



CFX Maestro Dx SE-programvare

Brukerveiledning
Versjon 2.3

REF	
	12014330
	12014334
	12014335
	12014348
	12014349
	12016659
	12016687

Revisjon av brukerhåndbok: Mai 2022

Programvarerevisjon: 2.3



CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Brukerveiledning

Versjon 2.3



Bio-Rad™ Teknisk støtte

Bio-Rad avdeling for teknisk støtte i USA er åpen mandag til fredag fra kl. 05:00 til kl. 17:00, Pacific Time.

Telefon: +1-800-424-6723, valg 2

E-post: Support@bio-rad.com (kun USA/Canada)

For teknisk assistanse utenfor USA og Canada kontakter du den lokale leverandøren av teknisk støtte eller klikker på lenken Contact us (Kontakt oss) på [bio-rad.com](https://www.bio-rad.com).

Merknad

Ingen del av denne publikasjonen kan reproduseres eller overføres i noen form eller på noen måte, elektronisk eller mekanisk, inkludert fotokopi, opptak eller gjennom et system for lagring eller henting av informasjon, uten skriftlig tillatelse fra Bio-Rad Laboratories, Inc..

Bio-Rad forbeholder seg retten til å endre produktene og tjenestene sine til enhver tid. Denne veiledningen kan endres uten varsel. Informasjonen er riktignok utarbeidet for å sikre nøyaktighet, men Bio-Rad tar ikke ansvar for feil eller utelatelser eller for eventuell skade som oppstår som følge av bruken av denne informasjonen.

BIO-RAD er et varemerke for Bio-Rad Laboratories, Inc.

SYBR er et varemerke for Thermo Fisher Scientific Inc.

EvaGreen er et varemerke for Biotium, Inc.












Alle varemerker som brukes heri, tilhører deres respektive eier.

Copyright © 2022 av Bio-Rad Laboratories, Inc. Alle rettigheter forbeholdt.

Tiltenkt bruk

CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem™ med CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition™ er ment å utføre fluorescensbasert PCR for å påvise kvantitative nukleinsyresekvenser. Systemet og programvaren er beregnet på in vitro-diagnostisk bruk av opplærte laboratorieteknikere. Systemene er beregnet på bruk med tredjeparts diagnostiske nukleinsyretester som har blitt produsert og merket til diagnostiske formål.

Symbolforklaring

 Produsent	 Partinummer
 Brukes innen	 For in vitro diagnostisk bruk
 Temperaturgrense	 Katalognummer
 Se brukerhåndboken	 Antall tester
 For bruk med	 Serienummer
Rx Only Bare for bruk som foreskrevet	 Inneholder lateks

CE CE-merking – Forordning (EU) 2017/746 IVDR	
--	--

Øversettelser

Produktokumenter kan leveres p flere sprk p elektroniske medier.

Endringshistorikk

Dokument	Dato	Beskrivelse av endring
CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition Brukerhåndbok, 2.0 (Dok.-ID #10000135635)	Desember 2020	Ver. A, første utgivelse
CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition Brukerveiledning, 2.3 (Dok.-ID #10000135635)	Mai 2022	<ul style="list-style-type: none">■ Oppdatert for å støtte CFX Opus Deepwell Dx■ Oppdatert symboltabell■ Lagt til cybersikkerhetsnotat i introduksjonen

Innholdsfortegnelse

Tiltenkt bruk	iii
Symbolforklaring	iii
Oversettelser	iv
Endringshistorikk	v
Sikkerhet og overholdelse av krav	17
Sikkerhetsmessige advarselsetiketter	17
Sikkerhet og overholdelse av krav	19
Sikkerhetssamsvar	19
Elektromagnetisk kompatibilitet (EMC)	20
EMC-advarsler og merknader	20
Krav til omgivelsene	22
Farer	23
Biologiske farer	23
Kjemiske farer	24
Eksplosjonsfare eller brannfare	24
Elektriske farer	24
Transport	25
Batteri	25
Kassering	25
Garanti	25
Kapittel 1 Innledning	27
Hovedtrekk ved CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	29
Finne ut mer	29
Kapittel 2 Installasjon av CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	31
Systemkrav	32
Installere CFX Maestro Dx SE-programvaren	33
Detektere tilkoblede instrumenter	34
Programvarefiler	35

Kapittel 3 Administrere brukerkontoer i CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	37
Starte CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	38
Legge til Microsoft Windows-brukere på CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-datamaskinen	40
Legge til og fjerne brukere i CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	42
Administrere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-brukerroller	43
Vise din rolle og tillatelser	44
Kapittel 4 Bruke CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	45
Sikre filer	45
Kapittel 5 Arbeidsområdet	55
Startvinduet	56
Startup Wizard (Oppstartsveiviser)	57
Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering)	58
Vinduet Plate Editor (Plateredigering)	59
Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)	60
Kapittel 6 Startvinduet	61
Startvinduet	62
Kommandoer i menyen File (Fil)	63
Kommandoer i menyen View (Vis)	63
Kommandoer i menyen User (Bruker)	64
Kommandoer i menyen Run (Kjøring)	64
Kommandoer i menyen Tools (Verktøy)	65
Kommandoer i menyen Help (Hjelp)	66
Kommandoer på verktøylinjen	66
Startup Wizard (Oppstartsveiviser)	68
Statuslinje	68
Ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter)	69
Vise egenskapene til et instrument	72
Før du begynner	73
Opprette en reaksjonsmastermiks	73
Kalibrere nye fargestoffer	75
Angi brukerpreferanser	78

Kapittel 7 Opprette protokoller	95
Parametere og områder for protokolltrinn	96
Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering)	98
Kommandoer i menyen File (Fil)	98
Kommandoer i menyen Settings (Innstillinger)	99
Kommandoer i menyen Tools (Verktøy)	99
Kommandoer på verktøylinjen	99
Kontroller for protokollredigering	100
Opprette en protokoll i Protocol Editor (Protokollredigering)	104
Åpne en ny protokollfil i Protocol Editor (Protokollredigering)	104
Åpne en eksisterende protokoll i Protocol Editor (Protokollredigering)	105
Sette opp en ny protokoll	107
Legge til trinn i en protokoll	109
Sette inn et gradienttrinn	110
Sette inn et GOTO-trinn	111
Sette inn et smeltekurvetrinn	111
Legge til eller fjerne et plateavlesningstrinn	113
Endre trinnalternativer	113
Slette et trinn	114
Kopiere, eksportere eller skrive ut en protokoll	114
Opprette en protokoll med Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning)	115
Bruke Ta Calculator (Ta-kalkulator)	117
Om Ta-kalkulatoren	117
Kapittel 8 Klargjøre plater	123
Vinduet Plate Editor (Plateredigering)	124
Kommandoer i menyen File (Fil)	124
Kommandoer i menyen Edit (Rediger)	125
Kommandoer i menyen Settings (Innstillinger)	125
Kommandoer i menyen Editing Tools (Redigeringsverktøy)	125
Kommandoer på verktøylinjen	126
Opprette en platefil ved hjelp av Plate Editor (Plateredigering)	127
Åpne en ny platefil i Plate Editor (Plateredigering)	127
Åpne en eksisterende platefil i Plate Editor (Plateredigering)	129
Sette opp en ny platefil	130

Tilordne valgfrie parametere til platefilen	137
Tilordne et mål til brønner	137
Tilordne et prøvenavn til brønner	139
Tilordne biologiske grupper til brønner	141
Tilordne tekniske replikatnumre til brønner	143
Tilordne en fortyningsserie til standard prøvetyper	144
Kopiere brønninnhold til en annen brønn	146
Legge til en merknad for en brønn	146
Tømme brønner for alt innhold	147
Endre eksperimentinnstillinger	148
Opprette brønngrupper	151
Endre kurvestiler	153
Vise, eksportere og importere platen i regnearkformat	155
Opprette et plateoppsett ved hjelp av Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for plater	157
Bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for plater	157
Kapittel 9 Kjøre eksperimenter	161
Vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett)	162
Åpne vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett)	163
Fanen Protocol (Protokoll)	164
Fanen Plate	166
Fanen Start Run (Start kjøring)	169
Kjøre et eksperiment	170
Dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer)	172
Fanen Run Status (Kjøringsstatus)	172
Fanen Real-time Status (Sanntidsstatus)	175
Fanen Time Status (Tidsstatus)	178
Utføre PrimePCR-eksperimenter	179
Overføre stand-alone-data for analyse	181
Overføre data via e-post	181
Overføring av data fra CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem	181
Overføring av data gjennom CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	183
Overføre data ved bruk av en USB-stasjon	183
Overføring av data gjennom en delt nettverksstasjon med CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem ..	184
Opprette en datafil	184

Kapittel 10 Oversikt over dataanalyse	185
Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)	185
Verktøylinje i Data Analysis (Dataanalyse)	186
Menylinje i Data Analysis (Dataanalyse)	187
Informasjon om faner	190
Velger for trinnummer	190
Vise Well Groups (Brønngrupper) i Data Analysis (Dataanalyse)	191
Endre brønninnhold etter en kjøring	191
Innstillinger for dataanalyse	192
Justere terskelen	192
Baselinjeinnstillinger	192
Analysemodus	193
Sykluser som skal analyseres	194
Brønnvelger	195
Elementer i høyreklikkmenyen for Well Selector (Brønnvelger)	196
Midlertidig ekskludering av brønner fra analyse	197
Diagrammer	198
Diagramverktøyene	198
Forstørre et område i diagrammet	206
Kopiere diagrammer til en Microsoft-fil	206
Vanlige elementer i høyreklikkmenyen for diagrammer	206
Regneark	208
Vanlige elementer i høyreklikkmenyen for regneark	208
Eksport	210
Eksportere alle dataark	210
Eksportere RDML-filer	211
Opprette en tilpasset eksportfil	212
Eksportere til en LIMS-mappe	213
Eksportere Seegene-formaterte data	213
Kapittel 11 Detaljer om dataanalyse	215
Fanen Quantification (Kvantifisering)	216
Fluoroforalternativer	216
Dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler)	217
Alternativet Log Scale (Log-skala)	218

Standardkurvediagram	219
Menyalternativer i Amplification Chart (Amplifiseringsdiagram)	220
Regneark i fanen Quantification (Kvantifisering)	220
Fanen Quantification Data (Kvantifiseringsdata)	222
Regnearket Results (Resultater)	222
Regnearket Standard Curve Results (Resultater for standardkurve)	224
Regnearket Plate	225
RFU-regnearket	226
Fanen Melt Curve (Smeltekurve)	227
Justere smeltekurvedata	229
Fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata)	230
Regnearket Melt Peaks (Smeltetopper)	230
Regnearket Plate	231
RFU-regnearket	232
Regnearket -d(RFU)/dT	233
Fanen End Point (Endepunkt)	234
Resultatdata	235
Justere analysen av endepunktsdata	236
RFU-regneark for endepunktsanalyse	236
Fanen Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)	237
Justere data for allelisk diskriminering	238
Menyalternativer for diagrammer	239
Regnearket Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)	239
Fanen Custom Data View (Tilpasset datavisning)	241
Opprette en tilpasset datavisning	242
Fanen QC (Kvalitetskontroll)	243
Endre kvalitetskontrollkriterier	243
Ekskludere brønner som ikke består kvalitetskontroll	244
Fanen Run Information (Kjøringsinformasjon)	245
Dataanalyserapporter	246
Kategorier for dataanalyserapporter	247
Opprette en dataanalyserapport	251
Opprette Well Group Reports (Brønngupperapporter)	253

Kapittel 12 Analyse av genuttrykk	255
Plateoppsett for analyse av genuttrykk	255
Guidet plateoppsett	256
Diagrammer for genuttrykk	257
Graphing (Graf)	258
Endre og anmerke diagramvisningen	260
Justere genuttryksdata	266
Eksperimentinnstillinger	268
Alternativer i høyreklikkmenyen	269
Dataregneark	271
Alternativ for visning av detaljer	273
Klyngediagram	275
Innstillinger	275
Alternativer i høyreklikkmenyen	275
Dataregneark	275
Scatter Plot (Spredningsplott)	276
Innstillinger	276
Alternativer i høyreklikkmenyen	276
Dataregneark	276
Regneark med resultater	277
Genstudie	278
Kalibrering mellom kjøringer	278
Dialogboksen Gene Study (Genstudie)	279
Fanen Study Setup (Studieoppsett)	279
Klargjøre en Gene Study (Genstudie)	280
Fanen Study Analysis (Studieanalyse)	281
Kategorier for genstudierapport	282
Opprette en genstudierapport	284
Vedlegg A Beregninger for dataanalyse	285
Reaksjonseffektivitet	285
Relativ kvantitet	285
Relativ kvantitet når en kontroll er valgt	286
Standardavvik for relativ kvantitet	286
Efficiency Corrected Cq (CqE) (Effektivitetskorrigert Cq (CqE))	287

Mean Efficiency Corrected Cq (Gjennomsnittlig effektivitetskorrigert Cq) (MCqE)	287
Normalisert uttrykk	288
Uttrykk og relativ kvantitet for biologiske grupper	289
Normalisert uttrykk når en kontroll er valgt	289
Standardavvik for det normaliserte uttrykket	290
Normalisert uttrykk skalert til høyeste uttrykksnivå	291
Normalisert uttrykk skalert til laveste uttrykksnivå	291
Normalisert uttrykk skalert til gjennomsnittlig uttrykksnivå	291
Standardavvik for det skalerte normaliserte uttrykket	292
Feilsøyler for standardavvik (lg) og standardfeil av gjennomsnitt (lg)	293
Foldendring	294
Formler for korrigerede verdier	295
Beregning av konfidensintervall for analysering av biologisk gruppe	296
Beregninger for boksdiagram	296
Vedlegg B Revisjonsspor	299
Vise revisjonsspor	299
Reviderbare hendelser	301
Vedlegg C LIMS-integrering	305
Opprette LIMS-kompatible datafiler	305
Sette opp LIMS-mappe og alternativer for dataeksport	305
Opprette en LIMS-protokoll	307
Opprette en LIMS-fil	307
Starte en LIMS-kjøring	313
Eksportere data til et LIMS	313
Vedlegg D Feilsøking i CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition	315
Hviteliste CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition filer og mapper	315
Programvarelogg	316
Hente programvare- og firmware-loggfiler	317
Feilsøking	317
Strømbrudd	317
Overføre filer til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen	318
Installere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition manuelt	318
Installere driverne på nytt	319

Vedlegg E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products	321
Software Notices	322
ZedGraph	322
Standard Open License Text	322
LGPL-2.1	322
Vedlegg F Referanser	335

Innholdsfortegnelse





Sikkerhet og overholdelse av krav

CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx sanntids-PCR-systemer (omtalt i denne veiledningen som CFX Opus Dx-system) varmes opp veldig raskt under drift. For sikker drift av sanntids PCR-systemet, anbefaler Bio-Rad på det sterkeste at du følger sikkerhetsspesifikasjonene som er oppført i denne delen og gjennom hele denne håndboken.




Sikkerhetsmessige advarselsetiketter

Advarselsetiketter på systemene CFX Opus Dx-system og i denne håndboken, advarer deg om kilder til personskade eller materiell skade. [Tabell 1](#) gir en beskrivelse av hver sikkerhetsmessige advarselsetikett.

Tabell 1. Generelle sikkerhetsadvarsler

Ikon	Betydning
	Betjening av CFX Opus Dx-system før du leser denne håndboken kan utgjøre risiko for personskade. Bruk av dette instrumentet på en måte som ikke er spesifisert i denne håndboken eller av Bio-Rad, kan føre til at beskyttelsesfunksjonene til instrumentet blir svekket eller deaktivert.
	Det er ingen biologiske farer eller radioaktive farer forbundet med CFX Opus Dx-system i seg selv. Disse farene blir bare et problem når de blir innført i systemet via prøvene som testes. Når du håndterer biofarlige eller radioaktive prøver, må du følge anbefalte forholdsregler og retningslinjer som er spesifikke for laboratoriet og stedet. Disse retningslinjene bør omfatte rengjørings-, overvåkings- og avhendingsmetoder for farlig(e) materialer du bruker.
	
	I tillegg, som identifisert ovenfor, er det en liten risiko for eksplosjon, eller for utlekking av væske eller damp fra prøvebeholderne. Når du arbeider med farlige materialer, er risikoen for personskade fra utlekkede materialer større på grunn av risikoen for at det farlige materialet selv kan spres i og rundt instrumentet. Brukerne bør ta passende forholdsregler for en slik situasjon.

Tabell 1. Generelle sikkerhetsadvarsler, forts.

Ikone	Betydning
	<p>CFX Opus Dx-system kører ved temperaturer som er høye nok til å forårsake alvorlige brannskader. Sørg alltid for at prøveblokken har nådd romtemperatur før du åpner lokket og fjerner prøver. Selv etter at prøveblokken er avkjølt, kan de omkringliggende områdene og varmeplaten forbli varme i ganske lang tid. I situasjoner der det ikke er tilstrekkelig tid til å la instrumentet avkjøles, anbefales bruk av verneutstyr som termohansker eller "ovnshansker".</p>
	<p>Sikkerheten og ytelsen til ethvert system som bruker et CFX Opus Dx-system er utelukkende ansvaret til den som monterer systemet.</p>
	<p>CFX Opus Dx-system kan bli varmt nok i løpet av normal drift til å føre til at væske i prøvene koker eller fordampes, ved å trykksette prøvebeholderne. Det er mulighet for at prøvebeholderne kan bli ødelagte, noe som fører til lekkasje, væskespray eller eksplosivt brudd og frigjøring av damp eller væske i og rundt instrumentet.</p> <p>Brukerne bør alltid betjene instrumentet med lukket lokk eller bruke vernebriller, termohansker og annet personlig verneutstyr under bruk, for å unngå personskade. Åpning av instrumentet mens prøvene fremdeles er varme, for eksempel etter at du har avbrutt en kjøring, kan gjøre at beholdere under trykk begynner å lekke, eller spraye eller sprute ut væske. La prøvene alltid avkjøles før lokket åpnes.</p> <p>Brukere skal aldri kjøre en reaksjon med lokk eller tetning som er åpent, løst, punktert eller på annen måte skadet, da det vil øke sannsynligheten for farlig brudd eller eksplosjon.</p> <p>Brukere skal aldri kjøre en reaksjon med flyktige reagenser som kan øke sannsynligheten for farlig brudd eller eksplosjon.</p>

Sikkerhet og overholdelse av krav

Sikkerhetssamsvar

CFX Opus Dx-system har blitt testet og er i samsvar med alle gjeldende krav til følgende sikkerhets- og elektromagnetiske standarder:

- IEC 61010-1:2010 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 1: Generelle krav
- IEC 61010-2-010:2019 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-010: Bestemte krav for laboratorieutstyr til oppvarming av materialer
- IEC 61010-2-081:2019 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-081: Bestemte krav for automatisk og semiautomatisk laboratorieutstyr til analysering og andre formål
- IEC 61010-2-101:2018 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-101: Bestemte krav for medisinsk utstyr til in vitro-diagnostikk (IVD)

- CAN/CSA-C22.2 NR. 61010-1-12:2018 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk, del 1: Generelle krav
- CAN/CSA-C22.2 NR. 61010-2-010:19 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk, del 2-010: Bestemte krav for laboratorieutstyr til oppvarming av materialer
- CAN/CSA-C22.2 NR. 61010-2-081:19 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk, del 2-081: Bestemte krav for automatisk og semiautomatisk laboratorieutstyr til analysering og andre formål
- CSA-C22.2 NR. 61010-2-101:19 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-101: Bestemte krav for medisinsk utstyr til in vitro-diagnostikk (IVD)

- IEC 61010-1:2010 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk, del 1: Generelle krav
- IEC 61010-2-010:2014 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – 2-010: Bestemte krav for laboratorieutstyr til oppvarming av materialer
- IEC 61010-2-081:2015 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – 2-081: Bestemte krav for automatisk og semiautomatisk laboratorieutstyr til analysering og andre formål

- IEC 61010-2-101:2017 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – 2-101: Bestemte krav for medisinsk utstyr til in vitro-diagnostikk (IVD)
- UL 61010-1:2012 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 1: Generelle krav
- UL 61010-2-010:2019 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-010: Bestemte krav for laboratorieutstyr til oppvarming av materialer
- UL 61010-2-081:2019 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-081: Bestemte krav for automatisk og semiautomatisk laboratorieutstyr til analysering og andre formål
- UL 61010-2-101:19 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – del 2-101: Bestemte krav for medisinsk utstyr til in vitro-diagnostikk (IVD)

Elektromagnetisk kompatibilitet (EMC)

CFX Opus Dx-system har blitt testet og er i samsvar med alle gjeldende krav til følgende standarder for elektromagnetisk kompatibilitet:

- IEC 61326-1:2012 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – EMC-krav – del 1: Generelle krav. Testet som en klasse A-enhet
- IEC 61326-2-6:2012 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – EMC-krav – del 2-6: Bestemte krav for medisinsk utstyr til in vitro-diagnostikk (IVD)
- EN 61326-1:2013 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – EMC-krav – del 1: Generelle krav. Testet som en klasse A-enhet
- EN 61326-2-6:2013 Sikkerhetskrav for elektrisk utstyr til måling, kontroll og laboratoriebruk – EMC-krav – del 2-6: Bestemte krav for medisinsk utstyr til in vitro-diagnostikk (IVD)
- FCC del 15, underdel B, avsnitt 15.107 og 15.109. Testet som en klasse A digital enhet
- CAN ICES-003v6:2019 Standard for utstyr som forårsaker interferens, informasjonsteknologisk utstyr (inkludert digitalt apparat) – grenser og målemetoder. Testet til klasse A-grenser

EMC-advarsler og merknader

- **Advarsel:** Endringer eller modifiseringer på dette apparatet, som ikke er uttrykkelig godkjent av Bio-Rad, kan oppheve brukerens rett til å bruke utstyret.
- **Merknad:** Dette utstyret er testet og funnet i samsvar med grensene for digitalt utstyr i klasse A, i henhold til del 15 i FCC-reglene. Disse grensene er utarbeidet for å gi rimelig beskyttelse mot

skadelig forstyrrelse når utstyret brukes i et kommersielt miljø. Dette utstyret genererer, bruker og kan utstråle radiofrekvensenergi og kan, hvis det ikke installeres og brukes i henhold til instruksjonshåndboken, forårsake skadelige forstyrrelser på radiokommunikasjon. Det er sannsynlig at dette utstyret vil føre til skadelige forstyrrelser hvis det brukes i boligområder, og hvis dette er tilfellet, må brukeren korrigere forstyrrelsene for egen kostnad.

- **Merknad om FCC-samsvar:** Selv om dette utstyret har blitt testet og funnet å være i samsvar med FCC-reglens del 15, underavsnitt B, for en digital enhet i klasse A, gjøres det oppmerksom på at dette samsvaret er frivillig, ettersom instrumentet anses som «unntatt utstyr» ifølge 47 CFR 15.103 (c), i henhold til de gjeldende FCC-reguleringene på produksjonstidspunktet.
- **Merknad angående kabler:** Dette instrumentet ble testet for EMC-samsvar ved hjelp av spesialdesignede USB-kabler som følger med instrumentet. Disse kablene, eller autoriserte tilsvarende kabler godkjent av Bio-Rad, må brukes med dette instrumentet for å sikre fortsatt samsvar av EMC-utslippsgrensene.

Krav til omgivelsene

CFX Opus Dx-systemene er designet for å brukes sikkert under omgivelsesforhold som er oppført i følgende tabell.

Tabell 2. CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem krav til omgivelsene

Parameter	Spesifikasjon
Miljø	Kun til innendørs bruk
Driftshøyde	Opptil 2 000 meter over havet
Romtemperatur	15–31 °C
Transport og lagringstemperatur	–20 °C til 60 °C** –4 til 140 °F
Relativ luftfuktighet	20 % til 80 % (ikke-kondenserende)
Strømbruk	100–240 VAC ± 10 %, 50/60–850 Hz, 850 W maks.
Variasjoner i nettspenningen	±10 %
Maksimalt strømforbruk	< 850 watt
Sikringer	10 A, 250 V, 5 x 20 mm, hurtig (antall 2)
Overspenningskategori	II
Forurensningsgrad	2

*Bruk av instrumentet utenfor dette temperaturområdet, gjør kanskje at ytelsesspesifikasjonene ikke kan oppfylles. En romtemperatur på 5–40 °C anses som trygt.

**Lagre og transporter instrumentet i transportesken for å møte disse temperaturforholdene.

***Bruk av instrumentet ved 4 °C bør begrenses til 18 timer ved disse forholdene. Bruk ved 4 °C kan gjøres i opptil 72 timer hvis luftfuktigheten er mindre enn 60 % (ikke-kondenserende).

Farer

CFX Opus Dx-system er designet for å fungere trygt når de brukes på den måten som er foreskrevet av produsenten. Hvis systemet eller noen av dets tilknyttede komponenter brukes på en måte som ikke er spesifisert av produsenten, kan den iboende beskyttelsen som instrumentet gir bli svekket. Bio-Rad er ikke ansvarlig for materielle skader eller personskader forårsaket av bruk av dette utstyret på noen uspesifisert måte, eller ved modifikasjoner på instrumentet som ikke er utført av Bio-Rad eller en autorisert agent. Service på CFX Opus Dx-system skal kun utføres av opplært Bio-Rad-personell.

Biologiske farer

CFX Opus Dx-system er et laboratorieprodukt. Hvis smittefarlige biologiske prøver er til stede, må du imidlertid følge retningslinjene nedenfor og overholde lokale forskrifter og regler ved laboratoriet.

Merknad: Det genereres ingen smittefarlige biologiske stoffer under normal drift av dette instrumentet.

Generelle forholdsregler

- Bruk alltid laboratoriefrakk, laboratoriehansker og vernebriller med sideskjerming.
- Hold hendene unna munn, nese og øyne.
- Eventuelle kutt eller skrubbsår må dekkes fullstendig før håndtering av potensielt smittefarlige materialer.
- Vask hendene grundig med såpe og vann etter håndtering av potensielt smittefarlige materialer, før du forlater laboratoriet.
- Ta av armbåndsur og smykker før arbeid ved benken.
- Oppbevar alle smittefarlige eller potensielt smittefarlige materialer i uknuselige, lekkasjesikre beholdere.
- Ta av verneklær før du forlater laboratoriet.
- Mens du har hansker på, må du ikke skrive, ta telefonen, slå på lyset eller berøre noen ting som andre kan berøre uten hansker.
- Bytt hansker ofte. Ta av hanskene umiddelbart når de blir synlig kontaminert.
- Materialer som ikke kan dekontamineres på riktig vis, må ikke utsettes for potensielt smittefarlige materialer.
- Ved fullførelse av en operasjon som involverer biologisk farlig materiale, må arbeidsområdet dekontamineres med et egnet desinfeksjonsmiddel (for eksempel en 1:10-fortynning av husholdningsklor).

Dekontaminering av overflater



ADVARSEL! For å unngå elektrisk støt skal instrumentet alltid slås av og kontakten trekkes ut før du utfører dekontaminering.

Følgende områder kan rengjøres med bakterie-, virus- og soppdrepende desinfiseringsmidler:

- Utvendig lokk og kabinett
- Indre prøveblokkoverflate og prøveblokkbrønner
- Kontrollpanel og skjerm

Se anvisningene fra produsenten for instruksjoner om preparering og bruk av desinfiseringsmiddelet. Skyll alltid prøveblokken og prøveblokkbrønnene flere ganger med vann etter påføring av desinfeksjonsmiddel. Tørk av prøveblokken og prøveblokkbrønnene grundig etter skylling med vann.

Viktig: Ikke bruk skurende eller etsende rengjøringsmidler eller sterke alkaliske løsninger. Disse midlene kan ripe overflatene og skade prøveblokken, noe som fører til tap av presis termisk kontroll.

Kassering av biologisk farlig materiale

Kasser følgende potensielt kontaminerte materialer i henhold til lokale, regionale og nasjonale forskrifter for laboratorier:

- Kliniske prøver
- Reagenser
- Brukte reaksjonsbeholdere eller andre forbruksartikler som kan være kontaminert

Kjemiske farer

CFX Opus Dx-system inneholder ingen potensielt skadelige kjemiske materialer.

Eksplisjonsfare eller brannfare

CFX Opus Dx-system utgjør ingen uvanlig fare relatert til brennbarhet eller eksplosjon når det brukes på en riktig måte som spesifisert av Bio-Rad Laboratories.

Elektriske farer

CFX Opus Dx-system utgjør ingen uvanlig elektrisk fare for operatører hvis det er installert og betjent på riktig måte uten fysiske endringer og koblet til en strømkilde med riktig spesifisering.

Transport

Før du flytter eller sender CFX Opus Dx-system , må dekontamineringsprosedyrer utføres. Flytt eller send alltid systemet i en separat beholder i Bio-Rad-levert emballasjemateriale, som beskytter systemet mot skade.

For informasjon om transport av systemet og for å be om egnet emballasje, kan du ta kontakt med ditt lokale Bio-Rad-kontor.

Batteri

CFX Opus Dx-system bruker ett 3 V litium-metall knappcellebatteri for å opprettholde tidsinnstillinger ved strømbrudd. Hvis klokkeslettet ikke forblir innstilt etter at enheten har blitt slått av, kan det tyde på at batteriene begynner å bli svake.



ADVARSEL! Prøv ikke å bytte batteriene. De kan ikke byttes av brukeren. Kontakt i stedet Bio-Rad teknisk støtte for assistanse.

Kun for delstaten California i USA

- Perkloratmateriale – Litium-batterier inneholder perkloratmateriale; spesialhåndtering kan kreves. Se www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate.

Kassering

CFX Opus Dx-system inneholder elektriske materialer, og disse skal kasseres som usortert avfall og må samles inn separat i henhold til EU-direktiv 2012/19/EF, som omhandler elektrisk og elektronisk avfall (WEEE-direktivet). Kontakt den lokale Bio-Rad-representanten før du kasserer systemet, for å få instruksjoner som gjelder for ditt land.

Garanti

CFX Opus Dx-system og dets tilhørende tilbehør er dekket av en standard Bio-Rad-garanti. Kontakt din lokale Bio-Rad-forhandler for å få informasjon om garantien.

Sikkerhet og overholdelse av krav

Kapittel 1 Innledning

Bio-Rad sine høytstående PCR-amplifiseringssystemer har de nyeste teknologiske fremskrittene, og gir større nøyaktighet og reproduserbarhet i nukleinsyreampifisering for genomiske eksperimenter.

Bio-Rads CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition er kompatibel med følgende instrumenter og har optimaliserte kjøringsfiler for Bio-Rads PrimePCR primer og probeanalyser:

- CFX Opus 96 Dx Real-Time PCR-system (i denne håndboken kalt CFX Opus 96 Dx)
- CFX Opus 384 Dx Real-Time PCR-system (i denne håndboken kalt CFX Opus 384 Dx)
- CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR-system (i denne håndboken kalt CFX Opus Deepwell Dx)

Med CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition (i denne håndboken kalt CFX Maestro Dx SE) kan du tolke komplekse data og lage kraftfulle studier for genetisk analyse. Med noen få klikk kan du sette opp studier og og få mening i gnuttrykksstudien ved hjelp av verktøy som for eksempel t-tester, enveis ANOVA, PrimePCR-kontrollanalyser og verktøyet for valg av referanseggen. Deretter kan du klargjøre resultatene for publikasjoner og posterpresentasjoner med CFX Maestro Dx SEs svært fleksible datavisualiserings- og merknadsverktøy.

Merknad: Visningen av enkelte skjermer i CFX Maestro kan se annerledes ut enn dem som er vist i denne brukerveiledningen. Visningen i programvaren er korrekt, og funksjonaliteten er den samme.

Viktig: Cybersikkerhet er beskyttelse av eiendom på nettet som skal hindre cyberangrep.

Cybersikkerhet er Bio-Rads mulighet til å ivareta sikkerheten til mennesker, informasjon, systemer og omdømme på nettet. Nettet er alltid på og knytter verden teknologisk sammen – det består av mennesker, organisasjoner, informasjon og teknologi.

Rask reaksjon er viktig når det kommer til problemer på nettet! Hvis du mistenker at det kan være et problem med cybersikkerheten angående instrumentet ditt, eller at cybersikkerheten har blitt brutt på stedet ditt, må du kontakte din Bio-Rad-representant for teknisk støtte umiddelbart.

Hovedtrekk ved CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Med CFX Maestro Dx SE kan du gjøre følgende:

- Analysere data ved hjelp av søylediagrammer, klyngediagrammer eller spredningsdiagrammer for raskt å tolke og forstå resultatene.
- Tilpass datapresentasjonen og eksporter grafer med høy oppløsning for publisering og generering av rapporter.
- Fastslå RNA-kvalitet og feilsøk eksperimenter med PrimePCR-analysekontroller.
- Velg egnet referansegene og analyser stabiliteten med verktøyet for valg av referansegene.
- Utfør statistiske analyser, inkludert enveis-ANOVA, i genuttryksanalyser.

Denne brukerveiledningen forklarer disse funksjonene og hvordan de brukes.

Finne ut mer

Etter installasjon av CFX Maestro Dx SE og oppsett av tilhørende Bio-Rad PCR-instrument, kan du få tilgang til denne veiledningen så vel som detaljerte CFX Maestro Dx SE hjelpeemner fra Help-menyen i en hvilken som helst visning.

Tips: Klikk på Bio-Rad-logoen øverst til høyre i et vindu i CFX Maestro Dx SE for å åpne Bio-Rad-nettstedet. Dette nettstedet inkluderer koblinger til tekniske merknader, håndbøker, videoer, produktinformasjon og teknisk støtte. Dette nettstedet har også mange tekniske ressurser for en lang rekke metoder og bruksområder knyttet til PCR, sanntids-PCR og genuttrykk.

Kapittel 2 Installasjon av CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Dette kapitlet beskriver hvordan du installerer CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition. For informasjon om hvordan du setter opp sanntids PCR-instrumenter som støttes av Bio-Rad, se den relevante veiledningen.

CFX Maestro Dx SE kreves for å analysere PCR-data i sanntid fra CFX Opus 96 Dx og CFX Opus 384 Dx sanntids-PCR. Du kan også bruke denne programvaren til å styre disse systemene i programvarestyrt modus.

CFX Opus Dx leveres med en USB-kabel i tilbehørsvesken. Bruk USB-kabelen til å koble datamaskinen som kjører CFX Maestro Dx SE til CFX Opus Dx-system.

Fjern emballasjen og ta vare på den til fremtidig bruk. Kontakt din lokale Bio-Rad-forhandler hvis det mangler en del eller hvis noe er skadet.

Systemkrav

Tabell 3 lister opp minimum og anbefalte systemkrav for datamaskinen som kjører CFX Maestro Dx SE.

Tabell 3. Datamaskinkrav for CFX Maestro Dx SE

System	Minimum	Anbefalt
Operativsystem	Microsoft Windows 10 (kun 64-bit), build 1511 eller nyere, med de siste sikkerhetsoppdateringene.	Microsoft Windows 10 (kun 64-bit), build 1511 eller nyere, med de siste sikkerhetsoppdateringene.
<p>Merknad: Windows 11 støtter også CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition.</p> <p>Viktig: Sikker oppstart må deaktiveres på datamaskiner som kjører CFX Maestro Dx SE. Datamaskiner som kjører CFX Maestro Dx SE skal konfigureres slik at de ikke starter på nytt automatisk etter en system- eller sikkerhetsoppdatering hvis en kjøring pågår. Kontakt systemadministratoren for å få hjelp.</p>		
Porter	2 USB 2.0-porter med høy hastighet	2 USB 2.0-porter med høy hastighet
Plass på harddisken	128 GB	128 GB
Prosesorhastighet	2,4 GHz, Dual Core	2,4 GHz, Quad Core
RAM	4 GB RAM	8 GB RAM
Skjermopløsning	1024 x 768 med millioner av farger (true-color)	1280 x 1024 med millioner av farger (true-color)
PDF-leser		Adobe PDF Reader eller Windows PDF Reader fra en av de støttede Microsoft Office-pakkene: <ul style="list-style-type: none"> ■ 2016 ■ 2019
Lokalisering	Støttede Microsoft Windows 64-bit OS på engelsk, kinesisk og russisk	Støttede Microsoft Windows 64-bit OS på engelsk, kinesisk og russisk

Merknad: Hvis du planlegger å kjøre CFX Automation Control-programvare på samme datamaskin som CFX Maestro Dx SE, må skjermopløsningen angis til 1280 x 1024 med millioner av farger (true-color).

Installere CFX Maestro Dx SE-programvaren

Viktig: Før du installerer eller oppgraderer programvaren må du koble fra eventuelle instrumenter som er koblet til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen. Det er ikke nødvendig å slå av instrumentet under programvareinstallasjonen. Kontroller at du har lagret alle kjøring, og at ingen eksperimenter pågår.

Merknad: Kontroller at sikker oppstart er deaktivert før du begynner installasjonsprosedyren. Forsikre deg om at datamaskinen er konfigurert slik at den ikke starter på nytt automatisk etter en system- eller sikkerhetsoppdatering hvis en kjøring pågår. Kontakt systemadministratoren for å få hjelp.

Installere CFX Maestro Dx SE-programvaren

1. Koble fra eventuelle instrumenter som er koblet til datamaskinen.

Finn instrumentets USB-kabel på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen, og koble den fra. Kabelenden som er tilkoblet CFX Opus Dx-system trenger ikke kobles fra.

2. Logg på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen som administrator.
3. Sett USB-stasjonen med CFX Maestro Dx SE inn i USB-porten på datamaskinen.
4. Åpne Windows Utforsker, naviger til USB-stasjonen med CFX Maestro Dx SE og åpne den.

USB-enheten inneholder versjonsmerknader og følgende mapper:

- CFX
- Drivers (Drivere)
- Firmware (Fastvare)
- Quick Start (Hurtigstart)

Sammen med andre filer, inneholder CFX-mappen CFX Maestro Dx SE installasjonsprogram (CFXMaestroDxSetup.exe).

5. Åpne CFX-mappen og dobbeltklikk på CFXMaestroDxSetup.exe for for å starte installasjonen.
6. Følg installasjonsinstruksjonene på skjermen.

Når den er fullført, vises Bio-Rad CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-ikonet vises på datamaskinens skrivebord.

Tips: CFX Maestro-installasjonsprogrammet installerer automatisk CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-brukerveiledningen. For å finne disse veiledningene, naviger til Help-menyen og velg Open User Guides (Åpne brukerveiledninger).

7. Når installasjonen er ferdig, kan du trygt ta ut USB-enheten med programvaren.

Detektere tilkoblede instrumenter

Under installasjonen, vil installasjonsprogrammet for CFX Maestro Dx SE automatisk installere instrumentdriverne på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen. CFX Maestro Dx SE detekterer tilkoblede instrumenter når du starter programvaren.

Slik detekterer du tilkoblede instrumenter

1. Hvis du ikke allerede har gjort det, setter du den firkantede (han)enden av den medfølgende USB B-kabelen inn i USB B-porten på baksiden av instrumentets sokkel.
2. Sett den andre (port)enden inn i en USB-port på datamaskinen med CFX Maestro Dx SE.
3. Hvis instrumentet ikke allerede kjører, trykker du på strømbryteren på instrumentet for å slå det på.
4. Start CFX Maestro Dx SE.

Programvaren detekterer automatisk det tilkoblede instrumentet og viser instrumentets navn i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) i startvinduet.

Merknad: Hvis instrumentet ikke vises i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter), må du kontrollere at USB-kabelen er satt inn riktig. Hvis du vil installere driverne på nytt, velger du Tools > Reinstall Instrument Drivers (Verktøy > Installer instrumentdrivere på nytt) i startvinduet i CFX Maestro Dx SE.

Programvarefiler

Tabell 4 inneholder en liste over filtypene CFX Maestro Dx SE.

Tabell 4. Filtyper for CFX Maestro Dx SE

Filtype	Utvidelse	Detaljer
Protokoll	.prcl	Inneholder detaljer om protokolloppsett for å utføre en PCR-kjøring.
Plate	.pltd	Inneholder detaljer om plateoppsett for å utføre en PCR-kjøring.
Data	.pcrd	Inneholder resultatene fra en eksperimentkjøring og PCR-analyse.
PrimePCR-kjøring	.csv	Inneholder protokoll- og plateoppsett for PrimePCR-plater.
Genstudie	.mgxd	Inneholder resultater fra flere PCR-kjøringer og genuttryksanalyser.
Stand-alone predatafil	.zpcr	Inneholder fluorescensavlesninger fra stand-alone bruk som er konvertert til en datafil.
LIMS	.plrn	Inneholder informasjon om plate- og protokolloppsett som kreves for å utføre en LIMS-kompatibel kjøring.
JSON	.json	En skrivebeskyttet fil generert bare av CFX Opus Dx-systemer. Denne filen inneholder kjøredataene som vises i detaljruten i filutforskeren når en kjøningsfil er valgt. Denne filen genereres etter at en kjøring er fullført. Den eksporteres med .zpcr-filen og lagres med datafilene når bane til lagring enten er en USB-stasjon eller en delt nettverksmappe.

Kapittel 3 Administrere brukerkontoer i CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

I CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition logger brukerne seg på med Windows-brukernavn og -passord. Personen som installerte CFX Maestro Dx SE tilordnes automatisk rollen som Administrator og kan opprette og administrere brukerkontoer og roller. Alle andre brukere må tilordnes en brukerkonto for å kunne logge på og bruke programvaren.

Viktig: Hver bruker må ha en Windows-konto og et passord på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen før du kan tilordne en brukerkonto og rolle. Brukere kan være medlemmer av enten Windows Users-gruppen eller Windows Administrators-gruppen. Medlemmer av Windows Users-gruppen har bare tilgang til sine egne CFX Maestro Dx SE-filer og mapper. Medlemmer av Windows Administrators-gruppen har tilgang til filene og mappene til alle brukere på datamaskinen.

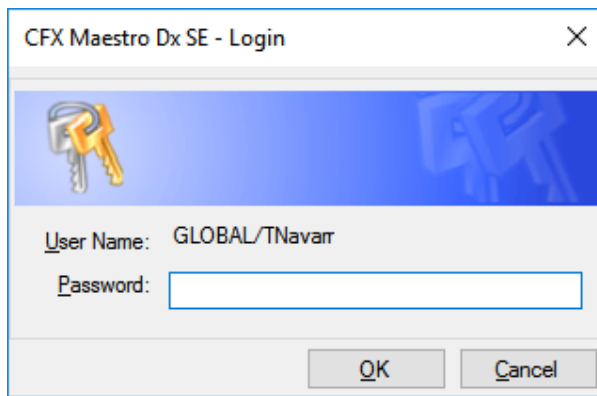
Dette kapitlet forklarer hvordan du oppretter Microsoft Windows-brukere for å legge til disse brukerne i CFX Maestro Dx SE. Denne delen forklarer også hvordan du legger til CFX Maestro Dx SE-brukere og administrere brukerroller og tillatelser.

Starte CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Merknad: Hver bruker må logge på med sitt Windows-brukernavn og passord.

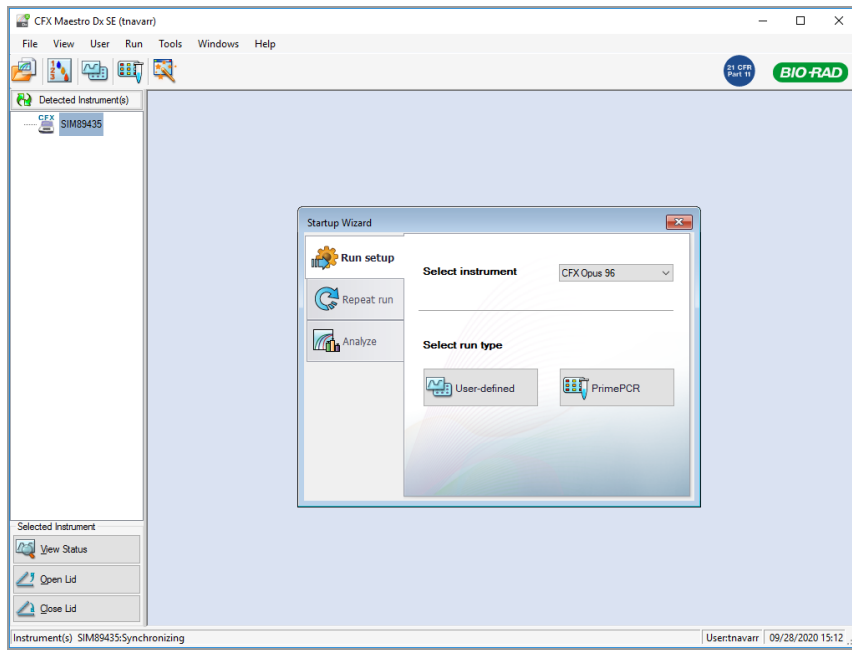
Starte CFX Maestro Dx SE

1. På CFX Maestro Dx SE-datamaskinens skrivebord, dobbeltklikker du på CFX Maestro Dx SE-ikonet for å starte programmet.
2. Skriv inn Windows-passordet i innloggingsboksen og klikk OK.



CFX Maestro Dx SE åpnes med Home-vinduet. Tittellinjen viser Windows-brukernavnet til den påloggede brukeren, og menylinjen viser en blå boks som indikerer at programvaren er 21 CFR Part 11-kompatibel, for eksempel:

Starte CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition



Legge til Microsoft Windows-brukere på CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-datamaskinen

Alle brukere må logge på CFX Maestro Dx SE-datamaskin med Windows-brukernavn og -passord. For nøyaktig revisjonssporing kan ikke Windows-brukerkontoer legges til via dialogboksen Start > Settings > Accounts (Start > Innstillinger > Kontoer). Windows-brukerkontoer **må** legges til via Computer Management-konsollen.

Viktig: Endringer som er gjort i Windows-brukeregenskaper (inkludert brukernavn og fullt navn), etter at du har opprettet den tilknyttede CFX Maestro Dx SE-brukeren, ugyldiggjør CFX Maestro Dx SE-brukeren. Forsikre deg om at informasjonen er riktig før du lagrer Windows-brukeren og oppretter den tilknyttede CFX Maestro Dx SE-brukeren.

Tips: Les administrasjonsdokumentasjonen for Microsoft Windows og se Windows-systemadministratoren for mer informasjon før du oppretter Windows-kontoer.

Legge til Windows-brukerkontoer på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen

1. Logg deg på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen som medlem av Windows Administrators-gruppen.
2. Høyreklikk på My Computer (Min datamaskin) på skrivebordet og velg Manage (Administrer) for å åpne Computer Management-konsollen.
3. I Computer Management-konsollen utvider du Local Users and Groups (Lokale brukere og grupper).
4. Høyreklikk på Users-mappen (Brukere) og velg New User (Ny bruker) for å åpne dialogboksen New User (Ny bruker).

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

- User name: [Text input field]
- Full name: [Text input field]
- Description: [Text input field]
- Password: [Text input field]
- Confirm password: [Text input field]
- 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. I dialogboksen New user (Ny bruker) må du fylle ut følgende felt:

- User name (Brukernavn)
- Full name (Fullt navn)
- Password (Passord)
- Confirm password (Bekreft passord)

6. Klikk på Create (Opprett).

Legge til og fjerne brukere i CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Tips: Bare brukere med Administrator-rolle i CFX Maestro Dx SE kan opprette og fjerne CFX Maestro Dx SE-brukerkontoer. Personen som installerte CFX Maestro Dx SE tildeles automatisk Administrator-rollen. Denne personen kan tilordne Administrator-rollen til andre brukere.

Merknad: I CFX Maestro Dx SE, må minst én bruker tilordnes Administrator-rollen.

Slik legger du til brukerkontoer i CFX Maestro Dx SE

1. Kontroller at hver tiltenkt bruker er medlem av enten Windows Users-gruppen eller Windows-Administrators-gruppen og har et Windows-passord på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen.
2. Start CFX Maestro Dx SE og logg inn som Administrator.
3. I startvinduet velger du User > User Administration (Bruker > Brukeradministrasjon).

Dialogboksen User Administration (Brukeradministrasjon) vises.

Manage Users

	User Name	Full Name	Role	Domain	Remove
1	tnavarr	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"/>

Restore Default Rights OK Cancel

4. I delen Manage Users (Administrer brukere), oppgi følgende informasjon for hver bruker:
 - **User name (Brukernavn)** – i CFX Maestro Dx SE, må dette være brukerens brukernavn for Windows-pålogging.
 - **Full name (Fullt navn)** – brukerens fulle navn.

Dette navnet vises i feltet Full User (Full bruker) i revisjonssporet. Dette navnet må være det samme navnet som ble angitt i feltet Full name (Fullt navn) da Windows-brukeren ble opprettet.
 - **Role (Rolle)** – rollen som skal tilordnes brukeren.

Merknad: Du kan bare velge én rolle fra rullegardinlisten. Se [Administrere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-brukerroller](#) for mer informasjon.
 - **Domain (Domene)** – Windows-domenet som brukeren får tilgang til programvaren fra.

Kontakt din Windows systemadministrator for mer informasjon.
5. Klikk OK, og klikk deretter Yes (Ja) for å lagre endringene og lukke dialogboksen User Administration (Brukeradministrasjon).

Fjerne en CFX Maestro Dx SE-brukerkonto

1. Start CFX Maestro Dx SE og logg inn som Administrator.
2. I vinduet Home (Hjem) velger du User > User Administration (Bruker > Brukeradministrasjon) for å åpne dialogboksen User Administration.
3. I vinduet Manage Users (Administrer brukere) velger du Remove (Fjern) for hver bruker du ønsker å fjerne.
4. Klikk OK, og klikk deretter Yes (Ja) for å lagre endringene og lukke dialogboksen User Administration (Brukeradministrasjon).

Administrere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-brukerroller

Viktig: CFX Maestro Dx SE krever at minst én bruker er tilordnet administratorrollen. Du kan tilordne denne rollen til mer enn én bruker.

CFX Maestro Dx SE har fire brukerroller. Hver bruker må tildeles en rolle for å få tilgang til programvaren. Selv om brukere bare kan tildeles én rolle, kan du når som helst endre en brukers rolle.

Med unntak av administratorrollen kan du endre tillatelsene som er tilordnet hver rolle. Alle brukere som tilordnes en rolle, får kun tillatelsene til den rollen.

Som standard er rettighetene for hver rolle som følger:

- Administrator – denne rollen har alle tillatelser, og du kan ikke endre disse tillatelsene.
- Principal – denne rollen har alle tillatelser unntatt å konfigurere e-post.
- Operator – denne rollen har alle tillatelser unntatt å hoppe over sykluser og konfigurere e-post.
- Guest – denne rollen kan bare lese filer.

Når du tilordner roller i CFX Maestro Dx SE, fastslå nøye kravene til hver bruker. For eksempel, uten tillatelse til å lagre, kan ikke brukere som er tilordnet guest-rollen signere en fil. Uten tillatelse til å opprette en e-postkonto, vil ingen av rollene motta e-post når en kjøring er fullført.

Endre tillatelsene for en rolle

1. Start CFX Maestro Dx SE og logg inn som Administrator.
2. I vinduet Home (Hjem) velger du User > User Administration (Bruker > Brukeradministrasjon) for å åpne dialogboksen User Administration.
3. I delen Manage Rights (Administrer rettigheter) fjerner du merket for hver rolle eller merker av for spesifikke tillatelser etter behov.
4. Klikk OK, og klikk deretter Yes (Ja) for å lagre endringene og lukke dialogboksen User Administration (Brukeradministrasjon).

Vise din rolle og tillatelser

Tips: Brukere som tilordnes brukerrollene Principal (Hovedbruker), Operator (Operatør) eller Guest (Gjest), kan bare se sine brukerinstillinger, tillatelser og roller. Brukere som er tilordnet administratorrollen, kan se alle brukertillatelser og roller.

Slik kan du se din brukerrolle og tillatelser

- ▶ I startvinduet velger du User > User Administration (Bruker > Brukeradministrasjon).

Kontakt CFX Maestro Dx SE-administratoren for å modifisere brukerinstillinger, tillatelser og roller som vises i vinduet User Administration (Brukeradministrasjon).

Kapittel 4 Bruke CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Viktig: CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition bruker Microsoft Windows-brukerautentisering for å verifisere tilgang til sikre CFX-datafiler. Kontakt Windows-administratoren din for å opprette et miljø som oppfyller 21 CFR del 11-krav.

Med CFX Maestro Dx SE kan brukere

- Signere data- og genstudiefiler.
- Passordbeskytte datafiler.
- Se og skrive ut revisjonsspor.

Denne delen forklarer disse funksjonene i detalj.

Sikre filer

Som standard lagrer CFX Maestro Dx SE sikre filer i den innloggede brukerens personlige mappe, som ligger på

C:\Users\

Du kan lagre og redigere .pcrd-filer i den mappen. Denne mappen inneholder koblinger til andre mapper (for eksempel mappen Sample Files) som inneholder filer som er skrivebeskyttet. En administrator kan imidlertid slette innholdet i den mappen.

Tips: Alternativt kan Windows-systemadministratoren opprette en delt mappe og din CFX Maestro Dx SE-administrator kan programmere programvaren til å lagre alle filene i den mappen.

I CFX Maestro Dx SE er plate-, protokoll-, data- og genstudiefiler merket som sikre når de lagres. Du kan opprette disse filene i CFX Maestro-programvaren eller i CFX Maestro Dx SE. Etter at de er lagret i CFX Maestro Dx SE, kan du bare åpne disse filene i CFX Maestro Dx SE.

CFX Maestro Dx SE oppretter et revisjonsspor for alle sikre data- og genstudiefiler (henholdsvis .pcrd- og .mgxd-filer). Programvaren registrerer all reviderbar aktivitet i filens revisjonsspor. For mer informasjon, se [Revisjonsspor på side 299](#).

Signere sikre filer

Etter å ha lagret en fil i CFX Maestro Dx SE, kan brukere legge til en elektronisk signatur. For å signere en fil, må brukerens rolle ha tillatelse til å lagre en fil. For eksempel har Guest-rollen som standard ikke tillatelse til å lagre en fil, og derfor kan ikke brukere som er tildelt denne rollen signere en fil.

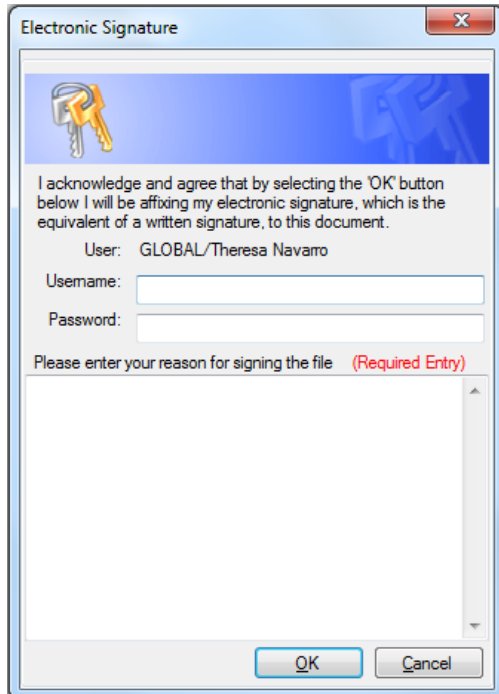
I CFX Maestro Dx SE, er signerte filer ikke satt som skrivebeskyttet. De kan gjennomgås, endres og signeres flere ganger. Alle endringer og signaturer blir sporet i filens revisjonsspor. Du kan signere følgende filtyper:

- Datafiler (.pcrd)
- Genstudiefiler (.mgxd)

Merknad: Filer må lagres før de kan signeres. Hvis du nylig har utført en kjøring i CFX Maestro Dx SE, må du lagre den resulterende datafilen først.

Signere en fil

1. Logg på CFX Maestro Dx SE med Windows-påloggingsinformasjonen din.
2. Åpne den sikre datafilen eller genstudiefilen for å signere.
3. Velg File > Sign (Fil > Signer). Dialogboksen Electronic Signature (Elektronisk signatur) vises.



4. Skriv inn Windows-brukernavnet og passordet ditt og årsaken til signeringen av filen.

Brukernavnet og årsaken til signering er inkludert i revisjonssporet (for mer informasjon, se [Revisjonsspor på side 299](#)).

5. Klikk OK for å sende signaturen og lukke dialogboksen.

Endring av sikre filer

I CFX Maestro Dx SE, kan brukere endre sikre filer, inkludert signerte og usignerte data- og genstudiefiler. Programvaren ber deg om å oppgi en grunn til endringen når du lagrer en modifisert sikker data- eller genstudiefil. Endringene spores i filens revisjonsspor.

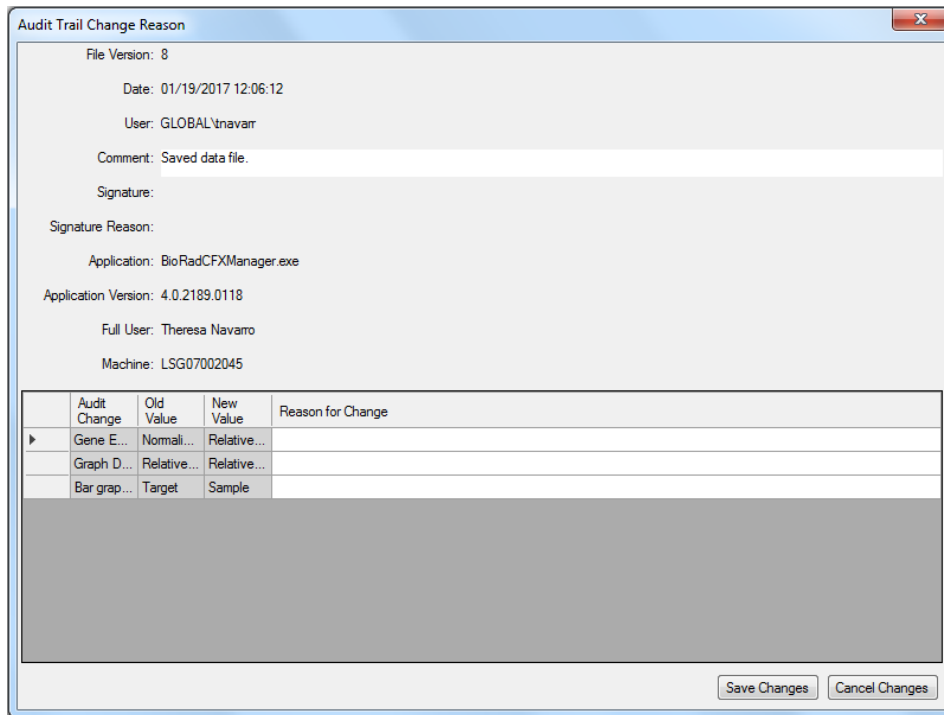
Tips: Siden programvaren ikke oppretter revisjonsspor for plate- eller protokollfiler, blir du ikke bedt om å oppgi en grunn når du lagrer endringene i disse filene.

Lagre en modifisert data- eller genstudiefil

1. Logg på CFX Maestro Dx SE med Windows-påloggingsinformasjonen din.
2. Åpne og endre en sikker datafil eller genstudiefil.

Tips: For en liste over reviderbare aktiviteter, se [Reviderbare hendelser på side 301](#).

3. Velg File > Save (Fil > Lagre). Dialogboksen Audit Trail Change Reason (Årsak til endring av revisjonsspor) vises.



Denne dialogboksen viser følgende informasjon, som er fanget opp i filens revisjonssporoverskrift for hver endringshendelse:

- **Date (Dato)** – datoen da endringen skjedde.
- **User (Bruker)** – Windows-domenet og brukernavnet til den påloggede brukeren.
- **Comment (Kommentar)** – den siste lagrede kommentaren.
- **Signature (Signatur)** – den elektroniske signaturen til den siste personen som signerte filen.
- **Signature reason (Signaturårsak)** – årsaken til signaturen.
- **Application (Program)** – CFX Maestro Dx SE (vises som BioRadCFXManager.exe, som er riktig).
- **Application version (Programversjon)** – den gjeldende versjonen av CFX Maestro Dx SE.
- **Full user (Full bruker)** – det fulle navnet på den påloggede brukeren.
Merknad: Dette navnet vises i revisjonssporet.
- **Machine (Maskin)** – datamaskinen der programvaren er installert.

Endringstabellen viser de reviderbare endringene som skjedde som et resultat av endringen. En kort beskrivelse av årsaken til endringen kan også vises.

Tips: Du kan legge til eller redigere beskrivelser i kolonnen Reason for Change (Årsak til endring).

4. Gjennomgå listen over endringer. Oppgi detaljerte årsaker om nødvendig.
5. Gjør ett av følgende:
 - Klikk på Save Changes (Lagre endringer) for å lagre endringene i filen, samt eventuelle endringer du har gjort i tabellen, og lukk dialogboksen.

Endringene i filen og årsakene til endringene vises i filens revisjonsspor.

- Klikk på Cancel Changes (Kanseller endringer) for å tilbakestille filen til sin forrige status og lukke dialogboksen.

Endringene lagres ikke i filen, og revisjonssporet oppdateres ikke.

Passordbeskyttelse av filer

Som et ekstra sikkerhetsnivå, lar CFX Maestro Dx SE brukerne angi passord på alle sikre filer. Når du angir passord på en sikker fil, må du vurdere følgende forhold:

Tilstand	Handling
Ingen passord kreves.	Alle brukere kan åpne, endre og lagre den sikre filen, basert på deres tillatelser.
Fil krever lagring av passord.	Alle brukere kan åpne den sikre filen, og brukere som vet passordet kan endre og lagre den sikre filen.
Filen krever åpent passord.	Bare brukere som kjenner det åpne passordet, kan åpne, endre og lagre den sikre filen.
Filen krever både åpne og lagre passord.	Noen brukere kan åpne den sikre filen, og en undergruppe av disse brukerne kan endre og lagre filen.

Avhengig av brukerens rolle, kan enhver bruker utføre Save as (Lagre som) for å opprette en ny sikker fil med et annet navn eller lagre en fil med samme navn et annet sted så lenge ett av følgende stemmer:

- Den sikre filen er ikke passordbeskyttet.
- Brukeren har passordet for å åpne filen.

Tips: Den nye filen lagres uten passordbeskyttelse. Den opprinnelige filen beholder passordene sine.

Avhengig av hvilken rolle, kan en bruker endre og lagre originalfilen så lenge ett av følgende stemmer:

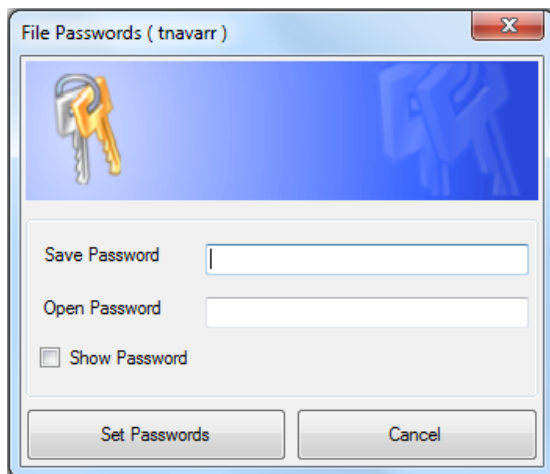
- Filen er ikke passordbeskyttet.
- Brukeren har passordet for å åpne og passordet for å lagre filen.

Merknad: Brukerens rolle må ha retten til å lagre filer for å angi passord. For eksempel kan brukere med rollen Guest ikke lagre filer og kan derfor ikke angi passord på en fil.

Viktig: Kun CFX Maestro Dx SE-administratorer kan tilbakestille eller fjerne passord.

Passordbeskytte en fil

1. Logg på CFX Maestro Dx SE med Windows-legitimasjonen din.
2. Åpne den sikre filen.
3. Velg File > File Passwords (Fil > Filpassord). Dialogboksen File Passwords (Filpassord) vises.



4. Skriv inn passord i boksen Save Password (Lagre passord) og Open Passwords (Åpne passord).

Tips: Passord vises som standard som stjerner når de skrives inn. Velg Show Password (Vis passord) for å vise passordet mens du skriver det.

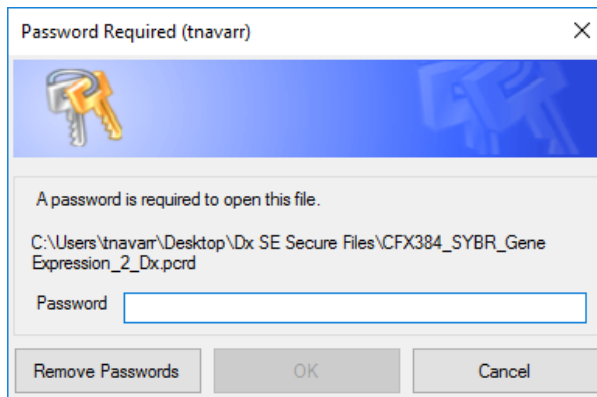
Viktig: Passord er følsomme for store og små bokstaver. CFX Maestro Dx SE setter ikke begrensninger på passord. For beste praksis, se systemadministratoren for krav om passord på stedet ditt.

5. Klikk på Set Passwords (Angi passord) for å angi passord og lukke dialogboksen.
6. Velg File >Save (Fil > Lagre) for å lagre endringene i filen.

