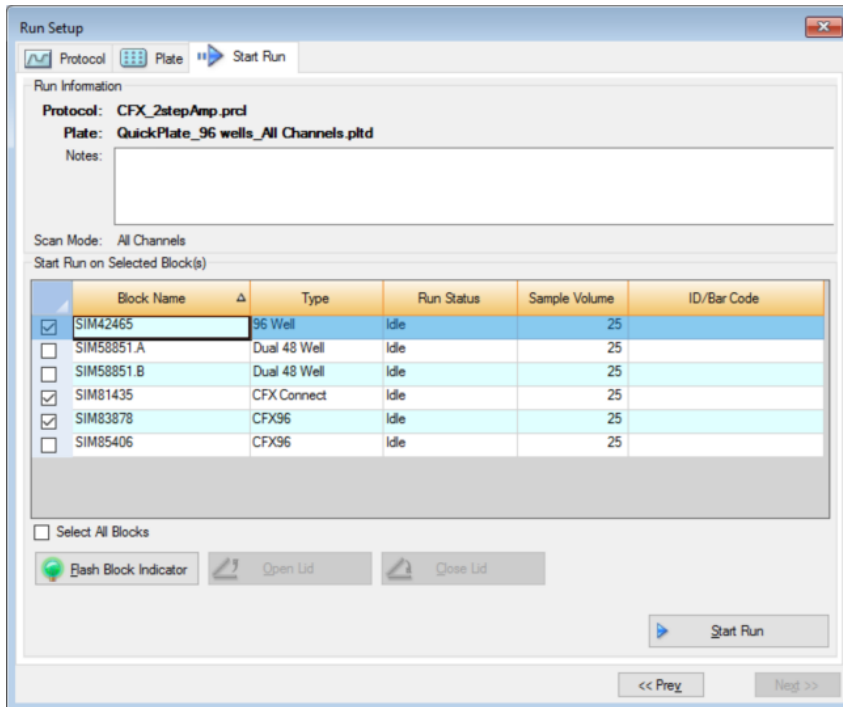
1. Express Load(빠른 로드) 폴더를 탐색하여 엽니다.
2. 폴더에서 플레이트 파일(.plt)을 검토합니다.
3. 다음 중 하나를 수행합니다.

## 9장 실험 실행

- 드롭다운 목록에서 제거하려면 폴더에서 플레이트 파일을 삭제하십시오.
- 드롭다운 목록에 추가하려면 폴더에 플레이트 파일을 복사하십시오.

## 실행 시작 탭

Start Run(실행 시작) 탭에는 실험 실행 관련 정보가 표시됩니다. 또한 실험을 실행할 수 있는 연결된 기기 블록이 표시됩니다.



Start Run(실행 시작) 탭에서는 다음을 수행할 수 있습니다.

- 선택한 프로토콜 파일, 플레이트 파일, 스캔 모드를 비롯한 세부적인 실행 정보를 확인합니다.
- 실행에 메모를 추가합니다.
- 실행 상태(실행 중 또는 유휴), 검체 용량( $\mu$ l), 뚜껑 온도, 에뮬레이션 모드, 해당하는 경우 ID 또는 바코드 등 모든 연결된 기기에 대한 세부 사항을 확인합니다.

**참고:** Selected Blocks(선택한 블록) 표의 Start Run(실행 시작)에 표시되는 열을 수정할 수 있습니다. 자세한 내용은 [168페이지의 선택된 블록 표의 세부 사항 수정](#)을 참조하십시오.

- 실행할 블록을 선택합니다.
- 각 선택한 기기의 뚜껑을 원격으로 열거나 닫습니다.
- 실행을 시작합니다.

## 선택된 블록 표의 세부 사항 수정

Selected Blocks(선택한 블록) 표의 Start Run(실행 시작)에 표시되는 열을 수정할 수 있습니다. 또한 표의 기본 검체 분량과 리드 온도 값을 수정할 수 있습니다. 설정 변화 내용은 수행할 실행에 적용됩니다.

### 선택한 블록 표의 실행 시작에 열을 추가하는 방법

- ▶ 표를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 나타나는 메뉴에서 옵션을 선택하십시오.

### 선택한 블록 표의 실행 시작에서 열을 제거하는 방법

- ▶ 표를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 나타나는 메뉴에서 옵션 선택을 취소하십시오.

### 블록의 검체 용량이나 뚜껑 온도 값을 편집하는 방법

- ▶ 표적 블록의 검체 용량이나 뚜껑 온도 값을 선택하고 셀에 새 값을 입력하십시오.

### 블록의 실행 ID나 바코드를 추가하는 방법

- ▶ 표적 블록의 ID/바코드 셀을 선택하고 ID를 입력하거나 바코드 판독기로 블록을 스캔하십시오.

## 실험 실행

**중요:** 실험을 실행하기 전에, 컴퓨터의 안티바이러스 소프트웨어가 실행 중에 스캔을 시작하지 않도록 확인해야 합니다. 자세한 내용은 [33페이지의 CFX Maestro Dx SE 소프트웨어 설치](#)를 참조하고 시스템 관리자에게 문의하십시오.

### 실험 실행 방법

1. Start Run(실행 시작) 탭에서 Run Information(실행 정보) 섹션의 플레이트와 프로토콜 세부 사항을 확인합니다.
2. (선택 사항) Notes(메모) 텍스트 상자에 실행 또는 실험 관련 참고 사항을 추가합니다.
3. 실행 작업을 수행할 블록의 확인란을 선택합니다.  
**팁:** 모든 블록에서 실험을 실행하려면 Selected Blocks(선택된 블록) 표 아래의 Select All Blocks(모든 블록 선택)를 선택하십시오.
4. (선택 사항) 선택된 기기 블록의 표시기 LED를 점멸시키려면 Flash Block Indicator(블록 표시기 점멸)을 클릭합니다.
5. 블록에 실험 플레이트를 삽입합니다.
  - a. Open Lid(뚜껑 열기)를 클릭하십시오. 선택된 각 블록의 전동 뚜껑이 열립니다.
  - b. 선택된 각 블록에 실험 블록을 삽입하십시오.
  - c. Close Lid(뚜껑 닫기)를 클릭하십시오.

**팁:** CFX Opus Dx 시스템의 홈 화면에서 Open Lid(뚜껑 열기) 또는 Close Lid(뚜껑 닫기)를 탭하십시오.

6. Open Lid(뚜껑 열기)와 Close Lid(뚜껑 닫기)를 클릭하여 선택된 각 기기 블록의 전동 뚜껑을 열고 닫습니다.
7. 실행 세부 사항을 검토하고 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 세부 사항이 올바르면 Start Run(실행 시작)을 클릭하십시오.
  - 세부 사항이 올바르지 않은 경우 다음을 수행하십시오.
    - Selected Blocks(선택된 블록) 표의 세부 사항을 수정한 후 Start Run(실행 시작)을 클릭하십시오.
    - 올바른 탭으로 돌아간 후 해당 정보를 적절히 변경하고 변경 사항을 저장한 후 Next(다음)을 클릭하여 Start Run(실행 시작) 탭으로 돌아가 실행을 시작하십시오.

#### 이전 실행에서 새 실행을 시작하는 방법

- ▶ 다음 중 하나를 수행합니다.
    - 메인 소프트웨어 메뉴 표시줄에서 File(파일) > Repeat a Run(실행 반복)을 선택한 후 반복할 실행 데이터 파일을 찾아 더블 클릭하십시오.
    - Repeat Run(실행 반복) 탭에서 Startup Wizard(시작 마법사)를 선택한 후 반복할 실행의 실행 데이터 파일을 더블 클릭하십시오.
- 원하는 경우 Repeat Run(실행 반복) 탭에서 Browse(찾아보기)를 클릭하여 반복하고 싶은 실행 데이터 파일을 찾아 더블 클릭하십시오.

## 실행 세부 사항 대화 상자

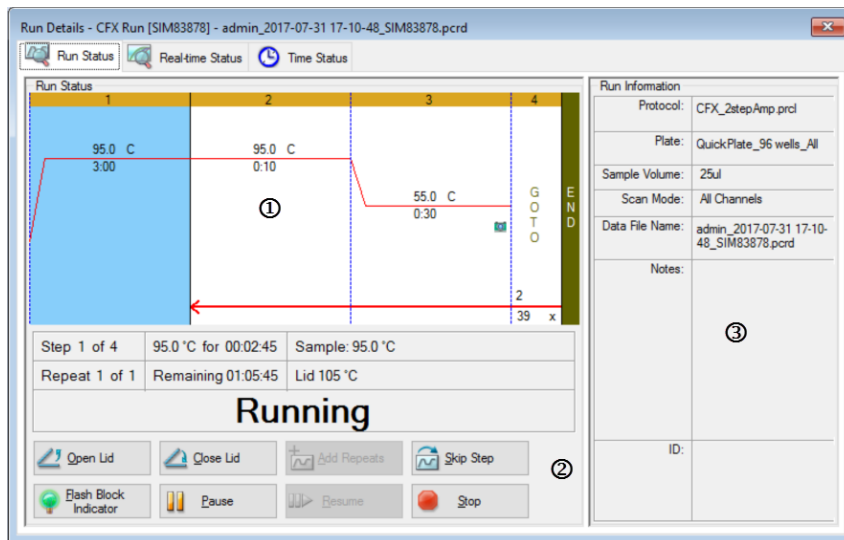
Start Run(실행 시작)을 클릭하면 CFX Maestro Dx SE가 데이터 파일(.pcrd)을 저장하고, 실행을 시작하고, Run Details(실행 세부 사항) 대화 상자를 열라는 메시지를 표시합니다. Run Details(실행 세부 사항) 대화 상자는 아래 세 개의 상태 탭으로 구성됩니다.

- **Run Status(실행 상태)** — 현재 프로토콜 상태 확인, 뚜껑 열기 또는 닫기, 실행 일시 중지, 복제 추가, 단계 건너뛰기 또는 실행 중단에 이 탭을 사용합니다.
- **Real-time Status(실시간 상태)** — 수집될 때 실시간 PCR 형광물질 데이터를 확인하려면 이 탭을 사용합니다.
- **Time Status(시간 상태)** — 프로토콜의 카운트다운 타이머를 전체 화면으로 보려면 이 탭을 사용합니다.

이러한 탭은 다음 섹션에 상세히 설명되어 있습니다.

### 실행 상태 탭

Run Status(실행 상태) 탭에는 현재 진행 중인 실행의 현재 상태가 표시됩니다. 이 보기에서는 뚜껑을 제어하고 진행 중인 실행을 변경할 수도 있습니다.





범례

1. Run Status(실행 상태) 창 — 프로토콜의 현재 진행률을 표시합니다.

---

2. Run Status(실행 상태) 제어 — 기기를 작동하거나 현재 프로토콜을 간섭할 수 있습니다.

---

3. Run Information(실행 정보) 창 — 실행 세부 사항을 표시합니다.

실행 상태 명령어

소프트웨어에서 기기를 작동하거나 진행 중인 실행을 변경하려면 Run Status(실행 상태) 탭의 일반 명령을 사용하십시오.

**참고:** 실행 중에 복제를 추가하는 등 프로토콜을 변경하면 해당 실행과 관련이 있는 프로토콜 파일이 변경되지 않습니다. 이러한 동작은 Run Log(실행 로그)에 기록됩니다.



— 선택한 기기의 전동 뚜껑을 엽니다.

**중요:** 실행 중에 뚜껑을 열면 현재 단계에서 실행이 일시 중지되고 데이터가 변경될 수 있습니다. [171페이지의 실행 상태 명령어](#)를 참조하십시오.



— 선택한 기기의 전동 뚜껑을 닫습니다.



— 프로토콜의 현재 GOTO 단계에 복제를 더 추가합니다. 이 옵션은 GOTO 단계 실행 중에만 사용 가능합니다.

**참고:** 프로토콜이 진행 중이면 GOTO 사이클에 있는 동안 반복을 추가할 수 있습니다. 그러나 CFX Maestro Dx SE는 반복 횟수의 가장 최근 변경 사항을 인식합니다. 예를 들어 GOTO 사이클에서 10번의 반복을 추가하면 소프트웨어가 총 횟수를  $n + 10$ 으로 변경합니다. 그런 다음 동일한 사이클에서 5회 반복을 추가하면 CFX Maestro는 총 반복 횟수를  $n + 5$ 로 변경합니다. 첫 번째 변경(10회 반복)은 무시됩니다. 소프트웨어가 목표 반복 횟수를 수행하도록 하려면 총 횟수(이 경우 15회 반복)를 입력합니다.



— 프로토콜의 현재 단계를 건너뛵니다.

**참고:** GOTO 단계 중에 건너뛰기를 시작하면 시스템은 GOTO 루프의 다음 사이클로 건너뛵니다. 건너뛰기 시 GOTO 단계의 마지막 사이클이 진행 중이면 시스템은 다음 단계로 건너뛵니다.



— 선택한 블록을 확인하기 위해 선택한 기기의 LED가 점멸하게 합니다.



— 프로토콜을 일시 중지합니다.

**참고:** 이 동작은 Run Log(실행 로그)에 기록됩니다.



— 일시 중지된 프로토콜을 재개합니다.

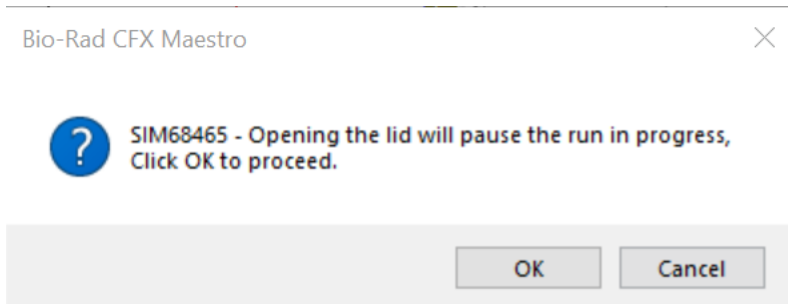


— 프로토콜이 끝나기 전에 실행을 멈춥니다.

**참고:** 프로토콜이 끝나기 전에 실행이 정지되면 데이터가 변경될 수 있습니다.

### PCR 실행 중 기기 뚜껑 열기

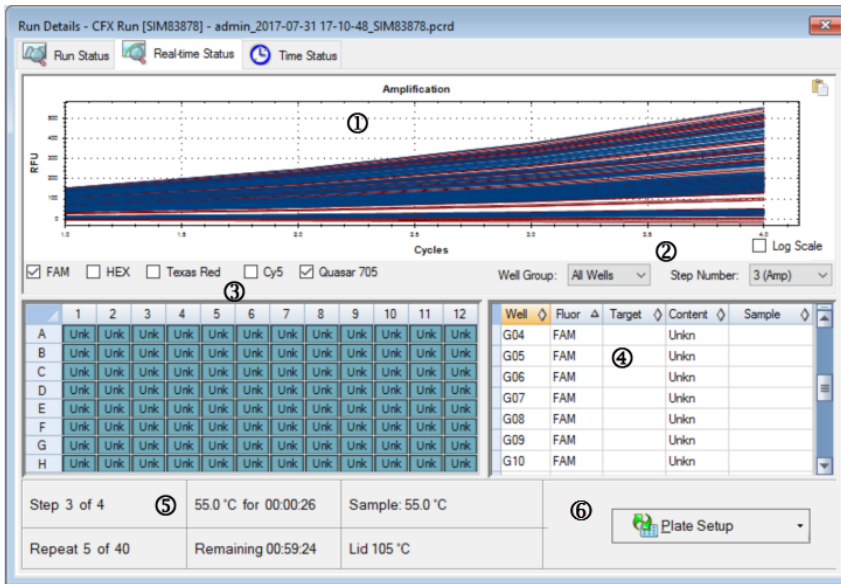
PCR 실행 중에 기기의 뚜껑을 열면 CFX Maestro Dx SE에서는 다음 확인 대화 상자가 표시됩니다.



대화 상자가 표시되는 동안 기기는 계속 프로토콜을 실행합니다. OK(확인) 버튼을 누르면 실행이 일시 중지되고 기기 덮개가 풀려 열립니다. Cancel(취소) 버튼은 대화 상자를 닫고 실행을 다시 시작합니다.

## 실시간 상태 탭

Real-time Status(실시간 상태) 탭은 처음 2개의 플레이트 판독 후 실행 중에 각 사이클에 수집된 실시간 PCR 데이터를 표시합니다.



### 범례

1. 증폭 추적 창 — 실행 중 실시간 증폭 데이터를 표시합니다.

---

2. 웰 그룹 식별자 — 웰 그룹이 플레이트 설정에서 식별된 경우, 사용자는 특정 웰 그룹을 선택하여 그 추적 내용, 웰 및 표로 정리된 정보를 볼 수 있습니다.  
 설정 번호 식별자 — 프로토콜이 하나 이상의 단계에서 데이터를 수집하는 경우(예를 들어, 증폭 및 용해 곡선 중), 사용자는 특정 단계를 선택하고 그 단계에서 수집된 추적 내용을 볼 수 있습니다.

---

3. 웰 선택기 창 — 플레이트의 활성, 비활성 및 비어 있는 웰을 표시합니다.

---

4. 플레이트 설정표 창 — 표 형식으로 플레이트 설정을 표시합니다.

5. 실행 세부 사항 창 — 다음을 포함한 실행의 실시간 상태를 표시합니다.
  - 현재 단계
  - 현재 반복
  - 현재 온도
  - 잔여 시간
  - 검체 온도
  - 뚜껑 온도

---

6. 플레이트 설정 — Plate Setup(플레이트 설정) 대화 상자를 열고, 여기에서 사용자는 실행 중 현재 플레이트 설정을 변경할 수 있습니다.

Real-time Status(실시간 상태) 탭에서 다음을 수행할 수 있습니다.

- 웰 선택기 창이나 플레이트 설정 표에서 실시간 추적 내용을 선택하여 표시하거나 숨깁니다.
- 웰 그룹 드롭다운에서 단일 추적 내용이나 여러 추적 내용을 선택하여 표시합니다.
- 플레이트를 편집하거나 플레이트 파일을 교체합니다.
- PrimePCR 파일을 실행에 적용합니다.

### 실시간 추적 표시하기 또는 숨기기

기본적으로 모든 채워진 웰은 활성 상태이며 플레이트 설정 표에 표시됩니다. 활성 웰은 웰 선택기 창에서 파란색으로 표시됩니다. 웰 선택기 창에서 숨겨진 웰은 연회색으로, 사용하지 않는 웰은 진회색으로 표시됩니다.

실행 중에 활성 웰에서 추적을 숨길 수 있습니다. CFX Maestro Dx SE는 모든 웰에 대한 데이터를 계속 수집합니다. 웰을 숨기면 해당 데이터가 플레이트 설정 표에 나타나지 않습니다.

#### 실시간 추적을 숨기는 방법

- ▶ 웰 선택기 창에서 숨기려는 활성(파란색) 웰을 클릭하십시오.

#### 실시간 추적을 표시하는 방법

- ▶ 웰 선택기 창에서 표시하려는 숨겨진(연회색) 웰을 클릭하십시오.

웰 선택기에 대한 자세한 정보는 [193페이지의 웰 선택기](#)를 참조하십시오.

## 플레이트 설정 편집

### 플레이트 설정 편집 방법

- ▶ Plate Setup(플레이트 설정)을 클릭한 다음 View/Edit Plate(플레이트 보기/편집)을 선택하십시오.  
 Plate Editor(플레이트 편집기) 창이 나타나고, 실행이 진행되는 동안 플레이트를 편집할 수 있습니다.  
 플레이트 편집에 대한 자세한 내용은 [8장, 플레이트 준비](#)를 참조하십시오.
- 참고:** 또한 Plate Editor(플레이트 편집기) 창에서 추적 유형을 선택할 수 있습니다. 변경 사항이 Real-time Status(실시간 상태) 탭의 증폭 추적 플롯에 나타납니다.

## 플레이트 파일 교체

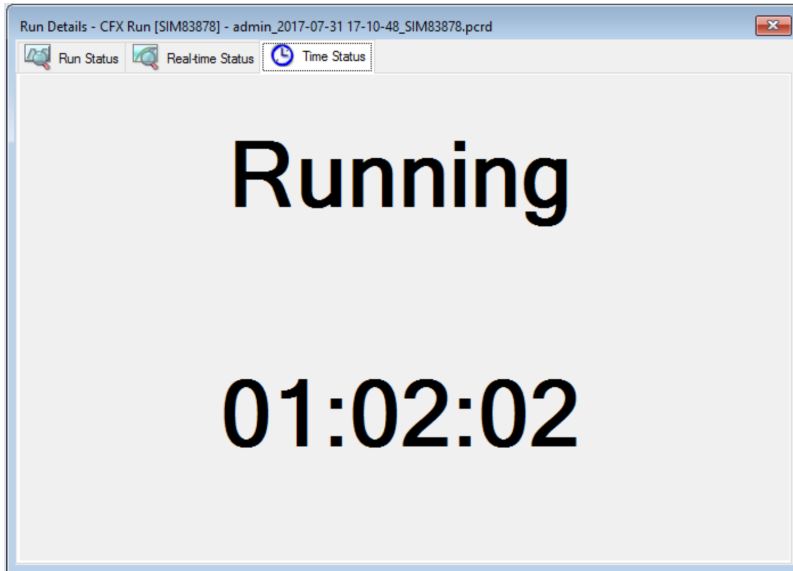
**팁:** ExpressLoad 폴더의 Quick Plate(퀵 플레이트) 파일로 실행을 시작할 경우 특히 플레이트 파일 교체가 유용합니다.

### 플레이트 파일 교체 방법

- ▶ Plate Setup(플레이트 설정)을 클릭한 다음 아래 옵션 중 하나를 선택하십시오.
  - Replace Plate file(플레이트 파일 교체) — 브라우저 창의 목록에서 새 플레이트 파일을 선택합니다.
  - Apply PrimePCR file(PrimePCR 파일 적용) — 스마트 검색을 사용하여 얻는 플레이트 레이아웃에서 실행 파일을 검색하거나 Browse(찾아보기)를 클릭하여 PrimePCR 폴더에 없고 Bio-Rad 웹 사이트에서 다운로드한 파일을 찾습니다.
- 참고:** CFX Maestro Dx SE는 플레이트 파일의 스캔 모드와 플레이트 크기를 확인합니다. 실행이 시작되었던 실행 설정의 스캔 모드 및 플레이트 크기와 동일해야 합니다.

## 시간 상태 탭

Time Status(시간 상태) 탭에 현재 실행을 완료하기까지 남은 시간이 표시됩니다.



## PrimePCR 실험 수행

PrimePCR은 Bio-Rad가 웨트랩(wet-lab) 검증 및 최적화했으며 아래 형식으로 이용 가능한 경로별 또는 질환별 검사를 사용합니다.

- 사전 배양 패널 — 생물학적 경로 또는 질환에 특이적인 분석물이 포함된 플레이트. 분석물에는 PrimePCR 대조군 및 참조 유전자가 포함됩니다.
- 사용자 구성 플레이트 — 관심 표적, 대조군 및 참조 물질에 대해 분석물을 선택할 수 있는 옵션으로 사용자 정의 레이아웃에서 설정할 수 있는 플레이트
- 개별 분석물 — 실시간 반응에 사용할 개별 프라이머 세트가 포함된 튜브

전체 실행 시간을 줄이기 위해 프로토콜에서 용해 단계를 제거할 수 있습니다. Bio-Rad에서는 PrimePCR 실행 프로토콜을 어떠한 식으로도 변경하지 말 것을 강력히 권장합니다. 기본값 프로토콜은 검사 유효성 검증에 사용된 프로토콜입니다. 이를 벗어난 변경은 결과에 영향을 미칠 수 있습니다. 결과 데이터 파일의 Run Information(실행 정보) 탭과 생성되는 모든 보고서에서 프로토콜 변경 사항을 확인할 수 있습니다.

### PrimePCR 실행 시작 방법

- ▶ PrimePCR 실행을 시작하려면 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - Startup Wizard(시작 마법사)의 Run setup(실행 설정) 탭에서 PrimePCR을 선택하고 해당되는 화학 반응(SYBER<sup>®</sup> 또는 프로브)을 선택하십시오.
  - Startup Wizard(시작 마법사)의 Repeat run(반복 실행) 탭에 있는 Recent Runs(최근 실행) 목록에서 PrimePCR 실행을 선택하십시오.
  - Home(홈) 창에서 File(파일) > Open(열기) > PrimePCR Run File(PrimePCR 실행 파일)을 선택하십시오.
  - Home(홈) 창으로 PrimePCR 실행 파일을 끌어서 놓으십시오.

PrimePCR run(PrimePCR 실행)을 선택하면 Start Run(실행 시작) 탭에서 선택한 기기에 근거한 기본값 PrimePCR 플레이트 레이아웃으로 Run Setup(실행 설정) 창이 열립니다.

### 프로토콜에서 용해 단계를 제거하는 방법

- ▶ Protocol(프로토콜) 탭에서 Include Melt Step(용해 단계 포함) 옆 상자의 선택을 해제하십시오.

### PrimePCR 플레이트 표적 정보를 플레이트 레이아웃으로 가져오는 방법

1. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Run Details(실행 세부 사항) 대화 상자의 Real-time Status(실시간 상태) 탭에서 Plate Setup(플레이트 설정) > Apply PrimePCR File(PrimePCR 파일 적용)을 선택하십시오.
  - Data Analysis(데이터 분석) 창에서 Plate Setup(플레이트 설정) > Apply PrimePCR File(PrimePCR 파일 적용)을 선택하십시오.
2. PrimePCR 실행 파일 대화 상자에서 Browse(찾아보기)를 클릭하여 적합한 PrimePCR 파일(.csv)로 이동합니다.
3. 표적 PrimePCR 파일을 선택한 다음 Open(열기)을 클릭합니다.

CFX Opus Dx 시스템이 플레이트 레이아웃으로 표적 정보를 가져옵니다.



## 분석을 위해 독립형 데이터 전송

**중요:** CFX Opus Dx 시스템에서 CFX Maestro Dx SE로 데이터 파일을 전송할 때 시스템에 저장된 모든 파일이 전송됩니다. 안전하게 데이터를 전송하기에 충분한 디스크 공간이 있는지 확인합니다.

실행이 완료되면 CFX Maestro Dx SE에서 형광물질 데이터를 분석합니다. 실행이 독립 실행형 모드에서 수행되고 CFX Opus Dx 시스템 자체에 저장되는 경우, 분석을 위해 데이터를 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터로 전송해야 합니다.

CFX Opus Dx 시스템에서 최대 100개의 실시간 PCR 실행을 저장할 수 있습니다. 실행이 완료되면, 독립 실행형 데이터 파일을 이메일, USB 드라이버 또는 소프트웨어 자체를 통해 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터로 전송할 수 있습니다.

이 절에서는 독립 실행형 데이터 파일을 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터로 전송하는 방법을 설명합니다.

### 이메일을 통해 데이터 전송

#### 실행 종료 시 데이터 파일을 이메일로 보내는 방법

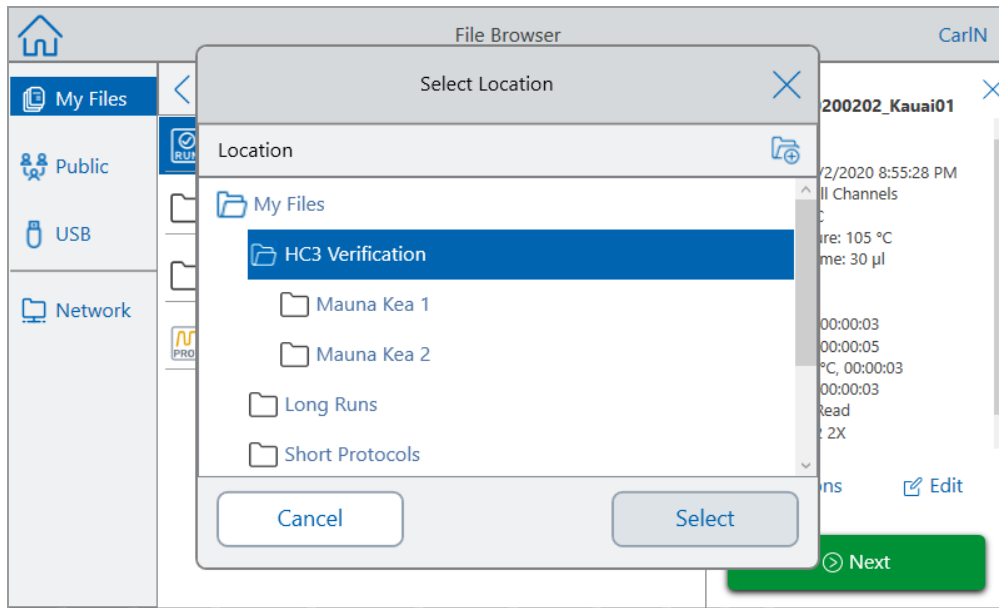
1. 기기에 대한 이메일 알리를 설정합니다.  
79페이지의 [이메일 알림 설정](#) 또는 CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템 작동 설명서를 참조하십시오.
2. 이메일 알리를 설정할 때 Attach Data File(데이터 파일 첨부)를 선택해야 합니다.  
실행 데이터는 .pcrd 파일로 이메일 전송됩니다.

### 파일을 CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템으로 전송


CFX Opus Dx 시스템에서 파일 브라우저 기능을 사용하면 연결된 USB 드라이브 또는 공유 네트워크 폴더로 데이터 파일을 전송할 수 있습니다. 또한 USB 드라이브 또는 공유 네트워크 드라이브의 CFX Maestro Dx SE 프로토콜 파일을 CFX Opus Dx 시스템의 사용자 폴더 또는 공용 폴더로 전송하고 CFX Opus Dx 시스템에서 실행할 수 있습니다.

**팁:** 이 섹션에서는 데이터 전송 방법을 설명합니다. 이더넷 설정에 대한 자세한 내용은 CFX Maestro Dx SE Help(도움말) 메뉴에서 사용 가능한 CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템 Operation Manual(설명서)을 참조하십시오.

1. CFX Opus Dx 시스템의 Home(홈) 화면에서 Files(파일)을 눌러 File Browser(파일 브라우저) 화면을 봅니다.
2. File Browser(파일 브라우저) 화면에서 복사할 파일로 이동한 다음 파일을 눌러 파일 세부 정보 창을 봅니다.
3. 파일 세부 정보 창에서 Options(옵션)을 누른 다음 Copy(복사)를 누릅니다.



Select Location(위치 선택) 대화 상자가 나타납니다.

4. Select Location(위치 선택) 대화 상자에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 기존 폴더로 이동합니다.
  - 파일을 저장할 폴더를 만들 위치로 이동한 다음 Create Folder(폴더 만들기) 를 눌러 해당 위치에 새 폴더를 만듭니다.
5. 파일을 선택한 위치에 복사하려면 Select(선택)를 누르고 File Browser(파일 브라우저) 화면으로 돌아가려면 Cancel(취소)을 누릅니다.

**참고:** 선택한 위치에 같은 이름의 파일이 있으면 메시지 상자가 나타납니다. Yes(예)를 눌러 기존 파일을 덮어쓰거나 No(아니요)를 눌러 File Browser(파일 브라우저) 화면으로 돌아갑니다.

CFX Opus Dx 시스템에서는 파일이 성공적으로 삭제되면 확인 메시지를 표시합니다.

## CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition를 통해 데이터 전송

### CFX Maestro Dx SE를 통해 데이터를 전송하는 방법

1. Home(홈) 창의 Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 표적 기기를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Retrieve Data Files(데이터 파일 가져오기)을 선택합니다.

CFX Maestro Dx SE에 Browse For Folder(폴더 찾아보기) 대화 상자가 표시됩니다.

2. Browse For Folder(폴더 찾아보기) 대화 상자에서 데이터 파일을 저장할 위치로 이동하고 OK(확인)를 클릭합니다.

전송 과정을 통해 선택한 위치에 Real-Time Data(실시간 데이터)라는 라벨이 붙은 폴더가 작성됩니다. 실행 데이터는 별도의 .zpcr 파일로 Real-Time Data(실시간 데이터) 폴더에 저장됩니다.

### USB 드라이브로 데이터 전송

기기의 USB 포트에 USB 드라이브를 삽입하면 실행 완료 후 USB 드라이브의 루트 디렉터리에 데이터 파일이 자동으로 저장됩니다. 이전에 저장한 데이터 파일을 찾아 장착된 USB 드라이브로 저장할 수도 있습니다.

### CFX Opus Dx 시스템의 USB 드라이브로 데이터 파일을 전송하는 방법

- ▶ Select Location(위치 선택) 대화 상자에서 USB를 탭하고 파일을 복사할 대상 폴더로 이동하거나 Cancel(취소)을 눌러 File Browser(파일 브라우저) 화면으로 돌아갑니다.

**참고:** 선택한 위치에 같은 이름의 파일이 있으면 대화 상자가 나타납니다. Yes(예)를 눌러 기존 파일을 덮어쓰거나 No(아니오)를 눌러 File Browser(파일 브라우저) 화면으로 돌아갑니다.

CFX Opus Dx 시스템에서는 파일이 성공적으로 삭제되면 확인 메시지를 표시합니다.

## CFX Opus Dx 실시간 PCR 시스템을 사용하여 공유 네트워크 드라이브를 통해 데이터 전송

**팁:** CFX Opus Dx 시스템을 통해서만 공유 네트워크 드라이브와의 데이터 전송이 가능합니다.

CFX Opus Dx 시스템을 사용하면 이더넷을 사용하여 공유 네트워크 드라이브에 연결할 수 있습니다. 성공적으로 연결되면 공유 네트워크 드라이브의 폴더와 데이터 파일을 주고받을 수 있습니다.

### 공유 네트워크 드라이브 간에 데이터를 전송하는 방법

- ▶ Select Location(위치 선택) 대화 상자에서 Network(네트워크)를 탭하고 파일을 복사할 대상 폴더로 이동하거나 Cancel(취소)을 눌러 File Browser(파일 브라우저) 화면으로 돌아갑니다.

**참고:** 선택한 위치에 같은 이름의 파일이 있으면 대화 상자가 나타납니다. Yes(예)를 눌러 기존 파일을 덮어쓰거나 No(아니요)를 눌러 File Browser(파일 브라우저) 화면으로 돌아갑니다.

CFX Opus Dx 시스템에서는 파일이 성공적으로 삭제되면 확인 메시지를 표시합니다.

## 데이터 파일 만들기

기기에서 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터로 전송된 데이터를 분석하려면 압축된 데이터 파일(.zpcr 파일)을 데이터 파일(.pcrd 파일)로 변환해야 합니다. CFX Maestro Dx SE는 .zpcr 파일을 .pcrd 파일로 변환한 다음 스캔 모드 및 플레이트 크기가 동일한 플레이트 파일을 선택하여 .pcrd 파일에 적용합니다.

### 독립형 데이터 파일에서 데이터 파일을 생성하는 방법

1. CFX Maestro Dx SE에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 표적 .zpcr 파일을 찾아 CFX Maestro Dx SE Home(홈) 창으로 드래그하십시오.
  - File(파일) > Open(열기) > Stand-alone Run(독립 실행)을 선택하고 표적 파일을 탐색하여 선택하십시오.

CFX Maestro Dx SE가 Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자를 표시합니다.

2. .pcrd 파일을 저장할 폴더로 이동하고 Save(저장)를 클릭합니다.

.pcrd 파일을 저장하면 CFX Maestro Dx SE가 Data Analysis(데이터 분석) 창을 열어 결과 데이터를 표시합니다.

## 10장 데이터 분석 개요

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition는 각 실행 종료 시 실시간 PCR 데이터를 자동으로 처리하여 이러한 데이터(.pcrd 파일)를 표시하는 Data Analysis(데이터 분석) 창을 엽니다.

- 데이터 파일(.pcrd 확장자)을 Home(홈) 창에 드래그한 다음 놓을 수 있습니다.
- Home(홈) 창에서 File(파일) > Open(열기)을 선택하고 표적 .pcrd 파일을 찾아볼 수 있습니다.
- Home(홈) 창에서 File(파일) > Recent Data Files(최근 데이터 파일)을 선택하여 가장 최근에 열린 10개의 데이터 파일 목록에서 선택할 수 있습니다.
- Startup Wizard(시작 마법사)에서 Analyze(분석) 탭을 선택하고 Recent Files(최근 파일)에서 선택하거나 Browse(찾아보기)를 클릭하여 데이터 파일을 찾을 수 있습니다.

### 데이터 분석 창

Data Analysis(데이터 분석) 창에는 여러 탭이 표시되며, 각 탭은 특정 분석 방법의 분석된 데이터 또는 실행별 정보가 표시됩니다. 탭은 해당 분석 유형에 대해 실행에서 수집된 데이터를 사용할 수 있을 경우에만 표시됩니다.