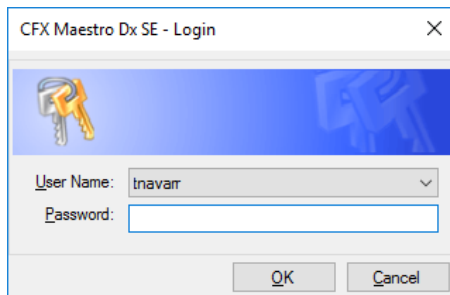
Fjerne passord

Viktig: Du må være en CFX Maestro Dx SE-administrator for å fjerne passord.

1. I dialogboksen Password Required (Passord kreves) klikker du Remove Passwords (Fjern passord).



CFX Maestro Dx SE-innloggingsdialogboksen vises.



2. Oppgi Windows brukernavn og passord for CFX Maestro Dx SE-administrator og klikk OK.

Den originale datafilen vises.

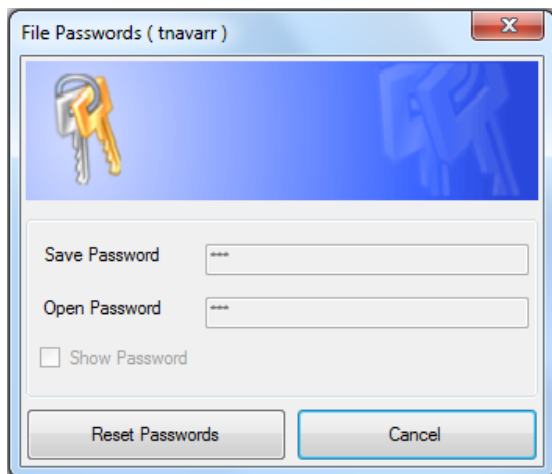
Viktig: Du må lagre filen for å fjerne passordene.

3. Velg File > Save (Fil > Lagre) for å lagre endringene i filen.

Endre passord

Viktig: Kun CFX Maestro Dx SE-administratorer kan endre passord.

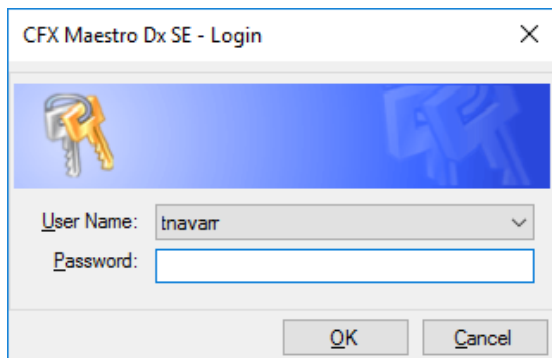
1. Åpne den sikre filen.
2. Velg File > File Passwords (Fil > Filpassord). Dialogboksen File Passwords (Filpassord) vises.



Tips: Save Password, Open Password og Show Password (Lagre passord, Åpne passord og Vis passord) er deaktivert.

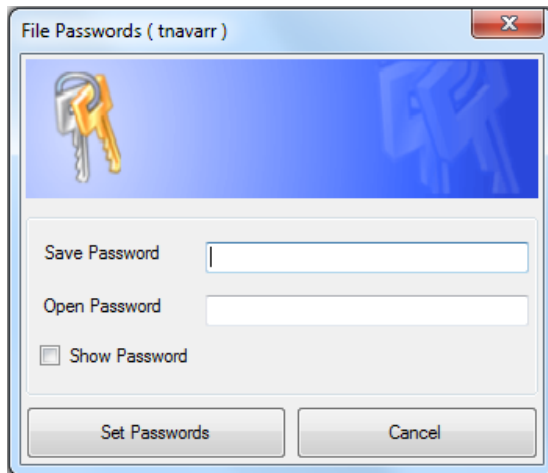
3. Klikk på Reset Passwords (Tilbakestill passord).

CFX Maestro Dx SE-innloggingsdialogboksen vises.



4. Oppgi Windows brukernavn og passord for CFX Maestro Dx SE-administrator og klikk OK.

Dialogboksen File Passwords (Filpassord) vises.



5. Gjør ett av følgende:
 - For å tilbakestille passordbeskyttelse, skriv inn et nytt passord i passordboksen.
 - La passordboksene være tomme for å fjerne passordbeskyttelsen.
6. Klikk på Set Passwords (Angi passord) for å lagre passordendringene og lukke dialogboksen.

Kapittel 5 Arbeidsområdet

CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition har et grensesnitt for å sette opp plater, lage PCR-protokoller, kjøre dem på CFX Opus Dx Deepwell Dx og analysere data fra PCR-kjøringer.

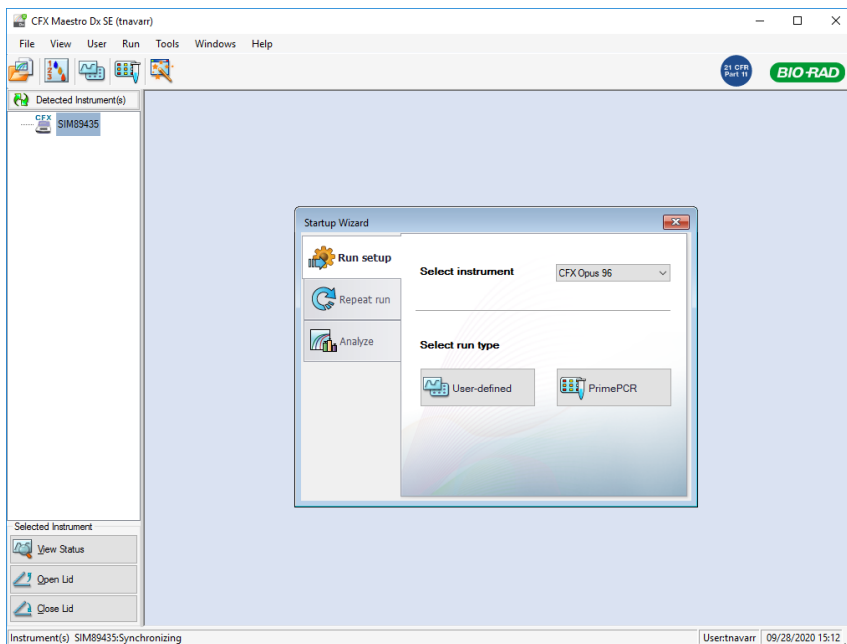
CFX Maestro Dx SE har fem primære arbeidsområder:

- Startvinduet
- Startup Wizard (Oppstartsveiviser)
- Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering)
- Vinduet Plate Editor (Plateredigering)
- Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

Hvert arbeidsområde vises og beskrives kort i dette kapitlet.

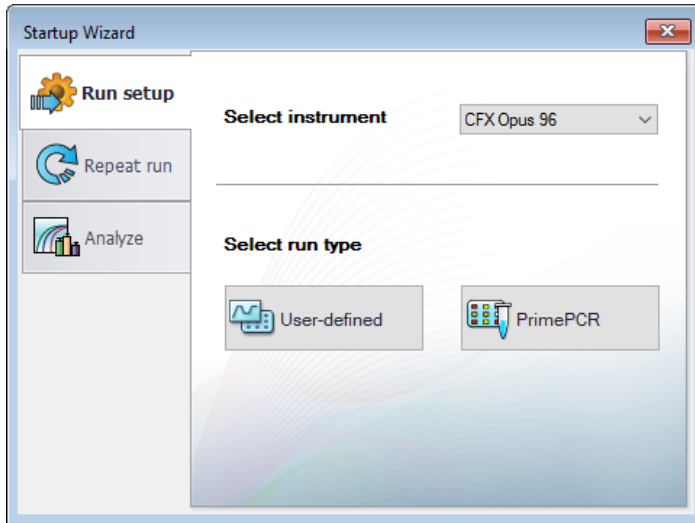
Startvinduet

CFX Maestro Dx SE åpnes i startvinduet og viser Startup Wizard (Oppstartsveiviser), som du kan bruke til å sette opp et eksperiment, utføre eller gjenta en kjøring, eller analysere en eksisterende kjøring. Fra startvinduet kan du også vise program- og instrumentlogger, opprette og administrere brukere og få tilgang til mange nyttige verktøy. Hvis du vil ha mer informasjon, se [Kapittel 6, Startvinduet](#).



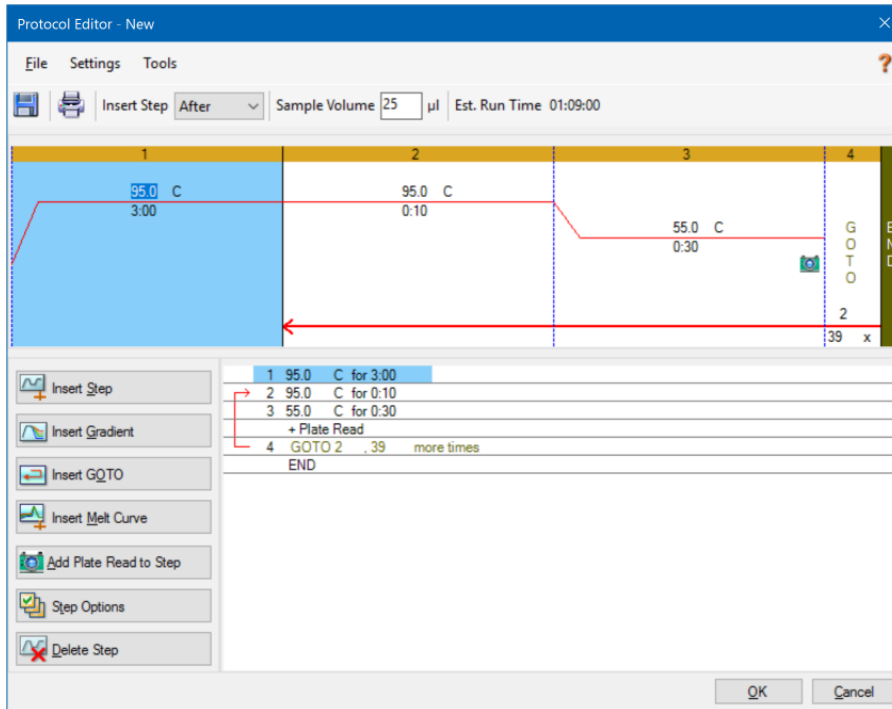
Startup Wizard (Oppstartsveiviser)

Bruk Startup Wizard (Oppstartsveiviser) for raskt å sette opp og kjøre brukerdefinerte eksperimenter eller velge og kjøre et PrimePCR-eksperiment. Du kan også bruke denne veiviseren for å gjenta en kjøring eller for å analysere kjøredata.



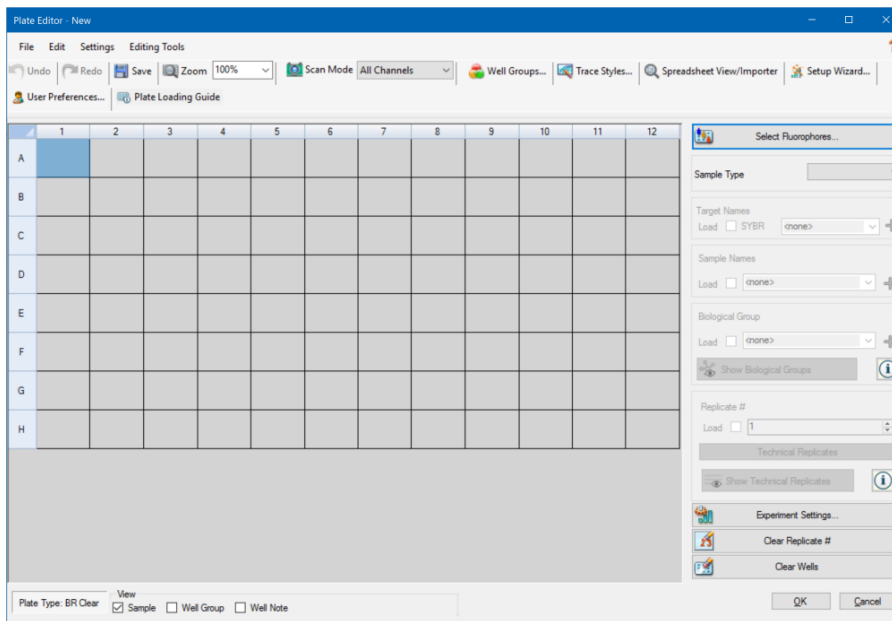
Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering)

I vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) kan du opprette, åpne, se gjennom og redigere en protokoll. Du kan også modifisere lokktemperaturen for den åpne protokollen. Funksjonen Protocol Editor (Protokollredigering) beskrives nærmere i [Kapittel 7, Opprette protokoller](#).



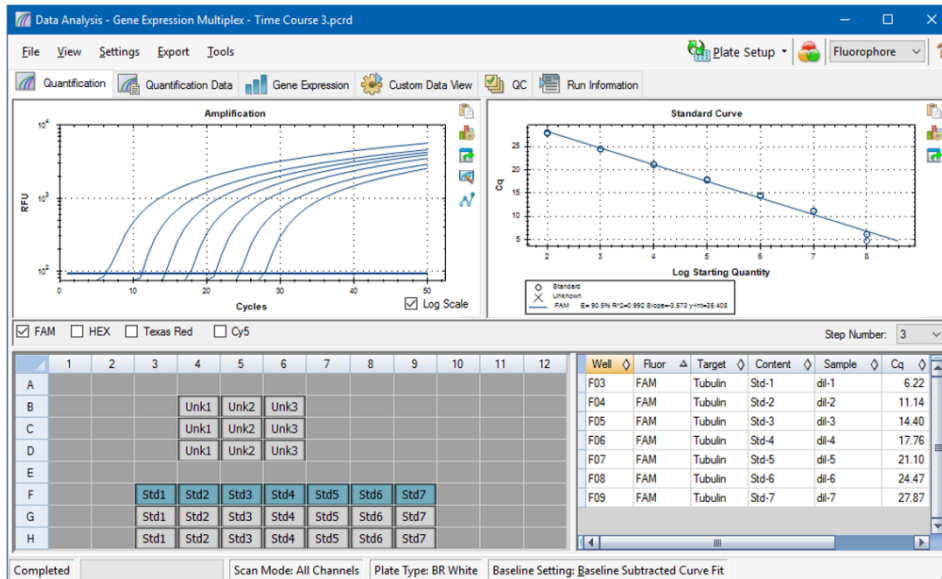
Vinduet Plate Editor (Plateredigering)

I Plate Editor (Plateredigering) kan du opprette, åpne, gjennomgå og redigere en plate. Funksjonene i Plate Editor (Plateredigering) er nærmere beskrevet i [Kapittel 8, Klargjøre plater](#).



Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) kan du vise og sammenligne kjøredata, utføre statistiske analyser, eksportere data og opprette rapporter klare til publisering. Dataanalysefunksjonalitet er beskrevet i [Kapittel 10, Oversikt over dataanalyse](#) og [Kapittel 11, Detaljer om dataanalyse](#).



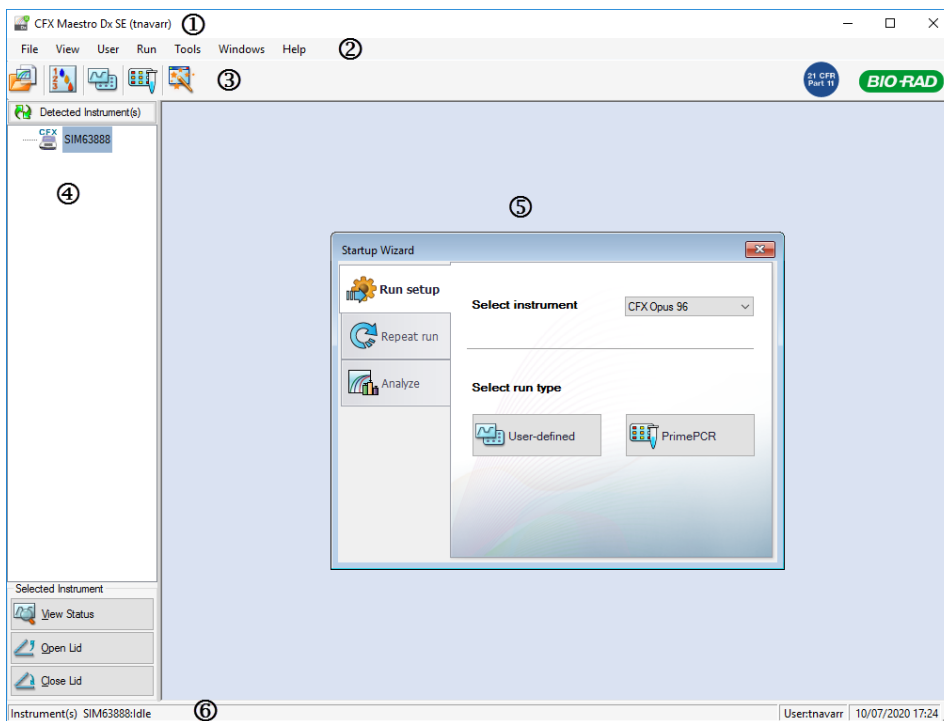
Kapittel 6 Startvinduet

CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition har et grensesnitt for å utvikle PCR-protokoller, å kjøre dem fra CFX Dx-systemer og analysere PCR-kjøredata.

Dette kapitlet introduserer CFX Maestro Dx SE og beskriver funksjonene som er tilgjengelige i startvinduet.

Startvinduet

CFX Maestro Dx SE åpnes i startvinduet og viser Startup Wizard (Oppstartsveiviser), der du kan sette opp en kjøring, utføre eller gjenta en kjøring, eller analysere en eksisterende kjøring. Fra startvinduet kan du også vise program- og instrumentlogger, opprette og administrere brukere og få tilgang til mange nyttige verktøy.



FORKLARING

1. Programvarens tittel linje viser navnet på programvaren og brukeren som er pålogget.
2. Denne menylinjen gir rask tilgang til menykommandoene File (Fil), View (Vis), Users (Brukere), Run (Kjør), Tools (Verktøy), Window (Vindu) og Help (Hjelp).
3. Kommandoene på verktøylinjen gir rask tilgang til menyalternativer.
4. Venstre rute viser instrumentene som er tilkoblet CFX Maestro Dx SE-datamaskinen, og den har knapper som kan brukes til å betjene lokket og vise status for instrumentene.
5. Hovedruten viser arbeidsvinduet. Startup Wizard (Oppstartsveiviser) på startskjerm bildet er standard arbeidsvindu.

6. Statuslinjen viser navnet på de tilkoblede instrumentene og brukeren som er pålogget.

Kommandoer i menyen File (Fil)

New (Ny) – åpner en dialogboks der du kan velge å opprette en ny protokoll, plate eller genstudie.

Open (Åpne) – åpner en dialogboks der du kan velge å navigere til og åpne en eksisterende protokoll, plate, datafil, genstudie, LIMS-fil, kjøring fra et frittstående instrument (stand-alone-kjøring) eller PrimePCR™-kjørefil.

Recent Data Files (Nylige datafiler) – viser en liste over nylig åpnede PCR-filer.

Repeat a Run (Gjenta en kjøring) – åpner Windows Utforsker til plasseringen med lagrede PCR-filer, der du kan finne kjøringen som skal gjentas.

Exit (Avslutt) – lukker CFX Maestro Dx SE.

Kommandoer i menyen View (Vis)

Application Log (Applikasjonslogg) – viser en logg over bruken av programvaren, fra første installasjon til i dag.

Run Reports (Kjøringsrapporter) – viser en liste over kjøgingsrapporter.

Startup Wizard (Oppstartsveiviser) – viser Startup Wizard (Oppstartsveiviser) i hovedruten.

Run Setup (Kjøringsoppsett) – viser vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) i hovedruten.

Instrument Summary (Instrumentsammendrag) – viser vinduet Instrument Summary (Instrumentsammendrag) i hovedruten.

Detected Instruments (Detekterte instrumenter) – viser/skjuler tilkoblede instrumenter i ruten til venstre. Som standard viser programvaren tilkoblede instrumenter i ruten til venstre.

Toolbar (Verktøylinje) – viser/skjuler verktøylinjen øverst på skjermen. Som standard viser programvaren verktøylinjen.

Status Bar (Statuslinje) – viser/skjuler statuslinjen nederst på skjermen. Som standard viser programvaren statuslinjen.

Show (Vis) – åpner en dialogboks hvor du kan

- vise eller blokkere statusloggen
- åpne og vise datamappen for CFX Maestro Dx SE
- åpne og vise brukerens datamappe
- åpne og vise LIMS-filmappen

- åpne og vise PrimePCR-mappen
- vise kjøringshistorikken
- vise egenskapene for alle tilkoblede instrumenter

Kommandoer i menyen User (Bruker)

Select User (Velg bruker) – åpner skjermbildet Login (Logg på), der du kan velge en bruker fra rullegardinmenyen User Name (Brukernavn) og logge på programmet.

Change Password (Endre passord) – åpner dialogboksen Change Password (Endre passord), der brukerne kan endre passordet sitt.

Merknad: Dette alternativet er deaktivert for CFX Maestro Dx SE. Brukere må endre Windows-passordet for å kunne endre sitt CFX Maestro Dx SE-passord.

User Preferences (Brukerpreferanser) – åpner dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), der brukere kan endre standardinnstillingene for

- Sende og motta e-postvarsel ved fullført kjøring
- Lagre datafiler
- Opprette protokoller via Protocol Editor (Protokollredigering) eller Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning)
- Opprette plateoppsett
- Analysere data
- Utføre analyse av genuttrykk
- Bestemme datakvaliteten
- Eksportere CFX-instrumentdata

User Administration (Brukeradministrasjon) – åpner dialogboksen User Administration (Brukeradministrasjon), der administratorer kan opprette brukere, endre rolletillatelser og tilordne roller til brukere.

Bio-Rad Service Login (Servicepålogging) – kun til bruk av Bio-Rad teknisk servicepersonell. Ikke velg denne kommandoen.

Kommandoer i menyen Run (Kjøring)

User-defined Run (Brukerdefinert kjøring) – åpner vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) der du kan sette opp en brukerdefinert protokoll og plate, og deretter kjøre et PCR-eksperiment på valgte instrumenter.

PrimePCR Run (PrimePCR-kjøring) – åpner fanen Start Run (Start kjøring) i vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) med standard PrimePCR-protokoll og plateoppsett lastet inn basert på det valgte instrumentet.

End-Point Only Run (Kjøring med kun endepunkt) – åpner fanen Start Run (Start kjøring) i vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) med standard endepunktprotokoll og plateoppsett lastet inn basert på det valgte instrumentet.

Qualification Run (Kvalifikasjonskjøring) – åpner fanen Start Run (Start kjøring) i vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) med standard Bio-Rad-kvalifikasjonsprotokoll og plateoppsett lastet inn basert på det valgte instrumentet.

Kommandoer i menyen Tools (Verktøy)

Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator) – åpner Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator), der du kan opprette en reaksjonsmiks og skrive ut beregningene.

Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) – åpner dialogboksen Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning), der du enkelt kan opprette en ny protokoll.

T_a Calculator (T_a-kalkulator) – åpner Ta Calculator (Ta-kalkulator), der du enkelt kan beregne hybridiseringstemperaturen til primere.

Dye Calibration Wizard (Veiviser for fargekalibrering) – åpner veiviseren Dye Calibration Wizard (Veiviser for fargekalibrering), der du kan kalibrere et instrument for en ny fluorofor.

Reinstall Instrument Drivers (Installerer instrumentdriverne på nytt) – installerer driverne som styrer kommunikasjonen med Bio-Rads PCR-sanntidssystemer, på nytt.

Zip Data and Log Files (Komprimer data og loggfiler) – åpner en dialogboks der du kan velge filer du vil komprimere og lagre i en komprimert fil for å oppbevare den eller sende den i en e-post.

Batch Analysis (Batchanalyse) – åpner dialogboksen Batch Analysis (Batchanalyse), der du kan angi parametere for analysering av mer enn én datafil om gangen.

Options (Alternativer) – åpner en dialogboks der du kan

- konfigurere innstillinger for e-postserver
- konfigurere eksportinnstillinger for LIMS eller andre datafiler

Tips: Du kan også velge alternativet for automatisk å starte Seegene Viewer ved eksport hvis du velger å eksportere dataene dine i Seegene-format.

- Endre språket som brukergrensesnittet viser (engelsk, kinesisk, russisk)

Viktig: Du må starte CFX Maestro Dx SE på nytt for å vise det valgte språket.

Viktig: Operativsystemets språk må samsvare med språket du vil vise i CFX Maestro Dx SE-grensesnittet.

Kommandoer i menyen Help (Hjelp)

Tips: Menyene Help (Hjelp) er tilgjengelig på menylinjen i alle vinduer i CFX Maestro Dx SE.

Contents (Innhold) – viser fanen Contents (Innhold) i hjelpesystemet i CFX Maestro Dx SE.

Index (Indeks) – viser Index-fanen i CFX Maestro Dx SE hjelpesystemet.

Search (Søk) – viser søkefanen i hjelpesystemet i CFX Maestro Dx SE.

Open User Guide (Åpne brukerhåndbok) – åpner en PDF av denne håndboken.

Additional Documentation (Tilleggsdokumentasjon) – gir tilgang til CFX Opus Dx PCR sanntidssystemets brukerhåndbok.

Release Notes (Versjonsmerknader) – åpner dokumentet med versjonsmerknader for den installerte versjonen av CFX Maestro Dx SE.

Video Resources (Videoressurser) – åpner et nettsted hvor du kan finne videoressurser, for eksempel instruksjonsvideoer for Bio-Rad.

qPCR Applications and Technologies Web Site (Nettsted for qPCR-applikasjoner og -teknologier) – åpner Bio-Rad-nettstedet for qPCR-applikasjoner og -teknologier, hvor du kan lære mer om sanntids-PCR (qPCR).

PCR Reagents Web Site (Nettsted for qPCR-reagenser) – åpner Bio-Rad-nettstedet for PCR- og qPCR-reagenser, hvor du kan bestille PCR-reagenser, supermikser, fargestoffer og kit.

PCR Plastic Consumables Web Site (Nettsted for qPCR-forbruksartikler i plast) – åpner Bio-Rad-nettstedet for PCR-forbruksartikler i plast, hvor du kan bestille PCR-plater, plateforsegling, rør og lokk, og annet tilbehør av plast.

Software Web Site (Nettsted for programvare) – åpner Bio-Rad-nettstedet for PCR-analyseprogramvare, hvor du kan bestille oppdaterte versjoner av Bio-Rads CFX Maestro Dx SE.

About (Om) – viser informasjon om opphavsrett og versjon for CFX Maestro Dx SE.

Kommandoer på verktøylinjen



– åpner Windows Utforsker, der du kan navigere til og åpne en datafil eller en genstudiefil.



– åpner Master Mix Calculator (Mastermikskalkulator).



– åpner vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett).



– åpner vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) med standard PrimePCR-protokollen og plateoppsettet lastet inn basert på det valgte instrumentet.

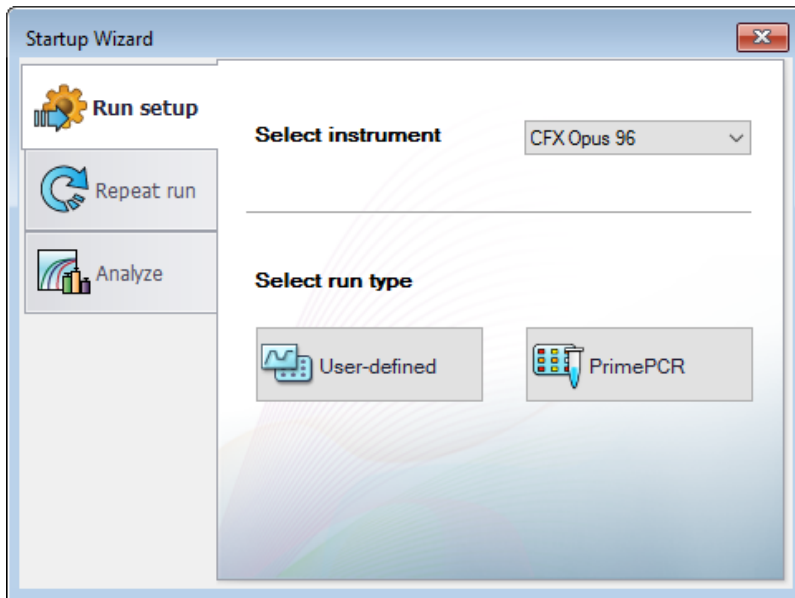


– åpner Startup Wizard (Oppstartsveiviser).

Startup Wizard (Oppstartsveiviser)

Når CFX Maestro Dx SE starter, vises Startup Wizard (Oppstartsveiviser) i arbeidsruten. Fra Startup Wizard (Oppstartsveiviser) kan du

- velge et instrument fra detekterte instrumenter og sette opp en brukerdefinert kjøring eller en PrimePCR-kjøring
- åpne og gjenta en kjøring
- åpne en datafil for å analysere resultatene fra én enkelt kjøring eller en genstudiefil for resultatene fra flere kjøring av gnuttrykk



Disse oppgavene forklares nærmere i de følgende kapitlene.

Statuslinje

På venstre side av statuslinjen nederst i programvarens hovedvindu vises gjeldende status for de detekterte instrumentene. På høyre side av statuslinjen vises navnet på gjeldende bruker samt dato og klokkeslett.

Ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter)

Ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) viser alle instrumenter som er koblet til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen. Som standard vises hvert instrument som et ikon, og instrumentets serienummer vises som dets navn.

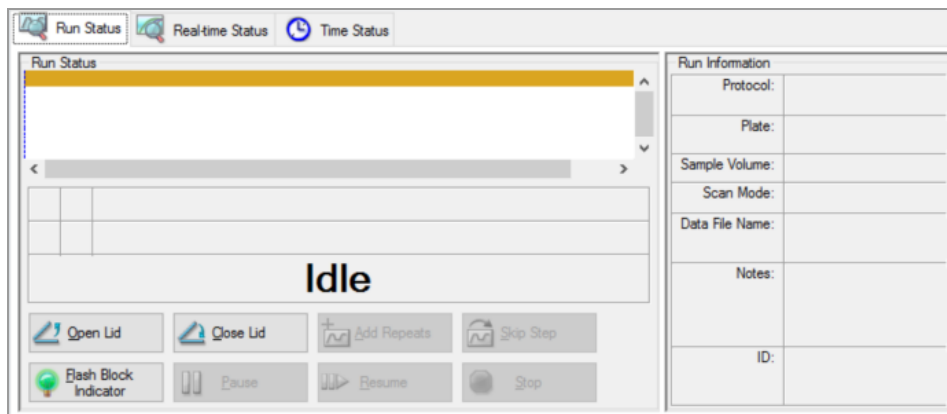
Fra denne ruten kan du

- Vis egenskaper og kalibrerte fargestoffer for et valgt instrument.
Se [Vise egenskapene til et instrument på side 72](#) for mer informasjon om instrumentegenskaper.
- Vis status for et tilkoblet instrument.
- Åpne det motordrevne lokket på det valgte instrumentet.
- Lukke det motordrevne lokket på det valgte instrumentet.
- Vis status for alle tilkoblede instrumenter.

Slik viser du status for et tilkoblet instrument

- ▶ Velg ønsket instrument i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter), og gjør ett av følgende:
 - Klikk på View Status (Vis Status) i delen Selected Instrument (Valgt instrument).
 - Høyreklikk og velg View Status (Vis status) på menyen som åpnes.

Dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer) åpnes og viser fanen Run Status (Kjøringsstatus). Status for det valgte instrumentet vises under ruten for kjøringstatus, som for eksempel:



Slik åpner eller lukker du lokket på et instrument

- ▶ Velg ønsket instrument i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter), og gjør ett av følgende:
 - Klikk på Open Lid (Åpne lokk) eller Close Lid (Lukk lokk) i delen Selected Instrument (Valgt instrument).
 - Høyreklikk og velg ønsket handling på menyen som åpnes.
 - Åpne dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer), velg fanen Run Status (Kjøringsstatus) og klikk på Open Lid (Åpne lokk) eller Close Lid (Lukk lokk).

Slik viser du status for alle detekterte instrumenter

- ▶ Gjør ett av følgende:
 - Klikk på View Summary (Vis sammendrag) i delen All Instruments (Alle instrumenter) i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter).
 - Velg View > Instrument Summary (Vis > Instrumentsammendrag) på menylinjen.

Dialogboksen Instrument Summary (Instrumentsammendrag) åpnes:

Tips: Hvis systemet detekterer kun ett tilkoblet instrument, vises ikke delen All Instruments (Alle instrumenter) i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter). Velg View > Instrument Summary (Vis > Instrumentsammendrag) for å vise instrumentsammendraget for ett enkelt instrument.

Kontroller på verktøylinjen Instrument Summary (Instrumentsammendrag)

Tabell 5 viser kontrollene og funksjonene på verktøylinjen Instrument Summary (Instrumentsammendrag).

Tabell 5. Kontroller på verktøylinjen Instrument Summary (Instrumentsammendrag)

Knapp	Navn på knapp	Funksjon
	Create a new Run (Opprett en ny kjøring)	Oppretter en kjøring for den valgte blokken ved å åpne vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett).
	Stop (Stopp)	Stopper den pågående kjøringen på valgte blokker.
	Pause (Sett på pause)	Setter den pågående kjøringen på valgte blokker på pause.
	Resume (Gjenoppta)	Gjenopptar den pågående kjøringen på valgte blokker.
	Flash Block Indicator (Blokkindikatorlampe)	Gjør at indikatorlampen på lokket på valgte blokker blinker.
	Open Lid (Åpne lokk)	Åpner det motordrevne lokket på den valgte blokken.
	Close Lid (Lukk lokk)	Lukker det motordrevne lokket på den valgte blokken.
	Hide Selected Blocks (Skjul valgte blokker)	Viser de valgte blokkene på listen Instrument Summary (Instrumentsammendrag).
	Show All Blocks (Vis alle blokker)	Viser de valgte blokkene på listen Instrument Summary (Instrumentsammendrag).
	Show (Vis)	Velg hvilke blokker som skal vises på listen. Velg ett av alternativene for å vise alle detekterte blokker, alle inaktive blokker, alle blokker som kjører med gjeldende bruker eller alle blokker som kjører.

Vise egenskapene til et instrument

Fra ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) kan du vise detaljer om et valgt instrument, inkludert egenskapene, status for transportskruen (bare CFX Connect og CFX Touch) og en liste over kalibrerte fargestoffer (fluoroforer).

Slik viser du instrumentegenskaper

- I ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) høyreklikker du på ønsket instrument og velger Properties (Egenskaper) i menyen som vises.

Fanen Properties (Egenskaper)

Fanen Properties (Egenskaper) viser tekniske detaljer om det valgte instrumentet, inkludert modellen, serienummeret til komponentene og fastvareversjoner. Standardnavnet på instrumentet (serienummeret) vises mange steder, blant annet i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) og i tittellinjen i dialogboksen Instrument Properties (Instrumentegenskaper). Du kan endre navnet på instrumentet for å gjøre det enklere å identifisere det.

Merknad: Du kan ikke endre navnet på CFX Opus-instrumentet ved å bruke CFX Maestro.

Fanen Calibrated Dyes (Kalibrerte fargestoffer)

Fanen Calibrated Dyes (Kalibrerte fargestoffer) viser de kalibrerte fluoroforene og platene for det valgte instrumentet.

	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"/>

Hvis du vil ha mer informasjon om en kalibrering, klikker du på knappen Info i kolonnen Detail (Detaljer).

Før du begynner

Denne delen forklarer oppgaver du kanskje trenger å utføre før du bruker CFX Maestro Dx SE. Dette inkluderer

- Opprette en reaksjonsmastermiks
- Kalibrere nye fargestoffer

Opprette en reaksjonsmastermiks

Ved hjelp av CFX Maestro Dx SEs Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator) kan du enkelt beregne det påkrevde volumet for hver komponent i mastermiksen. Du kan skrive ut tabellen med mastermiksberegninger på standardskriveren, og lagre beregningene for hvert mål til senere bruk.

Slik oppretter du en reaksjonsmastermiks ved hjelp av Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator)

1. Velg én av følgende fremgangsmåter for å åpne Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator):
 - Velg Tools > Master Mix Calculator (Verktøy > Mastermiks-kalkulator).
 - Klikk på Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator) på verktøylinjen.

Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator) vises.

2. I delen Reaction (Reaksjon) velger du en påvisningsmetode:
 - SYBR® Green/EvaGreen®
 - Probes (Prober)
3. Hvis du vil opprette et nytt mål, klikker du på Create New (Opprett ny) i delen Target (Mål). Et nytt målnavn vises i rullegardinmenyen for mål.
4. (Valgfritt) Slik endrer du standard målnavn:
 - a. Uthev målets navn i rullegardinmenyen for mål.
 - b. Skriv inn et nytt målnavn i boksen Target (Mål).
 - c. Trykk på Enter-tasten.
5. Juster start- og sluttkonsentrasjonen for forward- og reversprimeren og eventuelle prober.
6. I delen Master Mix Setup (Mastermiks-oppsett) justerer du verdiene for:
 - Number of reactions (Antall reaksjoner) som skal kjøres

- Reaction volume per well (Reaksjonsvolum per brønn)
 - Template volume (Templatvolum) per brønn
 - Supermix concentration (Supermiks-konsentrasjon) per brønn
 - Excess reaction volume (Ekstra reaksjonsvolum) per brønn
7. (Valgfritt) Utfør trinn 2–6 for nødvendig antall mål.
 8. I delen Choose Target to Calculate (Velg mål som skal beregnes) velger du målet som skal beregnes.

Tips: Du kan beregne kun ett, flere eller alle mål samtidig.

De beregnede volumene av de påkrevde komponentene for hvert mål som er valgt, vises i mastermikstabellen.

9. Klikk på Set as Default (Angi som standard) for å angi kvantitetene som er lagt inn i delene Target (Mål) og Master Mix Setup (Mastermiks-oppsett), som nye standarder.
10. Klikk på OK for å lagre innholdet i dialogboksen Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator).

Slik skriver du ut tabellen med mastermiksberegninger

- ▶ Klikk på Print (Skriv ut) for å skrive ut tabellen med mastermiksberegninger.

Tabellen med beregninger skrives ut på standardskriveren.

Slik lagrer du tabellen med mastermiksberegninger som en PDF

- ▶ Endre standardskriveren til en PDF-driver og klikk på Print (Skriv ut) i Master Mix Calculator (Mastermiks-kalkulator).

Slik sletter du mål

- ▶ Velg målet i rullegardinmenyen for mål og klikk på Remove (Fjern).

Viktig: Når du fjerner et mål fra mållisten, fjernes det også fra alle mastermiksberegninger det er blitt brukt i. Vær forsiktig når du sletter et mål.

Kalibrere nye fargestoffer

CFX Opus 96 Dx og CFX Opus Deepwell Dx er fabrikkkalibrert for vanlig brukte fluoroforer i hvite og gjennomsiktige plater. CFX Opus 384 Dx er bare kalibrert for normalt brukte fluoroforer i hvite plater. [Tabell 6](#) viser fluoroforene og kanalen som hvert instrument er kalibrert for.

Merknad: CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx inkluderer også en kanal dedikert til FRET-kjemi. Denne kanalen krever ikke kalibrering for bestemte fargestoffer.

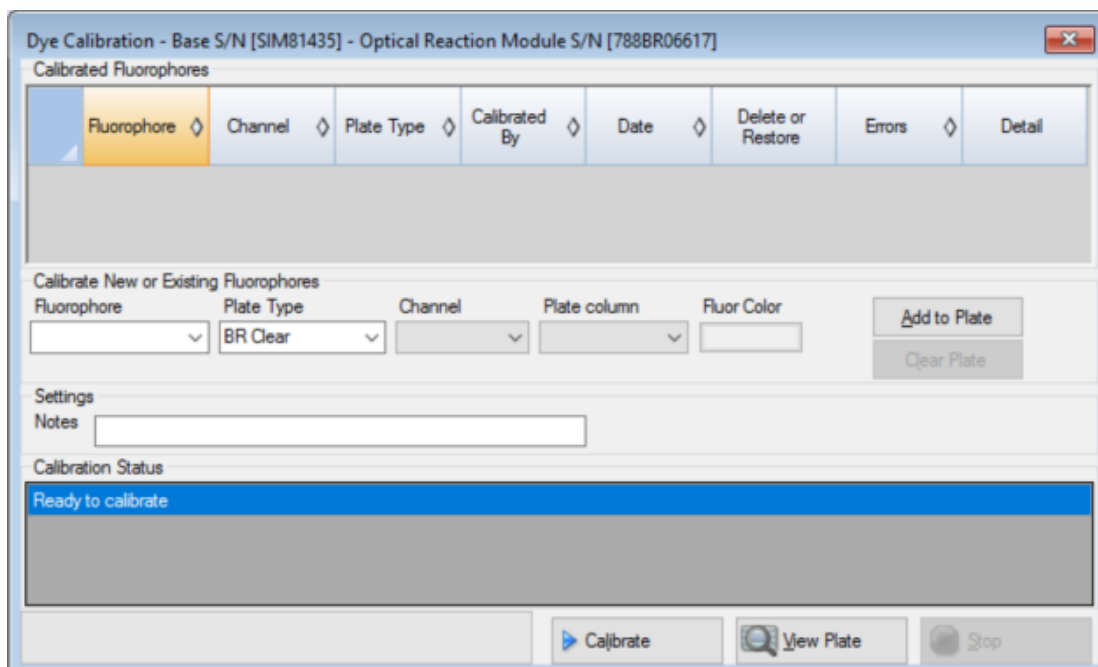
Viktig: Hvis du utfører en brukerdefinert kalibrering av et fargestoff som var fabrikkkalibrert, bruker instrumentet den brukerdefinerte kalibreringen i stedet for fabrikkkalibreringen.

Tabell 6. Fabrikkkalibrerte fluoroforer, kanaler og instrumenter

Fluoroforer	Kanaler	Eksitasjon, nm	Deteksjon, nm	Instrument
FAM, SYBR® Green I	1	450–490	515–530	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx
VIC, HEX, CAL Fluor Gold 540, Cal Fluor Orange 560	2	515–535	560–580	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx
ROX, Texas Red, CAL Fluor Red 610, TEX 615	3	560–590	610–650	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx
Cy5, Quasar 670	4	620–650	675–690	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx
Quasar 705, Cy5.5	5	672–684	705–730	Kun CFX Opus 96 Dx-systemer
FRET-kjemi (ikke fabrikkkalibrert)				
Ikke fabrikkkalibrert farge	FRET	450–490	560–580	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx

Slik kalibrerer du nye fargestoffer for CFX-systemene

1. Velg et målinstrument i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) i startvinduet.
2. Velg Tools > Calibration Wizard (Kalibreringsveiviser) for å åpne veiviseren for Dye Calibration (Kalibrering av fargestoff).



Fluoroforer som allerede er kalibrert for målinstrumentet, vises i tabellen Calibrated Fluorophores (Kalibrerte fluoroforer).

3. Velg fluoroforen du vil kalibrere fra rullegardinmenyen i delen Calibrate New (Kalibrer nytt) eller Existing Fluorophores (Eksisterende fluoroforer).

Hvis fluorofornavnet ikke står på listen, skriver du det inn i tekstboksen for å legge det til på listen.

Viktig: Vær forsiktig når du navngir tilpassede kalibrerte fluoroforene. Hvis du oppretter en tilpasset fargekalibrering for en fluorofor med samme navn som en fabrikkkalibrert fluorofor, vil den egendefinerte fluoroforen (ikke den fabrikkkalibrerte fluoroforen) være den som brukes av instrumentet under kjøringen.

4. Velg platetypen for fluoroforen.

Hvis platetypen ikke står på listen, skriver du det inn i tekstboksen for å legge den til på listen.

5. Velg en kanal for fluoroforen.
6. Velg en platekolonne for fluoroforen.

7. (Valgfritt) Skriv inn en farge som skal knyttes til fluoroforen.
8. Klikk på Add to Plate (Legg til i plate) for å legge til fluoroforen.
9. (Valgfritt) Gjenta trinn 3–8 for å legge til hvert av fluoroforene du skal kalibrere for platen.
10. Når du er ferdig å legge til fluoroforer, klikker du på View Plate (Vis plate) for å åpne vinduet Pure Dye Plate Display (Visning av ren fargestoffplate).

Bruk dette vinduet som en veiledning for å tilsette fargestoffene i platene.
11. Klargjør en 96-, 384- eller dypbrønnplate for fargestoffkalibrering:
 - a. Pipetter fargestoffløsning i hver brønn, og følg mønsteret vist i vinduet Pure Dye Plate Display (Visning av ren fargestoffplate).
 - b. For hvert fluorofor fyller du 50 µl (96- eller dypbrønn) eller 30 µl (384-brønnplate) 300 nm fargestoffløsning i fire brønner. Vær oppmerksom på at minst halve platen inneholder blanke brønner.
 - c. Forsegle platen ved bruk av forseglingsmetoden du vil bruke i eksperimentet.
12. Sett kalibreringsplaten i blokken og lukk lokket.
13. Klikk på Calibrate (Kalibrer) i veiviseren for Dye Calibration (Kalibrering av fargestoff), og klikk deretter på OK for å bekrefte at platen er i blokken.
14. Når CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition fullfører en kalibreringskjøring, vises en dialogboks. Klikk på Yes (Ja) for å fullføre kalibreringen og åpne Dye Calibration Viewer (Visningsprogram for fargestoffkalibrering).
15. Klikk på OK for å lukke vinduet.

Angi brukerpreferanser

Tips: Det er ikke nødvendig å utføre disse handlingene for å kunne bruke CFX Maestro Dx SE. Du kan trygt hoppe over dette avsnittet eller utføre handlingene når som helst senere.

I CFX Maestro Dx SE kan hver bruker tilpasse sitt arbeidsmiljø. I menyen Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) kan du for eksempel gjøre følgende:

- Sette opp e-postvarsling av fullførte kjøring

Merknad: Denne funksjonen er bare tilgjengelig for brukere hvis rolle har fått denne retten. Se [Administrere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-brukerroller på side 43](#) for mer informasjon.

- Endre standardinnstillingene for

- hvor filer skal lagres

- filene for kjøringssoppsett
- prefiks ved navngiving av fil
- Angi standardparameterne som skal brukes når det opprettes en ny protokoll og plate.
- Angi standardparameterne for dataanalyse og genuttrykk.
- Tilpasse standardparameterne for kvalitetskontroll.
- Tilpasse parametere for dataeksport.

I menyen Tools (Verktøy) kan du gjøre følgende:

- Opprette en mastermiks
- Kalibrere fargestoffer for et bestemt instrument

Merknad: Mastermiksen og fargestoffkalibreringen er tilgjengelig for alle som logger på programvaren.

Dette avsnittet forklarer hvordan disse oppgavene utføres.

Sette opp e-postvarsling

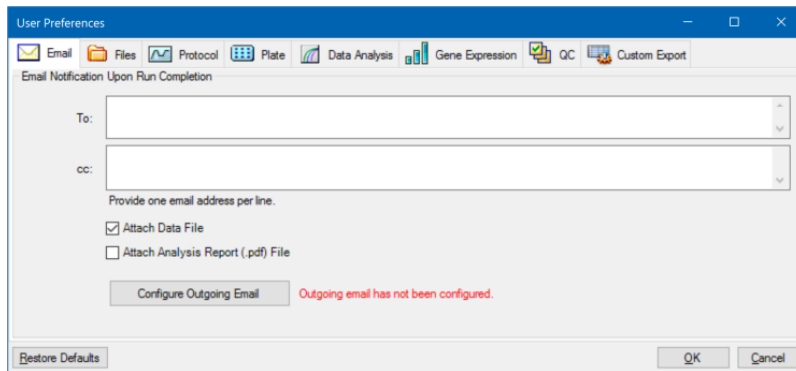
CFX Maestro Dx SE kan kobles til serveren for utgående e-post for å sende e-postvarslinger om fullførte kjøringar til en brukerliste. Du kan også velge å legge ved en datafil og en analyserapport til brukerlisten. For å sette opp forbindelsen mellom CFX Maestro Dx SE og en SMTP-server, kan du se [Koble Security Edition til en SMTP-server på side 81](#)

Merknad: Hvorvidt en bruker kan sette opp e-postfunksjoner avhenger av brukerrollen og rettighetene tildelt av administrator. For detaljer om administrasjon av brukere og deres roller, se [Administrere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-brukerroller på side 43](#).

Slik setter du opp e-postvarslinger

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).

Dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) åpnes, og fanen Email (E-post) vises.



Merknad: Hvis systemet registrerer at du ikke har satt opp en gyldig SMTP-server for CFX Maestro Dx SE, får du et varsel om dette. Klikk på Configure Outgoing Email (Konfigurer utgående e-post) for å åpne dialogboksen Options (Alternativer) og konfigurere SMTP-serveren. Se [Koble Security Edition til en SMTP-server på side 81](#) for mer informasjon.

2. I tekstboksen To (Til) skriver du inn e-postadressen til alle brukere du ønsker skal få et varsel om fullført kjøring. Alle mottakere mottar en e-post når kjøringen er fullført.

Merknad: Du må skrive inn hver e-postadresse på en egen linje. Trykk på Enter eller Retur etter hver adresse.

3. (Valgfritt) I tekstboksen cc (Kopi) skriver du inn e-postadressen til alle brukere du ønsker skal motta en kopi av varselet om fullført kjøring.
4. (Valgfritt) Som standard mottar alle brukere en kopi av datafilen som vedlegg. Fjern merkingen i denne avmerkingsboksen hvis du ikke vil legge ved en kopi av datafilen.
5. (Valgfritt) Velg Attach Analysis Report (Legg ved analyserapport) for å legge ved en PDF av analyserapporten i e-posten.
6. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).

Merknad: Du kan muligens konfigurere systemet til å sende et e-postvarsel til mobiltelefonen din, avhengig av tjenesteleverandøren din. Kontakt leverandøren av mobiltelefontjenester for spesifikk informasjon om e-postadressen til mobiltelefonen din. Skriv inn telefonens e-postadresse (for eksempel 5552221234@din_tjenesteleverandør_e-postdomene.net) i tekstboksen i skjermbildet User Preferences (Brukerinnstillinger).

Slik redigerer du e-postadressen til en mottaker

- Modifiser e-postadressen etter behov, og klikk på OK.

Slik fjerner du en e-postmottaker

1. Velg e-postmottakeren og trykk på tasten Delete (Slett).
2. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Koble Security Edition til en SMTP-server

Viktig: Noen kommersielle leverandører av nettposttjenester har økt e-postsikkerheten. Hvis du bruker disse kontoene, må du aktivere innstillingen **Allow less secure apps** (Tillat mindre sikre apper) i kontoinnstillingene for å gjøre det mulig for CFX Maestro Dx SE å sende e-post. Se sikkerhetsinformasjonen fra leverandøren av din nettbaserte e-posttjeneste for mer informasjon.

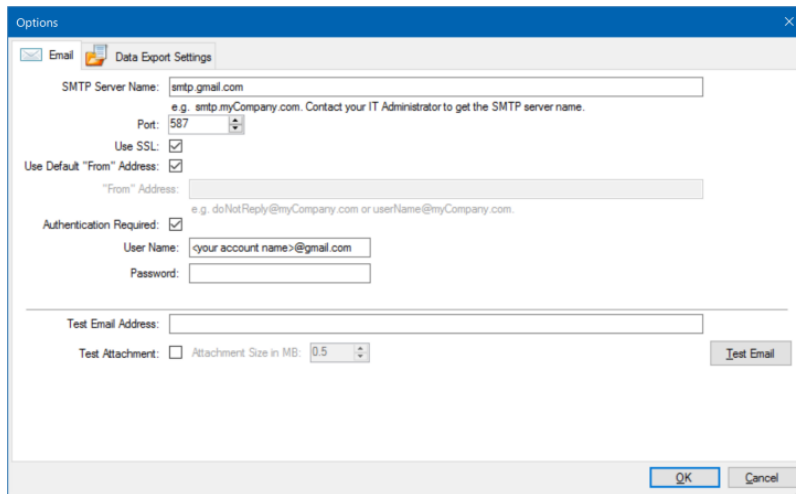
Hvis du bruker Google Gmail eller Microsoft Office 365 SMTP-server for å sende e-post, må du aktivere en tofaktorautentisering og generere et «App-passord» i Gmail- eller Office365-kontoinnstillingene. For autentisering i Maestro e-postoppsettdialogen, kopierer og limer du inn "App-passord" i Passord-feltet i stedet for vanlig e-postpassord.

Du må opprette en tilkobling fra CFX Maestro Dx SE til e-postserveren før programvaren kan sende e-postvarslinger.

Slik kobler du CFX Maestro Dx SE til en e-postserver

1. Gjør ett av følgende:
 - Velg User > User Preferences (Bruker > Brukerpreferanser) og klikk på Configure Outgoing Email (Konfigurer utgående e-post) på fanen Email (E-post).
 - Velg Tools > Options (Verktøy > Alternativer).

Dialogboksen Options (Alternativer) vises med fanen Email (E-post).



2. Oppgi følgende informasjon for institusjonen din:

- **SMTP Server Name** (SMTP-servernavn) – navnet på serveren for utgående e-post på institusjonen din.
- **Port** – portnummeret for SMTP-serveren. Dette er vanligvis 25.
- **Use SSL** (Bruk SSL) – alternativ for Secure Sockets Layer (SSL). Noen SMTP-servere krever denne innstillingen. Fjern haken fra avmerkingsboksen hvis det ikke kreves på institusjonen din.
- **Use Default "From" Address** (Bruk standard Fra-adresse) – navnet på e-postserveren på institusjonen din. Noen SMTP-servere krever at all e-post som sendes, har en Fra-adresse som er fra et bestemt domene, for eksempel navn@InstitusjonenDin.com. I så fall fjerner du haken fra denne avmerkingsboksen og oppgir en gyldig e-postadresse.
- **Authentication Required** (Autentisering kreves) – hvis institusjonen din krever kontoautentisering, må du sjekke at denne avmerkingsboksen er merket.
- **User Name** (Brukernavn) – navnet på den autentiserte kontoen. Dette er påkrevd kun dersom Authentication Required (Autentisering kreves) er valgt.

- **Password** (Passord) – passordet for den autentiserte kontoen. Dette er påkrevd kun dersom Authentication Required (Autentisering kreves) er valgt.

Viktig: Hvis du bruker Google Gmail eller Microsoft Office 365 SMTP-server for å sende e-post, må du aktivere en tofaktorautentisering og deretter generere et «App-passord» i Gmail- eller Office365-kontoinnstillingene. For autentisering i Maestro e-postoppsettdialogen, kopierer og limer du inn Passord-feltet i CFX Maestro Dx SE i stedet for vanlig e-postpassord.

Skriv inn en gyldig e-postadresse i tekstboksen Test Email Address (Test e-postadresse) og klikk på Test Email (Test e-post) for å verifisere at SMTP-serverinnstillingene er riktige.

Merknad: Noen SMTP-servere tillater ikke vedlegg, og andre tillater kun vedlegg opptil en bestemt størrelse. Hvis du planlegger å sende datafiler og/eller rapporter via e-post ved bruk av CFX Maestro Dx SE, velger du Test Attachment (Test vedlegg) og stiller Attachment Size (Vedleggsstørrelse) til 5 megabyte (MB) eller mer.

3. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Endre standard filinnstillinger

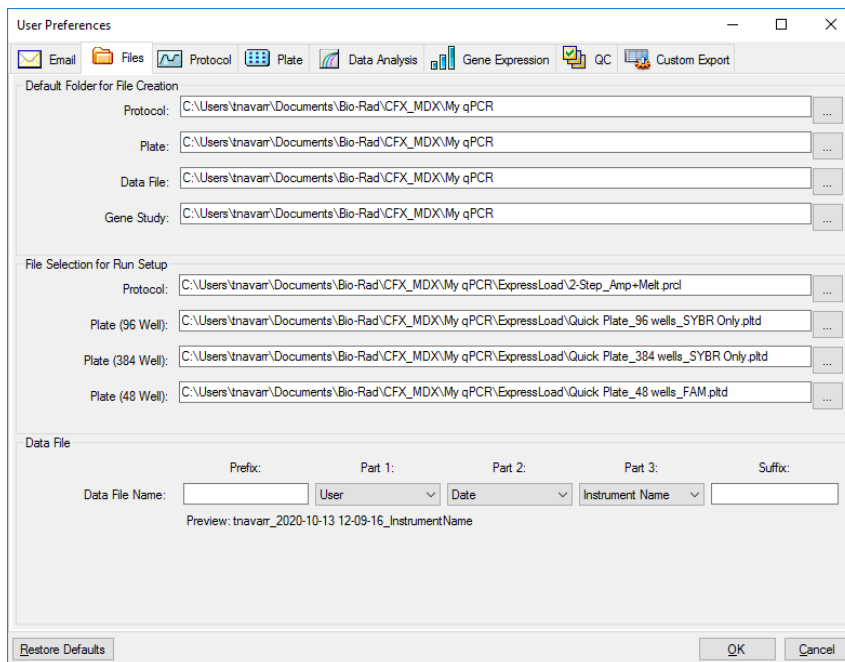
I fanen Files (Filer) i dialogboksen User Preference (Brukerpreferanse) kan du endre

- Standardplasseringen for lagring av CFX Maestro Dx SE-filer
- Standardfilene for kjøringssoppsett
- Standardparameterne for filnavngiving

Slik endrer du standard filinnstillinger

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. I dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) velger du fanen Files (Filer).

Kapittel 6 Startvinduet



- I standardmappen for delen File Creation (Filoprettelse) navigerer du til og velger en standardmappe som du vil lagre nye filer i. Du kan velge forskjellig plassering for hver filtype:
 - Protocol (Protokoll)
 - Plate
 - Data File (Datafil)
 - Gene Study (Genstudie)
- I delen File Selection for Run Setup (Filvalg for kjøringsoppsett) navigerer du til og velger målprotokollen og platefilene som skal vises når du åpner vinduet Experiment Setup (Oppsett av eksperiment).
- I delen Data File (Datafil) definerer du prefiks og/eller suffiks for datafiler. Velg en ny verdi fra rullegardinlisten for hver del. Du kan også oppgi egendefinerte prefiks- og suffiksverdier i tekstboksene Prefix (Prefiks) og Suffix (Suffiks).

CFX Maestro Dx SE viser en forhåndsvisning av filnavnet under valgboksene.

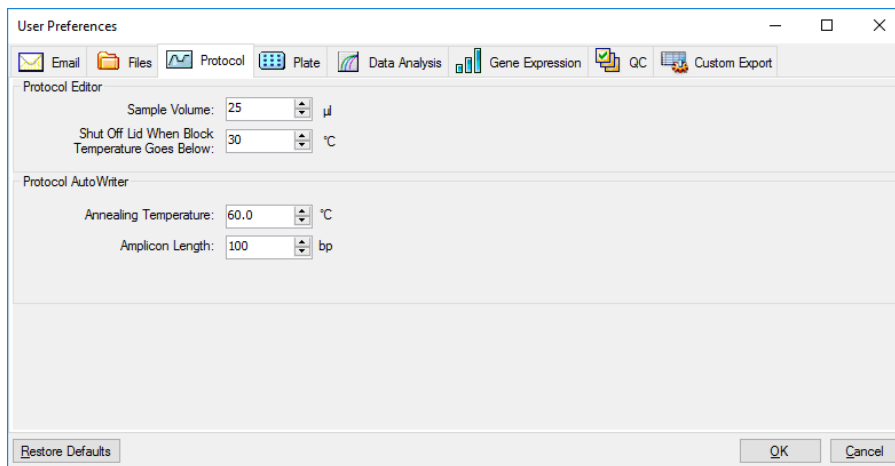
- Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Angi standardparametere for protokoll

Slik stiller du inn standardparametere for protokoll for Protocol Editor (Protokollredigering) og Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning)

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. Velg fanen Protocol (Protokoll) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).



3. I delen Protocol Editor (Protokollredigering) spesifiserer du verdier for følgende innstillinger som vises i Protocol Editor (Protokollredigering):
 - **Sample volume** (Prøvevolum) – volumet av hver prøve i brønnene (i µl).
 - **Lid Shutoff temperature** (Lokk-avstengingstemperatur) – temperaturen i °C der lokkvarmeren slås av under en kjøring.
4. I delen Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskriver) spesifiserer du verdier for følgende innstillinger som vises i Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskriver):
 - **Annealing temperature** (Hybridiseringstemperatur) – temperaturen i °C for eksperimenter som bruker iProof DNA-polymerase, iTaq DNA-polymerase eller andre polymeraser.
 - **Amplicon length** (Amplikonlengde) – lengden av amplikonet i basepar (bp).
5. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Angi standardparametere for plate

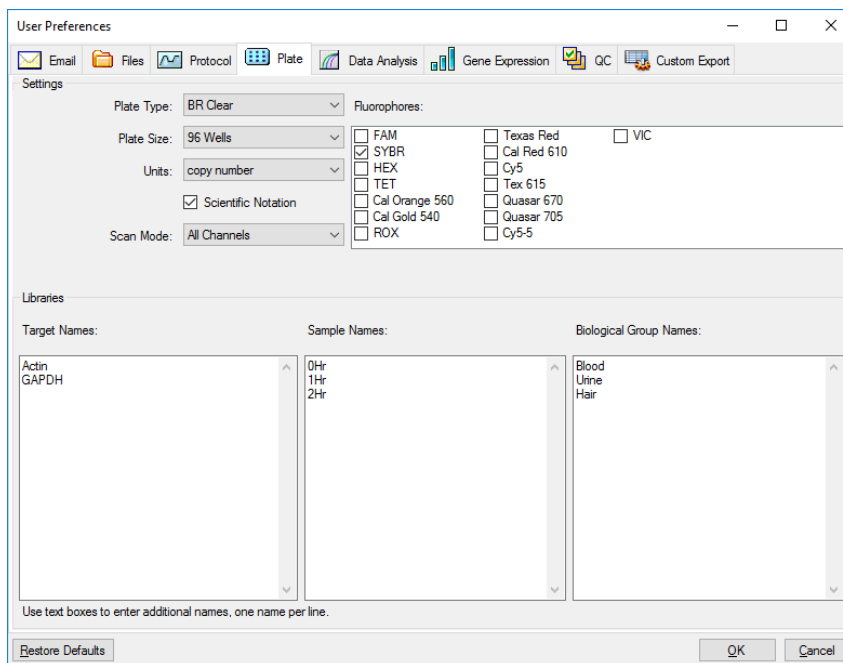
Endringer du gjør i fanen Plate, er tilgjengelig for alle brukere av programvaren. Endringer du gjør under plateoppsettet, er tilgjengelig for alle brukere etter at du har lagret og lukket platefilen.

I dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) kan du gjøre følgende:

- Angi standardparametere for plate.
- Legg til nye navn på mål, prøve og biologiske grupper i deres respektive biblioteker.
- Slette navn på mål, prøver og biologiske grupper fra deres respektive biblioteker.

Slik angir du plateparametere

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. I dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) velger du fanen Plate.



3. Angi verdier for følgende innstillinger for en ny platefil. Disse verdiene vises i vinduet Plate Editor (Plateredigering):

- **Platetype**

- **Platestørrelse**

- **Units** (Enheter) – konsentrasjonen på start-templatet for brønner som inneholder standarder.

CFX Maestro Dx SE bruker disse enhetene til å opprette en standardkurve i fanen Data Analysis Quantification (Dataanalyse for kvantifisering).

- **Scientific notation** (Vitenskapelig notasjon) – når denne er valgt, viser CFX Maestro Dx SE konsentrasjonsenhetene i vitenskapelig notasjon.

- **Scan mode** (Skannemodus) – antall eller type kanaler som skal skannes under en kjøring.

- **Fluorophores** (Fluoroforer) – standardfluoroforene som vises i kontrollene for brønnfylling i Plate Editor (Plateredigering).

- **Libraries** (Bibliotek) – navn på mål, prøver og biologiske grupper du vanligvis bruker i eksperimentene:

- Target names** (Målnavn) – navn på målgener og sekvenser.

- Sample names** (Prøvenavn) – navn på eksperimentprøver eller identifiserende egenskaper for prøvene (for eksempel Mouse1, Mouse2, Mouse3).

- Biological group names** (Biologiske gruppenavn) – navn på grupper med lignende prøver som har samme behandlingsstatus eller betingelser (for eksempel 0Hr, 1Hr, 2Hr).

4. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Legge til et nytt navn på mål, prøve eller biologisk gruppe

- ▶ I den tilsvarende biblioteksboksen skriver du inn navnet for målet, prøven eller den biologiske gruppen og klikker på OK.

Slette et navn på mål, prøve eller biologisk gruppe

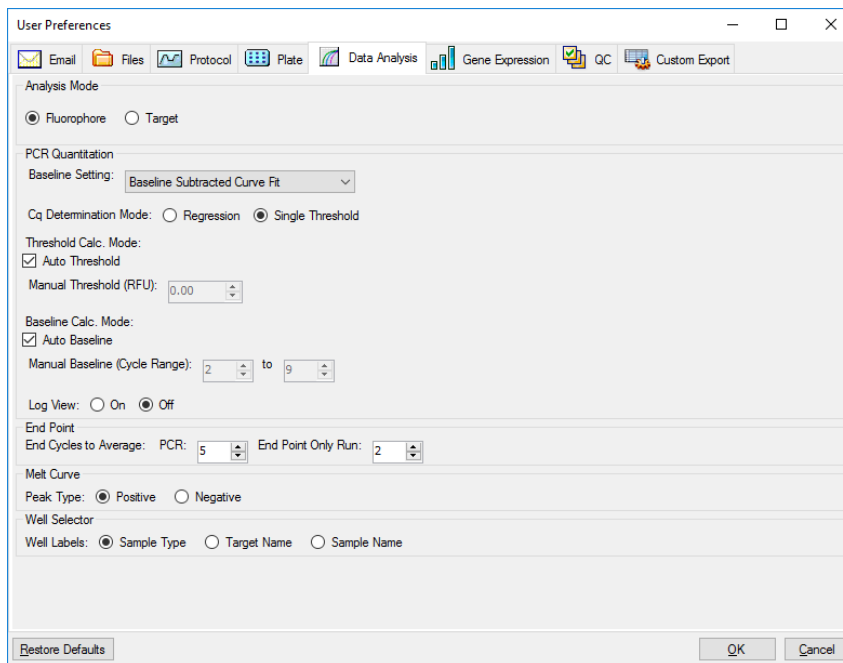
- ▶ I den tilsvarende biblioteksboksen velger du navnet, trykker på tasten Delete (Slett) og klikker deretter på OK.

Viktig: Navn du fjerner fra biblioteket, fjernes fra programvaren og er ikke lenger tilgjengelig for brukere. Klikk på Restore Default (Gjenopprett standarder) for å gjenopprette standard CFX Maestro Dx SE-navn. Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du sletter standard CFX Maestro Dx SE-navn og når du klikker på denne knappen.

Angi standardparametere for dataanalyse

Slik angir du standardparametere for dataanalyse

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. I dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) velger du fanen Data Analysis (Dataanalyse).



3. I delen Analysis Mode (Analysemodus) velger du modusen du vil bruke til å analysere dataene (enten Fluorophore (Fluorofor) eller Target (Mål)).
4. I delen PCR Quantification (PCR-kvantifisering) angir du standardparametere for følgende alternativer:

- **Baseline Setting** (Baselinjeinnstilling) – baselinjemetoden for analysemodus.
- **Cq Determination Mode** (Cq-bestemmelsesmodus) – modusen der C_q-verdier beregnes for hver fluorescenskurve (enten regresjon eller enkel terskel).
- **Threshold Calc. Mode** (Modus for terskelberegning) – mengden av endepunktmål.

Standardverdien er Auto (Automatisk). Det vil si at programvaren beregner endepunktmålet automatisk. Når du vil angi en bestemt terskel, fjerner du merkingen i avmerkingsboksen Auto (Automatisk) og legger inn endepunktmengden, beregnet i relative fluorescenseenheter (eller

RFU). Maksimumsverdien er 65 000,00 RFU. Datafiler for etterfølgende kjøring vil bruke denne terskelinnstillingen.

- **Baseline Calc. Mode** (Modus for baselinjekalkulator) – baselinjeverdien for alle kurver.

Standardverdien er Auto (Automatisk). Det vil si at programvaren beregner baselinjen for alle kurver automatisk. Når du vil angi en spesifikk baselinje verdi, fjerner du merkingen i avmerkingsboksen Auto (Automatisk) og legger inn minimums- og maksimumsverdiene for syklusområdet (1 til 9999). Datafiler for etterfølgende kjøring vil bruke dette syklusområdet.

- **Log View** (Loggvisning) – bestemmer hvordan programvaren viser amplifiseringsdataene:

- On** (På) – amplifiseringsdataene vises på en halvlogaritmisk graf.
- Off** (Av) – (standard) amplifiseringsdataene vises på en lineær graf.

5. I delen End Point (Endepunkt) velger du antall endesykluser som skal brukes til å finne gjennomsnitt under beregning av endepunktberegningene:

- **PCR** – antall endesykluser som skal brukes til å finne gjennomsnitt for kvantifiseringsdata (standard er 5).
- **End Point Only run** (Kjøring av kun endepunkt) – antall endesykluser som skal brukes til å finne endepunktdata (standard er 2).

6. I delen Melt Curve (Smeltekurve) velger du typen topp som skal detekteres (enten positiv eller negativ).
7. I delen Well Selector (Brønnvelger) velger du hvordan du vil vise brønnetiketter (etter prøvetype, målnavn eller prøvenavn).
8. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Angi standardparametere for datafil for genuttrykk

Slik angir du standardparametere for en ny datafil for genuttrykk

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. Velg fanen Gene Expression (Genuttrykk) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
3. Spesifiser verdiene for følgende innstillinger:
 - **Relative to** (I forhold til) – lagrer en graf av genuttryksdataene i forhold til enten en kontroll (utgangspunkt 1) eller null:
 - **Zero** (Null) – programvaren ignorerer kontrollen. Dette er standarden når ingen kontrollprøve er tilordnet i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger).
 - **Control** (Kontroll) – programvaren beregner dataene i forhold til kontrollprøven tilordnet i vinduet Experiment Setup (Eksperimentoppsett).
 - **X-axis** (X-akse) – lager en graf av prøven eller målet på x-aksen.
 - **Y-axis** (Y-akse) – lager en graf for lineær, log₂- eller log₁₀-skala på y-aksen.
 - **Scaling** (Skalering) – skaleringsalternativet for grafen (standardalternativet er ikke-skalert):
 - **Highest** (Høyest) – programvaren skalerer grafen til det høyeste datapunktet.
 - **Lowest** (Lavest) – programvaren skalerer grafen til det laveste datapunktet.
 - **Unscaled** (Ikke-skalert) – programvaren presenterer dataene som ikke er skalert i grafen.
 - **Mode** (Modus) – analysemodusen, enten relativ kvantitet (ΔC_q) eller normalisert uttrykk ($\Delta\Delta C_q$).
 - **Error Bar** (Feilsøyle) – datavariabilitet presentert som enten standardavvik (Std. Dev.) eller standardfeil av gjennomsnitt (Std. Error Mean).
 - **Error Bar Multiplier** (Feillinjemultiplikator) – standardavvikmultiplikatoren som brukes for å lage en graf av feilsøylene (standard er 1).

Du kan øke multiplikatoren til enten 2 eller 3.
 - **Sample Types to Exclude** (Prøvetyper som skal ekskluderes) – prøvetyper som skal ekskluderes fra analysen.

Du kan velge én eller flere prøver som skal ekskluderes fra analysen. Du ekskluderer alle prøvetyper ved å fjerne eventuelle merker i avmerkingsboksene for valgte prøvetyper.
4. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Tilpasse regler for kvalitetskontroll

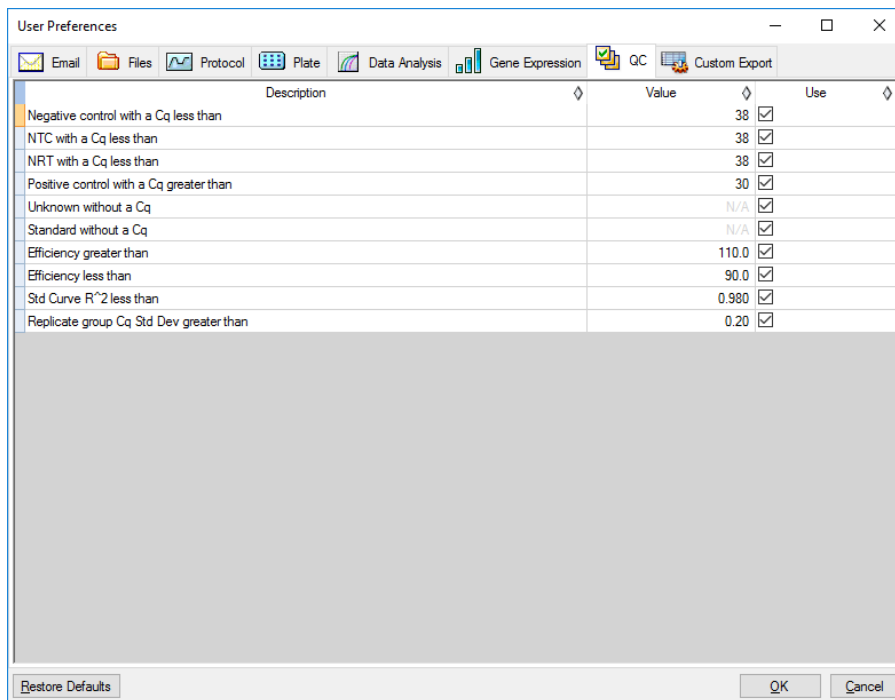
I CFX Maestro Dx SE kan du angi kvalitetskontrollregler som skal brukes på data i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Programvaren validerer dataene basert på reglene du angir.

Merknad: Alle kvalitetskontrollregler er aktivert som standard.

Tips: I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) kan du enkelt ekskludere brønner som ikke består en kvalitetskontrollparameter, fra analysen i QC-modulen.

Slik tilpasser du kvalitetskontrollregler

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. Velg fanen QC (Kvalitetskontroll) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).



Der:

- **NTC** – ikke-templatkontroll

- **NRT** – uten revers transkriptasekontroll
 - **Efficiency** (Effektivitet) – reaksjonseffektivitet
 - **Std Curve R²** (Standardkurve R²) – R-kvadratverdien for standardkurven
 - **Replicate group Cq Std Dev** (Replikatgruppe Cq standardavvik) – standardavvik beregnet for hver replikatgruppe
3. Velg én av følgende fremgangsmåter for hver kvalitetskontrollregel:
- Hvis du vil bruke standardverdien, gjør du ingenting.
 - Hvis du vil endre verdien, klikker du i tekstboksen Value (Verdi), skriver inn en ny verdi og trykker på Enter-tasten.
 - Hvis du vil deaktivere regelen, fjerner du merket i avmerkingsboksen Use (Bruk).
4. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Tilpasse parametere for dataeksport

Du kan eksportere CFX Maestro Dx SE-data i følgende format:

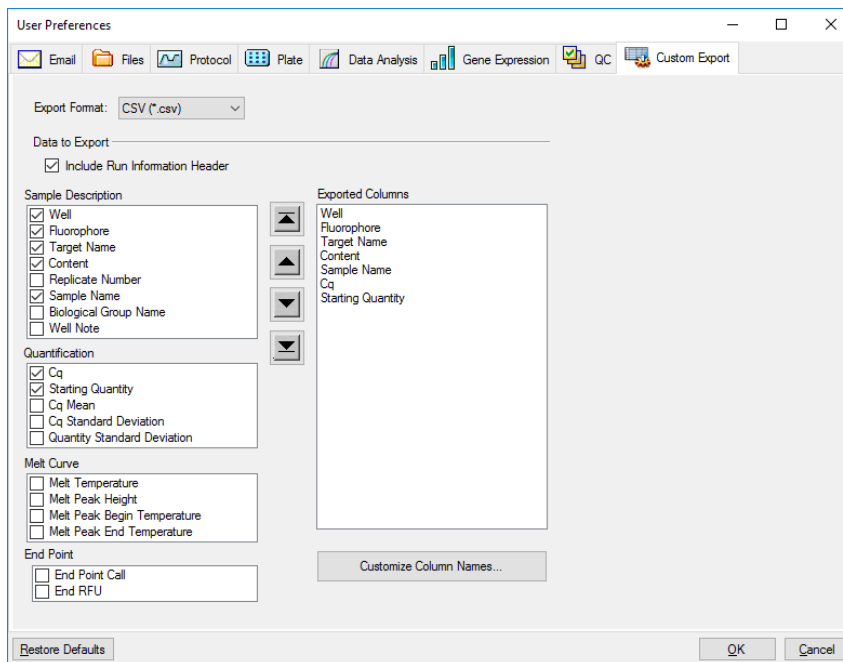
- Tekst (.txt)
- CSV (.csv)
- Excel (.xls, .xlsx)
- XML (.xml)
- HTML (.html)

Viktig: Datamaskinen din må ha Microsoft Excel installert for at du skal kunne eksportere data til et Microsoft Excel-regneark.

Du kan spesifisere hvilken type data du vil eksportere, og tilpasse utdataene for de eksporterte dataene.

Slik egendefinerer du parametere for dataeksport

1. Velg Users > User Preferences (Brukere > Brukerpreferanser) for å åpne dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).
2. I dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) velger du fanen Custom Export (Tilpasset eksport).



3. I rullegardinmenyen Export Format (Eksportformat) velger du hvilket format du vil eksportere dataene i.
4. I delen Data to Export (Data som skal eksporteres) merker du avmerkingsboksene eller fjerner merkingen i avmerkingsboksene for datatypen(e) som skal eksporteres. De valgte elementene vises i listeboksen Exported Columns (Eksporterte kolonner).

Merknad: Kjøringsinformasjonen er som standard inkludert i toppteksten. Fjern merkingen i denne avmerkingsboksen hvis du ikke vil inkludere kjøringinformasjonen.

5. Du kan endre rekkefølgen for hvordan de valgte elementene skal vises i eksportfilen.

I listeboksen Exported Columns (Eksporterte kolonner) merker du elementet og klikker deretter på pilknappene til venstre for listen for å flytte elementet opp eller ned.

6. Du kan også endre kolonnenavnene for de valgte elementene i den eksporterte filen.
 - a. Klikk på Customize Column Names (Tilpass kolonnenavn).
Dialogboksen Column Name Customizer (Tilpasning av kolonnenavn) åpnes.
 - b. For hvert standardkolonnenavn du vil endre, skriver du inn det nye navnet i feltet Custom Name (Egendefinert navn).

c. Gjør ett av følgende:

- Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til fanen Custom Export (Tilpasset eksport). Det nye navnet vises i parenteser ved siden av standardkolonnenavnet i listeboksen Exported Columns (Eksporterte kolonner).
- Klikk på Cancel (Avbryt) for å forkaste endringene og gå tilbake til fanen Custom Export (Tilpasset eksport).

7. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen.

Viktig: Hvis du klikker på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), tilbakestilles alle preferansene i alle faner til de opprinnelige fabrikkinnstillingene. Utvis forsiktighet når du klikker på denne knappen.

Kapittel 7 Opprette protokoller

En protokoll er et sett med trinn som utføres i en bestemt sekvens. I CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition er alle trinnene knyttet til alternativene på instrumentet. For eksempel gir trinnene instruksjoner til instrumentet om å kontrollere blokk- og lokktemperatur, bruke en temperaturdifferanse over hele blokken, utføre en plateavlesning eller utføre en smeltekurveanalyse. Hvert alternativ angis for ulike plate- og kjøringstyper.

CFX Maestro Dx SE har to alternativer for å opprette protokoller: Protocol Editor og Protocol AutoWriter (Protokollredigering og Protokoll autoskriver).

Protocol Editor (Protokollredigering) har følgende:

- standardprotokoller for rask oppretting av protokoller
- mulighet til raskt å beregne en gradient for valgte antall rader
- mulighet til raskt å beregne kjøretid for valgt platetype
- mulighet til å redigere protokolltrinn
- mulighet til å lagre protokoller for gjenbruk
- mulighet til å skrive ut protokollen på en standardskriver

I henhold til parameterne du angir, genererer Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) automatisk en tilpasset PCR-protokoll med varmestart, innledende denaturering, hybridisering og forlengelsestrinn. Du kan deretter se en grafisk representasjon av den foreslåtte protokollen og redigere, kjøre eller lagre protokollen.

Parametere og områder for protokolltrinn

Bruk informasjonen i [Tabell 7](#) til å endre standardinnstillingene for trinnene i protokollen.

Temperaturtrinn

Måltemperaturen er en verdi på mellom 4 og 100 °C, angitt i tiendedeler av en grad. Systemet stiger til denne temperaturen og opprettholder verdien i en spesifisert tid (holdetid).

Gradienttrinn

Gradientområdet er forskjellen mellom nedre og øvre temperatur i et gradienttrinn. Maksimalt tillatt spennvidde er 24 °C. Den lavere temperaturen er en verdi mellom 30 og 99 °C, angitt i tiendedeler av en grad. Maksimum øvre temperatur er 100 °C. Termosyklusapparatet stiger til måltemperaturgradienten over blokken og opprettholder temperaturen i en spesifisert holdetid.

Viktig: Instrumentet beregner gradientverdien. Når du skriver inn en verdi i øverste og nederste felt i gradientkalkulatoren, beregner og tildeler programvaren automatisk temperaturene for de gjenværende feltene. Når du angir en temperatur i et hvilket som helst felt mellom topp- og bunnfeltet, beregner instrumentet automatisk de gjenværende feltene. Du kan ikke manuelt angi en temperaturverdi i hvert felt.

Tabell 7. Parametere og områder for protokolltrinn

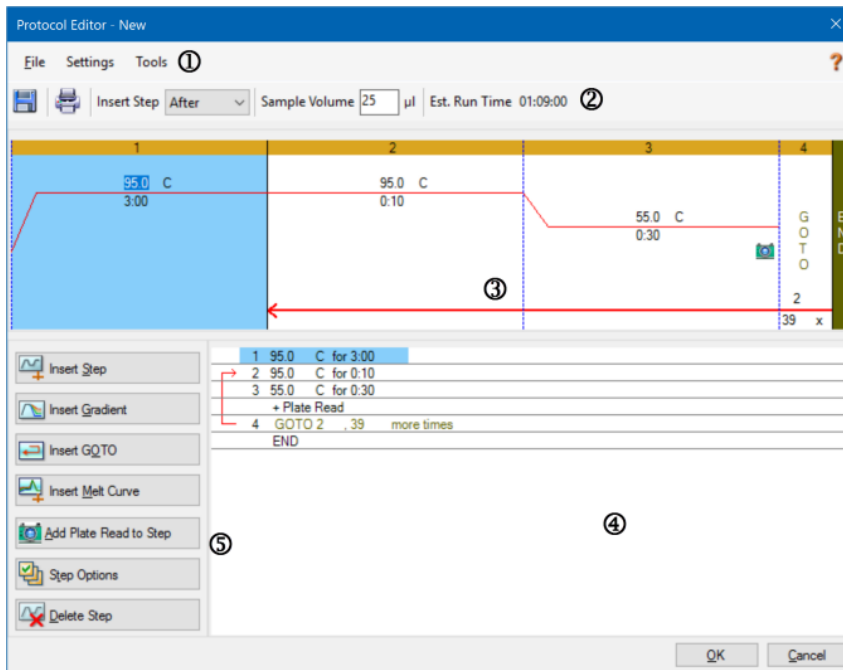
Parameter	Område	Beskrivelse
Ramp rate (Rampehastighet)	<ul style="list-style-type: none"> ■ For CFX Opus 96 Dx-systemer: 0,1–5 °C per sek. ■ For CFX Opus 384 Dx-systemer: 0,1–2,5 °C per sek ■ For CFX Opus Deepwell Dx-systemer: 0,1–2,5 °C per sek 	Instruerer termosyklusapparatet om å rampe til måltemperaturen med den spesifiserte hastigheten i det trinnet. Bare tilgjengelig for temperaturtrinn.
Increment (Økning)	Et tall fra –10 til 10 °C per syklus i tiendedeler av en grad	Instruerer termosyklusapparatet om å endre måltemperaturen til et trinn med hver syklus, der et positivt tall øker temperaturen og et negativt tall senker temperaturen. Bare tilgjengelig for temperaturtrinn.

Tabell 7. Parametere og områder for protokolltrinn, forts.

Parameter	Område	Beskrivelse
Extend (Utvide)	En tid fra –60 til 60 sek. per syklus	Instruerer termosyklusapparatet om å utvide holdetiden med hver syklus. Et positivt tall øker holdetiden, og et negativt tall reduserer holdetiden. Tilgjengelig for både temperatur- og gradienttrinn.
Beep (Pipetone)	(Ingen parametere)	Instruerer at termosyklusapparatet avgir en pipetone for å signalisere at termosyklusapparatet har nådd måltemperaturen for det trinnet. Bare tilgjengelig for temperaturtrinn.
Plate read (Plateavlesing)	(Ingen parametere)	Instruerer termosyklusapparatet om å legge til en plateavlesing til det valgte trinnet. Tilgjengelig for både temperatur- og gradienttrinn.

Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering)

Bruk Protocol Editor (Protokollredigering) til å opprette, åpne, se gjennom og redigere en protokoll. Som standard viser Protocol Editor (Protokollredigering) en generell 2-trinns sanntidsprotokoll for en plate med 96 brønner.



FORKLARING

1. Menylinjen gir hurtigtilgang til menykommandoene File (Fil), Settings (Innstillinger) og Tools (Verktøy).
2. Verktøylinjen gir hurtigtilgang til funksjoner for når du vil lagre og skrive ut protokollen, bestemme hvor du skal sette inn et trinn, angi prøvevolum og vise estimert kjøretid for protokollen.
3. Hovedruten viser en grafisk fremstilling av protokollen.
4. Den nedre ruten viser protokollutkastet.
5. Venstre rute viser protokollkontroller du kan legge til for å tilpasse protokollen.

Kommandoer i menyen File (Fil)

Save (Lagre) – lagrer den gjeldende protokollen.

Save As (Lagre som) – lagrer den gjeldende protokollen med et nytt navn eller på en ny plassering.

File Passwords (Filpassord) – gjør det mulig for brukere å angi passord for lagring og filåpning.

Tips: For mer informasjon, se [Passordbeskyttelse av filer på side 50](#).

Close (Lukk) – Lukker Protocol Editor (Protokollredigering).

Kommandoer i menyen Settings (Innstillinger)

Lid Settings (Lokkinnstillinger) – åpner dialogboksen Lid Settings (Lokkinnstillinger), der du kan endre eller angi lokktemperaturen.

Kommandoer i menyen Tools (Verktøy)

Gradient Calculator (Gradientkalkulator) – åpner en dialogboks, der du kan velge blokktype for et gradienttrinn. Standard er 96 brønner.

Run time Calculator (Kjøretidskalkulator) – åpner en dialogboks, der du kan velge platetype og skannemodus for å beregne estimert kjøretid i vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett). Standard er 96 brønner, alle kanaler.

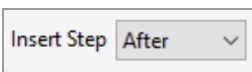
Kommandoer på verktøylinjen



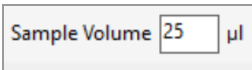
– lagrer den gjeldende protokollfilen.



– skriver ut det valgte vinduet.

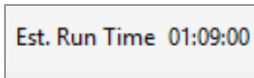


– bruk denne kommandoen til å velge hvor du vil sette inn trinn i forhold til det valgte trinnet.



– bruk denne kommandoen for å legge inn et prøvevolum i µl. Prøvevolumene varierer etter blokktype:

- For en blokk med 96 brønner er området 0–50 µl.
- For en blokk med 384 brønner er området 0–30 µl.
- For en blokk med 96 dype brønner er området 0–125 µl.



– viser estimert kjøretid basert på protokolltrinnene, rampehastigheten og valgt blokktype.

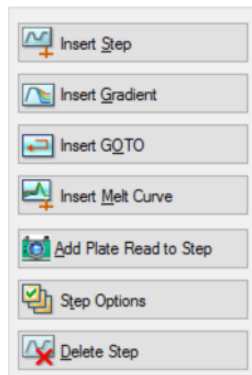


– viser informasjon om protokoller.

Kontroller for protokollredigering

Venstre rute i vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) består av kontroller du kan bruke til å opprette protokoller.

Hver kontroll består av et sett parametere som representerer et trinn i protokollen. Du kan modifisere hver parameter og legge til eller fjerne dem for å tilpasse protokollen. Dette avsnittet beskriver alternativene i hver av kontrollene.



- **Insert Step** (Sett inn trinn) – setter inn et trinn før eller etter det valgte trinnet. Du kan redigere verdiene for temperatur og holdetid, i protokollens grafiske visning eller i protokollutkastet.
- **Insert Gradient** (Sett inn gradient) – setter inn et gradienttrinn basert på typen brønnblokk valgt i gradientkalkulatoren. Du kan redigere gradientområdet i ruten Gradient, som vises når du setter inn et gradienttrinn.
- **Insert GOTO** (Sett inn Gå til) – setter inn et syklustrinn (sløyfe), som informerer programvaren om å gjenta spesifikke trinn i sekvensen for et angitt antall sykluser. Gjentakelsene starter når den første syklusen er fullført. Du kan for eksempel informere programvaren om å utføre 39 gjentakelser av trinn 2–4. Etter den siste gjentakelsen har programvaren utført trinn 2–4 totalt 40 ganger. Du kan redigere gå-tilbake-til (GOTO (Gå til)-trinnet og antall sykluser i protokollens grafiske visning eller i protokollutkastet.
- **Insert Melt Curve** (Sett inn smeltekurve) – setter inn et trinn for avlesning av smeltekurve.
- **Insert Plate Read to Step** (Sett inn plateavlesning i et trinn) – legger til en kommando for plateavlesning i det valgte trinnet. En plateavlesning måler mengden fluorescens på slutten av en syklus. Trinnet for plateavlesning er vanligvis det siste trinnet i en GOTO (Gå til)-sløyfe.

Tips: Når du har lagt til en plateavlesningskommando i et trinn, endres knappen til Remove Plate Read (Fjern plateavlesning) når du velger trinnet.

- **Remove Plate Read** (Fjern plateavlesning) – fjerner en kommando for plateavlesning i det valgte trinnet.

Tips: Når du har fjernet en plateavlesningskommando i et trinn, endres knappen til Add Plate Read (Legg til plateavlesning) når du velger trinnet.

- **Step Options** (Trinnalternativer) – åpner dialogboksen Step Options (Trinnalternativer) og viser de tilgjengelige alternativene for det valgte trinnet. Se [Step Options \(Trinnalternativer\)](#) på side 102 for detaljert informasjon om trinnalternativene.

Tips: Du kan også åpne Step Options (Trinnalternativer) ved å høyreklikket på trinnet i den grafiske visningen.

- **Delete Step** (Slett trinn) – sletter det valgte trinnet fra protokollen.

Step Options (Trinnalternativer)

Åpne dialogboksen Step Options (Trinnalternativer) for å vise alternativene du kan legge til, endre eller fjerne fra et trinn.

The screenshot shows the 'Step Options' dialog box for 'Step 1'. It features a blue header with the title and a close button. The main area contains several configuration options: a 'Plate Read' checkbox, a 'Temperature' field set to 95.0 °C, a 'Gradient' field (empty) with a °C unit, an 'Increment' field (empty) with a °C/cycle unit, a 'Ramp Rate' field (empty) with a °C/sec unit, a 'Time' field set to 3:00 with a sec/cycle unit, and an 'Extend' field (empty) with a sec/cycle unit. A 'Beep' checkbox is located below the 'Extend' field. To the right, under the heading 'Gradient', there is a vertical column of eight empty input fields labeled A through H. At the bottom of the dialog are 'OK' and 'Cancel' buttons.

- **Plate Read** (Plateavlesning) – når dette alternativet er valgt, legges det til en plateavlesning i trinnet.
- **Temperature** (Temperatur) – angir måltemperaturen for det valgte trinnet.
- **Gradient** – angir gradientområdet for trinnet. Området er 1–24 °C.

Merknad: En gradient kjøres med lavest temperatur fremst i blokken (i dette bildet, rad H) og høyest temperatur bakerst i blokken (i dette bildet, rad A).

- **Increment** (Inkrement) – hvor mye temperaturen skal økes (eller reduseres) med i det valgte trinnet. Denne verdien legges til måltemperaturen i hver syklus. Området er $\pm 0,1$ –10 °C.

Merknad: Hvis du vil redusere temperaturen, skriver du inn et minustegn (–) foran den numeriske verdien (for eksempel –5 °C).

- **Ramp Rate** (Rampehastighet) – rampehastigheten for det valgte trinnet. Området avhenger av blokkstørrelsen.
- **Time** (Tid) – holdetiden for det valgte trinnet.

- **Extend** (Utvid) – tidsperioden (i sekunder) som det valgte trinnet skal utvides eller reduseres med. Dette alternativet legges til holdetiden i hver syklus. Området er $\pm 1-60$ sek.
- **Beep** (Pip) – når dette er valgt, høres et pip i løpet av trinnet.

Tips: Når du legger inn et tall som er utenfor alternativets område, vil programvaren endre tallet til det nærmeste tallet innenfor området.

Opprette en protokoll i Protocol Editor (Protokollredigering)

Du kan bruke Protocol Editor (Protokollredigering) til å opprette egendefinerte protokollfiler. Du kan også redigere og lagre tidligere lagrede protokollfiler eller prøveprotokollfiler som leveres sammen med CFX Maestro Dx SE.

Du oppretter en ny protokollfil på følgende måte:

- Åpne en protokollfil i Protocol Editor (Protokollredigering).
Tips: Du kan åpne en ny eller eksisterende protokoll i Protocol Editor (Protokollredigering)
- Sett opp den nye protokollen.
- Legg til trinn i protokollen via ruten for protokollkontroller.
- Rediger egenskapene for trinnene.
- Lagre protokollen.

Tips: Se [Åpne en eksisterende protokoll i Protocol Editor \(Protokollredigering\)](#) på side 105 for å opprette en ny protokoll fra en tidligere lagret protokollfil eller en prøveprotokollfil.

Åpne en ny protokollfil i Protocol Editor (Protokollredigering)

CFX Maestro Dx SE har flere alternativer for å åpne en ny protokollfil:

- Fra File-menyen (Fil) i startvinduet
- Fra dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett) i startvinduet
- Fra Startup Wizard-dialogboksen (Oppstartsveiviser) i startvinduet

Slik åpner du en ny protokollfil fra File-menyen (Fil)

- ▶ I startvinduet velger du File > New > Protocol (Fil > Ny > Protokoll).

Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) åpnes og viser standardprotokollfilen.

Tips: For informasjon om innstilling av standardprotokoll, se [Endre standard filinnstillinger på side 83](#).

Slik åpner du en ny protokoll fra dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett)

1. I startvinduet gjør du ett av følgende for å åpne dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett):
 - Velg Run > User-defined Run (Kjøring > Brukerdefinert kjøring).
 - Klikk på User-defined Run Setup (Brukerdefinert kjøring) på verktøylinjen.

Dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett) åpnes og viser fanen Protocol (Protokoll), som viser standardprotokollfilen.

2. Klikk på Create New (Opprett ny).

Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) åpnes og viser standard sanntidsprotokoll.

Slik åpner du en ny protokollfil fra Startup Wizard (Oppstartsveiviser)

1. Gjør ett av følgende i startvinduet for å åpne Startup Wizard (Oppstartsveiviser) hvis den ikke vises:

- Velg View > Startup Wizard (Vis > Oppstartsveiviser).
- Klikk på Startup Wizard (Oppstartsveiviser) på verktøylinjen.

2. Velg om nødvendig instrumenttypen fra rullegardinmenyen.
3. Klikk på User-defined (Brukerdefinert) som kjøringstypen.

Dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett) åpnes og viser fanen Protocol (Protokoll), som viser standardprotokollfilen.

4. Klikk på Create New (Opprett ny).

Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) åpnes og viser standard sanntidsprotokoll.

Åpne en ny protokoll fra Run-menyen (Kjør)

1. I startvinduet gjør du ett av følgende for å åpne dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett):

- Velg Run > User-defined Run (Kjøring > Brukerdefinert kjøring).
- Klikk på User-defined Run Setup (Brukerdefinert kjøring) på verktøylinjen.

Dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett) åpnes og viser fanen Protocol (Protokoll), som viser standardprotokollfilen.

2. Klikk på Create New (Opprett ny).

Vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) åpnes og viser standard sanntidsprotokoll.

Åpne en eksisterende protokoll i Protocol Editor (Protokollredigering)

CFX Maestro Dx SE inneholder prøveprotokollfiler som du kan redigere og lagre som nye egendefinerte protokoller. Du kan også opprette en ny protokoll fra en eksisterende egendefinert protokoll.

Slik åpner du en prøveprotokollfil

1. Velg File > Open > Protocol (Fil > Åpne > Protokoll) i startvinduet.
Windows Utforsker åpnes som standard i mappen CFX Maestro Dx SE Sample files (Prøvefiler).
2. Åpne mappen Sample files (Prøvefiler). Mappen inneholder følgende undermapper:
 - **ConventionalProtocols** (Konvensjonelle protokoller) – inneholder eksempelprotokollfiler for tradisjonell PCR-analyse.
 - **DataFiles** (Datafiler) – inneholder eksempeldatafiler som du kan bruke til å utforske CFX Maestro Dx SEs funksjoner.
 - **MeltCalibration** (Smeltekalibrering) – inneholder eksempelprotokollfiler for bruk med Bio-Rads Precision Melt Analysis-programvare.
 - **Plates** (Plater) – inneholder eksempelplatefiler.
 - **RealTimeProtocols** (Sanntidsprotokoller) – inneholder eksempelprotokollfiler for sanntids PCR-analyse.
3. Åpne protokollmappen for kjøringstypen du har tenkt å utføre, dvs. enten ConventionalProtocols (Konvensjonelle protokoller) eller RealTimeProtocols (Sanntidsprotokoller).
4. Velg protokollen du vil bruke og klikk på Open (Åpne).
Prøveprotokollen åpnes i vinduet Protocol Editor (Protokollredigering).
5. Velg File > Save As (Fil > Lagre som) og lagre protokollen med et nytt navn eller i en annen mappe.

Slik åpner du en eksisterende protokoll

1. Gjør ett av følgende i startvinduet:
 - Velg File > Open > Protocol (Fil > Åpne > Protokoll), naviger til og velg ønsket protokoll, og klikk på Open (Åpne).
 - Åpne Startup Wizard (Oppstartsveiviser) og gjør ett av følgende:
 - Hvis du vil redigere protokollen som vises, klikker du på Edit Selected (Rediger valgte)
 - Hvis du vil redigere en annen eksisterende protokoll, klikker du på Select Existing (Velg eksisterende) og navigerer til ønsket fil.
Protokollen åpnes i vinduet Protocol Editor (Protokollredigering).
2. Velg File > Save As (Fil > Lagre som) og lagre protokollen med et nytt navn eller i en annen mappe.

Sette opp en ny protokoll

Tips: Hvis protokollfilen inkluderer de nødvendige parametere (for eksempel hvis du redigerer en eksisterende platefil), kan du hoppe over denne delen. Fortsett til [Legge til trinn i en protokoll på side 109](#).

Nye protokollfiler krever følgende parametere:

- Block type (Blokktype)
- Scan mode (Skannemodus) for den valgte blokktypen
- Lid temperature (Lokktemperatur)
- Sample volume (Prøvevolum)

Angi Block Type (Blokktype)

CFX Maestro Dx SE beregner automatisk temperaturøkninger for gradienttrinn basert på blokktypen.

Merknad: Platetypen som angis i Protocol Editor (Protokollredigering), må være den samme som platen i reaksjonsmodulen.

Slik angir du blokktype

- ▶ I vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) velger du Tools > Gradient Calculator (Verktøy > Gradientkalkulator). Velg deretter relevant platetype i rullegardinmenyen som vises.

Velge Scan Mode (Skannemodus) for valgt Block Type (Blokktype)

For å bestemme kjøretiden for protokollen velger du ønsket blokktype og skannemodus.

Slik velger du blokktype og skannemodus

- ▶ I vinduet Protocol Editor (Protokollredigering) velger du Tools > Run time Calculator (Verktøy > Kjøretidskalkulator). Velg deretter relevant platetype og skannemodus i rullegardinmenyen som vises.

Justere lokktemperaturen

CFX Maestro Dx SE bruker følgende standard lokktemperaturer:

- Instrumenter med 96 brønner og dype brønner – 105 °C
- Instrumenter med 384 brønner – 95 °C

Du kan endre standardinnstillingene eller slå av lokkvarmeren avhengig av hva som kreves av protokollen.

Slik justerer du lokktemperaturen

1. I vinduet Plate Editor (Plateredigering) velger du Settings > Lid Settings (Innstillinger > Lokkinnstillinger).
Dialogboksen Lid Settings (Lokkinnstillinger) vises.
2. Gjør ett av følgende:
 - Velg User Defined (Brukerdefinert) og legg inn en temperaturverdi i tekstboksen.
 - Velg Turn Off Lid Heater (Slå av lokkvarmer).
3. Klikk på OK for å bekrefte endringene og lukke dialogboksen.

Angi Sample Volume (Prøvevolum)

Som standard angir CFX Maestro Dx SE prøvevolumet for hver brønn til 25 µl. Prøvevolumene varierer etter blokktype, for eksempel:

- 0–50 µl for en blokk med 96 brønner
- 0–30 µl for en blokk med 384 brønner

Instrumentet bruker én av to moduser for temperaturkontroll for å bestemme når prøven når måltemperaturen i en protokoll:

- **Calculated mode** (Beregningsmodus) – når prøvevolumet er satt til et ikke-null-volum som er egnet for blokken, beregner instrumentet prøvetemperaturen basert på prøvevolumet. Dette er standardmodusen.
- **Block mode** (Blokkmodus) – når prøvevolumet er satt til null (0) µl, registrerer instrumentet prøvetemperaturen som den samme som den målte blokktemperaturen.

Slik angir du prøvevolumet for en spesifikk blokk

- ▶ Skriv inn den riktige verdien i tekstboksen Sample volume (Prøvevolum) på verktøylinjen i vinduet Plate Editor (Plateredigering).

Tips: Du kan endre standard prøvevolum i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Se [Endre standard filinnstillinger på side 83](#).

Legge til trinn i en protokoll

Slik legger du til et trinn i en protokoll

1. Åpne protokollen i vinduet Protocol Editor (Protokollredigering).
2. Velg hvor det nye trinnet skal settes inn. På verktøylinjen velger du Before (Før) eller After (Etter) i rullegardinmenyen Step (Trinn).
3. På grafen velger du trinnet før eller etter der du vil sette inn det nye trinnet.
4. Klikk på Inset Step (Sett inn trinn) i ruten til venstre.
5. Hvis du vil endre temperaturen eller holdetiden, klikker du på standardverdien på grafen eller protokollutkastet og skriver inn en ny verdi.
6. (Valgfritt) Klikk på Step Options (Trinnalternativer) i ruten til venstre for å vise dialogboksen Step Options (Trinnalternativer), og endre de tilgjengelige alternative for det valgte trinnet.

Tips: Dialogboksen Step Options (Trinnalternativer) er tilgjengelig via høyreklikkmnenyen i både ruten med grafen og ruten med protokollutkastet.

7. Klikk på OK og klikk så på Yes (Ja) for å lagre endringene i protokollen.

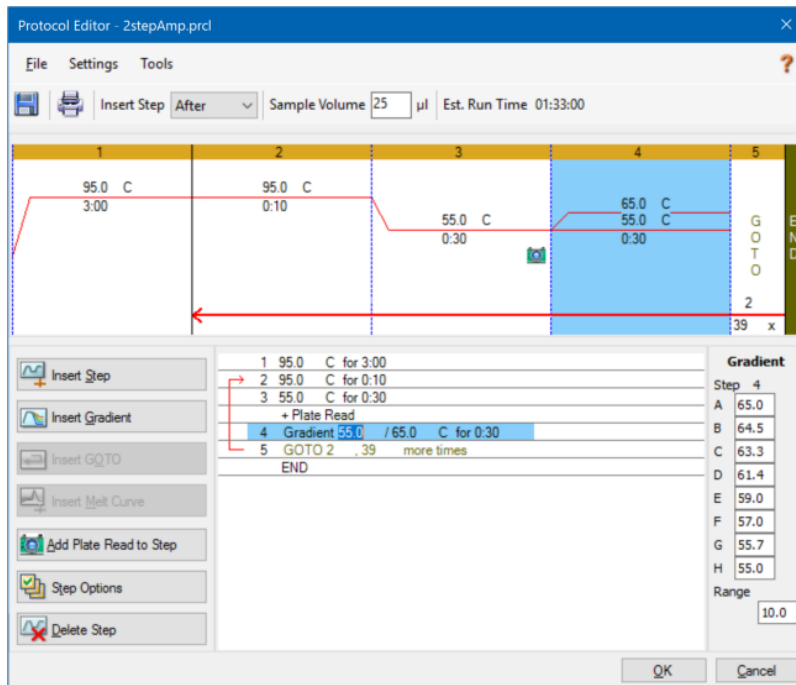
Dialogboksen Save As (Lagre som) vises.

8. Skriv inn et navn på den nye protokollfilen i dialogboksen Save As (Lagre som), og klikk på Save (Lagre).

Sette inn et gradienttrinn

Slik setter du inn et gradienttrinn

1. Kontroller at platestørrelsen for gradienten er den samme som blokktypen til instrumentet, 96 brønner, 384 brønner eller dype brønner.
2. Hvis du ikke allerede har gjort det, velger du platestørrelsen for gradienten:
Velg Tools > Gradient Calculator (Verktøy > Gradientkalkulator) og velg ønsket brønntype fra rullegardinmenyen.
3. På verktøylinjen velger du enten Before (Før) eller After (Etter) fra rullegardinmenyen Insert Step (Sett inn trinn).
4. På grafen eller i utkastruten velger du trinnet før eller etter der du vil sette inn gradienttrinnet.
5. Klikk på Insert Gradient (Sett inn gradient) i ruten til venstre. Det nye gradienttrinnet utheves på grafen og i utkastruten, for eksempel:



Temperaturen i hver rad i gradienten vises i tabellen Gradient i høyre rute.

6. Når du vil redigere temperaturområdet for gradienten, velger du én av følgende fremgangsmåter:
 - Klikk på standardtemperaturen på grafen eller i utkastruten, og angi en ny temperatur.
 - Klikk på Step Options (Trinnalternativer) for å angi gradientområdet i vinduet Step Options (Trinnalternativer).
 - Endre områdeverdien i tabellen Gradient.
7. Når du vil redigere holdetiden, klikker du på standardtiden i grafikk- eller tekstvisningen og angir en ny tid.
8. Klikk på OK og deretter på Yes (Ja) for å lagre endringene.

Sette inn et GOTO-trinn

Merknad: Du kan ikke sette inn et GOTO-trinn i et GOTO-sett, og du kan ikke opprette næstede GOTO-løkker.

Slik setter du inn et GOTO-trinn

1. På verktøylinjen velger du Before (Før) eller After (Etter) i rullegardinmenyen Insert Step (Sett inn trinn).
2. I grafen velger du trinnet før eller etter der du vil sette inn GOTO-trinnet.
3. Klikk på Insert GOTO (Sett inn GOTO) i ruten til venstre.
4. Hvis du vil redigere GOTO-trinnummeret eller antall GOTO-gjentakelser, velger du standardverdien i grafen eller disposisjonsruten og legger inn en ny verdi.
5. Klikk på OK og deretter på Yes (Ja) for å lagre endringene.

Sette inn et smeltekurvetrinn

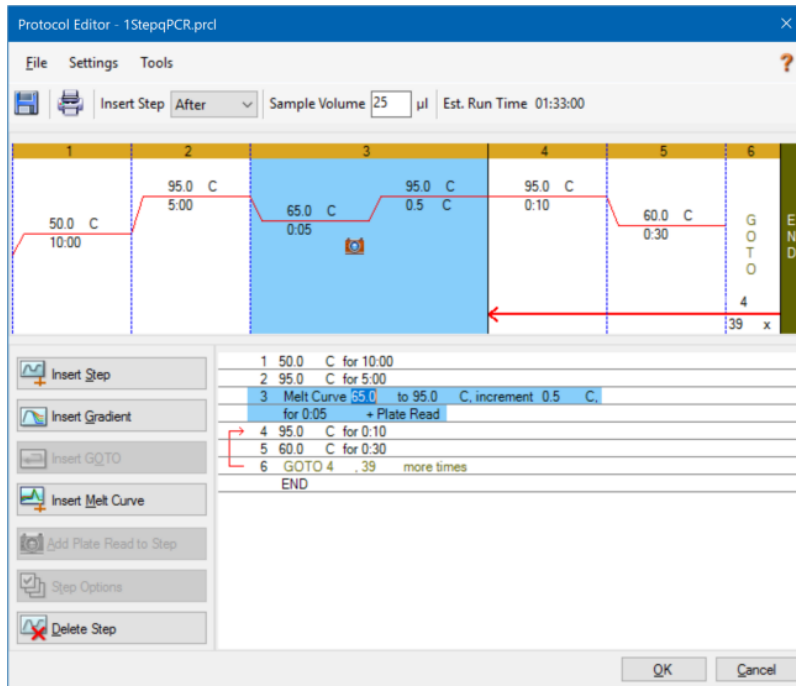
Tips: Du kan ikke sette inn et smeltekurvetrinn i en GOTO-løkke.

Merknad: Smeltekurvetrinnet inneholder en 30 sekunders holdetid i begynnelsen av trinnet som ikke vises i protokollen.

Slik setter du inn et smeltekurvetrinn

1. På verktøylinjen velger du Before (Før) eller After (Etter) i rullegardinmenyen Insert Step (Sett inn trinn).
2. I grafen velger du trinnet før eller etter der du vil sette inn smeltekurvetrinnet.

3. Klikk på Insert Melt Curve (Sett inn smeltekurve) i ruten til venstre. Det nye smeltekurvetrinnet utheves i grafen og disposisjonsruten, for eksempel:



4. Hvis du vil redigere smeltetemperaturområdet eller intervalltiden, velger du standardverdien i grafen eller disposisjonsruten og legger inn en ny verdi.
5. Klikk på OK og deretter på Yes (Ja) for å lagre endringene.

Legge til eller fjerne et plateavlesningstrinn

Tips: Når du har lagt til en plateavlesningskommando i et trinn, endres knappen til Remove Plate Read (Fjern plateavlesning) når du velger trinnet.

Slik legger du til en plateavlesning i et trinn

1. På verktøylinjen velger du Before (Før) eller After (Etter) i rullegardinmenyen Insert Step (Sett inn trinn).
2. På grafen velger du trinnet før eller etter der du har å tenkt å sette inn plateavlesningstrinnet.
3. I venstre rute klikker du på Add Plate Read to Step (Legg til plateavlesning i trinn) for å legge til en plateavlesning i det valgte trinnet.
4. Klikk på OK og deretter på Yes (Ja) for å lagre endringene.

Slik fjerner du en plateavlesning fra et trinn

- ▶ På grafen velger du trinnet som inneholder plateavlesningen, og klikker på Remove Plate Read (Fjern plateavlesning) i venstre rute.

Endre trinnalternativer

Slik endrer du trinnalternativer for et valgt trinn

1. Velg måltrinnet på grafen eller i utkastruten.
2. Klikk på Step Options (Trinnalternativer) i ruten til venstre for å vise dialogboksen Step Options (Trinnalternativer).

Du kan også klikke på måltrinnet i enhver rute og velge Step Options (Trinnalternativer) i menyen som åpnes.

3. Slik kan du legge til, endre eller fjerne alternativer:
 - Angi en verdi i den relevante tekstboksen.
 - Rediger en verdi i den bestemte tekstboksen.
 - Merk eller fjern merkingen i en avmerkingsboks.
4. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen Step Options (Trinnalternativer).
5. Klikk på OK og deretter på Yes (Ja) for å lagre protokollen.

Slette et trinn

Viktig: Du kan ikke angre denne funksjonen. Utvis forsiktighet når du sletter trinn.

Slik sletter du et trinn i protokollen

1. Velg et trinn i diagrammet eller disposisjonsruten.
2. I venstre rute klikker du på Delete Step (Slett trinn) for å slette det valgte trinnet.
3. Klikk på OK og deretter på Yes (Ja) for å lagre protokollen.

Kopiere, eksportere eller skrive ut en protokoll

Slik kopierer du en protokoll

- ▶ Høyreklikk på protokollutkastet og velg Copy Protocol (Kopier protokoll).
Utkastet kan limes inn i en .txt-, .xls-, .doc- eller .ppt-fil.

Slik eksporterer du en protokoll

1. Høyreklikk på protokollutkastet og velg Export Protocol (Eksporter protokoll).
Dialogboksen Save As (Lagre som) vises.
2. (Valgfritt) Åpne Windows Utforsker og naviger til mappen du vil lagre protokollfilen i.
3. I File name (Filnavn) skriver du inn navnet på den eksporterte protokollfilen.
4. Klikk på Save (Lagre).

Slik skriver du ut en protokoll

- ▶ Høyreklikk på protokollutkastet og velg Print (Skriv ut).
Protokollutkastet kan skrives ut på standardskriveren din.

Opprette en protokoll med Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning)

Viktig: Bio-Rad garanterer ikke at kjøring av en protokoll opprettet med Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) alltid vil resultere i et PCR-produkt.

Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) i CFX Maestro Dx SE genererer automatisk syklusprotokoller basert på de følgende inndataparameterne:

- **Amplicon length** (Amplikonlengde) – den forventede lengden på PCR-produktet
- **Annealing temperature** (Hybridiseringstemperatur) – reaksjons- T_a for primerne som brukes

Hvis T_a er ukjent, kan du bruke T_a -kalkulatoren til å beregne den automatisk basert på primersekvensene.

Merknad: T_a justeres ut fra informasjonen om smeltetemperatur (T_m) for primer, som er basert på det valgte enzymet og protokollhastigheten.
- **Enzyme type** (Enzymtype) – DNA-polymeraseenzymet (iTaq, iProof DNA-polymerase eller annet)

Hvis du bruker et annet enzym enn iTaq eller iProof DNA-polymerase, kan du legge inn ytterligere informasjon, inkludert gradientområde, varmestart-aktiveringstid (i sek) og endelig forlengelsestid (i sek).
- **Run speed** (Kjøringshastighet) – reaksjonshastigheten (standard, rask eller ultrarask)

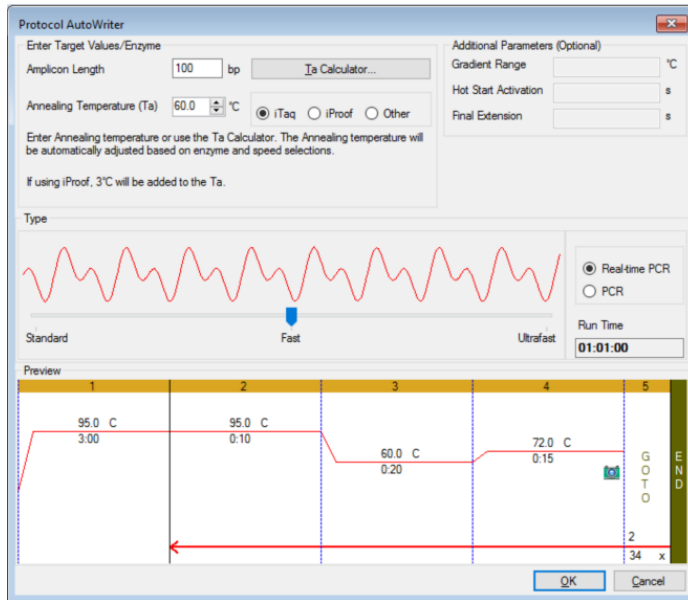
Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) optimerer protokollen avhengig av den valgte hastighetsinnstillingen. Den totale kjøringstiden er avhengig av antallet trinn og sykluser, inkuberingstiden på hvert trinn og tiden det tar å nå uniformitet ved måltemperaturen.

I henhold til parameterne du angir og standard PCR-retningslinjer genererer Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) automatisk en tilpasset PCR-protokoll med varmestart, innledende denaturering, hybridisering og forlengelsestrinn. Du kan deretter se en grafisk representasjon av den foreslåtte protokollen og redigere, kjøre eller lagre protokollen.

Slik oppretter du en ny protokoll med Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) i CFX Maestro Dx SE

1. I startvinduet velger du Tools > Protocol AutoWriter (Verktøy > Automatisk protokollskrivning).

Dialogboksen Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) vises.



2. I delen Enter Target Values/Enzyme (Angi målverdier/enzym) gjør du følgende:

- Angi hybridiseringstemperaturen (T_a) for primerne, hvis kjent.

Tips: Se [Bruke Ta Calculator \(Ta-kalkulator\)](#) på side 117 for mer informasjon.

Merknad: For informasjon om beregningene som brukes i T_a -kalkulatoren, se Breslauer et al. 1986.

- Angi Amplicon length (Amplikonlengde) i basepar (bp).
- Velg en enzymtype fra listen over alternativer (iTaq DNA polymerase (iTaq DNA-polymerase), iProof DNA polymerase (iProof DNA-polymerase) eller Other (Annet)).

Tips: Hvis du velger Other (Annet) som enzymtypen, aktiveres parameterne i delen Additional Parameters (Optional) (Ytterligere parametere (valgfritt)).

3. Hvis du valgte Other (Annet) som enzymtypen, kan du legge til en eller flere av følgende parametere i protokollen:
 - Gradient range (Gradientområde)
 - Hot start activation temperature (Varmestart-aktiveringstemperatur)
 - Final extension time (Endelig forlengelsestid)
4. I delen Type beveger du glidebryteren for å velge en protokollhastighet (Standard, Fast (Rask) eller Ultrafast (Ultrarask)). CFX Maestro Dx SE justerer den totale kjøretiden.
5. Velg typen PCR som skal utføres (sanntids-PCR er standardinnstillingen).
Med sanntids-PCR legger CFX Maestro Dx SE til et plateavlesningstrinn for å samle inn fluorescensdata.
6. Gå gjennom protokollen i delen Preview (Forhåndsvisning). Du kan gjøre endringer ved behov.
7. Gjør ett av følgende:
 - Klikk på OK for å lagre den nye protokollen. Etter lagring åpnes protokollen i Startup Wizard (Oppstartsveiviser). Klikk på Edit Selected (Rediger valgte) for å gjøre endringer i protokollen. Du kan for eksempel endre lokktemperaturen og prøvevolumet.
 - Klikk på Cancel (Avbryt) for å lukke vinduet uten å lagre protokollen.

Bruke T_a Calculator (Ta-kalkulator)

Når hybridiseringstemperaturen for primeren er ukjent, kan du bruke T_a Calculator (Ta-kalkulator) til å beregne verdien. Du kan bruke verdien i Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) eller Protocol Editor (Protokollredigering) til å opprette protokollen.

Om T_a -kalkulatoren

T_a -kalkulatoren beregner T_m -verdien for hver primer samt T_a -verdien for protokollen ved standard hastighet.

T_a for protokollen er basert på de gjennomsnittlige T_m -primerverdiene med følgende regler anvendt:

- Hvis forskjellen mellom T_m -primerverdiene er >4 °C, er $T_a = (\text{den laveste av de to } T_m\text{-primerverdiene} + 2) - 4$ °C
- Hvis forskjellen mellom T_m -verdiene er ≤ 4 °C, er $T_a = (\text{gjennomsnittet av } T_m\text{-primerverdiene}) - 4$ °C

Metode for telling av basepar

For hver primer bruker T_a Calculator (T_a -kalkulator) metoden for telling av basepar for sekvenser på 14 basepar (bp) eller færre.

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

der w, x, y og z er antallet av henholdsvis basene A, T, G og C i sekvensen.

Nærmeste nabo-metoden

For sekvenser som er lengre enn 14 bp, brukes nærmeste nabo-metoden. Med nærmeste nabo-metoden er beregningene for smeltetemperatur basert på det termodynamiske forholdet mellom entropi (orden eller måling av randomiteten til oligonukleotiden), entalpi (varme avgitt eller absorbert av oligonukleotiden), fri energi og temperatur.

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

der:

- ΔH = Entalpiverdi, cal/mol*K
- T = Temperatur, kelvin
- ΔS = Entropiverdi, cal/mol*K
- ΔG = Gibbs fri energi i cal/mol*K

Endringen i entropi og entalpi beregnes direkte ved å legge sammen verdiene for nukleotidparene som vises i [Tabell 8](#) (Breslauer et al. 1986).

Forholdet mellom fri energi og konsentrasjon av reaktanter og produkter ved likevekt beregnes slik:

$$\Delta G = R * T * \ln ((DNA * Primer)/(DNA + Primer))$$

der R er gasskonstanten (1,986 cal/mol*K).

Ved å substituere G i de to ligningene og løse på T får man

$$T = \Delta H / (\Delta S + R * \ln((DNA * Primer)/(DNA + Primer)))$$

med forbehold om at konsentrasjonen av DNA og DNA-primer-kompleks er lik.

Det er fastslått empirisk at det er en endring på 5 kcal fri energi (3,4 kcal) (Sugimoto et al. 1996) under overgangen fra enkeltrådet til B-formet DNA. Dette er antageligvis energien for heliksinitiering. Til slutt legger man til en justering for salt for å få ligningen som T_a -kalkulatoren bruker:

$$T = (\Delta H - 5(\text{kcal/K*mol})) / (\Delta S + (R * \ln(1/(\text{primer})))) + 16,6 \log_{10} (\text{Saltmolaritet})$$

Ingen justeringskonstant for saltkonsentrasjon trengs, da de ulike parameterne ble bestemt ved 1 M NaCl og \log_{10} av 1 er null.

De termodynamiske beregningene antar at hybridisering skjer ved pH 7,0. T_m -beregningene antar at sekvensene ikke er symmetriske og inneholder minst én G eller C.

Oligonukleotidsekvensen skal være minst 14 baser lang for å få rimelige T_m -verdier. Hvis det er mindre enn 14 baser, brukes metoden for telling av basepar (se [Tabell 8](#) nedenfor).

Tabell 8. Breslauer-interaksjonskonstanter

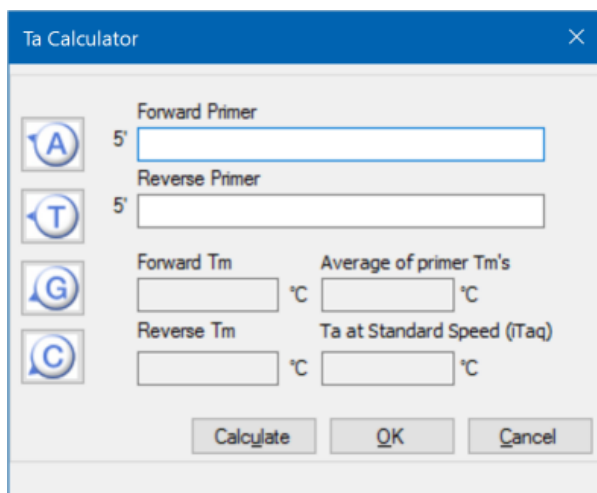
Interaksjon		ΔH	ΔS	ΔG
AA	TT	9,1	24	1,5
AT	TA	8,6	23,9	1,5
AC	TG	6,5	17,3	1,3
AG	TC	7,8	20,8	1,6
TA	AT	6	16,9	0,9
TT	AA	9,1	24	1,9
TC	AG	5,6	13,5	1,6
TG	AC	5,8	12,9	1,9
CA	GT	5,8	12,9	1,9
CT	GA	7,8	20,8	1,6
CC	GG	11	26,6	3,1
CG	GC	11,9	27,8	3,6
GA	CT	5,6	13,5	1,6
GT	CA	6,5	17,3	1,3
GC	CG	11,1	26,7	3,1
GG	CC	11	26,6	3,1

Bruke T_a Calculator (Ta-kalkulator)

Slik bruker du T_a Calculator (Ta-kalkulator)

1. Velg én av følgende fremgangsmåter for å åpne T_a Calculator (Ta-kalkulator):
 - Klikk på T_a Calculator (Ta-kalkulator) hvis du arbeider i Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning).
 - Velg Tools (Verktøy) > T_a Calculator (Ta-kalkulator) i startvinduet.

Dialogboksen T_a Calculator (Ta-kalkulator) vises.



2. I tekstboksen Forward Primer (Forward-primer) skriver eller limer du inn forward-primersekvensen.
Tips: Du kan også bruke knappene A, T, G og C på venstre side av dialogboksen til å legge inn sekvensen.
3. Skriv eller lim inn revers-primersekvensen i tekstboksen Reverse Primer (Revers-primer).
4. Klikk på Calculate (Beregn).

T_a Calculator (Ta-kalkulator) beregner og viser T_m for hver primer og gjennomsnittlige T_m- og T_a-verdier, for eksempel:

Parameter	Value (°C)
Forward T _m	59.7
Reverse T _m	56.9
Average of primer T _m 's	58.3
T _a at Standard Speed (iTaQ)	54.3

Hvis primer T_m-verdiene er mer enn 4 °C fra hverandre, bruker Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning) den laveste primer T_m-verdien + 2 °C som grunnlag for å beregne T_a-verdien, som du kan modifisere ytterligere ved å endre enzym og reaksjonshastighet.

T_a Calculator (Ta-kalkulator) genererer en hybridiseringstemperatur for standardhastighet med iTaq DNA-polymerase. Når du bruker et annet enzym, vil hastighetsinnstillingene automatisk justere T_a.

5. Gjør ett av følgende:

- Hvis du åpnet T_a Calculator (Ta-kalkulator) fra Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning), klikker du på OK. Du kommer da tilbake til Protocol AutoWriter (Automatisk protokollskrivning). Hybridiseringstemperaturen endres automatisk.
- Hvis du åpnet T_a Calculator (Ta-kalkulator) fra menyen Tools (Verktøy), registrerer du beregningene og klikker på Cancel (Avbryt) for å lukke kalkulatoren.

Kapittel 8 Klargjøre plater

En platefil inneholder informasjon om kjøringsparametere slik som skannemodus, fluoroforer og brønninnhold. Etter kjøringen knytter CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition innholdet i brønnen til fluorescensdataene som er innsamlet under kjøringen, og bruker egnet analyse i vinduet Data Analysis (Datanalyse). Brønner som for eksempel er lastet med standard prøvetype, brukes til å generere en standardkurve.

CFX Maestro Dx SE har to alternativer for å opprette plater: Plate Editor (Plateredigering) for sanntids PCR-kjøringen og Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for normalisert genuttrykksanalyse.

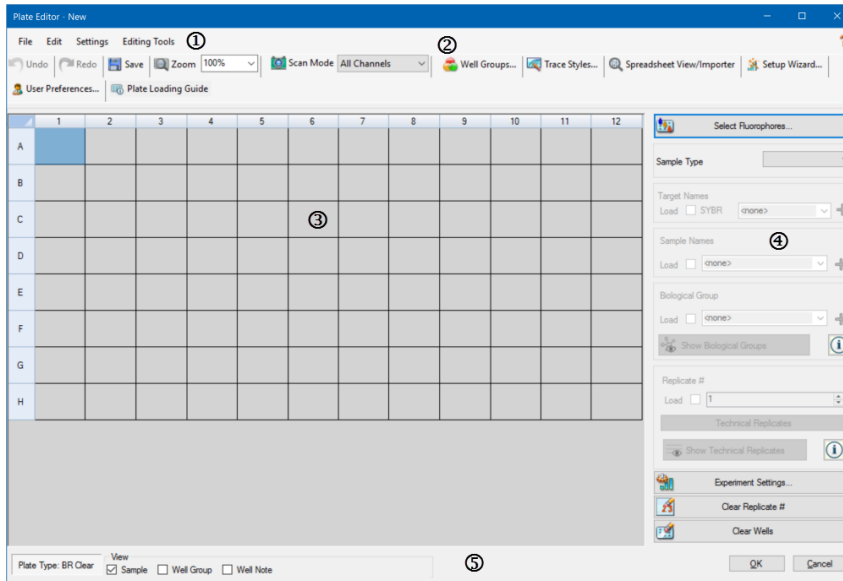
Plate Editor (Plateredigering) inkluderer følgende funksjoner:

- Standard fluoroforer og prøvetyper for tilordning til platebrønner
- Mulighet til å angi referansemål og kontrollprøve for genuttrykksanalyse
- Mulighet til å redigere plateoppsett før, under eller etter en kjøring
- Mulighet til å lagre platefiler for gjenbruk
- Mulighet til å skrive ut platefilen på en standardskriver

Setup Wizard (Oppsettsveiviser) veileder deg gjennom opprettelse av plateoppsett for analyse av normalisert genuttrykk. Du kan bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) før, under eller etter en kjøring.

Vinduet Plate Editor (Plateredigering)

Du bruker Plate Editor (Plateredigering) til å opprette egendefinerte plater eller endre eksisterende plater.



FORKLARING

1. Menylinjen gir rask tilgang til menykommandoene File (Fil) og Settings (Innstillinger) så vel som verktøy for plateredigering.
2. Verktøylinjen gir rask tilgang til viktige plateinnlastingsfunksjoner.
3. Hovedruten viser platedisposisjonen og platealternativene i henhold til gjeldende valg.
4. Høyre rute viser alternativer du kan bruke for å tilpasse platen.
5. Den nederste ruten viser platetypen og gir rask tilgang til visningsalternativer.

Kommandoer i menyen File (Fil)

Save (Lagre) – lagrer platedatafilen på plasseringen angitt i fanen File (Fil) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Se [Endre standard filinnstillinger på side 83](#) for mer informasjon. Dette menyelementet er kun tilgjengelig når du oppretter en ny platefil.

Save As (Lagre som) – lagrer den åpne platedatafilen med et nytt navn, som du selv angir. Dette menyelementet er kun tilgjengelig når du oppretter en ny platefil.

File Passwords (Filpassord) – gjør det mulig for brukere å angi passord for lagring og filåpning.

Extract Plate (Hent ut platefil) – åpner en dialogboks, der du kan hente ut / lagre platefilen (.pltd). Dette menyelementet er kun tilgjengelig når du viser eller redigerer en eksisterende platefil.

Print (Skriv ut) – skriver ut den åpne platedatafilen.

Close (Lukk) – lukker Plate Editor (Plateredigering).

Kommandoer i menyen Edit (Rediger)

Undo (Angre) – angre en endring i en platefil, helt til platefilen lagres.

Redo (Gjør om) – reverserer den siste Angre-kommandoen, med mindre platefilen har blitt lagret.

Kommandoer i menyen Settings (Innstillinger)

Plate Size (Platestørrelse) – åpner en dialogboks der du kan velge en platestørrelse for kjøringen.

Merknad: Platestørrelsen må være den samme som blokkstørrelsen på instrumentet som kjøringen skal utføres på.