**팁:** 표시할 탭을 선택하려면 Data Analysis(데이터 분석) 창의 View(보기) 드롭다운 메뉴에서 선택하십시오. 기존 탭 레이아웃으로 복구하려면 Settings(설정) > Restore Default Window Layout(기본값 창 레이아웃 복구)을 선택하십시오.

## 데이터 분석 툴바

Data Analysis(데이터 분석) 창의 툴바에서는 중요한 데이터 분석 기능에 빠르게 액세스할 수 있습니다.

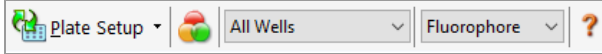
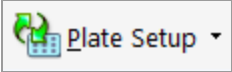

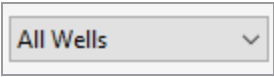
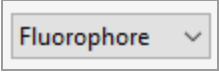



표 11에 툴바의 기능 버튼이 나와 있습니다.

표 11. 데이터 분석 창의 툴바

버튼	이름	기능
	플레이트 설정	View/Edit plate(플레이트 보기/편집) — Plate Editor(플레이트 편집기)를 열어 웰 내용을 확인하고 편집합니다. Replace Plate(플레이트 교체) — 플레이트 레이아웃을 교체할 플레이트 파일을 선택합니다. Apply PrimePCR file(PrimePCR 파일 적용) — PrimePCR 실행의 플레이트 레이아웃을 교체할 실행 파일을 선택합니다.
	웰 그룹 관리	웰 그룹을 생성, 편집, 삭제할 수 있는 Well Groups Manager(웰 그룹 관리자) 창을 엽니다.
	웰 그룹	드롭다운 메뉴에서 기존 웰 그룹 이름을 선택합니다. 기본값 선택은 All Wells(모든 웰)입니다. 이 버튼은 웰 그룹이 생성되어 있을 때에만 표시됩니다.
	분석 모드	형광물질 또는 표적 모드에서 데이터를 분석합니다.
	도움말	온라인 도움말과 이 설명서의 Acrobat PDF 형식 디지털 사본을 찾을 수 있는 소프트웨어 도움말을 엽니다.

## 데이터 분석 메뉴 표시줄

표 12은 Data Analysis(데이터 분석) 창의 메뉴 표시줄 항목을 제시한 것입니다.

표 12. 데이터 분석 창 메뉴 표시줄 항목

메뉴 항목	명령어	기능
File(파일)	Save(저장)	파일을 저장합니다.
	Save As(다른 이름으로 저장)	파일을 새 이름으로 저장합니다.
	File Passwords(파일 암호)	사용자가 파일 저장 및 열기 암호를 설정할 수 있습니다.
	Sign(서명)	사용자가 데이터 파일에 서명할 수 있습니다.
	Repeat Run(반복 실행)	현재 실행에서 프로토콜 및 플레이트 파일을 추출하여 재실행합니다.
	Close(닫기)	Data Analysis(데이터 분석) 창을 닫습니다.
View(보기)	Run Log(실행 로그)	Run Log(실행 로그) 창을 열고 현재 데이터 파일의 실행 로그를 봅니다.
	Audit Trail(감사 추적)	파일에 대한 감사 추적을 엽니다.
	Quantification(정량), Melt Curve(용해 곡선), Gene Expression(유전자 발현), End Point(종료점), Custom Data View(사용자 지정 데이터 보기), QC, Run Information(실행 정보)	Data Analysis(데이터 분석) 창에서 선택된 탭에 분석된 데이터를 표시합니다. 최소한 한 개의 탭이 선택되어야 합니다.

표12. 데이터 분석 창 메뉴 표시줄 항목, 계속

메뉴 항목	명령어	기능
Settings(설정)	C <sub>q</sub> Determination Mode(Cq 측정 모드)	각 추적별로 C <sub>q</sub> 값이 계산되는 방식을 Regression(회귀) 또는 Single Threshold(단일 역치값) 모드 중 하나로 선택할 수 있습니다.
	Baseline Setting(기준선 설정)	선택한 웰 그룹에 대한 기준선 감산 방법을 선택할 수 있습니다.
	Analysis Mode(분석 모드)	데이터를 Fluorophore(형광물질) 기준으로 분석하거나 Target(검체)를 기준으로 분석할 수 있습니다.
	Cycles to Analyze(분석할 사이클)	분석할 사이클을 선택할 수 있습니다.
	Baseline Thresholds(기준선 역치값)	Baseline Threshold(기준선 역치값) 창을 열어 기준선 또는 역치값을 조정합니다.
	Trace Styles(추적 유형)	Trace Styles(추적 유형) 창을 엽니다.
	Plate Setup(플레이트 설정)	Plate Editor(플레이트 편집기)를 열고 플레이트를 보며 편집합니다. 현재 플레이트를 사용자 정의 플레이트 파일 또는 PrimePCR 실행 파일 중 하나로 대체합니다.
	Include All Excluded Wells(제외된 모든 웰 포함)	제외된 모든 웰을 분석에 포함시킵니다.
	Mouse Highlighting(마우스 강조 표시)	마우스 포인터로 데이터를 동시적으로 강조 표시하는 기능을 켜거나 끕니다. <b>팁:</b> Mouse Highlighting(마우스 강조 표시)이 꺼진 경우 Control 키를 눌러 일시적으로 강조 표시 기능을 켤 수 있습니다.
	Restore Default Window Layout(기본값 창 레이아웃 복구)	창의 배열을 기본값 설정으로 되돌립니다.



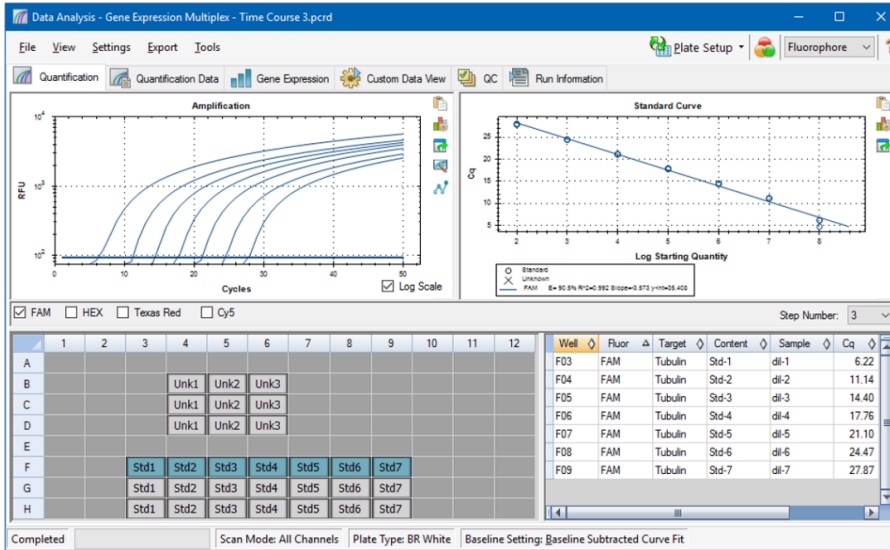
표12. 데이터 분석 창 메뉴 표시줄 항목, 계속

메뉴 항목	명령어	기능
Export(내보내기)	Export All Data Sheets(모든 데이터 시트 내보내기)	모든 탭의 모든 스프레드시트 보기를 .csv, .txt, Excel 또는 .xml 파일로 내보낼지 여부를 선택할 수 있습니다.
	Export RDML File(RDML 파일로 내보내기)	파일을 내보낼 RDML 버전 1.1 또는 1.0을 선택할 수 있습니다.
	Custom Export(사용자 지정 내보내기)	Custom Export(사용자 지정 내보내기) 창을 열고 여기에서 내보내기될 필드와 파일 형식을 지정할 수 있습니다.
	Export to LIMS Folder(LIMS 폴더로 내보내기)	데이터를 사전 지정 형식으로 LIMS 폴더에 저장하는 창을 엽니다.
	Manual Export(수동 내보내기)	모든 스프레드시트 보기의 데이터를 Seegene, Inc. 및 Bio-Rad Laboratories에서 사용할 수 있도록 구성된 Excel 파일로 저장할 위치를 지정할 수 있는 창을 엽니다. <b>팁:</b> 내보내기 시 자동으로 Seegene Viewer를 시작할 수도 있습니다. 자세한 내용은 <a href="#">65페이지의 툴 메뉴 명령</a> 을 참조하십시오.
Tools(도구)	Reports(보고서)	이 데이터 파일의 Report(보고서)를 엽니다.
	Well Group Reports(웰 그룹 보고서)	Well Group Report(웰 그룹 보고서) 창을 열고 지정된 웰 그룹의 보고서를 생성합니다.
	Import Fluorophore Calibration(형광물질 보정 가져오기)	현재 데이터 파일에 적용할 보정 파일을 선택합니다.
	qbase+	qbase+ v2.5를 현재 .pcrd 파일에서 직접 실행합니다(설치된 경우).
	Generate LIMS PLRN file(LIMS PLRN 파일 생성)	데이터 파일을 LIMS 형식의 .plrn 파일로 저장합니다.

## 탭 세부 사항

Data Analysis(데이터 분석) 창의 각 탭에는 특정 분석 방법에 대한 차트 및 스프레드시트의 데이터가 표시되며, 사용자가 표시하고자 하는 데이터를 선택하는 웰 선택기가 포함되어 있습니다. Data Analysis(데이

터 분석)를 열면 기본적으로 Quantification(정량) 탭이 표시됩니다. Quantification(정량) 탭의 Amplification(증폭) 차트 데이터를 사용하여 실험에 적합한 분석 설정을 확인할 수 있습니다.

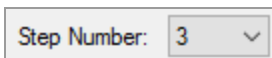


**참고:** 소프트웨어는 각 Data Analysis(데이터 분석) 탭의 창에서 데이터를 연결합니다. 예를 들어 마우스 포인터를 웰 선택기 보기의 웰 위에 놓으면 웰이 강조표시되며 다른 모든 창에 있는 데이터가 강조 표시됩니다.

## 단계 번호 선택기

CFX Opus Dx 시스템은 여러 프로토콜 단계에서 형광 데이터를 수집할 수 있습니다. 소프트웨어는 각 단계에서 수집된 데이터를 독립적으로 유지합니다. CFX Maestro Dx SE에는 Quantification(정량) 탭의 Standard Curve(표준 곡선) 차트 아래에 단계 번호 선택기가 표시됩니다. 프로토콜에 하나 이상의 데이터 수집 단계가 포함된 경우, CFX Maestro Dx SE는 첫 번째 수집 단계에서 데이터를 표시합니다.

프로토콜에 두 개 이상의 수집 단계가 포함된 경우, 드롭다운 목록에서 다른 단계를 선택할 수 있습니다. 예는 아래와 같습니다.



단계를 선택할 때, 소프트웨어는 Data Analysis(데이터 분석) 창에 나타나는 모든 데이터에 이 선택을 적용합니다.

## 데이터 분석에서 웰 그룹 보기

웰 그룹을 사용하여 독자적 분석을 위한 하위 세트로 플레이트의 웰을 분류할 수 있습니다. 웰 그룹을 작성할 때, 그룹 이름은 툴바의 Data Analysis(데이터 분석) 창 Well Groups(웰 그룹) 드롭다운 목록에 나타납니다.

웰 그룹을 작성했다면, 소프트웨어는 Data Analysis(데이터 분석) 창을 열 때 차트와 스프레드시트에 내용이 있는 모든 웰의 데이터를 표시하여 기본 웰 그룹 All Wells(전체 웰)를 표시합니다. 내용이 로딩된 웰 그룹의 웰만 웰 선택기에 나타나며 해당 웰의 데이터만 데이터 분석 계산에 포함됩니다.

**팁:** 웰 그룹을 생성, 편집 및 삭제하려면 툴바의 Manage Well Groups(웰 그룹 관리)을 클릭하십시오.

**참고:** 웰 그룹을 작성하지 않았다면 Well Groups(웰 그룹) 드롭다운 목록이 툴바에 나타나지 않습니다.

## 실행 후 웰 내용물 변경

데이터 분석 중에 Plate Editor(플레이트 편집기)에서 웰의 내용물을 변경하여 데이터가 표시되는 방식을 변경해도 실행 중에 각 웰에서 수집된 형광 데이터가 결코 변경되지 않습니다. 모듈에서 형광 데이터를 수집한 후에는 이런 데이터를 삭제할 수 없지만 보기와 분석에서 데이터 삭제를 선택할 수 있습니다.

### 실행 후 웰의 내용을 변경하는 방법

- ▶ Data Analysis(데이터 분석) 창에서 Plate Setup(플레이트 설정)을 클릭하고 다음 옵션 중 하나를 선택합니다.
  - **Edit/View Plate(플레이트 편집/보기)** — Plate Editor(플레이트 편집기)를 열어 레이아웃을 수동으로 변경할 수 있습니다.
  - **Replace Plate file(플레이트 파일 교체)** — Select Plate(플레이트 선택)를 열고, 현재 플레이트 레이아웃을 대체할 이전에 저장된 플레이트 파일로 이동할 수 있습니다.
  - **Apply PrimePCR file(PrimePCR 파일 적용)** — Select PrimePCR file(PrimePCR 파일 선택) 대화 상자를 열고, PrimePCR 실행 파일로 이동하여 플레이트 레이아웃에 적용할 수 있습니다.

**팁:** 실행 전, 실행 중 또는 PCR 실행이 완료된 후에 웰의 내용에 관한 정보를 추가하거나 편집할 수 있습니다. 스캔 모드와 플레이트 크기를 할당해야 합니다. 이러한 매개변수는 실행 후에 변경할 수 없습니다.

## 데이터 분석 설정

Quantification(정량) 탭의 Amplification(증폭화) 차트 데이터에서는 매 사이클에 각 웰의 상대적 형광 단위(RFU)를 보여줍니다. 차트에 있는 각 추적은 하나의 웰에 있는 단일 형광물질 데이터를 나타냅니다. 이러한 데이터는 형광물질 기준으로 각 웰에 대한  $C_q$  값을 측정하는 데 사용됩니다. 소프트웨어는 두 가지 모드 중 하나를 사용하여  $C_q$  값을 측정합니다.

- **Regression(회귀)** — 개별 웰 추적에 다변량, 비선형 회귀 모델을 적용한 다음 이 모델을 사용하여 최적  $C_q$  값을 계산합니다.
- **Single Threshold(단일 역치값)** — 단일 역치값을 사용하여 개별 형광 추적의 역치 교차점을 기준으로  $C_q$  값을 계산합니다.

$C_q$  측정 모드를 선택하려면 Select Settings(설정 선택) >  $C_q$  Determination Mode(측정 모드)를 선택하십시오.

### 역치값 조정

Single Threshold(단일 역치값) 모드에서는 Amplification(증폭화) 차트의 역치값 선을 클릭하고 마우스 포인터를 수직으로 움직여 형광물질 역치값을 조정할 수 있습니다. 또는 선택된 형광물질의 정확한 교차 역치값을 지정할 수 있습니다.

### 기준선 설정

소프트웨어는 자동으로 각 웰에 대해 개별적으로 기준선을 설정합니다. 기준선 설정은 모든 형광성 추적에 대해 기준선 감산 방법을 결정합니다. 소프트웨어는 세 가지 기준선 감산 옵션을 제공합니다.

- **No Baseline Subtraction(기준선 감산 없음)** — 상대 형광성 추적으로 데이터를 표시합니다. 일부 분석은 이 분석 모드에서 사용할 수 없으며, 따라서 소프트웨어가 Gene Expression(유전자 발현), End Point(종료점), Allelic Discrimination(대립 유전자 식별) 탭을 표시하지 않습니다.
- **Baseline Subtracted(기준선 감산)** — 웰의 각 형광물질에 대해 기준선 감산 추적으로 데이터를 표시합니다. 소프트웨어는 정량 사이클을 결정하고, 표준 곡선을 구성하고, 알 수 없는 검체의 농도를 측정하기 위해 데이터에 기준선 감산을 수행해야 합니다. 기준선 감산 추적을 생성하려면 소프트웨어가 기준선 사이클 중 각 웰의 기록된 발광형단을 통해 최적 적합 직선을 조정하고 각 사이클에서 배경 감산된 데이터로부터 최적 적합 데이터를 감산합니다.
- **Baseline Subtracted Curve Fit(기준선 감산 곡선 맞춤)** — 기준선 감산 추적으로 데이터를 표시하며 소프트웨어는 집중화 평균 필터를 사용하여 기준선 감산 곡선을 다듬습니다. 이 절차가 수행되면 각  $C_q$ 가 변하지 않고 유지됩니다.

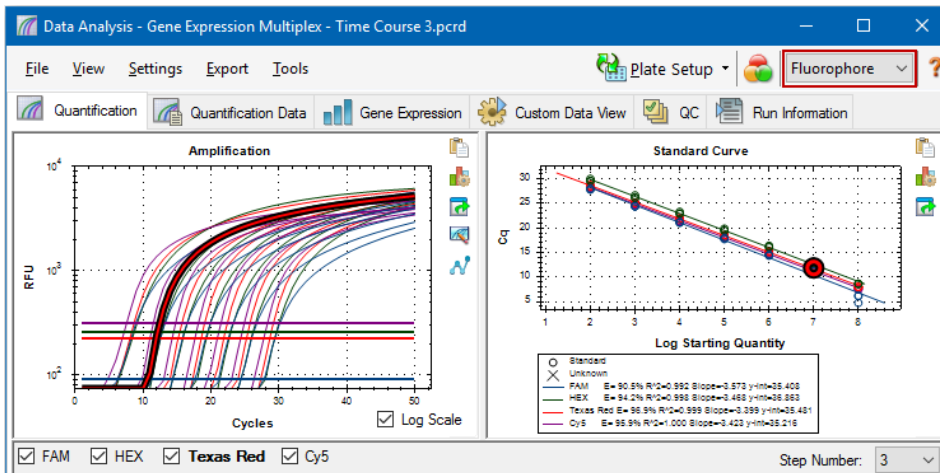
이러한 옵션과 더불어 Apply Fluorescent Drift Correction(형광성 이동 보정 적용)을 선택할 수도 있습니다. 처음 몇 번의 실행 사이클 동안 비정상적으로 이동한 RFU 값이 있는 웰은 소프트웨어가 수평 기준선이 성공적으로 생성되었던 인접 웰에서 추정 기준선을 도출합니다.

### 기준선 감산 설정 변경 방법

- ▶ Settings(설정) > Baseline Setting(기준선 설정)을 선택하십시오.

### 분석 모드

데이터는 형광물질 또는 표적 이름으로 분류 및 분석할 수 있습니다. 형광물질로 분류할 경우 데이터 추적 이 해당 실행의 플레이트 설정에서 명시된 형광물질별로 표시됩니다. 증폭 차트 아래에 해당 형광물질 선택기 확인란을 선택하면 개별 형광물질 데이터가 증폭 및 표준 곡선 차트(해당할 경우)에 표시됩니다.



표적으로 분류할 경우 데이터 추적이 해당 실행의 플레이트 설정에 입력된 표적 이름별로 표시됩니다.

### 데이터 분석 모드 선택 방법

- ▶ 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Settings(설정) > Analysis Mode(분석 모드)를 선택합니다.
  - 툴바의 Analysis Mode(분석 모드) 드롭다운 메뉴에서 모드를 선택합니다.

### 분석할 사이클

분석할 사이클 수를 제한할 수 있습니다. 특정 사이클 세트에서 데이터를 분석할 수도 있습니다. 분석할 수 있는 최대 사이클 수는 50개입니다.

**참고:** 실행 시작에서 사이클을 제거하면 기준선 설정에 상당한 영향을 미칠 수 있습니다.

### 특정 사이클 범위로 데이터 분석을 제한하는 방법

1. Settings(설정) > Cycles to Analyze(분석할 사이클)를 선택합니다.  
Cycles to Analyze(분석할 사이클) 대화 상자가 표시됩니다.

2. 시작 및 종료 사이클 값을 입력하고 OK(확인)를 클릭합니다.

기존에 분석에 사용했던 사이클로 복원하려면 Cycles to Analyze(분석할 사이클) 대화 상자에서 Restore Defaults(기본값 복원)를 클릭하십시오.

## 웰 선택기

Data Analysis(데이터 분석) 창에서 차트 또는 스프레드시트의 웰 데이터를 표시하거나 숨기려면 Well Selector(웰 선택기)를 사용하십시오. 검체와 함께 장착된 웰만 웰 선택기에서 선택할 수 있습니다. 소프트웨어는 Well Selector(웰 선택기)에서 웰에 색상을 지정합니다.

- **파란색** — 선택한 웰을 나타냅니다. 선택한 웰의 데이터가 Data Analysis(데이터 분석) 창에 표시됩니다.
- **연회색** — 선택하지 않은 웰을 나타냅니다. 선택하지 않은 웰의 데이터는 Data Analysis(데이터 분석) 창에 표시되지 않습니다.
- **진회색** — 빈 웰을 나타냅니다.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A												
B				Unk1	Unk2	Unk3						
C				Unk1	Unk2	Unk3						
D				Unk1	Unk2	Unk3						
E												
F			Std1	Std2	Std3	Std4	Std5	Std6	Std7			
G			Std1	Std2	Std3	Std4	Std5	Std6	Std7			
H			Std1	Std2	Std3	Std4	Std5	Std6	Std7			

### 웰 데이터 표시 또는 숨기기 방법

- ▶ 웰 선택기에서 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - 하나의 웰을 숨기려면 개별 웰을 클릭하십시오. 해당 웰을 표시하려면 웰을 다시 클릭하십시오.
  - 여러 웰을 숨기려면 선택하려는 웰을 드래그하십시오. 이러한 웰을 표시하려면 웰을 다시 드래그하십시오.
  - 모든 웰을 숨기려면 플레이트 왼쪽 최상단을 클릭하십시오. 모든 웰을 표시하려면 왼쪽 최상단을 다시 클릭하십시오.
  - 이러한 웰을 숨기려면 열 또는 행의 시작 지점을 클릭하십시오. 웰을 표시하려면 열 또는 행을 다시 클릭하십시오.

## 웹 선택기의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목

표13에는 웹 선택기 보기에서 사용할 수 있는 마우스 오른쪽 버튼 클릭 옵션이 나열되어 있습니다.

**표13. 웹 선택기 보기의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목**

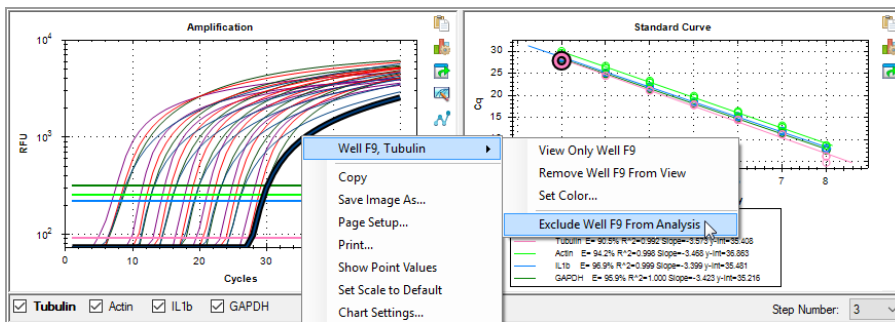
항목	기능
웹 XX	이 웹만 표시하고, 보기에서 이 웹을 삭제하며, 이 웹의 색상을 설정하고, 분석에서 이 웹을 제외합니다.
선택한 웹(오른쪽 마우스를 클릭하고 드래그)	이 웹만 표시하고, 보기에서 이 웹을 삭제하며, 이 웹의 색상을 설정하고, 분석에서 이 웹을 제외합니다.
Copy(복사)	검체 유형 및 옵션 복제물 번호를 포함하여 웹의 내용을 클립보드에 복사합니다.
Copy as Image(이미지로 복사)	웹 섹터 보기를 이미지로 복사합니다.
Print(인쇄)	웹 섹터 보기를 인쇄합니다.
Print Selection(인쇄 선택)	현재 선택을 인쇄합니다.
Export to Excel(Excel로 내보내기)	Excel 스프레드시트로 데이터를 내보냅니다.
Export to CSV(CSV로 내보내기)	데이터를 .csv 문서로 내보냅니다.
Export to Xml(Xml로 내보내기)	.xml 문서로 데이터를 내보냅니다.
웹 라벨	웹 라벨을 Sample Type(검체 유형), Target Name(표적명) 또는 Sample Name(검체명)으로 변경합니다.



## 분석에서 일시적으로 웰 제외

### 데이터 분석에서 일시적으로 웰을 제외하는 방법

1. 웰 선택기에서 웰을 형광성 추적 또는 표준 곡선에 도표로 표시된 포인트를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭합니다. 여러 웰을 제외하려면 여러 웰, 추적 또는 포인트를 오른쪽 마우스로 클릭하고 드래그해서 강조표시합니다.
2. 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴에서 해당 옵션을 선택합니다.
  - Well(웰) > Exclude Well(웰 제외)
  - Selected Wells(선택한 웰) > Exclude from Analysis(분석에서 제외)
  - Selected Traces(선택한 추적) > Exclude these wells from Analysis(분석에서 웰 제외)



또는 분석에서 웰을 영구적으로 제거하려면 Plate Editor(플레이트 편집기)에서 Clear Wells(웰 지우기) 버튼을 클릭하여 웰에서 내용을 지우십시오.

**중요:** 지운 웰 내용은 다시 입력해야 합니다.

### 제외한 웰을 포함하는 방법

- ▶ 웰 선택기에서 해당 웰을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭한 다음 Well(웰) > Include Well in Analysis(분석에 웰 포함)를 선택하십시오.

## 차트

Data Analysis(데이터 분석) 창의 각 차트는 각각 다른 그래프의 데이터를 표시하며 데이터나 차트 도표를 조정하고 내보내기 위한 옵션을 포함합니다.

### 차트 도구

표14에는 대부분의 차트에서 사용할 수 있는 마우스 오른쪽 버튼 클릭 옵션이 나열되어 있습니다.

표14. 대부분의 차트에 공통된 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목

항목	기능
Copy(복사)	차트를 클립보드에 복사합니다.
Save Image As...(이미지를 다른 이름으로 저장...)	차트를 이미지 파일로 저장합니다. 이미지의 해상도와 크기를 설정한 다음 파일 유형(PNG, GIF, JPG, TIF 또는 BMP)을 선택합니다.
Page Setup...(페이지 설정)	인쇄를 위한 페이지 설정을 선택합니다.
Print...(인쇄)	차트를 인쇄합니다.
Set Scale to Default(배율 기본값으로 설정)	막대 차트에 모든 데이터를 표시합니다. 차트 프레임에 표시할 데이터 포인트/검체가 너무 많을 경우 스크롤 막대가 표시됩니다.
Chart Settings(차트 설정)	Chart Settings(차트 설정) 대화 상자를 열어 다음을 포함한 차트 표시 옵션을 수정할 수 있습니다. <ul style="list-style-type: none"> <li>■ 차트와 축 제목</li> <li>■ 차트와 축 글꼴 및 크기</li> <li>■ 축 배율</li> <li>■ 범례 위치</li> </ul>

차트 도구가 Data Analysis(데이터 분석) 창의 각 차트에도 나타납니다. 모든 차트에는 다음 도구가 표시됩니다.

**Copy to Clipboard(클립보드에 복사)** — 차트 보기의 내용을 클립보드에 복사합니다.

**Chart Settings(차트 설정)** — Chart Settings(차트 설정) 대화 상자를 열어 차트 표시 옵션을 수정할 수 있습니다.

**Export(내보내기)** — Export Options(내보내기 옵션) 대화 상자를 열어, 그래프의 해상도와 크기를 수정하고 다음 파일 형식 중 하나로 지정된 위치에 저장할 수 있습니다.

- .bmp
- .jpg

■ .png

## 막대 차트 도구

차트 도구 외에도 막대 차트에는 다음 도구가 표시됩니다.

**Sort(정렬)** — 알파벳 순서나 알파벳 역순으로 표적과 검체를 정렬합니다.

**Color Settings(색상 설정)** — Color Settings(색상 설정) 대화 상자를 열고, 표적과 검체의 색상을 변경할 수 있습니다.

이러한 도구에 관한 자세한 내용은 [254페이지의 차트 보기 변경 및 주식 달기](#)를 참조하십시오.

## 증폭화 차트 도구

위에 나열된 도구 외에도 증폭화 차트에는 다음 도구가 표시됩니다.

**Trace Styles(추적 유형)** — Trace Styles(추적 유형) 대화 상자를 열고, 증폭화 차트의 추적 모양을 수정할 수 있습니다.

**Baseline Threshold(기준선 역치값)** — Baseline Threshold(기준선 역치값) 대화 상자를 열고, 선택한 웰의 기본값 기준선을 수정하거나 증폭화 차트 내 각 형광물질 곡선의 역치값을 변경할 수 있습니다.

## 차트 데이터를 클립보드에 복사

차트 보기의 내용을 복사하여 비트맵 이미지 파일을 사용하는 응용프로그램에 붙여넣을 수 있습니다.

### 차트 데이터를 클립보드에 복사하는 방법

1. 차트 도구에서 클립 보드로 복사 아이콘을 선택합니다.
2. 비트맵 이미지 파일을 사용하는 응용프로그램(예를 들어, Microsoft Word)을 엽니다.
3. 마우스 오른쪽 버튼을 클릭하고 Paste(붙여넣기)를 클릭하여 클립보드에서 응용프로그램으로 비트맵 이미지를 붙여넣습니다.

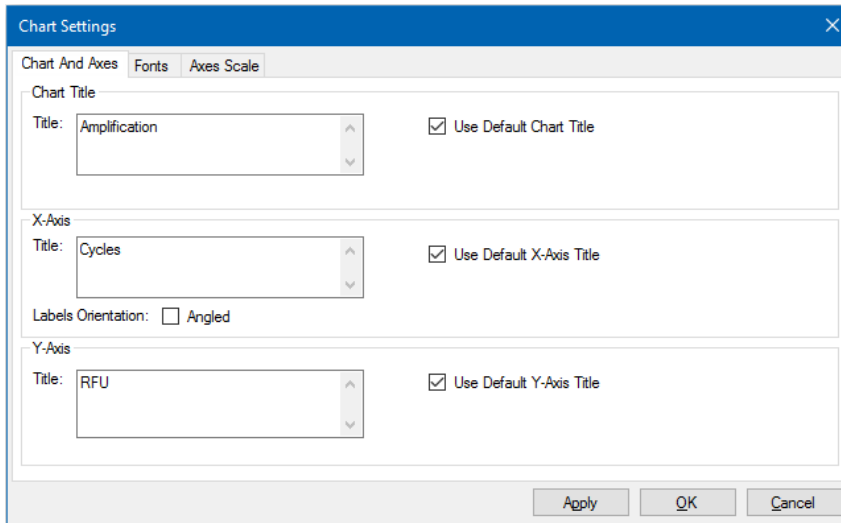
## 차트 표시 설정 변경

Chart Settings(차트 설정) 대화 상자를 사용하여 표시된 차트의 제목, 글꼴, 크기, 축 비율, 범례 위치를 변경하십시오. 변경 사항은 표시된 차트에만 적용되며 차트와 함께 저장됩니다.

### 차트 표시 설정 변경 방법

1. 차트 도구에서 Chart Settings(차트 설정)를 클릭합니다.

Chart Settings(차트 설정) 대화 상자가 나타납니다.



2. Chart And Axes(차트와 축) 탭을 선택하여 다음 작업을 수행합니다.

- 차트 제목 입력
- X축에 새로운 제목 입력 및 라벨 기울이기
- Y축에 새 제목 입력

3. Fonts(글꼴) 탭을 선택하여 차트 글꼴 및 글자 크기를 변경합니다.

**팁:** 기본적으로 글자 크기는 차트 크기 변경에 따라 자동 조정됩니다. Change Font Size(글자 크기 변경)를 선택하여 각 라벨 유형의 글자 크기를 설정하십시오.

4. Axes Scale(축 비율) 탭을 선택하여 다음 작업을 수행합니다.

- X축과 Y축 자동 조정을 해제하고 최소 및 최대 조정 값 지정
- 그래프에 격자선을 표시하거나 틱 마커를 표시하도록 선택

5. Legend(범례) 탭을 선택하여 다음 작업을 수행합니다.

- 차트 범례 숨기기
- 차트 범례 기본값 위치 변경

**참고:** 범례 위치가 차트의 왼쪽이나 오른쪽일 경우 차트의 처음 열 개 형광물질만 표시됩니다.

6. 변경 사항을 저장하지 않고 차트 설정 변경 사항을 확인하려면 언제든지 Apply(적용)를 클릭합니다.

7. 변경 사항을 저장하고 차트로 돌아가려면 OK(확인)를 클릭합니다.

## 차트 내보내기

이 대화 상자를 사용하여 다음 파일 형식 중 하나로 내보낼 그래프의 폭, 높이 및 해상도를 수정하십시오.

- .bmp
- .jpg
- .png

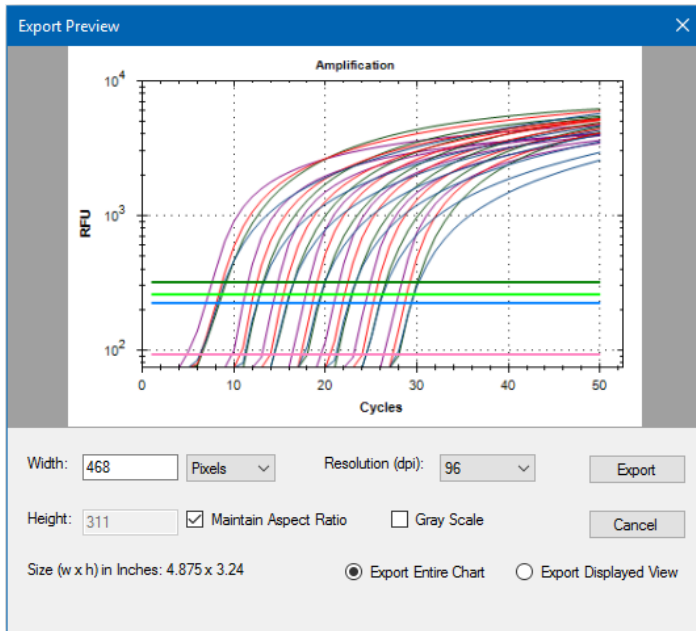
그런 다음 내보낸 그래프를 사용하여 포스터 세션, Microsoft PowerPoint 프리젠테이션 및 전문 저널의 결과를 표시할 수 있습니다.

**참고:** 설정을 수정할 경우 다음을 고려하십시오.

- 최대폭과 최소폭 및 높이 제한
  - 72dpi의 경우: 0.1~83인치
  - 96dpi의 경우: 0.1~62인치
  - 150dpi의 경우: 0.1~40인치
  - 300dpi의 경우: 0.1~20인치
  - 600dpi의 경우: 0.1~10인치
  - 모든 해상도: 2~6,000픽셀
- 중형비는 폭을 기준으로 합니다.

### 차트 내보내기 방법

1. 차트 도구에서 Export(내보내기)를 클릭합니다.  
Export Preview(내보내기 미리 보기) 대화 상자가 나타납니다.



2. 필요에 따라 디스플레이에 대한 설정을 수정합니다.
3. Export(내보내기)를 클릭합니다.
4. Export(내보내기) 대화 상자에서 다음 작업을 실행합니다.
  - a. (선택 사항) 차트 파일을 저장할 폴더로 이동하십시오.
  - b. 파일 이름을 입력하고 드롭다운 목록에서 파일 형식을 선택하십시오.
5. Save(저장)를 클릭하여 차트 파일을 저장합니다.

### 기준선 역치값 설정 수정

Single Threshold(단일 역치값) 모드에서는 Amplification(증폭화) 차트의 역치값 선을 클릭하고 마우스 포인터를 수직으로 움직여 형광물질 역치값을 조정할 수 있습니다. 또는 선택된 형광물질의 정확한 교차 역치값을 지정할 수 있습니다.

**팁:** User(사용자) > User Preferences(사용자 기본 설정)에서는 Data Analysis(데이터 분석) 탭의 모든 데이터 파일에 대한 기준선을 결정하기 위한 사이클 범위를 지정할 수 있습니다.

### 각 웰의 시작 및 종료 기준선 사이클 조정 방법

1. Quantification(정량) 탭에서 Amplification(증폭화) 차트의 단일 형광물질을 선택합니다.
2. 차트 도구에서 Baseline Threshold(기준선 역치값)를 선택합니다.  
Baseline Threshold(기준선 역치값) 대화 상자가 나타납니다.

3. **Baseline Cycles**(기준선 사이클) 섹션에서 다음 작업 중 하나를 수행합니다.
  - 한 개의 웰을 선택하려면 해당 행 번호를 클릭하십시오.
  - 여러 개의 인접 웰을 선택하려면 첫 번째 웰의 행 번호를 클릭하고 마지막 웰까지 열을 드래그하십시오.
  - 여러 개의 비인접 웰을 선택하려면 **Control** 키를 누른 상태에서 각 표적 웰의 행 번호를 클릭하십시오.
  - 모든 웰을 선택하려면 표의 왼쪽 상단을 클릭하십시오.
4. 선택된 모든 웰의 **Baseline Begin**(기준선 시작) 사이클과 **Baseline End**(기준선 종료) 사이클을 조정하거나 스프레드시트 하단의 **Begin**(시작) 및 **End**(종료) 사이클 번호를 변경합니다.
 