Velg 96-brønn for:

- CFX Opus 96 Dx
- CFX Opus Deepwell Dx

Velg 384-brønn for:

- CFX Opus 384 Dx

Plate Type (Platetype) – brukes til å velge brønntypen i platen som inneholder prøvene, enten BR White (BR hvit) eller BR Clear (BR klar). For å sikre nøyaktig dataanalyse må den valgte platetypen være den samme som platetypen som brukes i kjøringen.

Merknad: Du må kalibrere nye platetyper. Se [Kalibrere nye fargestoffer på side 75](#) for mer informasjon.

Number Convention (Tallkonvensjon) – brukes til å aktivere eller deaktivere alternativet for å vise enheter i vitenskapelig notasjon. Enheter vises i vitenskapelig notasjon som standard.

Units (Enheter) – brukes til å velge enhetene som skal vises i regnearkene når du utfører kvantifisering av ukjente kontra en standardkurve.

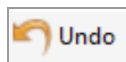
Kommandoer i menyen Editing Tools (Redigeringsverktøy)

Setup Wizard (Oppsettsveiviser) – åpner Setup Wizard (Oppsettsveiviser), der du kan definere oppsett og analyseparametere for den gjeldende platen. Du kan bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) før, under eller etter at en kjøring er fullført.

Spreadsheet View/Importer (Regnearkvisning/-import) – åpner dialogboksen View (Vis), som viser plateoppsettet som en mal i regnearkformat. Du kan bruke denne dialogboksen til å eksportere eller importere platemaldata i .csv-format.

Flip Plate (Snu plate) – snur plateinnholdet 180°.

Kommandoer på verktøylinjen



Undo

Omgjør en endring for en plate. CFX Maestro Dx SE støtter opptil ti angrehandlinger



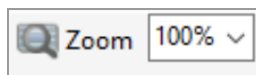
Redo

Omgjør den siste angrehandlingen. CFX Maestro Dx SE støtter opptil ti gjentakelser.



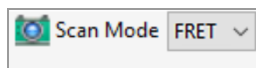
Save

Lagrer den gjeldende platefilen.



Zoom 100% ▾

Viser en rullegardinmeny, der du kan øke eller redusere forstørrelsen av platevisningen.



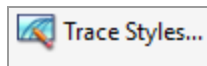
Scan Mode FRET ▾

Viser en rullegardinmeny, der du kan velge en skannemodus som angir hvilke kanaler instrumentet skal hente fluorescensdata fra under en kjøring.



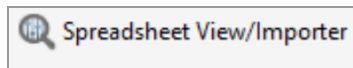
Well Groups...

Åpner Well Groups Manager (Administrering av brønngrupper), som du kan bruke til å opprette brønngrupper for den gjeldende platen.



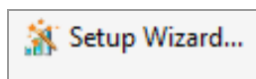
Trace Styles...

Viser en dialogboks, der du kan velge farger og symboler for amplifiseringskurvene.



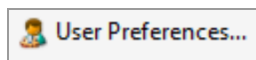
Spreadsheet View/Importer

Åpner dialogboksen View (Vis), som viser plateoppsettet som en mal i regnearkformat. Du kan bruke denne dialogboksen til å eksportere eller importere platemaldata i .csv-format.



Setup Wizard...

Åpner Setup Wizard (Oppsettsveiviser), der du kan definere oppsett og analyseparametere for den gjeldende platen. Du kan bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) før, under eller etter en kjøring.



User Preferences...

Åpner fanen Plate i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser), der du kan definere plateoppsettsparametere og opprette eller slette navn på mål, prøver og biologiske grupper. Endringene du gjør i fanen Plate, er tilgjengelige neste gang du åpner Plate Editor (Plateredigering).

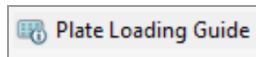


Plate Loading Guide

Viser de nødvendige trinnene for å sette opp en plate og fylle brønnene.

Opprette en platefil ved hjelp av Plate Editor (Plateredigering)

Du kan bruke Plate Editor (Plateredigering) til å opprette egendefinerte platefiler. Du kan også redigere og lagre tidligere lagrede platefiler eller prøveplatefiler som leveres sammen med CFX Opus Dx-system.

Du oppretter en ny platefil på følgende måte:

- Åpne en platefil i Plate Editor (Plateredigering).
- Velg Plate type (Platetype).
Merknad: Plate type (Platetype) for platefilen må være den samme som platen i reaksjonsmodulen.
- Velg Scan mode (Skannemodus) som skal brukes i protokollen.
- Velg Fluorophores (Fluoroforer) som skal brukes i platen.
- Velg Sample type (Prøvetype), Targets (Mål) og Samples (Prøver).
- Velg tekniske replikater, hvis aktuelt.
- Lagre plateoppsettet.

Tips: Se [Åpne en eksisterende platefil i Plate Editor \(Plateredigering\)](#) på side 129 for å opprette en ny plate fra en tidligere lagret platefil eller en prøveplatefil.

Åpne en ny platefil i Plate Editor (Plateredigering)

CFX Maestro Dx SE har flere alternativer for å åpne en ny platefil:

- Fra startvinduet
- Fra dialogboksen Startup Wizard (Opstartsveiviser)
- Fra dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett)

Slik åpner du en ny platefil fra startvinduet

- ▶ Velg File > New > Plate (Fil > Ny > Plate).

Vinduet Plate Editor (Plateredigering) åpnes og viser standard platefil for det valgte instrumentet.

Tips: For informasjon om innstilling av standard platefil, se [Endre standard filinnstillinger](#) på side 83.

Slik åpner du en ny platefil fra Startup Wizard (Oppstartsveiviser)

1. Gjør ett av følgende i startvinduet for å åpne Startup Wizard (Oppstartsveiviser) hvis den ikke vises:
 - Velg View > Startup Wizard (Vis > Oppstartsveiviser).
 - Klikk på Startup Wizard (Oppstartsveiviser) på verktøylinjen.
2. Velg om nødvendig instrumenttypen fra rullegardinmenyen.
3. For å opprette en ny plate velger du User-defined (Brukerdefinert) som kjøringstypen.
Dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett) åpnes og viser fanen Protocol (Protokoll).
4. Klikk på fanen Plate og klikk på Create New (Opprett ny).
Vinduet Plate Editor (Plateredigering) åpnes og viser standard plateoppsett for det valgte instrumentet.

Slik åpner du en ny platefil fra dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett)

1. I startvinduet gjør du ett av følgende for å åpne dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett):
 - Velg Run > User-defined Run (Kjøring > Brukerdefinert kjøring).
 - Klikk på User-defined Run Setup (Brukerdefinert kjøring) på verktøylinjen.Dialogboksen Run Setup (Kjøringsoppsett) åpnes og viser fanen Protocol (Protokoll).
2. Hvis du vil opprette en ny plate, klikker du på fanen Plate og deretter på Create New (Opprett ny).
Vinduet Plate Editor (Plateredigering) åpnes og viser standard plateoppsett for det valgte instrumentet.

Åpne en eksisterende platefil i Plate Editor (Plateredigering)

CFX Maestro Dx SE gir prøveplatefiler som du kan redigere og lagre som en ny plate. Du kan også opprette en ny platefil fra en tidligere lagret platefil.

Slik åpner du en prøveplatefil

1. I startvinduet velger du File > Open > Plate (Fil > Åpne > Plate).
Windows Utforsker (Søk) åpnes i plasseringen for CFX Opus Dx-system Sample (Prøve)-filmappen.
2. Åpne Sample (Prøve)-filmappen, og åpne deretter Plates (Plater)-mappen.
3. Velg en platefil og klikk på Open (Åpne).
Prøveplatefilen åpnes i vinduet Plate Editor (Plateredigering).
4. Velg File > Save As (Fil > Lagre som) og lagre platefilen med et nytt navn eller i en annen mappe.

Slik åpner du en tidligere lagret platefil

1. Gjør ett av følgende i startvinduet:
 - Velg File > Open > Plate (Fil > Åpne > Plate), naviger til og velg målplaten, og klikk på Open (Åpne).
 - Åpne Startup Wizard (Oppstartsveiviser) og gjør ett av følgende:
 - Du redigerer en eksisterende platefil ved å velge Select Existing (Velg eksisterende) og navigere til målfilen.
 - Du redigerer platefilen som vises ved å klikke på Edit Selected (Rediger valgte).Målplaten åpnes i vinduet Plate Editor (Plateredigering).
2. Velg File > Save As (Fil > Lagre som) og lagre platefilen med et nytt navn eller i en annen mappe.

Sette opp en ny platefil

Tips: Hvis platefilen inneholder de nødvendige parametrene (hvis du for eksempel redigerer en prøve eller eksisterende platefil), kan du hoppe over dette avsnittet. Fortsett til [Tilordne valgfrie parametere til platefilen på side 137](#).

Nye platefiler krever følgende parametere:

- Platestørrelse
- Platetype
- Scan mode (Skannemodus)
- Én fluorofor (fargestoff)
- Én prøvetype

Velge platestørrelse og -type

Viktig: Du må velge en platestørrelse under plateoppsett. Du kan ikke endre platestørrelsen under eller etter en kjøring.

Programvaren anvender platestørrelsen og -typen på alle brønner under kjøringen. Kontroller at valgt platestørrelse er den samme som for platen du skal bruke under kjøringen.

Bio-Rad CFX Opus Dx er fabrikkkalibrert for mange fluorescerende fargestoffer og platekombinasjoner. Kalibreringen er spesifikk for instrumentet, fargestoffet og platetypen. Kontroller at fluoroforen du skal bruke er kalibrert for platetypen du velger.

Tips: Velg Tools > Dye Calibration Wizard (Verktøy > Fargekalibreringsveiviser) for å kalibrere en ny kombinasjon av fargestoff og platetype på et instrument. Se [Kalibrere nye fargestoffer på side 75](#) for informasjon om kalibrering av fargestoffer og platetyper.

Velge skannemodus

CFX Opus 96 Dx og CFX Opus Deepwell Dx eksiterer og oppdager fluoroforer i fem kanaler (pluss FRET). CFX Opus 384 Dx eksiterer og oppdager fluoroforer i fire kanaler (pluss FRET). Alle systemer bruker flere skannemoduser for datainnhenting for å samle inn fluorescensdata under en kjøring.

CFX Maestro Dx SE har tre skannemoduser:

- All Channels (Alle kanaler)
 - Skanner kanal 1 til 5 på CFX Opus 96 Dx og CFX Opus Deepwell Dx
 - Skanner kanal 1 til 4 på CFX Opus 384 Dx

- SYBR®/FAM
 - Skanner kun kanal 1
 - Kjører en hurtigskanning
- FRET
 - Skanner kun FRET-kanalen
 - Kjører en hurtigskanning

Velge fluoroforer

Viktig: Før du starter kjøringen, kontrollerer CFX-systemerne at fluoroforene du har angitt i platen, er kalibrert på det aktuelle instrumentet. Du kan ikke kjøre en plate hvis den inneholder fluoroforer som ikke er kalibrert på instrumentet.

Du må laste inn minst én fluorofor i plateoppsettet før kjøringen. Du kan legge til så mange fluoroforer som nødvendig på dette tidspunktet, men platen må inneholde minst én fluorofor. De valgte fluoroforene vises som alternativer for mål i Target Names (Målnavn).

Du bruker dialogboksen Select Fluorophores (Velg fluoroforer) til å laste inn fluoroforer (eller platefargestoffer) i brønninnlastingskontrollene i Plate Editor (Plateredigering). Fluoroforene som vises i dialogboksen Select Fluorophores (Velg fluoroforer), avhenger av skannemodusen du velger:

- All Channels (Alle kanaler)

Alle tilgjengelige fluoroforer vises.

Tips: Du kan legge til så mange fluoroforer som nødvendig, men du kan kun laste inn én fluorofor per kanal i hver brønn.

- SYBR®/FAM

Kun kanal 1-fluoroforer vises.

- FRET

Kun kanal 6-fluoroforen vises.

Tips: Kanal 6 FRET-fluoroforen vises kun når FRET er den valgte skannemodusen. Den er ikke tilgjengelig for skannemodusen All Channels (Alle kanaler).

Merknad: Du kan ikke legge til eller fjerne fluoroforer direkte i dialogboksen Select Fluorophores (Velg fluoroforer). Du må kalibrere nye fluoroforer på et instrument ved hjelp av Dye Calibration Wizard (Fargestoffkalibreringsveiviseren). Etter kalibrering vil den nye fluoroforen automatisk legges til i listen. Hvis du vil ha mer informasjon, se [Kalibrere nye fargestoffer på side 75](#).

Velge prøvetyper

Viktig: Du må velge minst én prøvetype som skal tilordnes platebrønnene før kjøringen.

CFX Maestro Dx SE har seks prøvetyper:

- Unknown (Ukjent)
- Standard
- NTC (ikke-templatkontroll)
- Positive Control (positiv kontroll)
- Negative Control (negativ kontroll)
- NRT (uten revers transkriptase)

Du tilordner prøvetypene til platebrønnene.

Sette opp en ny plate

Slik setter du opp en ny plate

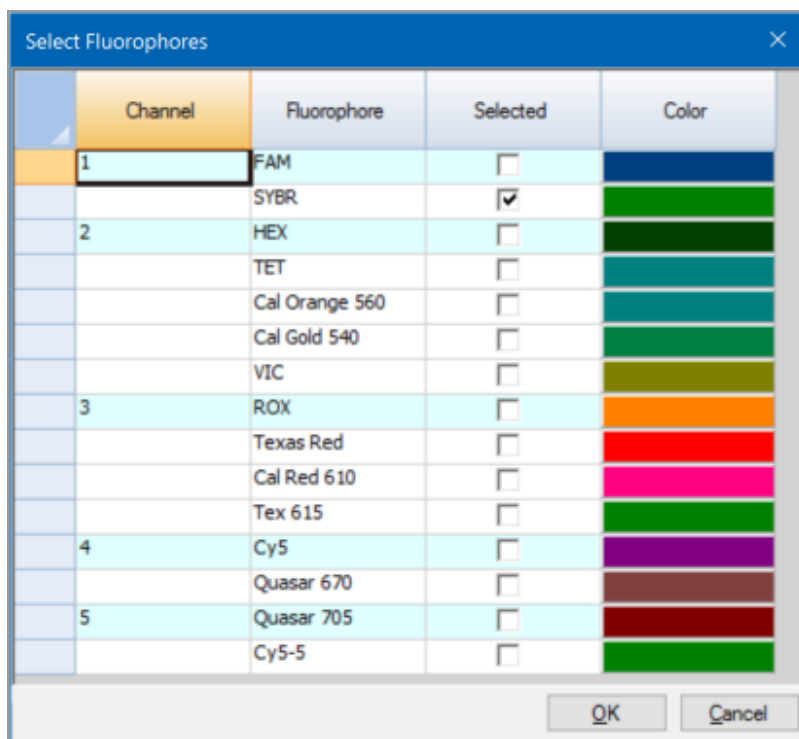
1. Åpne en ny plate i vinduet Plate Editor (Plateredigering).
2. Når du skal angi platestørrelse, velger du Settings > Plate Size (Innstillinger > Platestørrelse) og deretter velger du ønsket platestørrelse fra rullegardinmenyen.
3. Når du skal angi platetype, velger du Settings > Plate Type (Innstillinger > Platetype) og deretter velger du BR White (BR hvit) eller BR Clear (BR klar) fra rullegardinmenyen.
4. Du kan også endre tallkonvensjonen og visningsenhetene i menyen Settings (Innstillinger):
 - Når du skal endre tallkonvensjonen, velger du Settings > Number Convention (Innstillinger > Tallkonvensjon) og deretter Scientific Notation (Vitenskapelig notasjon).

Tips: Scientific Notation (Vitenskapelig notasjon) er valgt som standard. I dette tilfellet fjernes standardvalget og tallkonvensjonen angis til standardform når du velger Scientific Notation (Vitenskapelig notasjon).
 - Når du skal endre visningsenheter, velger du Settings > Units (Innstillinger > Enheter) og velger en ny enhetsverdi.
5. Når du skal angi skannemodus, velger du ønsket skannemodus fra rullegardinmenyen Scan Mode (Skannemodus) på verktøylinjen i vinduet Plate Editor (Plateredigering).

6. Velg påkrevde fluoroforer for platen:

- a. Klikk på Select Fluorophores (Velg fluoroforer) i høyre rute.

Dialogboksen Select Fluorophores (Velg fluoroforer) åpnes. Du kan se de tilgjengelige fluoroforene for typen skannemodus du valgte i [Trinn 5](#), for eksempel:



- b. Når du skal velge en fluorofor, merker du avmerkingsboksen Selected (Valgt) for denne fluoroforen.

Tips: Når du skal fjerne en fluorofor fra listen, fjerner du merkingen i avmerkingsboksen Selected (Valgt) for denne fluoroforen.

- c. Når du skal endre visningsfargen på fluoroforen, klikker du på avmerkingsboksen Color (Farge) for denne fluoroforen.

Merknad: Fargen du velger, representerer fluoroforen både i vinduet Plate Editor (Plateredigering) og i diagrammet Data Analysis (Dataanalyse).

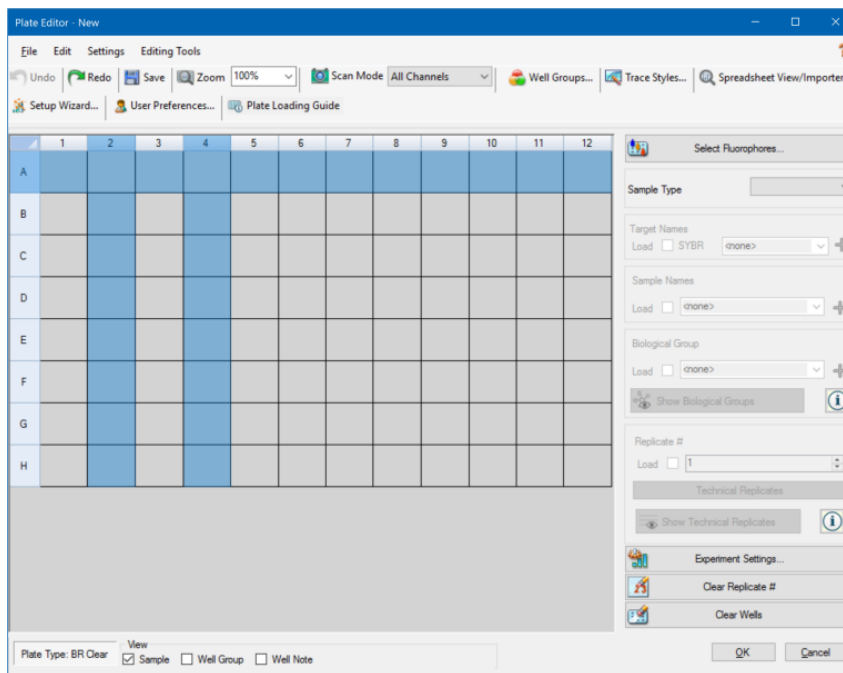
- d. I dialogboksen Color (Farge) velger du ønsket farge, eller klikker på Define Custom Colors (Definer egendefinerte farger) og oppretter en ny farge som skal representere fluoroforen.
- e. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen Select Fluorophores (Velg fluoroforer).

7. Du må velge minst én brønn for fylling av en prøvetype. Brønn A1 velges som standard.

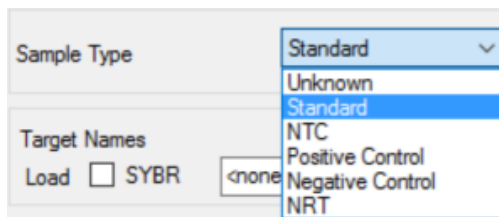
Velg ett av følgende alternativer i plateruten:

- Du kan fylle flere tilstøtende brønner ved å klikke på en brønn og dra den til målbrønnen.
- Du kan fylle flere brønner som ikke er tilstøtende, ved å holde inne Ctrl-tasten og klikke på hver enkelt brønn.
- Du kan fylle en hel kolonne med den samme prøvetypen ved å klikke på kolonnennummeret.
- Du kan fylle en hel rad ved å klikke på radnummeret.
- Du kan fylle hele platen ved å klikke øverst i venstre hjørne av platen.

For eksempel:



8. Tilordne en prøvetype til den valgte brønnen eller de valgte brønnene fra rullegardinmenyen Sample Type (Prøvetype).

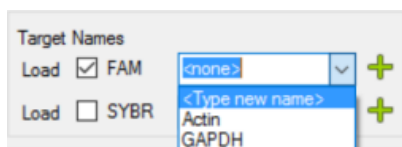


9. Tilordne minst én fluorofor til alle brønner som inneholder en prøvetype. Du kan tilordne mer enn én fluorofor til en brønn eller en brønngruppe.

Merknad: Du kan bare tilordne én fluorofor per kanal. Du kan ikke tilordne mer enn én fluorofor fra den samme kanalen til den samme brønnen.

Tips: Du kan tilknytte et mål til fluoroforen eller tilordne kun fluoroforen til brønnen på dette tidspunktet og tilknytte et mål til fluoroforen etter at eksperimentet er kjørt.

- Når du skal tilordne kun én fluorofor til de valgte brønnene, merker du avmerkingsboksen Load (Last inn) for den spesifikke fluoroforen i delen Target Names (Målnavn).
- Når du skal tilknytte et mål til en fluorofor, velger du et målnavn fra rullegardinmenyen for den spesifikke fluoroforen i delen Target Name (Målnavn). Programvaren merker den tilhørende avmerkingsboksen Load (Last inn) automatisk.



10. For brønner som inneholder prøvetypen Standard, må du fylle på en konsentrasjon. Hver brønn kan ha forskjellig konsentrasjonsverdi. Som standard fyller CFX Maestro Dx SE en konsentrasjon på 1,00 E+06 i alle brønner med prøvetypen Standard. Om nødvendig kan du endre verdien.
- Velg en Standard-brønn eller -brønngruppe i plateruten.
 - Klikk på Load (Last inn) i delen Concentration (Konsentrasjon) for å fylle verdien i de(n) valgte brønnen(e).
 - (Valgfritt) Når du skal fylle på en annen konsentrasjon, skriver du inn den nye verdien i tekstboksen Concentration (Konsentrasjon) og trykker på Enter.
 - Utfør dette trinnet for alle brønner med prøvetypen Standard.

Tips: Når du skal fylle på samme konsentrasjon i alle Standard-brønner, må du kontrollere at <All> (Alle) vises på rullegardinmenyen under verdien Concentration (Konsentrasjon). Når du skal fylle på samme konsentrasjonsverdi i alle brønner med en spesifikk fluorofor, klikker du på rullegardinmenyen og velger fluoroforen.

11. Klikk på OK for å lagre den nye platen.

Høyreklikk på menyelementer for Plate Editor-verktøyet

Tabell 9 viser menyelementene som er tilgjengelige i verktøyet Plate Editor når du høyreklikker på en brønn i verktøyet. Denne menyen vises også i regnearkvisningen/importen.

Tabell 9. Elementer i høyreklikkmenyen for verktøyet Plate Spreadsheet View/Importer (Plateregnearkvisning/-import)

Element	Funksjon
Copy (Kopier)	Kopierer hele regnearket.
Copy as Image (Kopier som bilde)	Kopierer regnearket som en bildefil.
Print (Skriv ut)	Skriver ut regnearket.
Print Selection (Skriv ut utvalg)	Skriver ut kun de valgte cellene.
Export to Excel (Eksporter til Excel)	Eksporterer filen til et Excel-regneark.
Export to CSV (Eksporter til CSV)	Eksporterer filen som en .csv-fil.
Export to Xml (Eksporter til Xml)	Eksporterer filen som en .xml-fil.
Export to Html (Eksporter til Html)	Eksporterer filen som en .html-fil.
Find (Søk)	Søker etter bestemt tekst.
Sort (Sorter)	Sorterer regnearket ved å velge opptil tre datakolonner i vinduet Sort (Sorter).

Tilordne valgfrie parametere til platefilen

En platefil inneholder informasjon om innholdet i hver brønn som er lastet med prøve for en kjøring. Etter kjøringen knytter CFX Maestro Dx SE innholdet i brønnen til fluorescensdataene som er innsamlet under protokollen, og bruker egnet analyse i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

I CFX Maestro Dx SE kan du tilordne parametere til hver brønn i platen før, under eller til og med etter du kjører eksperimenter. Du kan tilordne parameterne til en eksisterende platefil eller til en ny platefil. Disse parameterne inkluderer:

- **Target names** (Målnavn) – interessenmålet eller -målene (gener eller sekvenser) i hver lastet brønn.
- **Sample names** (Prøvenavn) – identifikatoren eller tilstanden som tilsvarer prøven i hver lastet brønn, for eksempel mouse1, mouse2 eller mouse3.
- **Biological groups** (Biologiske grupper) – identifikatoren eller tilstanden som tilsvarer en gruppe med brønner, for eksempel 0Hr, 1Hr eller 2Hr.

Tips: Målnavn, prøvenavn og biologiske grupper må være de samme mellom brønnene for å sammenligne data i fanen Gene Expression (Genuttrykk) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Hvert navn må inneholde samme tegnsetting, mellomrom og de samme store og små bokstavene. For eksempel er "Actin" ikke det samme som "actin", "2Hr" er ikke det samme som "2 hr", og "Mouse 1" er ikke det samme som "mouse1." For å sikre konsekvent navngivning, skriver du inn navnene i Libraries-delen i User > User Preferences > Plate (Bruker > Brukerinnstillinger > Plate) som du finner i startvinduet.

- **Technical replicates (Tekniske replikater)** – hver brønn som brukes til å analysere samme kombinasjon av prøve og mål, dvs. repliserte qPCR-reaksjoner.
- **Dilution series** (Fortynningsserie) – hvor mye konsentrasjonen skal endres for standardprøvetypen i en replikatgruppe for å opprette standardkurvedata for analyse.

Tilordne et mål til brønner

Tips: Du kan tilordne det samme målnavnet til én eller flere brønner. Du kan også tilordne flere mål til samme brønn.

Viktig: Hvis du klikker på OK etter at du tilordnet et mål, blir endringene lagret og Undo (Angre) blir deaktivert på verktøylinjen Plate Editor (Plateredigering). Utvis forsiktighet når du klikker OK.

Slik tilordner du et mål til en brønn eller en brønngruppe

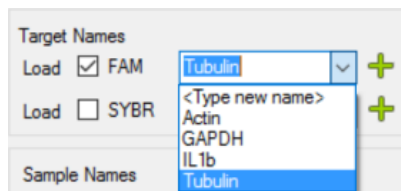
1. Kontroller i Plate Editor (Plateredigering) at brønnen eller brønngruppen har blitt tilordnet en prøvetype.

Se [Velge prøvetyper på side 132](#) for informasjon om tilordning av prøvetyper til brønner.

2. Velg brønnen eller brønngruppen i plateruten:

- Hvis du vil velge en enkelt brønn, klikker du på brønnen.
- Hvis du vil velge flere tilstøtende brønner, klikker du på en brønn og drar markøren til ønsket brønn.
- Hvis du vil velge flere ikke-tilstøtende brønner, holder du Ctrl-tasten nede og klikker på hver brønn.
- Hvis du vil velge en hel kolonne med samme prøvetype, klikker du på kolonnennummeret.
- Hvis du vil velge en hel rad, klikker du på radnummeret.

3. I høyre rute velger du et navn i rullegardinmenyen Target Name (Målnavn) for hver valgte fluorofor.



4. Gjenta [Trinn 3](#) for hver brønn eller brønngruppe du må tilordne et mål til.

Tips: Du kan tilordne det samme eller et annet målnavn for hver valgte fluorofor.

5. Klikk på OK for å godta endringene og lagre platen.

Merknad: Hvis du endret platen ved en feil, klikker du på Undo (Angre) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering) før du klikker på OK for å godta endringene.

Slik fjerner du et målnavn

- ▶ Hvis du vil fjerne et målnavn fra en valgt brønn eller brønngruppe, fjerner du merket i avmerkingsboksen Load (Last inn).

Viktig: Hvis du fjerner et målnavn fra en brønn, fjerner du også den tilknyttede fluoroforen. Utvis forsiktighet når du fjerner et målnavn fra en brønn.

Slik legger du til et målnavn i listen

- ▶ Gjør ett av følgende for å legge til et målnavn i rullegardinmenyen:
 - Skriv inn et navn i rullegardinmenyen Target Name (Målnavn) og trykk på Enter.

Tips: Målnavn som du legger til i én liste, vises i alle andre mållister.
 - Klikk på det grønne pluss-symbolet (+) til høyre for rullegardinmenyen, skriv inn et navn for målet og trykk på Enter.

- Klikk på User Preferences (Brukerpreferanser) på verktøylinjen, og legg til navnet i biblioteket Target Names (Målnavn) i fanen Plate (Plate).

Viktig: Målnavn som legges til i rullegardinmenyen, er kun tilgjengelige for den aktuelle platen, og bare hvis du tilordner navnet til en brønn og lagrer plateoppsettet. Hvis du ikke tilordner navnet til en brønn og lagrer plateoppsettet, lagres ikke navnet og er ikke tilgjengelig for fremtidig bruk. For permanent å legge til et målnavn må navnet også legges til i biblioteket Target Names (Målnavn) ved bruk av dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Navn som legges til i biblioteket, er tilgjengelige neste gang du åpner Plate Editor (Plateredigering). Se [Angi standardparametere for plate på side 86](#) for mer informasjon.

Slik sletter du et målnavn fra listen

1. Klikk på User Preferences (Brukerpreferanser) på verktøylinjen.
Dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) åpnes, og fanen Plate (Plate) vises.
2. Velg navnet du vil slette under fanen Plate (Plate) i biblioteket Target Names (Målnavn), og trykk på tasten Delete (Slett).
3. Trykk på OK for å lagre endringer og lukke dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).

Viktig: Du kan ikke slette målnavn som er lagret sammen med en platefil. Egendefinerte navn du legger til i rullegardinmenyen Target Names (Målnavn), men ikke bruker og lagrer sammen med platen, fjernes automatisk fra listen. Navn som slettes fra biblioteket Target Names (Målnavn), fjernes automatisk fra programvaren og er ikke lenger tilgjengelig for brukeren. Utvis forsiktighet når du sletter målnavn.

Tilordne et prøvenavn til brønner

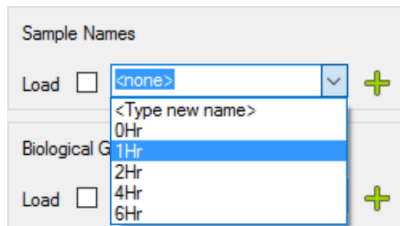
Merknad: Du tilordner et prøvenavn ved å tilordne minst én fluorofor til de valgte brønnene. Hvis de valgte brønnene ikke er tilordnet en fluorofor, deaktiveres rullegardinmenyen Sample Names (Prøvenavn). Se [Tilordne et mål til brønner på side 137](#) for informasjon om tilordning av fluoroforer.

Tips: Du kan kun tilordne ett prøvenavn til hver brønngruppe.

Slik tilordner du et prøvenavn til en brønn eller brønngruppe

1. Kontroller i Plate Editor (Plateredigering) at brønnen eller brønngruppen har blitt tilordnet en fluorofor.
2. Velg brønnen eller brønngruppen i plateruten.
3. I høyre rute velger du et navn i rullegardinmenyen Sample Names (Prøvenavn).

Programvaren merker den tilhørende avmerkingsboksen Load (Last inn) automatisk.



4. Gjenta [Trinn 3](#) for hver brønn eller brønngruppe du må tilordne et prøvenavn til.
5. Klikk på OK for å godta endringene og lagre platen.

Merknad: Hvis du endret platen ved en feil, klikker du på Undo (Angre) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering) før du klikker på OK for å godta endringene.

Slik fjerner du et prøvenavn

- ▶ Hvis du vil fjerne et prøvenavn fra en valgt brønn eller brønngruppe, fjerner du merket i avmerkingsboksen Load (Last inn).

Slik legger du til et prøvenavn i listen

- ▶ Gjør ett av følgende for å legge til et prøvenavn i rullegardinmenyen:
 - Skriv inn et navn i rullegardinmenyen Sample Names (Prøvenavn) og trykk på Enter.
 - Klikk på det grønne pluss-symbolet (+) til høyre for rullegardinmenyen, og skriv inn et navn for prøven.
 - Klikk på User Preferences (Brukerpreferanser) på verktøylinjen, og legg til navnet i biblioteket Sample Names (Prøvenavn) i fanen Plate (Plate).

Viktig: Prøvenavn som legges til i rullegardinmenyen, er kun tilgjengelige for den aktuelle platen, og bare hvis du tilordner navnet til en brønn og lagrer plateoppsettet. Hvis du ikke tilordner navnet til en brønn og lagrer plateoppsettet, lagres ikke navnet og er ikke tilgjengelig for fremtidig bruk. For permanent å legge til et prøvenavn må navnet også legges til i biblioteket Sample Names (Prøvenavn) ved bruk av dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Navn som legges til i biblioteket, er tilgjengelige neste gang du åpner Plate Editor (Plateredigering). Se [Angi standardparametere for plate på side 86](#) for mer informasjon.

Slik sletter du et prøvenavn fra listen

1. Klikk på User Preferences (Brukerpreferanser) på verktøylinjen.
Dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) åpnes, og fanen Plate (Plate) vises.
2. Velg navnet du vil slette under fanen Plate (Plate) i biblioteket Sample Names (Prøvenavn), og trykk på tasten Delete (Slett).

- Trykk på OK for å lagre endringer og lukke dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).

Viktig: Du kan ikke slette prøvenavn som er lagret sammen med en platefil. Egendefinerte navn du legger til i listen Sample Names (Prøvenavn), men ikke bruker og lagrer sammen med platen, fjernes automatisk fra rullegardinmenyen. Navn som slettes fra biblioteket Sample Names (Prøvenavn), fjernes fra programvaren og er ikke lenger tilgjengelig for brukeren. Utvis forsiktighet når du sletter prøvenavn.

Tilordne biologiske grupper til brønner

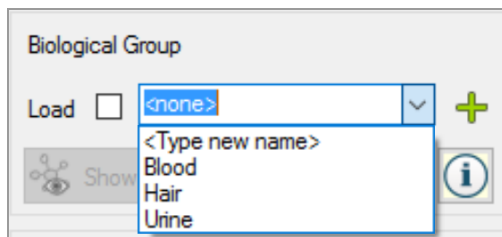
Merknad: For å tilordne en biologisk gruppe, må du tilordne de valgte brønnene til minst én fluorofor. Ved å tilordne en fluorofor aktiveres rullegardinlisten Biological Groups (Biologiske grupper). Se [Tilordne et mål til brønner på side 137](#) for informasjon om tilordning av fluoroforer.

Tips: Du kan tilordne en biologisk gruppe til hver brønn eller brønngruppe.

Slik tilordner du en biologisk gruppe til en brønn eller brønngruppe

- Kontroller i Plate Editor (Plateredigering) at brønnen eller brønngruppen har blitt tilordnet en fluorofor.
- Velg brønnen eller brønngruppen i plateruten.
- I høyre rute, velg fra rullegardinlisten Biological Group (Biologisk gruppe) .

CFX Maestro Dx SE merker avmerkingsboksen Load (Last inn) automatisk.



- Gjenta [Trinn 3](#) for hver brønn eller brønngruppe som du må tilordne en biologisk gruppe.
- Klikk på OK for å godta endringene og lagre platen.

Merknad: Hvis du endret platen ved en feil, klikker du på Undo (Angre) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering) før du klikker på OK for å godta endringene.

Fjerne en biologisk gruppe

- ▶ Hvis du vil fjerne en biologisk gruppe fra en valgt brønn eller brønngruppe, fjerner du merket i avmerkingsboksen Load (Last inn).

Legge til en biologisk gruppe i listen

- ▶ Gjør ett av følgende for å legge til en biologisk gruppe i rullegardinlisten:

- Skriv inn et navn i rullegardinboksen Biological Group (Biologisk gruppe), og trykk på Enter.
- Klikk på det grønne pluss-symbolet (+) til høyre for rullegardinmenyen, og skriv inn et navn for den biologiske gruppen.
- Klikk på User Preferences (Brukerpreferanser) på verktøylinjen, og legg til navnet i biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavn) i fanen Plate.

Viktig: Navn på biologiske grupper som legges til i rullegardinmenyen, er kun tilgjengelige for den aktuelle platen, og bare hvis du tilordner navnet til en brønn og lagrer plateoppsettet. Hvis du ikke tilordner navnet til en brønn og lagrer plateoppsettet, lagres ikke navnet og er ikke tilgjengelig for fremtidig bruk. For permanent å legge til navnet på en biologisk gruppe må navnet også legges til i biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavn) ved bruk av dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Navn som legges til i biblioteket, er tilgjengelige neste gang du åpner Plate Editor (Plateredigering). Se [Angi standardparametere for plate på side 86](#) for mer informasjon.

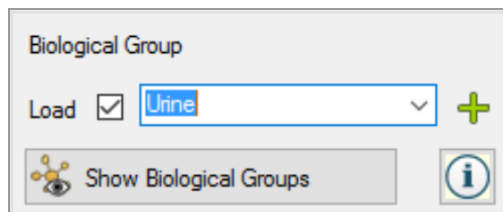
Slik sletter du navnet på en biologisk gruppe fra listen

1. Klikk på User Preferences (Brukerpreferanser) på verktøylinjen.
Dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) åpnes, og fanen Plate (Plate) vises.
2. Velg navnet du vil slette under fanen Plate i biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavn), og trykk på tasten Delete (Slett).
3. Trykk på OK for å lagre endringer og lukke dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser).

Viktig: Du kan ikke slette navn på biologiske grupper som er lagret sammen med en platefil. Egendefinerte navn du legger til i rullegardinmenyen Biological Group Names (Navn på biologiske grupper), men ikke bruker og lagrer sammen med platen, fjernes automatisk fra listen. Navn som slettes fra Biological Names Group Library (Bibliotek over biologiske gruppenavn), fjernes automatisk fra programvaren og er ikke lenger tilgjengelig for brukeren. Utvis forsiktighet når du sletter biologiske navn.

Slik viser du alle biologiske grupper på platen

- ▶ Klikk på Show Biological Groups (Vis biologiske grupper) for å vise alle biologiske grupper på platen.



Hver gruppe identifiseres av en bestemt farge, og knappen Show Biological Groups (Vis biologiske grupper) endres til Hide Biological Groups (Skjul biologiske grupper).

Klikk på Hide Biological Groups (Skjul biologiske grupper) for å fjerne fargen i brønnene. Du kan også klikke på en brønn i platen for å skjule biologiske grupper.

Tilordne tekniske replikatnumre til brønner

Viktig: For å tilordne tekniske replikatnumre må innholdet i de valgte brønnene være identisk. Det vil si at de valgte brønnene må ha samme prøvetype og fluorofor. Hvis relevant, må de også tilordnes samme mål- og prøvenavn og samme biologiske gruppe. Hvis de ikke er identiske, aktiverer ikke CFX Maestro Dx SE dette alternativet.

Slik tilordner du tekniske replikatnumre til en brønngruppe

1. Kontroller i Plate Editor (Plateredigering) at innholdet i brønngruppen er identisk.
2. Velg målgruppen med brønner i plateruten.
3. For å tilordne samme replikatnummer til alle valgte brønner går du til Replicate # (Replikatrnr.) i høyre rute, skriver inn replikatnummeret i boksen og velger Load (Last inn).

4. (Valgfritt) Gjør følgende for å bruke en replikatserie på et sett valgte brønner:
 - a. Klikk på Technical Replicates (Tekniske replikater). Delen Replicate # (Replikatrnr.) endres for å vise følgende alternativer:

- **Replicate size** (Replikatstørrelse) – et nummer som representerer antallet brønner i hver replikatgruppe

- **Starting replicate #** (Startreplikatnr.) – det første nummeret i replikatserien for den valgte replikatgruppen

Merknad: Som standard viser CFX Maestro Dx SE startreplikatnummeret som ett nummer høyere enn det siste tekniske replikatnummeret tilordnet i platen. For eksempel, hvis det siste tekniske replikatnummeret i platen er fem, er det neste startnummeret seks. Du kan endre startnummeret til ethvert nummer som ikke allerede er tilordnet.

- Innlastingsretning (horisontal eller vertikal)

- b. Klikk på Apply (Bruk) for å bruke parametrene på serien og returnere til visningen Replicate # (Replikatnr.).
5. Klikk på OK for å godta endringene og lagre platen.

Merknad: Hvis du endret platen ved en feil, klikker du på Undo (Angre) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering) før du klikker på OK for å godta endringene.

Slik fjerner du en brønn fra en replikatserie

- ▶ Velg brønnen eller brønngruppen som skal fjernes, og fjern merket i avmerkingsboksen Replicate # Load (Last inn replikatnr.).

Alternativt kan du klikke på Clear Replicate # (Fjern replikatnr.) for å fjerne replikatnummeret fra en valgt brønn eller brønngruppe.

Slik viser du alle tekniske replikater på platen

- ▶ Klikk på Show Technical Replicates (Vis tekniske replikater) for å vise alle tekniske replikater på platen

Hver gruppe identifiseres av en bestemt farge, og knappen Show Technical Replicates (Vis tekniske replikater) endres til Hide Technical Replicates (Skjul tekniske replikater).

Klikk på Hide Technical Replicates (Skjul tekniske replikater) for å fjerne fargen i brønnene. Du kan også klikke på enhver brønn i platen for å skjule tekniske replikater.

Tilordne en fortyningsserie til standard prøvetyper

Som tidligere nevnt må alle brønner med prøvetypen Standard være tilordnet en konsentrasjonsverdi. Du kan tilordne en fortyningsserie til flere brønner med prøvetypen Standard.

Merknad: For å tilordne en fortyningsserie til en gruppe med brønner må brønnene være inkludert i en teknisk replikatserie. Se [Tilordne tekniske replikatnumre til brønner på side 143](#) for informasjon om hvordan du legger til brønner i en replikatserie.

Slik tilordner du en fortyningsserie til en gruppe standard prøvebrønner

1. I Plate Editor (Plateredigering) kontrollerer du at følgende krav er oppfylt:

- Prøvetypen for brønngruppen er Standard.
- Alle brønner i gruppen er tilordnet minst én fluorofor, og alle inneholder de samme fluoroforene.
- Alle brønner i gruppen er inkludert i samme teknisk replikatserie.

Merknad: CFX Maestro Dx SE aktiverer alternativet Dilution Series (Fortynningsserie) kun når alle valgte brønner oppfyller disse kriteriene.

2. Velg målgruppen med brønner i plateruten.

3. I delen Concentration (Konsentrasjon) i høyre rute klikker du på Dilution Series (Fortynningsserie). Delen Concentration (Konsentrasjon) endres og viser følgende alternativer:

The screenshot shows a dialog box with the following fields and options:

- Starting Concentration: 1.00E+06
- Replicates from: 9
- to: 16
- Dilution Factor: 10.000
- Radio buttons: Increasing, Decreasing
- Dropdown menu: <All>
- Buttons: Cancel, Apply

- **Starting concentration** (Startkonsentrasjon) – konsentrasjonsverdien som serien starter fra
- **Replicates from and to** (Replikater fra og til) – replikatene i serien som fortynningsfaktoren vil bli brukt på
- **Dilution factor** (Fortynningsfaktor) – mengden som konsentrasjonen skal endres med innenfor hver replikatgruppe

4. Angi verdiene for alternativene eller godta standardverdiene.

5. Fortynningsserien reduseres med fortynningsfaktoren som standard. Velg Increasing (Stigende) for å øke fortyningsserien.

6. (Valgfritt) Fortynningsfaktoren brukes på alle fluoroforer i replikatserien som standard. Hvis serien inneholder mer enn én fluorofor og du vil bruke fortyningen på en enkelt fluorofor, velger du den fra rullegardinmenyen.

7. Klikk på Apply (Bruk) for å bruke fortyningsserien på brønngruppen og gå tilbake til visningen Concentration (Konsentrasjon).

8. Klikk på OK for å godta endringene og lagre platen.

Kopiere brønninnhold til en annen brønn

Du kan kopiere innholdet i en brønn og lime det inn i én eller flere brønner. Du kan imidlertid kun kopiere innholdet fra én enkelt brønn. Du kan ikke velge flere brønner og kopiere innholdet i disse.

Slik kopierer du innholdet i en brønn til en annen brønn

1. I plateruten velger du brønnen som skal kopieres.
2. Høyreklikk på brønnen og velg Copy Well (Kopier brønn).
3. Velg brønnen eller brønnene som innholdet skal limes inn i:
 - Hvis du vil velge en enkelt brønn, klikker du på brønnen.
 - Hvis du vil velge flere tilstøtende brønner, klikker du på en brønn og drar markøren til ønsket brønn.
 - Hvis du vil velge flere ikke-tilstøtende brønner, holder du Ctrl-tasten nede og klikker på hver brønn.
4. Når målbrønnene er valgt, høyreklikker du og velger Paste Well (Lim inn brønn).

CFX Maestro Dx SE limer inn innholdet fra den første brønnen i de valgte brønnene.

Legge til en merknad for en brønn

Du kan legge til en beskrivende merknad for en brønn. Du kan vise brønnmerknadene i fanen Quantification (Kvantifisering) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Slik legger du til en merknad for en brønn

1. I plateruten velger du brønnen eller brønnene du vil legge til en merknad for.
2. I delen View (Visning) i nederste rute velger du Well Note (Brønnmerknad).

Området Well Note (Brønnmerknad) vises i høyre rute.



3. Skriv inn merkningen i tekstboksen og trykk på Enter.

Teksten vises nederst i de valgte brønnene.

Tips: Hvis du allerede har opprettet en brønnmerknad, kan du velge den fra rullegardinmenyen og bruke den på de valgte brønnene.

Tømme brønner for alt innhold

Du kan tømme en enkelt brønn, en brønngruppe eller hele platen for alt innhold. Tømming av brønner vil ikke fjerne fluorescensdata som er samlet inn under plateavlesningen.

Viktig: Når du tømmer en brønn, fjernes alt innholdet i brønnen permanent. Hvis du klikker på OK og lagrer platen etter at du har tømt en brønn, kan du ikke angre handlingen. Utvis forsiktighet når du tømmer brønner.

Slik tømmer du brønner for alle innstillinger

1. I Plate Editor (Plateredigering) velger du en brønn eller brønngruppe i plateruten:
 - Hvis du vil velge en enkelt brønn, klikker du på brønnen.
 - Hvis du vil velge flere tilstøtende brønner, klikker du på en brønn og drar markøren til ønsket brønn.
 - Hvis du vil velge flere ikke-tilstøtende brønner, holder du Ctrl-tasten nede og klikker på hver brønn.
 - Hvis du vil velge en hel kolonne med samme prøvetype, klikker du på kolonnennummeret.
 - Hvis du vil velge en hel rad, klikker du på radnummeret.
2. Klikk på Clear Wells (Tøm brønner) i høyre rute.
CFX Maestro Dx SE tømmer de valgte brønnene for alle innstillinger.
3. Gjør ett av følgende:
 - Hvis du tømte brønnene ved en feil, klikker du på Undo (Angre) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering) før du klikker på OK for å godta endringene.
Viktig: Hvis du klikker på OK før du klikker på Undo (Angre), lagres endringene, og alternativet Undo (Angre) deaktiveres på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering).
 - Klikk på OK for å godta endringene og lagre platen.

Endre eksperimentinnstillinger

Bruk dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) til å vise eller endre listen med mål, prøver eller biologiske grupper, eller til å angi genuttryksanalyse-prøvegruppen som skal analyseres hvis du har tilordnet biologiske grupper til brønner i platen.

I dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) viser fanen Targets (Mål) en liste med målnavn for hver PCR-reaksjon, for eksempel målgenet eller gensekvenser av interesse.

Fanen Samples and Biological Groups (Prøver og biologiske grupper) viser en liste med navn på prøver og biologiske grupper som angir kilden til målet, for eksempel en prøve tatt etter 1 time (1Hr) eller fra et bestemt individ (mouse1).

Slik endrer du plateinnstillinger ved hjelp av dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger)

1. Velg én av følgende fremgangsmåter for å åpne dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger):
 - Klikk på Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) i høyre rute i Plate Editor (Plateredigering).
 - Klikk på Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) i fanen Gene Expression (Genuttrykk) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) åpnes i fanen Targets (Mål).

	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:

Show Analysis Settings

Exclude the following sample types from Gene Expression analysis:

NTC NRT Negative Control Positive Control Standard

2. Hvis du vil legge til et nytt navn på et mål, en prøve eller en biologisk gruppe, går du til den relevante fanen, skriver inn et navn i tekstboksen New (Ny) og klikker på Add (Legg til).

3. Hvis du vil fjerne et eller flere navn på et mål, en prøve eller en biologiske gruppe fra listen, går du til den relevante fanen, velger elementets avmerkingsboks i kolonnen Select to Remove (Velg for å fjerne) og klikker på Remove checked item(s) (Fjern avmerkede elementer).

4. CFX Maestro Dx SE ekskluderer prøvetypen NTC (ikke-templatkontroll) fra genuttrykksanalysen.

Hvis du vil inkludere NTC-prøvetyper, fjerner du merket i avmerkingsboksen i delen Exclude the following sample types (Ekskludere følgende prøvetyper). Du kan velge å ekskludere følgende prøvetyper ved å merke av i den relevante avmerkingsboksen:

- NRT (uten revers transkriptase)
- Negative Control (negativ kontroll)
- Positive Control (positiv kontroll)
- Standard

5. I fanen Targets (Mål):

- a. Hvis du vil velge et mål som referanse for genuttrykksdataanalyse, velger du det i kolonnen Reference (Referanse).
- b. Hvis du vil skjule analyseinnstillinger som vil bli brukt i fanen Gene Expression (Genuttrykk) i vinduet Analysis Settings (Analyseinnstillinger), fjerner du merket i avmerkingsboksen Show Analysis Settings (Vis analyseinnstillinger).

Programvaren skjuler følgende kolonner:

- Color (Farge)
 - Show Chart (Vis diagram)
 - Auto Efficiency (Automatisk effektivitet)
 - Efficiency (%) (Effektivitet (%))
- c. Hvis du vil endre fargen på målet som vises i diagrammet Gene Expression (Genuttrykk), klikker du på tilhørende celle i kolonnen Color (Farge), velger en ny farge i dialogboksen Color (Farge) og klikker på OK.
 - d. Hvis du vil vise målet i den valgte fargen i diagrammet Gene Expression (Genuttrykk), velger du tilhørende avmerkingsboks i kolonnen Show Chart (Vis diagram).
 - e. Som standard beregner CFX Maestro Dx SE automatisk den relative effektiviteten for et mål hvis dataene inkluderer en standardkurve.

Hvis du vil bruke en tidligere bestemt effektivitetsverdi, skriver du inn verdien i tilhørende celle i kolonnen Efficiency (%) (Effektivitet (%)) og trykker på Enter-tasten. CFX Maestro Dx SE sletter

avmerkingsboksen Auto Efficiency (Automatisk effektivitet)

6. I fanen Samples (Prøver) og Biological Groups (Biologiske grupper):
 - a. Hvis du vil velge en prøve eller biologisk gruppe som kontrollprøve for genuttrykksdataanalyse, merker du av i avmerkingsboksen i kolonnen Control (Kontroll).
 - b. Hvis du vil tilordne kontrolltilstanden til en prøve eller biologisk gruppe for en kjøring, klikker du på avmerkingsboksen i kolonnen Control (Kontroll).
 - c. Hvis det ikke allerede er valgt, klikker du på Show Analysis Settings (Vis analyseinnstillinger) for å vise eller endre analyseparametere som vil bli brukt i fanen Gene Expression (Genuttrykk). Programvaren skjuler kolonnene Color (Farge) og Show Chart (Vis diagram).
7. Klikk på OK for å lagre parametrene i dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) og gå tilbake til vinduet Plate Editor (Plateredigering).

Opprette brønngrupper

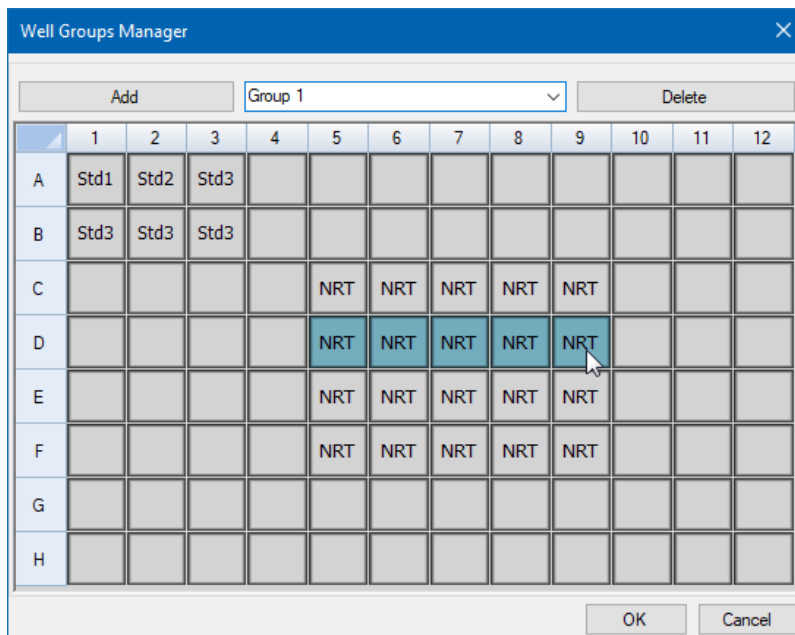
Brønngrupper deler inn en enkelt plate i delsett med brønner som kan analyseres uavhengig av hverandre i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Når brønngrupper er satt opp, velger du én i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) for å analysere dataene som en uavhengig gruppe. Du kan for eksempel sette opp brønngrupper for å analysere flere eksperimenter kjørt på én plate, eller for å analysere hver brønngruppe med forskjellig standardkurve.

Merknad: Standard brønngruppe er All Wells (Alle brønner).

Slik oppretter du brønngrupper

1. Velg én av følgende fremgangsmåter for å åpne Well Groups Manager (Administrering av brønngrupper):
 - Klikk på Well Groups (Brønngrupper) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering).
 - Klikk på Manage Well Groups (Administrer brønngrupper) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Dialogboksen Well Groups Manager (Administrering av brønngrupper) vises.



2. Klikk på Add (Legg til) for å opprette en ny gruppe. Rullegardinmenyen viser gruppenavnet som Group 1 (Gruppe 1) for den første gruppen.

3. Velg brønnene til brønngruppen i platevisningen ved å klikke og dra over gruppen med brønner. Valgte brønner vises i blått i Manager (Administrering).
4. (Valgfritt) Hvis du vil endre navnet på gruppen, velger du navnet i rullegardinmenyen og skriver inn et nytt navn.
5. (Valgfritt) Hvis du vil slette en brønngruppe, velger du navnet i rullegardinmenyen og klikker på Delete (Slett).
6. Klikk på OK for å avslutte og lukke vinduet, eller klikk på Cancel (Avbryt) for å lukke vinduet uten å gjøre endringer.

Elementer i høyreklikkmenyen for dialogboksen Well Groups Manager (Administrering av brønngrupper)

Tabell 10 viser menyelementene som er tilgjengelige i Well Groups Manager (Administrering av brønngrupper) når du høyreklikker på en brønn.

Tabell 10. Høyreklikk på menyelementene i dialogboksen Plate Editor Well Groups Manager (Plateredigering brønngruppebehandling)

Element	Funksjon
Copy (Kopier)	Kopierer innholdet i brønnen, som deretter kan limes inn i en annen brønn eller flere andre brønner.
Copy as Image (Kopier som bilde)	Kopierer brønnvelgervisningen som et bilde.
Print (Skriv ut)	Skriver ut brønnvelgervisningen.
Print Selection (Skriv ut utvalg)	Skriver ut kun de valgte cellene.
Export to Excel (Eksporter til Excel)	Eksporterer dataene til et Excel-regneark.
Export to CSV (Eksporter til CSV)	Eksporterer dataene som et kommaseparert dokument.
Export to Xml (Eksporter til Xml)	Eksporterer dataene som et .xml-dokument.
Export to Html (Eksporter til Html)	Eksporterer dataene som et .html-dokument.

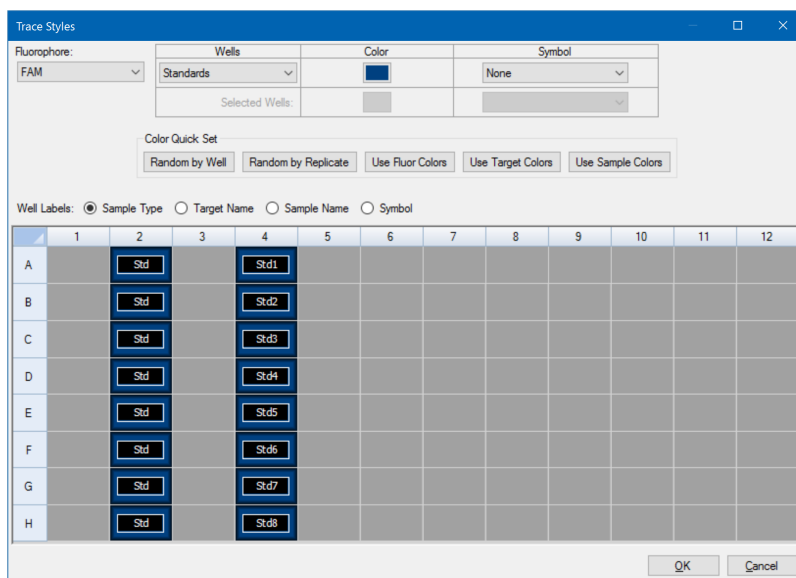
Endre kurvestiler

Under plateoppsett og mens en kjøring pågår, kan du endre fargen og stilen på amplifiseringskurvene. Du kan deretter enkelt vise kurvene i vinduet for sannhetsstatus etter hvert som dataene samles inn.

Slik endrer du kurvestiler

1. Klikk på Trace Styles (Kurvestiler) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering).

Dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler) vises for den åpne platen, for eksempel:



2. Hvis du vil vise kurvestilene etter en bestemt fluorofor, velger du den fra rullegardinmenyen Fluorophores (Fluoroforer).
3. Slik endrer du kurvevisningen:
 - a. Velg kurvetypen fra rullegardinmenyen Wells (Brønner).
 - b. Klikk på fargen i kolonnen Color (Farge).
 - c. I dialogboksen Color (Farge) som vises, velger du en annen farge for kurven og klikker på OK. CFX Maestro Dx SE viser fargeendring for brønntypen i rutenettet.
 - d. (Valgfritt) Velg et symbol for kurven fra rullegardinmenyen Symbols (Symboler).
4. Hvis du vil endre fargesettet raskt, klikker du på det relevante valget i delen Color Quick Set (Hurtigfargesett).
5. Hvis du vil vise brønnetiketter i rutenettet, velger du etikettypen i delen Well Labels (Brønnetiketter).

6. Klikk på OK for å lagre endringer, eller på Cancel (Avbryt) for å avbryte endringer.

Vise, eksportere og importere platen i regnearkformat

Verktøyet Spreadsheet View/Importer (Regnearkvisning/-import) viser innholdet i en plate i regnearkformat. Visningen gir muligheten til å vise, importere og eksportere brønndata som beskrevet nedenfor.

Bruke regnearkvisningen til å eksportere og importere platedata

Fra regnearkvisningen kan du eksportere målnavn, prøvenavn, biologisk gruppenavn og brønnnotater som en mal i et tabulordelt format til et program som Microsoft Excel. Du kan også importere disse dataene fra et tabulordelt program til en forhåndsdefinert plate fra en eksperimentinformasjonsfil.

Slik bruker du verktøyet Spreadsheet View/Importer (Regnearkvisning/-import)

1. Opprett og lagre en platefil (se [Opprette en platefil ved hjelp av Plate Editor \(Plateredigering\)](#)).
2. På verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering) klikker du på fanen Spreadsheet View/Importer (Regnearkvisning/-import) for å åpne dialogboksen Plate Spreadsheet View (Visning av plateregneark).

Row	Column	Sample Type	Replicate #	*Target Name	*Sample Name	Starting Quantity	Units
D	10	Std	10	Tubulin	dil-10	1.000E+005	copy number
D	11	Std	11	Tubulin	dil-11	1.000E+006	copy number
D	12	Std	12	Tubulin	dil-12	1.000E+007	copy number
E	1	Std	1	Actin	dil-1	1.000E+002	copy number
E	2	Std	2	Actin	dil-2	1.000E+003	copy number
E	3	Std	3	Actin	dil-3	1.000E+004	copy number
E	4	Std	4	Actin	dil-4	1.000E+005	copy number
E	5	Std	5	Actin	dil-5	1.000E+006	copy number
E	6	Std	6	Actin	dil-6	1.000E+007	copy number
E	7	Std	7	Tubulin	dil-7	1.000E+002	copy number
E	8	Std	8	Tubulin	dil-8	1.000E+003	copy number
E	9	Std	9	Tubulin	dil-9	1.000E+004	copy number
E	10	Std	10	Tubulin	dil-10	1.000E+005	copy number
E	11	Std	11	Tubulin	dil-11	1.000E+006	copy number
E	12	Std	12	Tubulin	dil-12	1.000E+007	copy number

3. (Valgfritt) Klikk på boksene Show Biological Set Name og Show Well Note (Vis biologisk settnavn og Vis brønnnotat) for å vise disse kolonnene i regnearkvisningen og i den eksporterte filen.
4. Klikk på Export Template (Eksporter mal) for å opprette en tom mal i en Excel-fil (.csv-format). Den eksporterte filen vil vise samme layout som platen din.

Tips: Bruk platefilnavnet når du lagrer platefilene dine for å enkelt identifisere filen.

5. Fyll ut cellene i Excel-filen med brønninnholdet.

Merknad: Du kan bare redigere innholdet i en celle i en kolonne som har en stjerne (*) ved siden av kolonnenavnet (*Target Name, *Sample Name, *Biological Group Name, *Well Note (*Målnavn, *Prøvenavn, *Biologisk gruppenavn, *Brønnmerknad).

Merknad: Du kan ikke legge til verdier i kolonnene Standard Curve og Quantity (Standardkurve og Kvantitet) i den eksporterte Excel-filen. For å endre disse dataene, gå tilbake til Plate Editor og velg Settings > Units (Innstillinger > Enheter) i menylinjen. Når platekjøringen er fullført, vises dataene fra disse standardene i diagrammet Standard Curve (Standardkurve) i fanen Quantification (Kvantifisering) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) med enhetene du har valgt.

6. Importer den utfylte Excel-filen tilbake til Plate Editor ved å klikke på Import-knappen. De importerte platedataene vises i Plate Spreadsheet View-vinduet (Platearkvisning).

Viktig: Hvis du har flere fluoroforer, må du utføre trinn 3–5 for hver fluorofor ved å bruke rullegardinmenyen Flours List i platearkvisningen.

7. Klikk på OK-knappen. De nye platedataene vises nå i Plate Editor-vinduet.

Tips: Du kan se menyelementer som er tilgjengelige i regnearkvisningen/importeringsverktøyet når du høyreklikker på en brønn i verktøyet eller på en av tabelloverskriftene i platearkvisningen.

Opprette et plateoppsett ved hjelp av Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for plater

Du kan bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) til å angi plateoppsettinformasjonen som er påkrevd for analyse av normalisert gnuttrykk, inkludert:

- Målnavn
- Prøvenavn
- Plassering av mål og prøve på platen
- Referansegen(er)
- Kontrollprøve

Du kan bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) før, under eller etter en kjøring.

Bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for plater

Dette avsnittet forklarer hvordan du oppretter et plateoppsett ved bruk av Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for plater. For enklere visning av innholdet i hver brønn i platen kan du klikke på Zoom Plate (Zoom inn plate) øverst i Setup Wizard (Oppsettsveiviser).

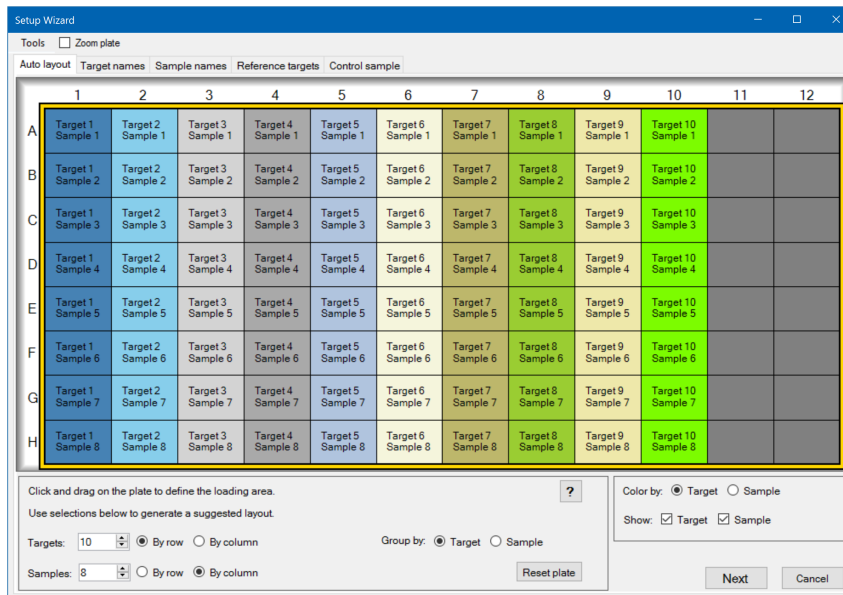
Viktig: Plateoppsettet tilbakestilles hvis du går tilbake til fanen Auto layout (Auto-oppsett) mens du befinner deg i en annen fane i Setup Wizard (Oppsettsveiviser). Utvis forsiktighet når du velger denne fanen.

Tips: Du kan tilbakestille oppsettet ved å velge Tools > Clear Plate (Verktøy > Tøm plate) i Setup Wizard (Oppsettsveiviser).

Slik bruker du Setup Wizard (Oppsettsveiviser) for plater

1. Åpne Plate Editor (Plateredigering).
2. Gjør ett av følgende for å åpne oppsettsveiviseren:
 - Velg Editing Tools > Setup Wizard (Verktøy > Oppsettsveiviser).
 - Klikk på Setup Wizard (Oppsettsveiviser) på verktøylinjen i Plate Editor (Plateredigering).Setup Wizard (Oppsettsveiviser) åpnes og viser fanen Auto layout (Auto-oppsett).

Kapittel 8 Klargjøre plater



3. I fanen Auto layout (Auto-oppsett) gjør du følgende:

- Klikk på en brønn i rutenettet og dra den på tvers og ned for å angi det området på platen du skal fylle i en prøve.
- Angi antall mål og prøver som skal fylles i.
Tips: Antall mål og prøver må tilsvare antall valgte celler. Hvis det angitte antallet ikke passer i det valgte området, må du endre antallet eller utvalgsområdet på platen. Du kan angi retningen på elementene på platen og på elementenes gruppering.
- (Valgfritt) Endre plateretningen. Du kan for eksempel angi mål i kolonner og prøver i rader, eller gruppere etter prøver.
- Klikk på Next (Neste) for å fortsette til fanen Target names (Målnavn).

Merknad: Hvis plateoppsettet ikke har et jevnt mønster, bruker du fanen Target names (Målnavn) til manuelt å plassere målene eller fanen Sample names (Prøvenavn) til manuelt å plassere prøvene, på platen. Klikk og dra for å velge flere brønner.

4. Angi målnavn for målgruppene i fanen Target names (Målnavn):

- Gjør ett av følgende:
 - Angi Select by (Velg etter) til Target (Mål) for å gi målene nytt navn etter gruppe.
 - Angi Select by (Velg etter) til Well (Brønn) for å gi målene nytt navn etter brønn.

- b. Velg en målgruppe eller brønn i rutenettet, og skriv inn et navn i rullegardinmenyen Target name (Målnavn).

Tips: Trykk på tabulatortasten for å velge neste gruppe eller brønn mot høyre, eller trykk på Enter for å velge neste gruppe eller brønn under. I fanene Target name (Målnavn) og Sample name (Målnavn) kan du også velge flere ikke-tilstøtende brønner ved å holde inne Ctrl-tasten på tastaturet og klikke på de brønnene du ønsker.

- c. Klikk på Next (Neste) for å fortsette til fanen Sample names (Prøvenavn).
5. Angi prøvenavn for prøvegruppene i fanen Sample names (Prøvenavn).
6. Klikk på Next (Neste) for å fortsette til fanen Reference targets (Referansemål).
7. I fanen Reference targets (Referansemål) velger du ett eller flere mål som skal brukes som referanser for normalisert genuttrykk. Klikk på Next (Neste) for å gå videre til fanen Control Sample (Kontrollprøve).
8. I fanen Control sample (Kontrollprøve) velger du én prøve som skal brukes som en kontroll for beregninger av relativt genuttrykk.
9. Klikk på OK for å lagre plateoppsettet og gå tilbake til Plate Editor (Plateredigering), der du kan angi flere plateparametere. Se [Tilordne valgfrie parametere til platefilen på side 137](#) for mer informasjon.

Du kan også klikke på Previous (Forrige) for å gå tilbake til en tidligere fane for å gjøre ønskede endringer.

Merknad: Platen tilbakestilles hvis du går tilbake til fanen Auto layout (Auto-oppsett). Utvis forsiktighet når du klikker på Previous (Forrige).

Kapittel 9 Kjøre eksperimenter

Dette kapitlet forklarer hvordan du kjører egendefinerte (brukerdefinerte) eller PrimePCR analyseforsøk ved hjelp av CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition.

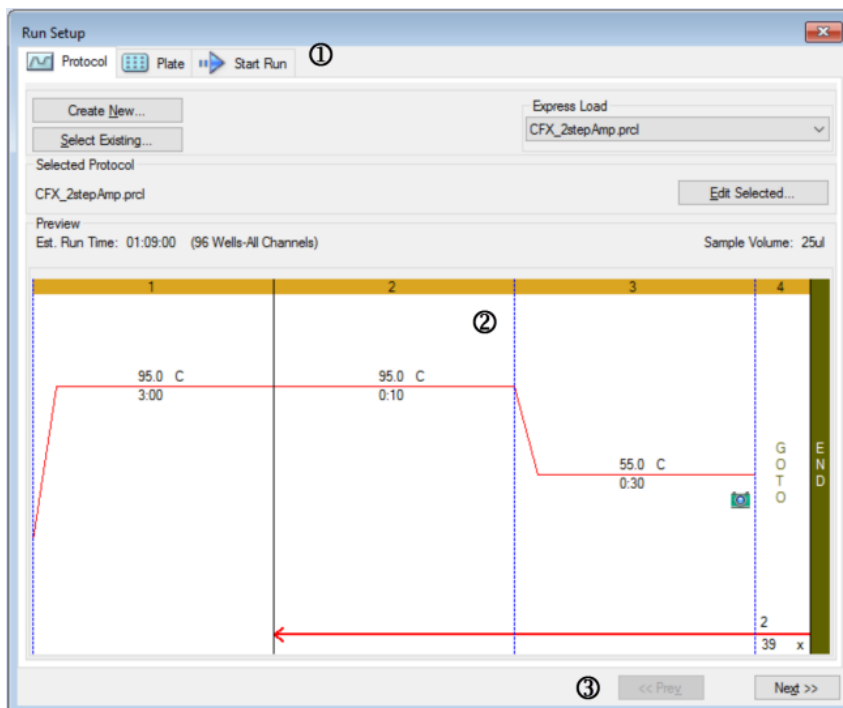
En kjøredatofil inneholder protokollen og plateinformasjonen for kjøringen. Filen inneholder også dataene fra analysene som CFX Maestro Dx SE utfører når kjøringen er fullført.

CFX Maestro Dx SE gjør det lett å sette opp og kjøre brukerdefinerte eller PrimePCR-eksperimenter. Vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) veileder deg gjennom de vanlige trinnene for å sette opp et eksperiment, hvilket tar deg til dialogboksen Start Run (Start kjøring), der du starter kjøringen.

Vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett)

Vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) gir rask tilgang til filene og innstillingene som kreves for å sette opp og kjøre et eksperiment. Når du velger å kjøre et brukerdefinert eksperiment, åpnes vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) og viser fanen Protocol (Protokoll). Når du velger å kjøre et PrimePCR-eksperiment, åpnes vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) og viser fanen Start Run (Start kjøring).

Tips: Se [Utføre PrimePCR-eksperimenter på side 179](#) for informasjon om PrimePCR; se [Fanen Start Run \(Start kjøring\) på side 169](#) for informasjon om fanen Start Run (Start kjøring).



FORKLARING

1. Faner som gir deg veiledning under oppsett og kjøring av eksperimenter:
 - Fanen Protocol (Protokoll) – velg en eksisterende protokoll du vil kjøre eller redigere, eller opprett en ny protokoll i Protocol Editor (Protokollredigering).
 - Fanen Plate – velg en eksisterende plate du vil kjøre eller redigere, eller opprett en ny plate i Plate Editor (Plateredigering).
 - Fanen Start Run (Start kjøring) – vis eksperimentinnstillinger, velg én eller flere instrumentblokker og start kjøringen.

2. Hovedvinduet viser alternativene for hver fane etter hvert som du bruker dem.

3. Navigeringsknapper fører deg til fanen Start Run (Start kjøring).

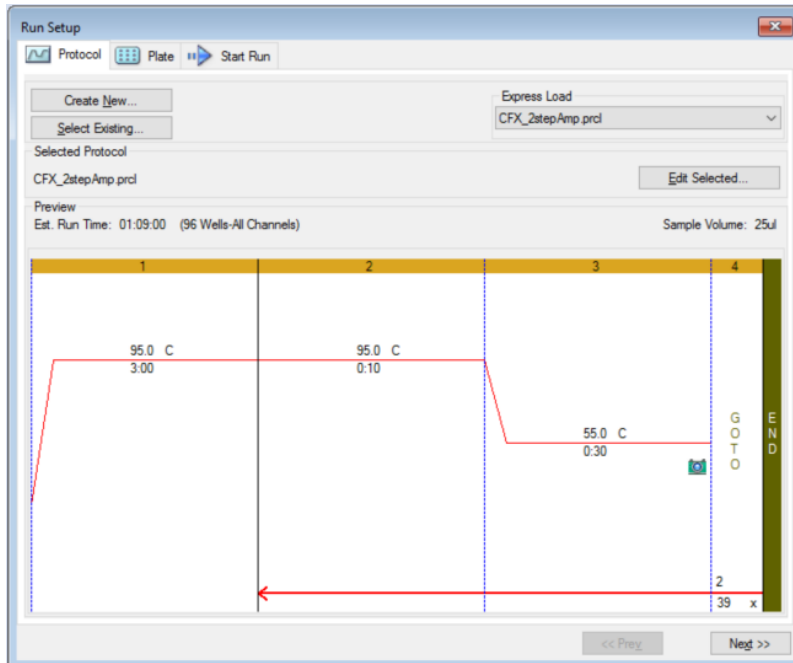
Åpne vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett)

Slik åpner du kjøringssoppsettvinduet

- ▶ Gjør ett av følgende:
 - I fanen Run setup (Kjøringsoppsett) i Startup Wizard (Oppstartsveiviser) klikker du på enten User-defined (Brukerdefinert) eller PrimePCR .
 - På verktøylinjen i startvinduet klikker du på enten User-defined Run Setup (Brukerdefinert kjøringssoppsett) eller PrimePCR Run Setup (PrimePCR-kjøringsoppsett).
 - I startvinduet klikker du på Run > User-defined Run (Kjør > Brukerdefinert kjøring) eller Run > PrimePCR Run (Kjør > PrimePCR-kjøring).

Fanen Protocol (Protokoll)

Fanen Protocol (Protokoll) viser en forhåndsvisning av protokollfilen du ønsker å kjøre. En protokollfil inneholder instruksjoner for trinnene for instrumenttemperatur samt instrumentalternativer som kontrollerer rampehastigheten, prøvevolumet og lokktemperaturen.



Som standard viser programvaren protokollen som er definert i File Selection (Filutvalg) for delen Run Setup (Kjøringsoppsett) i fanen Files (Filer) i dialogboksen User > User Preferences (Bruker > Brukerpreferanser). Du kan endre standardprotokollen i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Se [Endre standard filinnstillinger på side 83](#) for mer informasjon.

I fanen Protocol (Protokoll) kan du

- opprette en ny protokoll som skal kjøres
- velge en eksisterende protokoll som skal kjøres eller redigeres

Se [Kapittel 7, Opprette protokoller](#) for mer informasjon om hvordan du oppretter og modifierer protokoller.

Slik oppretter du en ny protokoll

1. Klikk på Create New (Opprett ny) i fanen Protocol (Protokoll).
Protocol Editor (Protokollredigering) åpnes.

2. Bruk Protocol Editor (Protokollredigering) til å opprette en ny protokoll.
3. Klikk på OK for å lagre protokollen og gå tilbake til fanen Protocol (Protokoll) i Run Setup (Kjøringsoppsett).
4. Vis protokollinformasjonen, og velg én av følgende fremgangsmåter:
 - Hvis informasjonen er riktig, velger du Next (Neste) for å fortsette til fanen Plate.
 - Hvis informasjonen er feil, velger du Edit Selected (Rediger valgt) for å gå tilbake til vinduet Protocol Editor (Protokollredigering). Gjør redigeringer i protokollen, lagre endringene og klikk deretter på Next (Neste) i fanen Protocol (Protokoll) for å fortsette til fanen Plate.

Slik velger du en eksisterende protokoll

1. I fanen Protocol (Protokoll) velger du én av følgende fremgangsmåter:
 - Klikk på Select Existing (Velg eksisterende), og naviger til en eksisterende protokoll.
 - Klikk på Express Load (Hurtigfylling), og velg en protokoll fra rullegardinmenyen over protokoller.

Tips: Du kan legge til eller fjerne protokoller fra rullegardinmenyen Express Load (Hurtigfylling). Se [Legge til og fjerne protokoller for hurtiginnlastering](#) for mer informasjon.
2. Vis protokollinformasjonen, og velg én av følgende fremgangsmåter:
 - Hvis informasjonen er riktig, velger du Next (Neste) for å fortsette til fanen Plate.
 - Hvis informasjonen er feil, velger du Edit Selected (Rediger valgt) for å åpne Protocol Editor (Protokollredigering). Gjør redigeringer i protokollen, lagre endringene og klikk deretter på Next (Neste) i fanen Protocol (Protokoll) for å fortsette til fanen Plate.

Legge til og fjerne protokoller for hurtiginnlastering

Du kan endre innholdet i rullegardinmenyen Express Load (Hurtiginnlastering) som vises i Protocol Editor (Protokollredigering). Protokollene i denne menyen er lagret i følgende mappe:

c:\Users\Public\Public Documents\Bio-Rad\CFX_MDx\Users\

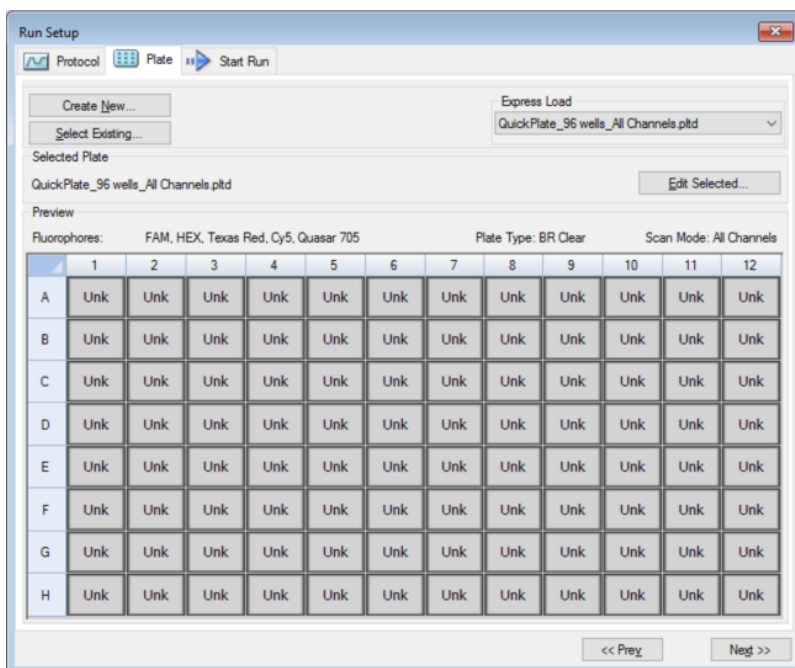
Slik endrer du menyen Express Load (Hurtiginnlastering) for protokoller

1. Naviger til mappen ExpressLoad (Hurtiginnlastering), og åpne den.
2. Gå gjennom protokollfilene (.pctl) i mappen.
3. Gjør ett av følgende:
 - Slett protokoller fra mappen for å fjerne dem fra rullegardinmenyen.
 - Kopier protokoller til mappen for å legge dem til i rullegardinmenyen.

Fanen Plate

Merknad: Hvis den valgte protokollen i fanen Protocol (Protokoll) ikke inkluderer et plateavlesningstrinn for sanntids PCR-analyse, vil fanen Plate være skjult. For å vise fanen Plate må du legge til minst én plateavlesning i protokollen.

Fanen Plate viser en forhåndsvisning av platefilen du har tenkt å laste inn. I en sanntids PCR-kjøring inneholder platefilen en beskrivelse av innholdet i hver brønn inkludert fluoroforer, skannemodus og platetype. CFX Maestro Dx SE bruker disse beskrivelsene for datainnsamling og analyse.



Som standard viser programvaren platen definert i delen File Selection for Run Setup (Filvalg for kjøringssoppsett) i fanen Files (Filer) i dialogboksen User > User Preferences (Bruker > Brukerpreferanser). Du kan endre standardplaten i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser). Se [Endre standard filinnstillinger på side 83](#) for mer informasjon.

I fanen Plate kan du

- Opprette en ny plate som skal lastes inn
- Velge en eksisterende plate som skal lastes inn eller redigeres

Hvis du vil ha mer informasjon om hvordan du oppretter og endrer plater, se [Kapittel 8, Klargjøre plater](#).

Slik oppretter du en ny plate

1. Klikk på Create New (Opprett ny) i fanen Plate.
Plate Editor (Plateredigering) vises.
2. Bruk Plate Editor (Plateredigering) til å opprette en ny plate.
3. Klikk på OK for å lagre platen og gå tilbake til fanen Plate i Run Setup (Kjøringsoppsett).
4. Vis detaljene om platen og velg én av følgende fremgangsmåter:
 - Hvis detaljene er riktige, klikker du på Next (Neste) for å gå videre til fanen Start Run (Start kjøring).
 - Hvis detaljene ikke er riktige, klikker du på Edit Selected (Rediger valgte) for å gå tilbake til Plate Editor (Plateredigering). Revider platefilen, lagre endringer og klikk deretter på Next (Neste) i fanen Plate for å gå videre til fanen Start Run (Start kjøring).

Slike velger du en eksisterende plate

1. Velg én av følgende fremgangsmåter i fanen Plate:
 - Klikk på Select Existing (Velg eksisterende) og naviger til en eksisterende platefil.
 - Klikk på Express Load (Hurtiginnlasting) og velg en platefil fra rullegardinmenyen.

Tips: Du kan legge til plater i eller fjerne dem fra rullegardinmenyen Express Load (Hurtiginnlasting). Se [Legge til og fjerne platefiler for hurtiginnlasting](#) for mer informasjon.
2. Vis detaljene om platen og velg én av følgende fremgangsmåter:
 - Hvis detaljene er riktige, klikker du på Next (Neste) for å gå videre til fanen Start Run (Start kjøring).
 - Hvis detaljene ikke er riktige, klikker du på Edit Selected (Rediger valgte) for å åpne Plate Editor (Plateredigering). Endre platefilen, lagre endringer og klikk deretter på Next (Neste) for å gå videre til fanen Start Run (Start kjøring).

Legge til og fjerne platefiler for hurtiginnlasting

Du kan endre innholdet i rullegardinmenyen Express Load (Hurtiginnlasting), som vises i Plate Editor (Plateredigering). Platene som vises i denne listen, er lagret i følgende mappe:

c:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_MDX\Users\\ExpressLoad\

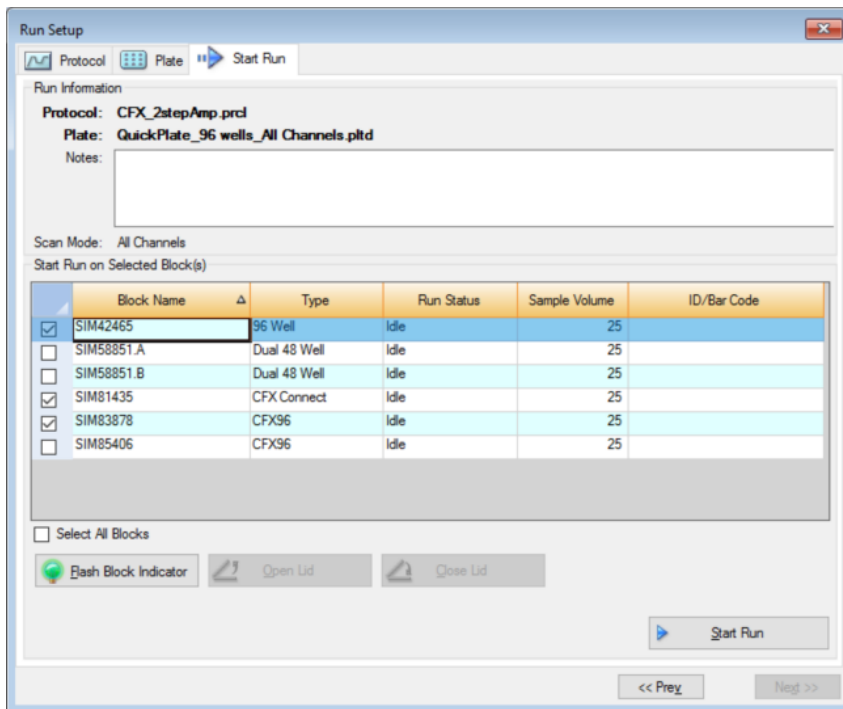
Slik modifierer du listen over platefiler i Express Load (Hurtiginnlasting)

1. Naviger til mappen ExpressLoad (Hurtiginnlasting), og åpne den.
2. Se gjennom platefilene (.pltd) i mappen.
3. Gjør ett av følgende:

- Slett platefilene fra mappen for å fjerne dem fra rullegardinmenyen.
- Kopier platefilene til mappen for å legge dem til i rullegardinmenyen.

Fanen Start Run (Start kjøring)

Fanen Start Run (Start kjøring) viser informasjon om eksperimentet som skal kjøres. Den viser også den tilkoblede instrumentblokken eller blokker du kan kjøre eksperimentet på.



I fanen Start Run (Start kjøring) kan du gjøre følgende:

- vise detaljert kjøringsinformasjon, inkludert valgt protokollfil, platefil og skannemodus
- legge til merknader om kjøringen
- vise informasjon om alle tilkoblede instrumenter, inkludert kjøringsstatus (kjører eller inaktiv), prøvevolum i µl, lokktemperatur, emuleringsmodus samt eventuell ID og strekkode.

Merknad: Du kan modifisere kolonnene som vises i Start Run (Start kjøring) i tabellen Selected Blocks (Valgte blokker). Se [Endre detaljer i tabellen for valgte blokker på side 170](#) for informasjon.

- Velg blokken eller blokkene du vil utføre kjøringen på.
- Fjern-åpne eller -lukke lokket på hvert valgte instrument.
- Start kjøringen.

Endre detaljer i tabellen for valgte blokker

Du kan endre kolonnene som vises i tabellen Start Run on Selected Block(s) (Start kjøring på valgte blokker). Du kan også endre verdiene for standard prøvevolum og lokktemperatur i tabellen. Innstillingendringene brukes på kjøringen som skal utføres.

Slik legger du til kolonner i tabellen Start Run on Selected Blocks (Start kjøring på valgte blokker)

- ▶ Høyreklikk i tabellen og velg et alternativ i menyen som vises.

Slik fjerner du kolonner i tabellen Start Run on Selected Blocks (Start kjøring på valgte blokker)

- ▶ Høyreklikk i tabellen og deaktiver alternativet i menyen som vises.

Slik redigerer du verdier for prøvevolum eller lokktemperatur for en blokk

- ▶ Velg prøvevolum- eller lokktemperaturcellen for målblokken og skriv inn en ny verdi i cellen.

Slik legger du til en kjørings-ID eller strekkode for en blokk

- ▶ Velg ID-/strekkodecellen for målblokken og skriv inn en ID eller skann blokken med en strekkodeleser.

Kjøre et eksperiment

Viktig: Før du kjører et eksperiment, må du se til at datamaskinens antivirusprogram ikke kommer til å starte en skanning under kjøringen. Se [Installere CFX Maestro Dx SE-programvaren på side 33](#) og systemadministratoren for mer informasjon.

Slik kjører du et eksperiment

1. I fanen Start Run (Start kjøring) bekrefter du plate- og protokolldetaljene i delen Run Information (Kjøringsinformasjon).
2. (Valgfritt) Legg til merknader om kjøringen eller eksperimentet i tekstboksen Notes (Merknader).
3. Merk avmerkingsboksen for én eller flere blokker som kjøringen skal utføres på.

Tips: Hvis du vil kjøre eksperimentet på alle blokker, velger du Select All Blocks (Velg alle blokker) under tabellen Selected Blocks (Valgte blokker).

4. (Valgfritt) Klikk på Flash Block Indicator (Blokkindikatorlampe) for å få indikatorlampen på de valgte instrumentblokkene til å blinke.
5. Sett eksperimentplater inn i blokken:

- a. Klikk på Open Lid (Åpne lokk). Det motoriserte lokket for hver valgte blokk åpnes.
- b. Sett en eksperimentplate inn i hver valgte blokk.
- c. Klikk på Close Lid (Lukk lokk).

Tips: På CFX Opus Dx-system, trykk på Open Lid (Åpne lokk) eller Close Lid (Lukk lokk) på startskjermen.

6. Klikk på Open Lid (Åpne lokk) og Close Lid (Lukk lokk) for å åpne og lukke det motoriserte lokket for hver valgte instrumentblokk.
7. Vis detaljene om kjøringen og gjør ett av følgende:
 - Hvis detaljene er riktige, klikker du på Start Run (Start kjøring).
 - Hvis detaljene ikke er riktige:
 - Korriger detaljene i tabellen Selected Blocks (Valgte blokker) og klikk på Start Run (Start kjøring).
 - Returner til den korrigerede fanen og foreta relevante endringer, lagre endringene, og klikk deretter på Next (Neste) for å returnere til fanen Start Run (Start kjøring) og starte kjøringen.

Slik starter du en ny kjøring fra en tidligere kjøring

- ▶ Gjør ett av følgende:
 - Velg File > Repeat a Run (Fil > Gjenta en kjøring) i programvarens hovedmenylinje, naviger til og dobbeltklikk på kjøredatafilen som du ønsker å gjenta.
 - Velg fanen Repeat Run (Gjenta kjøring) i Startup Wizard (Oppstartsveiviser) og dobbeltklikk på kjøredatafilen for kjøringen som du ønsker å gjenta.

(Valgfritt) Klikk på Browse (Bla) på fanen Repeat Run (Gjenta kjøring) og dobbeltklikk på kjøredatafilen som du ønsker å gjenta.

Dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer)

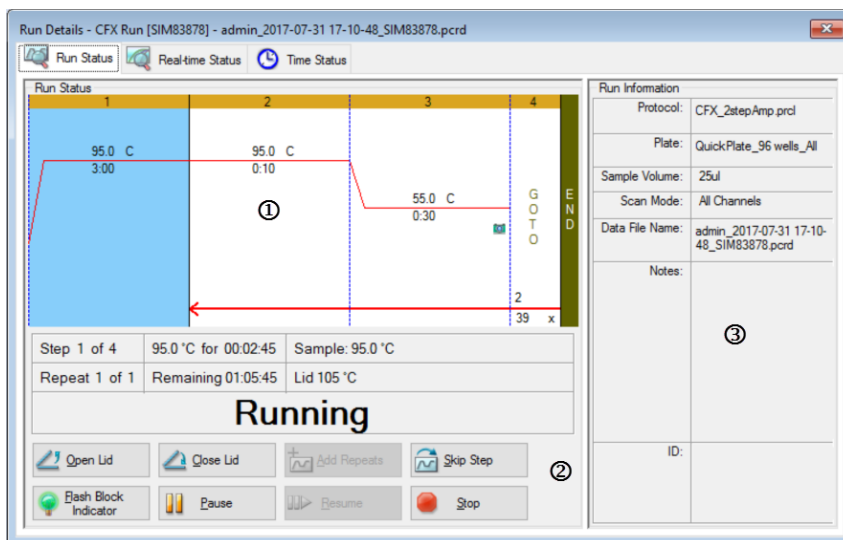
Når du klikker på Start Run (Start kjøring), ber CFX Maestro Dx SE deg om å lagre datafilen (.pcrd), starter kjøringen og åpner dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer). Dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer) består av tre statusfaner:

- **Run Status** (Kjøringsstatus) – bruk denne fanen for å vise gjeldende status for protokollen, åpne eller lukke lokket, sette en kjøring på pause, legge til gjentakelser, hoppe over trinn eller stanse kjøringen.
- **Real-time Status** (Sanntidsstatus) – bruk denne fanen for å vise PCR-fluorescensdata i sanntid etter hvert som de samles inn.
- **Time Status** (Tidsstatus) – bruk denne fanen for å vise en nedteller i fullskjerm for protokollen.

Disse fanene forklares i detalj i de neste avsnittene.

Fanen Run Status (Kjøringsstatus)

Fanen Run Status (Kjøringsstatus) viser gjeldende status for en kjøring som pågår. I denne visningen kan du også kontrollere lokket og endre kjøringen som pågår.



FORKLARING

1. Ruten Run Status (Kjøringsstatus) – viser gjeldende fremdrift for protokollen.

2. Kontroller for Run Status (Kjøringsstatus) – brukes til å betjene instrumentet eller avbryte den gjeldende protokollen.

3. Ruten Run Information (Kjøringsinformasjon) – viser kjøringsdetaljer.

Kommandoer i Run Status (Kjøringsstatus)

Kommandoene i fanen Run Status (Kjøringsstatus) brukes til enten å betjene instrumentet via programvaren eller endre en kjøring som pågår.

Merknad: Endringer i protokollen under kjøringen, for eksempel tilføyelse av repetisjoner, endrer ikke protokollfilen som er knyttet til kjøringen. Disse handlingene registreres i Run Log (Kjøringslogg).



– åpner det motoriserte lokket på valgte instrumenter.

Viktig: Hvis lokket åpnes under en kjøring, settes kjøringen på pause i det aktuelle trinnet, og dataene kan bli påvirket. [Kommandoer i Run Status \(Kjøringsstatus\) på side 173.](#)



– lukker det motoriserte lokket på valgte instrumenter.



– legger til flere repetisjoner i det aktuelle GOTO-trinnet i protokollen. Dette alternativet er kun tilgjengelig når et GOTO-trinn kjører.

Merknad: Du kan legge til flere repetisjoner mens du er i en GOTO-syklus når protokollen pågår. CFX Maestro Dx SE gjenkjenner imidlertid den siste endringen i antall repetisjoner. For eksempel, hvis du legger til 10 ekstra repetisjoner mens du er i en GOTO-syklus, vil programvaren endre det totale antallet til $n + 10$. Hvis du deretter legger til ytterligere fem (5) repetisjoner mens du er i samme syklus, vil CFX Maestro endre det totale antallet repetisjoner til $n + 5$. Den første endringen (10 repetisjoner) blir ignorert. For å sikre at programvaren utfører målantallet repetisjoner, skriv inn totalt antall (i dette tilfellet 15 gjentakelser).



– hopper over det gjeldende trinnet i protokollen.

Merknad: Hvis du hopper over et trinn under et GOTO-trinn, hopper systemet til neste syklus i GOTO-sløyfen. Hvis GOTO-trinnets siste syklus var i gang på tidspunktet når det ble hoppet over, hopper systemet over til neste trinn.



– gjør at LED-en på det valgte instrumentet blinker for å identifisere de valgte blokkene.



– setter protokollen på pause.

Merknad: Denne handlingen registreres i Run Log (Kjøringslogg).



– gjenopptar en protokoll som er satt på pause.

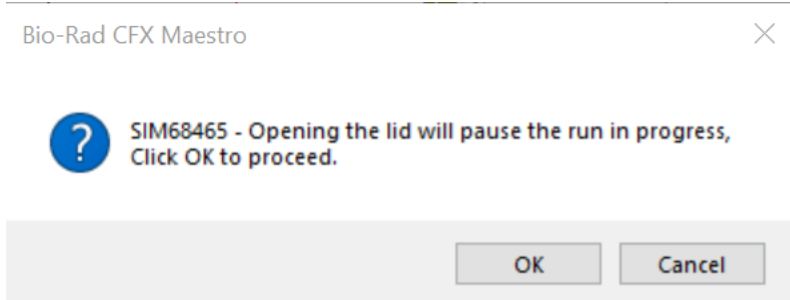


– stopper kjøringen før protokollene avsluttes.

Merknad: Hvis en kjøring stoppes før protokollen avsluttes, kan det påvirke dataene.

Åpne instrumentlokket under en PCR-kjøring

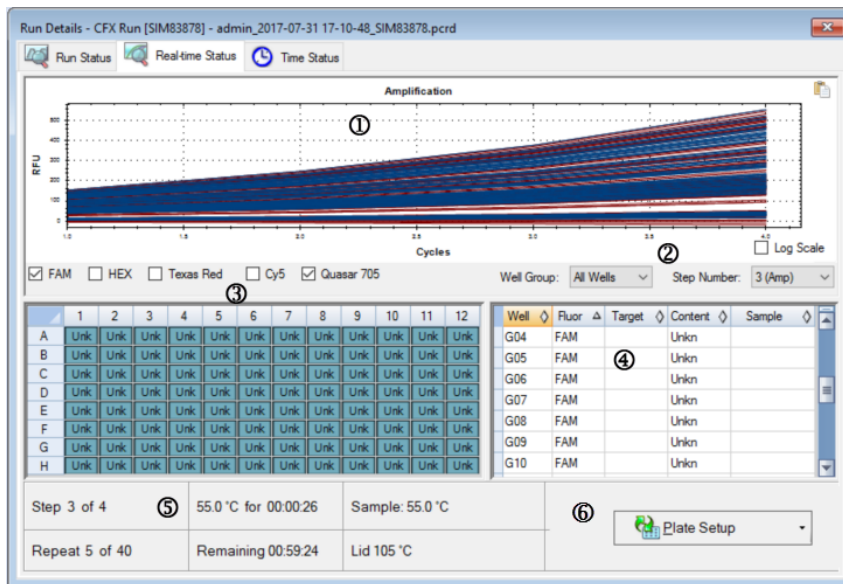
Hvis lokket til et instrument åpnes under en PCR-kjøring, vil CFX Maestro Dx SE vise følgende dialogboks:



Mens dialogboksen vises, fortsetter instrumentene å kjøre protokollen. OK-knappen stanser kjøringen og instrumentlokket løsner og åpnes. Avbryt-knappen lukker dialogen og fortsetter kjøringen.

Fanen Real-time Status (Sanntidsstatus)

Fanen Real-time Status (Sanntidsstatus) viser PCR-data i sanntid som er samlet inn i hver syklus under kjøringen etter de to første plateavlesningene.



FORKLARING

1. Amplification (Amplifisering)-kurverute – viser amplifiseringsdata i sanntid under kjøringen.

2. Well group (Brønngruppe)-identifikator – hvis brønngupper ble identifisert i plateoppsettet, kan brukere velge en spesifikk brønngruppe for å vise dens kurver, brønner og tabellinformasjon.
Step number (Trinnummer)-identifikator – hvis protokollen samler inn data i mer enn ett trinn (for eksempel under amplifisering og smeltekurve), kan brukere velge et spesifikt trinn og vise kurvene som ble samlet inn i dette trinnet.

3. Well selector (Brønnvelger)-rute – viser de aktive, inaktive og tomme brønnene i platen.

4. Plate setup (Plateoppsett)-tabellrute – viser plateoppsettet i tabellformat.

5. Run details (Kjøringsdetaljer)-rute – viser sanntidsstatus for kjøringen, inkludert:
 - gjeldende trinn
 - gjeldende gjentakelse
 - gjeldende temperatur
 - gjenværende tid
 - prøvetemperatur
 - Lokktemperatur

6. Plate Setup (Plateoppsett) – åpner dialogboksen Plate Setup (Plateoppsett), der brukere kan endre det gjeldende plateoppsettet under en kjøring.

I fanen Real-time Status (Sanntidsstatus) kan du

- vise eller skjule sanntidskurver ved å velge dem i brønnvelger-ruten eller plateoppsett-tabellen
- vise enkle kurver eller kurvegrupper ved å velge dem i brønngruppe-rullegardinmenyen
- redigere platen eller erstatte platefilen
- bruke en PrimePCR-fil til kjøringen

Vise eller skjule sanntidskurver

Alle fylte brønner er aktive og vises i plateoppsett-tabellen som standard. Aktive brønner vises i blått i brønnvelgerruten. Skjulte brønner vises i lysegrått, og ubrukte brønner vises i mørkegrått i brønnvelgerruten.

Du kan skjule spor fra aktive brønner under kjøringen. CFX Maestro Dx SE fortsetter å samle inn data for alle brønner, når du skjuler brønner, vises ikke dataene deres i tabellen for plateoppsett.

Slik skjuler du sanntidskurver

- ▶ I brønnvelgerruten klikker du på de aktive (blå) brønnene du ønsker å skjule.

Slik viser du sanntidskurver

- ▶ I brønnvelgerruten klikker du på de skjulte (lysegrå) brønnene du ønsker å vise.

Hvis du vil ha mer informasjon om brønnvelgeren, se [Brønnvelger på side 195](#).

Redigere et plateoppsett

Slik redigerer du et plateoppsett

- ▶ Klikk på Plate Setup (Plateoppsett) og velg deretter View/Edit Plate (Vis/rediger plate).

Vinduet Plate Editor (Plateredigering) vises, der du kan redigere platen mens kjøringen pågår. Hvis du vil ha mer informasjon om hvordan du redigerer plater, se [Kapittel 8, Klargjøre plater](#).

Merknad: Du kan også redigere kurvestiler fra vinduet Plate Editor (Plateredigering). Endringer vises i amplifiseringskurvedigrammet i fanen Real-Time Status (Sanntidsstatus).

Erstatte en platefil

Tips: Det kan være nyttig å erstatte en platefil hvis du starter en kjøring med en hurtigplatefil i ExpressLoad-mappen.

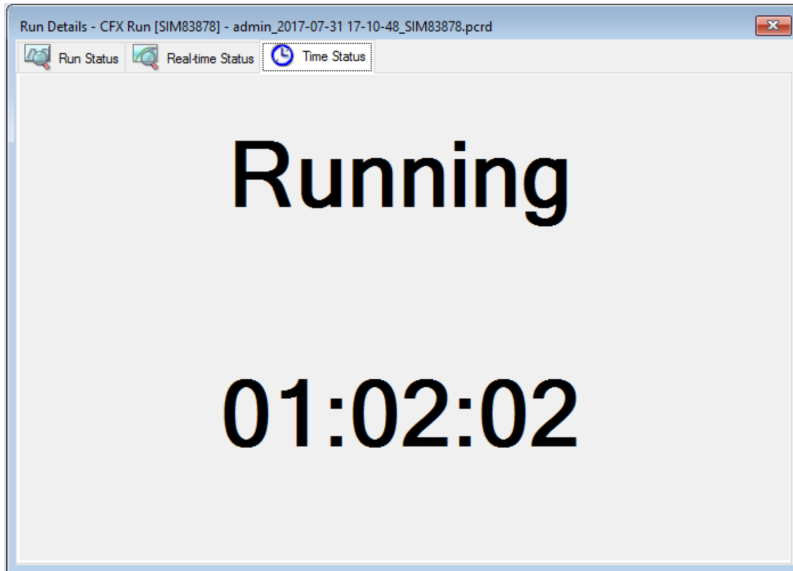
Slik erstatter du en platefil

- ▶ Klikk på Plate Setup (Plateoppsett) og velg deretter ett av de følgende alternativene:
 - Replace Plate file (Erstatt platefil) – velg den nye platefilen fra listen i filleservinduet
 - Apply PrimePCR file (Bruk PrimePCR-fil) – søk etter en kjøringsfil som plateoppsettet skal hentes fra, ved hjelp av Smart-søk, eller klikk på Browse (Bla gjennom) for å finne en fil som du lastet ned fra Bio-Rad-nettstedet og som ikke finnes i PrimePCR-mappen

Merknad: CFX Maestro Dx SE kontrollerer skannemodusen og platestørrelsen for platefilen. Disse må være de samme som kjøringsinnstillingene som kjøringen ble startet med.

Fanen Time Status (Tidsstatus)

Fanen Time Status (Tidsstatus) viser tiden som gjenstår før den aktuelle kjøringen er fullført.



Utføre PrimePCR-eksperimenter

PrimePCR-eksperimenter bruker pathway- eller sykdomsspesifikke analyser som Bio-Rad har våtlab-validert og -optimert, og er tilgjengelig i følgende formater:

- Forhåndsplatede paneler – plater som inneholder analyser som er spesifikke for en biologisk pathway eller sykdom; inkluderer PrimePCR-kontroller og referansegener.
- Egenkonfigurerte plater – plater som kan settes opp i et brukerkonfigurert oppsett, med alternativ for å velge analyser for interessenål, kontroller og referanser.
- Individuelle analyser – rør som inneholder individuelle primersett for bruk i sanntidsreaksjoner.

For å redusere total kjøringstid kan du fjerne smeltetrinnet i protokollen. Bio-Rad anbefaler på det sterkeste at du ikke endrer noe annet i en PrimePCR-kjøringsprotokoll. Standardprotokollen er den som ble brukt for analysevalidering. Avvik fra denne kan påvirke resultatene. Protokollendringer føres opp i fanen Run Information (Kjøringsinformasjon) for den resulterende datafilen og i eventuelle rapporter som opprettes.

Slik starter du en PrimePCR-kjøring

- ▶ Gjør ett av følgende for å starte en PrimePCR-kjøring:
 - I Startup Wizard (Oppstartsveiviser) velger du PrimePCR i fanen Run setup (Kjøringsoppsett), og deretter velger du egnet kjemi (SYBER[®] eller probe).
 - Velg en PrimePCR-kjøring på listen Recent Runs (Nylige kjøring) i fanen Repeat run (Gjenta kjøring) i Startup Wizard (Oppstartsveiviser).
 - Velg File > Open > PrimePCR Run File (Fil > Åpne > PrimePCR-kjøringsfil) i startvinduet.
 - Dra og slipp en PrimePCR-kjøringsfil i startvinduet.

Etter at du velger en PrimePCR-kjøring, åpnes vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett) og viser fanen Start Run (Start kjøring) med standard PrimePCR-plateoppsett basert på valgt instrument.

Slik fjerner du smeltetrinnet i protokollen

- ▶ I fanen Protocol (Protokoll) fjerner du haken i avmerkingsboksen ved siden av Include Melt Step (Inkluder smeltetrinn).

Slik importerer du målinformasjon for PrimePCR-plater til et plateoppsett

1. Gjør ett av følgende:
 - I fanen Real-time Status (Sanntidsstatus) i dialogboksen Run Details (Kjøringsdetaljer) velger du Plate Setup > Apply PrimePCR File (Plateoppsett > Bruk PrimePCR-fil).
 - I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) velger du Plate Setup > Apply PrimePCR File (Plateoppsett > Bruk PrimePCR-fil).
2. I dialogboksen PrimePCR run file (PrimePCR-kjøringsfil) klikker du på Browse (Bla gjennom) for å navigere til riktig PrimePCR-fil (.csv).
3. Velg ønsket PrimePCR-fil og klikk på Open (Åpne).

CFX Opus Dx-system importerer målinformasjonen til plateoppsettet.

Overføre stand-alone-data for analyse

Viktig: Når du overfører datafiler fra CFX Opus Dx-system til CFX Maestro Dx SE, overføres alle filene som er lagret på systemet. Kontroller at du har nok diskplass for å sikre trygg overføring av dataene.

Når kjøringen er fullført, analyserer CFX Maestro Dx SE fluorescensdata. Hvis kjøringen utføres i stand-alone-modus og lagres på selve CFX Opus Dx-system, må dataene bli overført til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen for analyse.

CFX Opus Dx-system kan lagre opptil 100 PCR-sanntidskjøringer. Når kjøringen er fullført, kan du overføre stand-alone-datafiler til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen via e-post, USB-enhet eller via selve programvaren.

Dette avsnittet forklarer hvordan man overfører stand-alone-datafiler til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen.

Overføre data via e-post

Slik sender du en datafil med e-post etter endt kjøring

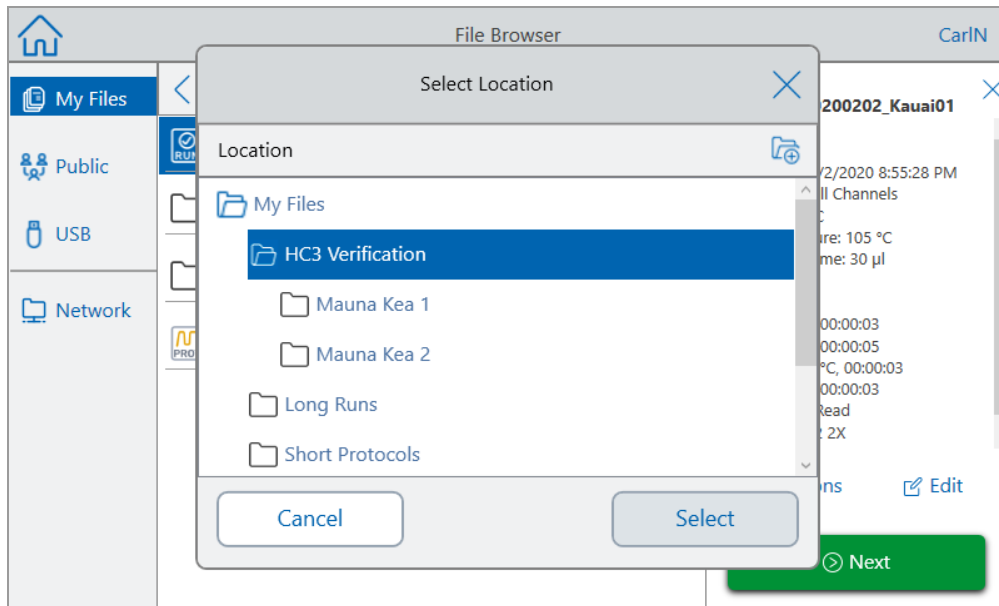
1. Sett opp e-postvarsling for instrumentet.
Se [Sette opp e-postvarsling på side 79](#) eller CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem brukerhåndbok.
2. Når du setter opp e-postvarsling, må du kontrollere at Attach Data File (Legg ved datafil) er valgt.
Kjøredataene sendes via-epost som en .pcrd-fil.

Overføring av data fra CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem


Ved hjelp av filutforskeren CFX Opus Dx-system, kan du overføre datafiler til en tilkoblet USB-enhet eller til en delt nettverksmappe. Du kan også overføre CFX Maestro Dx SE-protokollfiler fra en USB-stasjon eller delt nettverksstasjon til mappen eller den offentlige mappen på CFX Opus Dx-system, og kjøre dem på CFX Opus Dx-system.

Tips: Denne delen forklarer hvordan du overfører data. For informasjon om hvordan du konfigurerer en kablet tilkobling kan du se CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem brukerveiledningen som er tilgjengelig i CFX Maestro Dx SE Hjelp-menyen.

1. Trykk på Files (Filer) i startbildet til CFX Opus Dx-system for å åpne filutforskeren.
2. I filutforskeren navigerer du til filen du vil kopiere, og trykker deretter på filen for å se fildetaljer.
3. Trykk på Options (Alternativer) i fildetaljer og deretter på Copy (Kopier).



Dialogboksen Select Location (Velg plassering) vises.

4. Gjør ett av følgende i dialogboksen Select Location (Velg plassering):
 - Naviger til en eksisterende mappe.
 - Naviger til banen for å opprette en mappe der filen skal lagres, og trykk deretter på Create Folder (Opprett mappe)  for å opprette en ny mappe der.
5. Trykk på Select (Velg) for å kopiere filen til den valgte lokasjonen eller Cancel (Avbryt) for å gå tilbake til filutforskeren.

Merknad: Hvis det finnes en fil med samme navn på den valgte lokasjonen, vises en melding. Trykk på Yes (Ja) for å overskrive den eksisterende filen eller No (Nei) for å gå tilbake til filutforskeren.

CFX Opus Dx-system viser en bekreftelsesmelding når filen er kopiert.

Overføring av data gjennom CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Overføre data gjennom CFX Maestro Dx SE

1. I ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) i startvinduet høyreklikker du på ønsket instrument og velger Retrieve Data Files (Hent datafiler).

CFX Maestro Dx SE viser dialogboksen Browse For Folder (Søk etter mappe).

2. I dialogboksen Browse For Folder (Søk etter mappe) blar du til stedet hvor du vil lagre datafilene, og klikker på OK.

Overføringsprosessen oppretter en mappe kalt Real-Time Data (Sanntidsdata) på det valgte stedet. Kjøredataene lagres i mappen Real-Time Data (Sanntidsdata) som separate .zpcr-filer.

Overføre data ved bruk av en USB-stasjon

Hvis du setter en USB-stasjon inn i USB-porten på instrumentet, lagres datafilen automatisk i rotkatalogen på USB-stasjonen når kjøringen er fullført. Du kan også finne datafiler som har blitt lagret tidligere, og lagre dem på en tilkoblet USB-stasjon.

Overføre datafiler til en USB-stasjon på CFX Opus Dx-system

- ▶ I dialogboksen Select Location (Velg plassering) klikker du på USB og navigerer til målmappen der du vil kopiere filen eller Cancel (Avbryt) for å gå tilbake til filutforskeren.

Merknad: Hvis det finnes en fil med samme navn på den valgte lokasjonen, vises en dialogboks. Trykk på Yes (Ja) for å overskrive den eksisterende filen eller No (Nei) for å gå tilbake til filutforskeren.

CFX Opus Dx-system viser en bekreftelsesmelding når filen er kopiert.

Overføring av data gjennom en delt nettverksstasjon med CFX Opus Dx PCR-sanntidssystem

Tips: Du kan bare overføre data til og fra en delt nettverksstasjon gjennom CFX Opus Dx-system.

CFX Opus Dx-system lar deg koble til en delt nettverksstasjon ved hjelp av Ethernet. Med en vellykket tilkobling kan du overføre datafiler til og fra en mappe på den delte nettverksstasjonen.

Overføre data til og fra en delt nettverksstasjon

- ▶ I dialogboksen Select Location (Velg plassering) klikker du på Network (Nettverk) og navigerer til målmappen der du vil kopiere filen eller Cancel (Avbryt) for å gå tilbake til filutforskeren.

Merknad: Hvis det finnes en fil med samme navn på den valgte lokasjonen, vises en dialogboks. Trykk på Yes (Ja) for å overskrive den eksisterende filen eller No (Nei) for å gå tilbake til filutforskeren.

CFX Opus Dx-system viser en bekreftelsesmelding når filen er kopiert.

Opprette en datafil

For å analysere data overført fra instrumentet til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen, må den komprimerte datafilen (.zpcr-filen) konverteres til en datafil (.pcrd-fil). CFX Maestro Dx SE konverterer .zpcr-filen til en .pcrd-fil og velger deretter en platefil som har samme skannemodus og platestørrelse og bruker den på .pcrd-filen.

Slik oppretter du en datafil fra en stand-alone-datafil

1. I CFX Maestro Dx SE gjør du ett av følgende:

- Finn .zpcr-målfilen og dra den inn i startvinduet i CFX Maestro Dx SE.
- Velg File > Open > Stand-alone Run (Fil > Åpne > Stand-alone-kjøring) og naviger til og velg målfilen.

CFX Maestro Dx SE viser dialogboksen Save As (Lagre som).

2. Naviger til mappen der du vil lagre .pcrd-filen, og klikk på Save (Lagre).

Etter at du har lagret .pcrd-filen, åpner CFX Maestro Dx SE vinduet Data Analysis (Dataanalyse) og viser de resulterende dataene.

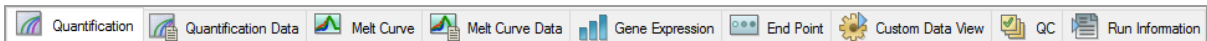
Kapittel 10 Oversikt over dataanalyse

CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition prosesserer sanntids PCR-data automatisk på slutten av hver kjøring og åpner vinduet Data Analysis (Dataanalyse) for å vise disse dataene (.pcrd-fil).

- Dra en datafil (filforlengelse .pcrd) til startvinduet og slippe den
- Velge File > Open > Data File (Fil > Åpne > Datafil) i startvinduet og bla til ønsket .pcrd-fil.
- Velge File > Recent Data Files (Fil > Nylige datafiler) i startvinduet for å velge fra en liste over de 10 siste datafilene som har vært åpnet
- Velge fanen Analyze (Analyser) i Startup Wizard (Oppstartsveiviser) og enten velge fra Recent Files (Nylige filer) eller klikke på Browse (Søk) for å finne datafilen

Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

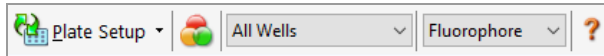
Vinduet Data Analysis (Dataanalyse) inneholder flere faner, og hver fane viser de analyserte dataene for en bestemt analysemetode eller informasjon om en bestemt kjøring. Faner vises kun hvis dataene som er samlet inn i kjøringen, er tilgjengelige for den aktuelle analysetypen.



Tips: Du velger fanene som skal vises fra rullegardinmenyen View (Visning) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Hvis du vil gå tilbake til det opprinnelige faneoppsettet, velger du Settings > Restore Default Window Layout (Innstillinger > Gjenopprett standard vindusoppsett).

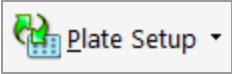

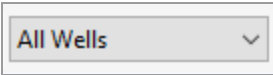


Verktøylinje i Data Analysis (Dataanalyse)

Verktøylinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) gir rask tilgang til viktige dataanalysefunksjoner.



Tabell 11 viser en liste over funksjonene til knappene på verktøylinjen.

Tabell 11. Verktøylinje i vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

Knapp	Navn	Funksjon
	Plateoppsett	View/Edit plate (Vis/rediger plate) – åpner Plate Editor (Plateredigering) der du kan vise og redigere innholdet i brønnene. Replace Plate file (Skift platefil) – velger en platefil for å skifte plateoppsettet. Apply PrimePCR file (Bruk PrimePCR-fil) – velger en kjøringsfil for å skifte plateoppsettet for en PrimePCR-kjøring.
	Manage Well Groups (Administrer brønngrupper)	Åpner vinduet Well Groups Manager (Administrering av brønngrupper) der du kan opprette, redigere og slette brønngrupper.
	Well Group (Brønngruppe)	Velger et eksisterende brønngruppenavn fra rullegardinmenyen. All Wells (Alle brønner) er valgt som standard. Denne knappen vises kun når brønngrupper er opprettet.
	Analysis Mode (Analysemodus)	Analyserer dataene i modusen Fluorophore (Fluorofor) eller Target (Mål).
	Help (Hjelp)	Åpner programvarehjelpen der du kan finne online hjelp og en digital kopi av denne håndboken i Acrobat PDF-format.

Menylinje i Data Analysis (Dataanalyse)

Tabell 12 viser elementene på menylinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Tabell 12. Elementer på menylinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

Menyelement	Kommando	Funksjon
Fil (File)	Save (Lagre)	Lagrer filen.
	Save As (Lagre som)	Lagrer filen med et nytt navn.
	File Passwords (Filpassord)	Gjør det mulig for brukere å angi lagre og åpne passord.
	Sign (Signere)	Gjør det mulig for brukere å signere datafilen.
	Repeat Run (Gjenta kjøring)	Henter ut protokollen og platefilen fra den pågående kjøringen for å kjøre den på nytt.
	Close (Lukk)	Lukk vinduet Data Analysis (Dataanalyse)
View (Vis)	Run Log (Kjøringslogg)	Åpner vinduet Run Log (Kjøringslogg), der du kan vise kjøringssloggen for den gjeldende datafilen.
	Audit Trail (Revisjonsspor)	Åpner revisjonssporet for filen.
	Quantification (Kvantifisering), Melt Curve (Smeltekurve), Gene Expression (Genuttrykk), End Point (Endepunkt), Custom Data View (Tilpasset datavisning), QC (Kvalitetskontroll), Run Information (Kjøringsinformasjon)	Viser de analyserte dataene i de valgte fanene i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Minst én fane må være valgt.

Tabell 12. Elementer på menylinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), forts.

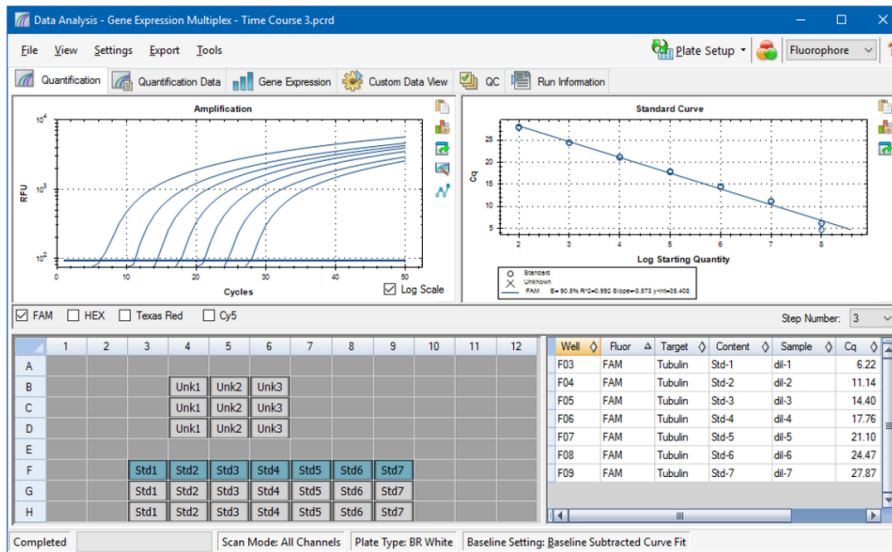
Menyelement	Kommando	Funksjon
Settings (Innstillinger)	C _q Determination Mode (C _q -bestemmelsesmodus)	Lar deg velge enten Regression (Regresjon) eller Single Threshold (Enkel terskel) for å se hvordan C _q -verdiene fastsettes for hver kurve.
	Baseline Setting (Baselinjeinnstilling)	Lar deg velge metode for baselinjesubtraksjon for de valgte brønngruppene.
	Analysis Mode (Analysemodus)	Lar deg analysere dataene etter Fluorophore (Fluorofor) eller Target (Mål).
	Cycles to Analyze (Sykluser som skal analyseres)	Lar deg velge syklusene som skal analyseres.
	Baseline Threshold (Baselinjeterskler)	Åpner vinduet Baseline Threshold (Baselinjeterskler) for å justere baselinjen eller terskelen.
	Trace Styles (Kurvestiler)	Åpner vinduet Trace Styles (Kurvestiler).
	Plate Setup (Plateoppsett)	Åpner Plate Editor (Plateredigering) for visning og redigering av platen. Skift ut den pågående platen med en plate fra en brukerdefinert platefil eller en PrimePCR-kjøringsfil.
	Include All Excluded Wells (Inkluder alle ekskluderte brønner)	Inkluderer alle ekskluderte brønner i analysen.
	Mouse Highlighting (Musemerking)	Slår av eller på samtidig merking av data med musepekeren. Tips: Hvis Mouse Highlighting (Musemerking) er slått av, trykker du på Control-tasten på tastaturet for å slå merking på midlertidig.
	Restore Default Window Layout (Gjenopprett standard vindusoppsett)	Gjenoppretter vindusoppsettet til standardinnstillingen.

Tabell 12. Elementer på menylinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), forts.

Menyelement	Kommando	Funksjon
Export (Eksport)	Export All Data Sheets (Eksporter alle dataark)	Lar deg velge om du vil eksportere alle regnearkvisningene fra hver fane til .csv, .txt, Excel eller .xml.
	Export RDML File (Eksporter RDML-fil)	Lar deg velge enten versjon 1.1 eller 1.0 av RDML som du vil eksportere filen til.
	Custom Export (Tilpasset eksport)	Åpner vinduet Custom Export (Tilpasset eksport), der du kan angi feltene du vil eksportere samt filformat for eksportfilen.
	Export to LIMS Folder (Eksporter til LIMS-mappe)	Åpner et vindu der du kan lagre data i LIMS-mappen i et forhåndsbestemt format.
	Manuell eksport	Åpner et vindu der du kan identifisere plasseringen for lagring av data fra alle regnearkvisninger i Excel-filer som er bygget opp spesifikt for bruk av Bio-Rad Laboratories. Tips: Du kan også starte Seegene Viewer automatisk ved eksport. Se Kommandoer i menyen Tools (Verktøy) på side 65 for mer informasjon.
Tools (Verktøy)	Reports (Rapporter)	Åpner Report (Rapport) for denne datafilen.
	Well Group Reports (Brønngupperapporter)	Åpner vinduet Well Group Reports (Brønngupperapporter), der du kan generere rapporter for spesifiserte brønngupper.
	Import Fluorophore Calibration (Importer fluoroforkalibrering)	Velg en kalibreringsfil som skal brukes på den gjeldende datafilen.
	qbase+	Åpner qbase+ v2.5 direkte fra den gjeldende .pcrd-filen, hvis det er installert.
	Generer LIMS PLRN-fil	Lagrer datafilen som en LIMS-formatert .plrn-fil.

Informasjon om faner

Hver fane i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) viser data i diagrammer og regneark for en bestemt analysemetode, og inneholder en brønnvelger som brukes til å velge dataene du vil vise. Når vinduet Data Analysis (Dataanalyse) åpnes, vises fanen Quantification (Kvantifisering) som standard. Du kan bruke dataene i diagrammet Amplification (Amplifisering) i fanen Quantification (Kvantifisering) til å bestemme de relevante analyseinnstillingene for kjøringen.

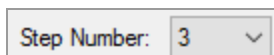


Merknad: Programvaren kobler sammen dataene i rutene i hver fane i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Hvis du for eksempel uthever en brønn ved å plassere musepekeren over brønnen i brønnvelgervisningen, utheves dataene i alle de andre rutene.

Velger for trinnummer

CFX Opus Dx-systemene kan samle inn fluorescensdata ved flere protokolltrinn – programvaren opprettholder dataene som er samlet inn i hvert trinn uavhengig. CFX Maestro Dx SE viser trinnummervalgeren under Standard Curve-diagrammet (Standardkurve) i fanen Quantification (Kvantifisering). Når en protokoll inneholder minst ett datainnsamlingstrinn, viser CFX Maestro Dx SE dataene fra det første innsamlingstrinnet.

Hvis protokollen inneholder mer enn ett innsamlingstrinn, kan du velge et annet trinn fra rullegardinmenyen. For eksempel:



Når du velger et trinn, bruker programvaren dette valget på alle dataene som vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Vise Well Groups (Brønngrupper) i Data Analysis (Dataanalyse)

Brønner i platen kan grupperes i undersett for uavhengig analyse ved bruk av brønngrupper. Når du oppretter brønngrupper, vises gruppenavnene i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) i rullegardinmenyen Well Groups (Brønngrupper) på verktøylinjen.

Hvis du opprettet brønngrupper, viser programvaren standardbrønngruppen All Wells (Alle brønner) når du åpner vinduet Data Analysis (Dataanalyse), og viser dataene i alle brønner med innhold i diagrammene og regnearkene. Kun brønnene i brønngruppen med det innlastede innholdet vises i brønnvelgeren, og kun data for disse brønnene er inkludert i dataanalyseberegningene.

Tips: Opprett, rediger og slett brønngrupper ved å klikke på Manage Well Groups (Administrer brønngrupper) på verktøylinjen.

Merknad: Hvis du ikke opprettet brønngrupper, vises ikke rullegardinmenyen Well Groups (Brønngrupper) på verktøylinjen.

Endre brønninnhold etter en kjøring

Hvis måten data vises på endres under dataanalyse ved å endre innholdet i brønnene i Plate Editor (Plateredigering), endres aldri fluorescensdataene som ble samlet inn fra hver brønn under kjøringen. Når modulen har samlet inn fluorescensdata, kan du ikke slette disse dataene, men du kan velge å fjerne dem fra visningen og analysen.

Slik endrer du innholdet i brønner etter en kjøring

- ▶ I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) klikker du på Plate Setup (Plateoppsett) og velger et av følgende alternativer:
 - **Edit/View Plate** (Rediger/vis plate) – åpner Plate Editor (Plateredigering), der du kan endre oppsettet manuelt.
 - **Replace Plate File** (Erstatt platefil) – åpner dialogboksen for valg av plate, der du kan navigere til en tidligere lagret platefil som du vil skal erstatte det gjeldende plateoppsettet.
 - **Apply PrimePCR file** (Bruk PrimePCR-fil) – åpner dialogboksen for valg av PrimePCR-fil, der du kan navigere til en PrimePCR-kjøringsfil og bruke den i plateoppsettet.

Tips: Du kan legge til eller redigere informasjon om innholdet i brønnen før en kjøring, under en kjøring eller etter fullføring av en PCR-kjøring. Du må tilordne skannemodus og platestørrelse før kjøringen. Disse parametrene kan ikke endres etter kjøringen.

Innstillinger for dataanalyse

Diagramdataene for Amplification (Amplifisering) i fanen Quantification (Kvantifisering) viser den relative fluorescensenheten (RFU) for hver brønn ved hver syklus. Hver kurve i diagrammet representerer data fra en fluorofor i én brønn. Disse dataene brukes for å fastslå C_q -verdier for hver brønn per fluorofor. Programvaren bruker én eller to moduser for å fastslå C_q -verdier:

- **Regression** (Regresjon) – anvender en multivariabel, ikke-lineær regresjonsmodell på individuelle brønnekurver og bruker deretter denne modellen til å beregne en optimal C_q -verdi.
- **Single Threshold** (Enkel terskel) – bruker en enkel terskelverdi til å beregne C_q -verdien basert på terskelskjæringspunktet til individuelle fluorescenskurver.

Velg Settings > C_q Determination Mode (Innstillinger > C_q -bestemmelsesmodus) for å velge C_q -bestemmelsesmodusen.

Justere terskelen

I modusen Single Threshold (Enkel terskel) kan du justere terskelen for en fluorofor ved å klikke på terskellinjen i Amplification Chart (Amplifiseringsdiagram) og bevege musepekeren vertikalt. Alternativt kan du spesifisere en nøyaktig kryssningsterskel for den valgte fluoroforen.