**팁:** 설정을 마지막으로 저장한 값으로 되돌리려면 **Reset All User Defined Values**(모든 사용자 정의 값 재설정)를 클릭하십시오.
5. 변경 사항을 저장하고 차트로 돌아가려면 **OK**(확인)를 클릭합니다.

#### 모든 데이터 파일의 사이클 범위 지정 방법

- ▶ **Home**(홈) 또는 **Plate Editor**(플레이트 편집기) 창에서 **User**(사용자) > **User Preferences**(사용자 기본 설정)를 선택하고 **Data Analysis**(데이터 분석) 탭을 선택하십시오.

#### 표적, 검체, 생물학적 집단 데이터 정렬

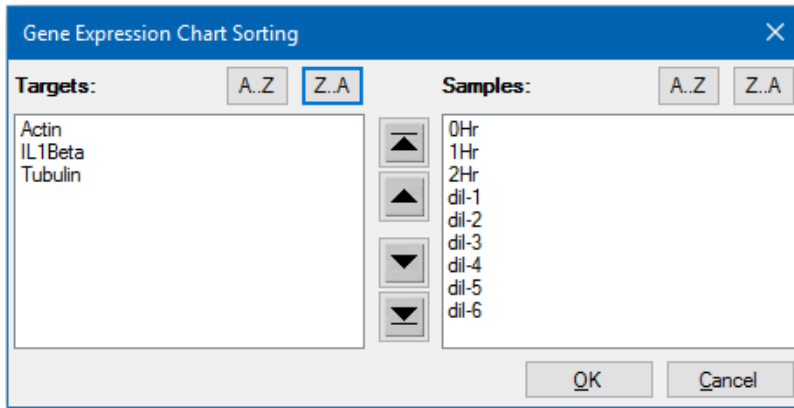
**참고:** 이 옵션은 유전자 발현 차트에서만 사용할 수 있습니다.

기본적으로 표적, 검체, 생물학적 집단 목록은 알파벳 순서로 표시됩니다. 알파벳 역순으로 표시하거나 목록의 다른 위치로 항목을 수동으로 옮기려면 **Sort**(정렬) 대화 상자를 사용하십시오.

#### 표적, 검체, 생물학적 집단 데이터 정렬 방법

1. 차트 도구에서 **Export**(내보내기)를 클릭합니다.
 

**Gene Expression Chart Sorting**(유전자 발현 차트 정렬) 대화 상자가 표시됩니다.



2. 대화 상자에서 Z-A를 클릭하여 알파벳 역순으로 목록을 정렬합니다.
3. 항목을 수동으로 옮기려면 항목을 선택하고 차트에서 해당하는 버튼을 클릭합니다.
  - 위 또는 아래 화살표를 클릭하여 선택한 항목을 한 칸씩 옮기십시오.
  - 위 또는 아래 화살표를 사용하여 선택한 항목을 목록의 위 또는 아래로 옮기십시오.
4. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Gene Expression(유전자 발현) 탭으로 돌아갑니다.



## 표적 및 검체 색상 설정 변경

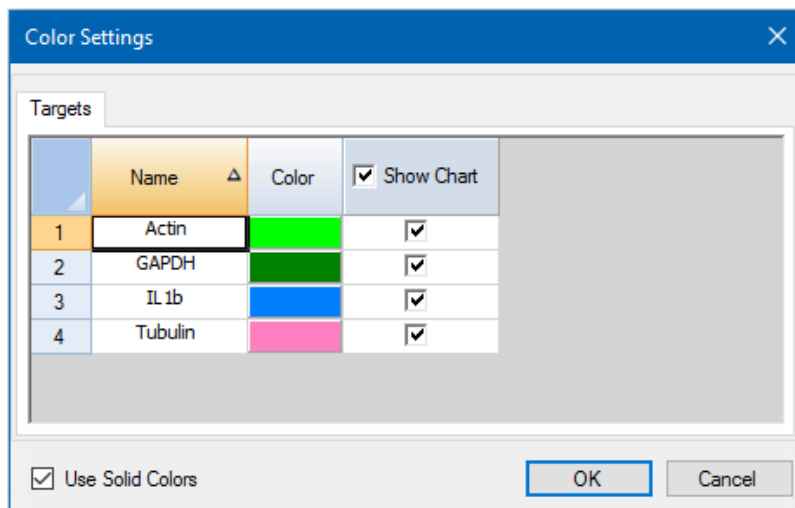
**참고:** 이 옵션은 유전자 발현 차트에서만 사용할 수 있습니다.

표적 또는 검체의 색상을 변경하거나 그래프에서 항목을 삭제하려면 Color Settings(색상 설정)를 사용하십시오.

### 색상 설명 변경 방법

1. 차트 도구에서 Color Settings(색상 설정)를 선택합니다.

Color Settings(색상 설정) 대화 상자가 표시됩니다.



2. 표적 또는 검체의 표시 색상을 변경하려면 Color(색상) 열에서 해당 색상을 클릭합니다.
3. Color(색상) 대화 상자가 표시되면 새로운 색상을 선택하고 OK(확인)를 클릭합니다.
4. 유전자 발현 그래프에서 항목을 삭제하려면 Show Chart(차트 표시) 열에서 해당 확인란을 선택 해제합니다.

**팁:** 유전자 발현 그래프에서 모든 항목을 삭제하려면 열 머리글에서 Show Chart(차트 표시) 확인란의 선택을 해제하십시오.

5. (선택 사항) 기본적으로 막대 차트 색상은 구배 형식으로 표시됩니다. 색상을 단색으로 표시하려면 Use Solid Colors(단색 사용)를 선택합니다.
6. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Gene Expression(유전자 발현) 탭으로 돌아갑니다.

## 차트에서 영역 확대

### 차트의 영역 확대 방법

- ▶ 차트 전체를 클릭하여 드래그한 다음 Zoom(줌)을 클릭하십시오\*. 소프트웨어에서 차트 크기를 조정하고 차트가 선택된 영역의 중앙에 오도록 조정합니다.

**참고:** \*막대 차트에서는 Zoom(줌) 팝업 명령을 클릭할 필요가 없습니다.

### 차트를 전체 보기로 재설정하는 방법

- ▶ 차트를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Set Scale to Default(배율 기본값으로 설정)를 선택하십시오.

## 차트를 Microsoft 파일에 복사

데이터 차트를 Microsoft Word, Excel 또는 PowerPoint 문서로 복사할 수 있습니다. 이미지 해상도는 이미지를 얻은 화면의 해상도와 일치합니다.

### 차트를 Microsoft 파일에 복사하는 방법

1. Data Analysis(데이터 분석) 창에서 차트 창의 오른쪽 상단에 있는 Copy To Clipboard(클립보드에 복사)를 클릭합니다.
2. 빈 Microsoft 파일을 열고 클립보드의 내용을 붙여넣습니다.

## 차트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 항목

표 15에는 차트에서 사용할 수 있는 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴가 나와 있습니다. 데이터 표시 방법을 변경하거나 차트에서 데이터를 쉽게 내보내는 항목을 포함하여 모든 차트에 일부 항목이 있습니다.

**표 15. 차트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목**

항목	기능
Copy(복사)	차트를 대시보드로 복사합니다.
Save Image As (이미지를 다른 이름으로 저장)	PNG(기본값), JPG 및 BMP를 포함하여 지정된 크기, 해상도 및 파일 형식으로 이미지를 저장합니다.
Page Setup(페이지 설정)	인쇄 설정 옵션을 표시합니다.
Print(인쇄)	차트를 인쇄합니다.

항목	기능
Set Scale to Default(배율 기본값으로 설정)	차트를 확대한 후 기본값 보기로 되돌립니다.
Chart Options(차트 옵션)	제목, X축 및 Y축 범위 선택, 격자선 표시, 축 보조 눈금 표시 등 차트를 변경할 수 있는 Chart Options(차트 옵션) 창을 엽니다.

**참고:** 특정 차트에 적용되는 메뉴 항목은 [11장, 데이터 분석 세부 사항](#)에 설명되어 있습니다.

## 스프레드시트

Data Analysis(데이터 분석)에 나와 있는 스프레드시트에는 데이터를 정렬하고 전송하기 위한 옵션이 포함되어 있습니다. 아래 방법 중 하나를 사용하여 열을 정렬합니다.

- 선택한 표에서 열을 클릭하고 새 위치로 드래그합니다.
- 열 헤더를 클릭하여 올림차순이나 내림차순으로 데이터를 정렬합니다.

### 정렬 창에서 데이터 열을 최대 세 개까지 정렬하는 방법

1. 스프레드시트를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Sort(정렬)를 클릭합니다.
2. Sort(정렬) 대화 상자에서 정렬할 첫 번째 열 제목을 선택합니다. 올림차순이나 내림차순으로 데이터를 정렬합니다.
3. 정렬할 두 번째나 세 번째 열을 선택하고 올림차순이나 내림차순을 선택합니다.
4. OK(확인)를 클릭하여 데이터를 정렬하거나 Cancel(취소)를 클릭하여 정렬을 중지합니다.

**팁:** 셀 위로 마우스 포인터를 두어 연결된 차트 및 웹 선택기에 있는 데이터에 강조 표시를 하십시오. 셀을 클릭하여 그 내용을 다른 소프트웨어 프로그램에 복사하고 붙여넣으십시오.

## 스프레드시트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 항목

표 16에는 스프레드시트 보기에서 사용할 수 있는 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목이 나와 있습니다.

표 16. 스프레드시트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목

항목	기능
Copy(복사)	선택된 웹의 내용을 클립보드에 복사한 다음 내용을 Excel과 같은 스프레드시트에 붙여넣습니다.
Copy as Image(이미지로 복사)	스프레드시트 보기를 이미지 파일로 복사하고 이를 텍스트, 이미지 또는 스프레드시트 파일과 같이 이미지 파일을 받아들이는 파일로 붙여넣습니다.
Print(인쇄)	현재 보기를 인쇄합니다.
Print Selection(인쇄 선택)	현재 선택을 인쇄합니다.
Export to Excel(Excel로 내보내기)	Excel 스프레드시트로 데이터를 내보냅니다.
Export to Text(텍스트로 내보내기)	텍스트 편집기로 데이터를 내보냅니다.

표16. 스프레드시트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목, 계속

항목	기능
Export to CSV(CSV로 내보내기)	데이터를 .csv 파일로 내보냅니다.
Export to Xml(Xml로 내보내기)	데이터를 .xml 파일로 내보냅니다.
Export to Html(Html로 내보내기)	데이터를 .html 파일로 내보냅니다.
Find(찾기)	텍스트를 검색합니다.
Sort(정렬)	최대 세 개까지 데이터를 정렬합니다.
Select Columns(열 선택)	스프레드시트에 표시할 열을 선택합니다.

## 내보내기

CFX Maestro Dx SE는 Export(내보내기) 드롭다운 메뉴에 여러 개의 내보내기 옵션을 제공합니다.

- Export All Data Sheets(모든 데이터 시트 내보내기)
- Export RDML Files(RDML 파일 내보내기)
- Custom Export(사용자 지정 내보내기)
- Export to LIMS Folder(LIMS 폴더로 내보내기)
- Manual Export(수동 내보내기)

### 모든 데이터 시트 내보내기

CFX Maestro Dx SE의 모든 탭에서 모든 스프레드시트 보기를 개별 파일로 내보낼 수 있습니다.

#### 모든 데이터 시트를 내보내는 방법

- ▶ Export(내보내기) > Export All Data Sheets to Excel(Excel로 모든 데이터 시트 내보내기)를 선택한 다음 원하는 파일 형식을 선택하십시오.

- CSV(.csv)
- 텍스트(.txt)
- Excel 통합 문서(\*.xlsx)

내보낸 분석은 파일당 하나의 분석 데이터 워크시트 탭이 있는 여러 Excel 통합 문서 파일에 저장됩니다. 분석에 여러 형광물질이 포함된 경우 각 형광물질의 데이터가 별도의 워크시트 탭으로 내보내집니다.

- Excel 통합 문서 - 결합(\*.xlsx)

내보낸 분석은 각 분석 데이터 세트에 대해 하나씩 여러 워크시트 탭이 포함된 단일 Excel 통합 문서 파일에 저장됩니다.

- Excel 97 - 2003(\*.xls)

**중요:** 데이터를 Microsoft Excel 스프레드시트로 내보내려면 컴퓨터에 Microsoft Excel이 설치되어 있어야 합니다.

- Xml(\*.xml)

## RDML 파일 내보내기

RDML은 정량적 PCR(qPCR) 데이터를 교환하기 위한 구조화되고 보편적인 데이터 표준입니다. 데이터 표준은 Extensible Markup Language(.xml) 형식의 텍스트 파일입니다. RDML 데이터 교환 형식에 대한 자세한 내용은 International RDML Consortium 웹사이트([www.rdml.org](http://www.rdml.org))를 참조하십시오.

**중요:** 내보낸 RDML 파일에는 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 적용한 기준 설정이 있는 분석 데이터가 포함됩니다. 기준 설정에 대한 자세한 내용은 [190페이지의 기준선 설정](#)을 참조하십시오.

**참고:** 버전 2.3 이상의 qbase+ 소프트웨어를 사용하고 있는 경우 버전 1.1로 RDML 파일을 저장하십시오.

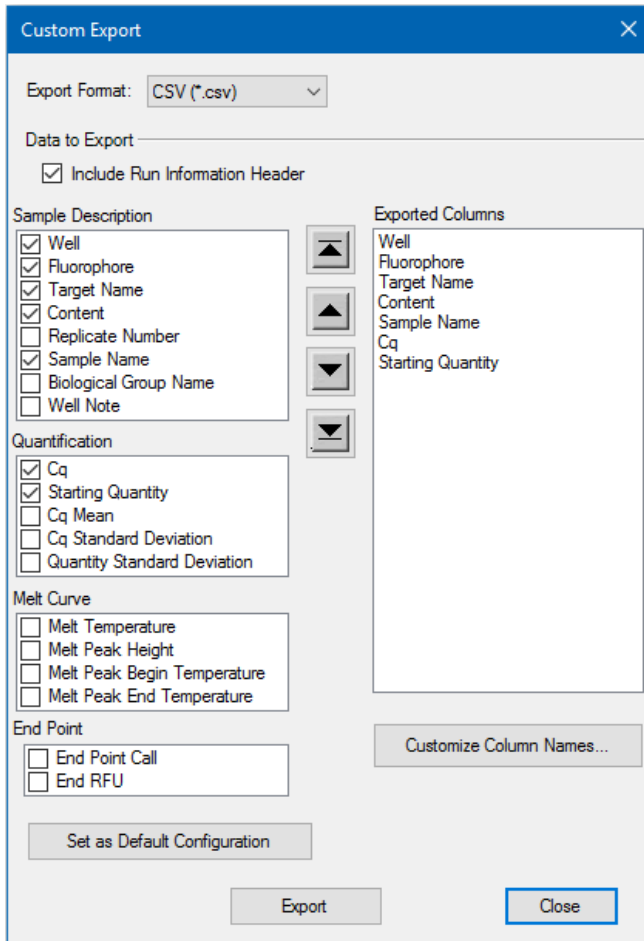
### RDML 파일을 내보내는 방법

1. Export(내보내기) > Export RDML Files(RDML 파일 내보내기)를 선택하고 나타나는 목록에서 RDML v1.1 또는 RDML v1.0을 선택합니다.  
Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자가 표시됩니다.
2. Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자에서 파일의 이름과 RDML 파일을 저장할 위치를 지정합니다.
3. OK(확인)를 클릭하여 내보내기 파일을 저장합니다.

## 사용자 지정 내보내기 파일 만들기

### 사용자 지정 내보내기 파일 생성 방법

1. Export(내보내기) > Custom Export(사용자 지정 내보내기)를 선택합니다. Custom Export(사용자 지정 내보내기) 대화 상자가 표시됩니다.



2. 표시되는 드롭 목록에서 내보내기 형식을 선택합니다.
3. 내보낼 항목의 확인란을 선택합니다.
4. (선택 사항) 열 이름을 변경하려면 Customize Column Names(열 이름 사용자 지정)를 클릭합니다.
5. Export(내보내기)를 클릭합니다. Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자가 표시됩니다.
6. Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자에서 내보내기된 파일의 이름과 저장할 위치를 지정합니다.
7. OK(확인)를 클릭하여 내보내기 파일을 저장합니다.



## LIMS 폴더로 내보내기

데이터를 LIMS 호환 파일 형식으로 내보낼 수 있습니다. LIMS 파일 생성, 관리, 사용에 대한 자세한 내용은 [부록 C, LIMS 통합](#)을 참조하십시오.

### LIMS 형식으로 데이터를 내보내는 방법

1. Export(내보내기) > Export to LIMS Folder(LIMS 폴더로 내보내기)를 선택합니다.  
Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자가 표시됩니다.
2. Save As(다른 이름으로 저장) 대화 상자에서 내보내기된 파일의 이름과 저장할 위치를 지정합니다.
3. OK(확인)를 클릭하여 내보내기 파일을 저장합니다.

## Seegene 형식 데이터 내보내기

모든 스프레드시트 보기의 데이터를 Seegene, Inc.에서 사용할 수 있도록 구성된 Excel 파일로 내보낼 수 있습니다.

**팁:** 내보내기가 완료되면 Seegene Viewer를 자동으로 시작할 수도 있습니다. 자세한 내용은 [65페이지의 툴 메뉴 명령](#)을 참조하십시오.

### Seegene 특정 형식의 데이터를 내보내는 방법

1. Export(내보내기) > Manual Export(수동 내보내기)를 선택합니다.  
Browse For Folder(폴더 찾아보기) 대화 상자가 표시됩니다.
2. Browse For Folder(폴더 찾아보기) 대화 상자에서 내보내기된 Seegene 형식 Excel(.xlsx) 파일을 저장할 폴더 위치를 지정합니다.  
  
분석 결과는 파일당 하나의 분석 데이터 워크시트 탭이 있는 여러 Excel 통합 문서 파일로 내보내집니다.
3. OK(확인)를 클릭하여 내보내기 파일을 저장합니다.

## 10장 데이터 분석 개요

## 11장 데이터 분석 세부 사항

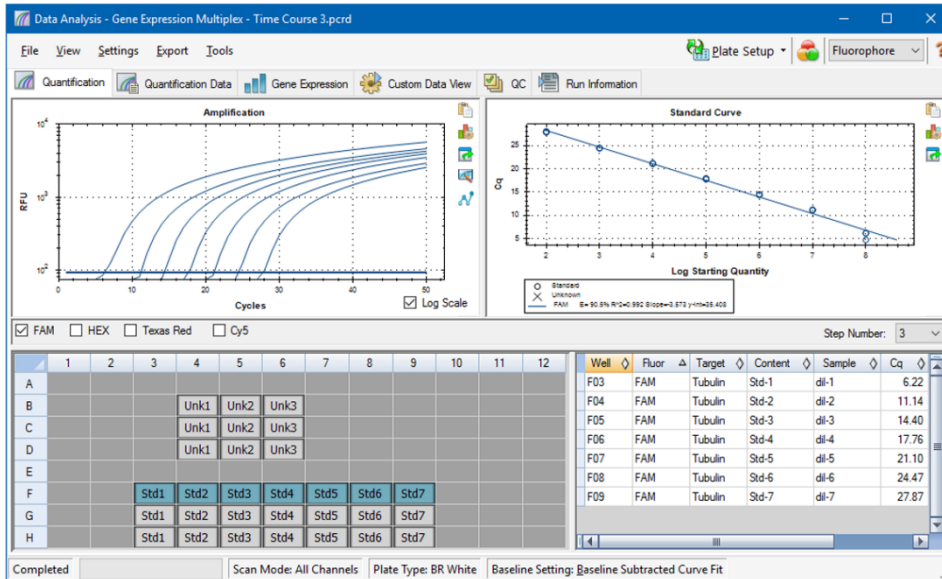
CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 데이터 분석 창은 데이터를 볼 수 있는 여러 탭으로 구성됩니다. 이 장에서는 이러한 탭을 자세히 설명합니다.

**팁:** View(보기) 메뉴를 사용하여 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 볼 탭을 선택할 수 있습니다. 사용자 지정 레이아웃은 데이터 파일과 함께 저장됩니다.

## 정량 탭

Quantification(정량) 탭의 데이터를 사용하여 데이터 분석 조건(개별 웰에 대한 기준선 설정 및 역치값 설정 포함)을 설정하십시오. Quantification(정량) 탭은 다음 4가지 보기로 데이터를 표시합니다.

- 증폭 차트 — 모든 사이클에서 각 웰에 대한 상대 형광 단위(RFU)를 표시합니다. 차트에 있는 각 추적은 하나의 웰에 있는 단일 형광물질 데이터를 나타냅니다.
- 표준 곡선 — 실행에 검체 유형 표준(Std)으로 지정된 웰이 포함된 경우에만 나타납니다. 표준 곡선은 시작 수량 로그에 대해 도표로 작성된 역치값 사이클을 표시합니다. 범례는 Standard(표준) 검체 유형으로 웰의 각 형광물질에 대한 Reaction Efficiency(반응 효율)(E)를 표시합니다.
- 웰 선택기 — 표시할 형광물질 데이터가 있는 웰을 선택합니다.
- 스프레드시트 — 선택된 웰에서 수집된 데이터의 스프레드시트를 표시합니다.



## 형광물질 옵션

Quantification(정량) 탭의 차트와 스프레드시트에 형광 데이터를 표시하려면 Amplification(증폭) 차트 아래에서 표적 형광물질을 선택하십시오. 데이터 분석 창에서 형광물질 데이터를 숨기려면 해당 확인란의 선택을 해제하십시오.

## 추적 유형 대화 상자

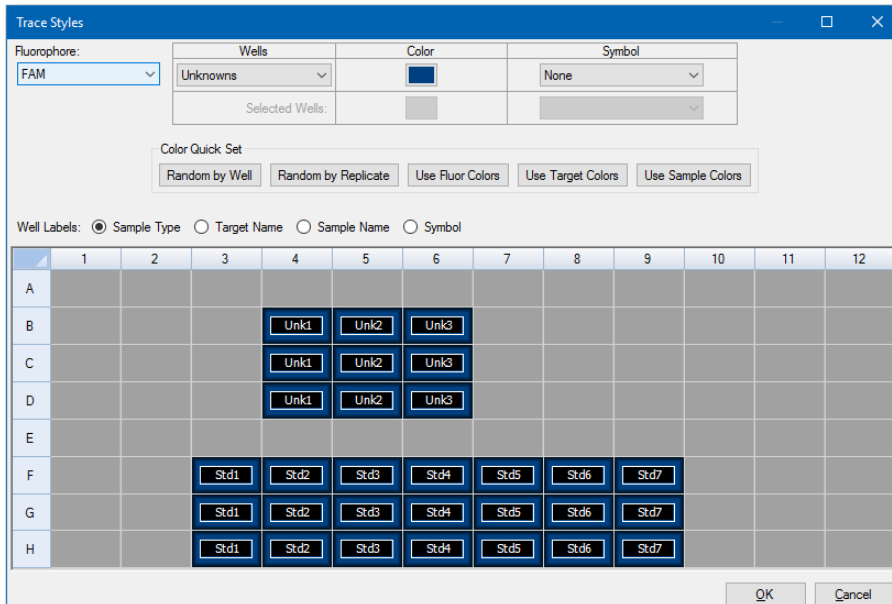
Trace Styles(추적 유형) 대화 상자를 사용하여 Quantification(정량) 및 Melt Curve(용해 곡선) 탭에 있는 정량 및 용해 곡선 차트에서 추적 모양을 조정할 수 있습니다. 그런 다음 웰 선택기에서 Trace Styles(추적 유

형) 대화 상자에 나타나는 변경 사항을 미리보기할 수 있습니다.

### 추적 유형 조정 방법

1. Amplification(증폭) 차트 아래에서 하나의 형광물질만 선택합니다.
2. Trace Styles(추적 유형) 대화 상자를 열려면 다음 중 하나를 수행합니다.
  - Amplification(증폭) 차트에서 Trace Styles(추적 유형)를 클릭하십시오.
  - Data Analysis(데이터 분석) 메뉴 모음에서 Settings(설정) > Trace Styles(추적 유형)을 선택하십시오.
  - 추적을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Trace Styles(추적 유형)을 선택하십시오.

Trace Styles(추적 유형) 대화 상자가 나타납니다.

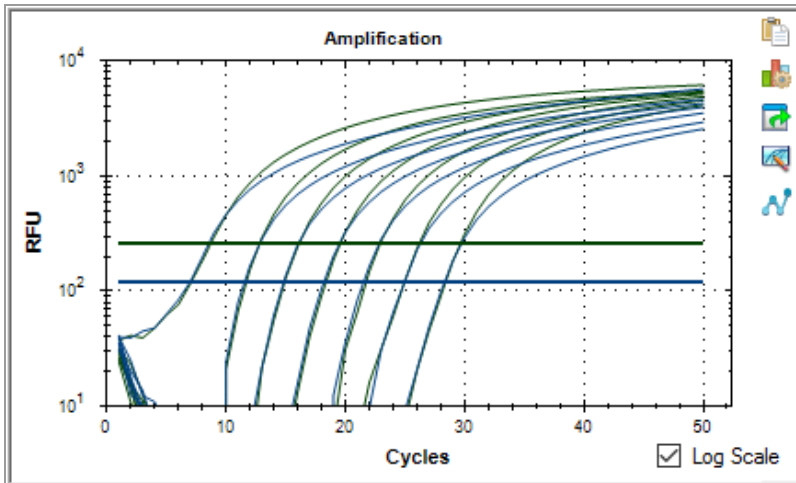


3. Trace Styles(추적 유형) 대화 상자에서 Wells(웰) 창에 있는 웰 선택기의 특정 웰 세트를 선택합니다. 아니면, Wells(웰) 열의 드롭다운 메뉴에 하나의 검체 유형을 포함하는 웰을 선택합니다.
4. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 선택된 웰에 대한 색상을 선택하려면 Color(색상) 열의 상자를 클릭하십시오.
  - 기호를 선택된 웰에 할당하려면 Symbol(기호) 드롭다운 목록에서 기호를 선택하십시오.
  - 버튼 라벨로 웰 색상을 빠르게 지정하려면 적절한 빠른 설정을 클릭하십시오.
    - Random by Well(웰별 무작위배정)

- Random by Replicate(복제 별 무작위배정)
- Use Fluor Colors(단색 사용)
- Use Target Colors(표적 색상 사용)
- Use Sample Colors(검체 색상 사용)
- 웰 라벨을 할당하려면 Sample Type(검체 유형), Target Name(표적명), Sample Name(검체명) 또는 Symbol(기호)를 선택하십시오.

## 로그 배율 옵션

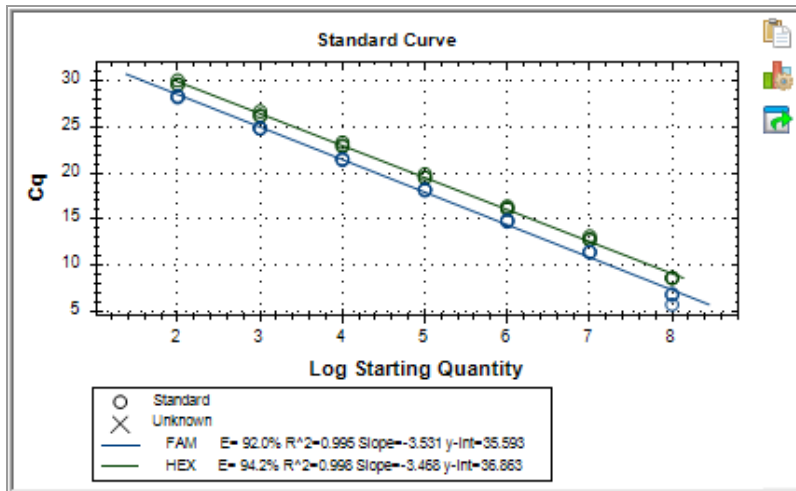
반대수 배율에서 형광 추적을 보려면 Amplification(증폭) 차트 아래의 Log Scale(로그 배율)을 선택하십시오.



**팁:** 차트 영역을 확대하려면 표적 영역 전체를 드래그하십시오. 전체 보기로 돌아가려면 차트를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Set Scale to Default(배율 기본값으로 설정)를 선택하십시오.

## 표준 곡선 차트

데이터에 실행 중에 형광물질 한 개 이상에 대해 표준 편차로 정의된 검체 유형이 포함될 경우 소프트웨어는 Quantification(정량) 탭에 Standard Curve(표준 곡선) 차트를 생성합니다.



표준 곡선 차트에는 다음 정보가 표시됩니다.

- 각 곡선의 이름(형광물질 또는 표적)
- 각 형광물질 또는 표적의 색상
- 반응 효율(E). 멀티플렉스 반응을 최적화하고 표준 곡선에 대한 데이터를 균등하게 하려면 이 통계를 사용하십시오.

**참고:** 반응 효율은 프로토콜의 각 사이클로 표적이 생성되는 양을 나타냅니다. 100% 효율은 각 사이클로 표적이 배가됨을 나타냅니다.

- 결정 계수, R<sup>2</sup>(R<sup>2</sup>) 선이 데이터를 얼마나 정확히 설명하는지 판단할 때 이 통계를 사용하십시오(적합도).
- 기울기
- y-절편

## 증폭화 차트 메뉴 옵션

차트의 공통 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션과 함께(204페이지의 차트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 항목 참조) 표17에는 증폭화 차트에서만 사용할 수 있는 메뉴 옵션이 있습니다.

표17. 증폭화 차트 마우스 오른쪽 및 왼쪽 버튼 클릭 메뉴 항목

메뉴 옵션	기능
Well XX, Fluor Target(웰 XX, 형광물질 표적)	이 웰만 표시, 보기에서 이 웰 삭제, 이 추적의 색상 설정, 분석에서 이 웰 제외
Selected Traces(선택한 추적)	이 웰들만 표시, 보기에서 이 웰들 삭제, 이 추적들에 색상 설정, 분석에서 이 웰들 제외
Show Threshold Values(역치값 표시)	차트에 각 증폭 곡선의 역치값 표시
Trace Styles(추적 유형)	Trace Styles(추적 유형) 창을 열어 Quantification(정량) 및 Melt Curve(용해 곡선) 탭에 표시되는 추적 유형 변경
Baseline Thresholds(기준선 역치값)	Baseline Thresholds(기준선 역치값) 창을 열어 각 형광물질의 기준선 또는 역치값을 변경(Quantification(정량) 탭의 Amplification(증폭) 차트에 변경 사항 표시)

## 정량 탭 스프레드시트

표18에는 Quantification(정량) 탭의 스프레드시트에 표시된 데이터가 정의되어 있습니다.

표18. 정량 탭 스프레드시트 내용

정보	설명
웰	플레이트 내 웰 위치
Fluor(형광물질)	검출된 형광물질
Target(표적)	Plate Editor(플레이트 편집기) 웰에 로드된 표적 이름
Content(컨텐츠)	Plate Editor(플레이트 편집기)에 로드된 검체 유형(필수) 및 복제수(선택 사항) 조합
Sample(검체)	Plate Editor(플레이트 편집기) 웰에 로드된 검체명
C <sub>q</sub>	각 추적의 정량 사이클



### 표적, 내용 또는 검체 데이터 변경

실험을 실행한 후에도 Plate Editor(플레이트 편집기)를 사용해 플레이트 파일을 편집하여 표적, 내용 및 검체 열의 데이터를 변경할 수 있습니다.

#### 내용, 표적 및 검체 열의 데이터 변경 방법

- ▶ Plate Setup(플레이트 설정)을 클릭하고 View/Edit Plate(플레이트 보기/편집)을 선택하여 Plate Editor(플레이트 편집기)를 여십시오.

## 정량 데이터 탭

Quantification Data(정량 데이터) 탭에는 각 웰에서 수집된 정량 데이터가 표시됩니다. CFX Maestro Dx SE에서는 다음 4가지 스프레드시트 보기에 데이터를 표시합니다.

- Results(결과) — 데이터 스프레드시트를 표시합니다. 기본 보기 방식입니다.
- Standard Curve Results(표준 곡선 결과) — 표준 곡선 데이터 스프레드시트를 표시합니다.
- Plate(플레이트) — 플레이트 지도로 각 웰의 데이터를 표시합니다.
- RFU — 각 사이클에 대해 각 웰의 RFU 정량을 표시합니다.

Quantification Data(정량 데이터) 탭 아래에 표시되는 드롭다운 목록에서 각 스프레드시트를 선택하십시오.

## 결과 스프레드시트

결과 스프레드시트에는 플레이트 내 각 웰의 데이터가 표시됩니다.

Well	Fluor	Target	Content	Sample	Cq	Cq Mean	Cq Std. Dev	Starting Quantity (SQ)	Log Starting Quantity
B04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.14	17.13	0.003	1.911E+05	5.281
B05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.07	17.09	0.024	1.993E+05	5.300
B06	Cy5	GAPDH	Unkn-3	8Hr	17.08	17.08	0.035	1.980E+05	5.297
C04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.13	17.13	0.003	1.917E+05	5.283
C05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.12	17.09	0.024	1.937E+05	5.287
C06	Cy5	GAPDH	Unkn-3	8Hr	17.12	17.08	0.035	1.930E+05	5.285
D04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.14	17.13	0.003	1.908E+05	5.281
D05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.08	17.09	0.024	1.988E+05	5.298

**참고:** 모든 표준 편차 계산은 Plate Editor(플레이트 편집기) 창의 웰에 할당된 복제 그룹에 적용됩니다. 복제 그룹 내 각 웰의 Cq 값 평균이 계산됩니다.

표 19에는 결과 스프레드시트에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

**표 19. 결과 스프레드시트 내용**

정보	설명
웰	플레이트 내 웰 위치
Fluor(형광물질)	검출된 형광물질

표19. 결과 스프레드시트 내용, 계속

정보	설명
Target(표적)	증폭 표적 이름(유전자)
Content(컨텐츠)	검체 유형 및 복제수
Sample(검체)	검체 설명
Biological Set Name(생물학적 세트 이름)	생물학적 세트의 이름
$C_q$	정량 사이클
$C_q$ Mean( $C_q$ 평균)	복제 그룹 정량 사이클의 평균
$C_q$ Std. 표준	복제 그룹 정량 사이클의 표준 편차
Starting Quantity (SQ)(시작 수량)	표적의 시작 수량 추정치
Log Starting Quantity(로그 시작 수량)	시작 수량 로그
SQ Mean(SQ 평균)	시작 수량 평균
SQ Std. Dev(SQ 표준 편차)	복제 전체 시작 수량의 표준 편차

## 표준 곡선 결과 스프레드시트

표준 곡선 결과 스프레드시트는 계산된 표준 곡선 파라미터를 표시합니다.

Fluor	Efficiency %	Slope	Y-Intercept	R <sup>2</sup>
Cy5	95.93	-3.423	35.216	1.000
FAM	91.97	-3.531	35.593	0.995
HEX	94.24	-3.468	36.863	0.998
Texas Red	96.86	-3.399	35.481	0.999

표20에는 표준 곡선 결과 스프레드시트에 나타나는 데이터가 정의되어 있습니다.

표20. 표준 곡선 결과 스프레드시트 내용

정보	설명
형광물질(또는 표적)	검출된 형광물질(또는 표적)
효율 %	반응 효율
기울기	표준 곡선 기울기
Y-절편	곡선이 y축을 자르는 점
R <sup>2</sup>	측정 계수

## 플레이트 스프레드시트

플레이트 스프레드시트는 한 번에 하나의 형광물질에 대한 데이터의 플레이트 지도를 표시합니다.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
A	Content								
	Sample								
	Cq								
	copy number								
B	Content				Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3		
	Sample				6Hr	7Hr	8Hr		
	Cq				27.36	22.11	19.07		
	copy number				2.14e+02	6.60e+03	4.78e+04		
C	Content				Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3		
	Sample				6Hr	7Hr	8Hr		
	Cq				30.38	22.11	19.24		
	copy number				3.00e+01	6.58e+03	4.27e+04		

### 특정 형광물질에 대한 데이터를 보는 방법

- ▶ 스프레드시트의 맨 아래에 있는 탭을 클릭하십시오.

## RFU 스프레드시트

RFU 스프레드시트에는 실행의 각 사이클에 획득한 각 웰의 상대 형광 단위(RFU) 판독값이 표시됩니다. 웰 번호는 각 열의 상단에 표시되며 사이클 번호는 각 행의 왼쪽에 표시됩니다.