Baselinjeinnstillinger

Programvaren angir automatisk baselinjen individuelt for hver brønn. Baselinjeinnstillingen bestemmer metoden for baselinjesubtraksjon for alle fluorescenskurver. Programvaren har tre alternativer for baselinjesubtraksjon:

- **No Baseline Subtraction** (Ingen baselinjesubtraksjon) – viser dataene som relative fluorescenskurver. Noen analyser kan ikke utføres i denne analysemodusen, og programvaren viser derfor ikke fanene Gene Expression (Gentuttrykk), End Point (Endepunkt) og Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering).
- **Baseline Subtracted** (Baselinjesubtrahert) – viser dataene som baselinjesubtraherte kurver for hver fluorofor i en brønn. Programvaren må baselinjesubtrahere dataene for å bestemme kvantifiseringscykluser, konstruere standardkurver og bestemme konsentrasjonen av ukjente prøver. For å generere en baselinjesubtrahert kurve tilpasser programvaren den beste rette linjen gjennom den registrerte fluorescensen for hver brønn under baselinjesyklusene, og subtraherer deretter de best tilpassede dataene fra de bakgrunnssubtraherte dataene ved hver syklus.
- **Baseline Subtracted Curve Fit** (Baselinjesubtrahert kurvetilpasning) – viser dataene som baselinjesubtraherte kurver, og programvaren jevner ut den baselinjesubtraherte kurven ved hjelp av et sentrert gjennomsnittsfiler. Denne prosessen utføres slik at hver C_q forblir konstant.

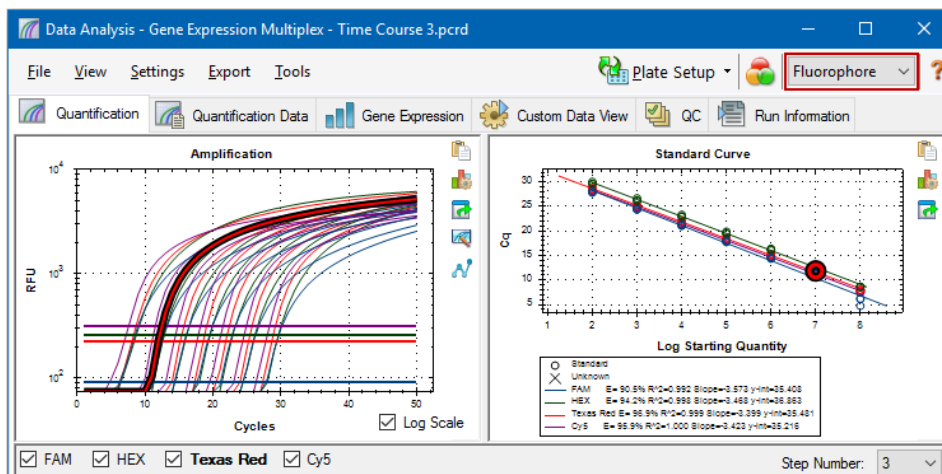
I tillegg til disse alternativene kan du også velge Apply Fluorescent Drift Correction (Bruk korreksjon mot fluorescensavvik). For brønner som har unormalt varierende RFU-verdier under de første syklusene i en kjøring, vil programvaren derivere en estimert baselinje fra tilstøtende brønner som det var mulig å generere en horisontal baselinje for.

Slik endrer du innstillingen for baselinjesubtraksjon

- ▶ Velg Settings > Baseline Setting (Innstillinger > Baselinjeinnstilling).

Analysemodus

Data kan grupperes og analyseres etter enten fluorofor eller målnavn. Når data er gruppert etter fluorofor, vises datakurver etter fluorofor som angitt i plateoppsettet for den aktuelle kjøringen. Individuelle fluorofordata vises i amplifiserings- og standardkurvediagrammet (hvis tilgjengelig) når de relevante avmerkingsboksene for fluorofor, som er plassert under amplifiseringsdiagrammet, er valgt.



Når data er gruppert etter mål, vises datakurver etter målnavn som angitt i plateoppsettet for den aktuelle kjøringen.

Slik velger du en dataanalysemodus

- ▶ Gjør ett av følgende:
 - Velg Settings > Analysis Mode (Innstillinger > Analysemodus).
 - Velg en modus fra rullegardinmenyen Analysis Mode (Analysemodus) på verktøylinjen.

Sykluser som skal analyseres

Du kan begrense antall sykluser som skal analyseres. Du kan også analysere data fra et spesifikt sett med sykluser. Maksimalt antall sykluser du kan analysere, er 50.

Merknad: Fjerning av sykluser fra begynnelsen av en kjøring kan ha en signifikant innvirkning på baselinjen.

Slik begrenser du dataanalyse til et spesifikt antall sykluser

1. Velg Settings > Cycles to Analyze (Innstillinger > Sykluser som skal analyseres).
Dialogboksen Cycles to Analyze (Sykluser som skal analyseres) vises.
2. Angi start- og sluttsyklusverdiene og klikk på OK.

Klikk på Restore Defaults (Gjenopprett standarder) i dialogboksen Cycles to Analyze (Sykluser som skal analyseres) for å gjenopprette de opprinnelige syklusene som ble brukt for analysen.

Brønnvelger

Bruk Well Selector (Brønnvelger) til å vise eller skjule brønndata i diagrammer eller regneark i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Kun brønner som er lastet med en prøve, kan velges i brønnvelgeren. Programvaren farger brønnene i Well Selector (Brønnvelger):

- **Blå** – angir valgte brønner. Data fra valgte brønner vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).
- **Lysegrå** – angir ikke-valgte brønner. Data fra ikke-valgte brønner vises ikke i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).
- **Mørkegrå** – angir tomme brønner.

	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			

Slik viser eller skjuler du brønndata

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter i brønnvelgeren:
 - Hvis du vil skjule en brønn, klikker du på brønnen. Hvis du vil vise brønnen, klikker du på brønnen en gang til.
 - Hvis du vil skjule flere brønner, drar du markøren over brønnene du vil velge. Hvis du vil vise brønnene, drar du markøren over brønnene en gang til.
 - Klikk øverst til venstre i platen for å skjule alle brønner. Klikk øverst til venstre en gang til for å vise alle brønner.
 - Klikk i starten av en kolonne eller rad for å skjule disse brønnene. Klikk i kolonnen eller raden en gang til for å vise brønnene.

Elementer i høyreklikkmenyen for Well Selector (Brønnvelger)

Tabell 13 viser tilgjengelige høyreklikkalternativer i brønnvelgervisningen.

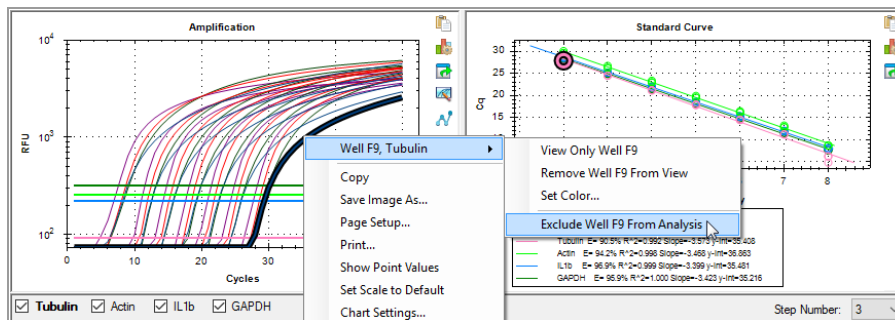
Tabell 13. Elementer i høyreklikkmenyen for brønnvelgervisning

Element	Funksjon
Well XX (Brønn XX)	Viser kun denne brønnen, fjerner denne brønnen fra visningen, angir farge for denne brønnen, eller ekskluderer denne brønnen fra analysen.
Selected Wells (Valgte brønner) (høyreklikk og dra)	Viser kun disse brønnene, fjerner disse brønnene fra visningen, angir farge for disse brønnene, eller ekskluderer disse brønnene fra analysen.
Copy (Kopier)	Kopierer innholdet i brønnen til en utklippstavle, inkludert Sample Type (Prøvetype) og valgfritt Replicate # (Replikatnr.).
Copy as Image (Kopier som bilde)	Kopierer brønnvelgervisningen som et bilde.
Print (Skriv ut)	Skriver ut brønnvelgervisningen.
Print Selection (Skriv ut utvalg)	Skriver ut det gjeldende utvalget.
Export to Excel (Eksporter til Excel)	Eksporterer dataene til et Excel-regneark.
Export to CSV (Eksporter til CSV)	Eksporterer dataene som et .csv-dokument.
Export to Xml (Eksporter til Xml)	Eksporterer dataene som et .xml-dokument.
Well Labels (Brønnetiketter)	Endrer brønnetikettene til Sample Type (Prøvetype), Target Name (Målnavn) eller Sample Name (Prøvenavn).

Midlertidig ekskludering av brønner fra analyse

Slik ekskluderer du brønner fra en dataanalyse midlertidig

- Høyreklikk på brønnen i brønnvelgeren, på en fluorescerende kurve eller på et punkt på standardkurven. Når du skal ekskludere flere brønner, kan du høyreklikke og dra for å merke flere brønner, kurver eller punkter.
- Velg ønsket alternativ fra høyreklikkmenyen:
 - Well > Exclude Well (Brønn > Ekskluder brønn)
 - Selected Wells > Exclude from Analysis (Valgte brønner > Ekskluder fra analyse)
 - Selected Traces > Exclude these wells from Analysis (Valgte kurver > Ekskluder disse brønnene fra analyse)



Du kan også fjerne brønner permanent fra analyse ved å klikke på knappen Clear Wells (Fjern brønner) for å fjerne innholdet fra brønner i Plate Editor (Plateredigering).

Viktig: Alt innhold som fjernes fra brønnen(e), må legges inn på nytt.

Slik inkluderer du en ekskludert brønn

- ▶ Høyreklikk på ønsket brønn i brønnvelgeren, og velg Well > Include Well in Analysis (Brønn > Inkluder brønn i analyse).

Diagrammer

Hvert diagram i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) viser dataene i forskjellige grafer og inneholder alternativer som kan brukes til å justere og eksportere data eller diagramgrafikk.

Diagramverktøyene

Tabell 14 viser høyreklikkalternativene som er tilgjengelige i de fleste diagrammer.

Tabell 14. Elementer i høyreklikkmener som finnes i de fleste diagrammer

Element	Funksjon
Copy (Kopier)	Kopierer diagrammet til utklippstavlen.
Save Image As... (Lagre bilde som ...)	Lagrer diagrammet som en bildefil. Angi oppløsning og størrelse for bildet, og velg deretter filtype (PNG, GIF, JPG, TIF eller BMP).
Page Setup... (Sideoppsett ...)	Velger et sideoppsett for utskrift.
Print... (Skriv ut ...)	Skriver ut diagrammet.
Set Scale to Default (Angi skala til standard)	Viser alle data i søylediagrammet. Rullefelter vises hvis det er for mange datapunkter/prøver å vise innenfor diagrammets ramme.
Chart Settings (Diagraminnstillinger)	Åpner dialogboksen Chart Settings (Diagraminnstillinger), der du kan endre diagrammets visningsalternativer, inkludert: <ul style="list-style-type: none"> ■ titler for diagram og akser ■ skrift og skriftstørrelse for diagram og akser ■ akseskala ■ plassering av forklaring

Diagramverktøyene vises også i hvert av diagrammene i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Alle diagrammer viser disse verktøyene:

Copy to Clipboard (Kopier til utklippstavle) – kopierer innholdet i diagramvisningen til utklippstavlen.

Chart Settings (Diagraminnstillinger) – åpner dialogboksen Chart Settings (Diagraminnstillinger), der du kan endre diagrammets visningsalternativer.

Export (Eksport) – åpner dialogboksen Export Options (Eksportalternativer), der du kan endre oppløsningen og størrelsen på diagrammet og lagre det på ønsket plassering som én av følgende filtyper:

- .bmp
- .jpg

■ .png

Verktøy i søylediagram

I tillegg til diagramverktøyene viser søylediagrammer følgende verktøy:

Sort (Sorter) – sorterer målene og prøvene alfabetisk eller i omvendt alfabetisk rekkefølge.

Color Settings (Fargeinnstillinger) – åpner dialogboksen Color Settings (Fargeinnstillinger) hvor du kan endre fargen på målene og prøvene.

For mer informasjon om disse verktøyene, se [Endre og anmerke diagramvisningen på side 260](#).

Verktøy i amplifiseringsdiagram

I tillegg til de oppført ovenfor, viser amplifiseringsdiagrammene følgende verktøy:

Trace Styles (Kurvestiler) – åpner dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler) hvor du kan endre utseendet til kurvene i amplifiseringsdiagrammet.

Baseline Threshold (Baselinjeterskel) – åpner dialogboksen Baseline Threshold (Baselinjeterskel) hvor du kan endre standard baselinje for valgte brønner eller endre terskelen for hver fluorescenskurve i amplifiseringsdiagrammet.

Kopiere diagramdata til utklippstavlen

Du kan kopiere innholdet i diagramvisningen og lime det inn i alle programmer som godtar bitmap-bildefiler.

Slik kopierer du diagramdata til utklippstavlen

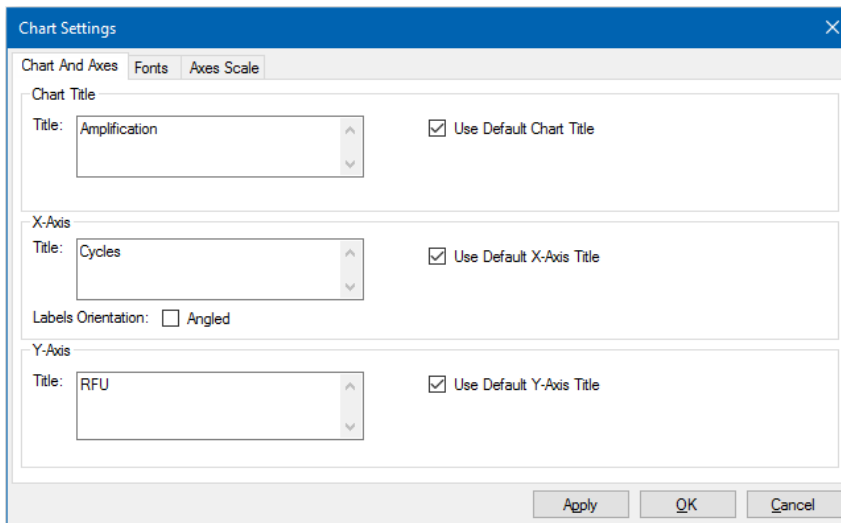
1. Velg ikonet Copy To Clipboard (Kopier til utklippstavle) fra diagramverktøyene.
2. Åpne et program som godtar bitmap-bilder, for eksempel Microsoft Word.
3. Høyreklikk og velg Paste (Lim inn) for å lime inn bitmap-bildet fra utklippstavlen i programmet.

Endre innstillinger for diagramvisning

Bruk dialogboksen Chart Settings (Diagraminnstillinger) til å endre titler, skriftter og størrelser, akseskala og plassering av forklaringer for det viste diagrammet. Endringene du gjør, gjelder kun for det viste diagrammet og lagres sammen med diagrammet.

Slik endrer du innstillingene for diagramvisning

1. Klikk på Chart Settings (Diagraminnstillinger) i diagramverktøyene.
Dialogboksen Chart Settings (Diagraminnstillinger) åpnes.



2. Velg fanen Chart And Axes (Diagram og akser) for å:

- skrive inn en tittel for diagrammet
- skrive inn en ny tittel for X-aksen og vinkle etikettene
- skrive inn en ny tittel for Y-aksen

3. Velg fanen Fonts (Skrifter) for å endre skriften og skriftstørrelsen i diagrammet.

Tips: Som standard skaleres skriftstørrelsen automatisk når størrelsen på diagrammet endres. Velg Change Font Size (Endre skriftstørrelse) for å angi en statisk skriftstørrelse for hver etikette.

4. Velg fanen Axes Scale (Akseskala) for å:

- fjerne automatisk skalering av X- og Y-aksene og angi minimums- og maksimumsverdier for skalering
- velge å vise rutenettlinjer eller hakemerker i diagrammet

5. Velg fanen Legend (Forklaring) for å:

- velge å skjule diagramforklaringen
- endre standardplasseringen for diagramplasseringen

Merknad: Når forklaringen plasseres til venstre eller høyre for diagrammet, viser den bare de ti første fluoroforene i diagrammet.

6. Klikk på Apply (Bruk) når som helst for å vise endringer i diagraminnstillingene uten å lagre endringene.
7. Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til diagrammet.

Eksportere diagrammet

Bruk denne dialogboksen til å endre bredden, høyden og oppløsningen på grafen for å eksportere den i ett av følgende filformater:

- .bmp
- .jpg
- .png

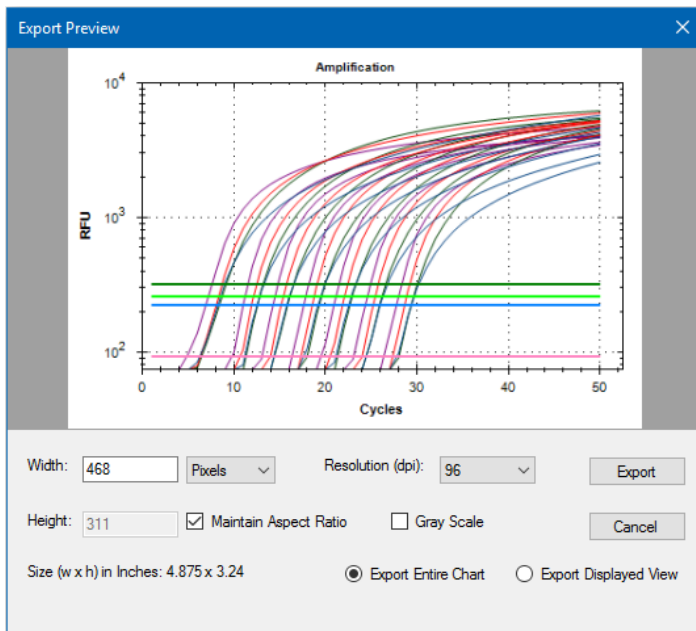
Du kan deretter bruke den eksporterte grafen til å vise resultatene i posterpresentasjoner, Microsoft PowerPoint-presentasjoner og fagtidsskrifter.

Merknad: Vær oppmerksom på følgende når du endrer innstillingene:

- Grenser for maksimum og minimum bredde og høyde
 - Ved 72 ppt: 0,1–83 tommer
 - Ved 96 ppt: 0,1–62 tommer
 - Ved 150 ppt: 0,1–40 tommer
 - Ved 300 ppt: 0,1–20 tommer
 - Ved 600 ppt: 0,1–10 tommer
 - I alle oppløsninger: 2–6 000 piksler
- Størrelsesforhold er basert på bredde.

Slik eksporterer du diagrammet

1. Klikk på Export (Eksport) i diagramverktøyene.
Dialogboksen Export Preview (Forhåndsvisning av eksport) vises.



2. Endre om nødvendig innstillingene for visningen.
3. Klikk på Export (Eksport).
4. Gjør følgende i dialogboksen Export (Eksport):
 - a. (Valgfritt) Naviger til en mappe som diagramfilen skal lagres i.
 - b. Skriv inn navnet på filen og velg en filtype fra rullegardinmenyen.
5. Klikk på Save (Lagre) for å lagre diagramfilen.

Endre innstillingene for Baseline Threshold (Baselinjeterskel)

I modusen Single Threshold (Enkel terskel) kan du justere terskelen for en fluorofor ved å klikke på terskellinjen i Amplification Chart (Amplifiseringsdiagram) og bevege musepekeren vertikalt. Alternativt kan du spesifisere en nøyaktig kryssningsterskel for den valgte fluoroforen.

Tips: Du kan spesifisere et syklusområde for å fastslå baselinjen for alle datafiler i fanen Data Analysis (Dataanalyse) i User > User Preferences (Bruker > Brukerpreferanser).

Slik justerer du begynnende og avsluttende baselinjesyklus for hver brønn

1. I fanen Quantification (Kvantifisering) velger du en enkelt fluorofor under amplifiseringsdiagrammet.
2. Velg baselinjeterskel fra diagramverktøyene.
Dialogboksen Baseline Threshold (Baselinjeterskel) vises.

3. Gjør et av følgende i delen Baseline Cycles (Baselinjesykluser):
 - Velg én brønn ved å klikke på radnummeret.
 - Velg flere tilstøtende brønner ved å klikke på radnummeret til den første brønnen og dra nedover i kolonnen til den siste brønnen.
 - Velg flere ikke-tilstøtende brønner ved å trykke på Ctrl-tasten på tastaturet og klikke på radnummeret til hver målbrønn.
 - Velg alle brønner ved å klikke øverst til venstre i tabellen.
4. Juster syklusen Baseline Begin (Start baselinje) og syklusen Baseline End (Slutt baselinje) for alle valgte brønner, eller endre syklusnummeret for Begin (Start) og End (Slutt) nederst i regnearket.

Tips: Hvis du vil tilbakestille innstillingene til de sist lagrede verdiene, klikker du på Reset All User Defined Values (Tilbakestill alle brukerdefinerte verdier).
5. Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til diagrammet.

Slik spesifiserer du et syklusområde for alle datafiler

- ▶ I startvinduet eller vinduet for plateredigering velger du User > User Preferences (Bruker > Brukerpreferanser) og velger fanen Data Analysis (Dataanalyse).

Sortere måldata, prøvedata og data om biologisk gruppe

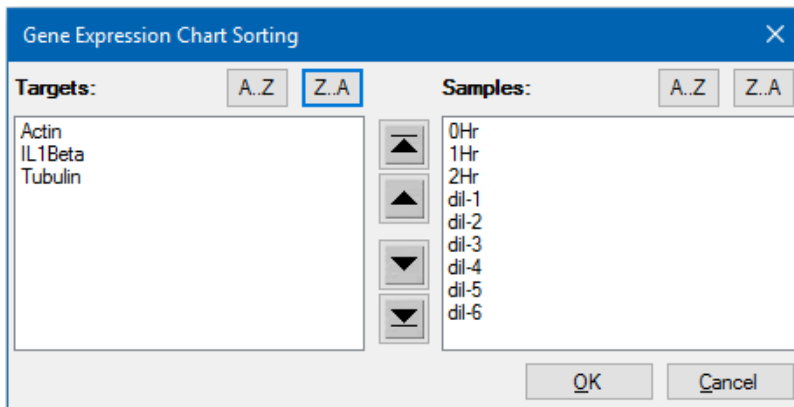
Merknad: Dette alternativet er kun tilgjengelig for genuttryksdiagrammer.

Som standard vises listene Targets (Mål), Samples (Prøver) og Biological Groups (Biologiske grupper) i alfabetisk rekkefølge. Bruk dialogboksen Sort (Sorter) for å sortere visningen i omvendt alfabetisk rekkefølge eller for manuelt å flytte et begrep til en annen plassering på listen.

For å sortere måldata, prøvedata og data om biologisk gruppe

1. Klikk på Sort (Sortere) i diagramverktøyene.

Dialogboksen Gene Expression Chart Sorting (Sortering i genuttryksdiagram).



2. Klikk på Z-A i dialogboksen for å sortere listen i omvendt alfabetisk rekkefølge.
3. Hvis du vil flytte et begrep manuelt, velger du begrepet og klikker på den relevante knappen mellom diagrammene:
 - Klikk på pil opp eller pil ned for å flytte det valgte begrepet én posisjon.
 - Klikk på pil opp- eller pil ned-rullefeltet for å flytte det valgte begrepet til øverste eller nederste posisjon på listen.
4. Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til fanen Gene Expression (Genuttrykk).

Endre innstillingene for mål- og prøvefarge

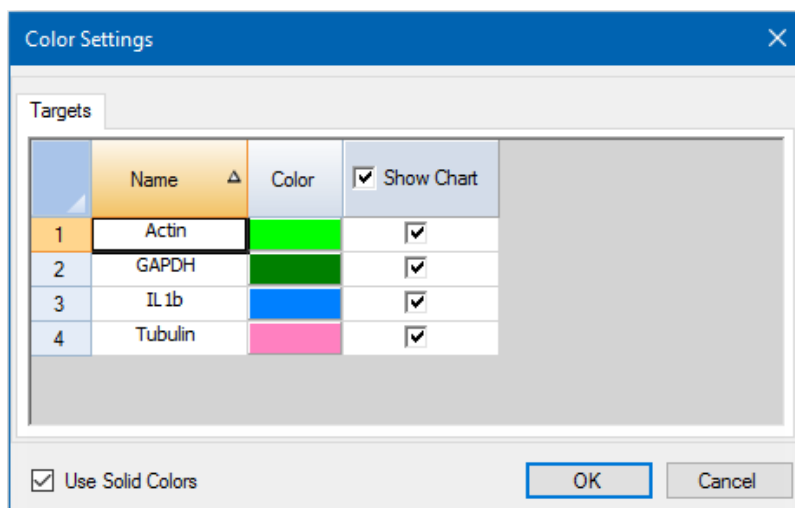
Merknad: Dette alternativet er kun tilgjengelig for genuttryksdiagrammer.

Bruk dialogen Color Settings (Fargeinnstillinger) for å endre fargen på et mål eller en prøve, eller for å fjerne elementet fra grafen.

Slik endrer du fargeinnstillinger

1. Velg Color Settings (Fargeinnstillinger) fra diagramverktøyene.

Dialogboksen Color Settings (Fargeinnstillinger) vises.



2. For å endre fargen på et mål eller en prøve må du klikke på den gjeldende fargen i Color (Farge)-kolonnen.
3. I dialogboksen Color (Farge) som vises, velger du en ny farge og klikker på OK.
4. Du fjerner elementet fra genuttryksgrafene ved å fjerne merket i den respektive boksen i kolonnen Show Chart (Vis diagram).

Tips: Du fjerner alle elementer fra genuttryksgrafene ved å fjerne merket i boksen Show Chart (Vis diagram) i kolonneoverskriften.

5. (Valgfritt) Som standard vises søylediagrammets farge i gradientform. For å vise fargen i heldekkende form må du velge Use Solid Colors (Bruk heldekkende farger).
6. Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til fanen Gene Expression (Genuttrykk).

Forstørre et område i diagrammet

Slik forstørrer du et område i diagrammet

- Klikk og dra over diagrammet, og klikk deretter på Zoom. Programvaren endrer størrelsen på diagrammet og senterer det i det valgte området.

Merknad: Bar Chart (Søylediagram) krever ikke at du klikker på popup-kommandoen Zoom.

Slik tilbakestiller du diagrammet til full visning

- Høyreklikk i diagrammet og velg Set Scale to Default (Sett skala til standard).

Kopiere diagrammer til en Microsoft-fil

Du kan kopiere datadiagrammer til Microsoft Word-, Excel- eller PowerPoint-dokumenter. Bildeoppløsningen er den samme som på skjermen bildet ble hentet fra.

Slik kopierer du diagrammer til en Microsoft-fil

1. I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) klikker du på Copy To Clipboard (Kopier til utklippstavlen) øverst til høyre i diagrammets rute.
2. Åpne en tom Microsoft-fil og lim inn innholdet fra utklippstavlen.

Vanlige elementer i høyreklikkmenyen for diagrammer

Tabell 15 viser en liste over elementer i høyreklikkmenyen som er tilgjengelige for diagrammer. Noen av elementene er til stede for alle diagrammer, inkludert elementer for å endre hvordan dataene vises eller for enkelt å eksportere data fra et diagram.

Tabell 15. Elementer i høyreklikkmenyen for diagrammer

Element	Funksjon
Copy (Kopier)	Kopierer diagrammet til utklippstavlen.
Save Image As (Lagre bilde som)	Lagrer bildet i en spesifisert størrelse, oppløsning og filtype inkludert PNG (standard), JPG og BMP.
Page Setup (Sideoppsett)	Viser alternativene for utskriftsoppsett.
Print (Skriv ut)	Skriver ut diagrammet.
Set Scale to Default (Angi skala til standard)	Gjenoppretter diagrammets standardvisning etter at diagrammet har vært forstørret.

Element	Funksjon
Chart Options (Diagramalternativer)	Åpner vinduet Chart Options (Diagramalternativer) for å endre diagrammet, inkludert tittelen, velge grenser for X- og Y-aksene, vise rutenettlinjer og vise mindre hakemerker på aksene.

Merknad: Menyelementer som gjelder for bestemte diagrammer, er beskrevet i [Kapittel 11, Detaljer om dataanalyse](#).

Regneark

Regnearkene som vises i Data Analysis (Dataanalyse), inkluderer alternativer for sortering og overføring av data. Du kan sortere kolonnene ved hjelp av én av disse metodene:

- Klikk og dra en kolonne til en ny plassering i den valgte tabellen.
- Klikk på kolonneoverskriften for å sortere dataene i stigende eller synkende rekkefølge.

Slik sorterer du opptil tre kolonner med data i vinduet Sort (Sortering)

1. Høyreklikk i regnearket og velg Sort (Sorter).
2. I dialogboksen Sort (Sortering) velger du den første kolonnetittelen som skal sorteres. Sorter dataene i stigende eller synkende rekkefølge.
3. Velg en andre eller tredje kolonne som skal sorteres, og velg Ascending (Stigende) eller Descending (Synkende).
4. Klikk på OK for å sortere dataene eller på Cancel (Avbryt) for å stoppe sorteringen.

Tips: Uthev dataene i de tilhørende diagrammene og brønnvelgeren ved å holde musepekeren over en celle. Klikk på en celle for å kopiere innholdet og lime det inn i et annet program.

Vanlige elementer i høyreklikkmenyen for regneark

Tabell 16 viser de tilgjengelige elementene i høyreklikkmenyen i alle regnearkvisninger.

Tabell 16. Elementer i høyreklikkmenyen for regneark

Element	Funksjon
Copy (Kopier)	Kopierer innholdet i de valgte brønnene til en utklippstavle, og limer deretter innholdet inn i et regneark, som f.eks. Excel.
Copy as Image (Kopier som bilde)	Kopierer regnearkvisningen som en bildefil og limer den inn i en fil som godtar en bildefil, som f.eks. tekst-, bilde- eller regnearkfiler.
Print (Skriv ut)	Skriver ut den gjeldende visningen.
Print Selection (Skriv ut utvalg)	Skriver ut det gjeldende utvalget.
Export to Excel (Eksporter til Excel)	Eksporterer dataene til et Excel-regneark.
Export to Text (Eksporter til tekst)	Eksporterer dataene til et tekstbehandlingsprogram.

Tabell 16. Elementer i høyreklikkmenyen for regneark, forts.

Element	Funksjon
Export to CSV (Eksporter til CSV)	Eksporterer dataene til en .csv-fil.
Export to Xml (Eksporter til Xml)	Eksporterer dataene til en .xml-fil.
Export to Html (Eksporter til Html)	Eksporterer dataene til en .html-fil.
Find (Søk)	Søker etter tekst.
Sort (Sorter)	Sorterer dataene i opptil tre kolonner.
Select Columns (Velg kolonner)	Velger kolonnene som skal vises i regnearket.

Eksport

CFX Maestro Dx SE har fire eksportalternativer i rullegardinmenyen:

- Export All Data Sheets (Eksporter alle dataark)
- Export RDML Files (Eksporter RDML-filer)
- Custom Export (Tilpasset eksport)
- Export to LIMS Folder (Eksporter til LIMS-mappe)
- Manuell eksport

Eksporter alle dataark

Du kan eksportere alle regnearkvisningene fra hver fane i CFX Maestro Dx SE til individuelle filer.

Slik eksporterer du alle dataark

- ▶ Velg Export > Export All Data Sheets to Excel (Eksport > Eksporter alle dataark til Excel), og velg deretter ønsket filtype:

- CSV (*.csv)
- Tekst (*.txt)
- Excel-arbeidsbok (*.xlsx)

Eksporterte analyser lagres i flere Excel-arbeidsbokfiler med ett regnearkfelt for analysedata per fil. Når en analyse inkluderer flere fluoroforer, eksporteres dataene fra hver fluorofor til en separat regnearkfane.

- Excel arbeidsbok – kombinert (*.xlsx)

Eksporterte analyser lagres i én Excel-fil som inkluderer flere regnearkfaner, én for hvert analysedatasett.

- Excel 97–2003 (*.xls)

Viktig: Datamaskinen din må ha Microsoft Excel installert for at du skal kunne eksportere data til et Microsoft Excel-regneark.

- XML (*.xml)

Eksportere RDML-filer

RDML er en strukturert og universell datastandard for utveksling av kvantitative PCR (qPCR)-data. Datastandarden er en tekstfil i formatet Extensible Markup Language (.xml). Se det internasjonale RDML Consortium-nettstedet (www.rdml.org) for mer informasjon om RDML-datautvekslingsformatet.

Viktig: Eksporterte RDML-filer inkluderer analysedata med baselinjeinnstillingene som du bruker i Data Analysis-vinduet (Dataanalyse). For mer informasjon om grunnlinjeinnstillinger, se [Baselinjeinnstillinger på side 192](#).

Merknad: Lagre RDML-filen som versjon 1.1 hvis du bruker versjon 2.3 eller nyere av qbase+-programvaren.

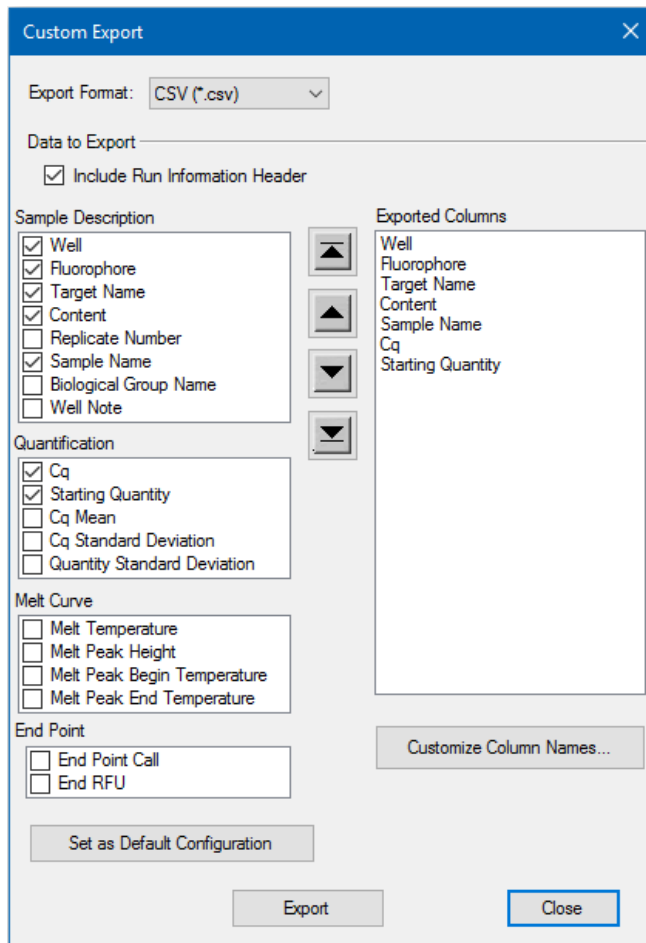
Slik eksporterer du en RDML-fil

1. Velg Export > Export RDML Files (Eksport > Eksporter RDML-filer) og velg RDML v1.1 eller RDML v1.0 fra listen som vises.
Dialogboksen Save As (Lagre som) vises.
2. I dialogboksen Save As (Lagre som) angir du et filnavn og et lagringssted for RDML-filen.
3. Klikk på OK for å lagre eksportfilen.

Opprette en tilpasset eksportfil

Slik oppretter du en tilpasset eksportfil

1. Velg Export > Custom Export (Eksport > Tilpasset eksport). Dialogboksen Custom Export (Tilpasset eksport) vises.



2. Velg eksportformatet fra rullegardinmenyen som vises.
3. Merk avmerkingsboksene for elementene som skal eksporteres.
4. (Valgfritt) Klikk på Customize Column Names (Tilpass kolonnenavn) for å endre kolonnenavn.
5. Klikk på Export (Eksport). Dialogboksen Save As (Lagre som) vises.
6. I dialogboksen Save As (Lagre som) angir du et filnavn og et lagringssted for den eksporterte filen.
7. Klikk på OK for å lagre eksportfilen.

Eksportere til en LIMS-mappe

Du kan eksportere data til et LIMS-kompatibelt filformat. Se [Vedlegg C, LIMS-integrering](#) for mer informasjon om oppretting, behandling og bruk av LIMS-filer.

Slik eksporterer du data i LIMS-format

1. Velg Export > Export to LIMS Folder (Eksport > Eksporter til LIMS-mappe).
Dialogboksen Save As (Lagre som) vises.
2. I dialogboksen Save As (Lagre som) angir du et filnavn og et lagringssted for den eksporterte filen.
3. Klikk på OK for å lagre eksportfilen.

Eksportere Seegene-formaterte data

Du kan eksportere dataene fra alle regnearkvisninger til Excel-filer som er strukturert spesielt for bruk med Seegene, Inc.

Tips: Du kan også starte Seegene Viewer automatisk når eksporten er fullført. Se [Kommandoer i menyen Tools \(Verktøy\) på side 65](#) for mer informasjon.

Slik eksporterer du data i et Seegene-spesifikt format

1. Velg Export > Manual Export (Eksport > Manuell eksport)
Dialogboksen Browse For Folder (Søk etter mappe) vises.
2. I dialogboksen Browse For Folder (Søk etter mappe) velger du en mappe der du vil lagre de eksporterte Seegene-formaterte Excel-filene (.xlsx).
Analysene eksporteres i flere Excel-filer med én regnearkfane for analysedata per fil.
3. Klikk på OK for å lagre eksportfilene.

Kapittel 11 Detaljer om dataanalyse

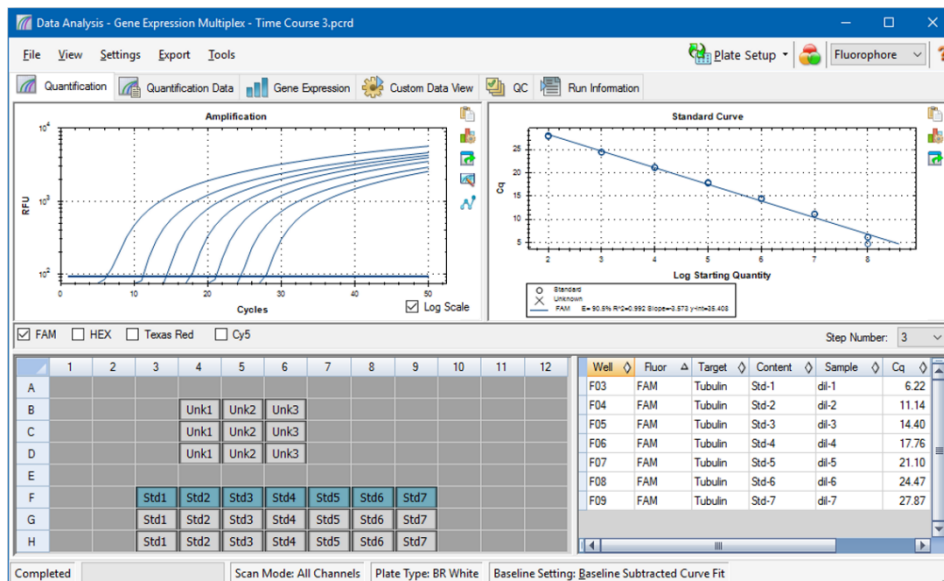
CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition dataanalysevinduet inneholder flere faner der du kan vise data. Dette kapitlet forklarer disse fanene i detalj.

Tips: Du kan velge hvilke faner som skal vises i Data Analysis (Dataanalyse)-vinduet ved bruk av View (Vis)-menyen. Det tilpassede oppsettet lagres med datafilen.

Fanen Quantification (Kvantifisering)

Bruk dataene i fanen Quantification (Kvantifisering) for å angi betingelsene for dataanalysen, inkludert baselinjeinnstillinger for individuelle brønner og terskelinnstillinger. Fanen Quantification (Kvantifisering) viser data i disse fire visningene:

- Amplification chart (Amplifiseringsdiagram) – viser de relative fluorescensenheterne (RFU) for hver brønn i hver syklus. Hver kurve i diagrammet representerer data fra en fluorofor i én brønn.
- Standard curve (Standardkurve) – vises bare hvis kjøringen inkluderer brønner designert som prøvetypen standard (Std). Standardkurven viser terskelsyklusen plottet mot logaritmen av startkvantiteten. Forklaringen viser reaksjonseffektiviteten (E) for hver fluorofor i brønnene med prøver av typen standard.
- Well Selector (Brønnvelger) – velger brønnene med fluorescensdataene du vil vise.
- Spreadsheet (Regneark) – viser et regneark med dataene samlet inn i de valgte brønnene.



Fluoroforalternativer

Velg målfluoroforet eller -fluoroforene under diagrammet Amplification (Amplifisering) for å vise fluorofordata i diagrammene og regnearkene i fanen Quantification (Kvantifisering). Hvis du vil skjule fluorofordataene i vinduet for dataanalyse, fjerner du merkingen i den tilhørende avmerkingsboksen.

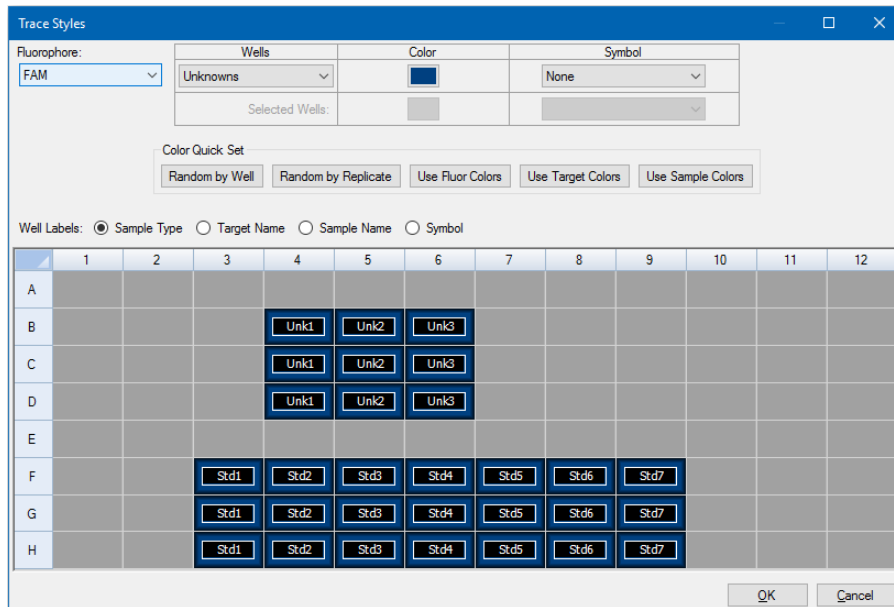
Dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler)

Dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler) kan brukes til å justere utseendet til kurvene i amplifiseringsdiagrammet og smeltekurvediagrammet i fanene Quantification (Kvantifisering) og Melt Curve (Smeltekurve). Deretter kan du forhåndsvisne endringene i brønnvelgeren som vises i dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler).

Slik justerer du kurvestiler

1. Velg kun én fluorofor under diagrammet Amplification (Amplifisering).
2. Velg ett av følgende alternativer for å åpne dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler):
 - Klikk på Trace Styles (Kurvestiler) i diagrammet Amplification (Amplifisering).
 - Velg Settings > Trace Styles (Innstillinger > Kurvestiler) på menylinjen Data Analysis (Dataanalyse).
 - Høyreklikk på en kurve, og velg Trace Styles (Kurvestiler).

Dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler) åpnes.

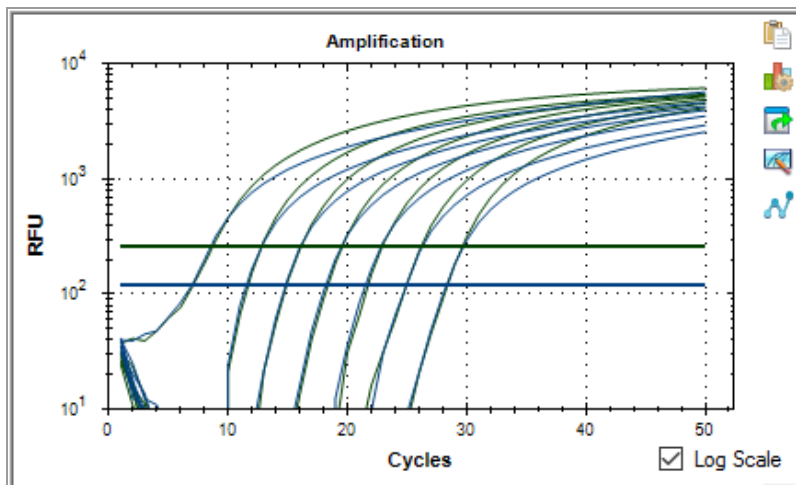


3. Velg et spesifikt sett med brønner i brønnvelgeren i nederste rute i dialogboksen Trace Styles (Kurvestiler). Du kan også velge brønner som inneholder én prøvetype i rullegardinmenyen i kolonnen Wells (Brønner).
4. Velg en av følgende fremgangsmåter:

- Klikk i boksen i kolonnen Color (Farge) for å velge en farge for de valgte brønnene.
- Velg et symbol fra rullegardinmenyen Symbol for å tilordne et symbol til de valgte brønnene.
- For raskt å farge brønnene etter knappeetikett klikker du på det tilhørende hurtigsettet:
 - Random by Well (Tilfeldig etter brønn)
 - Random by Replicate (Tilfeldig etter replikat)
 - Use Fluor Colors (Bruk fluoroforfarer)
 - Use Target Colors (Bruk målfarger)
 - Use Sample Colors (Bruk prøvefarger)
- Velg enten Sample Type (Prøvetype), Target Name (Målnavn), Sample Name (Prøvenavn) eller Symbol for å tilordne brønnetiketter.

Alternativet Log Scale (Log-skala)

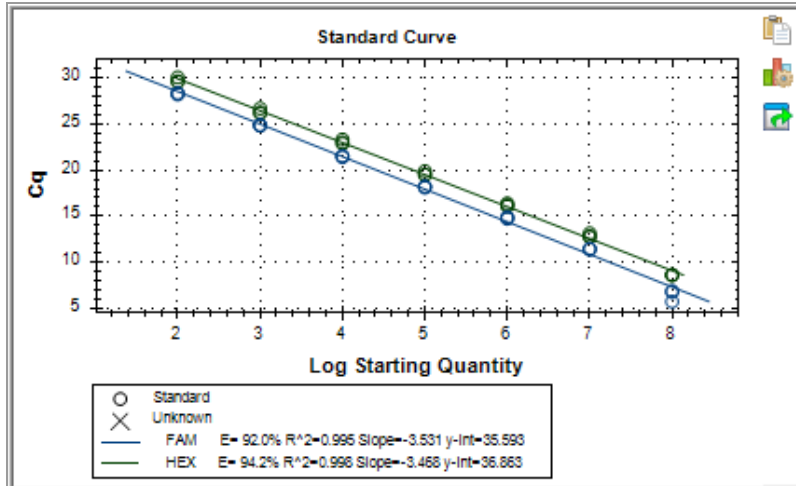
Velg Log Scale (Log-skala) under diagrammet Amplification (Amplifisering) for å se fluorescenskurvene i en semilog-skala:



Tips: Du kan forstørre ethvert område av diagrammet ved å dra over målområdet. Du går tilbake til full visning ved å høyreklikke på diagrammet og velge Set Scale to Default (Angi skala til standard).

Standardkurvediagram

Hvis dataene inkluderer prøvetyper definert som Std (Standard) for minst en fluorofor i kjøringen, oppretter programvaren diagrammet Standard Curve (Standardkurve) i fanen Quantification (Kvantifisering).



Diagrammet Standard Curve (Standardkurve) viser følgende informasjon:

- Navn på hver kurve (fluoroforen eller målet).
- Fargen på hver fluorofor eller mål.
- Reaksjonseffektivitet (E). Bruk denne statistikken til å optimere en multipleks reaksjon og utjevne dataene for en standardkurve.

Merknad: Reaksjonseffektiviteten beskriver hvor stor del av målet som produseres for hver syklus i protokollen. En effektivitet på 100 % indikerer at du dobler målet for hver syklus.

- Bestemmelseskoeffisient, R^2 (uttrykt som R^2). Bruk denne statistikken for å bestemme hvor nøyaktig linjen beskriver dataene (hvor god tilpasningen er).
- Stigningstall
- Y-skjæringspunkt

Menyalternativer i Amplification Chart (Amplifiseringsdiagram)

I tillegg til de vanlige høyreklikk-menyalternativene for diagrammer (se [Vanlige elementer i høyreklikkmenyen for diagrammer på side 206](#)) viser [Tabell 17](#) menyalternativene som er tilgjengelige for diagrammet Amplification Chart (Amplifiseringsdiagram).

Tabell 17. Elementer i høyre- og venstreklikkmenyen for amplifiseringsdiagrammet

Menyalternativ	Funksjon
Well XX, Fluor Target (Brønn XX, fluoroformål)	Viser kun denne brønnen, fjerner denne brønnen fra visningen, angir farge for denne kurven eller ekskluderer denne brønnen fra analysen.
Selected Traces (Valgte kurver)	Viser kun disse brønnene, fjerner disse brønnene fra visningen, angir farge for disse kurvene eller ekskluderer disse brønnene fra analysen.
Show Threshold Values (Vis terskelverdier)	Viser terskelverdien for hver amplifiseringskurve i diagrammet.
Trace Styles (Kurvestiler)	Åpner vinduet Trace Styles (Kurvestiler) for å endre stil på kurvene i fanene Quantification (Kvantifisering) og Melt Curve (Smeltekurve).
Baseline Thresholds (Baselinjeterskler)	Åpner vinduet Baseline Thresholds (Baselinjeterskler) for å endre baselinjen eller tersklene for hvert fluoroformål (endringene vises i amplifiseringsdiagrammet i fanen Quantification (Kvantifisering)).

Regneark i fanen Quantification (Kvantifisering)

[Tabell 18](#) definerer dataene som vises i regnearket i fanen Quantification (Kvantifisering).

Tabell 18. Innhold i regneark med fanen Quantification (Kvantifisering)

Informasjon	Beskrivelse
Well (Brønn)	Brønnposisjon i platen
Fluor (Fluoroformål)	Fluoroformål detektert
Target (Mål)	Target Name (Målnavn) som er lastet inn i Plate Editor (Plateredigering)-brønnene
Content (Innhold)	En kombinasjon av Sample Type (Prøvetype) (påkrevd) og Replicate # (Replikatnr.) (valgfritt) som er lastet inn i Plate Editor (Plateredigering)

Informasjon	Beskrivelse
Sample (Prøve)	Sample Name (Prøvenavn) som er lastet inn i Plate Editor (Plateredigering)-brønnene
C_q	Kvantifiseringssyklus for hver kurve

Endre data for mål, innhold eller prøve

Du kan endre dataene i kolonnene Target (Mål), Content (Innhold) og Sample (Prøve) ved å redigere platefilen ved hjelp av Plate Editor (Plateredigering) selv etter at du har kjørt eksperimentet.

Slik endrer du dataene i kolonnene Content (Innhold), Target (Mål) og Sample (Prøve)

- Klikk på Plate Setup (Plateoppsett) og velg View/Edit Plate (Vis/rediger plate) for å åpne Plate Editor (Plateredigering).

Fanen Quantification Data (Kvantifiseringsdata)

Fanen Quantification Data (Kvantifiseringsdata) viser kvantifiseringsdataene samlet i hver brønn. CFX Maestro Dx SE viser dataene i fire forskjellige regnearkvisninger:

- Results (Resultater) – viser et regneark med dataene. Dette er standardvisningen.
- Standard Curve Results (Resultater for standardkurve) – viser et regneark med standardkurvedataene.
- Plate – viser dataene i hver brønn som et platekart.
- RFU – viser RFU-kvantitetene i hver brønn for hver syklus.

Velg hvert regneark fra rullegardinmenyen som vises under fanen Quantification Data (Kvantifiseringsdata).

Regnearket Results (Resultater)

Regnearket Results (Resultater) viser data for hver brønn i platen.

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

Merknad: Alle beregninger av Std. Dev (Standardavvik) gjelder for replikatgruppene tilordnet i brønnene i vinduet Plate Editor (Plateredigering). Beregningene finner gjennomsnittet av C_q-verdien for hver brønn i replikatgruppen.

Tabell 19 definerer dataene som vises i regnearket Results (Resultater).

Tabell 19. Innhold i regnearket Results (Resultater)

Informasjon	Beskrivelse
Well (Brønn)	Brønnposisjon i platen
Fluor (Fluorofor)	Fluorofor detektert
Target (Mål)	Navn på amplifiseringsmål (gen)
Content (Innhold)	Prøvetype og replikatnummer
Sample (Prøve)	Prøvebeskrivelse
Biological Set Name (Navn på biologisk sett)	Navnet på det biologiske settet
C_q	Kvantifiseringssyklus
C_q Mean (Gjennomsnittlig C_q)	Gjennomsnittet av kvantifiseringssyklusen for replikatgruppen
C_q Std. Dev (Standardavvik for replikatgruppe)	Standardavviket til kvantifiseringssyklusen for replikatgruppen
Starting Quantity (SQ) (Startkvantitet (SQ))	Estimert startkvantitet av målet
Log Starting Quantity (Logaritmen til startkvantiteten)	Logaritmen til startkvantiteten
SQ Mean (Gjennomsnittlig SQ)	Gjennomsnittlig startkvantitet
SQ Std. Dev (Standardavvik for startkvantitet)	Standardavviket til startkvantiteten over replikater

Regnearket Standard Curve Results (Resultater for standardkurve)

Regnearket Standard Curve Results (Resultater for standardkurve) viser parametrene for beregnet standardkurve.

Fluor	Efficiency %	Slope	Y-Intercept	R ²
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

Tabell 20 definerer dataene som vises i regnearket Standard Curve Results (Resultater for standardkurve).

Tabell 20. Innhold i regnearket Standard Curve Results (Resultater for standardkurve)

Informasjon	Beskrivelse
Fluor (or Target) (Fluor (eller mål))	Fluorofor (eller mål) påvist
Efficiency % (Effektivitet %)	Reaksjonseffektivitet
Slope (Stigningstall)	Stigning for standardkurven
Y-intercept (Y-skjæringspunkt)	Punkt der kurven skjærer gjennom y-aksen
R ²	Bestemmelseskoeffisient

Regnearket Plate

Regnearket Plate viser et platekart med dataene for én fluorofor om gangen.

	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			

Slik viser du data for en bestemt fluorofor

- Klikk på tilhørende fane nederst i regnearket.

RFU-regnearket

RFU-regnearket viser avlesningene av de relative fluorescensenhetene (RFU) for hver brønn innhentet i hver syklus av kjøringen. Brønnummeret vises øverst i hver kolonne, og syklusnummeret vises til venstre for hver rad.

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

Fanen Melt Curve (Smeltekurve)

Når det gjelder DNA-bindende fargestoffer og ikke-spaltbare hybridiseringsprober, er fluorescensen sterkest når de to DNA-trådene hybridiseres. Dette betyr at etter hvert som temperaturen øker opp mot smeltetemperaturen (T_m), synker fluorescensen med en konstant hastighet (konstant helling). Ved T_m er det en dramatisk reduksjon i fluorescensen, med en merkbar endring i hellingen. Endringshastigheten bestemmes ved å plote den negative første regresjonen av fluorescens kontra temperatur ($-d(\text{RFU})/dT$). Den største endringshastigheten i fluorescensen resulterer i synlige topper, og den representerer T_m i dobbelttrådede DNA-komplekser.

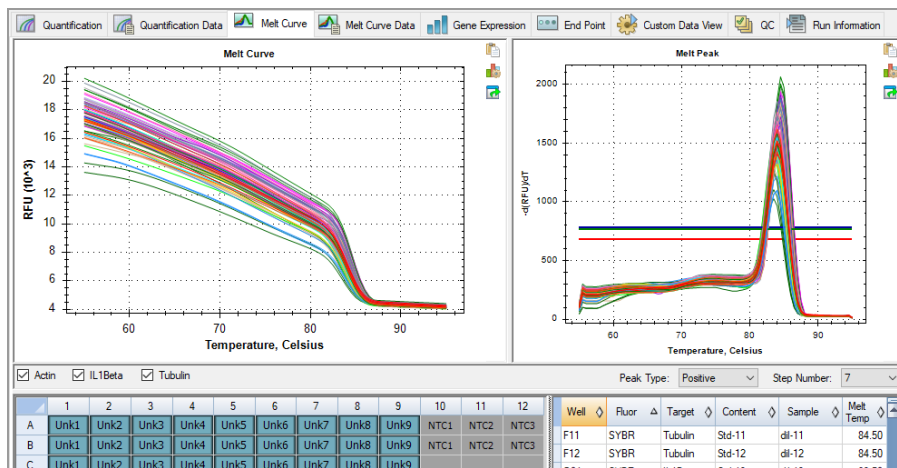
CFX Maestro Dx SE plotter RFU-dataene samlet inn under en smeltekurve som en funksjon av temperatur. For å analysere smeltetoppdataene tildeler programvaren en start- og sluttemperatur til hver topp ved å flytte på terskelsøylen. Nedre grense for toppområdet angis av posisjonen til terskellinjen for smelting. En gyldig topp må ha en minimumshøyde som er relativ til distansen mellom terskelsøylen og høyden på den høyeste toppen.

Fanen Melt Curve (Smeltekurve) viser T_m (smeltetemperatur) for amplifiserte PCR-produkter i fire visninger:

- Melt Curve (Smeltekurve) – viser sanntidsdata for hver fluorofor som RFU-er per temperatur for hver brønn.
- Melt Peak (Smeltetopp) – viser den negative regresjonen til RFU-dataene per temperatur for hver brønn.
- Well selector (Brønnvelger) – viser brønner for å vise eller skjule dataene.
- Regnearket Peak (Topp) – viser dataene samlet inn i den valgte brønnen.

Merknad: Dette regnearket viser opptil to topper for hver kurve. Klikk på fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata) for å vise flere topper.

Kapittel 11 Detaljer om dataanalyse



Tabell 21 definerer dataene som vises i regnearket Melt Curve (Smeltekurve).

Tabell 21. Innhold i regnearket Melt Curve (Smeltekurve)

Informasjon	Beskrivelse
Well (Brønn)	Brønnposisjon i platen
Fluor (Fluorofor)	Fluorofor detektert
Content (Innhold)	En kombinasjon av prøvetype og replikatnummer
Sample (Prøve)	Navn på prøve som er lastet inn i Plate Editor (Plateredigering)
Melt Temp (Smeltetemperatur)	Temperaturen for smeltetoppen for hver brønn Merknad: Kun de to høyeste toppene vises i dette regnearket.

Justere smeltekurvedata

Slik justerer du smeltekurvedata

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter:
 - Klikk og dra terskelsøylene i diagrammet Melt Peak (Smeltetopp) for å inkludere eller ekskludere topper i dataanalysen.
 - Velg Positive (Positiv) i rullegardinmenyen Peaks (Topper) for å vise regnearkdataene for toppene som er over terskellinjen for smelting, eller velg Negative (Negativ) for å vise regnearkdataene for toppene som er under terskellinjen for smelting.
 - Åpne vinduet Trace Styles (Kurvestiler) for å endre fargen på kurvene i diagrammene Melt Curve (Smeltekurve) og Melt Peak (Smeltetopp).
 - Velg et tall i velgeren for Step Number (Trinnummer) for å vise dataene for Melt Curve (Smeltekurve) i et annet trinn i protokollen. Listen viser mer enn ett trinn hvis protokollen inkluderer plateavlesninger i mer enn ett smeltekurvetrinn.
 - Velg brønner i brønnvelgeren for å fokusere på delsett av dataene.
 - Velg en brønngruppe for å vise og analysere et delsett av brønnene i platen. Velg hver brønngruppe etter navn i rullegardinmenyen Well Group (Brønngruppe) på verktøylinjen.

Fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata)

Fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata) viser dataene fra Melt Curve-fanen i flere regneark som inkluderer alle smeltetoppene for hvert spor. CFX Maestro Dx SE har fire regnearkalternativer der du kan se smeltekurvedataene:

- Melt Peaks (Smeltetopper) – viser alle data, inkludert alle smeltetopper, for hver kurve. Dette er standardvisningen.
- Plate – viser en oversikt over dataene og innholdet i hver brønn i platen.
- RFU – viser RFU-verdiene ved hver temperatur for hver brønn.
- $-d(\text{RFU})/dT$ – viser den negative endringsraten i RFU etter hvert som temperaturen (T) endres. Dette er et første regresjonsplott for hver brønn i platen.

Velg hvert regneark fra rullegardinmenyen som vises under fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata).

Regnearket Melt Peaks (Smeltetopper)

Regnearket Melt Peaks (Smeltetopper) viser alle smeltekurvedata.

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	dil-1	84.00	1100.08	79.00	94.00

Tabell 22 på side 231 definerer dataene som vises i regnearket Melt Peaks (Smeltetopper).

Tabell 22. Innhold i regnearket Melt Peaks (Smeltetopper)

Informasjon	Beskrivelse
Well (Brønn)	Brønnposisjon i platen
Fluor (Fluorofor)	Fluorofor detektert
Content (Innhold)	Sample Type (Prøvetype) oppført i vinduet Plate Editor (Plateredigering)
Target (Mål)	Amplifiseringsmål (gen)
Sample (Prøve)	Sample Name (Prøvenavn) oppført i vinduet Plate Editor (Plateredigering)
Melt Temperature (Smeltetemperatur)	Smeltetemperaturen til hvert produkt, oppført som en topp (høyeste) per rad i regnearket
Peak Height (Tophøyde)	Høyde på toppen
Begin Temperature (Starttemperatur)	Temperatur på begynnelsen av toppen
End Temperature (Sluttemperatur)	Temperatur på slutten av toppen

Regnearket Plate

Regnearket Plate viser smeltekurvedata i et plateformat.

	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							

Merknad: For å justere toppen som programvaren kaller, justerer du terskellinjen i diagrammet Melt Peak (Smeltetopp) i fanen Melt Curve (Smeltekurve).

Tabell 23 på side 232 definerer dataene som vises i regnearket Plate.

Tabell 23. Innhold i regnearket Plate

Informasjon	Beskrivelse
Innhold	Kombinasjon av Sample Type (Prøvetype) (påkrevd) og Replicate # (Replikatnr.) (valgfritt)
Prøve	Prøvebeskrivelse
Peak 1 (Topp 1)	Første smeltetopp (høyeste)
Peak 2 (Topp 2)	Andre smeltetopp (lavere)

RFU-regnearket

RFU-regnearket viser fluorescensen for hver brønn ved hver syklus hentet under smeltekurven.

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	16845	14264	15591	15517	16928	16839

Tabell 24 definerer dataene som vises i regnearket RFU.

Tabell 24. Innhold i regnearket RFU

Informasjon	Beskrivelse
Brønnnummer (A1, A2, A3, A4, A5)	Brønnposisjon i platen for brønnene som er lastet inn
Temperature (Temperatur)	Smeltetemperaturen til det amplifiserte målet, plottet som én brønn per rad og flere brønner for flere produkter i den samme brønnen

Regnearket -d(RFU)/dT

Regnearket -d(RFU)/dT viser den negative endringshastigheten i RFU etter hvert som temperaturen (T) endres.

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

Tabell 25 definerer dataene som vises i regnearket -d(RFU)/dT.

Tabell 25. Innhold i regnearket -d(RFU)/dT

Informasjon	Beskrivelse
Brønnnummer (A1, A2, A3, A4, A5)	Brønnposisjon i platen for brønnene som er lastet inn
Temperature (Temperatur) -d(RFU)/dT	Negativ endringshastighet i RFU etter hvert som temperaturen (T) endres

Fanen End Point (Endepunkt)

Åpne fanen End Point (Endepunkt) for å analysere endelige relative fluorescence-enheter (RFU-er) for prøvebrønnene. Programvaren sammenligner RFU-nivåene for brønner med ukjente prøver med RFU-nivåene for brønner med negative kontroller og «kaller» den ukjente positiv eller negativ. Positive prøver har en RFU-verdi som er høyere enn den gjennomsnittlige RFU-verdien til den negative kontrollen pluss cutoff-verdien.

Well	Fluor	Content	Sample	End RFU	Call
C03	HEX	Std-1		15271	(+) Positive
C04	HEX	Std-2		10788	(+) Positive
C05	HEX	Std-3		6245	(+) Positive
C06	HEX	Std-4		4035	(+) Positive
C07	HEX	Neg Ctrl		1887	
D03	HEX	Std-1		15193	(+) Positive
D04	HEX	Std-2		10781	(+) Positive
D05	HEX	Std-3		6294	(+) Positive
D06	HEX	Std-4		4013	(+) Positive
D07	HEX	Neg Ctrl		1882	
E03	HEX	Std-1		14530	(+) Positive
E04	HEX	Std-2		10240	(+) Positive
E05	HEX	Std-3		5838	(+) Positive
E06	HEX	Std-4		3896	(+) Positive
E07	HEX	Neg Ctrl		1882	
F03	HEX	Std-1		14055	(+) Positive
F04	HEX	Std-2		9932	(+) Positive
F05	HEX	Std-3		5826	(+) Positive
F06	HEX	Std-4		3964	(+) Positive
F07	HEX	Neg Ctrl		1883	

For å analysere endepunktdataene må platen inneholde negative kontroller, ellers kan ikke programvaren foreta bestemmelsen.

- Kjør en Quantification (Kvantifisering)-protokoll – sett opp en standardprotokoll. Når kjøringen er fullført, åpner du vinduet Data Analysis (Dataanalyse), justerer innstillingene for dataanalyse i fanen Quantification (Kvantifisering) og klikker deretter på fanen End Point (Endepunkt) for å velge en endepunktskyklus.
- Kjør en End Point Only (Kun endepunkt)-protokoll – last inn protokollen End Point Only (Kun endepunkt) i fanen Plate i vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett), velg eller opprett en plate og start kjøringen.

Fanen End Point (Endepunkt) viser de gjennomsnittlige RFU-verdiene for å bestemme om målet ble amplifisert ved den siste (ende)syklusen. Bruk disse dataene til å bestemme om en bestemt målsekvens er tilstede (positiv) i en prøve. Positive mål har høyere RFU-verdier enn cutoff-nivået du definerer.

Tips: Når du vil opprette en endepunktprotokoll må du åpne fanen Protocol (Protokoll) (vinduet Run Setup (Kjøringsoppsett)) og velge Run > End Point Only Run (Kjør > Kjøring av kun endepunkt).

Når kjøringen er fullført, åpnes datafilen i fanen End Point (Endepunkt), som består av følgende deler:

- Settings (Innstillinger) – justerer innstillinger for dataanalyse.
- Results (Resultater) – viser resultatene umiddelbart etter at du har justert innstillingene.
- Well Selector (Brønnvelger) – velger brønnene med endepunktdataene du vil vise.
- RFU-regneark – viser ende-RFU innsamlet i de valgte brønnene.

Resultatdata

Delen Results (Resultater) viser følgende data:

- Lowest RFU value (Laveste RFU-verdi) – laveste RFU-verdi i dataene
- Highest RFU value (Høyeste RFU-verdi) – høyeste RFU-verdi i dataene
- Negative Control Average (Gjennomsnitt av negative kontroller) – gjennomsnittlig RFU for brønnene som inneholder negative kontroller
- Cut Off Value (Cutoff-verdi) – beregnes ved å legge til toleransen (RFU eller Percentage of Range (Prosent av område) oppført i Settings (Innstillinger)) og gjennomsnittet av de negative kontrollene. Prøver med RFU-er som er større enn grenseverdien, vil bli kalt "Positive". For å justere cutoff-verdien, endrer du RFU eller prosent av område

Cutoff-verdien beregnes med denne formelen:

$$\text{Cutoff-verdi} = \text{gjennomsnitt av negative kontroller} + \text{toleranse}$$

Velg en toleranse ved hjelp av én av disse metodene:

- RFUs (RFU-er) (standard) – velg denne metoden hvis du vil bruke en absolutt RFU-verdi for toleransen. Minimum RFU-toleranseverdi er 2. Maksimum er den absolutte verdien av den høyeste RFU-verdien minus den absolutte verdien av den laveste RFU-verdien. Standard RFU-toleranseverdi er 10 % av det totale RFU-området.
- Percent of Range (Prosent av område) – velg denne metoden hvis du vil bruke en prosent av RFU-området for toleransen. Minimum prosent av området er 1 %. Maksimum prosent av området er 99 %. Standard prosent av området er 10 %.

Justere analysen av endepunktsdata

Slik justerer du dataene i fanen End Point (Endepunkt)

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter:
 - Velg en fluorofofor fra rullegardinmenyen.
 - Velg en verdi for End Cycle to Average (Endesykluser som brukes til å finne gjennomsnitt) for å angi antall sykluser som skal brukes til å beregne gjennomsnittlig endepunkt-RFU.
 - Velg RFU-er for å vise data i relative fluorescerende enheter.
 - Velg Percentage of Range (Prosentvist område) for å vise dataene som en prosentandel av RFU-området.
 - Velg brønner i brønnvelgeren for å fokusere på delsett av dataene.
 - Velg en brønngruppe for å vise og analysere et delsett av brønnene i platen. Velg hver brønngruppe etter navn i rullegardinmenyen Well Group (Brønngruppe) på verktøylinjen.

RFU-regneark for endepunktsanalyse

Tabell 26 definerer dataene som vises i RFU-regnearket i fanen End Point (Endepunkt).

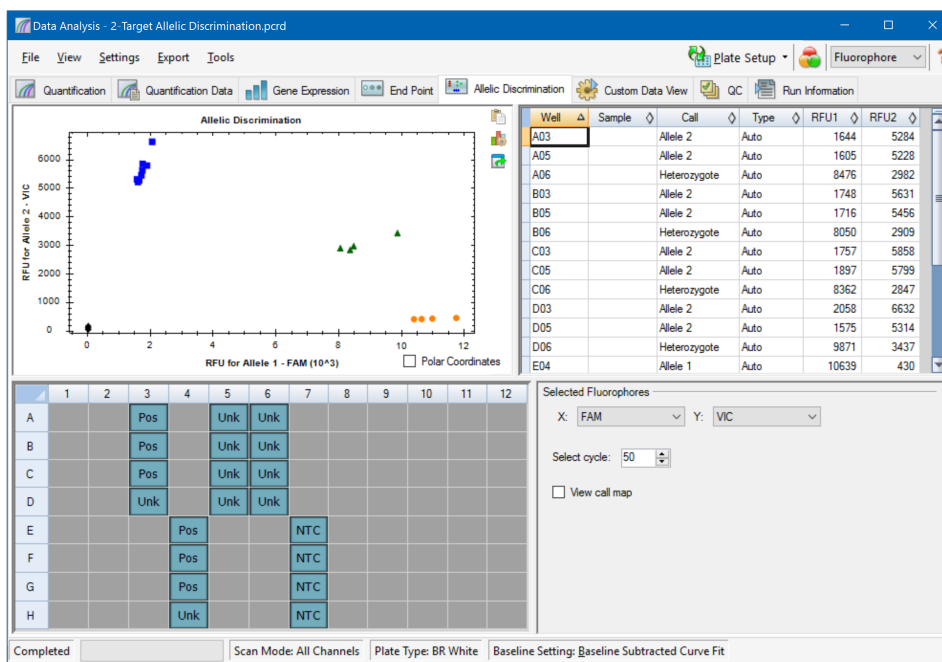
Tabell 26. Innhold i RFU-regnearket End Point (Endepunkt)

Informasjon	Beskrivelse
Well (Brønn)	Brønnposisjon i platen
Fluor (Fluorofofor)	Fluorofofor detektert
Content (Innhold)	Kombinasjon av prøvetype og replikatnummer
End RFU (Ende-RFU)	RFU ved endepunktssyklusen
Call (Bestemmelse)	Positive (Positiv) eller Negative (Negativ), der positive prøver har en RFU-verdi som er større enn gjennomsnittlig RFU for de negative kontrollene pluss Cut Off Value (Cutoff-verdi)
Sample (Prøve)	Sample Name (Prøvenavn) som er lastet inn i Plate Editor (Plateredigering)

Fanen Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)

Fanen Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering) tilordner genotyper til brønner med ukjente prøver. Bruk disse dataene til å identifisere prøver med ulike genotyper, inkludert Allele 1 (Allel 1), Allele 2 (Allel 2), Heterozygote (Heterozygot), No Call (no amplification) (Ingen bestemmelse (ingen amplifisering) eller Undetermined (Ubestemt).

Merknad: Dataene for allelisk diskriminering må komme fra multiplex kjøring med minst to fluoroforer. Hver fluorofor identifiserer ett allel i alle prøver.



Allelisk diskriminering krever følgende minimale brønninnhold:

- To fluoroforer i hver brønn
- NTC-prøver (ikke-templatkontroll) for optimert dataanalyse

CFX Maestro Dx SE har fire alternativer for visning av data om allelisk diskriminering:

- Diagram over allelisk diskriminering – viser dataene på en graf over RFU for allel 1 / allel 2. Hvert av punktene på grafen representerer data fra begge fluoroforer i én brønn. Du kan veksle mellom kartesiske koordinater og polarkoordinater ved å merke eller fjerne merkingen i avmerkingsboksen Polar Coordinates (Polarkoordinater). Cartesian Coordinates (Kartesiske koordinater) representerer RFU for allel 1 på x-aksen og RFU for allel 2 på y-aksen. Polarkoordinater representerer vinkelen på x-aksen og avstanden mellom origo og RFU på y-aksen (medianen til alle NTC-er).

- Brønnregneark – viser data for allelisk diskriminering, som er samlet inn i hver av brønnene på platen.
- Brønnvelger – velger brønnene som har de alleliske dataene du vil vise.
- Panelet Selected Fluorophores (Valgte fluoroforer) – endrer etikettene på x- og y-aksene i diagrammet for allelisk diskriminering, syklusen som skal analyseres og hvorvidt bestemmelseskartet skal vises.

Justere data for allelisk diskriminering

Programvaren tilordner automatisk en genotype til brønner med ukjente prøver basert på posisjonene til NTC-ene samt vinkelen og avstanden til de ukjente datapunktene fra NTC-ene.

Slik justerer du data for allelisk diskriminering

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter:
 - Hvis du vil vise polarkoordinater, merker du avmerkingsboksen i diagrammet Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering).
 - Hvis du vil vise en annen fluorofor, velger du den fra rullegardinmenyen i panelet Selected Fluorophores (Valgte fluoroforer).
 - Hvis du vil endre en bestemmelse, drar du markøren over ett eller flere datapunkter i diagrammet Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering) og velger et alternativ i listen Selected Wells (Valgte brønner):
 - Allele 1 (Allel 1)
 - Allele 2 (Allel 2)
 - Heterozygote (Heterozygot)
 - Undetermined (Ubestemt)
 - No Call (Ingen bestemmelse)
 - Auto Call (Automatisk bestemmelse)

Tips: Velg Auto Call (Automatisk bestemmelse) for å gå tilbake til standard bestemmelse.

Menyalternativer for diagrammer

I tillegg til de vanlige alternativene i høyreklikkmenyen for diagrammer (se [Vanlige elementer i høyreklikkmenyen for diagrammer på side 206](#)), viser **Tabell 27** menyalternativene som er tilgjengelige for diagrammet Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering).

Tabell 27. Alternativer i høyre- og venstreklikkmenyen for diagrammet Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)

Menyalternativ	Funksjon
Zoom	Fokuserer diagramvisningen på det valgte området (ved å klikke og dra markøren i diagrammet). Tips: Hvis du vil gjenopprette zoomingen for å vise alle datapunkter, høyreklikker du og velger Set Scale to Default (Angi skala til standard).
Well (Brønn)	Alternativene for den valgte brønnen er: vis kun denne brønnen, fjern denne brønnen fra visningen, angi farge for denne kurven og ekskludere denne brønnen fra analysen.
Selected Wells (Valgte brønner)	Alternativene for de valgte brønnene (som velges ved å klikke og dra markøren i diagrammet) er: vis kun disse brønnene, fjern disse brønnene fra visningen, angi farge for disse kurvene og ekskluder disse brønnene fra analysen.

Regnearket Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)

Tabell 28 definerer dataene som vises i regnearket Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering).

Tabell 28. Innhold i regnearket for allelisk diskriminering

Informasjon	Beskrivelse
Well (Brønn)	Brønnposisjon i platen
Sample (Prøve)	Navn på prøven
Call (Bestemmelse)	Identiteten til allelen, inkludert automatisk Allele 1 (Allel 1), Allele 2 (Allel 2), Heterozygote (Heterozygot), No Call (Ingen bestemmelse) eller Undetermined (Ubestemt)

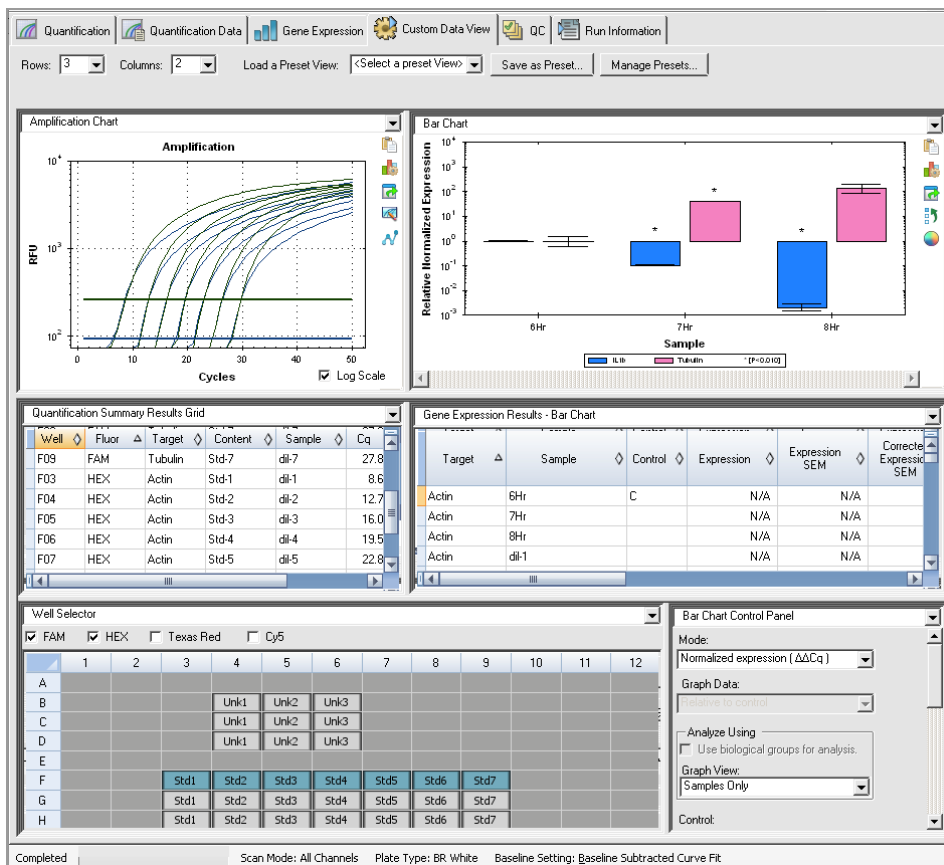
Tabell 28. Innhold i regnearket for allelisk diskriminering, forts.

Informasjon	Beskrivelse
Type	Auto (Automatisk) eller Manual (Manuell) beskriver hvordan bestemmelsen ble gjort. Automatisk betyr at programvaren valgte bestemmelsen. Manuell betyr at brukeren valgte bestemmelsen.
RFU1	Relative fluorescensenheter for Allele1 (Allel 1)
RFU2	Relative fluorescensenheter for Allele2 (Allel 2)

Fanen Custom Data View (Tilpasset datavisning)

I fanen Custom Data View (Tilpasset datavisning) vises flere ruter i tilpassbart format samtidig.

Rullegardinmenyen Load a Preset View (Last inn en forhåndsinnstilt visning) inneholder et utvalg av maler for visningsformater. Standardvisningen avhenger av hvilken fil som analyseres. For eksempel, hvis det finnes data for Melt Curve (Smeltekurve), vises standardvisningen Amp+Melt.



Opprette en tilpasset datavisning

Slik oppretter du en tilpasset datavisning

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter:
 - Velg en forhåndsinnstilt visning fra rullegardinmenyen.
 - Velg en annen diagramvisning fra rullegardinmenyen, som du finner øverst i hver rute.
 - Endre antall rader og kolonner i fanen.
 - Endre størrelse på hver enkelt rute. Trekk i kantene ytterst på hver av rutene.

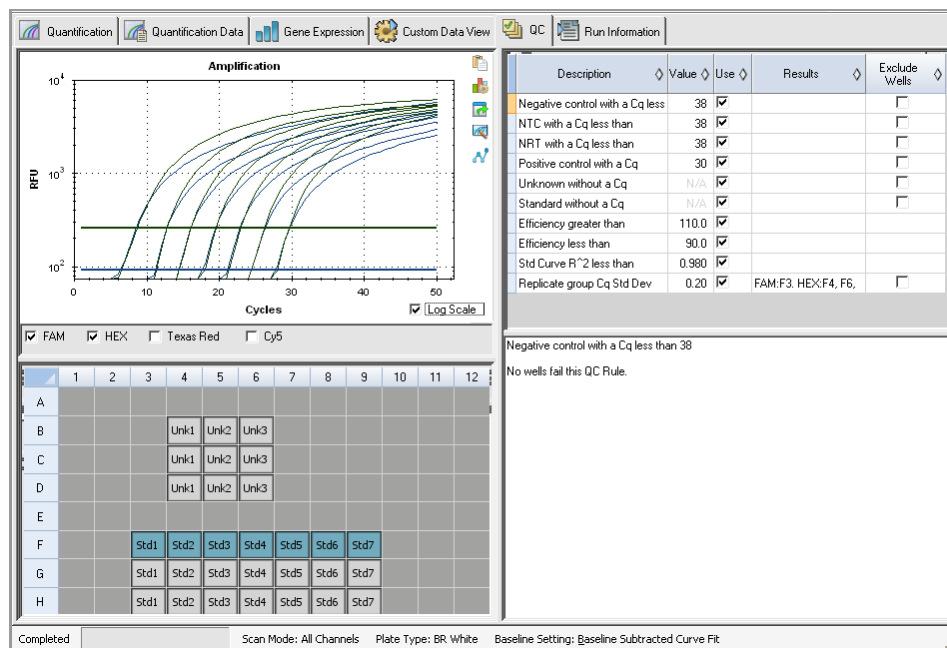
Klikk på **Save as Preset** (Lagre som forhåndsinnstilling) for å lagre tilpasningen som en forhåndsinnstilt mal. Klikk på **Manage Presets** (Administrer forhåndsinnstillinger) for å slette, endre navn på eller gjenopprette eksisterende forhåndsinnstilte visninger.

Fanen QC (Kvalitetskontroll)

Bruk fanen QC (Kvalitetskontroll) til raskt å vurdere kvaliteten på de kjørte dataene basert på reglene i QC-fanen i vinduet User Preferences (Brukerpreferanser).

CFX Maestro Dx SE har fire alternativer for visning av QC-data (Kvalitetskontroll):

- **Amplification chart** (Amplifiseringsdiagram) – viser RFU for hver brønn ved hver syklus. Hver kurve i diagrammet representerer data fra en fluorofor i én brønn.
- **QC rules table** (Regeltabell for kvalitetskontroll) – viser de tilgjengelige kvalitetskontrollreglene og innstillingene som definerer hver regel. Anvendte kvalitetskontrollregler angis med en hake.
- **Well selector** (Brønnvelger) – velger brønnene med fluorescensdataene du vil vise.
- **Sammendragsrute for kvalitetskontrollregel** – viser den valgte kvalitetskontrollregelen og uthver brønner som ikke oppfyller regelen.



Endre kvalitetskontrollkriterier

Slik endrer du kvalitetskontrollkriterier

- Merk eller fjern merket i avmerkingsboksen Use (Bruk) for å inkludere eller ekskludere regelen fra kvalitetskontrollen.

Ekskludere brønner som ikke består kvalitetskontroll

CFX Maestro Dx SE viser brønner som ikke består kvalitetskontrollkriterier i kolonnen Results (Resultater) i tabellen med kvalitetskontrollregler og i sammendragsruten.

Slik ekskluderer du brønner som ikke består kvalitetskontrollkriterier

- ▶ Velg Exclude Wells (Ekskludere brønner) for hver brønn som skal ekskluderes.

Fanen Run Information (Kjøringsinformasjon)

Fanen Run Information (Kjøringsinformasjon) viser protokollen og annen informasjon om hver kjøring. Bruk denne fanen til å gjøre følgende:

- Vise protokollen.
- Legge inn eller redigere merknader om kjøringen.
- Legge inn eller redigere ID-en eller strekkoden for kjøringen.
- Vise hendelser som kan ha oppstått under kjøringen. Bruk disse meldingene som en hjelp til feilsøkingen av en kjøring.

Tips: Høyreklikk i protokollen for å kopiere, eksportere eller skrive den ut. Høyreklikk i rutene Notes (Merknader), ID/Bar Code (ID/strekkode) eller Other (Annet) for å angre, klippe ut, kopiere, lime inn, slette eller velge teksten.

The screenshot displays the 'Run Information' window for a protocol named 'Protocol_CFX_2stepAmp50 1 min.prd'. The interface includes a graph showing temperature changes over time and a table of protocol steps.

Step	Temp (°C)	Time	Action
1	95.0	3:00	C
2	95.0	0:10	C
3	55.0	1:00	C
4	GOTO 2, 49 more times		

Additional information shown in the interface includes:

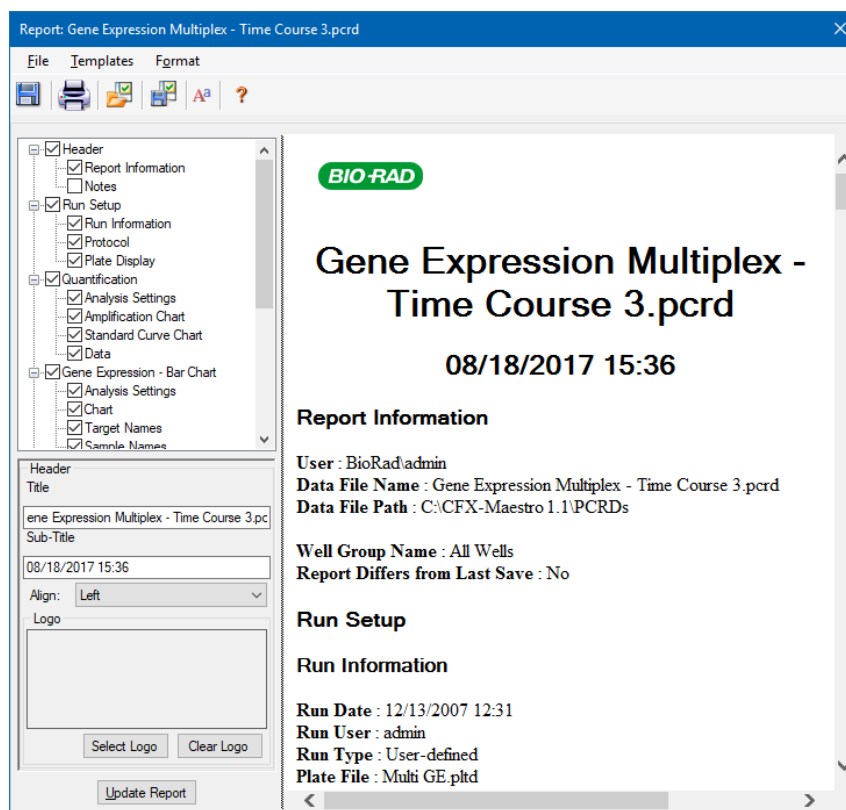
- Notes:** Multiplex Gene Expression Example. Artificial Time course in which Hex (Actin) is constant at ~ 1e5 cps/run, Cy5 (Gad6l) is constant at ~ 1e6 cps/run, Fam (Tubulin) increases 4 fold with time, Texas Red (Il1b) decreases 4 fold with time.
- ID/Bar Code:** 2 49 x
- Other:** Run Started: 12/13/2007 12:31:47 PM, User: admin, Run Type: User-defined, Plate File: Multi GE.pltd, Sample Vol: 25, Lid Temp: 105, Optical Head Serial Number: CC001035, Base Serial Number: CC001035, CFX Manager Version: 1.0.956.1212.

Dataanalyserapporter

Dialogboksen for rapporter viser informasjon om gjeldende datafil i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Velg Tools > Reports (Verktøy > Rapporter) eller klikk på Reports (Rapporter) på verktøylinjen.

Dialogboksen for rapporter består av følgende deler:

- Meny og verktøylinje – inneholder alternativer for å formatere, lagre og skrive ut rapporten eller malen.
- Alternativliste (øverst til venstre i dialogboksen) – inneholder alternativer som kan vises i rapporten.
- Alternativrute (nederst til venstre i dialogboksen) – viser tekstbokser hvor du kan legge inn informasjon om et valgt alternativ.
- Forhåndsvisningsrute (høyre side av dialogboksen) – viser en forhåndsvisning av den gjeldende rapporten.



Kategorier for dataanalyserapporter

Tabell 29 viser alle alternativene som er tilgjengelige for en dataanalyserapport, avhengig av typen data i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Tabell 29. Kategorier for dataanalyserapporter i listen over alternativer

Kategori	Alternativ	Beskrivelse
Overskrift		
		Tittel, undertittel og logo for rapporten
	Report Information (Rapportinformasjon)	Kjøringsdato, brukernavn, datafilnavn, datafilbane og valgt brønngruppe
	Audit Information (Revisjonsinformasjon)	Tilleggsinformasjon som kreves for revisjon, inkludert signaturer
	Notes (Merknader)	Merknader om datarapporten
Run Setup (Kjøringsoppsett)		
	Run Information (Kjøringsinformasjon)	Kjøringsdato, brukernavn, datafilnavn, datafilbane og valgt brønngruppe
	Protocol (Protokoll)	Tekstvisning av protokolltrinn og -alternativer
	Plate Display (Platevisning)	Platevisning av informasjonen for hver brønn i platen
Quantification (Kvantifisering)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Nummer på datainnsamlingstrinn, analysemodus og metode for baselinjesubtraksjon
	Amplification Chart (Amplifiseringsdiagram)	Amplifiseringsdiagram for kjøring som inkluderer kvantifiseringsdata

Tabell 29. Kategorier for dataanalyserapporter i listen over alternativer, forts.

Kategori	Alternativ	Beskrivelse
	Standard Curve Chart (Standardkurvediagram)	Standardkurvediagram
	Data	Regneark som inneholder dataene for hver brønn
Gene Expression (Genuttrykk) – Bar Chart (Søylediagram)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Analysemodus, diagramdata, skaleringsalternativ og diagramfeil
	Chart (Diagram)	Kopi av søylediagrammet
	Target Names (Målnavn)	Diagram med målnavn
	Sample Names (Prøvenavn)	Diagram med prøvenavn
	Data	Regneark som inneholder dataene for hver brønn
	Target Stability (Målstabilitet)	Diagram med målstabilitetsverdier
	Box-and-Whisker Chart (Boksdigram)	Boksdigram
	Dot Plot Chart (Punktplottdiagram)	Dot Plot Chart (Punktplottdiagram)
Gene Expression (Genuttrykk) – Clustergram (Klyngediagram) og Scatter Plot (Spredningsplott)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Innstillinger for hver diagramtype
	Chart (Diagram)	Kopi av diagrammet
	Data	Regneark som lister opp dataene i hvert mål
Gene Expression (Genuttrykk) – ANOVA Data (ANOVA-data)		

Tabell 29. Kategorier for dataanalyserapporter i listen over alternativer, forts.

Kategori	Alternativ	Beskrivelse
	ANOVA Settings (ANOVA-innstillinger)	P-verdigerskel som brukes i analysen
	ANOVA Results (ANOVA-resultater)	Tabell med resultater fra ANOVA og Tukeys HSD post-hoc-analyse
Melt Curve (Smeltekurve)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Smeltetrinnnummer og innstilling for terskellinje
	Melt Curve Chart (Smeltekurvediagram)	Smeltekurvediagram
	Melt Peak Chart (Smeltetoppdiagram)	Smeltetoppdiagram
	Data	Regneark som inneholder dataene for hver brønn
Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Viser fluorofores, syklus og bestemmelseskart
	Allelic Discrimination Chart (Allelisk diskrimineringsdiagram)	Kopi av det alleliske diskrimineringsdiagrammet
	Data	Regneark som inneholder dataene for hver brønn
End Point (Endepunkt)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Fluorofor, gjennomsnitt av angitte sluttsykluser, modus, laveste RFU-verdi, høyeste RFU-verdi og cutoff-verdi
	Data	Regneark som inneholder dataene for hver brønn

Tabell 29. Kategorier for dataanalyserapporter i listen over alternativer, forts.

Kategori	Alternativ	Beskrivelse
QC Parameters (Kvalitetskontrollparametere)	Data	Regneark som inneholder parametrene for hver kvalitetskontrollregel

Opprette en dataanalyserapport

Du kan lagre rapportoppsettet som en mal, som du kan bruke om igjen for lignende rapporter.

Slik oppretter du en dataanalyserapport

1. Gjør de siste justeringene i brønninnhold, valgte brønner, diagrammer og regneark i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) før du oppretter rapporten.
2. Velg Tools > Reports (Verktøy > Rapporter) i menylinjen i Data Analysis (Dataanalyse) for å åpne dialogboksen Report (Rapport).
3. Velg alternativene du vil inkludere i rapporten. Rapporten åpnes med standardalternativene valgt. Merk av eller fjern merket i avmerkingsboksene for å endre hele kategorier eller individuelle alternativer i en kategori.

[Tabell 29 på side 247](#) viser de tilgjengelige alternativene.

Merknad: Dataene som vises i rapporten, avhenger av de aktuelle utvalgene i fanene i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). En kvantifiseringskjøring kan for eksempel ikke inneholde en standardkurve, og disse dataene vil derfor ikke vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) eller i datarapporten.

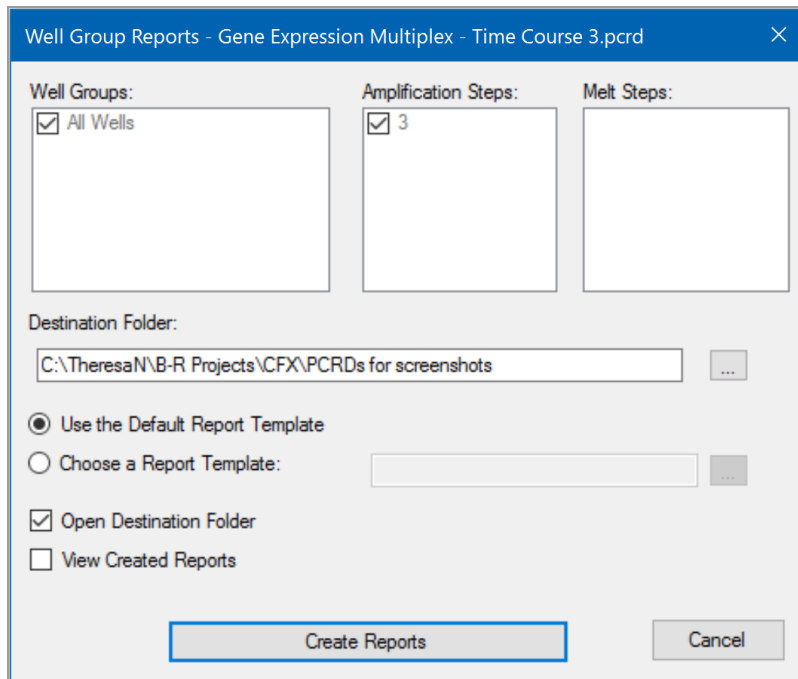
4. Endre rekkefølgen på kategoriene og elementene i en rapport. Dra alternativene til den relative posisjonen. Rekkefølgen på elementene kan bare endres innenfor kategoriene de tilhører.
5. (Valgfritt) I ruten Report Options (Rapportalternativer) legger du inn informasjon som er relevant for det valgte alternativet:
 - Velg et delsett med informasjon som skal vises i rapporten.
 - Velg spesifikke innstillinger for det valgte alternativet.
 - Endre teksten som skal vises for det valgte alternativet.
6. Klikk på Update Report (Oppdater rapport) for å oppdatere Report Preview (Forhåndsvisning av rapport) med eventuelle endringer.
7. Skriv ut eller lagre rapporten:
 - a. Klikk på knappen Print Report (Skriv ut rapport) på verktøylinjen for å skrive ut den aktuelle rapporten.
 - b. Velg File > Save (Fil > Lagre) for å lagre rapporten som PDF (Adobe Acrobat Reader-fil), MHT (Microsoft-dokument) eller MHTML (Microsoft-dokument) filformat.
 - c. Velg et sted der filen skal lagres.
 - d. Velg File > Save As (Fil > Lagre som) for å lagre rapporten med et nytt navn eller på et nytt sted.

8. (Valgfritt) Opprett en rapportmal med informasjonen du ønsker. Hvis du vil lagre de gjeldende rapportinnstillingene i en mal, velger du Template > Save (Mal > Lagre) eller Save As (Lagre som). Deretter laster du inn rapportmalen neste gang du vil lage en ny rapport.

Opprette Well Group Reports (Brønngupperapporter)

Slik oppretter du en brønngupperapport

1. Velg Tools > Well Group Reports (Brønngupperapporter) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).



2. I dialogboksen Well Group Reports (Brønngupperapporter) velger du brønngruppene, amplifiseringstrinnene og smeltetrinnene som skal inkluderes i rapporten.
3. Angi banen eller naviger til målmappen der rapporten skal lagres.
4. (Valgfritt) Velg Choose a Report Template (Velg en rapportmal) og naviger til mappen med malfilen.
5. (Valgfritt) Velg Open Destination Folder (Åpne målmappe) for å åpne mappen og vise rapportene når de har blitt generert.
6. Klikk på Create Reports (Opprett Rapporten).

Kapittel 12 Analyse av genuttrykk

Når du bruker grundig kvalifiserte kontroller i reaksjonene, kan du bruke CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition til å utføre en genuttrykkskjøring til å normalisere de relative differansene i en målkonsentrasjon blant prøver. Uttrykksnivåer for ett eller flere referansegener brukes vanligvis til å normalisere uttrykksnivåene i et interessegen. Referansegener tar hensyn til innlastingsforskjeller eller andre variasjoner som finnes i hver prøve, og uttrykksnivåene skal ikke bli påvirket i det biologiske systemet som undersøkes.

Velg fanen Gene Expression (Genuttrykk) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) for å evaluere relative differanser mellom PCR-reaksjoner i to eller flere brønner. Du kan for eksempel evaluere relative antall av virale genomer eller relative antall av transfekterte sekvenser i en PCR-reaksjon. Det vanligste bruksområdet for studier av genuttrykk er sammenligning av cDNA-konsentrasjon i mer enn én reaksjon for å estimere nivået av messenger-RNA («budbringer-RNA») i likevektstilstand.

Programvaren beregner det relative uttrykksnivået til et mål med ett av disse scenarioene:

- Relativt uttrykksnivå for en målsekvens (mål 1) i forhold til et annet mål (mål 2), som for eksempel mengden av ett gen i forhold til et annet gen under samme prøvebehandling.
- Relativt uttrykksnivå for en målsekvens i en prøve sammenlignet med samme mål under forskjellig prøvebehandling, for eksempel den relative mengden av ett gen i forhold til seg selv under forskjellige tidsmessige, geografiske eller utviklingsmessige forhold.

Plateoppsett for analyse av genuttrykk

For utføring av analyse av genuttrykk må innholdet i brønnene inneholde følgende:

- To eller flere mål – de to målene som representerer forskjellige amplifiserte gener eller sekvenser i prøvene.
- Ett eller flere referansemål – minst ett mål må være et referansemål for normalisert uttrykk. Tilordne alle referansemål i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) til å analysere dataene i modusen Normalized Expression (Normalisert uttrykk) ($\Delta\Delta C_q$). Kjøringer som ikke inneholder en referanse, må analyseres ved bruk av modusen Relative Expression (Relativt uttrykk) (ΔC_q).
- Felles prøver – reaksjonene må inkludere felles prøver (minst to er obligatorisk) for å vise dataene plottet i fanen Gene Expression (Genuttrykk). Disse prøvene skal representere ulike behandlinger eller betingelser for hver av målsekvensene. Tilordne en kontrollprøve (valgfritt) i vinduet Experiment

Settings (Eksperimentinnstillinger). Hvis du ikke velger en kontroll, bruker programvaren den laveste C_q som kontrollen.

Kravene for oppsett av Gene Expression (Genuttrykk) i Plate Editor (Plateredigering) avhenger av om reaksjonsinnholdet er enkeltpleks PCR, med én fluorofor i reaksjonene, eller multipleks PCR, med mer enn én fluorofor i reaksjonene.

Guidet plateoppsett

Hvis plateoppsettet av en datafil ikke inneholder informasjonen som trengs for analyse, og fanen Gene Expression (Genuttrykk) velges, vil plassen som vanligvis inneholder søylediagrammet, vise instruksjoner for å legge inn denne informasjonen. Utfør følgende trinn for normalisert genuttrykk:

1. Definer navn på Target (Mål) og Sample (Prøve) ved å bruke ett av følgende:
 - Plate Setup (Plateoppsett) – åpner vinduet Plate Editor (Plateredigering).
 - Replace Plate File (Erstatt platefil) – åpner dialogboksen for valg av plate, der du kan navigere til en tidligere lagret platefil som du vil skal erstatte det gjeldende plateoppsettet.
 - Replace PrimePCR File (Erstatt PrimePCR-fil) – åpner dialogboksen for valg av PrimePCR-fil, hvor du kan navigere til en PrimePCR-kjøringsfil og bruke den i plateoppsettet.
2. Velg ett eller flere referansemål og en kontrollprøve via dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger).







Hvis plateoppsettet allerede inneholder informasjon om mål og prøve, behøver du kun utføre det andre trinnet, og dette er merket i oransje. Dette trinnet må utføres før analyse av normalisert genuttrykk kan forekomme.

Merknad: Data for spredningsplott og klyngediagram vises kun dersom alle kravene for normalisert genuttrykk er oppfylt. Disse kravene står oppført under Plate Setup (Plateoppsett) for Gene Expression Analysis (Genuttrykksanalyse).

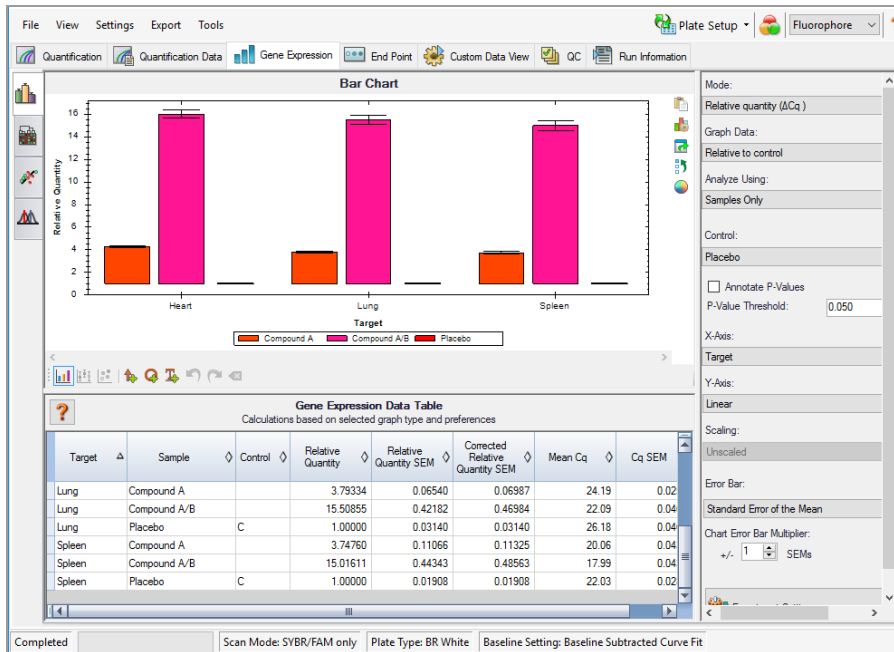
Diagrammer for genuttrykk

CFX Maestro Dx SE viser genuttrykksdata i flere visninger. [Tabell 30](#) viser tilgjengelige diagramalternativer i programvaren.

Tabell 30. Alternativer for diagrammer for genuttrykk

Knapp	Navn	Funksjon
	Graphing (Graf)	Viser data for normalisert genuttrykk i én av følgende visninger: <ul style="list-style-type: none"> ■ Bar Chart (Søylediagram) (standard) ■ Box and Whisker Chart (Boksdigram) ■ Dot Plot Chart (Punktplottediagram)
	Clustergram (Klyngediagram)	Viser dataene for normalisert uttrykk i et hierarki basert på graden av likhet i uttrykket for ulike mål og prøver.
	Scatter Plot (Spredningsplott)	Viser det normaliserte måluttrykket for en kontroll sammenlignet med en eksperimentell prøve.
	ANOVA	Viser resultatene av enveis ANOVA i genuttrykksdata ved bruk av følgende R-pakker for å utføre ANOVA og fastslå Tukey-resultater: <ul style="list-style-type: none"> ■ Companion to Applied Regression (car) ■ Minste kvadraters metode (lsmeans)
	Verktøyet Reference Gene Selection (Valg av referansegene)	(Tilgjengelig på Study Analysis (Studieanalyse)-fanen i Gene Study (Genstudie)-vinduet) Identifiserer de testede referansegene og kategoriserer dem som Ideal (Ideelle), Acceptable (Akseptable) eller Unstable (Ustabile) basert på stabiliteten deres.
	PrimePCR Controls Analysis (Analyse av PrimePCR-kontroller)	(Tilgjengelig på Study Analysis (Studieanalyse)-fanen i Gene Study (Genstudie)-vinduet) Viser resultatene for de testede prøvene.

Graphing (Graf)



Det relative måluttrykket presenteres i disse to visningene:

- Genuttrykksdiagram – viser PCR-data i sanntid som ett av følgende:
 - $\Delta\Delta C_q$ – relativt normalisert uttrykk beregnet ved bruk av kontrollprøver og referansemål.
 - ΔC_q – relativ mengde av målgenet i en prøve sammenlignet med en kontrollprøve.

Se [Endre og anmerke diagramvisningen på side 260](#) for mer informasjon om visning av data.

- Spreadsheet (Regneark) – viser et regneark med genuttrykksdataene.

Tips: Høyreklikk på et diagram eller regneark for alternativer. Velg View/Edit Plate (Vis/rediger plate) fra rullegardinmenyen Plate Setup (Plateoppsett) for å åpne Plate Editor (Plateredigering) og endre brønninnholdet i platen.

Tips: Velg Sort (Sorter) fra høyreklikkmenyen for å endre rekkefølgen for Target (Mål)- og Sample (Prøve)-navn i diagrammet.

Normalisert genuttrykk

Data normaliseres ved å bruke det målte uttrykksnivået til én eller flere referansegener som normaliseringsfaktor. Referansegener er mål som ikke er regulert i det biologiske systemet som undersøkes, som f.eks. *aktin*, *GAPDH* eller *tubulin*.

Slik setter du opp analyse med normalisert genuttrykk ($\Delta\Delta C_q$)

1. Åpne en datafil (av filtypen .pcrd).
2. Se gjennom dataene i fanen Quantification (Kvantifisering) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Juster dataene, som f.eks. endre terskel og analysemodus.
3. Lukk fanen Gene Expression (Genuttrykk).
4. Klikk på Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) i fanen Gene Expression (Genuttrykk).
5. I dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) gjør du følgende:
 - a. Lukk fanen Samples (Prøver), og velg en kontroll. Når en kontroll tilordnes, normaliserer CFX Maestro Dx SE den relative kvantiteten for alle gener til kontrollkvantiteten, som er satt til 1.
 - b. Lukk fanen Target (Mål), og velg referansegener. Analyse av genuttrykk krever én referanse blant målene i prøvene.
6. Velg Normalized Expression (Normalisert uttrykk) ($\Delta\Delta C_q$) hvis det ikke allerede er valgt, og vis deretter uttrykksnivåene i fanen Gene Expression (Genuttrykk).

Merknad: Du kan også bruke Setup Wizard (Oppsettsveiviser) til å sette opp plateoppsettet for analyse av normalisert gensett.

Relativ kvantitet

Relative kvantitetsdata (ΔC_q) blir per definisjon ikke normalisert. Denne metoden brukes til å kvantitere prøver som ikke inkluderer noen referansegener (mål). Vanligvis er forskere sikre på én av følgende vurderinger når de setter opp kjøringen:

- Hver prøve inneholder samme mengde RNA eller cDNA i hver brønn.
- Enhver varians i mengden biologisk prøve som lastes inn, vil bli normalisert etter kjøringen med en metode i dataanalysen utenfor programvaren. En forsker kan for eksempel velge å dividere den relative kvantitetsverdien med normaliseringsfaktoren, muligens massen av nukleinsyre lastet inn for hver prøve, eller antallet celler som nukleinsyren ble isolert fra.

Slik kjører du en relativ kvantitetsanalyse (ΔC_q)

- ▶ I fanen Gene Expression (Genuttrykk) velger du Relative Quantity (Relativ kvantitet) (ΔC_q) fra rullegardinmenyen Mode (Modus) i høyre rute.

Tips: Hvis du vil sammenligne resultater med data fra andre genuttrykkskjøringer, åpner du en ny genstudie eller legger til en datafil i en eksisterende genstudie.

Endre og anmerke diagramvisningen

Ved å bruke kommandoene på diagramverktøylinjen og diagramverktøy for dataanalyse kan du endre diagramvisningen og kommentere hvert diagram. Diagramverktøylinjen vises mellom diagrammet og dataanalyseregnearket nederst på skjermen.

Chart Toolbar Tools (Diagramverktøy på verktøylinjen)







Tips: Se [Diagrammer på side 198](#) for informasjon om diagramverktøyene som vises til høyre for dataanalysediagrammene.

Verktøylinjen under diagrammene gir hurtig tilgang til anmerkingsverktøyer.






Tabell 31 lister opp funksjonene til knappene i diagramverktøylinjen.

Tabell 31. Diagramverktøylinje

Knapp	Navn	Funksjon
	Bar Chart (Søylediagram)	Viser det relative uttrykket av målene.
	Box and Whisker Chart (Boksdigram)	Viser data som kvartilområder (se Beregninger for boksdigram på side 296 for detaljer om beregninger). Merknad: Kun tilgjengelig hvis Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper).
	Dot Plot Chart (Punktplottediagram)	Viser de individuelle prøvedatapunktene for hvert mål. Merk: Kun tilgjengelig hvis Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper).
	Add Arrow (Legg til pil)	Tegner en pil på det aktive diagrammet.
	Add Circle (Legg til sirkel)	Tegner en sirkel på det aktive diagrammet.
	Add Text (Legg til tekst)	Setter inn en tekstboks i det aktive diagrammet, der du kan legge inn tekst for å identifisere interessante elementer i diagrammet.

Tabell 31. Diagramverktøylinje, forts.

Knapp	Navn	Funksjon
	Undo (Angre)	Fjerner eller reverterer den siste anmerkningen utført på det aktive diagrammet.
	Redo (Gjør om)	Reverterer den siste Undo (Angre)-handlingen som ble utført på det aktive diagrammet.
	Clear All (Fjern alle)	Fjerner alle anmerkninger på det aktive diagrammet.

Sortere måldata, prøvedata og data om biologisk gruppe

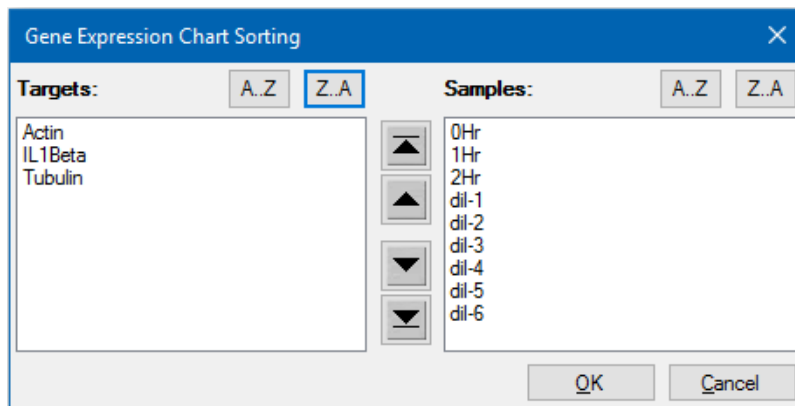
Merknad: Dette alternativet er kun tilgjengelig for genuttryksdiagrammer.

Som standard vises listene Targets (Mål), Samples (Prøver) og Biological Groups (Biologiske grupper) i alfabetisk rekkefølge. Bruk dialogboksen Sort (Sorter) for å sortere visningen i omvendt alfabetisk rekkefølge eller for manuelt å flytte et begrep til en annen plassering på listen.

For å sortere måldata, prøvedata og data om biologisk gruppe

1. Klikk på Sort (Sortere) i diagramverktøyene.

Dialogboksen Gene Expression Chart Sorting (Sortering i genuttryksdiagram).



2. Klikk på Z-A i dialogboksen for å sortere listen i omvendt alfabetisk rekkefølge.
3. Hvis du vil flytte et begrep manuelt, velger du begrepet og klikker på den relevante knappen mellom diagrammene:
 - Klikk på pil opp eller pil ned for å flytte det valgte begrepet én posisjon.

- Klikk på pil opp- eller pil ned-rullefeltet for å flytte det valgte begrepet til øverste eller nederste posisjon på listen.
4. Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til fanen Gene Expression (Genuttrykk).

Endre fargeinnstillinger for mål, prøve og biologisk gruppe

Bruk dialogboksen Color Settings (Fargeinnstillinger) for å endre fargen på et mål, en prøve eller biologisk gruppe, eller for å fjerne elementet fra grafen.

Slik endrer du fargeinnstillinger for målet

1. Kontroller at Sample (Prøve) vises i X-aksens rullegardinmeny i høyre rute i dialogboksen Gene Expression (Genuttrykk).
2. Velg Color Settings (Fargeinnstillinger) i Chart Tools (Diagramverktøy).
Dialogboksen Color Settings (Fargeinnstillinger) vises.
3. Hvis du vil endre visningsfargen for et mål, klikk på fargen i kolonnen Color (Farge).
4. I dialogboksen Color (Farge) som vises, velger du en ny farge og klikker på OK.
5. Hvis du vil fjerne et mål fra genuttryksgrafene, fjerner du merket i avmerkingsboksen i kolonnen Show Chart (Vis diagram).

Tips: Hvis du vil fjerne alle mål, fjerner du merket i Show Chart (Vis diagram) i kolonneoverskriften.

6. (Valgfritt) Søylene vises i heldekkende farger som standard. Hvis du vil vise søylene i graderte farger, fjerner du merket i Use Solid Colors (Bruk heldekkende farger).
7. Klikk på OK for å lagre endringene og gå tilbake til fanen Gene Expression (Genuttrykk).

Slik endrer du fargeinnstillinger for prøven eller den biologiske gruppen

1. Kontroller at Target (Mål) vises i X-aksens rullegardinmeny i høyre rute i dialogboksen Gene Expression (Genuttrykk).
2. Utfør trinnene i [Slik endrer du fargeinnstillinger for målet på side 263](#).

Endre diagramvisningen

Slik endrer du gjeldende diagramvisning

- Velg menykommandoen for ønsket visning på verktøylinjen.

Merknad: Fanen Gene Expression (Genuttrykk) åpnes alltid med dataene i standard søyediagramvisning.

Ekskludere avvikende datapunkter

I punktdiagrammet kan du enkelt vise og ekskludere avvik fra analysen.

Slik ekskluderer du avvikende datapunkter

- ▶ Høyreklikk på ønsket avvik i punktdiagrammet, og velg Exclude Well from Analysis (Ekskluder brønn fra analysen).

Datapunktet fjernes fra punktdiagrammet, og brønnen blir grå i Well Selector (Brønnvelger) i fanen Quantification (Kvantifisering).

Slik inkluderer du et ekskludert avvikende datapunkt

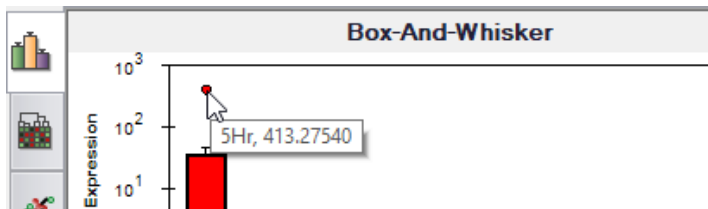
- ▶ I fanen Quantification (Kvantifisering) høyreklikker du på brønnen i Well Selector (Brønnvelger), og deretter velger du Well > Include in Analysis (Brønn > Inkluder i analysen).

Vise informasjon om datapunkter

Slik viser du informasjon om datapunkter

- ▶ Sett markøren på et individuelt datapunkt i bokstegningsdiagrammet eller punktdiagrammet.

Det vises et verktøytips, der du ser prøvenavnet og prøvens uttrykk (relativ kvantitet eller normalisert uttrykk, avhengig av valgt modus).



Anmerke diagrammer

Du kan legge til piler, sirkler og tekst i hver søylediagramvisning for å kommunisere data tydelig. Anmerkningene lagres sammen med søylediagrammet, og vises i den eksporterte og trykte filen. Anmerkninger som gjøres i en diagramvisning, blir imidlertid ikke lagt til i andre diagramvisninger.

Slik tegner du en pil eller sirkel på diagrammet

1. Klikk på ønsket verktøy på verktøylinjen i søylediagrammet.
2. Klikk på søylediagrammet og dra markøren over diagrammet etter behov.

Slik legger du til tekst i diagrammet

1. Klikk på Add Text (Legg til tekst) på verktøylinjen i søylediagrammet.
2. Klikk på søylediagrammet. En tekstboks vises på stedet.
3. Legg til tekst i tekstboksen.
4. Klikk hvor som helst på diagrammet for å lukke tekstboksen.

Tips: Trykk på Enter for å legge til flere linjer i tekstboksen.

Slik flytter du en anmerkning

1. Hold markøren over anmerkningen. Ikonet endres til en pekefinger, og kantlinjen rundt anmerkningen utheves.
2. Klikk på anmerkningen og dra den til en annen posisjon.
3. Slipp anmerkningen for å feste den på plass.

Slik angreer du en anmerkning

- ▶ Klikk på Undo (Angre).

Anmerkningen som ble lagt til sist, fjernes.

Tips: Du kan angre de ti nyeste anmerkningene, én om gangen.

Slik gjør du om en anmerkning

- ▶ Klikk på Redo (Gjør om).

Anmerkningen som ble fjernet sist, kommer tilbake.

Tips: Du kan gjøre om de ti nyeste anmerkningene, én om gangen.

Slik sletter du en anmerkning

- ▶ Høyreklikk på anmerkningen og velg Delete (Slett).

Justere genuttrykksdata

Når du har valgt analysemodus, normalisert uttrykk ($\Delta\Delta Cq$) eller relativ kvantitet (ΔCq), justerer du dataene som vises i fanen Gene Expression (Genuttrykk) ved å endre innstillingsalternativene til høyre for diagrammet.

Tips: Du angir standard dataalternativer for Gene Expression (Genuttrykk) i dialogboksen User Preferences (Brukerpreferanser) (se [Angi standardparametere for datafil for genuttrykk på side 90](#)).

Diagramdata

Angi verdien for Y-aksen til Linear (Lineær) skala for å aktivere alternativer for diagramdata. Alternativer for diagramdata gir deg mulighet til å presentere dataene i diagrammet ved bruk av ett av disse alternativene:

- Relative to control (Relativ til kontroll) – fremstill dataene grafisk med aksene skalert fra 0 til 1. Hvis du tilordner en kontroll i kjøringen, velger du dette alternativet for raskt å visualisere opp- og nedregulering av målet.
- Relative to zero (Relativ til null) – fremstill dataene grafisk med origo på null.

Analyze Using (Analyser ved bruk av)

Bruk rullegardinmenyen for å velge hvordan data blir analysert og plottet. Alternativene er:

- Samples Only (Kun prøver) – data blir analysert og plottet per prøve.
- Biological Groups Only (Kun biologiske grupper) – data blir analysert og plottet for biologiske grupper. Uttrykket som vises for den biologiske gruppen, er det geometriske gjennomsnittet for prøvene i den gruppen.
- Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) – data blir analysert og plottet per prøve, med den biologiske gruppen lagt til etter prøvenavnet. De viste P-verdiene blir beregnet ut fra den biologiske gruppen.
- Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve) – data blir analysert og plottet per prøve, med den biologiske gruppen lagt til før prøvenavnet. De viste P-verdiene blir beregnet ut fra den biologiske gruppen.

Bruk rullegardinmenyen for å velge en prøve som skal brukes til å normalisere relativ kvantitet:

Annotate P-Values (Anmerk P-verdier) og P-Value Threshold (P-verdigerskel)

Når Annotate P-Values (Anmerk P-verdier) er valgt, viser programvaren en stjerne (*) på søylediagrammet over et mål dersom målets P-verdi er under den valgte terskelen. Programvaren

beregner P-verdien automatisk ved å sammenligne prøvens uttrykksnivå med den valgte kontrollprøvens uttrykksnivå ved bruk av en standard t-test. Området for P-verdigerskelen er 0,000–1,000.

Alternativer for x-akse

Med X-Axis Option (Alternativ for x-akse) kan du velge x-aksedata for diagrammet Gene Expression (Genuttrykk):

- Target (Mål) – plotter målnavnene på x-aksen.
- Sample (Prøve) – plotter prøvenavnene på x-aksen.

Alternativer for y-akse

Med alternativet for y-akse kan du vise diagrammet Gene Expression (Genuttrykk) i én av disse tre skalaene:

- Linear (Lineær) – velg dette alternativet for å vise en lineær skala.
 - Tips:** Hvis du setter y-aksen til Linear (Lineær), aktiveres rullegardinmenyen Graph Data (Grafdata), der du kan velge å vise data i forhold til kontroll eller i forhold til null.
- Log 2 – velg dette alternativet for å evaluere prøver over et stort dynamisk område.
- Log 10 – velg dette alternativet for å evaluere prøver over et svært stort dynamisk område.

Alternativer for skalering

Velg Normalized Gene Expression (Normalisert genuttrykk) ($\Delta\Delta C_q$) og still til None (Ingen) for å aktivere alternativene for skalering i diagrammet Gene Expression (Genuttrykk). Velg ett av disse skaleringsalternativene for å beregne og presentere dataene på en måte som best passer til kjøringens design:

- Unscaled (Ikke skalert) – viser det ikke-skalerte normaliserte genuttrykket.
- Highest (Høyest) – skalerer det normaliserte genuttrykket for hvert mål ved å dele uttrykksnivået til hver prøve på det høyeste uttrykksnivået i alle prøvene.
 - Dette skaleringsalternativet bruker skalert-til-høyest-formelen.
- Lowest (Lavest) – skalerer det normaliserte genuttrykket for hvert mål ved å dele uttrykksnivået til hver prøve på det laveste uttrykksnivået i alle prøvene.
 - Dette skaleringsalternativet bruker skalert-til-lavest-formelen.
- Average (Gjennomsnitt) – skalerer det normaliserte genuttrykket for hvert mål ved å dele uttrykksnivået til hver prøve på den geometriske middelveidien til uttrykksnivåene for alle prøvene.
 - Dette skaleringsalternativet bruker skalert-til-gjennomsnitt-formelen.

Velg et alternativ for typen feilberegninger (feilsøyler) i Gene Expression (Genuttrykk)-diagrammet:

Multiplikator for feilsøyler i diagram

Velg en multiplikator for feilsøylene i diagrammet Gene Expression (Genuttrykk). Velg ett av disse heltallene:

- +/- 1 (standard)
- 2
- 3

Typen multiplikator endres når du velger feillinje:

- SEMs for standard error of the mean (SEMs for standardfeil for gjennomsnittet)
- Std Devs for standard deviations (Std Devs for standardavvik)

Ekspérimentinnstillinger

Tips: Denne dialogboksen er også tilgjengelig i Plate Editor (Plateredigering). Hvis du vil ha mer informasjon, se [Endre ekspertinnstillinger på side 148](#).

I dialogboksen Experiment Settings (Ekspérimentinnstillinger) kan du vise eller endre listen med mål, prøver eller biologiske grupper, velge referansegener, velge kontroller eller angi genuttryksanalysegruppen som skal analyseres hvis du har lagt til biologiske grupper for brønnene.

Slik åpner du dialogboksen Experiment Settings (Ekspérimentinnstillinger)

- ▶ I fanen Graphing (Graf) klikker du på Experiment Settings (Ekspérimentinnstillinger) nederst i høyre rute.

Dialogboksen Experiment Settings (Ekspérimentinnstillinger) åpnes i fanen Targets (Mål).

Slik justerer du innstillingene for Targets (Mål)

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter i fanen Targets (Mål):
 - Hvis du vil velge et mål som en referanse for genuttryksdataanalyse, velger du navnet i kolonnen Reference (Referanse).
 - Hvis du vil endre målets farge, klikker du på tilhørende celle i kolonnen Color (Farge) og endrer fargen i dialogboksen Color (Farge) som vises.

Fargeendringen vises i diagrammene Gene Expression (Genuttrykk).

- Hvis du vil bruke en tidligere bestemt effektivitetsverdi, fjerner du merket i målets avmerkingsboks i kolonnen Auto Efficiency (Automatisk effektivitet) og legger inn et tall for effektivitetsprosenten til et mål.

Programvaren beregner den relative effektiviteten for et mål ved hjelp av Auto Efficiency (Automatisk effektivitet) hvis dataene for et mål inkluderer en standardkurve.

Slik endrer du innstillingene for Sample (Prøve)

- ▶ Velg en av følgende fremgangsmåter i fanen Samples (Prøver):
 - Hvis du vil velge en prøve som kontroll for genuttryksdataanalyse, velger du navnet i kolonnen Control (Kontroll).
 - Hvis du vil endre farge på prøvegruppen, klikker du på tilhørende celle i kolonnen Color (Farge) og endrer fargen i dialogboksen Color (Farge) som vises.

Fargeendringen vises i diagrammene Gene Expression (Genuttrykk).
 - Hvis du vil vise prøven i diagrammene Gene Expression (Genuttrykk), velger du den i kolonnen Show Chart (Vis diagram).
 - Hvis du vil fjerne prøven fra diagrammene Gene Expression (Genuttrykk), fjerner du merket i avmerkingsboksen i kolonnen Show Chart (Vis diagram).

Tips: Data for prøvegruppen blir værende i tabellen Results (Resultater).

Slik ekskluderer du en prøvetype fra analyseberegninger

- ▶ Merk tilhørende avmerkingsboks nederst i dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger).

Merknad: Dette vil ekskludere kontroller og/eller standarder fra genuttryksanalysen.

Alternativer i høyreklikkmenyen

Høyreklikk på genuttryksdiagrammet for å velge elementene vist i [Tabell 32](#).

Tabell 32. Elementer på høyreklikkmenyen for genuttrykk

Element	Funksjon
Copy (Kopier)	Kopierer diagrammet til utklippstavlen.
Save Image As (Lagre bilde som)	Lagrer diagrammet som en bildefil. Angi oppløsning og størrelse for bildet, og velg deretter filtype (PNG, JPG, eller BMP).

Tabell 32. Elementer på høyreklikkmenyen for genuttrykk, forts.

Element	Funksjon
Page Setup (Sideoppsett)	Velger et sideoppsett for utskrift.
Print (Skriv ut)	Skriver ut diagrammet.
Set Scale to Default (Angi skala til standard)	Show All (Vis alle) viser alle data i søylediagrammet. Scroll Bar (Rullefelt) viser et rullefelt hvis det er for mange prøver å vise innenfor diagrammets ramme og samtidig opprettholde en minimumsbredde på søylene.
Diagraminnstillinger	Åpner vinduet Chart Settings (Diagraminnstillinger) for justering av grafen.
Sort (Sorter)	Sorterer rekkefølgen på prøvene eller målene som vises på diagrammets X-akse.
Use Corrected Std Devs (Bruk korrigerte standardavvik)	Beregner feilsøylene ved bruk av den korrigerte formelen for standardavvik.
Use Solid Bar Colors (Bruk fylte søyler med farger)	Viser fylte søyler i diagrammet.
X-Axis Labels (Etiketter på X-akse)	Viser etiketter på X-aksen, enten horisontalt eller vinklet.

Dataregneark

Tabell 33 definerer dataene som vises i Gene Expression Data Table (Datatabell for genuttrykk).

Merknad: Verdiene i tabellen er beregnet basert på graftypen og preferansene som er valgt i høyre rute.

Tabell 33. Beskrivelse av informasjon i regnearket i fanen

Informasjon	Beskrivelse
Target (Mål)	Målnavn (amplifisert gen) valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger).
Biological Group (Biologisk gruppe) Sample Biological Group (Prøve-biologisk gruppe) Biological Group Sample (Biologisk gruppe-prøve)	Prøve og/eller biologisk gruppenavn valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger).
Kontroll	Kontrollnavn valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger). Når Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Samples Only (Kun prøver), vil Control (Kontroll) være prøven som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger). Når enten Biological Groups Only (Kun biologiske grupper), Sample Biological Group (Prøve-biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe-prøve) er valgt, vil kontroll være den biologiske gruppen som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger).
Relative Quantity (Relativ kvantitet) eller Expression (Uttrykk)	Relative Quantity (Relativ kvantitet) (ΔC_q) eller Normalized Gene Expression (Normalisert genuttrykk) ($\Delta\Delta C_q$), avhengig av valgt modus.
Relative Quantity (Relativ kvantitet) eller Expression SEM (Uttrykk-SEM) (eller SD)	Standardfeil for gjennomsnittet (SEM) eller standardavvik (SD) for den relative kvantiteten eller det normaliserte uttrykket, avhengig av det valgte alternativet. Kun tilgjengelig hvis Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve-biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe-prøve).

Informasjon	Beskrivelse
Corrected Relative Quantity (Korrigert relativ kvantitet) eller Expression SEM (Uttrykk-SEM) (eller SD)	Beregning av korrigert verdi for SEM eller SD for den relative kvantiteten eller det normaliserte uttrykket, avhengig av det valgte alternativet. Kun tilgjengelig hvis Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøvebiologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppeprøve).
Mean C_q (Gj.sn. C_q)	Gjennomsnitt av kvantifiseringssyklusen (vises ikke hvis Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper)).
C_q SEM (eller SD)	SEM eller SD for kvantifiseringssyklusen, avhengig av det valgte alternativet (vises ikke hvis Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper)).