Cycle	B4	B5	B6	C4	C5	C6	D4	D5	D6	F3	F4	F5
1	45.6	11.6	15.0	5.48	7.14	23.6	1.35	-17.5	192	39.9	30.6	35.5
2	29.9	5.01	5.65	0.0416	-0.989	12.4	-0.689	-17.2	157	39.4	20.4	15.2
3	15.0	0.773	6.65	-2.41	-0.154	9.63	-3.27	-6.84	133	44.9	13.8	8.62
4	6.29	3.24	5.62	-0.119	-1.37	7.70	2.58	-3.87	112	47.9	6.28	4.95
5	5.02	2.66	3.65	1.75	3.86	4.31	-3.29	0.0588	92.1	63.4	1.48	3.60
6	-2.71	2.83	0.862	3.84	3.17	7.76	2.50	8.79	65.9	84.3	-4.18	1.53
7	-9.01	-0.350	1.51	-0.970	4.06	3.31	-0.340	5.18	45.7	121	-8.35	-4.28

## 용해 곡선 탭

DNA 결합 형광 및 절단 불가 혼성화 프로브의 경우에는 DNA의 두 가닥이 어닐링할 때 형광물질이 가장 밝습니다. 따라서 온도가 용해 온도( $T_m$ )를 향해 증가할수록 형광물질은 일정 속도로 감소합니다(일정 기울기).  $T_m$ 에서는 형광물질이 급격히 감소하며 눈에 띄는 기울기 변화가 나타납니다. 이러한 변화의 속도는 형광물질 대 온도( $-d(RFU)/dT$ )의 음성 일차 회귀를 도표화하여 측정합니다. 형광물질의 변화 속도가 가장 빠른 수준에서는 확연한 피크와 이중 가닥 DNA 복합체의  $T_m$ 이 나타납니다.

CFX Maestro Dx SE에서는 용해 곡선 중 수집된 RFU 데이터를 온도 함수로 도표화합니다. 이 소프트웨어는 용해 피크 데이터를 분석하기 위해 역치값 바를 이동하여 각 피크에 시작 온도와 종료 온도를 할당합니다. 피크 면적은 용해 역치값 바의 위치로 결정됩니다. 유효한 피크는 역치값 바와 최고 피크 높이 사이의 거리를 기준으로 할 때 가장 높이가 낮아야 합니다.

Melt Curve(용해 곡선) 탭은 증폭된 PCR 결과의  $T_m$ (용해 온도)을 4가지 보기로 표시합니다.

- Melt Curve(용해 곡선) — 각 형광물질의 실시간 데이터를 각 웰의 온도에 따라 RFU로 표시합니다.
- Melt Peak(용해 피크) — 각 웰의 온도별로 RFU 데이터의 음성 회귀를 표시합니다.
- 웰 선택기 — 데이터를 표시하거나 숨길 웰을 표시합니다.
- 피크 스프레드시트 — 선택한 웰에 수집된 데이터를 표시합니다.

**참고:** 이 스프레드시트는 추적당 최대 두 개의 피크를 표시합니다. 더 많은 피크를 보려면 Melt Curve Data(용해 곡선 데이터) 탭을 클릭하십시오.

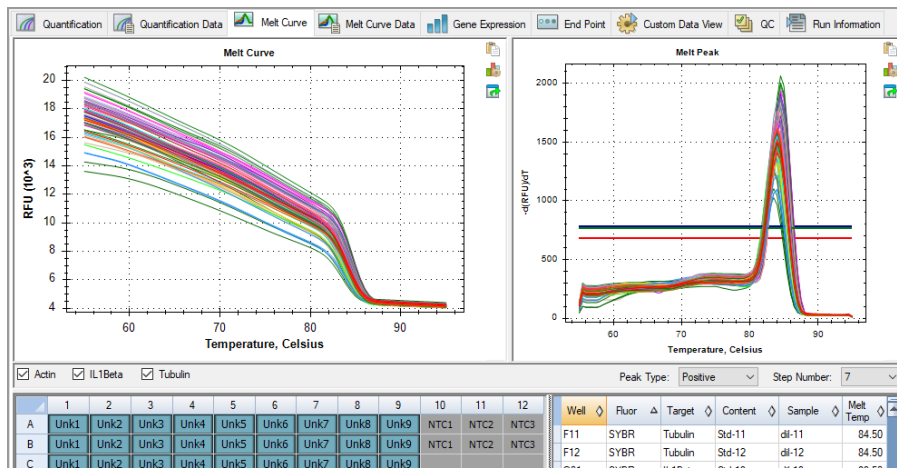


표 21은 Melt Curve(용해 곡선) 스프레드시트에 표시되는 데이터를 정의한 것입니다.

**표21. 용해 곡선 스프레드시트 내용**

정보	설명
웰	플레이트 내 웰 위치
Fluor(형광물질)	감지된 형광물질
Content(내용)	검체 유형과 복제수의 조합
Sample(검체)	Plate Editor(플레이트 편집기)에 로드된 검체 이름
Melt Temp(용융 온도)	각 웰의 용해 피크 온도 <b>참고:</b> 이 스프레드시트에는 두 개의 최고 피크만 표시됩니다.



## 용해 곡선 데이터 조정

### 용해 곡선 데이터 조정 방법

▶ 다음 중 하나를 수행하십시오.

- Melt Peak(용해 피크) 차트의 역치값 바를 클릭한 다음 드래그하여 데이터 분석에서 피크를 포함하거나 제외합니다.
- Peaks(피크) 드롭다운 메뉴에서 Positive(양)를 선택하여 Melt Threshold(용해 역치값) 라인 위의 피크에 대한 스프레드시트 데이터를 표시하거나 Negative(음)를 선택하여 MeltThreshold(용해 역치값) 라인 아래의 피크에 대한 스프레드시트 데이터를 표시합니다.
- Trace Styles(추적 유형) 창을 열어 Melt Curve(용해 곡선) 및 Melt Peak(용해 피크) 차트의 추적 색상을 변경합니다.
- Step Number(단계 번호) 선택기에서 번호를 선택하여 프로토콜의 또 다른 단계에서 Melt Curve(용해 곡선) 데이터를 표시합니다. 프로토콜에 둘 이상의 용해 곡선 단계의 플레이트 판독이 포함된 경우 목록에 둘 이상의 단계가 표시됩니다.
- 웰 선택기에서 웰을 선택하여 데이터 하위 세트에 초점을 맞춥니다.
- 플레이트 내 웰 하위 세트를 보고 분석하려면 웰 그룹을 선택합니다. 툴바의 Well Group(웰 그룹) 드롭다운 메뉴에서 이름으로 각 웰 그룹을 선택하십시오.

## 용해 곡선 데이터 탭

Melt Curve Data(용해 곡선 데이터) 탭은 각 추적에 대한 모든 용해 피크를 포함하는 여러 스프레드시트에 Melt Curve(용해 곡선) 탭의 데이터를 표시합니다. CFX Maestro Dx SE에서는 용해 곡선 데이터를 볼 수 있는 4가지 스프레드시트 옵션을 제공합니다.

- Melt Peaks(용해 피크) — 각 추적의 모든 용해 피크를 비롯한 모든 데이터가 표시됩니다. 기본 보기 방식입니다.
- Plate(플레이트) — 플레이트에 있는 각 웰 내용 및 데이터의 보기가 표시됩니다.
- RFU — 각 웰의 각 온도에서 RFU 수량이 표시됩니다.
- -d(RFU)/dT — 온도(T) 변화로 RFU의 음의 변화 비율이 표시됩니다. 플레이트 내 각 웰의 첫 번째 회귀 플롯입니다.

Melt Curve Data(용해 곡선 데이터) 탭 아래에 표시되는 드롭다운 목록에서 각 스프레드시트를 선택하십시오.

## 용해 피크 스프레드시트

용해 피크 스프레드시트에는 모든 용해 곡선 데이터가 표시됩니다.

Well	Fluor	Target	Content	Sample	Melt Temperature	Peak Height	Begin Temperature	End Temperature
A01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1497.19	78.00	88.50
A02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1426.57	78.50	94.00
A03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1492.53	78.50	91.00
B01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1408.73	78.50	92.50
B02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1510.77	78.00	89.00
B03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1493.25	78.00	88.50
C01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1521.98	78.50	91.50
C02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1618.79	78.00	90.00
C03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1581.56	78.00	89.00
D01	SYBR	Actin	Std-1	di-1	84.00	1100.08	79.00	94.00

229페이지의 표22은 Melt Peaks(용해 피크) 스프레드시트에 표시되는 데이터를 정의한 것입니다.

표22. 용해 피크 스프레드시트 내용

정보	설명
웰	플레이트 내 웰 위치
Fluor(형광물질)	감지된 형광물질
Content(컨텐츠)	Plate Editor(플레이트 편집기) 창에 나열된 검체 유형
Target(표적)	증폭 표적(유전자)
Sample(검체)	Plate Editor(플레이트 편집기) 창에 나열된 검체명
Melt Temperature(용해 온도)	각 생성물의 용해 온도, 스프레드시트에 해당 피크(최고) 한 개로 나열
Peak Height(피크 높이)	피크 높이
Begin Temperature(시작 온도)	피크 시작 온도
End Temperature(종료 온도)	피크 종료 온도

## 플레이트 스프레드시트

플레이트 스프레드시트는 용해 곡선 데이터를 플레이트 형식으로 표시합니다.

Plate	Step Number: 7	Peak Type: Positive	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
A	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3									
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr									
	Peak 1	84.00	84.00	84.00									
	Peak 2	None	None	None									
B	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3									
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr									
	Peak 1	84.00	84.00	84.00									
	Peak 2	None	None	None									
C	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3									
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr									
	Peak 1	84.00	84.00	84.00									
	Peak 2	None	None	None									

**참고:** 소프트웨어에서 요청하는 피크를 조정하려면 Melt Curve(용해 곡선) 탭에 있는 Melt Peak(용해 피크) 차트의 역치값 라인을 조정하십시오.

230페이지의 표23은 플레이트 스프레드시트에 나타나는 데이터를 정의한 것입니다.

**표23. 플레이트 스프레드시트 내용**

정보	설명
내용	검체 유형(필수)과 복제수(옵션)의 조합
검체	검체 설명
피크 1	첫 번째 용해 피크(최고)
피크 2	두 번째 용해 피크(아래)

## RFU 스프레드시트

RFU 스프레드시트에는 용해 곡선 중 획득한 각 사이클에 대한 각 웰의 형광성이 표시됩니다.

Temperature	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	D4	D5
55.00	17243	16043	16541	16440	17362	17038	17387	18303	17813	14914	16441	16356	17906	17758
55.50	17138	15948	16440	16340	17243	16923	17280	18178	17693	14836	16337	16252	17784	17644
56.00	17033	15853	16339	16241	17124	16808	17173	18053	17574	14758	16233	16149	17663	17530
56.50	16929	15758	16238	16141	17005	16693	17067	17928	17454	14681	16130	16046	17542	17417
57.00	16824	15663	16136	16042	16885	16579	16960	17802	17334	14603	16026	15942	17420	17303
57.50	16719	15568	16035	15942	16766	16464	16853	17677	17214	14525	15922	15839	17299	17189
58.00	16614	15473	15934	15843	16647	16349	16746	17552	17094	14447	15819	15736	17178	17075
58.50	16505	15375	15831	15740	16524	16232	16637	17423	16971	14360	15707	15628	17054	16958
59.00	16393	15273	15724	15634	16400	16112	16525	17292	16945	14264	15591	15517	16928	16839

표24에는 RFU 스프레드시트에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

**표24. RFU 스프레드시트 내용**

정보	설명
Well number (A1, A2, A3, A4, A5)(웰 번호)	장착된 웰의 플레이트 내 웰 위치
Temperature(온도)	증폭된 표적의 용해 온도, 한 행당 한 웰 및 동일한 웰 내 여러 생성물의 여러 웰로 표시됨

## -d(RFU)/dT 스프레드시트

-d(RFU)/dT 스프레드시트는 온도(T) 변화로 RFU의 음의 변화 비율을 표시합니다.

Temperature	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	D4	D5
55.00	105	95.0	101	99.5	119	115	107	125	120	77.8	104	103	121	114
55.50	227	206	219	215	258	249	231	271	260	169	225	224	263	246
56.00	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
56.50	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
57.00	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
57.50	209	189	202	198	238	229	213	250	239	154	206	206	242	227
58.00	214	193	204	202	242	232	215	253	243	164	214	210	245	231
58.50	222	200	210	209	247	237	221	260	249	184	228	219	249	237

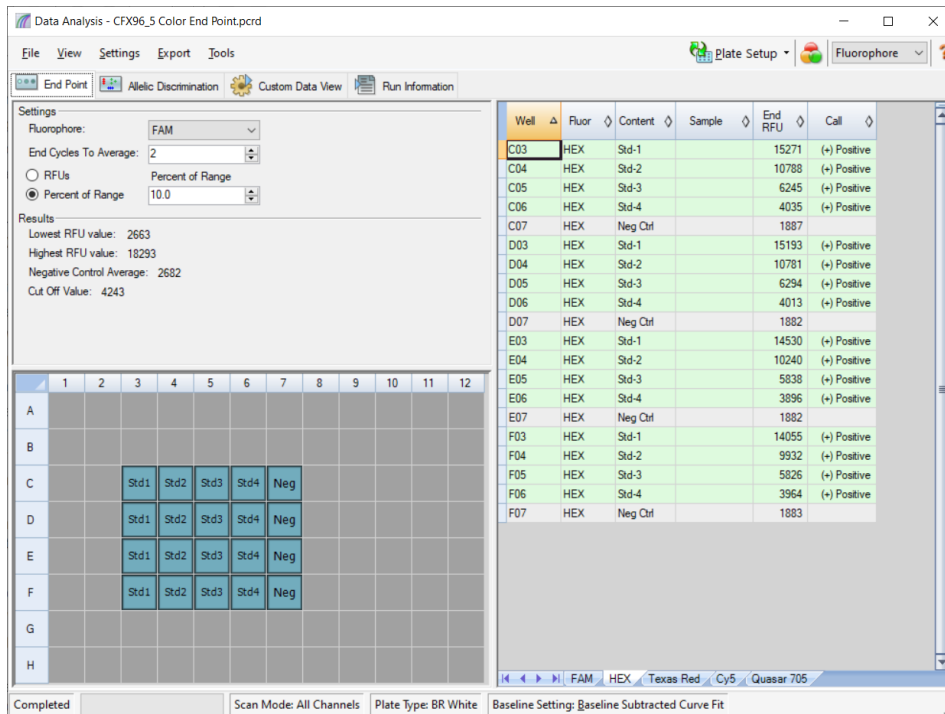
표25에는 -d(RFU)/dT 스프레드시트에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

표25. -d(RFU)/dT 스프레드시트 내용

정보	설명
Well number (A1, A2, A3, A4, A5)(웰 번호)	장착된 웰의 플레이트 내 웰 위치
Temperature -d(RFU)/dT(온도 -d(RFU)/dT)	온도(T) 변화로서의 RFU의 음의 변화 비율

## 종료점 탭

검체 웰의 최종 상대 형광물질 단위(relative fluorescence units, RFU)를 분석하려면 End Point(종료점) 탭을 여십시오. 이 소프트웨어는 알 수 없는 검체가 있는 웰의 RFU 수준과 음성 대조군이 있는 웰의 RFU 수준을 비교하고 알 수 없는 양성 또는 음성 "콜"을 지정합니다. 양성 검체는 음성 대조군의 평균 RFU 값과 컷오프 값을 더한 값보다 큰 RFU 값을 갖습니다.



종료점 데이터를 분석하려면 플레이트에 음성 대조군이 있어야 합니다. 그렇지 않으면 소프트웨어가 콜을 지정할 수 없습니다.

- Quantification(정량) 프로토콜 실행 — 표준 프로토콜을 준비합니다. 실행 완료 후 Data Analysis(데이터 분석) 창을 열고 Quantification(정량) 탭에서 데이터 분석 설정을 조정한 다음 End Point(종료점) 탭을 클릭하여 종료점 사이클을 선택합니다.
- End Point Only(종료점 단독) 프로토콜 실행 — Run Setup(실행 설정) 창의 Plate(플레이트) 탭에서 End Point Only(종료점 단독) 프로토콜을 로드하고 플레이트를 선택 또는 생성하여 실행을 시작합니다.

End Point(종료점) 탭은 표적이 마지막(종료) 주기에 의해 증폭되었는지 확인하기 위한 평균 RFU 값을 표시합니다. 이러한 데이터를 이용하여 검체 내에 특정 표적 시퀀스가 존재(양성)하는지 확인하십시오. 양성 표적은 지정된 컷오프 수준보다 높은 RFU 수준을 갖습니다.

**팁:** 종료점 프로토콜을 생성하려면 Protocol(프로토콜) 탭(Run Setup(실행 설정) 창)에서 Run(실행) > End Point Only Run(종료점 단독 실행)을 선택하십시오.

실행이 완료되면 End Point(종료점) 탭에서 데이터 파일이 열립니다. 예는 다음 섹션이 포함됩니다.

- Settings(설정) — 데이터 분석 설정을 조정합니다.
- Results(결과) — 설정 조정 후 결과를 표시합니다.
- Well Selector(웰 선택기) — 표시할 종료점 데이터가 있는 웰을 선택합니다.
- RFU 스프레드시트 — 선택한 웰에 수집된 종료 RFU를 표시합니다.

## 결과 데이터

Results(결과) 섹션에는 다음 데이터가 표시됩니다.

- Lowest RFU value(최저 RFU 값) — 데이터에서 가장 낮은 RFU 값
- Highest RFU value(최고 RFU 값) — 데이터에서 가장 높은 RFU 값
- Negative Control Average(음성 대조군 평균) — 음성 대조군이 포함된 웰의 평균 RFU
- Cut Off Value(컷오프 값) — 허용 오차(RFU 또는 Settings(설정)에 나열된 범위 백분율)와 음성 대조군 평균을 더하여 계산됩니다. 컷오프 값보다 큰 RFU가 있는 샘플을 "양수"라고 합니다. 컷오프 값을 조정하려면 RFU 또는 범위 백분율을 변경합니다.

컷오프 값은 아래 공식으로 계산됩니다.

$$\text{컷오프 값} = \text{음성 대조군 평균} + \text{허용 오차}$$

아래 방법 중 하나로 허용 오차를 선택하십시오.

- RFUs(기본값) — 절대 RFU 값을 허용 오차로 사용하려면 이 방법을 선택합니다. 최소 RFU 허용 오차 값은 2입니다. 최대값은 최고 RFU 값의 절대값에서 최저 RFU 값의 절대값을 뺀 값입니다. 기본 RFU 허용 오차 값은 총 RFU 범위의 10%에 해당합니다.
- Percent of Range(범위 백분율) — RFU 범위 백분율을 허용 오차로 사용하려면 이 방법을 선택합니다. 최소 범위 백분율은 1%입니다. 최대 범위 백분율은 99%입니다. 기본값 범위 백분율은 10%입니다.

## 종료점 데이터 분석 조정

### 종료점 탭에서 데이터를 조정하는 방법

- ▶ 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - 드롭다운 목록에서 형광물질을 선택합니다.
  - End Cycle to Average value(평균값까지 종료 사이클)를 선택하여 평균 종료점 RFU를 계산할 사이클 수를 설정합니다.
  - 상대 형광 단위로 데이터를 보려면 RFU를 선택합니다.
  - RFU 범위 백분율로 데이터를 보려면 Percentage of Range(범위 백분율)를 선택합니다.
  - 웰 선택기에서 웰을 선택하여 데이터 하위 세트에 초점을 맞춥니다.
  - 플레이트 내 웰 하위 세트를 보고 분석하려면 웰 그룹을 선택합니다. 툴바의 Well Group(웰 그룹) 드롭다운 메뉴에서 이름으로 각 웰 그룹을 선택하십시오.

## 종료점 분석의 RFU 스프레드시트

표26에는 End Point(종료점) 탭의 RFU 스프레드시트에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

표26. 종료점 스프레드시트 내용

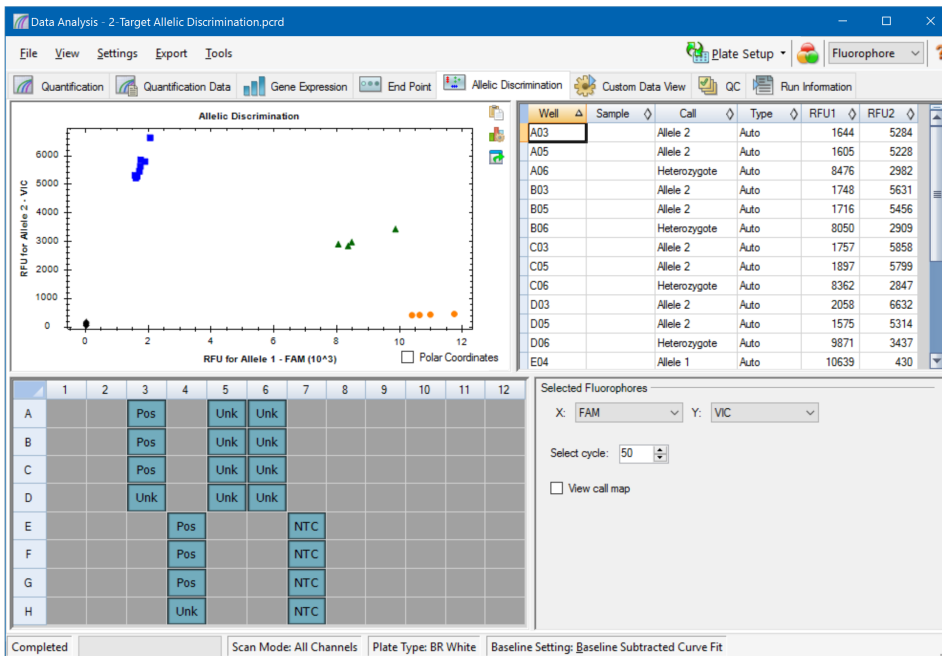
정보	설명
웰	플레이트 내 웰 위치
Fluor(형광물질)	감지된 형광물질
내용	검체 유형 및 복제수 조합
End RFU	종료점 사이클에서 RFU
콜	양성 또는 음성으로, 여기에서 양성 검체는 음성 대조군의 평균 RFU 값과 컷 오프 값을 더한 값보다 큰 RFU 값을 갖습니다.
검체	Plate Editor(플레이트 편집기)에 로딩된 검체명



## 대립 유전자 식별 탭

Allelic Discrimination(대립 유전자 식별) 탭은 알 수 없는 검체가 있는 웰에 유전자형을 할당합니다. 이러한 데이터를 사용하여 대립 유전자 1, 대립 유전자 2, 이형접합체, 요청 없음(증폭 없음) 또는 미확인을 포함하여 유전자형이 다른 검체를 확인합니다.

**참고:** 대립 유전자 식별에 대한 데이터는 최소 2개의 형광물질을 사용한 다중 실행에서 나와야 합니다. 각 형광물질은 모든 검체에서 하나의 대립 유전자를 식별합니다.



대립 유전자 식별 분석에는 다음과 같은 최소한의 웰 내용이 필요합니다.

- 각 웰의 형광물질 2개
- 데이터 분석을 위한 NTC(음성 대조군) 검체

CFX Maestro Dx SE는 대립 유전자 식별 데이터를 보기 위해 4가지 옵션을 제공합니다.

- 대립 유전자 식별 차트 — 대립 유전자 1/대립 유전자 2에 대한 RFU 그래프에 데이터를 표시합니다. 그래프의 각 점은 하나의 웰에 있는 양쪽 형광물질 데이터를 나타냅니다. Polar Coordinates(극좌표) 확인란을 선택하거나 선택을 취소하여 데카르트 좌표와 극좌표 사이를 전환할 수 있습니다. 데카르트 좌표는 x축에서 대립 유전자 1에 대한 RFU와 y축에서 대립 유전자 2에 대한 RFU를 나타냅니다. 극좌표는 원점(모든 NTC의 중간값)으로부터 x축에서 각도와 y축에서 RFU 거리를 나타냅니다.
- 웰 스프레드시트 — 플레이트의 각 웰에서 수집된 대립 유전자 식별 데이터를 표시합니다.
- 웰 선택기 — 표시할 대립 유전자 데이터가 포함된 웰을 선택합니다.

- 선택된 형광물질 패널 — 대립 유전자 식별 차트의 x축과 y축 라벨, 분석 사이클 및 콜 맵 표시 여부를 변경합니다.

## 대립 유전자 식별 데이터 조정

소프트웨어는 NTC 위치와 알 수 없는 데이터 포인트와 NTC 간의 각도 및 거리를 바탕으로 알 수 없는 검체가 있는 웰에 유전자형을 자동으로 할당합니다.

### 대립 유전자 식별 데이터 조정 방법

- ▶ 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - 극좌표를 표시하려면 Allelic Discrimination(대립 유전자 식별) 차트에서 확인란을 선택하십시오.
  - 다른 형광물질을 보려면 Selected Fluorophores(선택한 형광물질) 패널의 드롭다운 목록에서 선택하십시오.
  - 콜을 변경하려면 Allelic Discrimination(대립 유전자 식별) 차트에서 데이터 포인트를 드래그하고 Selected Wells(선택한 웰) 목록에서 옵션을 선택하십시오.
    - Allele 1(대립 유전자 1)
    - Allele 2(대립 유전자 2)
    - Heterozygote(이형 접합체)
    - Undetermined(미확인)
    - No Call(콜 없음)
    - Auto Call(자동 콜)

팁: 기본값 콜로 돌아가려면 Auto Call(자동 콜)을 선택하십시오.

## 차트 메뉴 옵션

차트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 옵션과 함께(204페이지의 차트의 마우스 오른쪽 버튼 클릭 공통 메뉴 항목 참조), 표27에는 Allelic Discrimination(대립 유전자 식별) 차트에서 사용할 수 있는 메뉴 옵션이 있습니다.

표27. 대립 유전자 식별 차트 마우스 오른쪽 및 왼쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션

메뉴 옵션	기능
Zoom(확대)	차트 보기에서 선택한 영역(차트에서 커서를 클릭하고 드래그)을 집중적으로 봅니다.  팁: 확대 상태에서 모든 데이터 포인트가 보이는 상태로 복원하려면 마우스 오른쪽 버튼을 클릭하고 Set Scale to Default(배울 기본값으로 설정)를 선택하십시오.
Well(웰)	선택한 웰에 대한 옵션으로 이 웰만 표시, 보기에서 이 웰 삭제, 이 추적에 색상 설정, 분석에서 이 웰 제외가 있습니다.
Selected Wells(선택한 웰)	선택한 웰들(차트에서 커서를 클릭하고 드래그)에 대한 옵션으로 이 웰들만 표시, 보기에서 이 웰들 삭제, 이 추적들에 색상 설정, 분석에서 이 웰들 제외가 있습니다.

## 대립 유전자 식별 스프레드시트

표28에 대립 유전자 식별 스프레드시트에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

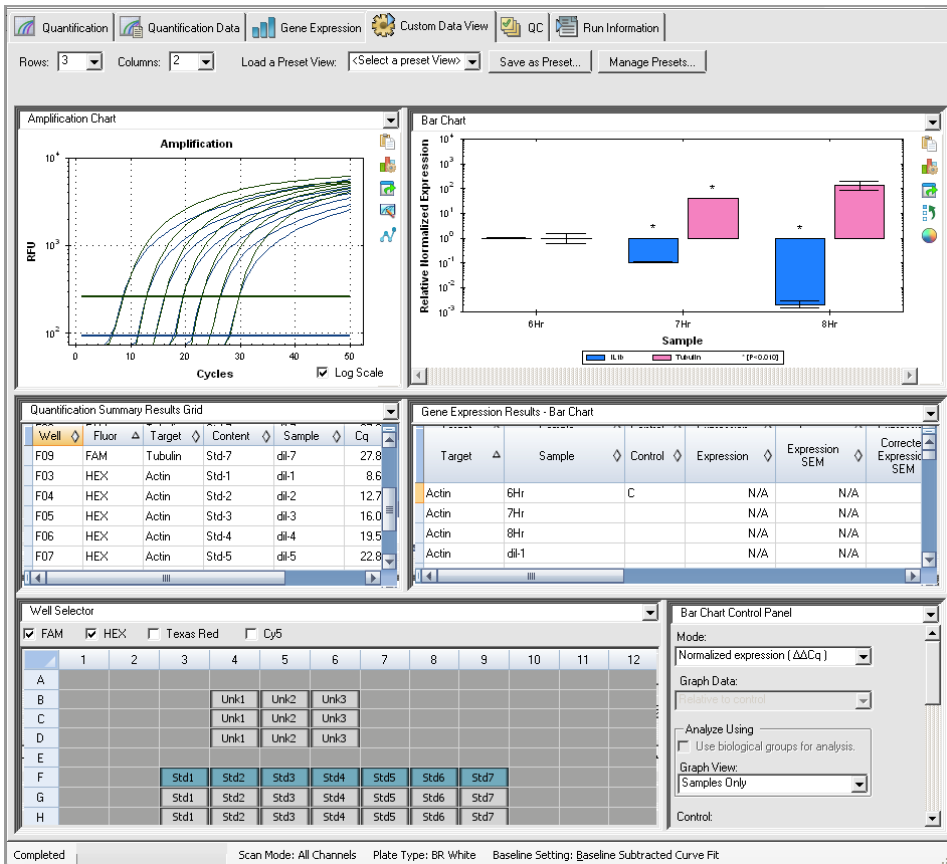
표28. 대립 유전자 식별 스프레드시트 내용

정보	설명
웰	플레이트 내 웰 위치
Sample(검체)	검체명 설명
Call(콜)	자동 Allele 1(대립 유전자 1), Allele 2(대립 유전자 2), Heterozygote(이형 접합체), No Call(콜 없음), Undetermined(미확인)를 비롯한 대립 유전자의 동일성
Type(유형)	Auto(자동) 또는 Manual(수동)로, 콜 생성 방식을 설명합니다. 자동은 소프트웨어가 콜을 선택했음을 나타냅니다. 수동은 사용자가 콜을 선택했음을 나타냅니다.
RFU1	대립 유전자 1의 RFU
RFU2	대립 유전자 2의 RFU

## 사용자 지정 데이터 보기 탭

Custom Data View(사용자 지정 데이터 보기) 탭은 사용자 지정 가능 형식의 여러 창을 동시에 표시합니다.

Load a Preset View(사전 설정 보기 로드) 목록에는 표시 형식 템플릿 선택 항목이 제공됩니다. 표시되는 기본값 보기는 분석되는 파일에 따라 달라집니다. 예를 들어 용해 곡선 데이터가 표시될 경우 Amp+Melt(증폭+용해) 기본값 보기가 표시됩니다.



## 사용자 지정 데이터 보기 생성

### 사용자 지정 데이터 보기 생성 방법

- ▶ 다음 중 하나를 수행하십시오.
  - 드롭다운 목록에서 대체 사전 설정 보기를 선택합니다.
  - 각 개별 창의 상단에 있는 드롭다운 목록에서 다른 차트 보기를 선택합니다.
  - 탭에서 행과 열의 수를 바꿉니다.
  - 개별 창 크기를 바꿉니다. 각 창의 가장자리에서 막대를 드래그하십시오.

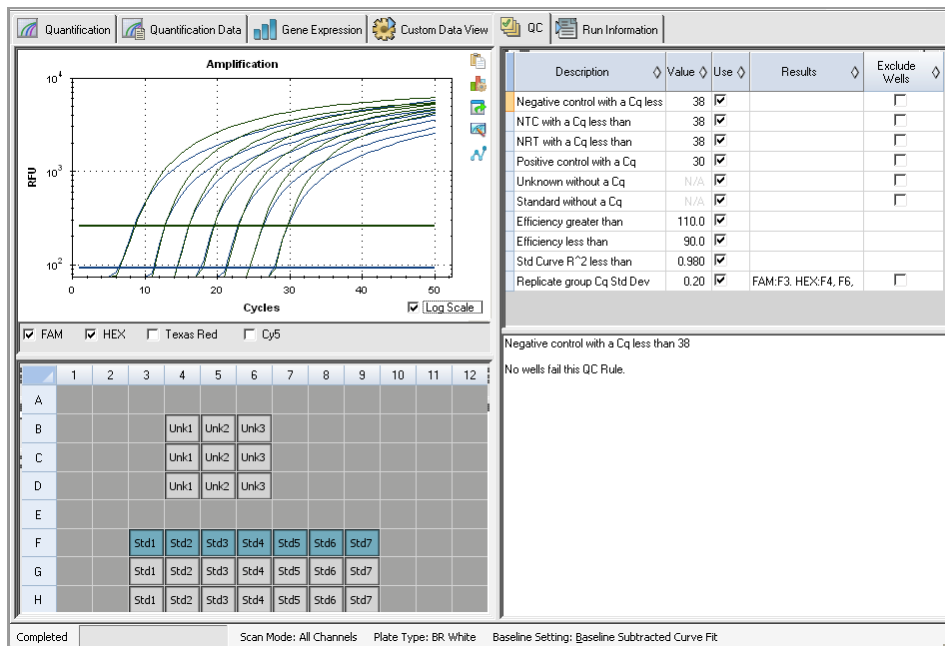
사전 설정 템플릿으로 사용자 지정을 저장하려면 **Save as Preset**(사전 설정으로 저장)을 클릭하십시오. 기존 사전 설정 보기를 삭제, 이름 바꾸기 또는 복원하려면 **Manage Presets**(사전 설정 관리)를 클릭하십시오.

## QC 탭

QC 탭을 사용하여 User Preferences(사용자 기본 설정) 창의 QC 탭에 정의된 규칙을 기반으로 실행 데이터의 품질을 빠르게 평가합니다.

CFX Maestro Dx SE는 QC 데이터를 보기 위한 4가지 옵션을 제공합니다.

- **Amplification(증폭) 차트** — 모든 사이클에서 각 웰에 대한 RFU를 표시합니다. 차트에 있는 각 추적은 하나의 웰에 있는 단일 형광물질 데이터를 나타냅니다.
- **QC 규칙 표** — 사용 가능한 QC 규칙 및 각 규칙을 정의하는 설정을 표시합니다. 적용된 QC 규칙은 하얀 표시로 표시됩니다.
- **웰 선택기** — 표시할 형광 데이터가 있는 웰을 선택합니다.
- **QC 규칙 요약 창** — 선택된 QC 규칙을 표시하고 규칙에 실패한 웰을 강조 표시합니다.



## QC 기준 변경

### QC 기준 변경 방법

- ▶ 규칙을 QC에 포함하거나 제외하려면 Use(사용) 확인란을 선택하거나 선택 취소하십시오.

## QC 실패 웰 제외

CFX Maestro Dx SE는 QC rules(QC 규칙) 표와 요약 창의 Results(결과) 열에 QC 기준에 실패한 웰을 표시합니다.

### QC 기준 실패 웰 제외 방법

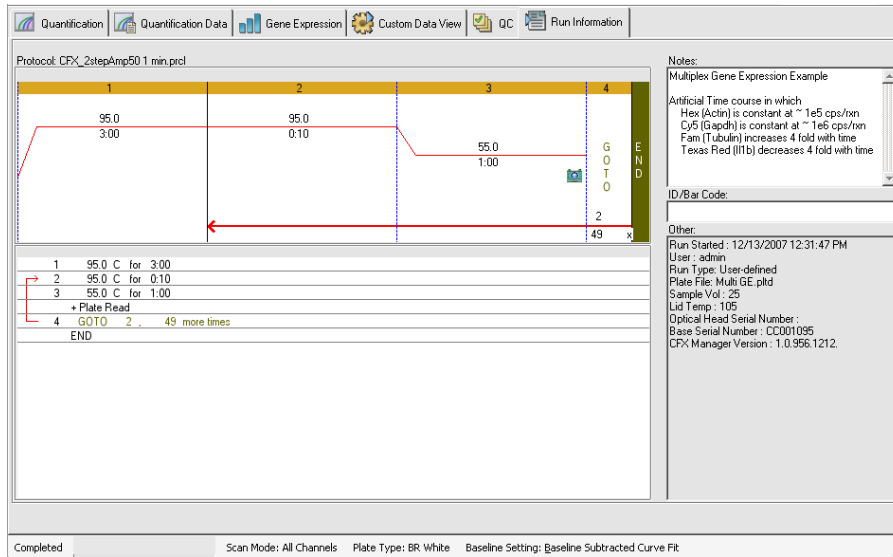
- ▶ 제외할 각 웰에 대해 Exclude Wells(웰 제외)를 선택하십시오.

## 실행 정보 탭

Run Information(실행 정보) 탭은 각 실행에 관한 프로토콜 및 기타 정보를 표시합니다. 이 탭을 사용하여 다음을 수행하십시오.

- 프로토콜을 봅니다.
- 실행에 관한 메모를 입력하거나 편집합니다.
- 실행 ID나 바코드를 입력하거나 편집합니다.
- 실행 중 발생했을 수도 있는 이벤트를 보여줍니다. 이러한 메시지를 참고하여 실행 문제를 해결할 수 있습니다.

**팁:** Protocol(프로토콜)을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하여 복사, 내보내기 또는 인쇄하십시오. Notes(메모), ID/Bar Code(ID/바코드) 또는 Other(기타) 창을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하여 텍스트를 실행 취소, 잘라내기, 복사, 붙여넣기, 삭제 또는 선택하십시오.



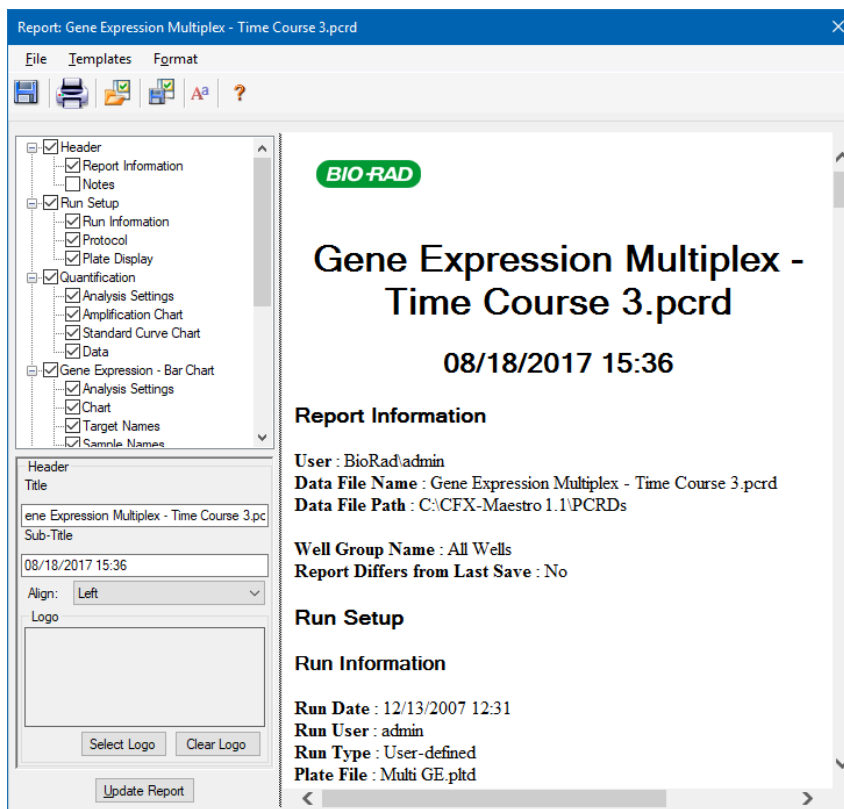


## 데이터 분석 보고서

Report(보고서) 대화 상자에는 Data Analysis(데이터 분석) 창의 현재 데이터 파일에 대한 정보가 표시됩니다. 보고서를 열려면 Tools(도구) > Reports(보고서)를 선택하거나 툴바에서 Reports(보고서)를 클릭하십시오.

Report(보고서) 대화 상자는 다음 섹션으로 구성됩니다.

- 메뉴 및 툴바 — 보고서 또는 템플릿 양식, 저장, 인쇄 옵션을 제공합니다.
- 옵션 목록(대화 상자의 왼쪽 상단) — 보고서에 표시되는 옵션을 제공합니다.
- 옵션 창(대화 상자의 왼쪽 하단) — 선택한 옵션에 대한 정보를 입력할 수 있는 텍스트 상자가 표시됩니다.
- 미리 보기 창(대화 상자 오른쪽) — 현재 보고서의 미리 보기를 제공합니다.



## 데이터 분석 보고서 범주

표29에는 Data Analysis(데이터 분석) 창에 있는 데이터 유형에 따라 데이터 분석 보고서에 이용 가능한 모든 옵션이 나와 있습니다.

표29. 옵션 목록의 데이터 분석 보고서 범주

범주	옵션	설명
<b>헤더</b>		
		제목, 부제목, 보고서용 로고
	Report Information(보고서 정보)	실행 날짜, 사용자 이름, 데이터 파일 이름, 데이터 파일 경로, 선택된 웰 그룹
	Audit Information(감사 정보)	서명을 비롯해 감사에 필요한 보충 정보
	Notes(메모)	데이터 보고서에 대한 참고 사항
<b>Run Setup(실행 설정)</b>		
	Run Information(실행 정보)	실행 날짜, 사용자 이름, 데이터 파일 이름, 데이터 파일 경로, 선택된 웰 그룹
	Protocol(프로토콜)	프로토콜 단계 및 옵션에 대한 텍스트 보기
	Plate Display(플레이트 디스플레이)	플레이트의 각 웰 내 정보에 대한 플레이트 보기
<b>Quantification(정량)</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	데이터 수집 단계 번호, 분석 모드, 기준선 감산 방법
	Amplification Chart(증폭화 차트)	정량 데이터를 포함하는 실행의 증폭화 차트
	Standard Curve Chart(표준 곡선 차트)	표준 곡선 차트
	Data(데이터)	각 웰 내 데이터를 제시한 스프레드시트

표29. 옵션 목록의 데이터 분석 보고서 범주, 계속

범주	옵션	설명
<b>Gene Expression — Bar Chart(유전자 발현 — 막대 차트)</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	분석 모드, 차트 데이터, 배율 조정 옵션, 차트 오차
	Chart(차트)	막대 차트 사본
	Target Names(표적 이름)	표적 이름 차트
	Sample Names(검체명)	검체명 차트
	Data(데이터)	각 웰 내 데이터를 제시한 스프레드시트
	Target Stability(표적 안정성)	표적 안정성 값 차트
	Box-and-Whisker Chart(상자 수염 차트)	상자 수염 차트
	Dot Plot Chart(점 도표 차트)	점 도표 차트
<b>Gene Expression(유전자 발현) — 클러스터 그래프 및 산점도</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	각 차트 유형에 대한 설정
	Chart(차트)	차트 사본
	Data(데이터)	각 표적 내 데이터를 제시하는 스프레드시트
<b>Gene Expression — ANOVA Data(유전자 발현 — ANOVA 데이터)</b>		
	ANOVA Settings(ANOVA 설정)	분석에 사용되는 P-값 역치값
	ANOVA Results(ANOVA 결과)	ANOVA 및 Tukey's HSD 사후 분석 결과 표
<b>Melt Curve(용해 곡선)</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	용해 단계 번호 및 역치값 표시줄 설정
	Melt Curve Chart(용해 곡선 차트)	용해 곡선 차트
	Melt Peak Chart(용해 피크 차트)	용해 피크 차트
	Data(데이터)	각 웰 내 데이터를 제시한 스프레드시트

**표29. 옵션 목록의 데이터 분석 보고서 범주, 계속**

범주	옵션	설명
<b>Allelic Discrimination(대립 유전자 식별)</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	형광물질, 주기, 콜 맵 보기
	Allelic Discrimination Chart(대립 유전자 식별 차트)	대립 유전자 식별 차트 사본
	Data(데이터)	각 웰 내 데이터를 제시한 스프레드시트
<b>End Point(종료점)</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	형광물질, 평균화할 종료 주기, 모드, 최저 RFU 값, 최고 RFU 값, 컷오프 값
	Data(데이터)	각 웰 내 데이터를 제시한 스프레드시트
<b>QC Parameters(QC 파라미터)</b>		
	Data(데이터)	각 QC 규칙의 파라미터를 제시하는 스프레드시트

## 데이터 분석 보고서 생성

보고서 레이아웃은 템플릿으로 저장할 수 있으며, 이후 유사 보고서에서 다시 사용할 수 있습니다.

### 데이터 분석 보고서 생성 방법

1. 보고서를 생성하기 전에 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 웹 내용물, 선택된 웹, 차트, 스프레드시트를 최종적으로 조정합니다.
2. Data Analysis(데이터 분석) 메뉴 표시줄에서 Tools(툴) > Reports(보고서)를 선택하여 Report(보고서) 대화 상자를 엽니다.
3. 보고서에 포함할 옵션을 선택합니다. 보고서가 선택한 기본값 옵션으로 열립니다. 확인란을 선택하거나 선택 해제하여 전체 범주 또는 범주 내 개별 옵션을 변경합니다.

244페이지의 표29은 표시 가능한 옵션을 보여줍니다.

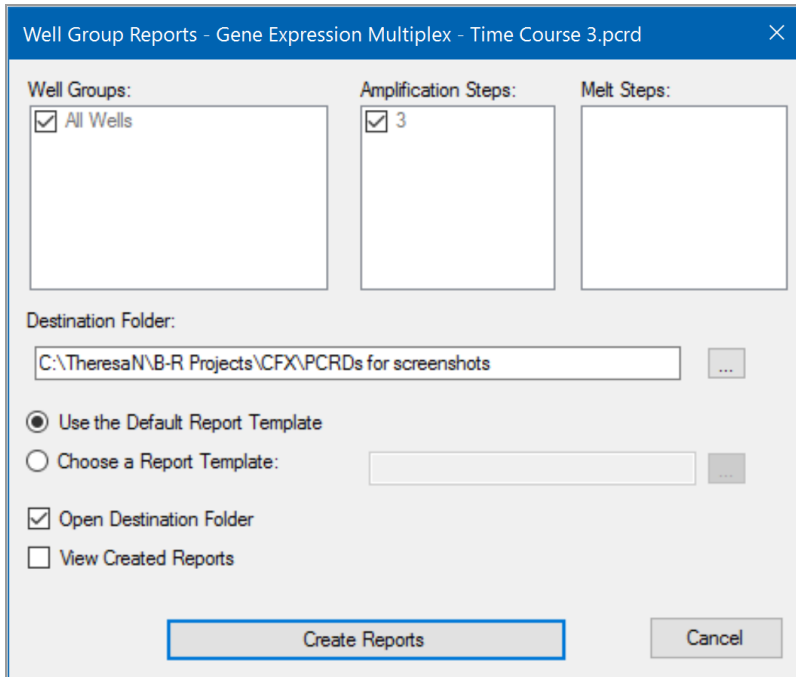
**참고:** 보고서에 표시되는 데이터는 Data Analysis(데이터 분석) 창의 탭 내 현재 선택 사항에 따라 결정됩니다. 예를 들어 정량 실행에 표준 곡선이 포함되어 있지 않을 수도 있기 때문에 이러한 데이터는 Data Analysis(데이터 분석) 창 또는 데이터 보고서에 표시되지 않습니다.

4. 보고서의 범주와 항목의 순서를 변경합니다. 옵션들을 상대 위치로 드래그합니다. 항목들은 각자 속해 있는 범주 내에서만 순서 변경이 가능합니다.
5. (선택 사항) Report Options(보고서 옵션) 창에서 선택한 옵션에 관련된 정보를 입력합니다.
  - 보고서에서 표시할 정보 하위 세트를 선택합니다.
  - 선택된 옵션의 특정 설정을 선택합니다.
  - 선택된 옵션에 표시할 텍스트를 선택합니다.
6. Update Report(보고서 업데이트)를 클릭하여 변경 사항을 포함하여 Report Preview(보고서 미리 보기)를 업데이트합니다.
7. 보고서를 인쇄 또는 저장합니다.
  - a. 현재 보고서를 인쇄하려면 툴바에서 Print Report(보고서 인쇄) 버튼을 클릭합니다.
  - b. File(파일) > Save(저장)을 선택하여 보고서를 PDF(Adobe Acrobat Reader 파일), MHT(Microsoft 문서) 또는 MHTML(Microsoft 문서) 파일 형식으로 저장합니다.
  - c. 파일을 저장할 위치를 선택합니다.
  - d. File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)를 선택하여 새로운 이름 또는 새로운 위치로 보고서를 저장합니다.
8. (선택 사항) 원하는 정보로 보고서 템플릿을 생성합니다. 템플릿에 현재 보고서 설정을 저장하려면 Template(템플릿) > Save(저장) 또는 Save As(다른 이름으로 저장)를 선택합니다. 그런 다음 향후 새 보고서를 만들 때 보고서 템플릿을 불러옵니다.

## 웰 그룹 보고서 생성

### 웰 그룹 보고서 생성 방법

1. Data Analysis(데이터 분석) 창에서 Tools(도구) > Well Group Reports(웰 그룹 보고서)를 선택합니다.



2. Well Group Reports(웰 그룹 보고서) 대화 상자에서 보고서에 포함할 웰 그룹, 증폭 단계 및 용해 단계를 선택합니다.
3. 경로를 입력하거나 보고서를 저장할 대상 폴더로 이동합니다.
4. (선택 사항) Choose a Report Template(보고서 템플릿 선택)을 선택하고 템플릿 파일 폴더로 이동합니다.
5. (선택 사항) Open Destination Folder(대상 폴더 열기)를 선택하여 폴더를 열고 보고서를 생성한 후 봅니다.
6. Create Reports(보고서 생성)을 클릭합니다.

## 12장 유전자 발현 분석

사용자의 반응에 엄격하게 자격을 갖춘 대조물질을 사용하고 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition를 사용하여 검체 사이의 표적 농도의 상대적 차이를 정규화하기 위해 유전자 발현 실행을 수행할 수 있습니다. 일반적으로, 하나 이상의 기준 유전자의 발현 수치는 관심 유전자의 발현 수치를 표준화하는데 사용됩니다. 기준 유전자는 부하 차이 또는 각 검체에 나타난 기타 차이를 감안하며 이들의 발현 수치는 연구되는 생물학 체계의 영향을 받지 않아야 합니다.

Data Analysis(데이터 분석) 창의 Gene Expression(유전자 발현) 탭을 선택하여 2개 이상의 웰에서 PCR 반응 사이의 상대적 차이를 평가합니다. 예를 들어, PCR 반응에서 바이러스 계놈의 상대 수 또는 세포 감염 서열의 상대 수를 평가할 수 있습니다. 유전자 발현 연구용으로 가장 흔한 응용프로그램은 정상 상태 전령 RNA의 수치를 평가하기 위해 하나 이상의 반응에서 cDNA 농도를 비교하는 것입니다.

소프트웨어는 다음과 같은 시나리오 중 하나로 표적의 상대적 발현 수치를 계산합니다.

- 표적 서열(표적 1)과 또 다른 표적(표적 2)을 비교한 상대적 발현 수치, 예를 들어 동일한 표적 처리에서 한 유전자와 또 다른 유전자를 비교한 양.
- 다른 검체 처리에서 동일한 표적과 비교한 하나의 검체에서 하나의 표적 서열의 상대적 발현 수준, 예를 들어, 각각 다른 시간, 지리 또는 발달 조건에서 유전자 자신과 비교한 유전자의 상대적 양.

### 유전자 발현 분석의 플레이트 설정

유전자 발현 분석을 수행하려면 웰 콘텐츠에 다음이 포함되어야 합니다.

- 두 개 이상의 표적 — 검체 내의 각기 다른 증폭 유전자 또는 시퀀스를 나타내는 두 개의 표적.
- 한 개 이상의 기준 표적 — 한 개 이상의 표적은 정규화 발현에 대한 기준 표적이어야 합니다. Normalized Expression(정규화 발현) 모드에서 데이터를 분석하려면 Experiment Settings(실험 설정) 창에서 모든 기준 표적을 할당하십시오( $\Delta\Delta C_q$ ). 기준이 없는 실행은 Relative Expression(상대 발현) 모드로 분석해야 합니다( $\Delta C_q$ ).
- 공통 검체 — Gene Expression(유전자 발현) 탭에 표시된 데이터를 확인하려면 반응에 공통 검체(최소 두 개가 필요)가 포함되어야 합니다. 이러한 검체는 표적 시퀀스 각각에 대해 다른 처리 또는 조건을 나타내야 합니다. Experiment Settings(실험 설정) 창에서 대조군 검체(선택 사항)를 할당하십시오. 대조군을 선택하지 않으면 소프트웨어가 대조군으로 최저  $C_q$ 를 사용합니다.

Plate Editor(플레이트 편집기)의 Gene Expression(유전자 발현) 설정 요건은 반응 콘텐츠가 싱글플렉스 PCR(반응에 한 개의 형광물질 포함)인지 멀티플렉스 PCR(반응에 두 개 이상의 형광물질 포함)인지에 따라 다릅니다.

## 가이드를 활용한 플레이트 설정

데이터 파일의 플레이트 설정에 분석에 필요한 정보가 포함되어 있지 않으며 Gene Expression(유전자 발현) 탭이 선택되어 있을 경우 막대 차트가 차지하는 공간에는 보통 이러한 정보를 입력하라는 지침이 있습니다. 표준화 유전자 발현의 경우 아래 단계를 완료하십시오.

1. 아래 방법 중 하나를 사용하여 표적 이름 및 검체명을 정의합니다.
  - Plate Setup(플레이트 설정) — Plate Editor(플레이트 편집기) 창을 엽니다.
  - Replace Plate File(플레이트 파일 교체) — Select Plate(플레이트 선택)를 열고, 현재 플레이트 레이아웃을 대체할 이전에 저장된 플레이트 파일로 이동할 수 있습니다.
  - PrimePCR File(PrimePCR 파일 교체) — Select PrimePCR file(PrimePCR 파일 선택) 대화 상자를 열고, PrimePCR 실행 파일로 이동하여 플레이트 레이아웃에 적용할 수 있습니다.
2. Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자를 사용하여 기준 표적과 대조군 검체를 한 개 이상 선택합니다.

플레이트 레이아웃에 이미 표적과 검체 정보가 포함되어 있을 경우 두 번째 단계만 필요하며, 주황색으로 강조표시됩니다. 정규화 유전자 발현 분석을 실행하기 전에 이 단계를 완료해야 합니다.







**참고:** 산포도클러스터그램의 데이터는 Gene Expression Analysis(유전자 발현 분석)에 대해 Plate Setup(플레이트 설정)에 나열된 정규화 유전자 발현 요건이 모두 충족될 경우에만 표시됩니다.



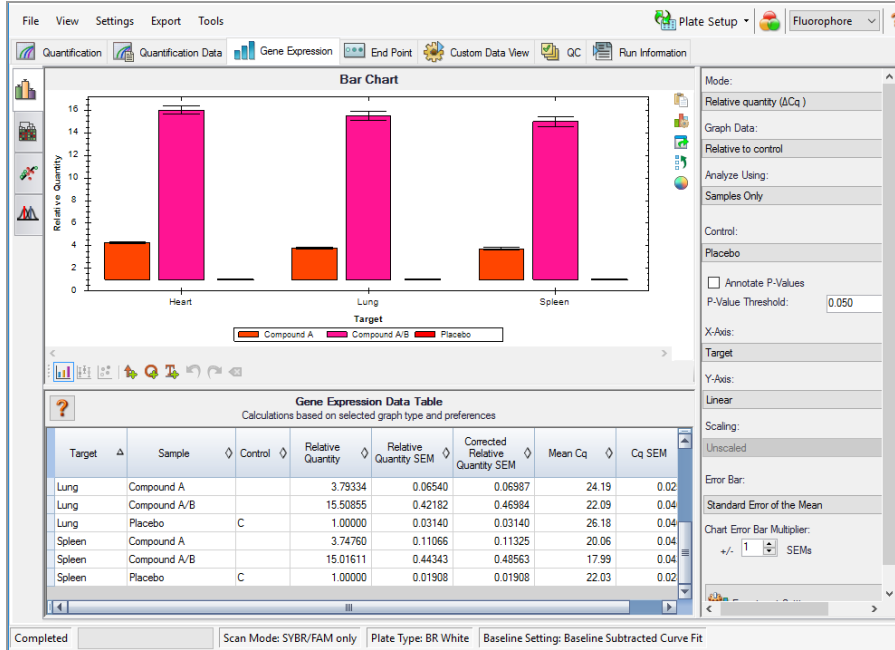
## 유전자 발현 차트

CFX Maestro Dx SE는 여러 가지 보기로 유전자 발현 데이터를 표시합니다. 표30는 소프트웨어에서 이용할 수 있는 차트 옵션을 제시한 것입니다.

표30. 유전자 발현 차트 옵션

버튼	이름	기능
	그래프 표시	다음 보기 중 하나로 정규화 유전자 발현 데이터를 표시합니다. <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Bar chart(막대 차트)(기본값)</li> <li>■ Box and whisker chart(상자 수염 차트)</li> <li>■ Dot plot chart(점 도표 차트)</li> </ul>
	클러스터그램	표준화 발현 데이터를 다양한 표적 및 검체의 발현 유사성 정도에 따라 계층 구조로 표시합니다.
	산포도	대조군과 실험 검체의 표적의 표준화 발현을 표시합니다.
	ANOVA	ANOVA를 수행하고 Tukey 값을 측정하기 위해 다음 R 패키지를 사용하여 유전자 발현 데이터에 대한 일원 ANOVA의 결과를 표시합니다. <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Companion to Applied Regression(car)(응용 회귀 지침)</li> <li>■ Least-square means(lsmmeans)(최소 제곱 평균)</li> </ul>
	참조 유전자 선택 틀	(Gene Study(유전자 연구) 창의 Study Analysis(연구 분석) 탭에서 이용 가능) 검사된 참조 유전자를 식별하고 이를 안정성에 따라 Ideal(최적합), Acceptable(적합), 또는 Unstable(불안정)으로 분류합니다.
	PrimePCR 대조군 분석	(Gene Study(유전자 연구) 창의 Study Analysis(연구 분석) 탭에서 이용 가능) 검사된 검체 결과를 표시합니다.

## 그래프 표시



표적의 상대 발현은 아래 두 가지 보기로 제공됩니다.

- 유전자 발현 차트 — 아래 방식 중 하나로 실시간 PCR 데이터가 표시됩니다.
  - $\Delta\Delta C_q$  — 대조군 검체와 참조 표적을 사용하여 계산된 상대 정규화 발현
  - $\Delta C_q$  — 대조군 검체를 기준으로 한 검체 내 표적 유전자 상대 수량.

데이터 보기에 대한 자세한 내용은 [254페이지의 차트 보기 변경 및 주석 달기](#)를 참조하십시오.

- 스프레드시트 — 유전자 발현 데이터 스프레드시트를 표시합니다.

**팁:** 옵션을 보려면 차트 또는 스프레드시트의 아무 곳이나 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하십시오. Plate Setup(플레이트 설정) 드롭다운 메뉴에서 View/Edit Plate(플레이트 보기/편집)를 선택하면 Plate Editor(플레이트 편집기)가 열리며 플레이트의 웰 콘텐츠를 변경할 수 있습니다.

**팁:** 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴에서 Sort(정렬)를 선택하면 차트의 표적 이름 및 검체명을 다시 정렬할 수 있습니다.

### 표준화 유전자 발현

데이터를 정규화하려면 하나 이상의 기준 유전자의 측정된 발현 수치를 정규화 계수로 사용하십시오. 기준 유전자는 연구되는 생물학 체계에서 조절되지 않는 표적 유전자(예를 들어, *액틴*, *GAPDH* 또는 *튜불린*)입니다.

## 정규화 유전자 발현( $\Delta\Delta C_q$ ) 분석 설정 방법

1. 데이터 파일(.pcrd 확장자)을 엽니다.
2. Data Analysis(데이터 분석) 창의 Quantification(정량) 탭에 있는 데이터를 검토합니다. 데이터를 조정합니다(예를 들어, 역치값 및 분석 모드 변경).
3. Gene Expression(유전자 발현) 탭을 선택합니다.
4. Gene Expression(유전자 발현) 탭에서 Experiment Settings(실험 설정)을 클릭합니다.
5. Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자에서 다음 작업을 수행합니다.
  - a. Samples(검체) 탭을 선택하고 대조군을 선택하십시오. 대조군이 할당되면, CFX Maestro Dx SE는 모든 유전자의 상대 수량을 수량이 1로 설정된 대조군 수량으로 정규화합니다.
  - b. Target(표적) 탭을 선택하고 기준 유전자를 선택하십시오. 유전자 발현 분석에는 검체의 표적 중에서 하나의 기준 유전자가 필요합니다.
6. Normalized Expression(정규화 발현( $\Delta\Delta C_q$ ))을 아직 선택하지 않았으면 하나를 선택한 후 Gene Expression(유전자 발현) 탭에서 발현 수치를 확인합니다.

**참고:** Setup Wizard(설정 마법사)를 사용하여 정규화 유전자 발현 분석을 위한 플레이트 배치를 설정할 수도 있습니다.

## 상대 수량

정의상, 상대 수량( $\Delta C_q$ ) 데이터는 정규화되지 않습니다. 이 방법은 어떤 기준 유전자에도 포함되지 않는 검체를 정량화하는 데 사용됩니다. 일반적으로, 연구자들은 실험을 설정할 때 다음 고려사항 중 하나를 확신합니다.

- 각 검체에는 각 웰에 동일한 양의 RNA 또는 cDNA가 포함되어 있습니다.
- 로딩된 생물학적 검체의 양 차이는 소프트웨어 이외의 데이터 분석에서 몇 가지 방법으로 실행한 후 정규화됩니다. 예를 들어, 연구자는 상대 수량 값을 정규화 계수 즉, 각 검체에 로딩된 핵산의 질량 또는 핵산이 분리된 세포 수로 나누기로 선택할 수도 있습니다.

## 상대 수량( $\Delta C_q$ ) 분석 실행 방법

- ▶ 오른쪽 창의 Mode(모드) 드롭다운 목록에 있는 Gene Expression(유전자 발현) 탭에서 Relative Quantity(상대 수량( $\Delta C_q$ ))를 선택하십시오.

**팁:** 결과를 다른 유전자 발현 실행의 데이터와 비교하려면 새 유전자 연구를 열거나 데이터 파일을 기존 유전자 연구에 추가하십시오.

## 차트 보기 변경 및 주석 달기

차트 툴바 메뉴 명령과 데이터 분석 차트 도구를 사용하여 차트 보기를 변경하고, 각 차트에 주석을 달고 차트 표시를 변경할 수 있습니다. 차트 툴바는 화면 하단 차트와 데이터 분석 스프레드시트 사이에 나타납니다.

### 차트 툴바 도구

**팁:** 데이터 분석 차트의 오른쪽에 나타나는 차트 도구에 관한 내용은 [196페이지의 차트](#)를 참조하십시오.

차트 아래의 툴바를 통해 주석 도구에 빠르게 액세스할 수 있습니다.



표31에는 차트 툴바에 있는 버튼의 기능이 나열됩니다.

표31. 차트 툴바










버튼	이름	기능
	Bar Chart(막대 차트)	표적의 상대적 발현을 표시합니다.
	Box and whisker chart(상자 수염 차트)	데이터를 사분위수 범위로 표시합니다(계산 세부 내용은 <a href="#">288페이지의 상자수염 차트 계산</a> 참조). <b>참고:</b> Analyze Using(분석 사용)이 Biological Groups Only(생물학적 집단만)로 설정되어 있을 경우에만 사용 가능.
	Dot plot chart(점 도표 차트)	각 표적에 대한 개별 검체 데이터 포인트를 표시합니다. <b>참고:</b> Analyze Using(분석 사용)이 Biological Groups Only(생물학적 집단만)로 설정되어 있을 경우에만 사용 가능.
	Add Arrow(화살표 추가)	활성 차트에서 화살표를 그립니다.
	Add Circle(원 추가)	활성 차트에서 원을 그립니다.
	Add Text(텍스트 추가)	텍스트 장사를 활성 차트에 추가하여, 여기에 텍스트를 추가하여 차트에서 관심 항목을 확인할 수 있습니다.
	Undo(실행 취소)	활성 차트에서 수행된 마지막 주석을 삭제하거나 되돌립니다.

표31. 차트 툴바, 계속

버튼	이름	기능
	Redo(다시 실행)	활성 차트에서 수행된 마지막 실행 취소 작업을 되돌립니다.
	Clear All(모두 지우기)	활성 차트에서 모든 주석을 지웁니다.

### 표적, 검체, 생물학적 집단 데이터 정렬

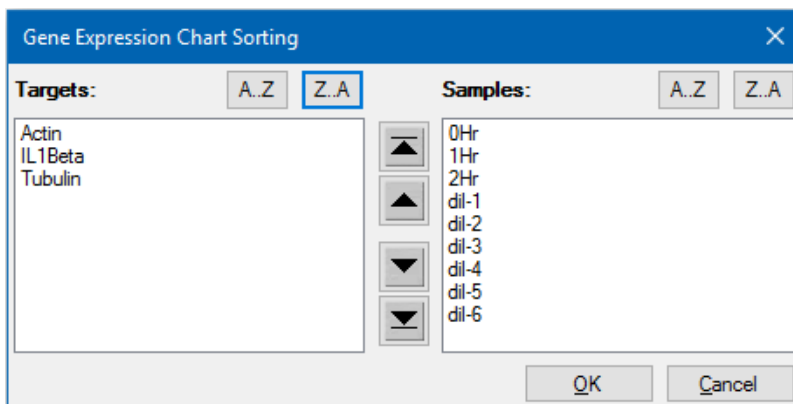
**참고:** 이 옵션은 유전자 발현 차트에서만 사용할 수 있습니다.

기본적으로 표적, 검체, 생물학적 집단 목록은 알파벳 순서로 표시됩니다. 알파벳 역순으로 표시하거나 목록의 다른 위치로 항목을 수동으로 옮기려면 Sort(정렬) 대화 상자를 사용하십시오.

#### 표적, 검체, 생물학적 집단 데이터 정렬 방법

1. 차트 도구에서 Export(내보내기)를 클릭합니다.

Gene Expression Chart Sorting(유전자 발현 차트 정렬) 대화 상자가 표시됩니다.



2. 대화 상자에서 Z-A를 클릭하여 알파벳 역순으로 목록을 정렬합니다.
3. 항목을 수동으로 옮기려면 항목을 선택하고 차트에서 해당하는 버튼을 클릭합니다.
  - 위 또는 아래 화살표를 클릭하여 선택한 항목을 한 칸씩 옮기십시오.
  - 위 또는 아래 화살표를 사용하여 선택한 항목을 목록의 위 또는 아래로 옮기십시오.
4. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Gene Expression(유전자 발현) 탭으로 돌아갑니다.

## 표적, 검체 및 생물학적 집단 색상 설정 변경

Color Settings(색상 설정) 대화 상자를 사용하여 표적, 검체 또는 생물학적 집단의 색상을 변경하거나 그래프에서 항목을 삭제하십시오.

### 표적 색상 설정 변경 방법

1. Gene Expression(유전자 발현) 대화 상자의 오른쪽 창에서 검체가 X축 드롭다운 목록에 나타나는지 확인합니다.
2. Chart Tools(차트 도구)에서 Color Settings(색상 설정)을 선택합니다.  
Color Settings(색상 설정) 대화 상자가 나타납니다.
3. 표적에 대한 디스플레이 색상을 변경하려면 Color(색상) 열에서 그 색상을 클릭합니다.
4. 나타나는 Color(색상) 대화 상자에서 새 색상을 선택하고 OK(확인)를 클릭합니다.
5. Gene Expression(유전자 발현) 그래프에서 표적을 제거하려면 Show Chart(차트 표시) 열에서 해당 확인란을 해제합니다.

**팁:** 모든 표적을 지우려면 열 제목에 있는 Show Chart(차트 표시)를 지우십시오.

6. (옵션) 바는 기본적으로 단색으로 나타납니다. 그라데이션 색상으로 바를 표시하려면, Use Solid Colors(단색 사용)를 선택 취소합니다.
7. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Gene Expression(유전자 발현) 탭으로 돌아갑니다.

### 검체 또는 생물학적 집단 색상 설정 변경 방법

1. Gene Expression(유전자 발현) 대화 상자의 오른쪽 창에서 표적이 X축 드롭다운 목록에 나타나는지 확인합니다.
2. [256페이지의 표적 색상 설정 변경 방법](#)에서 단계를 수행합니다.

## 차트 보기 변경하기

### 현재 차트 보기를 변경하는 방법

- ▶ 표적 보기에 대한 툴바 메뉴 명령어를 선택하십시오.

**참고:** Gene Expression(유전자 발현) 탭은 항상 기본값 Bar Chart(막대 차트) 보기로 데이터를 표시하면서 열립니다.

## 이상치 데이터 포인트 제외하기

Dot Plot(점 도표) 차트에서는 분석에서 이상치를 쉽게 확인하고 제외할 수 있습니다.

### 이상치 데이터 포인트 제외 방법

- ▶ Dot Plot(점 도표) 차트에서 표적 이상치를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Exclude Well from Analysis(분석에서 웰 제외)를 선택하십시오.

Dot Plot(점 도표) 차트에서 데이터 포인트가 제거되고 Quantification(정량) 탭의 Well Selector(웰 선택기)에서 웰이 회색으로 바뀝니다.

### 제외된 이상치 데이터 포인트 포함 방법

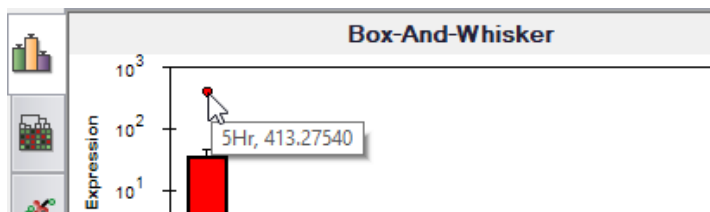
- ▶ Quantification(정량) 탭에서 Well Selector(웰 선택기)의 웰을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭한 다음 Well(웰) > Include in Analysis(분석에 포함)를 선택하십시오.

## 데이터 포인트 세부 사항 보기

### 데이터 포인트 세부 사항을 보는 방법

- ▶ 상자 수염 플롯 또는 점 도표에서 개별 데이터 포인트에 잠시 커서를 두십시오.

말풍선이 표시되며 검체명과 발현(선택한 모드에 따라 상대 수량 또는 표준화 발현)이 표시됩니다.



## 차트에 주석 달기

명확한 데이터 전달을 위해 각 막대 차트 보기에 화살표, 원, 텍스트를 추가할 수 있습니다. 주석은 막대 차트와 함께 저장되며 내보내기나 인쇄된 파일에 표시됩니다. 그러나 하나의 차트 보기에 달린 주석은 다른 차트 보기에는 추가되지 않습니다.

### 차트에 화살표 또는 원을 그리는 방법

1. 막대 차트 툴바에서 해당 툴을 클릭합니다.
2. 막대 차트에서 클릭한 다음 차트의 필요한 곳으로 커서를 끕니다.

### 차트에 텍스트를 추가하는 방법

1. 막대 차트 툴바에서 Add(추가) 텍스트를 클릭합니다.
2. 막대 차트에서 클릭합니다. 해당 위치에 텍스트 상자가 나타납니다.

3. 텍스트 상자에 텍스트를 추가합니다.
4. 텍스트 상자를 종료하려면 차트의 아무 곳이나 클릭합니다.

**팁:** 텍스트 상자에서 여러 줄을 추가하려면 Enter 키를 누르십시오.

#### **주석 이동 방법**

1. 주석 위에 커서를 놓습니다. 아이콘이 손가락 모양으로 바뀌고 주석 가장자리가 강조표시됩니다.
2. 주석을 클릭하고 다른 위치로 끕니다.
3. 주석을 놓아 위치를 고정합니다.

#### **주석 실행 취소 방법**

- ▶ Undo(실행 취소)를 클릭하십시오.  
가장 최근에 추가된 주석이 삭제됩니다.

**팁:** 한 번에 한 개씩 최근 주석 열 개를 실행 취소할 수 있습니다.

#### **주석 다시 실행 방법**

- ▶ Redo(다시 실행)를 클릭하십시오.  
가장 최근에 삭제된 주석이 다시 생깁니다.

**팁:** 한 번에 한 개씩 최근 주석 열 개를 다시 실행할 수 있습니다.

#### **주석 삭제 방법**

- ▶ 주석을 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Delete(삭제)를 선택하십시오.



## 유전자 발현 데이터 조정

분석 모드를 선택한 후 표준화 발현( $\Delta\Delta Cq$ ) 또는 상대 수량( $\Delta Cq$ ), 차트 오른쪽의 설정 옵션을 변경하여 Gene Expression(유전자 발현) 탭에서 표시되는 데이터를 조정하십시오.

**팁:** User Preferences(사용자 기본 설정) 대화 상자의 Gene Expression(유전자 발현) 데이터 옵션 기본값을 설정하십시오(89페이지의 기본값 유전자 발현 데이터 파일 파라미터 설정 참조).

### 그래프 데이터

Y축 값을 Linear(선형) 스케일로 설정하여 그래프 데이터 옵션을 활성화하십시오. 그래프 데이터 옵션을 사용하면 그래프의 데이터를 아래 옵션 중 하나로 표시할 수 있습니다.

- Relative to control(대조군 기준) — 데이터를 0부터 1까지의 축 배율 그래프로 나타냅니다. 실행에 대조군을 할당할 경우 이 옵션을 선택하여 표적의 상향조절 및 하향조절을 빠르게 시각화하십시오.
- Relative to zero(0 기준) — 0을 원점으로 데이터 그래프를 나타냅니다.

### 분석기 사용

드롭다운 메뉴를 사용하여 데이터 분석 방법과 도표 작성 방법을 선택하십시오. 옵션은 다음과 같습니다.

- Samples Only(검체만) — 검체 단위로 데이터를 분석하고 도표 작성을 합니다.
- Biological Groups Only(생물학적 집단만) — 생물학적 집단에 대해 데이터를 분석하고 도표 작성을 합니다. 생물학적 집단에 대해 표시된 발현은 이 집단에 대한 검체의 기하 평균입니다.
- Sample Biological Group(검체 생물학적 집단) — 검체명 뒤에 생물학적 집단이 추가된 검체 단위로 데이터를 분석하고 도표 작성을 합니다. 표시된 P-값은 생물학적 집단을 기반으로 계산됩니다.
- Biological Group Sample(생물학적 집단 검체) — 검체명 앞에 생물학적 집단이 추가된 검체 단위로 데이터를 분석하고 도표 작성을 합니다. 표시된 P-값은 생물학적 집단을 기반으로 계산됩니다.

(대조군 검체) 드롭다운 메뉴를 사용하여 상대 수량을 정규화하는 데 사용할 검체를 선택합니다.

### P-값 및 P-값 역치값 주석 달기

Annotate P-Value(P-값 주석 달기)를 선택한 경우 소프트웨어는 P-값이 선택한 역치값 미만일 경우 막대 차트의 표적 위에 별표(\*)를 표시합니다. 소프트웨어는 표준 t-검정으로 검체의 발현 수준과 선택한 대조군 검체의 발현 수준을 비교하여 P-값을 자동으로 계산합니다. P-값 역치값 범위는 0.000~1.000입니다.

### X축 옵션

x축 옵션을 사용하여 Gene Expression(유전자 발현) 차트의 x축 데이터를 선택할 수 있습니다.

- Target(표적) — X축에 표적 이름을 그래프로 표시합니다.
- Sample(검체) — X축에 검체명을 그래프로 표시합니다.

## Y축 옵션

Y축 옵션을 사용하면 아래 배율 중 하나로 Gene Expression(유전자 발현) 차트를 표시할 수 있습니다.

- Linear(선형) — 선형 스케일로 표시하려면 이 옵션을 선택하십시오.  
    **팁:** Y축을 Linear(선형)로 설정하면 Graph Data(그래프 데이터) 드롭다운 목록이 활성화되며, 이 목록에서 대조군 또는 0을 기준으로 그래프 데이터를 선택할 수 있습니다.
- Log 2(로그 2) — 큰 동적 범위 전반적으로 검체를 평가하려면 이 옵션을 선택하십시오.
- Log 10(로그 10) — 매우 큰 동적 범위 전체에서 검체를 평가하려면 이 옵션을 선택하십시오.

## 배율 옵션

Normalized Gene Expression ( $\Delta\Delta C_q$ )(정규화 유전자 발현)을 선택하고 None(없음)으로 설정하여 Gene Expression(유전자 발현) 차트의 배율 옵션을 사용하십시오. 배율 옵션 중 하나를 선택하여 실행 설계에 가장 적합한 방식으로 데이터를 계산하고 표시하십시오.

- Unscaled(미조정) — 조정하지 않고 정규화 유전자 발현을 표시합니다.
- Highest(최고) — 각 검체의 발현 수준을 모든 검체 중 가장 높은 발현 수준으로 나누어 각 표적의 정규화 유전자 발현을 조정합니다.  
    이 배율 옵션은 최고 조정 공식을 사용합니다.
- Lowest(최저) — 각 검체의 발현 수준을 모든 검체 중 가장 낮은 발현 수준으로 나누어 각 표적의 정규화 유전자 발현을 조정합니다.  
    이 배율 옵션은 최저 조정 공식을 사용합니다.
- Average(평균) — 각 검체의 발현 수준을 모든 검체 발현 수준의 기하평균으로 나누어 각 표적의 정규화 유전자 발현을 조정합니다.  
    이 옵션은 평균 조정 공식을 사용합니다.

Gene Expression(유전자 발현) 차트에서 오차 계산(오차 바) 유형에 대한 옵션을 선택하십시오.

## 차트 오차 막대 승수

Gene Expression(유전자 발현) 차트의 오차 막대 승수를 선택하십시오. 다음 정수 중 하나를 선택합니다.

- +/- 1(기본값)
- 2
- 3

오차 막대를 선택하면 승수 유형이 변경됩니다.

- 평균 표준 오차인 경우 SEM
- 표준 편차인 경우 Std Dev

## 실험 설정

**팁:** 이 대화 상자는 Plate Editor(플레이트 편집기)에서도 사용 가능합니다. 자세한 내용은 [147페이지의 실험 설정 변경](#)을 참조하십시오.

Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자에서는 표적, 검체 또는 생물학적 집단 목록을 보거나 변경할 수 있고 기준 유전자를 선택하고 대조군을 선택하거나 분석할 Gene Expression Analysis(유전자 발현) 그룹을 설정할 수 있습니다(생물학적 집단이 월에 추가된 경우).

### 실험 설정 대화 상자를 여는 방법

- ▶ Graphing(그래프 표시)의 오른쪽 창 하단에 있는 Experiment Settings(실험 설정)를 클릭하십시오. Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자가 나타나 Targets(표적) 탭을 표시합니다.

### 표적 설정 조정 방법

- ▶ Targets(표적) 탭에서 다음 작업 중 하나를 수행합니다.
  - 표적을 유전자 발현 데이터 분석의 참조로 선택하려면 Reference(참조) 열에서 해당 이름을 선택하십시오.
  - 표적 색상을 변경하려면 Color(색상) 열에서 해당 셀을 클릭한 후 표시되는 Color(색상) 대화 상자에서 색상을 변경하십시오.  
색상 변경 사항은 Gene Expression(유전자 발현) 차트에 표시됩니다.
  - 이전에 지정된 효율 값을 사용하려면 Auto Efficiency(자동 효율) 열에서 표적의 확인란을 선택 해제하고 표적의 효율 백분율 수치를 입력하십시오.  
표적의 데이터에 표준 곡선이 포함된 경우에는 소프트웨어가 Auto Efficiency(자동 효율)를 사용하는 표적의 상대 효율을 계산합니다.

### 검체 설정 조정 방법

- ▶ Samples(검체) 탭에서 다음 작업 중 하나를 수행합니다.
  - 검체를 유전자 발현 데이터 분석의 대조군으로 선택하려면 Control(대조군) 열에서 해당 이름을 선택하십시오.
  - 검체 집단의 색상을 변경하려면 Color(색상) 열에서 해당 셀을 클릭한 후 표시되는 Color(색상) 대화 상자에서 색상을 변경하십시오.  
색상 변경 사항은 Gene Expression(유전자 발현) 차트에 표시됩니다.

- Gene Expression(유전자 발현) 차트에서 검체를 표시하려면 Show Chart(차트 표시) 열에서 해당 검체 또는 생물학적 집단을 선택하십시오.
- Gene Expression(유전자 발현) 차트에서 검체를 제거하려면 Show Chart(차트 표시) 열에서 해당 검체 또는 생물학적 집단을 삭제하십시오.

**팁:** 검체 데이터는 Results(결과) 표에 그대로 남아 있습니다.

### 분석 계산에서 검체 유형을 제외하는 방법

- ▶ Experiment Settings(실험 설정) 대화 상자 하단에서 해당 확인란을 선택하십시오.

**참고:** 이 작업을 통해 유전자 발현 분석에서 대조군 및/또는 표준이 제외됩니다.

## 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션

유전자 발현 차트에서 오른쪽 표32에 표시된 항목을 선택합니다.

**표32. 유전자 발현 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 항목**

항목	기능
Copy(복사)	차트를 클립보드에 복사합니다.
Save Image As(이미지를 다른 이름으로 저장)	차트를 이미지 파일로 저장합니다. 이미지의 해상도와 크기를 설정한 다음 파일 유형(PNG, JPG, 또는 BMP)을 선택합니다.
Page Setup(페이지 설정)	인쇄를 위한 페이지 설정을 선택합니다.
Print(인쇄)	차트를 인쇄합니다.
Set Scale to Default(배율을 기본 값으로 설정)	Show All (모두 표시)은 막대 차트에 모든 데이터를 표시합니다. Scroll Bar(스크롤 막대)는 최소 막대 폭을 유지하면서 차트 프레임에 표시할 검체가 너무 많을 경우 스크롤 막대를 표시합니다.
Chart Settings(차트 설정)	Chart Settings(차트 설정) 창을 열어 그래프를 조정합니다.
Sort(정렬)	차트 x축에 나타나는 검체나 표적의 순서를 정렬합니다.
Use Corrected Std Devs(수정 표준편차 공식 사용)	수정 표준편차 공식을 사용하여 오차 막대를 계산합니다.
Use Solid Bar Colors(단색 막대 사용)	차트에 단색 막대를 표시합니다.
X-Axis Labels(X축 라벨)	X축 라벨을 수평이나 비스듬하게 표시합니다.

## 데이터 스프레드시트

표33에는 Gene Expression Data Table(유전자 발현 데이터 표)에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

참고: 표의 값들은 도표 유형과 오른쪽 창에서 선택된 기본 설정을 바탕으로 계산됩니다.

표33. (도표화 막대 차트) 탭의 스프레드시트 내 정보에 대한 설명

정보	설명
표적	Experiment Settings(실험 설정) 창에서 선택된 표적 이름(증폭된 유전자).
생물학적 집단 검체 생물학적 집단 생물학적 집단 검체	Experiment Settings(실험 설정) 창에서 선택된 검체 및/또는 생물학적 집단 이름.
Control	Experiment Settings(실험 설정) 창에서 선택된 대조군 이름. Analyze Using(분석 사용)이 Samples Only(검체만)로 설정되어 있을 경우, Experiment Settings(실험 설정) 창에서 Control(대조군)이 검체로 선택됩니다. Biological Groups Only(생물학적 집단만), Sample Biological Group(검체 생물학적 집단) 또는 Biological Group Sample(생물학적 집단 검체)를 선택할 경우 대조군은 Experiment Settings(실험 설정) 창에서 선택된 생물학적 집단입니다.
상대 수량 또는 발현	선택한 모드에 따라 상대 수량( $\Delta C_q$ ) 또는 정규화 유전자 발현( $\Delta\Delta C_q$ ).
상대 수량 또는 표현식 SEM(또는 SD)	선택한 옵션에 따라 상대 수량 또는 정규화 표현식의 평균 표준 오차(SEM) 또는 표준 편차(SD). Analyze Using(분석 사용)이 Samples Only(검체만), Sample Biological Group(검체 생물학적 집단) 또는 Biological Group Sample(생물학적 집단 검체)로 설정되어 있는 경우에만 사용 가능.
보정된 상대 수량 또는 표현식 SEM(또는 SD)	선택한 옵션에 따라 상대 수량 또는 정규화 표현식의 SEM 또는 SD에 대해 보정된 값 계산. Analyze Using(분석 사용)이 Samples Only(검체만), Sample Biological Group(검체 생물학적 집단) 또는 Biological Group Sample(생물학적 집단 검체)로 설정되어 있는 경우에만 사용 가능.
평균 $C_q$	정량 사이클의 평균(Analyze Using(분석 사용)이 Biological Groups Only(생물학적 집단만)으로 설정된 경우 표시되지 않음).
$C_q$ SEM(또는 SD)	선택한 옵션에 따라, 정량 사이클의 SEM 또는 SD(Analyze Using(분석 사용)이 Biological Groups Only(생물학적 집단만)으로 설정된 경우 표시되지 않음).

## 세부 사항 표시 옵션

표34에는 막대 차트 스프레드시트의 마우스 오른쪽 버튼 메뉴에서 Show Details(세부 사항 표시)를 선택했을 때 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

**표34. 세부 사항 표시 선택 시 막대 차트 스프레드시트의 정보**

정보	설명
Data Set(데이터 세트)	데이터 파일의 한 형광물질의 형광 데이터
Relative Quantity(상대 수량)	계산된 검체의 상대 수량
Relative Quantity SD(상대 수량 SD)	상대 수량 계산의 표준 편차
Corrected Relative Quantity SD(보정된 상대 수량 SD)	보정된 상대 수량의 계산된 표준 편차
Relative Quantity SEM(상대 수량 SEM)	상대 수량 계산의 평균 표준 오차
Corrected Relative Quantity SEM(보정된 상대 수량 SEM)	보정된 상대 수량의 계산된 평균 표준 오차
Relative Quantity(lg)(상대 수량(lg))	통계 분석에 사용되는 상대 수량의 $\log_2$
SD RQ(lg)	상대 수량의 표준 편차( $\log_2$ )
SEM Expression(lg)(SEM 발현(lg))	발현의 평균 표준 오차( $\log_2$ )
Unscaled Expression(조정되지 않은 발현)	계산된 조정되지 않은 발현
Unscaled Expression SD(조정되지 않은 발현 SD)	조정되지 않은 발현의 계산된 표준 편차
Corrected Unscaled Expression SD(보정된 조정되지 않은 발현 SD)	보정된 조정되지 않은 발현의 계산된 표준 편차
Unscaled Expression SEM(조정되지 않은 발현 SEM)	조정되지 않은 발현의 계산된 평균 표준 오차

**표34. 세부 사항 표시 선택 시 막대 차트 스프레드시트의 정보, 계속**

정보	설명
Corrected Unscaled Expression SEM(보정된 조정되지 않은 발현 SEM)	보정된 조정되지 않은 발현의 계산된 평균 표준 오차
Unscaled Expression(Ig)(조정되지 않은 발현(Ig))	조정되지 않은 발현의 Log <sub>2</sub>
SD Unscaled Expression(Ig)(조정되지 않은 발현 SD(Ig))	조정되지 않은 발현의 표준 편차(log <sub>2</sub> )
SEM Unscaled Expression(Ig)(조정되지 않은 발현 SEM(Ig))	조정되지 않은 발현의 평균 표준 오차(log <sub>2</sub> )
Expression(발현)	표준화 유전자 발현
Corrected Expression SD(보정된 발현 SD)	보정된 발현의 계산된 표준 편차
Expression SEM(발현 SEM)	발현의 평균 표준 오차
Corrected Expression SEM(보정된 발현 SEM)	보정된 발현의 계산된 평균 표준 오차
Expression(Ig)(발현(Ig))	통계 분석에 사용되는 발현(표준화 발현)의 Log <sub>2</sub>
SD Expression(Ig)(발현 SD(Ig))	발현의 표준 편차(log <sub>2</sub> )
SEM Expression(Ig)(SEM 발현(Ig))	발현의 평균 표준 오차(log <sub>2</sub> )
Mean C <sub>q</sub> (평균 C <sub>q</sub> )	정량 사이클의 평균.
C <sub>q</sub> SD	정량 사이클의 표준 편차.
C <sub>q</sub> SEM	정량 사이클의 평균 표준 오차.

## 클러스터그램

클러스터그램은 다양한 표적 및 검체의 발현 유사성 정도에 따라 계층 구조로 데이터를 표시합니다.

**참고:** 막대 차트에 상대 발현을 제외한 다른 데이터 플롯을 표시하려면 기준 표적을 선택해야 합니다.

클러스터그램 이미지는 검체 또는 표적의 상대 발현을 다음과 같이 나타냅니다.

- 상향조절(빨간색) — 더 높은 발현
- 하향조절(녹색 또는 파란색) — 더 낮은 발현
- 조절 없음(검은색)
- 계산된 값 없음(흰색 X가 있는 검은색)

색상이 밝을수록 상대 발현 차이가 큰 것입니다. 계산할 수 있는 표준화  $C_q$  값이 없을 경우 사각형은 흰색 X가 있는 검은색이 됩니다.

데이터 플롯의 바깥쪽 가장자리에는 덴드로그램이 있으며, 이는 클러스터 계층을 나타냅니다. 발현 패턴이 유사한 표적 또는 검체는 가지가 인접하며 패턴이 유사하지 않은 표적이나 검체의 가지는 더 멀리 떨어져 있습니다.

## 설정

다음 옵션을 설정할 수 있습니다.

- Cluster By(클러스터 기준) — Targets(표적), Samples(검체), Both(모두) 또는 None(없음)에서 선택합니다.
- Size(크기) — 이미지 크기를 조정하고 차트 확대율을 변경합니다.
- Split Out Replicates(복제 분할) — 개별 복제의 값을 표시합니다.

**팁:** 이런 차트의 한쪽에 있는 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴에서 이 옵션을 선택하여 에 대해 기본 빨강/녹색에서 빨강/파란색으로 색상표를 변경할 수 있습니다.

## 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션

클러스터그램용 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션은 막대 차트용 메뉴 옵션과 동일합니다. 사용 가능한 옵션에 대해서는 [262페이지의 표32](#)을 보십시오. 또한 Color Scheme(색상표)을 선택하여 차트의 기본 빨간색/녹색에서 빨간색/파란색으로 하향조절 발현을 변경하십시오.

## 데이터 스프레드시트

스프레드시트에는 표적, 검체, 정규화 표현식 값이 표시됩니다.



## 산포도

산포도는 대조군과 실험 검체 표적의 정규화 발현을 비교하여 보여줍니다. 플롯의 선은 배수 변화 역치값을 나타냅니다. 선 간 데이터 포인트는 해당 표적(유전자)의 검체 간 발현 차이가 무시할 수 있는 수준임을 나타냅니다. 선 외부의 데이터 포인트는 배수 변화 역치값을 초과하며 관심 대상일 수 있습니다.

플롯 이미지는 배수 변화 역치값을 바탕으로 한 표적 발현의 다음 변화를 보여줍니다.

- 상향조절(빨간색 원) — 상대적으로 높은 발현
- 하향조절(녹색 또는 파란색 원) — 상대적으로 낮은 발현
- 변화 없음(검은색 원)

배수 변화 역치값을 조정하려면 각 역치값 선을 클릭하고 드래그하십시오.

## 설정

다음 옵션을 설정할 수 있습니다.

- Control Sample(대조군 검체)
- Experimental Sample(실험 검체)
- Fold Change Threshold(배수 변화 역치값). 배수 변화 값을 높이거나 낮추면 플롯의 역치값 선이 그에 맞게 움직입니다.

## 오른쪽 마우스 클릭 메뉴 옵션

산포도용 마우스 오른쪽 버튼 클릭 메뉴 옵션은 막대 차트용 메뉴 옵션과 동일합니다. 사용 가능한 옵션에 대해서는 [262페이지의 표32](#)을 보십시오. 또한 플롯에서 사용하는 기호를 기본값 원을 다음 중 하나로 변경하려면 Symbol(기호)을 선택하십시오.

- 삼각형
- 십자가
- 사각형
- 다이아몬드

## 데이터 스프레드시트

스프레드시트에는 대조군 및 실험 검체의 표적 및 정규화 발현 값이 표시됩니다. 또한 표적이 표적 조절과 비교하여 상향조절되었는지 하향조절되었는지도 나타냅니다.

## 결과 스프레드시트

결과 스프레드시트는 모든 차트의 데이터를 요약합니다. 표35에는 결과 스프레드시트에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

**표35. 결과 탭의 정보**

정보	설명
표적	표적 이름(증폭된 유전자)
검체	검체명
평균 $C_q$	정량 사이클의 평균
평균 효율성 보정 $C_q$	반응 효율에 대한 조정 후 정량 사이클의 평균
정규화 발현	기준 표적에 대해 표준화된 표적 발현( $\Delta\Delta C_q$ )
상대 정규화 발현	대조 검체에 대한 표준화 발현; Fold Change
Regulation(배수 변화 조절)으로 도 불림	대조 검체에 대한 표준화 발현의 변화
조절 역치값에 비교	역치값 설정에 기초한 실험 검체의 상향조절이나 하향조절

**참고:** 복제물에 대한 데이터는 데이터 분석 탭에서 Split Out Replicate(복제물 분할)를 선택한 스프레드시트에서만 확인됩니다(다시 말해, Clustergram(클러스터그램)). 막대 차트에서 대조군 검체로 "없음"을 선택한 경우 유전자 발현 분석 스프레드시트의 발현 데이터에 차이가 있을 수도 있습니다.

## 유전자 연구

실행 간 보정기를 사용하여 한 개 이상의 실시간 PCR 실험에서 유전자 발현 데이터를 비교하여 실험 간 표준화를 수행하려면 유전자 연구를 생성하십시오. 유전자 연구에 한 개 이상의 데이터 파일(.pcrd 확장자)을 추가하여 유전자 연구를 생성하십시오. 소프트웨어는 여러 파일을 하나의 파일(.mgxd 확장자)로 그룹화합니다.

**참고:** 유전자 연구에서 분석할 수 있는 최대 검체 수는 컴퓨터 RAM 및 가상 메모리의 용량에 따라 제한적입니다.

### 실행 간 보정

별도의 실시간 PCR 실행(다시 말해, 각각 다른 플레이트에서 생성된 각각 다른 .pcrd 파일)에서 분석한 표적 사이의 실행 간 차이를 정규화하기 위해 각 검체에 대해 유전자 연구를 할 때마다 실행 간 보정을 자동으로 시도합니다.

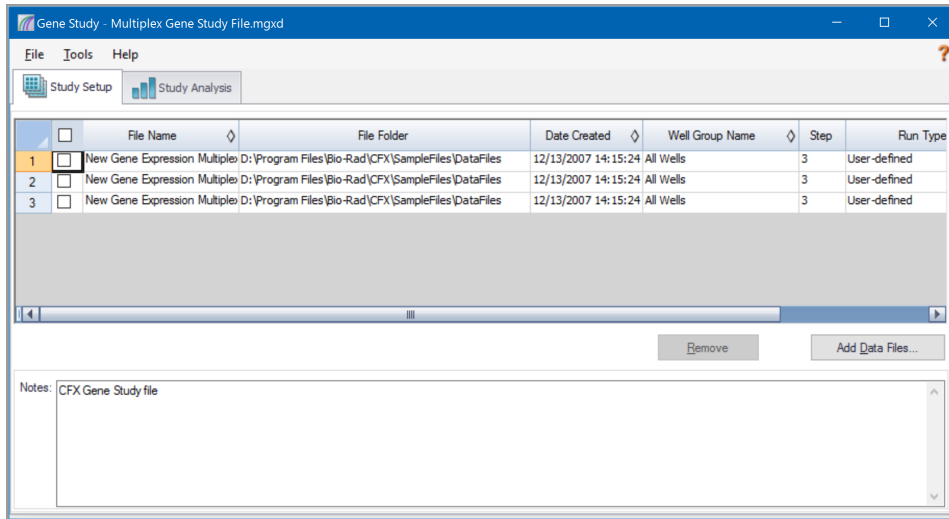
소프트웨어가 검체를 실행 간 보정기로 인식하려면 동일한 표적명, 검체명 및 비교되는 모든 플레이트에서 생물학적 세트 이름(사용되는 경우)을 공유해야 합니다.

**참고:** 유전자 연구에서 실행 간 보정이 있으려면 최소 하나의 실행 간 보정기 검체가 있어야 합니다. 적절한 실행 간 보정기 검체가 없는 표적은 유전자 연구에서 수정을 하지 않고 처리됩니다(권장되지 않음).

실행 간 보정기는 두 가지 방식으로 적용될 수 있습니다.

- 표적당 — 각각 다른 PCR 프라이머는 효율이 각각 다를 수 있습니다. 기본적으로 실행 간 보정기는 동일한 표적명이 있는 동일한 플레이트(예를 들어, 동일한 분석으로 생성된 C<sub>q</sub>)에 있는 모든 웰에 적용됩니다.
- 전체 연구 — 사용자가 하나의 실행 간 보정기를 선택하며 전체 유전자 연구에 적용됩니다.

## 유전자 연구 대화 상자



Gene Study(유전자 연구) 대화 상자에는 두 개의 탭이 있습니다.

- Study Setup(연구 설정) 탭 — 유전자 연구에서 실행을 관리합니다.

**중요:** 유전자 연구에 데이터 파일을 추가하거나 유전자 연구에서 데이터 파일을 삭제해도 기존 파일의 데이터는 바뀌지 않습니다.

- Study Analysis(연구 분석) 탭 — 통합 실행의 유전자 발현 데이터를 표시합니다.

### 연구 설정 탭

표36에는 Study Setup(연구 설정)에 표시되는 데이터가 정의되어 있습니다.

표36. 유전자 연구 대화 상자의 연구 설정 탭

열 제목	설명
File Name(파일 이름)	실행 데이터 파일(.pcrd 확장자)의 이름
File Folder(파일 폴더)	유전자 연구의 각 실행에 대한 데이터 파일이 저장된 디렉터리
Date Created(생성 날짜)	실행 데이터가 수집된 날짜

표36. 유전자 연구 대화 상자의 연구 설정 탭, 계속

열 제목	설명
Well Group Name(웰 그룹 이름)	유전자 연구에 파일이 추가될 때 선택한 웰 그룹 이름 <b>팁:</b> 유전자 연구에서 한 웰 그룹을 분석하려면 유전자 연구에 데이터 파일을 가져오기 전에 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 웰 그룹을 선택해야 합니다.
Step(단계)	실시간 PCR 데이터를 수집하는 플레이트 판독이 포함된 프로토콜 단계
Run Type(실행 유형)	사용자 정의 또는 PrimePCR™ 실행
Protocol Edited(편집한 프로토콜)	선택되어 있을 경우 PrimePCR 실행을 편집할 때 해당 프로토콜이 편집되었음을 나타냄
View Plate(플레이트 보기)	유전자 연구에 포함된 각 실행의 데이터가 있는 플레이트의 플레이트 지도 열기

## 유전자 연구 준비

### 유전자 연구 준비

- 데이터를 유전자 연구로 가져오기 전에 Data Analysis(데이터 분석) 창에서 다음을 실행합니다.
  - 동일한 내용물이 포함된 검체가 이름이 동일한지 확인하십시오. 유전자 연구에서 소프트웨어는 표적명이나 검체명이 동일한 웰에 동일한 검체가 포함되어 있다고 가정합니다.
  - Quantification(정량) 탭에서 기준선과 역치값( $C_t$ )을 조정하여 각 실행의 데이터를 최적화하십시오.
  - 유전자 연구에 포함할 웰 그룹을 선택하십시오.  
유전자 연구에서 한 웰 그룹에서 나온 데이터를 표시하려면, 데이터 파일을 가져오기 전에 그 그룹을 선택해야 합니다.

Study Setup(연구 설정) 탭에서는 유전자 연구 내 모든 실행 목록을 보여줍니다.
- Gene Study(유전자 연구) 대화 상자에서 Study Setup(연구 설정) 탭을 선택합니다.
- Add Data Files(데이터 파일 추가)를 클릭하여 브라우저 창에서 파일을 선택합니다.  
**팁:** 유전자 연구에 실행을 빠르게 추가하려면 데이터 파일(.pcrd 확장자)을 Study Setup(연구 설정) 대화 상자에 끌어서 놓으십시오.
- CFX Maestro Dx SE는 데이터 파일을 추가할 때 자동으로 유전자 연구분석을 수행합니다. Study Analysis(연구 분석) 탭을 선택하여 결과를 보십시오.

### 유전자 연구에서 실행을 삭제하는 방법

- ▶ 목록에서 하나 이상의 파일을 선택하고 Remove(삭제)를 클릭하십시오.

### 유전자 연구에 관한 메모를 추가하는 방법

- ▶ Notes(메모) 텍스트 상자에 파일과 분석에 관한 메모를 입력하십시오.

## 연구 분석 탭

Study Analysis(연구 분석) 탭에는 유전자 연구의 모든 실행에서 얻은 데이터가 표시됩니다. 유전자 발현 데이터 분석 옵션은 아래 예외 사항을 제외하고는 단일 데이터 파일과 동일합니다.

- 막대 차트에서 Inter-run Calibration(실행 간 보정)을 클릭하면 실행 간 보정 값(계산된 경우)이 표시됩니다.

**참고:** 아래 검체 유형만 실행 간 보정기로 사용할 수 있습니다.

- 알 수 없음
- 표준
- 양성 대조군

비템플릿 대조군(NTC) 및 비역전사효소 대조군(NRT) 검체 유형은 실행 간 보정기로 사용할 수 없습니다.

- Reference Gene Selection(참조 유전자 선택) 도구는 검사된 참조 유전자를 식별하고 그러한 유전자를 안정성에 따라 Ideal(이상적), Acceptable(허용 가능) 또는 Unstable(불안정)로 분류합니다.
  - 이상적인 참조 유전자는 안정적이며 검사된 검체 전체에서 최소한의 변동성을 나타냅니다.
  - 허용 가능한 참조 유전자는 이상적으로 안정적이지 않고 검사된 검체 전체에서 중간 수준의 변동성을 나타냅니다. 이상적인 참조 유전자가 없을 경우 분석에 이러한 참조 유전자를 사용하십시오.
  - 불안정한 참조 유전자는 검사된 검체 전체에서 과도한 변동성을 나타냅니다. 이러한 유전자는 분석에서 제외하는 것이 좋습니다.
- PrimePCR Controls(PrimePCR 대조군) 도구에는 검사된 검체의 결과가 표로 표시됩니다.
  - Summary(요약) 탭에는 검사된 검체의 요약이 표시됩니다. 모든 대조군 검사를 통과한 검체는 녹색으로 표시됩니다. 대조군 검사를 한 개 이상 실패한 검체는 노란색으로 표시됩니다.
  - PCR 탭에는 양성 PCR 대조군 검사 결과가 표시됩니다. 이 검사는 유전자 발현에 영향을 미치는 억제 또는 실험 문제를 검출합니다.
  - RT 탭에는 역전사 대조군 검사 결과가 표시됩니다. 이 검사는 RT 성능을 정성적으로 평가하며 RT 성능이 유전자 발현을 저해할 수 있는 검체를 식별합니다.

- gDNA 탭에는 DNA 오염 대조군 검사 결과가 표시됩니다. 이 검사는 검체에 qPCR 결과에 영향을 미칠 수 있는 수준으로 유전체 DNA(gDNA)가 존재하는지 여부를 측정합니다.
- RQ 탭에는 RNA 정성 검사 결과가 표시됩니다(RQ1 및 RQ2). 이러한 검사는 RNA 무결성이 유전자 발현에 부정적인 영향을 미칠 수 있는지 여부를 정성적으로 평가합니다.

## 유전자 연구 보고서 범주

Gene Study Report(유전자 연구 보고서) 대화 상자를 사용하여 유전자 연구 데이터를 보고서에 배열하십시오. 표37에는 유전자 연구 보고서에 이용할 수 있는 모든 옵션이 나와 있습니다.

표37. 유전자 연구 보고서 범주

범주	옵션	설명
<b>헤더</b>		
		제목, 부제목, 보고서용 로고
	Report Information(보고서 정보)	날짜, 사용자 이름, 데이터 파일 이름, 데이터 파일 경로, 선택한 웰 그룹
	Gene Study File List(유전자 연구 파일 목록)	유전자 연구 내 모든 데이터 파일의 목록
	Notes(메모)	데이터 보고서에 대한 메모
<b>Study Analysis(연구 분석): 막대 차트</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	선택한 분석 파라미터 목록
	Chart(차트)	데이터를 보여주는 유전자 발현 막대 차트
	Target Names(표적 이름)	유전자 연구 내 표적 목록
	Sample Names(검체명)	유전자 연구 내 검체 목록
	Data(데이터)	데이터를 보여주는 스프레드시트
	Target Stability(표적 안정성)	표적 안정성 데이터
	Inter-run Calibration(실행 간 보정)	실행 간 보정 데이터

**표37. 유전자 연구 보고서 범주, 계속**

범주	옵션	설명
	Box-and-Whisker Chart(상자수염 차트)	유전자 발현 상자수염 차트
	Dot-Plot Chart(점도표 차트)	유전자 발현 점도표 차트
<b>Study Analysis(연구 분석): 클러스터그램 및 산포도</b>		
	Analysis Settings(분석 설정)	각 차트 유형에 대한 설정
	Chart(차트)	데이터를 보여주는 유전자 발현 차트
	Data(데이터)	각 표적의 데이터를 나열한 스프레드시트
<b>Study Analysis(연구 분석): ANOVA Data (ANOVA 데이터)</b>		
	ANOVA Settings(ANOVA 설정)	분석에 사용된 P-값 역치값
	ANOVA Results(ANOVA 결과)	ANOVA 및 Tukey의 HSD 사후 분석 결과 표
	Shapiro-Wilk Normality Test(Shapiro-Wilk 정규성 검정)	생물학적 집단, 총수, P-값, 분석 내 각 표적에 대해 발생한 모든 오류
	ANOVA Errors(ANOVA 오차)	ANOVA 계산 중 확인된 오류



## 유전자 연구 보고서 생성하기

### 유전자 연구 보고서 생성 방법

1. 보고서를 생성하기 전에 필요에 따라 유전자 연구 보고서 데이터와 차트를 조정합니다.
2. Report(보고서) 대화 상자를 열려면 Gene Study(유전자 연구) 메뉴에서 Tools(도구) > Reports(보고서)를 선택합니다.
3. 보고서에 포함할 옵션을 선택합니다. 보고서가 선택한 기본값 옵션으로 열립니다. 확인란을 선택하거나 선택 해제하여 전체 범주 또는 범주 내 개별 옵션을 변경합니다.

273페이지의 유전자 연구 보고서 범주에 표시할 수 있는 옵션이 나와 있습니다.

4. 보고서의 범주 및 항목 순서를 변경합니다. 필요한 위치로 옵션을 끕니다. 항목은 포함된 범주 안에서만 순서를 바꿀 수 있습니다.
5. Update Report(보고서 업데이트)를 클릭하여 변경 사항을 포함하여 Report Preview(보고서 미리 보기)를 업데이트합니다.
6. 보고서를 인쇄 또는 저장합니다. 현재 보고서를 인쇄하려면 툴바에서 Print Report(보고서 인쇄) 버튼을 클릭합니다. File(파일) > Save(저장)를 선택하여 보고서를 PDF(Adobe Acrobat Reader 파일) 형식으로 저장하고 파일을 저장할 위치를 선택합니다. File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)를 선택하여 새로운 이름 또는 새로운 위치로 보고서를 저장합니다.
7. (선택 사항) 원하는 정보로 보고서 템플릿을 생성합니다. 템플릿에 현재 보고서 설정을 저장하려면 Template(템플릿) > Save(저장) 또는 Save As(다른 이름으로 저장)를 선택합니다. 그런 다음 향후 새 보고서를 만들 때 보고서 템플릿을 불러옵니다.

## 12장 유전자 발현 분석

## 부록 A 데이터 분석 계산

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition는 자동으로 공식을 계산하고 결과를 Data Analysis(데이터 분석) 탭에 표시합니다. 이 부록에서는 CFX Maestro Dx SE가 공식을 계산하는 방법을 상세히 설명합니다.

### 반응 효율

유전자 발현 데이터를 분석할 때 각 프라이머와 프로브의 효율에 대해 정확한 측정 수단을 사용하면 더욱 정확한 결과를 얻을 수 있다는 증거가 있습니다. 유전자 발현 계산에 사용되는 효율의 기본값은 100%입니다. 반응 효율을 평가하려면 상대 동적 범위 전반에서 대표 검체의 연속 희석을 사용하여 표준 곡선을 생성한 다음 이후 유전자 발현 분석에 대한 효율을 기록하십시오. 실행에 표준 곡선이 포함되어 있으면 소프트웨어가 효율을 자동으로 계산하고, Experiment Settings(실험 설정) 창의 Target(표적) 탭에 Auto Efficiency(자동 효율)이 선택되어 있을 때 Quantification(정량) 탭의 Standard Curve(표준 곡선)에 이를 표시합니다.

효율 공식에서 효율(E)은 Pfaffl(2001) 및 Vandesompele 외(2002)가 설명한 "효율"을 나타냅니다. 이들 논문에서 효율 2(모든 사이클에서 완벽히 배가됨)는 이 소프트웨어에서 100% 효율과 동일합니다. 아래 수학적 관계를 사용하여 효율 계산을 소프트웨어에서 사용되는 것으로 변환할 수 있습니다.

- $E = (\% \text{ 효율} * 0.01) + 1$
- $\% \text{ 효율} = (E - 1) * 100$

### 상대 수량

검체(GOI)의 상대 수량( $\Delta C_q$ ) 공식은 다음과 같습니다.

$$\text{상대 수량}_{\text{검체}}(\text{GOI}) = E_{\text{GOI}}^{(C_{q(\text{min})} - C_{q(\text{sample})})}$$

**참고:** 정의된 대조군 검체가 없을 때 Relative Quantity(상대 수량)를 계산할 때 이 공식이 사용됩니다.

설명:

- E = 프라이머 및 프로브 세트의 효율. 이 효율성은 다음 공식으로 계산됩니다.  
(% 효율성 \* 0.01) + 1, 여기서 100 % 효율성 = 2입니다.
- $C_{q(\text{min})}$  = GOI의  $C_q$  평균이 최저치인 검체의 평균  $C_q$
- $C_{q(\text{sample})}$  = 검체의 평균  $C_q$
- GOI = 관심 유전자(표적 한 개)

## 대조군 선택 시 상대 수량

대조군 검체 또는 생물학적 집단 할당이 완료되면 관심 유전자(GOI)가 있는 모든 검체의 상대 수량(RQ)이 아래 공식으로 계산됩니다.

$$\text{상대 수량}_{\text{검체 (GOI)}} = E_{\text{GOI}} \left( C_{q(\text{대조군})} - C_{q(\text{sample})} \right)$$

설명:

- E = 프라이머 및 프로브 세트의 효율. 이 효율성은 다음 공식으로 계산됩니다.  
(% 효율성 \* 0.01) + 1, 여기서 100% 효율성 = 2입니다.
- $C_{q(\text{대조군})}$  = 대조군 검체의  $C_q$
- $C_{q(\text{sample})}$  = GOI가 있는 모든 검체의 평균  $C_q$
- GOI = 관심 유전자(표적 한 개)

## 상대 수량의 표준 편차

**중요:** 이 계산은 Analyze Using(분석 사용)이 Samples Only(검체만), Sample Biological Group(검체 생물학적 집단) 또는 Biological Group Sample(생물학적 집단 검체)로 설정되어 있는 경우에만 사용할 수 있습니다.

상대 수량의 표준 편차 공식은 다음과 같습니다.

$$SD \text{ 상대 수량} = SD C_{q\text{GOI}} \times \text{상대 수량}_{\text{검체 (GOI)}} \times \text{Ln} (E_{\text{GOI}})$$

설명:

- SD 상대 수량 = 상대 수량의 표준 편차
- $SD C_{q\text{GOI}}$  검체 = 검체의  $C_q$  표준 편차(GOI)
- 상대 수량 = 검체의 상대 수량
- E = 프라이머 및 프로브 세트의 효율. 이 효율성은 다음 공식으로 계산됩니다.  
(% 효율성 \* 0.01) + 1, 여기서 100% 효율성 = 2입니다.
- GOI = 관심 유전자(표적 한 개)

## 효율 보정 C<sub>q</sub> (C<sub>qE</sub>)

효율 보정 C<sub>q</sub> 공식:

$$C_{qE} = C_q \times (\log(E)/\log(2))$$

설명:

- E = 효율성

## 평균 효율 보정 C<sub>q</sub> (MC<sub>qE</sub>)

평균 효율 보정 C<sub>q</sub> 공식은 다음과 같습니다.

$$MC_{qE} = \frac{C_{qE} \text{ (Rep 1)} + C_{qE} \text{ (Rep 2)} + \dots + C_{qE} \text{ (Rep n)}}{n}$$

설명:

- C<sub>qE</sub> = 효율 보정 C<sub>q</sub>
- n = 복제 수

## 정규화 발현

표준화 발현( $\Delta\Delta C_q$ )은 생물학 체계에서 기준 표적(유전자나 서열)의 수량으로 표준화된 표적(유전자)의 상대 수량입니다. 기준 표적을 선택하려면, Experiment Settings(실험 설정) 창을 열어 기준 유전자 역할을 하는 각 표적에 대한 기준 열을 클릭하십시오.

계산된 상대 수량(RQ) 계산값을 사용하는 정규화 발현 공식은 다음과 같습니다.

$$\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}} = \frac{RQ_{\text{검체 (GOI)}}}{\left(RQ_{\text{검체 (참조 1)}} \times RQ_{\text{검체 (참조 2)}} \times \dots \times RQ_{\text{검체 (참조 n)}}\right)^{\frac{1}{n}}}$$

설명:

- RQ = 검체의 상대 수량
- Ref = 각 검체에서 하나 이상의 기준 표적을 포함하는 실행의 기준 표적
- GOI = 관심 유전자(표적 한 개)

기준 표적이 생물학적 체계에서 발현 수준을 변화시키지 않는다면, 표준화 발현의 계산으로 각 검체에서 나타나는 세포 수의 부하 차이 또는 편차가 설명됩니다.

## 생물학적 집단의 발현 및 상대 수량

Analyze Using(분석기 사용)을 Biological Groups Only(생물학적 집단 만)으로 설정한 경우, 소프트웨어는 생물학적 집단 내에서 검체의 평균 발현(모드 선택에 따라 표준화 발현이나 상대 수량)을 표시합니다. 발현이 일반적으로 로그 정규 분포이기 때문에, 기하 평균을 사용하여 발현의 평균을 계산합니다.

$$\text{Expression biological group} = \sqrt[n]{\text{Exp}_1 \cdot \text{Exp}_2 \cdot \dots \cdot \text{Exp}_n}$$

설명:

- $\text{Exp}_1, \text{Exp}_2, \text{Exp}_n$  = 생물학적 집단 검체의 상대 수량 또는 정규화 발현
- $n$  = 생물학적 집단 내 검체 수

## 대조군 선택 시 표준화 발현

Experiment Settings(실험 설정) 창에서 대조군 검체를 선택할 때, 소프트웨어는 대조군 검체의 발현 수준을 1로 설정합니다. 이런 경우에 소프트웨어는 모든 표적(유전자) 발현의 상대 수량을 대조군 수량(1의 값)으로 표준화합니다. 이런 정규화 발현은 대조군 선택 시 비조정 정규화 발현 분석과 동일합니다.

**참고:** 이것은 상대 정규화 발현(RNE)과 배수 변화로 알려져 있습니다.

## 정규화 발현 표준 편차

정규화 발현 값의 배율 재조정은 정규화 발현 표준 편차를 최고 또는 최저(선택한 배율 옵션에 따라) 개별 발현 수준의 정규화 발현 값으로 나누어서 구합니다. 정규화 계수의 표준 편차(SD) 공식은 아래와 같습니다.

$$SD\ NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SD\ RQ_{\text{검체 (참조 1)}}}{n \times RQ_{\text{검체 (참조 1)}}}\right)^2 + \left(\frac{SD\ RQ_{\text{검체 (참조 2)}}}{n \times RQ_{\text{검체 (참조 2)}}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SD\ RQ_{\text{검체 (참조 n)}}}{n \times RQ_{\text{검체 (참조 n)}}}\right)^2}$$

설명:

- RQ = 검체의 상대 수량
- SD = 표준 편차
- NF = 정규화 인수
- Ref = 기준 표적
- n = 참조 표적의 수

대조군 검체를 할당할 때 아래 공식으로 표시되는 이 표준 편차 배율 재조정 기능을 수행할 필요는 없습니다.

$$SD\ NE_{\text{검체 (GOI)}} = NE_{\text{검체 (GOI)}} \times \sqrt{\left(\frac{SD\ NF_{\text{검체}}}{NF_{\text{검체}}}\right)^2 + \left(\frac{SD\ RQ_{\text{검체 (GOI)}}}{RQ_{\text{검체 (GOI)}}}\right)^2}$$

설명:

- NE = 정규화 발현
- RQ = 검체의 상대 수량
- SD = 표준 편차
- GOI = 관심 유전자(표적 한 개)



## 최고 발현 수준으로 조정된 표준화 발현

실행에 대조군이 포함되지 않는 경우, 각 검체의 발현 수준을 모든 검체의 최고 발현 수준으로 나누어 각 표적(유전자)의 표준화 발현(NE)을 조정합니다. 소프트웨어는 최고 발현 수준을 1의 값으로 설정하고 모든 검체 발현 수준을 재조정합니다. 최고 크기 조정 공식은 다음과 같습니다.

$$\text{측적 정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}} = \frac{\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}}}{\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{최고 검체 (GOI)}}$$

설명:

- GOI = 관심 유전자(표적)

## 최저 발현 수준으로 조정된 표준화 발현

실행에 대조군이 포함되지 않는 경우, 각 검체의 발현 수준을 모든 검체의 최저 발현 수준으로 나누어 각 표적(유전자)의 표준화 발현(NE)을 조정합니다. 소프트웨어는 최저 발현 수준을 1의 값으로 설정하고 모든 검체 발현 수준을 재조정합니다. 최저 크기 조정 공식은 다음과 같습니다.

$$\text{측적 정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}} = \frac{\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}}}{\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{최저 검체 (GOI)}}$$

설명:

- GOI = 관심 유전자(표적)

## 평균 발현 수준으로 조정된 표준화 발현

실행에 대조군이 포함되지 않는 경우, 각 검체의 발현 수준을 모든 검체의 기하 평균 발현 수준으로 나누어 각 표적(유전자)의 표준화 발현(NE)을 조정합니다. 소프트웨어는 평균 발현 수준을 1의 값으로 설정하고 모든 검체 발현 수준을 재조정합니다. 평균 크기 조정 공식은 다음과 같습니다.

$$\text{측적 정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}} = \frac{\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{검체 (GOI)}}}{\text{정규화 Expression(발현)}_{\text{GM (GOI)}}$$

설명:

- GOI = 관심 유전자(표적)
- GM = 모든 검체에 대한 정규화 식의 기하 평균

## 조정된 표준화 발현의 표준 편차

조정된 정규화 발현(NE) 값의 배율 재조정은 정규화 발현 표준 편차(SD)를 최고(MAX) 또는 최저(MIN)(선택한 배율 옵션에 따라) 개별 발현 수준의 정규화 발현 값으로 나누어서 구합니다.

**참고:** 대조군 검체를 할당할 때 이 표준 편차 배율 재조정 기능을 수행할 필요는 없습니다.

계산 공식은 다음과 같습니다.

$$SD \text{ 측정 } NE_{\text{검체 (GOI)}} = \frac{SD \text{ NE}_{\text{검체 (GOI)}}}{NE_{\text{MAX 또는 MIN (GOI)}}$$

설명:

- NE = 정규화 발현
- SD = 표준 편차
- GOI = 관심 유전자(표적)
- MAX = 최고 발현 수준
- MIN = 최저 발현 수준

## 평균 표준 오차(lg) 및 표준 편차(lg)에 대한 오차 막대

신뢰구간과 더불어 발현  $\log_2$ 의 평균 표준 오차 또는 표준 편차를 바탕으로 생물학적 집단에 대해 오차 막대를 표시할 수도 있습니다. 오차 막대는 다음과 같이 계산됩니다.

$$\text{RQ 하한 오차 막대} = 2^{\text{RQ(lg)} - \text{SD RQ(lg)}} \text{ 또는 } 2^{\text{RQ(lg)} - \text{SEM RQ(lg)}}$$

$$\text{RQ 상한 오차 막대} = 2^{\text{RQ(lg)} + \text{SD RQ(lg)}} \text{ 또는 } 2^{\text{RQ(lg)} + \text{SEM RQ(lg)}}$$

설명:

- $\text{RQ(lg)}$  = 생물학적 집단 상대 수량의  $\log_2$
- $\text{SD RQ(lg)}$  = 상대 수량의 표준 편차( $\log_2$ )
- $\text{SEM RQ(lg)}$  = 상대 수량의 평균 표준 오차( $\log_2$ )

$$\text{발현 하한 오차 막대} = 2^{\text{Exp.(lg)} - \text{SD Exp.(lg)}} \text{ 또는 } 2^{\text{Exp.(lg)} - \text{SEM Exp.(lg)}}$$

$$\text{발현 상한 오차 막대} = 2^{\text{Exp.(lg)} + \text{SD Exp.(lg)}} \text{ 또는 } 2^{\text{Exp.(lg)} + \text{SEM Exp.(lg)}}$$

설명:

- $\text{Exp.(lg)}$  = 생물학적 집단 발현(정규화 발현)의  $\log_2$
- $\text{SD RQ(lg)}$  = 발현의 표준 편차( $\log_2$ )
- $\text{SEM RQ(lg)}$  = 발현의 평균 표준 오차( $\log_2$ )

## 배수 변화

Fold Change(배수 변화)는 실험 검체 대 대조군 검체 또는 생물학적 집단 검체에 대한 표적 발현의 증가나 감소의 척도이며 다음과 같이 측정됩니다.

발현(실험) > 발현(대조군)인 경우

$$\text{배수 변화} = \frac{\text{Expression(발현) (실험)}}{\text{Expression(발현) (대조군)}}$$

발현(실험) < 발현(대조군)인 경우

$$\text{배수 변화} = -1 / \left( \frac{\text{Expression(발현) (실험)}}{\text{Expression(발현) (대조군)}} \right)$$

**참고:** Graphing(그래프 표시)의 경우, *Expression(발현)*은 선택된 모드에 따라 상대 질량이나 정규화 발현을 바탕으로 합니다(1페이지의 [252페이지의 그래프 표시](#) 참조). 그러나 산포도 클러스터그램 배수 변화는 정규화 발현에서 항상 계산됩니다.

## 보정된 값 공식

**중요:** 이러한 계산은 Analyze Using(분석 사용)이 Samples Only(검체만), Sample Biological Group(검체 생물학적 집단) 또는 Biological Group Sample(생물학적 집단 검체)로 설정되어 있는 경우에만 사용할 수 있습니다.

실시간 PCR 실행의 일부로 표준 곡선을 생성한 경우에만 보정된 값과 보정되지 않은 값 간 차이가 확인됩니다. 소프트웨어는 오차 유전을 계산하기 위해 세 가지 방정식을 사용합니다.

- 표준 오차
- 정규화 발현 표준 오차
- 관심 정규화 유전자 표준 오차(표적)

표준 오차 공식은 아래와 같습니다.

$$\text{표준 오차} = \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

설명:

- n = 참조 표적의 수(유전자)
- SD = 표준 편차

정규화 발현 공식에서 정규화 인수의 표준 오차는 다음과 같습니다.

$$SE\ NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ RQ_{\text{검체 (참조 1)}}}{n \times SE\ RQ_{\text{검체 (참조 1)}}}\right)^2 + \left(\frac{SE\ RQ_{\text{검체 (참조 2)}}}{n \times SE\ RQ_{\text{검체 (참조 2)}}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SE\ RQ_{\text{검체 (참조 n)}}}{n \times SE\ RQ_{\text{검체 (참조 n)}}}\right)^2}$$

설명:

- n = 참조 표적의 수
- SE = 표준 오차
- NF = 정규화 인수
- RQ = 상대 수량

관심 정규화 유전자(GOI) 표준 오차 공식은 다음과 같습니다.

$$SE\ GOI_n = GOI_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ NF_n}{NF_n}\right)^2 + \left(\frac{SE\ GOI}{GOI}\right)^2}$$

설명:

- SE = 표준 오차
- GOI = 관심 유전자(표적 한 개)

- NF = 정규화 인수
- n = 참조 표적의 수

## 생물학적 집단 분석의 신뢰구간 계산

생물학적 집단을 분석할 때(Analyze Using(분석 사용)이 Biological Groups Only(생물학적 집단만)으로 설정됨) 상대 수량 및 상대 표준화 발현에 대해 신뢰구간이 계산됩니다.

신뢰구간은 아래 공식을 사용하여 t-분포를 바탕으로 하는 로그 스케일로 계산됩니다.

$$CI = \bar{X} \pm t \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

설명:

- $\bar{X}$  = 생물학적 집단 내 검체의 로그 스케일 발현 수준의 평균 발현
- $SD$  = 생물학적 집단 내 검체의 로그 스케일 발현 수준의 표준 편차
- $n$  = 생물학적 집단 내 검체 수
- $t$  = 자유도 및 유의수준을 바탕으로 한 t-분포에서 얻어짐

**참고:** 유의수준은 Graphing(그래프 표시) 탭의 P-값 및 역치값 필드로 설정할 수 있습니다.

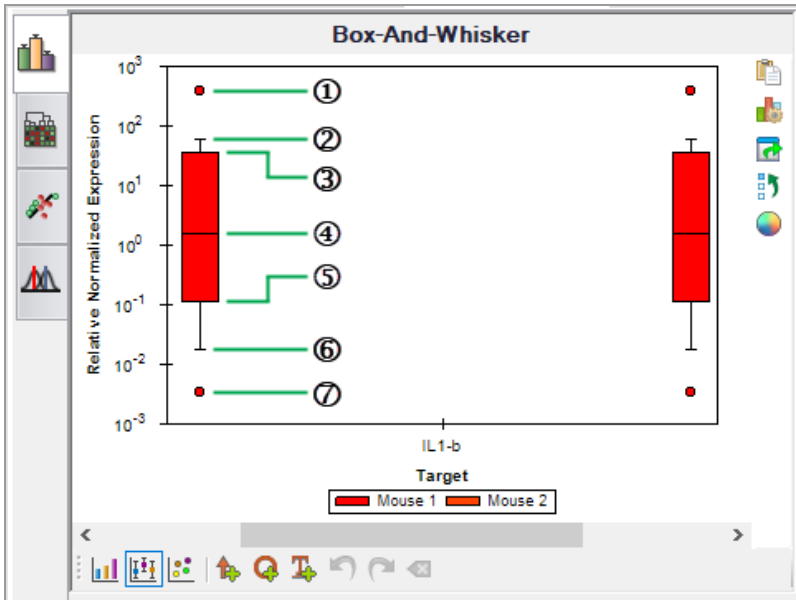
계산된 신뢰구간은 선형 스케일로 변환되며 Graphing(그래프 표시) 탭의 막대 차트와 Gene Expression Data Table(유전자 발현 데이터 표)에 제시됩니다.

## 상자수염 차트 계산

상자수염 차트에는 생물학적 집단 내 발현 값 분포가 사분위수 데이터 도표로 표시됩니다. 제1 사분위수와 제3 사분위수는 각각 상자의 하한과 상한을 나타냅니다. 중앙값은 상자를 가로지르는 실선으로 표시됩니다. 상자수염 그림의 수염은 데이터 세트 내 최소 및 최대 비이상치를 나타냅니다. 사분위수는 사분위수 간 범위의 1.5배에 해당하는 제1 사분위수 및 제3 사분위수를 초과하는 값입니다.

**참고:** 생물학적 집단에 검체가 한 개뿐일 경우 단일 데이터 포인트를 나타내는 하나의 원으로 표시됩니다.

아래 상자수염 차트는 해당 데이터가 표시되는 방식을 보여줍니다.



범례

1. 이상치. 이 이상치의 값은  $> Q3 + (1.5 \times [Q3 - Q1])$ 입니다.  
**참고:** 커서를 원 위에 놓으면 검체명과 상대 수량 또는 정규화 발현 정보(선택한 모드에 따라 다름)를 보여주는 말풍선을 볼 수 있습니다.

---

2. 최대 비이상치 경계

---

3. 상한/제3 사분위수(Q3). 발현 값 중 75%는 Q3 미만입니다.

---

4. 발현 값 순위의 중앙값 또는 근사 중앙값

---

5. 하한/1 사분위수(Q1). 발현 값 중 25%는 Q1 미만입니다.

---

6. 최소 비이상치 경계

---

7. 이상치. 이 이상치 값은  $< Q1 - (1.5 \times [Q3 - Q1])$ 입니다.

## 부록 A 데이터 분석 계산



## 부록 B 감사 추적

CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition에서 데이터 및 유전자 연구 파일(각각 .prcd 및 .mgxd 파일)에 대한 감사 추적을 생성합니다. 보안 데이터 및 유전자 연구 파일에 대한 변경사항이나 수행된 작업은 파일을 저장할 때 파일의 감사 추적에 기록됩니다. CFX Maestro Dx SE에서 각 파일에 대해 별도의 감사 추적을 생성합니다.

File(파일) > Save As(다른 이름으로 저장)을 선택하고 보안 서명 또는 서명되지 않은 데이터와 유전자 연구 파일을 다른 폴더 또는 다른 이름으로 저장할 수 있습니다. 새 파일은 원본 파일에서 감사 추적을 상속합니다. 새 파일에 대한 감사 추적에는 다른 이름으로 저장 활동도 포함됩니다. 새 파일에 대한 변경 또는 수행된 작업은 자체 감사 추적에 기록됩니다. 원본 파일은 추가 활동이 기록되는 감사 추적을 유지합니다.

[293페이지의 감사 가능한 이벤트](#)에는 소프트웨어가 기록하는 감사 가능한 이벤트가 나열되어 있습니다.

## 감사 추적 보기

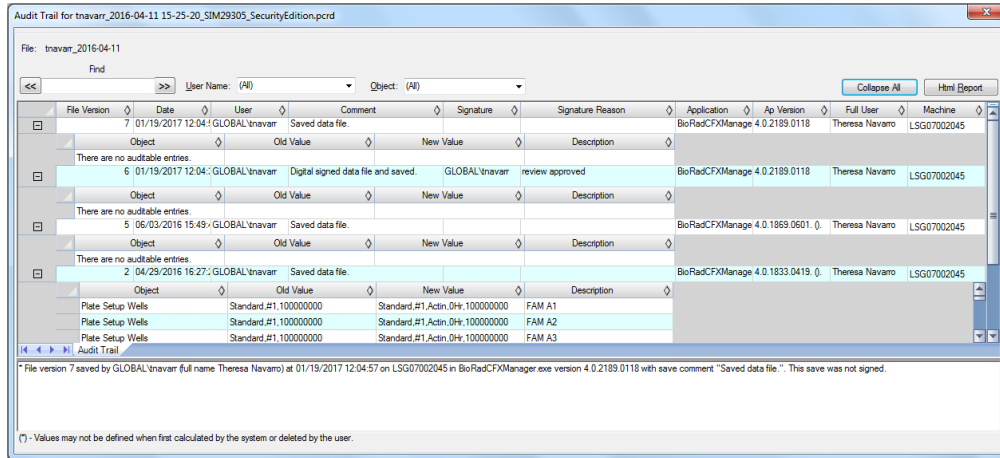
각 감사 추적은 다음 정보를 표시합니다.

- 감사 헤더 세부 사항
  - File version(파일 버전) — 파일의 저장된 버전
  - Date(날짜) — 현재 감사 가능한 이벤트의 날짜
  - User(사용자) — 로그인한 사용자의 Windows 도메인 및 사용자 이름
  - Comment(설명) — 마지막으로 저장된 설명
  - Signature(서명) — 파일에 마지막으로 서명한 사람의 전자 서명
  - Signature reason(서명 이유) — 서명 이유
  - Application(응용프로그램) — CFX Maestro Dx SE
  - Application version(응용프로그램 버전) — CFX Maestro Dx SE의 현재 버전
  - Full user(전체 사용자) — 로그인한 사용자의 전체 이름
  - Machine(컴퓨터) — CFX Maestro Dx SE가 설치된 컴퓨터
- 감사 변경 세부 사항
  - Object(개체) — 변경된 항목(감사된 항목)

- Old value(이전 값) — 이전 값
- New value(새로운 값) — 새로운 값
- Description(설명) — 변경에 대한 설명

**감사 추적을 보는 방법**

- ▶ 열려 있는 데이터 또는 유전자 연구 파일에서 View(보기) > Audit Trail(감사 추적)을 선택합니다. 파일의 감사 추적이 나타납니다.



기본적으로 데이터는 날짜 및 시간별로 정렬되며 모든 이벤트가 확장된 보기에 표시됩니다. 사용자 이름 및 개체별로 보기를 필터링하고 확장된 보기를 축소하여 헤더 필드별로 쉽게 정렬할 수 있습니다. 감사 내역을 html 보고서로 볼 수도 있습니다.

**사용자 이름으로 정렬하는 방법**

- ▶ User Name(사용자 이름) 드롭다운 목록에서 대상 사용자를 선택합니다.

**개체별로 정렬하는 방법**

- ▶ Object(개체) 드롭다운 목록에서 대상을 선택합니다.

**이벤트에 대한 전체 설명을 숨기는 방법**

- ▶ Collapse All(모두 축소)를 클릭합니다.

**변경 정보 테이블의 데이터를 정렬하는 방법**

- ▶ 오름차순 정렬을 수행하려면 데이터 열 헤더의 다이아몬드 기호를 클릭합니다(A에서 Z, 가장 작은 숫자에서 가장 큰 숫자 또는 가장 오래된 것에서 가장 최근).

### 감사 추적을 인쇄하는 방법

1. HTML Report(HTML 보고서)를 클릭하여 웹 브라우저에 감사 추적을 표시합니다.
2. 브라우저 창에서 다음 중 하나를 수행합니다.
  - File(파일) > Print(인쇄)를 선택합니다.
  - 보고서를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Print(인쇄)를 선택합니다.

## 감사 가능한 이벤트

CFX Maestro Dx SE는 데이터 및 유전자 연구 파일에서 다음과 같은 감사 가능한 이벤트를 기록합니다.

### 실행 중 감사 가능한 이벤트

- 실행 시작 시간
- 실행 시간 플레이트 편집
- 실행 시간 프로토콜 편집
- 실행 종료 시간

### 데이터 파일이 생성될 때 감사 가능한 이벤트

- 생성된 데이터 파일
- 시스템에 의해 추가된 보관된 플레이트 읽기

### 데이터 파일이 저장될 때 감사 가능한 이벤트

- 일반
  - 이름
  - 서명
  - 플레이트 설정
  - 디스플레이 웰
  - 분석된 형광물질
  - 플레이트 편집
  - 분석 모드
  - PCR 활성 웰 그룹

- 정량 탭
  - 활성 단계
  - 설정 —  $C_q$  측정 모드
  - 설정 — 기준선 설정
  - 드리프트 보정 적용
  - 설정 — 분석할 사이클
  - 설정 — 분석 모드
  - 설정 — 기준선 역치값
- 용해 곡선 탭
  - 활성 단계
  - 표시되는 피크 유형
  - 피크 분석 역치값
- 종료점 탭
  - 활성 형광물질/표적
  - 평균 사이클 종료
  - 공차 계산 방법
  - 범위 비율
- 대립 유전자 식별 탭
  - X축 및 Y축 형광물질
  - 사이클 번호 선택
  - 콜 맵 보기
- 유전자 발현 탭 — 모든 플롯
  - 실험 설정 — 표적 참조
  - 실험 설정 — 대조 검체
  - 실험 설정 — 자동 효율성
  - 실험 설정 — 효율성

- 유전자 발현 탭 — 그래프
  - 분석 모드
  - 그래프 데이터
  - X축
  - Y축
  - 배율 옵션
  - 오차 막대
  - 오차 막대 승수
  - P-값 역치값
- 유전자 발현 탭 — 클러스터그램
  - 클러스터 기준
  - 복제 분할
- 유전자 발현 탭 — 산점도
  - 대조군 생물학적 집단
  - 실험 생물학적 집단
  - 배수 변화 역치값
- 유전자 발현 탭 — ANOVA
  - P-값 역치값
- 플레이트 설정 — 플레이트 보기/편집
  - 설정 — 플레이트 유형
  - 설정 — 단위
  - 편집 도구 — 플레이트 돌리기
  - 웰 그룹
  - 플레이트 형광물질
- 플레이트 설정 — 플레이트 교체 및 PrimePCR 파일 적용
  - 플레이트 설정 가져오기

## 유전자 연구 파일에 대한 감사 변경

### 일반

- 이름
- 연구 설정 탭
  - 데이터 파일 추가/제거
- 연구 분석 탭

## 부록 C LIMS 통합

실험실 정보 관리 시스템(LIMS)과 함께 사용하도록 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition를 구성할 수 있습니다. LIMS 통합을 하려면 CFX Maestro Dx SE는 LIMS 플랫폼(LIMS 파일, \*.plrn)으로 생성된 플레이트 설정 정보, CFX Maestro Dx SE(\*.prcl)을 사용하여 생성된 프로토콜 파일, 지정된 데이터 내보내기 위치 및 지정된 내보내기 형식이 필요합니다.

실행이 완료되면 CFX Maestro Dx SE는 데이터(.pcrd) 파일을 생성하고 정의된 데이터 내보내기 폴더 위치에 저장합니다. CFX Maestro Dx SE는 .csv 형식의 LIMS 호환 데이터 파일을 생성하여 동일한 위치에 저장할 수도 있습니다.

### LIMS 호환 데이터 파일 생성

이 부록에서는 LIMS 호환 데이터 파일을 생성, 저장 및 내보내기 위한 CFX Maestro Dx SE 설정 방법을 설명합니다.

#### LIMS 폴더 및 데이터 내보내기 옵션 설정

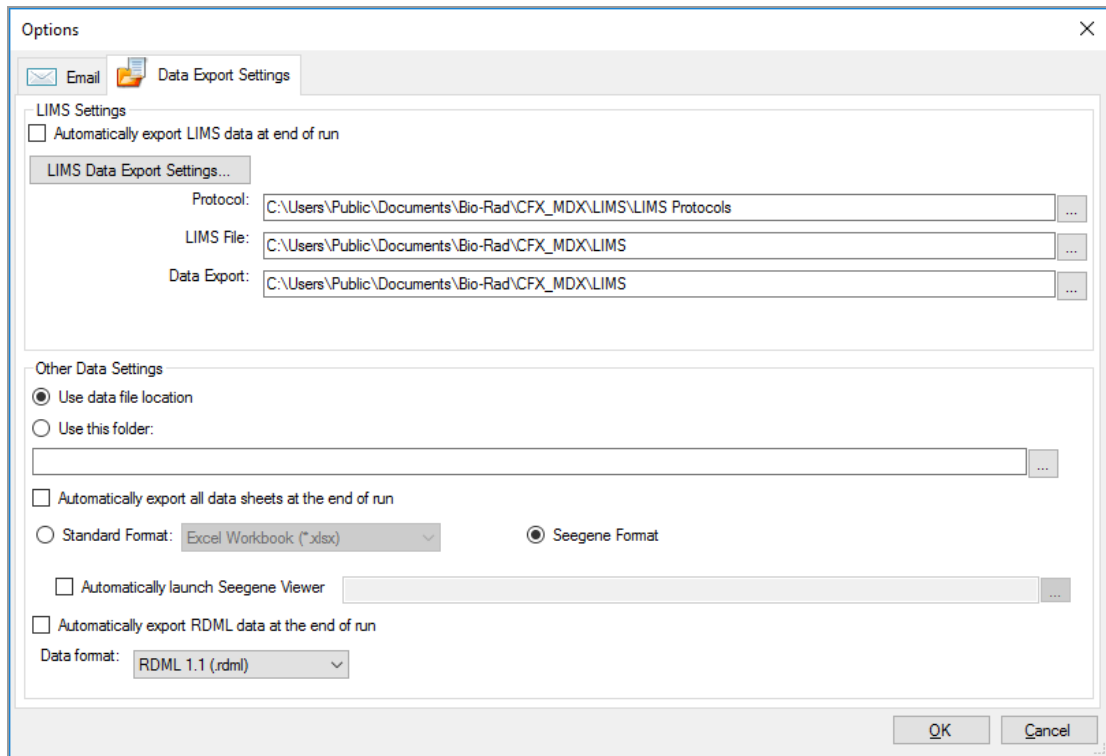
기본적으로 CFX Maestro Dx SE는 LIMS 프로토콜, 파일 및 데이터 내보내기 파일을 다음 폴더에 저장합니다.

C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_Dx\LIMS

CFX Maestro Dx SE를 구성하여 파일을 다른 폴더에 저장할 수 있으며 LIMS 데이터에 대한 내보내기 옵션을 변경할 수 있습니다.

#### LIMS 폴더 및 데이터 내보내기 옵션 설정 방법

1. Home(홈) 창에서 Tools(툴) > Options(옵션)을 선택합니다.
2. Options(옵션) 대화 상자에서 Data Export Settings(데이터 내보내기 설정)을 선택합니다.



3. (선택 사항) 실행 종료 시 LIMS 데이터 내보내기를 자동으로 선택합니다.  
소프트웨어는 각각의 실행 후에 LIMS 데이터를 자동으로 내보내며 이를 지정된 위치에 저장합니다.
4. LIMS 데이터에 대한 기본 내보내기 옵션을 변경하려면 LIMS Data Export Settings(LIMS 데이터 내보내기 설정)을 클릭합니다.  
**중요:** .csv 파일로 내보낸 LIMS 데이터만 CFX Maestro Dx SE에 가져올 수 있습니다.
5. LIMS Data Export Format Settings(LIMS 데이터 내보내기 형식 설정) 대화 상자에서 필요한 내보내기 옵션을 선택하고 OK(확인)를 클릭합니다.
6. Options(옵션) 대화 상자에서 LIMS 데이터 파일을 저장하고 싶은 기본 폴더를 탐색하고 선택합니다. 각 파일 형식에 대해 다른 위치를 선택할 수 있습니다.
  - 프로토콜
  - LIMS 파일
  - 데이터 내보내기
7. OK(확인)를 클릭하여 변경 사항을 저장하고 Options(옵션) 대화 상자를 닫습니다.



## LIMS 프로토콜 생성

LIMS 실행을 시작하려면 CFX Maestro Dx SE 프로토콜 파일(\*.prcl)을 생성하고 지정된 LIMS 프로토콜 폴더 위치에 저장하십시오.

자세한 내용은 [7장, 프로토콜 만들기](#)를 참조하십시오.

## LIMS 파일 생성

LIMS 파일(\*.plm)에는 플레이트 설정 세부 사항과 프로토콜 파일 이름이 포함됩니다. 이 파일은 내부 LIMS에서 생성됩니다. CFX Maestro Dx SE는 LIMS 파일을 사용하여 프로토콜 파일과 함께 사용할 플레이트 파일을 만듭니다.

CFX Maestro Dx SE는 사용자 지정 LIMS 플레이트 파일을 만들기 위해 편집할 수 있는 플레이트 가져오기 템플릿 파일을 제공합니다.

**팁:** 이 작업은 LIMS 전문가가 수행해야 합니다.

### LIMS 파일 생성 방법

1. Home(홈) 창에서 View(보기) > Show(표시) > LIMS File Folder(LIMS 파일 폴더)를 선택합니다.
2. LIMS Templates(LIMS 템플릿) 폴더를 열고 내부 LIMS로 가져올 .csv 파일을 선택합니다.
3. [표38](#)에 나열된 필수 필드를 작성함으로써 템플릿을 편집합니다.
4. 다음 중 하나를 수행합니다.
  - 나중에 사용할 수 있도록 변경 사항을 저장하려면 파일을 .csv 파일로 저장하십시오.
  - 변경 사항을 저장하고 파일을 즉시 사용하려면 .plm 확장자로 파일을 저장하십시오.
  - 파일명 확장자 .plm을 사용하여 LIMS File(LIMS 파일) 폴더에 템플릿을 저장하십시오.

**중요:** CFX Maestro Dx SE는 .plm 파일만 열 수 있습니다. LIMS 실행을 시작하려면 .csv 파일을 .plm으로 저장해야 합니다.

표38. LIMS .csv 파일 내용 정의

열	행	설명	내용	목적
A	1	플레이트 헤더	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
A,B,C	2	필드/데이터/지침	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
B	3	버전	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
B	4	플레이트 크기	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
B	5	플레이트 유형	"BR White", "BR Clear" 또는 기타 보정된 플레이트 유형을 입력하십시오	필수
B	6	스캔 모드	"SYBR/FAM Only.", "All Channels" 또는 "FRET"를 입력하십시오	필수
B	7	단위	"copy number", "fold dilution", "micromoles", "nanomoles", "picomoles", "femtomoles", "attomoles", "milligrams", "micrograms", "nanograms", "picograms", "femtograms", "attograms" 또는 "percent" 중 하나를 입력하십시오	필수
B	8	실행 ID	이 실행에 대한 짧은 설명이나 바코드를 입력하십시오(최대 30자, 심표 사용 불가)	옵션
B	9	실행 메모	실행 설명을 입력하십시오.	옵션
B	10	실행 프로토콜	목록에 있는 프로토콜 파일 이름을 정확히 입력하십시오.	필수
A	11	데이터 파일	데이터 파일 이름을 입력하십시오	옵션

표38. LIMS .csv 파일 내용 정의, 계속

열	행	설명	내용	목적
A	12-15	TBD/비었음	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
A	16	플레이트 데이터	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
A	17-113	웰 위치	편집하지 마십시오	사전 정의 됨
B-G		Ch1 Dye, Ch2 Dye, Ch3 Dye, Ch4 Dye, Ch5 Dye, FRET	사용되는 각 채널에 대해 한 개의 보정 염료 이름(예: "FAM")을 입력하십시오	필수
H		검체 유형	"Unknown", "Standard", "Positive Control", "Negative Control", "NTC" 또는 "NRT" 중 하나의 검체 유형을 입력하십시오	필수
I		검체명	검체명을 입력하십시오	옵션
J-O		CH1 표적, CH2 표적, CH3 표적, CH4 표적, CH5 표적, FRET 표적	사용되는 각 채널에 대한 표적 이름을 입력합니다.	옵션
P		컬렉션 이름	생물학적 세트 이름을 입력하십시오.	옵션
Q		복제	각 복제 세트에 양의 정수를 입력하십시오. 0은 입력할 수 없습니다.	옵션

표38. LIMS .csv 파일 내용 정의, 계속

열	행	설명	내용	목적
R-W		CH1 수량, CH2 수량, CH3 수량, CH4 수량, CH5 수량, FRET 수량	표준에 대한 수량 값을 입력하십시오. 십진법으로 농도를 입력하십시오.	모든 표준에 필수
X		웰 메모	웰 메모를 입력하십시오(최대 20자). <b>참고:</b> CFX Maestro Dx SE는 소프트웨어를 통해 Well Note(웰 메모)에 메모를 입력할 때 20자로 제한되지만, Well Note(웰 메모) 필드는 가져온 .plrn 파일에 포함된 경우 최대 500자를 포함할 수 있습니다. 그러나 CFX Maestro Dx SE에는 처음 20자만 표시됩니다. 내보낸 .pcrd 파일에는 Well Note(웰 메모) 필드의 모든 문자가 포함되며 데이터가 손실되지 않습니다.	옵션
Y-AD		Ch1 웰 색상, Ch2 웰 색상, Ch3 웰 색상, Ch4 웰 색상, Ch5 웰 색상, FRET 웰 색상	사용자 정의 추적 유형 색상을 32비트 정수 (argb) 십진법으로 입력하십시오	옵션

## LIMS 실행 시작

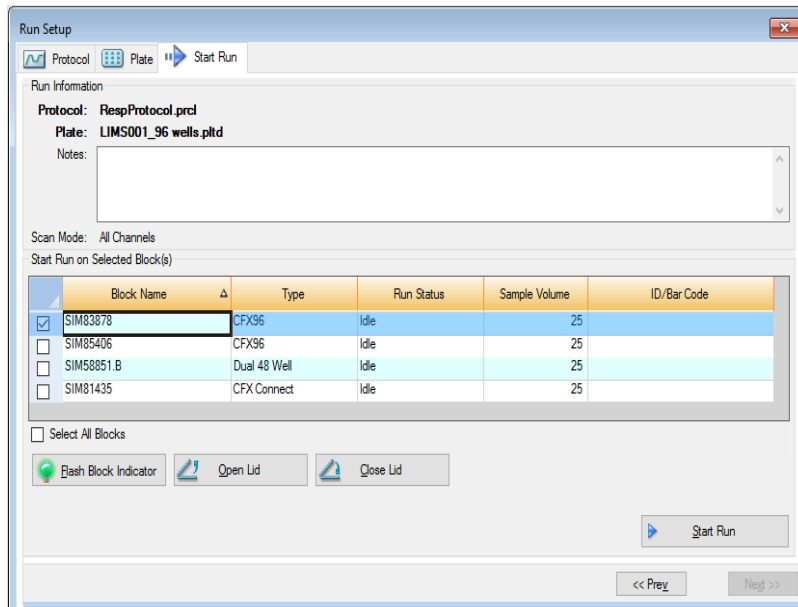
### LIMS 실행 시작 방법

- 다음 중 하나를 수행하여 LIMS .plrn 파일을 엽니다.
  - Home(홈) 창에서 View(보기) > Show(표시) > LIMS File Folder(LIMS 파일 폴더)를 선택하고 표적 .plrn 파일을 여십시오.

- Home(홈) 창에서 File(파일) > Open(열기) > LIMS File(LIMS 파일)을 선택하고 표적 .plrn 파일을 여십시오.

Run Setup wizard(실행 설정 마법사)의 Start Run(실행 시작) 탭에서 파일이 열립니다. Start Run(실행 시작) 탭에는 실험 실행 관련 정보가 표시됩니다. 또한 실험을 실행할 수 있는 연결된 기기 블록이 표시됩니다.

2. Start Run(실행 시작) 탭에서 기기를 선택하고 Start Run(실행 시작)을 클릭합니다.



## 데이터를 LIMS로 내보내기

실행이 완료되면, CFX Maestro Dx SE는 지정된 데이터 내보내기 폴더 위치에 저장할 데이터(.pcrd) 파일을 생성합니다.

### 데이터 파일을 LIMS로 내보내는 방법

- ▶ .pcrd 파일을 열고 Export(내보내기) > Export to LIMS Folder(LIMS 폴더로 내보내기)를 선택하십시오.

**팁:** LIMS Options(LIMS 옵션)에서 Automatically Export Data after Run(실행 후 자동으로 데이터 내보내기)를 선택한 경우, CFX Maestro Dx SE는 .csv 형식의 LIMS 호환 데이터 파일을 생성하고 동일한 폴더에 저장합니다.

## 부록 C LIMS 통합

## 부록 D CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 문제 해결

이 부록은 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 업그레이드 또는 실행 중에 발생할 수 있는 문제 해결을 위한 제안을 제공합니다.

### CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 파일 및 폴더 허용

바이러스 및 맬웨어로부터 보호하기 위해 IT 부서는 매우 엄격한 소프트웨어 보안 조치를 시행했을 수 있습니다. 이러한 조치는 CFX Maestro Dx SE 업그레이드 또는 실행 시간에 영향을 미칠 수 있습니다.

CFX Maestro Dx SE 성능 향상을 위해 Bio-Rad에서는 IT 부서가 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 설치된 바이러스 백신 소프트웨어의 방화벽 설정에서 다음 파일 및 폴더를 허용할 것을 권장합니다.

#### 폴더

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx
- C:\ProgramData\Bio-Rad\CFX\_MDx
- C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDx

#### 파일

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx 폴더에 있는 모든 .exe 파일
- R.exe 및 Rscript.exe(C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx\R\R-3.3.1\bin 폴더에 있음)

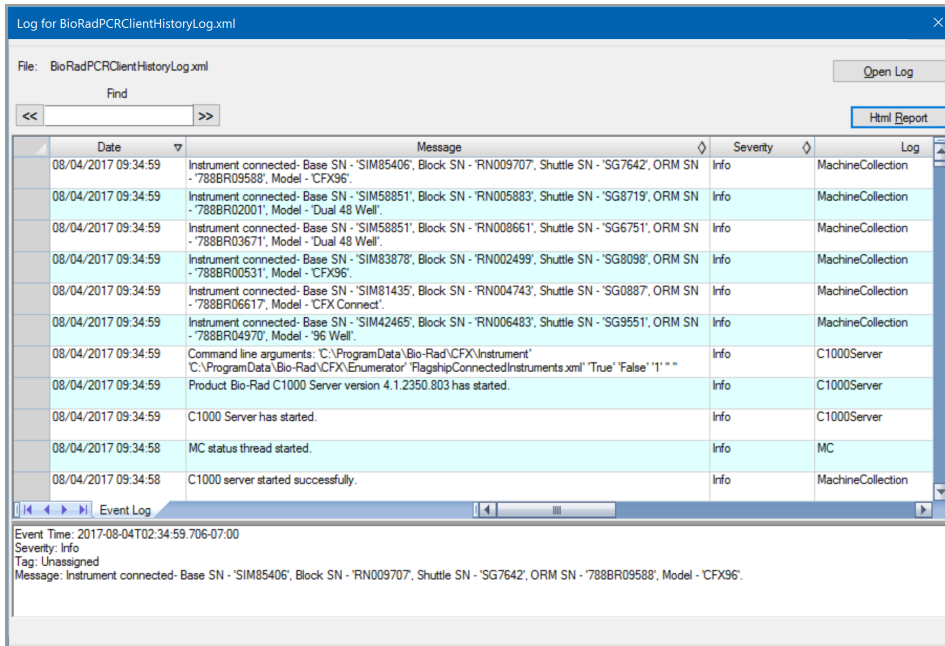
## 응용프로그램 로그

새 실행을 시작하기 전에 CFX Opus Dx 시스템은 자가 진단 테스트를 시작하여 사양 내에서 실행되고 있는지 확인합니다. 소프트웨어에서는 Run Log(실행 로그) 및 Application Log(응용프로그램 로그) 파일에 이 검사 결과를 기록합니다. 하나 이상의 실험에서 문제를 알게 된 경우, 실행 및 응용프로그램 로그를 열고 문제가 언제 시작되었는지 찾으십시오.

CFX Maestro Dx SE Dx 는 Application Log(응용프로그램 로그)에서 실행 중에 기기 상태에 관한 정보를 추적합니다. 기기 및 소프트웨어에 발생한 이벤트를 추적하고 문제 해결을 하는 데 이러한 로그를 사용하십시오.

### 응용프로그램 로그를 여는 방법

- ▶ Home(홈) 창에서 View(보기) > Application Log(응용프로그램 로그)를 선택하십시오.



응용프로그램 로그를 HTML 파일로 보려면 HTML Report(HTML 보고서) 버튼을 클릭합니다.



## 응용프로그램 및 펌웨어 로그 파일 검색

응용프로그램 및 펌웨어 로그에는 소프트웨어 사용 및 실행 중에 수행된 작업을 자세히 설명하는 정보가 포함되어 있습니다. 이 로그는 또한 소프트웨어 또는 기기 작동 중에 발생하는 모든 소프트웨어 또는 펌웨어 오류를 기록합니다.

### 응용프로그램 및 펌웨어 로그 파일에 액세스하는 방법

1. Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 기기를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭합니다.
2. Retrieve Log Files(로그 파일 검색)을 선택합니다.
3. Browse for Folder(폴더 찾아보기) 대화 상자에서 네트워크의 대상 폴더 또는 로그 파일을 저장할 로컬 드라이브를 선택합니다.

**참고:** 폴더의 제목은 "Logs"(로그)입니다.

4. OK(확인)을 클릭하여 파일을 저장합니다.

**중요:** 기존 로그 파일과 동일한 파일 이름으로 로그 파일을 저장하면 기존 로그 파일을 덮어씁니다.

## 문제 해결

일반적으로, 소프트웨어와 기기 통신 문제는 컴퓨터와 시스템을 재시작하여 해결할 수 있습니다. 재시작하기 전에 진행 중인 모든 작업을 저장하십시오.

**참고:** 컴퓨터에 충분한 RAM과 여유 디스크 공간이 있는지 확인하십시오. 최소 RAM은 4GB이며 최소 하드 디스크 공간은 128GB입니다.

## 전원 오류

전원 오류 시에는 기기와 컴퓨터가 종료됩니다. 전원 오류의 지속 시간이 짧으면 기기가 프로토콜 실행을 다시 시작하지만 응용 프로그램 로그에 전원 오류가 기록됩니다. 기기와 소프트웨어는 컴퓨터 설정과 전원 꺼짐 상태가 지속된 시간에 따라 실행을 계속 진행하려고 시도하며, 이는 프로토콜 단계마다 다르게 진행됩니다.

- 프로토콜이 플레이트 판독이 없는 단계에 있는 경우 기기 전원 회복 즉시 프로토콜이 실행을 계속합니다.
- 프로토콜이 플레이트 판독이 있는 단계에 있는 경우 기기는 소프트웨어가 다시 시작되고 데이터 수집을 위해 통신을 재개할 때까지 대기합니다. 이 경우에는 소프트웨어가 컴퓨터에 의해 종료된 것이 아닌 경우에만 프로토콜이 계속됩니다. 컴퓨터와 소프트웨어가 다시 시작되면 프로토콜이 계속됩니다.

## 파일을 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터로 전송

기기에 있는 데이터 및 로그 파일을 연결된 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터의 하드 드라이브로 전송할 수 있습니다.

**팁:** 기기 베이스에 있는 실시간 데이터 폴더의 모든 파일을 컴퓨터로 가져오십시오.

**참고:** CFX Opus Dx 기기에서는 로그 파일만 전송할 수 있습니다. 기기의 모든 로그 파일이 컴퓨터로 전송됩니다.

### 기기에서 파일을 가져오는 방법

1. Home(홈) 창의 Detected Instruments(감지된 기기) 창에서 표적 기기를 마우스 오른쪽 버튼으로 클릭하고 Retrieve Log Files(로그 파일 가져오기)를 선택합니다.
2. 가져온 파일을 저장할 폴더 위치를 선택합니다.
3. OK(확인)를 클릭합니다.

## 수동으로 CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 설치

### CFX Maestro Dx SE 수동 설치

1. 필요 시 컴퓨터에서 연결된 모든 기기를 분리합니다.  
CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에서 기기의 USB 케이블을 찾아 분리하십시오. 기기에 삽입된 말단은 제 자리에 두어도 됩니다.
2. 관리자 권한으로 CFX Maestro Dx SE 컴퓨터에 로그인합니다.
3. CFX Maestro Dx SE USB 드라이브를 컴퓨터 USB 포트에 꽂습니다.
4. Windows 탐색기에서 CFX Maestro Dx SE USB 드라이브로 이동하여 엽니다.
5. CFX 폴더를 열고 CFXMastro DxSetup.exe를 더블 클릭하여 CFX Maestro Dx SE를 설치합니다.
6. 화면에 표시된 안내에 따라 소프트웨어를 설치합니다.  
완료되면 Bio-Rad CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 시작 화면이 컴퓨터 화면에 나타나고 Bio-Rad CFX Maestro Dx 소프트웨어, Security Edition 아이콘이 바탕 화면에 나타납니다.
7. 소프트웨어 USB 드라이브를 안전하게 빼고 CFX Maestro Dx SE를 시작합니다.

## 드라이버 재설치

### 기기 드라이버 재설치 방법

- ▶ Home(홈) 창에서 Tools(도구) > Reinstall Instrument Drivers(기기 드라이버 재설치)를 선택하십시오.

**참고:** 드라이버를 재설치하고 USB 연결을 확인한 후에 소프트웨어와 실시간 시스템의 통신에 문제가 있는 경우, Bio-Rad 기술 지원부에 문의하시기 바랍니다.



## 부록 E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products

This document includes licensing information relating to free, open-source, and public-source software and data (together, the “MATERIALS”) included with or used to develop Bio-Rad products and services. The terms of the applicable free, open-source, and public-source licenses (each an “OPEN LICENSE”) govern Bio-Rad’s distribution and your use of the MATERIALS. Bio-Rad and the third-party authors, licensors, and distributors of the MATERIALS disclaim all warranties and liability arising from all use and distribution of the MATERIALS. To the extent the OSS is provided under an agreement with Bio-Rad that differs from the applicable OSS LICENSE, those terms are offered by Bio-Rad alone.

Bio-Rad has reproduced below copyright and other licensing notices appearing within the MATERIALS. While Bio-Rad seeks to provide complete and accurate copyright and licensing information for all MATERIALS, Bio-Rad does not represent or warrant that the following information is complete, correct, or error-free. MATERIALS recipients are encouraged to (a) investigate the identified MATERIALS to confirm the accuracy of the licensing information provided and (b) notify Bio-Rad of any inaccuracies or errors found in this document so that Bio-Rad may update this document accordingly.

Certain OPEN LICENSES (such as the Affero General Public Licenses, Common Development and Distribution Licenses, Common Public License, Creative Commons Share-Alike License, Eclipse Public License, Mozilla Public Licenses, GNU General Public Licenses, GNU Library/Lesser General Public Licenses, and Open Data Commons Open Database License) require that the source materials be made available to recipients or other requestors under the terms of the same OPEN LICENSE.

The corresponding open source software is available for download from the links in the section that follows.

## Software Notices

### ZedGraph

Project homepage/download site:

<https://sourceforge.net/projects/zedgraph/>

Bio-Rad source code site:

<https://github.com/bio-rad-lsg-open-source/ZedGraph-5.0.1>

External source code site:

<https://github.com/ZedGraph/ZedGraph>

Project licensing notices:

/LICENSE-LGPL.txt:

See **LGPL-2.1** in the **Standard OSS License Text** appendix to this document.

/sources/ZedGraph/LICENSE-LGPL.txt:

See **LGPL-2.1** in the **Standard OSS License Text** appendix to this document.

## Standard Open License Text

### LGPL-2.1

GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE

Version 2.1, February 1999

Copyright (C) 1991, 1999 Free Software Foundation, Inc. 59 Temple Place, Suite 330, Boston, MA 02111-1307 USA Everyone is permitted to copy and distribute verbatim copies of this license document, but changing it is not allowed.

[This is the first released version of the Lesser GPL. It also counts as the successor of the GNU Library Public License, version 2, hence the version number 2.1.]

## Preamble

The licenses for most software are designed to take away your freedom to share and change it. By contrast, the GNU General Public Licenses are intended to guarantee your freedom to share and change free software--to make sure the software is free for all its users.

This license, the Lesser General Public License, applies to some specially designated software packages--typically libraries--of the Free Software Foundation and other authors who decide to use it. You can use it too, but we suggest you first think carefully about whether this license or the ordinary General Public License is the better strategy to use in any particular case, based on the explanations below.

When we speak of free software, we are referring to freedom of use, not price. Our General Public Licenses are designed to make sure that you have the freedom to distribute copies of free software (and charge for this service if you wish); that you receive source code or can get it if you want it; that you can change the software and use pieces of it in new free programs; and that you are informed that you can do these things.

To protect your rights, we need to make restrictions that forbid distributors to deny you these rights or to ask you to surrender these rights. These restrictions translate to certain responsibilities for you if you distribute copies of the library or if you modify it.

For example, if you distribute copies of the library, whether gratis or for a fee, you must give the recipients all the rights that we gave you. You must make sure that they, too, receive or can get the source code. If you link other code with the library, you must provide complete object files to the recipients, so that they can relink them with the library after making changes to the library and recompiling it. And you must show them these terms so they know their rights.

We protect your rights with a two-step method: (1) we copyright the library, and (2) we offer you this license, which gives you legal permission to copy, distribute and/or modify the library.

To protect each distributor, we want to make it very clear that there is no warranty for the free library. Also, if the library is modified by someone else and passed on, the recipients should know that what they have is not the original version, so that the original author's

reputation will not be affected by problems that might be introduced by others.

Finally, software patents pose a constant threat to the existence of any free program. We wish to make sure that a company cannot effectively restrict the users of a free program by obtaining a restrictive license from a patent holder. Therefore, we insist that any patent license obtained for a version of the library must be consistent with the full freedom of use specified in this license.

Most GNU software, including some libraries, is covered by the ordinary GNU General Public License. This license, the GNU Lesser General Public License, applies to certain designated libraries, and is quite different from the ordinary General Public License. We use this license for certain libraries in order to permit linking those libraries into non-free programs.

When a program is linked with a library, whether statically or using a shared library, the combination of the two is legally speaking a combined work, a derivative of the original library. The ordinary General Public License therefore permits such linking only if the entire combination fits its criteria of freedom. The Lesser General Public License permits more lax criteria for linking other code with the library.

We call this license the "Lesser" General Public License because it does Less to protect the user's freedom than the ordinary General Public License. It also provides other free software developers Less of an advantage over competing non-free programs. These disadvantages are the reason we use the ordinary General Public License for many libraries. However, the Lesser license provides advantages in certain special circumstances.

For example, on rare occasions, there may be a special need to encourage the widest possible use of a certain library, so that it becomes a de-facto standard. To achieve this, non-free programs must be allowed to use the library. A more frequent case is that a free library does the same job as widely used non-free libraries. In this case, there is little to gain by limiting the free library to free software only, so we use the Lesser General Public License.

In other cases, permission to use a particular library in non-free programs enables a greater number of people to use a large body of free software. For example, permission to use the GNU C Library in non-free programs enables many more people to use the whole GNU



operating system, as well as its variant, the GNU/Linux operating system.

Although the Lesser General Public License is Less protective of the users' freedom, it does ensure that the user of a program that is linked with the Library has the freedom and the wherewithal to run that program using a modified version of the Library.

The precise terms and conditions for copying, distribution and modification follow. Pay close attention to the difference between a "work based on the library" and a "work that uses the library". The former contains code derived from the library, whereas the latter must be combined with the library in order to run.

#### GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE

#### TERMS AND CONDITIONS FOR COPYING, DISTRIBUTION AND MODIFICATION

0. This License Agreement applies to any software library or other program which contains a notice placed by the copyright holder or other authorized party saying it may be distributed under the terms of this Lesser General Public License (also called "this License"). Each licensee is addressed as "you".

A "library" means a collection of software functions and/or data prepared so as to be conveniently linked with application programs (which use some of those functions and data) to form executables.

The "Library", below, refers to any such software library or work which has been distributed under these terms. A "work based on the Library" means either the Library or any derivative work under copyright law: that is to say, a work containing the Library or a portion of it, either verbatim or with modifications and/or translated straightforwardly into another language. (Hereinafter, translation is included without limitation in the term "modification".)

"Source code" for a work means the preferred form of the work for making modifications to it. For a library, complete source code means all the source code for all modules it contains, plus any associated interface definition files, plus the scripts used to control compilation and installation of the library.

Activities other than copying, distribution and modification are not covered by this License; they are outside its scope. The act of running a program using the Library is not restricted, and output

from such a program is covered only if its contents constitute a work based on the Library (independent of the use of the Library in a tool for writing it). Whether that is true depends on what the Library does and what the program that uses the Library does.

1. You may copy and distribute verbatim copies of the Library's complete source code as you receive it, in any medium, provided that you conspicuously and appropriately publish on each copy an appropriate copyright notice and disclaimer of warranty; keep intact all the notices that refer to this License and to the absence of any warranty; and distribute a copy of this License along with the Library. You may charge a fee for the physical act of transferring a copy, and you may at your option offer warranty protection in exchange for a fee.

2. You may modify your copy or copies of the Library or any portion of it, thus forming a work based on the Library, and copy and distribute such modifications or work under the terms of Section 1 above, provided that you also meet all of these conditions:

a) The modified work must itself be a software library.

b) You must cause the files modified to carry prominent notices stating that you changed the files and the date of any change.

c) You must cause the whole of the work to be licensed at no charge to all third parties under the terms of this License.

d) If a facility in the modified Library refers to a function or a table of data to be supplied by an application program that uses the facility, other than as an argument passed when the facility is invoked, then you must make a good faith effort to ensure that, in the event an application does not supply such function or table, the facility still operates, and performs whatever part of its purpose remains meaningful. (For example, a function in a library to compute square roots has a purpose that is entirely well-defined independent of the application. Therefore, Subsection 2d requires that any application-supplied function or table used by this function must be optional: if the application does not supply it, the squareroot function must still compute square roots.)

These requirements apply to the modified work as a whole. If identifiable sections of that work are not derived from the Library, and can be reasonably considered independent and separate works in themselves, then this License, and its terms, do not apply to those sections when you distribute them as separate works. But when you

distribute the same sections as part of a whole which is a work based on the Library, the distribution of the whole must be on the terms of this License, whose permissions for other licensees extend to the entire whole, and thus to each and every part regardless of who wrote it.

Thus, it is not the intent of this section to claim rights or contest your rights to work written entirely by you; rather, the intent is to exercise the right to control the distribution of derivative or collective works based on the Library.

In addition, mere aggregation of another work not based on the Library with the Library (or with a work based on the Library) on a volume of a storage or distribution medium does not bring the other work under the scope of this License.

3. You may opt to apply the terms of the ordinary GNU General Public License instead of this License to a given copy of the Library. To do this, you must alter all the notices that refer to this License, so that they refer to the ordinary GNU General Public License, version 2, instead of to this License. (If a newer version than version 2 of the ordinary GNU General Public License has appeared, then you can specify that version instead if you wish.) Do not make any other change in these notices. Once this change is made in a given copy, it is irreversible for that copy, so the ordinary GNU General Public License applies to all subsequent copies and derivative works made from that copy. This option is useful when you wish to copy part of the code of the Library into a program that is not a library.

4. You may copy and distribute the Library (or a portion or derivative of it, under Section 2) in object code or executable form under the terms of Sections 1 and 2 above provided that you accompany it with the complete corresponding machine-readable source code, which must be distributed under the terms of Sections 1 and 2 above on a medium customarily used for software interchange. If distribution of object code is made by offering access to copy from a designated place, then offering equivalent access to copy the source code from the same place satisfies the requirement to distribute the source code, even though third parties are not compelled to copy the source along with the object code.

5. A program that contains no derivative of any portion of the Library, but is designed to work with the Library by being compiled or linked with it, is called a "work that uses the Library". Such a work, in isolation, is not a derivative work of the Library, and

therefore falls outside the scope of this License. However, linking a "work that uses the Library" with the Library creates an executable that is a derivative of the Library (because it contains portions of the Library), rather than a "work that uses the library". The executable is therefore covered by this License. Section 6 states terms for distribution of such executables. When a "work that uses the Library" uses material from a header file that is part of the Library, the object code for the work may be a derivative work of the Library even though the source code is not. Whether this is true is especially significant if the work can be linked without the Library, or if the work is itself a library. The threshold for this to be true is not precisely defined by law. If such an object file uses only numerical parameters, data structure layouts and accessors, and small macros and small inline functions (ten lines or less in length), then the use of the object file is unrestricted, regardless of whether it is legally a derivative work. (Executables containing this object code plus portions of the Library will still fall under Section 6.) Otherwise, if the work is a derivative of the Library, you may distribute the object code for the work under the terms of Section 6. Any executables containing that work also fall under Section 6, whether or not they are linked directly with the Library itself.

6. As an exception to the Sections above, you may also combine or link a "work that uses the Library" with the Library to produce a work containing portions of the Library, and distribute that work under terms of your choice, provided that the terms permit modification of the work for the customer's own use and reverse engineering for debugging such modifications. You must give prominent notice with each copy of the work that the Library is used in it and that the Library and its use are covered by this License. You must supply a copy of this License. If the work during execution displays copyright notices, you must include the copyright notice for the Library among them, as well as a reference directing the user to the copy of this License. Also, you must do one of these things:

a) Accompany the work with the complete corresponding machine-readable source code for the Library including whatever changes were used in the work (which must be distributed under Sections 1 and 2 above); and, if the work is an executable linked with the Library, with the complete machine-readable "work that uses the Library", as object code and/or source code, so that the user can modify the Library and then relink to produce a modified executable containing the modified Library. (It is understood that the user who changes the

contents of definitions files in the Library will not necessarily be able to recompile the application to use the modified definitions.)

b) Use a suitable shared library mechanism for linking with the Library. A suitable mechanism is one that (1) uses at run time a copy of the library already present on the user's computer system, rather than copying library functions into the executable, and (2) will operate properly with a modified version of the library, if the user installs one, as long as the modified version is interface-compatible with the version that the work was made with.

c) Accompany the work with a written offer, valid for at least three years, to give the same user the materials specified in Subsection 6a, above, for a charge no more than the cost of performing this distribution.

d) If distribution of the work is made by offering access to copy from a designated place, offer equivalent access to copy the above specified materials from the same place.

e) Verify that the user has already received a copy of these materials or that you have already sent this user a copy.

For an executable, the required form of the "work that uses the Library" must include any data and utility programs needed for reproducing the executable from it. However, as a special exception, the materials to be distributed need not include anything that is normally distributed (in either source or binary form) with the major components (compiler, kernel, and so on) of the operating system on which the executable runs, unless that component itself accompanies the executable.

It may happen that this requirement contradicts the license restrictions of other proprietary libraries that do not normally accompany the operating system. Such a contradiction means you cannot use both them and the Library together in an executable that you distribute.

7. You may place library facilities that are a work based on the Library side-by-side in a single library together with other library facilities not covered by this License, and distribute such a combined library, provided that the separate distribution of the work based on the Library and of the other library facilities is otherwise permitted, and provided that you do these two things:

a) Accompany the combined library with a copy of the same work based on the Library, uncombined with any other library facilities. This must be distributed under the terms of the Sections above.

b) Give prominent notice with the combined library of the fact that part of it is a work based on the Library, and explaining where to find the accompanying uncombined form of the same work.

8. You may not copy, modify, sublicense, link with, or distribute the Library except as expressly provided under this License. Any attempt otherwise to copy, modify, sublicense, link with, or distribute the Library is void, and will automatically terminate your rights under this License. However, parties who have received copies, or rights, from you under this License will not have their licenses terminated so long as such parties remain in full compliance.

9. You are not required to accept this License, since you have not signed it. However, nothing else grants you permission to modify or distribute the Library or its derivative works. These actions are

prohibited by law if you do not accept this License. Therefore, by modifying or distributing the Library (or any work based on the Library), you indicate your acceptance of this License to do so, and all its terms and conditions for copying, distributing or modifying the Library or works based on it.

10. Each time you redistribute the Library (or any work based on the Library), the recipient automatically receives a license from the original licensor to copy, distribute, link with or modify the Library subject to these terms and conditions. You may not impose any further restrictions on the recipients' exercise of the rights granted herein. You are not responsible for enforcing compliance by third parties with this License.

11. If, as a consequence of a court judgment or allegation of patent infringement or for any other reason (not limited to patent issues), conditions are imposed on you (whether by court order, agreement or otherwise) that contradict the conditions of this License, they do not excuse you from the conditions of this License. If you cannot distribute so as to satisfy simultaneously your obligations under this License and any other pertinent obligations, then as a consequence you may not distribute the Library at all. For example, if a patent license would not permit royalty-free redistribution of the Library by all those who receive copies directly or indirectly through you, then the only way you could satisfy both it and this

License would be to refrain entirely from distribution of the Library.

If any portion of this section is held invalid or unenforceable under any particular circumstance, the balance of the section is intended to apply, and the section as a whole is intended to apply in other circumstances.

It is not the purpose of this section to induce you to infringe any patents or other property right claims or to contest validity of any such claims; this section has the sole purpose of protecting the integrity of the free software distribution system which is implemented by public license practices. Many people have made generous contributions to the wide range of software distributed through that system in reliance on consistent application of that system; it is up to the author/donor to decide if he or she is willing to distribute software through any other system and a licensee cannot impose that choice. This section is intended to make thoroughly clear what is believed to be a consequence of the rest of this License.

12. If the distribution and/or use of the Library is restricted in certain countries either by patents or by copyrighted interfaces, the original copyright holder who places the Library under this License may add an explicit geographical distribution limitation excluding those countries, so that distribution is permitted only in or among countries not thus excluded. In such case, this License incorporates the limitation as if written in the body of this License.

13. The Free Software Foundation may publish revised and/or new versions of the Lesser General Public License from time to time. Such new versions will be similar in spirit to the present version, but may differ in detail to address new problems or concerns.

Each version is given a distinguishing version number. If the Library specifies a version number of this License which applies to it and "any later version", you have the option of following the terms and conditions either of that version or of any later version published by the Free Software Foundation. If the Library does not specify a license version number, you may choose any version ever published by the Free Software Foundation.

14. If you wish to incorporate parts of the Library into other free programs whose distribution conditions are incompatible with these, write to the author to ask for permission. For software which is

copyrighted by the Free Software Foundation, write to the Free Software Foundation; we sometimes make exceptions for this. Our decision will be guided by the two goals of preserving the free status of all derivatives of our free software and of promoting the sharing and reuse of software generally.

NO WARRANTY

15. BECAUSE THE LIBRARY IS LICENSED FREE OF CHARGE, THERE IS NO WARRANTY FOR THE LIBRARY, TO THE EXTENT PERMITTED BY APPLICABLE LAW. EXCEPT WHEN OTHERWISE STATED IN WRITING THE COPYRIGHT HOLDERS AND/OR OTHER PARTIES PROVIDE THE LIBRARY "AS IS" WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EITHER EXPRESSED OR IMPLIED, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. THE ENTIRE RISK AS TO THE QUALITY AND PERFORMANCE OF THE LIBRARY IS WITH YOU. SHOULD THE LIBRARY PROVE DEFECTIVE, YOU ASSUME THE COST OF ALL NECESSARY SERVICING, REPAIR OR CORRECTION.

16. IN NO EVENT UNLESS REQUIRED BY APPLICABLE LAW OR AGREED TO IN WRITING WILL ANY COPYRIGHT HOLDER, OR ANY OTHER PARTY WHO MAY MODIFY AND/OR REDISTRIBUTE THE LIBRARY AS PERMITTED ABOVE, BE LIABLE TO YOU FOR DAMAGES, INCLUDING ANY GENERAL, SPECIAL, INCIDENTAL OR CONSEQUENTIAL DAMAGES ARISING OUT OF THE USE OR INABILITY TO USE THE LIBRARY (INCLUDING BUT NOT LIMITED TO LOSS OF DATA OR DATA BEING RENDERED INACCURATE OR LOSSES SUSTAINED BY YOU OR THIRD PARTIES OR A FAILURE OF THE LIBRARY TO OPERATE WITH ANY OTHER MATERIALS), EVEN IF SUCH HOLDER OR OTHER PARTY HAS BEEN ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGES.

END OF TERMS AND CONDITIONS

How to Apply These Terms to Your New Libraries

If you develop a new library, and you want it to be of the greatest possible use to the public, we recommend making it free software that everyone can redistribute and change. You can do so by permitting redistribution under these terms (or, alternatively, under the terms of the ordinary General Public License).

To apply these terms, attach the following notices to the library. It is safest to attach them to the start of each source file to most effectively convey the exclusion of warranty; and each file should have at least the "copyright" line and a pointer to where the full notice is found.



<one line to give the library's name and a brief idea of what it does.>

Copyright (C) <year> <name of author>

This library is free software; you can redistribute it and/or modify it under the terms of the GNU Lesser General Public License as published by the Free Software Foundation; either version 2.1 of the License, or (at your option) any later version. This library is distributed in the hope that it will be useful, but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the implied warranty of MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. See the GNU Lesser General Public License for more details.

You should have received a copy of the GNU Lesser General Public License along with this library; if not, write to the Free Software Foundation, Inc., 59 Temple Place, Suite 330, Boston, MA 02111-1307 USA

Also add information on how to contact you by electronic and paper mail. You should also get your employer (if you work as a programmer) or your school, if any, to sign a "copyright disclaimer" for the library, if necessary. Here is a sample; alter the names:

Yoyodyne, Inc., hereby disclaims all copyright interest in the library `Frob' (a library for tweaking knobs) written by James Random Hacker.

<signature of Ty Coon>, 1 April 1990

Ty Coon, President of Vice

That's all there is to it!

부록 E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products

## 부록 F 참고 문헌

1. Sugimoto et al. (1996). Improved thermodynamic parameters and helix initiation factor to predict stability of DNA duplexes. *Nucleic Acids Research* 24, 4,501–4,505.
2. Breslauer KJ et al. (1986). Predicting DNA duplex stability from the base sequence. *Proc Nat Acad Sci* 83, 3,746–3,750.
3. Hellemans J et al. (2007). qBase relative quantification framework and software for management and automated analysis of real-time quantitative PCR data. *Genome Biol* 8, R19.
4. Livak JL et al. (1995). Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. *Nature Genetics* 9, 341–342.
5. Pfaffl MW (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic Acids Research* 29, 2,002–2,007.
6. Vandesompele J et al. (2002). Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. *Genome Biology* 3, 1–12.
7. Fox J (2008). *Applied Regression Analysis and Generalized Linear Models*. 2nd ed (New York: SAGE Publications, Inc.).

### **Minpack Copyright Notice (1999) University of Chicago. All rights reserved.**

다음 조건을 충족하는 경우 수정 여부에 관계없이 소스 및 바이너리 형식의 재배포 및 사용이 허용됩니다.

1. 소스 코드 재배포시 위의 저작권 표시, 본 조건 목록 및 다음의 면책 조항을 포함해야 합니다.
2. 바이너리 형식의 재배포는 문서 및/또는 배포 시에 함께 제공된 기타 자료에서 위의 저작권 표시, 조건 목록 및 다음의 면책 조항을 복사해야 합니다.
3. 재배포 시 포함되는 최종 사용자 문서가 있을 경우 다음 승인문을 포함해야 합니다.

"이 제품에는 Argonne National Laboratory의 운영자인 University of Chicago에서 개발한 소프트웨어가 포함되어 있습니다."



Bio-Rad Laboratories, Inc.  
4000 Alfred Nobel Drive  
Hercules, CA 94547



Bio-Rad  
3, boulevard Raymond Poincaré  
92430 Marnes-la-Coquette, France  
전화: +33 (0)1 47 95 60 00  
팩스: +33 (0)1 47 41 91 33  
bio-rad.com



**Bio-Rad  
Laboratories, Inc.**

Life Science  
Group

**Website** [bio-rad.com](http://bio-rad.com) **USA** 1 800 424 6723 **Australia** 61 2 9914 2800 **Austria** 00 800 00 24 67 23 **Belgium** 00 800 00 24 67 23 **Brazil** 4003 0399  
**Canada** 1 905 364 3435 **China** 86 21 6169 8500 **Czech Republic** 00 800 00 24 67 23 **Denmark** 00 800 00 24 67 23 **Finland** 00 800 00 24 67 23  
**France** 00 800 00 24 67 23 **Germany** 00 800 00 24 67 23 **Hong Kong** 852 2789 3300 **Hungary** 00 800 00 24 67 23 **India** 91 124 4029300 **Israel** 0 3 9636050  
**Italy** 00 800 00 24 67 23 **Japan** 81 3 6361 7000 **Korea** 82 2 3473 4460 **Luxembourg** 00 800 00 24 67 23 **Mexico** 52 555 488 7670  
**The Netherlands** 00 800 00 24 67 23 **New Zealand** 64 9 415 2280 **Norway** 00 800 00 24 67 23 **Poland** 00 800 00 24 67 23 **Portugal** 00 800 00 24 67 23  
**Russian Federation** 00 800 00 24 67 23 **Singapore** 65 6415 3188 **South Africa** 00 800 00 24 67 23 **Spain** 00 800 00 24 67 23 **Sweden** 00 800 00 24 67 23  
**Switzerland** 00 800 00 24 67 23 **Taiwan** 886 2 2578 7189 **Thailand** 66 2 651 8311 **United Arab Emirates** 36 1 459 6150 **United Kingdom** 00 800 00 24 67 23