Alternativ for visning av detaljer

Tabell 34 definerer dataene som vises når Show Details (Vis detaljer) er valgt fra høyreklikkmenyen i søylediagram-regnearket.

Tabell 34. Informasjon i søylediagram-regnearket med Show Details (Vis detaljer) valgt

Informasjon	Beskrivelse
Data Set (Datasett)	Fluorescensdata fra én fluorofor i datafilen
Relative Quantity (Relativ kvantitet)	Beregnet relativ kvantitet for prøver
Relative Quantity SD (SD for relativ kvantitet)	Standardavvik for beregning av relativ kvantitet
Corrected Relative Quantity SD (Korrigert SD for relativ kvantitet)	Beregnet standardavvik for korrigert relativ kvantitet
Relative Quantity SEM (SEM for relativ kvantitet)	Standardfeil av gjennomsnitt for beregningen av relativ kvantitet
Corrected Relative Quantity SEM (Korrigert SEM for relativ kvantitet)	Beregnet standardfeil av gjennomsnitt for korrigert relativ kvantitet
Relative Quantity (lg) (Relativ kvantitet (lg))	\log_2 for den relative kvantiteten som blir brukt til statistisk analyse
SD RQ (lg)	Standardavvik for relativ kvantitet (\log_2)
SEM Expression (lg) (SEM for uttrykk (lg))	Standardfeil av gjennomsnitt for uttrykk (\log_2)
Unscaled Expression (Ikke-skalert uttrykk)	Beregnet ikke-skalert uttrykk
Unscaled Expression SD (SD for ikke-skalert uttrykk)	Beregnet standardavvik for ikke-skalert uttrykk
Corrected Unscaled Expression SD (Korrigert SD for ikke-skalert uttrykk)	Beregnet standardavvik for korrigert ikke-skalert uttrykk

Tabell 34. Informasjon i søylediagram-regnearket med Show Details (Vis detaljer) valgt, forts.

Informasjon	Beskrivelse
Unscaled Expression SEM (SEM for ikke-skalert uttrykk)	Beregnet standardfeil av gjennomsnitt for ikke-skalert uttrykk
Corrected Unscaled Expression SEM (Korrigert SEM for ikke-skalert uttrykk)	Beregnet standardfeil av gjennomsnitt for korrigert ikke-skalert uttrykk
Unscaled Expression (lg) (Ikke-skalert uttrykk (lg))	\log_2 for ikke-skalert uttrykk
SD Unscaled Expression (lg) (SD for ikke-skalert uttrykk (lg))	Standardavvik for ikke-skalert uttrykk (\log_2)
SEM Unscaled Expression (lg) (SEM for ikke-skalert uttrykk (lg))	Standardfeil av gjennomsnitt for ikke-skalert uttrykk (\log_2)
Expression (Uttrykk)	Normalisert genuttrykk
Corrected Expression SD (Korrigert SD for uttrykk)	Beregnet standardavvik for korrigert uttrykk
Expression SEM (SEM for uttrykk)	Standardfeil av gjennomsnitt for uttrykk
Corrected Expression SEM (Korrigert SEM for uttrykk)	Beregnet standardfeil av gjennomsnitt for korrigert uttrykk
Expression (lg) (Uttrykk (lg))	\log_2 for uttrykket (normalisert uttrykk) som blir brukt til statistisk analyse
SD Expression (lg) (SD for uttrykk (lg))	Standardavvik for uttrykk (\log_2)
SEM Expression (lg) (SEM for uttrykk (lg))	Standardfeil av gjennomsnitt for uttrykk (\log_2)
Mean C_q (Gj.sn. C_q)	Gjennomsnitt av kvantifiseringssyklus
C_q SD	Standardavvik for kvantifiseringssyklus
C_q SEM	Standardfeil av gjennomsnitt for kvantifiseringssyklus

Klyngediagram

Klyngediagrammet viser dataene i et hierarki basert på graden av likhet i uttrykket for ulike mål og prøver.

Merknad: Du må velge et referansemål for å vise andre dataplott enn relativt uttrykk for søylediagrammer.

Klyngediagrambildet viser det relative uttrykket for et mål eller en prøve på følgende måte:

- Oppregulering (rød) – høyere uttrykk
- Nedregulering (grønn eller blå) – lavere uttrykk
- Ingen regulering (svart)
- Ingen verdi beregnet (svart med et hvitt kryss)

Dess lysere fargen er, jo høyere er differansen i det relative uttrykket. Hvis det ikke kan beregnes en normalisert C_q -verdi, er firkanten svart med et hvitt kryss.

På dataplottets ytre kanter er det et trestrukturdiagram, som viser klyngehierarkiet. Mål eller prøver som har lignende uttrykksmønstre, har tilgrensende grener, mens mål eller prøver med ulike mønstre plasseres lenger fra hverandre.

Innstillinger

Du kan angi følgende alternativer:

- Cluster By (Grupper etter) – velg mellom Targets (Mål), Samples (Prøver), Both (Begge) eller None (Ingen).
- Size (Størrelse) – justerer bildestørrelsen og endrer graden av diagramforstørrelse.
- Split Out Replicates (Skill ut replikater) – viser verdier for de individuelle replikatene.

Tips: Du kan endre fargevalget for fra standard rød/grønn til rød/blå ved å velge dette alternativet fra høyreklikkmenyen i disse diagrammene.

Alternativer i høyreklikkmenyen

Alternativene i høyreklikkmenyen for klyngediagrammet er de samme som de for søylediagrammet. Se [Tabell 32 på side 269](#) for tilgjengelige alternativer. I tillegg kan du velge Color scheme (Fargevalg) for å endre nedreguleringsuttrykket fra standard rød/grønn til rød/blå i diagrammet.

Dataregneark

Regnearket viser verdier for målet, prøven og det normaliserte uttrykket.

Scatter Plot (Spredningsplott)

Spredningsplottet viser det normaliserte måluttrykket for en kontroll sammenlignet med en eksperimentell prøve. Linjene i plottet angir terskelen for foldendring. Datapunkter mellom linjene angir at forskjellen i uttrykk for det relevante målet (genet) er ubetydelig mellom prøvene. Datapunkter utenfor linjene overstiger terskelen for foldendring og kan være av interesse.

Plottbildet viser følgende endringer i måluttrykk basert på terskelen for foldendring.

- Oppregulering (rød sirkel) – relativt høyere uttrykk
- Nedregulering (grønn eller blå sirkel) – relativt lavere uttrykk
- Ingen endring (svart sirkel)

Klikk og dra en terskellinje for å justere terskelverdien for foldendring.

Innstillinger

Du kan angi følgende alternativer:

- Control Sample (Kontrollprøve)
- Experimental Sample (Eksperimentell prøve)
- Fold Change Threshold (Foldendringsterskel). Etter hvert som du øker eller reduserer foldendringsterkelsen, flytter terskellinjene i plottet seg tilsvarende.

Alternativer i høyreklikkmenyen

Alternativene i høyreklikkmenyen for spredningsplottet er de samme som de for søylediagrammet. Se [Tabell 32 på side 269](#) for tilgjengelige alternativer. I tillegg kan du velge Symbol for å endre symbolet som brukes på plottet, fra standardsirkelen til ett av følgende:

- Triangle (Trekant)
- Cross (Kryss)
- Square (Firkant)
- Diamond (Diamant)

Dataregneark

Regnearket viser verdier for målet og det normaliserte uttrykket for kontrollprøver og eksperimentelle prøver. Det angir også hvorvidt målene er opp- eller nedregulert sammenlignet med målreguleringen.

Regneark med resultater

Regnearket med resultater oppsummerer dataene fra alle diagrammene. [Tabell 35](#) definerer dataene vist i Results (Resultater)-regnearket.

Tabell 35. Informasjon i Results (Resultater)-fanen

Informasjon	Beskrivelse
Target (Mål)	Målnavn (amplifisert gen)
Sample (Prøve)	Prøvenavn
Mean C _q (Gj.sn. C _q)	Gjennomsnitt av kvantifiseringssyklusen
Mean Efficiency Corrected C _q (Gjennomsnittlig effektivitetskorrigert C _q)	Gjennomsnitt av kvantifiseringssyklusen etter justering for reaksjonseffektivitet
Normalized Expression (Normalisert uttrykk)	Måluttrykk normalisert til et referansemål ($\Delta\Delta C_q$)
Relative Normalized Expression (Relativt normalisert uttrykk)	Normalisert uttrykk i forhold til en kontrollprøve; også kalt foldendring
Regulation (Regulering)	Endring i uttrykk i forhold til en kontrollprøve
Compared to Regulation Threshold (Sammenlignet med reguleringsterskel)	Opp- eller nedregulering av en eksperimentell prøve basert på terskelinnstillingen

Merknad: Data for replikater finnes kun i regnearkene med dataanalysefanene der Split Out Replicates (Skill ut replikater) er valgt (dvs. Clustergram (Klyngediagram)). Det kan være et avvik mellom uttryksdata i genuttrykksanalyse-regnearkene hvis du velger «none» (ingen) som kontrollprøven på søylediagrammet.

Genstudie

Opprett en genstudie for å sammenligne genuttryksdata fra ett eller flere sanntids-PCR-eksperimenter ved bruk av en kalibrator mellom kjøringene for å normalisere mellom eksperimentene. Opprett en genstudie ved å legge til data fra en eller flere datafiler (.pcrd-filtype) i genstudien. Programvaren grupperer dem i en enkelt fil (.mgxd-filtype).

Merknad: Maksimalt antall prøver du kan analysere i en genstudie, er begrenset av datamaskinens RAM og virtuelle minne.

Kalibrering mellom kjøringene

Kalibrering mellom kjøringene blir automatisk forsøkt utført i hver genstudie for hvert mål for å normalisere variasjoner mellom mål som er analysert i separate sanntids PCR-kjøringene (dvs. ulike .pcrd-filer generert fra ulike plater).

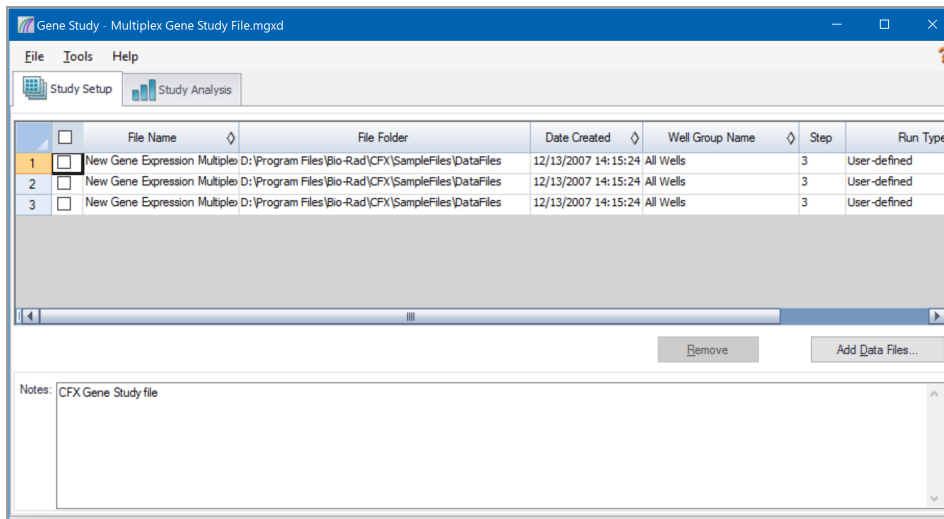
For at programvaren skal gjenkjenne en prøve som en kalibrator mellom kjøringene, må hver plate som sammenlignes, ha samme målnavn, prøvenavn og, hvis relevant, biologisk settnavn.

Merknad: Minst én kalibratorprøve mellom kjøringene må være til stede i genstudien for at kalibrering mellom kjøringene skal skje. Mål uten de riktige kalibratorprøvene mellom kjøringene vil bli prosessert uten korreksjon i genstudien (anbefales ikke).

Kalibratører mellom kjøringene kan brukes på to måter:

- Per target (Per mål) – ulike PCR-primere kan ha ulike effektiviteter. Kalibratoren mellom kjøringene brukes som standard på alle brønnene på samme plate som har samme målnavn, for eksempel C_q generert med samme analyse.
- Entire study (Hele studien) – én kalibrator mellom kjøringene velges av brukeren og brukes på hele genstudien.

Dialogboksen Gene Study (Genstudie)



Dialogboksen Gene Study (Genstudie) har to faner:

- Fanen Study Setup (Studieoppsett) – administrerer kjøringene i genstudien.
 - **Viktig:** Tilføyelse eller fjerning av datafiler i en genstudie endrer ikke dataene i originalfilen.
- Fanen Study Analysis (Studieanalyse) – viser genuttryksdataene for de kombinerte kjøringene.

Fanen Study Setup (Studieoppsett)

Tabell 36 definerer dataene som vises i fanen Study Setup (Studieoppsett).

Tabell 36. Fanen Study Setup (Studieoppsett) i dialogboksen Gene Study (Genstudie)

Kolonnetittel	Beskrivelse
File Name (Filnavn)	Navn på kjøredatafilen (filtype .pcrd)
File Folder (Filmappe)	Katalog som inneholder datafilen for hver kjøring i genstudien
Date Created (Dato opprettet).	Datoen da kjøredataene ble samlet inn

Tabell 36. Fanen Study Setup (Studieoppsett) i dialogboksen Gene Study (Genstudie), forts.

Kolonne tittel	Beskrivelse
Well Group Name (Brønnguppenavn)	Navn på brønnguppen som ble valgt da filen ble lagt til i genstudien Tips: For å analysere en brønngruppe i genstudien må du velge denne brønnguppen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) før du importerer datafilen til genstudien.
Step (Trinn)	Protokolltrinn som inkluderer plateavlesningen for å samle inn sanntids PCR-data
Run Type (Kjøringstype)	Enten brukerdefinert eller PrimePCR-kjøring
Protocol Edited (Protokoll redigert)	Hvis valgt, angir den at protokollen som er brukt til en PrimePCR-kjøring, er blitt redigert
View Plate (Vis plate)	Åpner et kart over platen med dataene i hver av kjøringene inkludert i genstudien

Klargjøre en Gene Study (Genstudie)

Slik klargjør du en genstudie

1. Før du importerer data i en genstudie må du gjøre følgende i vinduet Data Analysis (Dataanalyse):

- Bekreft at prøver med det samme innholdet, har samme navn. I en genstudie antar programvaren at brønner med samme navn på Target (Mål) eller Sample (Prøve) inneholder de samme prøvene.
- Juster baselinjen og terskelen (C_q) i fanen Quantification (Kvantifisering) for å optimere dataene i hver kjøring.
- Velg brønnguppen du vil inkludere i genstudien.

Hvis du vil vise data fra én brønngruppe i genstudien, må denne gruppen velges før du importerer datafilen.

Fanen Study Setup (Studieoppsett) viser en liste over alle kjøringene i genstudien.

2. Velg fanen Study Setup (Studieoppsett) i dialogboksen Gene Study (Genstudie).
3. Klikk på Add Data Files (Legg til datafiler) for å velge en fil fra et nettleservindu.

Tips: Du kan raskt legge til kjøringene i en genstudie ved å dra datafilene (endelsen .pcrd) til dialogboksen Study Setup (Studieoppsett).

4. CFX Maestro Dx SE utfører genstudieanalysen automatisk når du legger til datafiler. Velg fanen Study Analysis (Studieanalyse) for å vise resultatene.

Slik fjerner du kjøringene fra genstudien

- ▶ Velg én eller flere filer fra listen og klikk på Remove (Fjern).

Slik legger du til merknader om genstudien

- ▶ Skriv inn merknader om filene og analysen i tekstboksen Notes (Merknader).

Fanen Study Analysis (Studieanalyse)

Fanen Study Analysis (Studieanalyse) viser dataene fra alle kjøringene i genstudien. Alternativene for analyse av genuttryksdata er de samme som de for en enkelt datafil med unntak av følgende:

- For søylediagram vises kalibreringsverdier mellom kjøringene (hvis beregnet) når du klikker på Inter-run Calibration (Kalibrering mellom kjøringene).

Merknad: Kun de følgende prøvetypene kan brukes som en kalibrator mellom kjøringene:

- Unknown (Ukjent)
- Standard
- Positive Control (Positiv kontroll)

Prøvetypene Negative control (Negativ kontroll), NTC (Ikke-templatkontroll) og NRT (Ikke revers transkriptase-kontroll) kan ikke brukes som kalibrator mellom kjøringene.

- Verktøyet Reference Gene Selection (Valg av referansegene) identifiserer de testede referansegene og kategoriserer dem som Ideal (Ideelle), Acceptable (Akseptable) eller Unstable (Ustabile) basert på stabiliteten deres:
 - Ideal (Ideelle) referansegene er stabile og representerer minimale variasjoner blant de testede prøvene.
 - Acceptable (Akseptable) referansegene er ikke ideelt stabile og representerer moderat variasjon blant testede prøver. Bruk disse referansegene til analyse dersom det ikke finnes Ideal (Ideelle) referansegene.
 - Unstable (Ustabile) referansegene representerer stor variasjon blant testede prøver. Det anbefales at disse genene ekskluderes fra analyser.
- Verktøyet PrimePCR Analysis Controls (PrimePCR-analysekontroller) viser resultatene av de testede prøvene i en tabell:
 - Fanen Summary (Sammendrag) viser et sammendrag av alle testede prøver. Prøver som bestod alle kontrollanalysene, vises i grønt. Prøver som ikke bestod en eller flere av kontrollanalysene, vises i gult.

- ❑ Fanen PCR viser resultatene for den positive PCR-kontrollanalysen. Denne analysen påviser hemming eller eksperimentproblemer som påvirker genuttrykk.
- ❑ Fanen RT viser resultatene av kontrollanalysen for revers transkripsjon. Denne analysen evaluerer kvalitativt RT-ytelsen og identifiserer prøver der RT-ytelsen sannsynligvis forringer genuttrykk.
- ❑ Fanen gDNA viser resultatene av kontrollanalysen for DNA-kontaminering. Denne analysen fastslår om genomisk DNA (gDNA) er til stede i prøven på et nivå som kan påvirke qPCR-resultater.
- ❑ Fanen RQ viser resultatene av RNA-kvalitetsanalysene (RQ1 og RQ2). Disse analysene vurderer kvalitativt hvorvidt RNA-integriteten kan påvirke genuttrykk negativt.

Kategorier for genstudierapport

Bruk dialogboksen Gene Study Report (Genstudierapport) for å organisere genstudiedataene i en rapport. [Tabell 37](#) lister opp alle alternativene som er tilgjengelige for en genstudierapport.

Tabell 37. Kategorier for en Gene Study (Genstudie)-rapport

Kategori	Alternativ	Beskrivelse
Overskrift		
		Tittel, undertittel og logo for rapporten
	Report Information (Rapportinformasjon)	Dato, brukernavn, datafilnavn, datafilbane og valgt brønngruppe
	Gene Study File List (Liste over filer i genstudie)	Liste over alle datafilene i genstudien
	Notes (Merknader)	Merknader om datarapporten
Study Analysis (Studieanalyse): Søylediagram		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Liste over de valgte analyseparametrene
	Chart (Diagram)	Søylediagram for Gene Expression (Genuttrykk) som viser dataene
	Target Names (Målnavn)	Liste over mål i genstudien

Tabell 37. Kategorier for en Gene Study (Genstudie)-rapport, forts.

Kategori	Alternativ	Beskrivelse
	Sample Names (Prøvenavn)	Liste over prøver i genstudien
	Data	Regneark som viser dataene
	Target Stability (Målstabilitet)	Data for målstabilitet
	Inter-run Calibration (Kalibrering mellom kjøring)	Kalibreringsdata mellom kjøring
	Box-and-Whisker Chart (Bokstegningsdiagram)	Bokstegningsdiagram for genuttrykk
	Dot-Plot Chart (Punktdiagram)	Punktdiagram for genuttrykk
Study Analysis (Studieanalyse): Clustergram (Klyngediagram) og Scatter Plot (Spredningsplott)		
	Analysis Settings (Analyseinnstillinger)	Innstillinger for hver diagramtype
	Chart (Diagram)	Diagram for genuttrykk som viser dataene
	Data	Regneark som lister opp dataene i hvert mål
Study Analysis (Studieanalyse): ANOVA Data		
	ANOVA Settings (ANOVA-innstillinger)	P-verdigerskel som brukes i analysen
	ANOVA Results (ANOVA-resultater)	Tabell med resultater fra ANOVA og Tukeys HSD post-hoc-analyse
	Shapiro-Wilk Normality Test (Shapiro-Wilk-normalitetstest)	Biologisk gruppe, antall, P-verdi og andre feil som forekommer for hvert mål i analysen.
	ANOVA Errors (ANOVA-feil)	Feil identifisert under ANOVA-beregninger

Opprette en genstudierapport

Slik oppretter du en genstudierapport

1. Juster etter behov dataene og diagrammene for genstudierapporten før en rapport opprettes.
2. Velg Tools > Reports (Verktøy > Rapporter) i menyen Gene Study (Genstudie) for å åpne dialogboksen Report (Rapport).
3. Velg alternativene du vil inkludere i rapporten. Rapporten åpnes med standardalternativene valgt. Merk av eller fjern merket i avmerkingsboksene for å endre hele kategorier eller individuelle alternativer i en kategori.

[Kategorier for genstudierapport på side 282](#) lister opp alternativene som er tilgjengelig for visning.
4. Endre rekkefølgen på kategoriene og elementene i en rapport. Dra alternativene til ønsket posisjon. Rekkefølgen på elementene kan bare endres innenfor kategoriene de tilhører.
5. Klikk på Update Report (Oppdater rapport) for å oppdatere Report Preview (Forhåndsvisning av rapport) med eventuelle endringer.
6. Skriv ut eller lagre rapporten. Klikk på knappen Print Report (Skriv ut rapport) på verktøylinjen for å skrive ut den aktuelle rapporten. Velg File > Save (Fil > Lagre) for å lagre rapporten i PDF-format (Adobe Acrobat Reader-fil), og velg et lagringssted for filen. Velg File > Save As (Fil > Lagre som) for å lagre rapporten med et nytt navn eller på et nytt sted.
7. (Valgfritt) Opprett en rapportmal med informasjonen du ønsker. Hvis du vil lagre de gjeldende rapportinnstillingene i en mal, velger du Template > Save (Mal > Lagre) eller Save As (Lagre som). Deretter laster du inn rapportmalen neste gang du vil lage en ny rapport.

Vedlegg A Beregninger for dataanalyse

CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition beregner formler automatisk og viser resultatene i fanene i Data Analysis (Dataanalyse). Dette vedlegget gir en detaljert beskrivelse av hvordan CFX Maestro Dx SE beregner formler.

Reaksjonseffektivitet

Beviser antyder at bruk av nøyaktige mål på effektivitet for hvert primer- og probesett gir mer nøyaktige resultater ved analysing av genuttryksdata. Standardverdien for effektivitet som brukes i beregninger av genuttrykket, er 100 %. For å evaluere reaksjonseffektiviteten må du generere en standardkurve ved bruk av en rekke fortynninger av en representativ prøve over et relevant dynamisk område, og deretter registrere effektiviteten for etterfølgende analyse av genuttrykk. Hvis kjøringen inkluderer en standardkurve, beregner programvaren automatisk effektiviteten, og viser den under Standard Curve (Standardkurve) i fanen Quantification (Kvantifisering) når Auto Efficiency (Auto-effektivitet) er merket av i fanen Targets (Mål) i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger)

Effektiviteten (E) i effektivitetsformler henviser til «effektivitetene» som beskrevet av Pfaffl (2001) og Vandesompele et al. (2002). I disse publikasjonene er en effektivitet på 2 (perfekt dobling i hver syklus) tilsvarende 100 % effektivitet i denne programvaren. Du har muligheten til å konvertere effektivitetsberegningene til de som brukes i programvaren ved å bruke følgende matematiske forhold:

- $E = (\% \text{ effektivitet} * 0,01) + 1$
- $\% \text{ effektivitet} = (E - 1) * 100$

Relativ kvantitet

Formelen for relativ kvantitet (ΔC_q) for alle prøver (GOI) er:

$$\text{Relativ Kvantitet}_{\text{prøve (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{(C_{q(\text{min})} - C_{q \text{ Prøve}})}$$

Merknad: Denne formelen brukes til å beregne relativ kvantitet når det ikke er definert en kontrollprøve .

Der:

- E = Effektivitet av primer og probesett. Denne effektiviteten beregnes med formelen (% Effektivitet * 0,01) + 1, hvor 100 % effektivitet = 2
- $C_{q(\text{min})}$ = gjennomsnittlig C_q for prøven med det laveste gjennomsnittet C_q for GOI
- $C_{q(\text{prøve})}$ = gjennomsnittlig C_q for prøven
- GOI = interessen (ett mål)

Relativ kvantitet når en kontroll er valgt

Når en kontrollprøve eller biologisk gruppe er tilordnet, blir den relative kvantiteten (RQ) for en prøve med et interessen (GOI) beregnet med denne formelen:

$$\text{Relativ Kvantitet}_{\text{prøve (GOI)}} = E_{\text{GOI}} \left(C_{q(\text{kontroll})} - C_{q(\text{prøve})} \right)$$

Der:

- E = Effektivitet av primer og probesett. Denne effektiviteten beregnes med formelen (% Effektivitet * 0,01) + 1, hvor 100 % effektivitet = 2
- $C_{q(\text{control})}$ = Gjennomsnittlig C_q for kontrollprøven
- $C_{q(\text{prøve})}$ = Gjennomsnittlig C_q for alle prøver med et GOI
- GOI = interessen (ett mål)

Standardavvik for relativ kvantitet

Viktig: Beregningen gjelder kun når Analyze Using (Analyser ved bruk av) er stilt til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve).

Formelen for standardavviket til den relative kvantiteten er

$$\text{SD Relativ Kvantitet} = \text{SD } C_{q \text{ GOI}} \times \text{Relativ Kvantitet}_{\text{prøve (GOI)}} \times \text{Ln} (E_{\text{GOI}})$$

Der:

- SD Relative Quantity = standardavviket til den relative kvantiteten
- $\text{SA } C_{q \text{ GOI}} \text{ prøve}$ = standardavviket til prøvens C_q (GOI)
- Relative Quantity = prøvens relative kvantitet
- E = Effektivitet av primer og probesett. Denne effektiviteten beregnes med formelen (% Effektivitet * 0,01) + 1, hvor 100 % effektivitet = 2

- GOI = interessegen (ett mål)

Efficiency Corrected C_q (C_{qE}) (Effektivitetskorrigeret C_q (C_{qE}))

Formelen for effektivitetskorrigeret C_q er

$$C_{qE} = C_q \times (\log(E)/\log(2))$$

Der:

- E = Effektivitet

Mean Efficiency Corrected C_q (Gjennomsnittlig effektivitetskorrigeret C_q) (MC_{qE})

Formelen for gjennomsnittlig effektivitetskorrigeret C_q er

$$MC_{qE} = \frac{C_{qE}(\text{Rep 1}) + C_{qE}(\text{Rep 2}) + \dots + C_{qE}(\text{Rep n})}{n}$$

Der:

- C_{qE} = Effektivitetskorrigeret C_q
- n = Antall replikater

Normalisert uttrykk

Normalisert uttrykk ($\Delta\Delta C_q$) er den relative kvantiteten av målet (gen) normalisert til kvantitetene av referansemålene (gener eller sekvenser) i det biologiske systemet. For å velge referansemål åpner du vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger) og klikker på referansekolonnen for hvert mål som brukes som et referansegen.

Formelen for normalisert uttrykk, som bruker den beregnede relative kvantiteten (RQ), er:

$$\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{RQ_{\text{prøve (GOI)}}}{\left(RQ_{\text{prøve (Ref 1)}} \times RQ_{\text{prøve (Ref 2)}} \times \dots \times RQ_{\text{prøve (Ref n)}} \right)^{\frac{1}{n}}}$$

Der:

- RQ = Relativ kvantitet av en prøve
- Ref = Referansemål i en kjøring som inkluderer ett eller flere referansemål i hver prøve
- GOI = interessegen (ett mål)

Gitt at referansemål ikke endrer uttrykksnivået i det biologiske systemet, vil beregningen av normalisert uttrykk ta høyde for innlastingsforskjeller eller variasjoner i celleantall som er representert i hver av prøvene.

Uttrykk og relativ kvantitet for biologiske grupper

Når Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper), viser programvaren gjennomsnittsuttrykket (normalisert uttrykk eller relativ kvantitet, avhengig av valgt modus) for prøvene i den biologiske gruppen. Fordi uttrykk vanligvis er log-normalfordelt, blir uttrykket gjennomsnittsberegnet ved hjelp av det geometriske gjennomsnittet:

$$\text{Expression biological group} = \sqrt[n]{\text{Exp}_1 \cdot \text{Exp}_2 \cdot \dots \cdot \text{Exp}_n}$$

Der:

- Exp_1 (Uttrykk 1), Exp_2 (Uttrykk 2), Exp_n (Uttrykk n) = Relativ kvantitet eller normalisert uttrykk for prøvene i den biologiske gruppen
- n = Antall prøver i den biologiske gruppen

Normalisert uttrykk når en kontroll er valgt

Når du velger en kontrollprøve i vinduet Experiment Settings (Eksperimentinnstillinger), setter programvaren kontrollprøvens uttrykksnivå til 1. I denne situasjonen normaliserer programvaren den relative kvantiteten av alle måluttrykk (genuttrykk) til kontrollkvantiteten (en verdi på 1). Dette normaliserte uttrykket tilsvarer analysen av det uskalerte normaliserte uttrykket når en kontroll er valgt.

Merknad: Dette er også kjent som relativt normalisert uttrykk (RNE) og foldendring.

Standardavvik for det normaliserte uttrykket

Reskalering av den normaliserte uttrykksverdien utføres ved å dividere standardavviket for det normaliserte uttrykket med den normaliserte uttrykksverdien for det høyeste eller laveste individuelle uttrykksnivået, avhengig av hvilket skaleringsalternativ du velger. Formelen for standardavvik (SD) i normaliseringsfaktoren er

$$SD NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SD RQ_{prøve (Ref 1)}}{n \times RQ_{prøve (Ref 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SD RQ_{prøve (Ref 2)}}{n \times RQ_{prøve (Ref 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SD RQ_{prøve (Ref n)}}{n \times RQ_{prøve (Ref n)}}\right)^2}$$

Der:

- RQ = Relativ kvantitet av en prøve
- SD = Standardavvik
- NF = Normaliseringsfaktor
- Ref = Referansemål
- n = Antall referansemål

Når en kontrollprøve er tilordnet, er det ikke nødvendig å utføre denne reskaleringsfunksjonen på standardavviket, som vist i følgende formel:

$$SD NE_{prøve (GOI)} = NE_{prøve (GOI)} \times \sqrt{\left(\frac{SD NF_{prøve}}{NF_{prøve}}\right)^2 + \left(\frac{SD RQ_{prøve (GOI)}}{RQ_{prøve (GOI)}}\right)^2}$$

Der:

- NE = Normalisert uttrykk
- RQ = Relativ kvantitet av en prøve
- SD = Standardavvik
- GOI = interessen (ett mål)

Normalisert uttrykk skalert til høyeste uttrykksnivå

Når kjøringen ikke inkluderer kontroller, skalerer du det normaliserte uttrykket (NE) for hvert mål (gen) ved å dividere uttrykksnivået for hver prøve med det høyeste uttrykksnivået i alle prøver. Programvaren setter det høyeste uttrykksnivået til en verdi av 1, og reskalerer alle prøveuttrykksnivåene. Formelen for høyeste skalering er:

$$\text{Skalert Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{Høyeste prøve (GOI)}}}$$

Der:

- GOI = Interesseggen (mål)

Normalisert uttrykk skalert til laveste uttrykksnivå

Når kjøringen ikke inkluderer kontroller, skalerer du det normaliserte uttrykket (NE) for hvert mål (gen) ved å dividere uttrykksnivået for hver prøve med det laveste uttrykksnivået i alle prøver. Programvaren setter det laveste uttrykksnivået til en verdi av 1, og reskalerer alle prøveuttrykksnivåene. Formelen for laveste skalering er:

$$\text{Skalert Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{Lavest prøve (GOI)}}}$$

Der:

- GOI = Interesseggen (mål)

Normalisert uttrykk skalert til gjennomsnittlig uttrykksnivå

Når kjøringen ikke inkluderer kontroller, skalerer du det normaliserte uttrykket (NE) for hvert mål (gen) ved å dividere uttrykksnivået for hver prøve med det geometriske gjennomsnittsnivået av uttrykk for alle prøver. Programvaren setter det gjennomsnittlige uttrykksnivået til en verdi av 1, og reskalerer alle prøveuttrykksnivåene. Formelen for gjennomsnittlig skalering er:

$$\text{Skalert Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{Normalisert Expression (Uttrykk)}_{\text{GM (GOI)}}}$$

Der:

- GOI = Interesseggen (mål)
- GM = Geometrisk gjennomsnitt av normalisert uttrykk for alle prøver

Standardavvik for det skalerte normaliserte uttrykket

Verdien for det skalerte normaliserte uttrykket (NE) kan skaleres på nytt ved å dele standardavviket (SD) til det normaliserte uttrykket på verdien for det normaliserte uttrykket for det høyeste (MAX) eller laveste uttrykksnivået, avhengig av hvilket skaleringsalternativ du velger.

Merknad: Når en kontrollprøve er tilordnet, trenger du ikke å utføre denne funksjonen for ny skalering på standardavviket.

Beregningen for denne formelen er

$$SD \text{ Skalert } NE_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{SD \text{ } NE_{\text{prøve (GOI)}}}{NE_{\text{MAX eller MIN (GOI)}}$$

Der:

- NE = Normalisert uttrykk
- SD = Standardavvik
- GOI = Interessegen (mål)
- MAX = Høyeste uttrykksnivå
- MIN = Laveste uttrykksnivå

Feilsøyler for standardavvik (lg) og standardfeil av gjennomsnitt (lg)

I tillegg til bruken av konfidensintervaller kan feillinjer vises for biologiske grupper basert på standardavviket eller standardfeilen av gjennomsnitt for \log_2 for uttrykket. Feilsøylene beregnes som følger:

$$\text{RQ nedre feilsøyle} = 2^{\text{RQ}(\text{lg}) - \text{SD RQ}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{RQ}(\text{lg}) - \text{SEM RQ}(\text{lg})}$$

$$\text{RQ øvre feilsøyle} = 2^{\text{RQ}(\text{lg}) + \text{SD RQ}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{RQ}(\text{lg}) + \text{SEM RQ}(\text{lg})}$$

Der:

- $\text{RQ}(\text{lg}) = \log_2$ for relativ kvantitet for den biologiske gruppen
- $\text{SD RQ}(\text{lg}) =$ standardavvik for relativ kvantitet (\log_2)
- $\text{SEM RQ}(\text{lg}) =$ standardfeil av gjennomsnitt for relativ kvantitet (\log_2)

$$\text{Exp. nedre feilsøyle} = 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) - \text{SD Exp.}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) - \text{SEM Exp.}(\text{lg})}$$

$$\text{Exp. øvre feilsøyle} = 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) + \text{SD Exp.}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) + \text{SEM Exp.}(\text{lg})}$$

Der:

- $\text{Exp.}(\text{lg}) = \log_2$ av uttrykket (normalisert uttrykk) for den biologiske gruppen
- $\text{SD RQ}(\text{lg}) =$ standardavvik for uttrykket (\log_2)
- $\text{SEM RQ}(\text{lg}) =$ standardfeil av gjennomsnitt for uttrykket (\log_2)

Foldendring

Foldendring er et mål på økningen eller reduksjonen i uttrykket til et mål for en eksperimentell prøve kontra en kontrollprøve eller biologisk gruppe, og bestemmes på følgende måte:

Hvis uttrykk (eksperimentell) > uttrykk (kontroll):

$$\text{Fold Endring} = \frac{\text{Expression (Uttrykk) (eksperimentell)}}{\text{Expression (Uttrykk) (kontroll)}}$$

Hvis uttrykk (eksperimentell) < uttrykk (kontroll):

$$\text{Fold Endring} = -1 / \left(\frac{\text{Expression (Uttrykk) (eksperimentell)}}{\text{Expression (Uttrykk) (kontroll)}} \right)$$

Merknad: For Graphing (Graf) er *Expression* (Uttrykk) basert på enten den relative kvantiteten eller det normaliserte uttrykket, avhengig av den valgte modusen (se [Graphing \(Graf\) på side 258](#)). For Scatter Plot (Varmekart) og Clustergram (Klyngediagram) beregnes imidlertid foldendring alltid fra det normaliserte uttrykket.

Formler for korrigerede verdier

Viktig: Disse beregningene kan kun brukes når Analyze Using (Analyser ved hjelp av) er satt til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve-biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe-prøve).

En forskjell mellom korrigerede verdier og ikke-korrigerede verdier ses kun hvis det opprettes en standardkurve som del av sanntids PCR-kjøringen. Programvaren bruker tre formler for å bestemme feiloverføringen:

- Standardfeil
- Standardfeil for normalisert uttrykk
- Standardfeil for normalisert interessegen (mål)

Formelen for standardfeil er

$$\text{Standard Feil} = \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Der:

- n = Antall referansemål (gener)
- SD = Standardavvik

Standardfeilen for normaliseringsfaktoren i formelen for normalisert uttrykk er

$$SE\ NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 1)}}{n \times SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 2)}}{n \times SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ n)}}{n \times SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ n)}}\right)^2}$$

Der:

- n = Antall referansemål
- SE = Standardfeil
- NF = Normaliseringsfaktor
- RQ = Relativ kvantitet

Standardfeilen for formelen for normalisert interessegen (GOI) er

$$SE\ GOI_n = GOI_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ NF_n}{NF_n}\right)^2 + \left(\frac{SE\ GOI}{GOI}\right)^2}$$

Der:

- SE = Standardfeil

- GOI = interessegen (ett mål)
- NF = Normaliseringsfaktor
- n = Antall referansemål

Beregning av konfidensintervall for analysing av biologisk gruppe

Når biologiske grupper analyseres (Analyze Using (Analyser ved bruk av) er stilt til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper)), beregnes konfidensintervallene for relativ kvantitet og relativt normalisert uttrykk.

Konfidensintervallene beregnes i log-skala basert på t-fordeling ved bruk av følgende formel:

$$CI = \bar{X} \pm t \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Der:

- \bar{X} = Gjennomsnittlig uttrykk av log-skala-uttrykksnivåene for prøvene i den biologiske gruppen
- SD = standardavvik for log-skala-uttrykksnivåene for prøvene i den biologiske gruppen
- n = antallet prøver i den biologiske gruppen
- t = oppnådd fra t-fordelingen basert på graden av frihet og alfanivået

Merknad: Alfanivået kan stilles inn ved bruk av P-verditorskelfeltet i Graphing (Graf)-fanen.

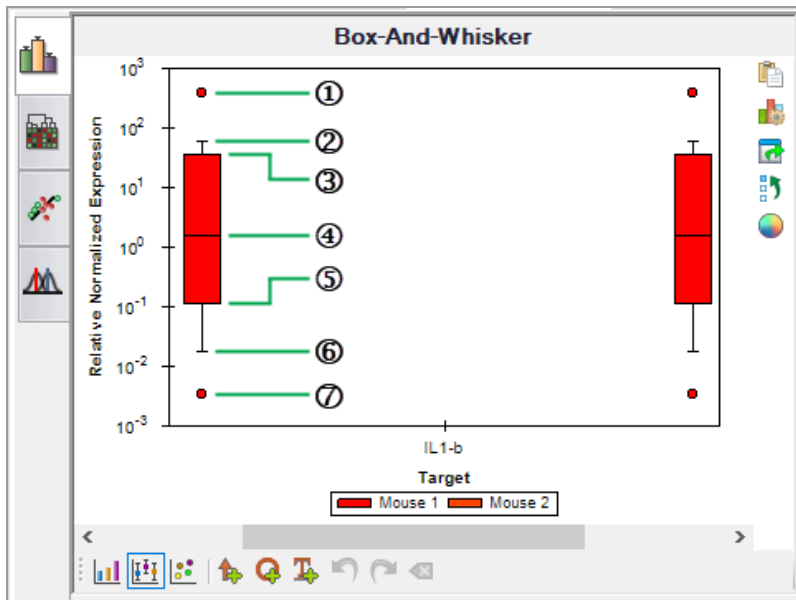
Når konfidensintervallene har blitt beregnet, blir de konvertert til lineær skala og presentert i Gene Expression (Genuttrykk)-datatabellen og søylediagrammet i Graphing (Graf)-fanen.

Beregninger for boksdiagram

Boksdiagrammet viser fordelingen av uttrykksverdier i en biologisk gruppe ved å plote dataene som kvartiler. Første og tredje kvartil representeres av henholdsvis de nedre og øvre grensene av boksen. Medianen vises som en heltrukket linje på tvers av boksen. De vertikale linjene (whiskers) representerer de laveste og høyeste ikke-utliggerverdiene i datasettet. Utliggere er verdier som overskrider første og tredje kvartil med 1,5 ganger interkvartilområdet.

Merknad: Hvis det kun finnes én prøve i den biologiske gruppen, vises det som en enkelt sirkel, hvilket angir et enkelt datapunkt.

Følgende boksdiagram viser hvordan disse dataene representeres.



FORKLARING

1. Utligger. Verdien til denne utliggeren er $> Q3 + (1,5 \times [Q3 - Q1])$.
Merknad: Plasser markøren over sirkelen for å vise et verktøytips som viser prøvenavnet og informasjonen om relativ kvantitet eller normalisert uttrykk, avhengig av hvilken modus som er valgt.

2. Maksimum ikke-utliggeravgrensning

3. Øvre/tredje kvartil (Q3). 75 % av uttrykksverdiene er mindre enn Q3.

4. Medianen, eller den midterste verdien, av de rangerte uttrykksverdiene

5. Nedre/første kvartil (Q1). 25 % av uttrykksverdiene er mindre enn Q1.

6. Minimum ikke-utliggeravgrensning

7. Utligger. Verdien til denne utliggeren er $< Q1 - (1,5 \times [Q3 - Q1])$.

Vedlegg B Revisjonsspor

CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition oppretter revisjonsspor for data- og genstudiefiler (henholdsvis .prcd- og .mgxd-filer). Eventuelle endringer i eller handlinger utført på sikre data- og genstudiefiler blir fanget opp i filens revisjonsspor når filen lagres. CFX Maestro Dx SE oppretter et eget revisjonsspor for hver fil.

Du kan velge File > Save As (Fil > Lagre som) og lagre sikre signerte eller usignerte data- og genstudiefiler i en annen mappe eller med et annet navn. Den nye filen arver revisjonssporet fra den opprinnelige filen. Revisjonssporet for den nye filen inkluderer også Save As-aktiviteten (Lagre som). Endringer i eller handlinger utført på den nye filen er registrert i sitt eget revisjonsspor. Den opprinnelige filen opprettholder revisjonssporet, der ytterligere aktivitet fanges opp.

[Reviderbare hendelser på side 301](#) viser de reviderbare hendelsene som programvaren registrerer.

Vise revisjonsspor

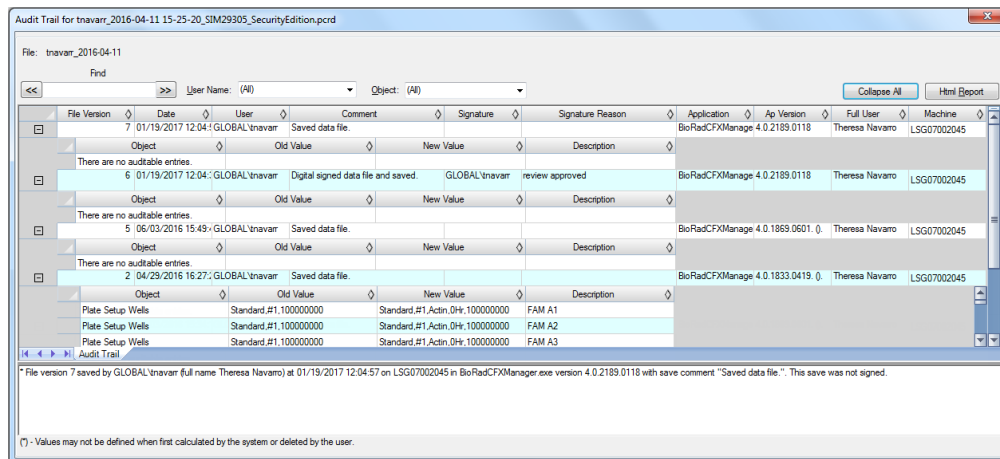
Hvert revisjonsspor viser følgende informasjon:

- Revisjonsoverskriftdetaljer
 - File versjon (Filversjon) – den lagrede versjonen av filen
 - Date (Dato) – datoen for den aktuelle reviderbare hendelsen
 - User (Bruker) – Windows-domenet og brukernavnet til den påloggede brukeren
 - Comment (Kommentar) – den siste lagrede kommentaren
 - Signature (Signatur) – den elektroniske signaturen til den siste personen som signerte filen
 - Signature reason (Signaturårsak) – årsaken til signaturen
 - Application (Program) – CFX Maestro Dx SE
 - Application version (Programversjon) – den gjeldende versjonen av CFX Maestro Dx SE
 - Full user (Full bruker) – det fulle navnet på den påloggede brukeren
 - Machine (Maskin) – datamaskinen der CFX Maestro Dx SE er installert
- Audit change detail (Revisjonsendringdetaljer)
 - Object (Objekt) – elementet som ble endret (det reviderte elementet)

- Old value (Gammel verdi) – den forrige verdien
- New value (Ny verdi) – den nye verdien
- Description (Beskrivelse) – beskrivelsen av endringen

Se revisjonssporet

- ▶ I den åpne data- eller genstudiefilen velger du View > Audit Trail (Vis > Revisjonsspor). Filens revisjonsspor vises.



Som standard sorteres dataene etter dato og klokkeslett, og alle hendelser vises i den utvidede visningen. Du kan filtrere visningen etter brukernavn og objekt, og skjule den utvidede visningen for å enkelt sortere etter hvilket som helst overskriftsfelt. Du kan også se revisjonssporet som en html-rapport.

Sortere etter brukernavn

- ▶ Velg målbruker fra rullegardinlisten User Name (Brukernavn).

Sortere etter objekt

- ▶ Velg målet fra rullegardinlisten Object (Objekt).

Skjule den fulle beskrivelsen av hendelser

- ▶ Klikk på Collapse All (Skjul alt).

Sortere data i endringsdetaljtabellen

- ▶ Klikk på diamantsymbolet i datakolonneoverskriften for å utføre en stigende sortering (A til Å, det minste tallet til det største eller det tidligste til det siste).

Skrive ut revisjonssporet

1. Klikk på HTML Report (HTML-rapport) for å vise revisjonssporet i en nettleser.
2. Gjør ett av følgende i nettleservinduet:
 - Velg File > Print (Fil > Skriv ut).
 - Høyreklikk rapporten og velg Print (Skriv ut).

Reviderbare hendelser

CFX Maestro Dx SE fanger opp følgende reviderbare hendelser i data- og genstudiefiler.

Reviderbare hendelser under kjøring

- Kjøringens starttid
- Kjøringens tidsplateredigeringer
- Kjøringens tidsprotokollredigeringer
- Kjøringens sluttid

Reviderbare hendelser når en datafil opprettes

- Datafil opprettet
- Interpolerte platelesinger lagt til av systemet

Reviderbare hendelser når en datafil lagres

- Generelt
 - Navn
 - Signering
 - Plateoppsett
 - Vis brønner
 - Analyserte fluorofoerer
 - Plateredigeringer
 - Analysemodus
 - PCR aktiv brønngruppe

- Fanen Quantification (Kvantifisering)
 - Active step (Aktivt trinn)
 - Settings — C_q Determination mode (Innstillinger – C_q påvisningsmodus)
 - Settings — Baseline Setting (Innstillinger – baselinjeinnstilling)
 - Drift correction applied (Driftkorreksjon brukt)
 - Settings — Cycles to Analyze (Innstillinger – sykluser som skal analyseres)
 - Settings — Analysis Mode (Innstillinger – analysemodus)
 - Settings — Baseline Threshold (Innstillinger – baselinjeterskel)
- Fanen Melt Curve (Smeltekurve)
 - Active step (Aktivt trinn)
 - Peak type displayed (Peak-type vist)
 - Peak analysis threshold (Peak-analyseterskel)
- Fanen End Point (Endepunkt)
 - Active fluorophore/target (Aktiv fluorofor/mål)
 - End cycles to average (Endesykluser som brukes til å finne gjennomsnitt)
 - Tolerance calculation method (Toleranseberegningmetode)
 - Percentage of range (Prosent av område)
- Fanen Allelic Discrimination (Allelisk diskriminering)
 - X- og Y-akse fluorophore (fluorofor)
 - Select cycle number (Velg syklusnummer)
 - View call map (Vis bestemmelseskart)
- Fanen Gene Expression — All plots (Genuttryk – alle plott)
 - Experiment Settings — Target reference (Eksperimentinnstillinger – målreferanse)
 - Experiment Settings — Sample control (Eksperimentinnstillinger – prøvekontroll)
 - Experiment Settings — Auto efficiency (Eksperimentinnstillinger – auto effektivitet)
 - Experiment Settings — Efficiency (Eksperimentinnstillinger – effektivitet)

- Gene Expression tab — Graphing (Genuttrykk – graf)
 - Analysemodus
 - Graph data (Diagramdata)
 - X-akse
 - Y-akse
 - Alternativ for skalering
 - Feillinje
 - Multiplikator for feillinje
 - P-Value threshold (P-verdigerskel)
- Fanen Expression — Clustergram (Genuttrykk – clustergram)
 - Cluster By (Klynge etter)
 - Split out replicates (Del op replikater)
- Fanen Gene Expression — Scatter Plot (Genuttrykk – spredningsplott)
 - Control Biological Group (Kontroll biologisk gruppe)
 - Experimental Biological Group (Eksperimentell biologisk gruppe)
 - Fold Change Threshold (Foldendringsterskel)
- Fanen Gene Expression — ANOVA (Genuttrykk – ANOVA)
 - P-Value threshold (P-verdigerskel)
- Plate Setup — View/Edit Plate (Plateoppsett – vis/rediger plate)
 - Settings — PlateType (Innstillinger – platetype)
 - Settings — Units (Innstillinger – enheter)
 - Editing Tools — Flip Plate (Redigeringsverktøy – Speilvend plate)
 - Well groups (Brønngupper)
 - Plate fluorophores (Platefluoroforer)
- Plate Setup — Replace Plate and Apply PrimePCR File (Plateoppsett – erstatt plate og bruk PrimePCR-fil)
 - Plate Setup Import (Import av plateoppsett)

Audit Changes for Gene Study Files (Revisjonsendringer for genstudiefiler)

Generelt

- Navn
- Fanen Study Setup (Studieoppsett)
 - Add/Remove data files (Legg til/fjern datafiler)
- Fanen Study Analysis (Studieanalyse)

Vedlegg C LIMS-integrering

Du kan konfigurere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition for bruk med et informasjonsbehandlingssystem for laboratorier (LIMS). For LIMS-integrering krever CFX Maestro Dx SE informasjon om plateoppsett generert av LIMS-plattformen (en LIMS-fil, *.plrn), en protokollfil opprettet med CFX Maestro Dx SE (*.prcl), en definert plassering for dataeksport og et definert eksportformat.

Etter at kjøringen er ferdig, genererer CFX Maestro Dx SE en datafil (.pcrd) og lagrer den på et angitt sted for dataeksportmappe. CFX Maestro Dx SE kan også opprette en LIMS-kompatibel datafil i .csv-format og lagre den på samme sted.

Opprette LIMS-kompatible datafiler

Dette tillegget forklarer hvordan du setter opp CFX Maestro Dx SE for å opprette, lagre og eksportere LIMS-kompatible datafiler.

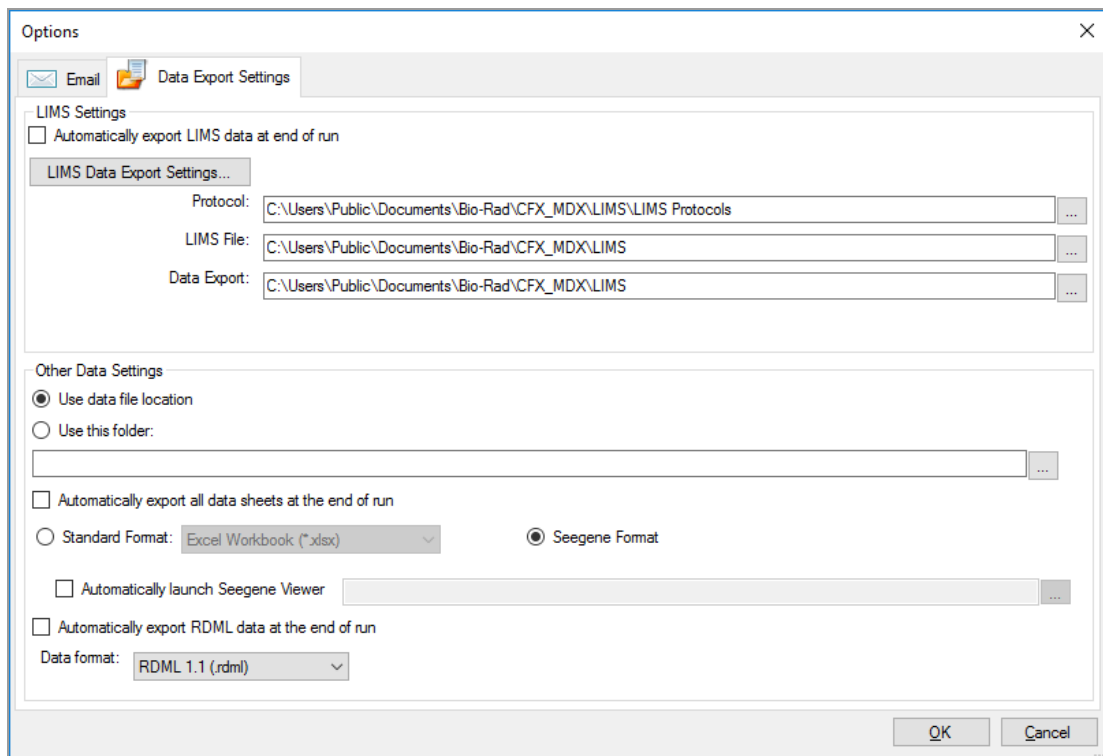
Sette opp LIMS-mappe og alternativer for dataeksport

Som standard lagrer CFX Maestro Dx SE LIMS-protokoller, filer dataeksportfiler i denne mappen:
C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_Dx\LIMS

Du kan konfigurere CFX Maestro Dx SE slik at systemet lagrer filene i en annen mappe, og endre eksportalternativene for LIMS-data.

Slik setter du opp en LIMS-mappe og alternativer for dataeksport

1. Velg Tools > Options (Verktøy > Alternativer) i startvinduet.
2. Velg Data Export Settings (Innstillinger for dataeksport) i dialogboksen Options (Alternativer).



3. (Valgfritt) Velg Automatically export LIMS data at end of run (Eksporter LIMS-data automatisk etter fullført kjøring).

Programvaren vil automatisk eksportere LIMS-data etter hver kjøring og lagre dem på angitt sted.

4. Hvis du vil endre standard eksportalternativer for LIMS-data, klikker du på LIMS Data Export Settings (Innstillinger for eksport av LIMS-data).

Viktig: Kun LIMS-data som eksporteres som en .csv-fil, kan importeres tilbake til CFX Maestro Dx SE.

5. I dialogboksen LIMS Data Export Format Settings (Innstillinger for eksportformat for LIMS-data) velger du de påkrevde eksportalternativene og klikker på OK.
6. I dialogboksen Options (Alternativer) navigerer du til og velger en standardmappe der du vil lagre LIMS-datafilene. Du kan velge forskjellig plassering for hver filtype:

- Protocol (Protokoll)
- LIMS file (LIMS-fil)
- Data export (Dataeksport)

7. Klikk på OK for å lagre endringene og lukke dialogboksen Options (Alternativer).

Opprette en LIMS-protokoll

Når du vil starte en LIMS-kjøring, må du opprette en CFX Maestro Dx SE-protokollfil (*.prcl) og lagre den på plasseringen for den tilordnede LIMS-protokollmappen.

Se [Kapittel 7, Opprette protokoller](#) for mer informasjon.

Opprette en LIMS-fil

En LIMS-fil (*.plrn) inneholder detaljer om plateoppsettet og navnet på protokollfilen. Denne filen genereres av ditt interne LIMS. CFX Maestro Dx SE bruker LIMS-filen til å lage en platefil som skal brukes med en protokollfil.

CFX Maestro Dx SE har plateimportmalfiler som du kan redigere for å opprette egendefinerte LIMS-platefiler.

Tips: Denne oppgaven skal utføres av en LIMS-spesialist.

Slik oppretter du en LIMS-fil

1. I startvinduet velger du View > Show > LIMS File Folder (Visning > Vis > LIMS-filmappe).
2. Åpne mappen LIMS Templates (LIMS-maler) og velg en .csv-fil som skal importeres til ditt interne LIMS.
3. Du kan redigere malfilen ved å fylle ut de påkrevde feltene oppført i [Tabell 38](#).
4. Gjør ett av følgende:
 - For å lagre endringene dine for fremtidig bruk, lagre filen som en .csv-fil.
 - For å lagre endringene og bruke filen umiddelbart, lagre filen som en .plrn-fil.
 - Lagre malen med filtypen .plrn i LIMS-filmappen.

Viktig: CFX Maestro Dx SE kan kun åpne .plrn-filen. Du må lagre .csv-filen som .plrn for å kunne starte LIMS-kjøringen.

Tabell 38. Definisjon av innhold i LIMS .csv-filen

Kolonne	Rad	Beskrivelse	Innhold	Formål
A	1	Plate Header (Plateoverskrift)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert
A,B,C	(2)	Field/Data/Instruction (Felt/data/instruksjon)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert

Tabell 38. Definisjon av innhold i LIMS .csv-filen, forts.

Kolonne	Rad	Beskrivelse	Innhold	Formål
B	3	Version (Versjon)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert
B	4	Plate Size (Platestørrelse)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert
B	5	Plate Type (Platetype)	Legg inn "BR White" (BR hvit), "BR Clear" (BR klar) eller en annen kalibrert platetype	Påkrevd
B	6	Scan Mode (Skannemodus)	Legg inn "SYBR/FAM Only:" (Kun SYBR/FAM:), "All Channels" (Alle kanaler) eller "FRET"	Påkrevd

Tabell 38. Definisjon av innhold i LIMS .csv-filen, forts.

Kolonne	Rad	Beskrivelse	Innhold	Formål
B	7	Units (Enheter)	Legg inn ett av følgende alternativer: "copy number" (kopital), "fold dilution" (foldfortynning), "micromoles" (mikromol), "nanomoles" (nanomol), "picomoles" (pikomol), "femtomoles" (femtomol), "attomoles" (attomol), "milligrams" (milligram), "micrograms" (mikrogram), "nanograms" (nanogram), "picograms" (pikogram), "femtograms" (femtogram), "attograms" (attogram) eller "percent" (prosent)	Påkrevd
B	8	Run ID (Kjørings-ID)	Legg inn en kort beskrivelse eller strekkode som identifiserer denne kjøringen (maks. 30 tegn, komma ikke tillatt)	Valgfritt
B	9	Kjøringsmerknader	Legg inn kjørbingsbetrivelse	Valgfritt

Tabell 38. Definisjon av innhold i LIMS .csv-filen, forts.

Kolonne	Rad	Beskrivelse	Innhold	Formål
B	10	Run Protocol (Kjøringsprotokoll)	Legg inn protokollfilnavn nøyaktig som oppført.	Påkrevd
A	11	Data File (Datafil)	Legg inn datafilnavn	Valgfritt
A	12–15	TBD/Empty (TBD/tom)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert
A	16	Plate Data (Platedata)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert
A	17–113	Well Position (Brønnposisjon)	Skal ikke redigeres	Forhåndsdefinert
B–G		Ch1 Dye (Kanal1 fargestoff), Ch2 Dye (Kanal2 fargestoff), Ch3 Dye (Kanal3 fargestoff), Ch4 Dye (Kanal4 fargestoff), Ch5 Dye (Kanal5 fargestoff), FRET	Legg inn ett kalibrert fargestoffnavn (for eksempel "FAM") for hver kanal som brukes	Påkrevd
H		Sample Type (Prøvetype)	Legg inn én av følgende prøvetyper: "Unknown" (Ukjent), "Standard", "Positive Control" (Positiv kontroll), "Negative Control" (Negativ kontroll), "NTC" (Ikke- templatkontroll) eller "NRT" (Uten revers transkriptase)	Påkrevd
I		Sample Name (Prøvenavn)	Legg inn prøvenavn	Valgfritt

Tabell 38. Definisjon av innhold i LIMS .csv-filen, forts.

Kolonne	Rad	Beskrivelse	Innhold	Formål
J–O		CH1 Target (Kanal1 mål), CH2 Target (Kanal2 mål), CH3 Target (Kanal3 mål), CH4 Target (Kanal4 mål), CH5 Target (Kanal5 mål), FRET Target (FRET mål)	Legg inn målnavn for hver kanal som brukes	Valgfritt
P		Collection Name (Samplingsnavn)	Legg inn navn på biologisk sett	Valgfritt
Q		Replicate (Replikat)	Legg inn et positivt heltall for hvert sett med replikater. Verdien kan ikke være null.	Valgfritt
R–W		CH1 Quantity (Kanal1 kvantitet), CH2 Quantity (Kanal2 kvantitet), CH3 Quantity (Kanal3 kvantitet), CH4 Quantity (Kanal4 kvantitet), CH5 Quantity (Kanal5 kvantitet), FRET Quantity (FRET kvantitet)	Legg inn kvantitetsverdier for alle standarder. Legg inn konsentrasjon i desimalform.	Påkrevd for alle standarder

Tabell 38. Definisjon av innhold i LIMS .csv-filen, forts.

Kolonne	Rad	Beskrivelse	Innhold	Formål
X		Well Note (Brønnmerknad)	Legg inn brønnmerknad (maks. 20 tegn) Merknad: Selv om CFX Maestro Dx SE har en grense på 20 tegn når du skriver inn merknader i Well Note via programvaren, kan feltet Well Note inneholde opptil 500 tegn hvis det er inkludert i en importert .plrn-fil. CFX Maestro Dx SE viser imidlertid bare de første 20 tegnene. Den eksporterte .pcrd- filen inneholder alt i Well Note- feltet, ingen data går tapt.	Valgfritt
Y-AD		Ch1 Well Color (Kanal1 brønnfarge), Ch2 Well Color (Kanal2 brønnfarge), Ch3 Well Color (Kanal3 brønnfarge), Ch4 Well Color (Kanal4 brønnfarge), Ch5 Well Color (Kanal5 brønnfarge), FRET Well Color (FRET brønnfarge)	Legg inn enhver brukerdefinert farge for kurvestil i et 32-bits integer (argb) desimalformat	Valgfritt

Starte en LIMS-kjøring

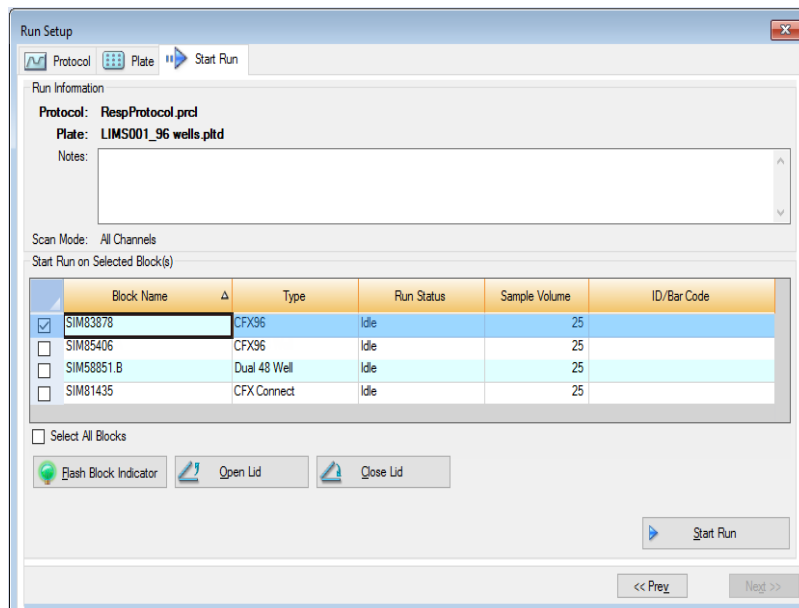
Slik starter du en LIMS-kjøring

1. Gjør ett av følgende for å åpne en LIMS .plrn-fil:

- I startvinduet velger du View > Show > LIMS File Folder (Visning > Vis > LIMS-filmappe) og åpner .plrn-målfilen.
- I startvinduet velger du File > Open > LIMS File (Fil > Åpne >LIMS-fil) og åpner .plrn-målfilen.

Filen åpnes i fanen Start Run (Start kjøring) i veiviseren Run Setup (Kjøringsoppsett). Fanen Start Run (Start kjøring) viser informasjon om eksperimentet som skal kjøres. Den viser også den tilkoblede instrumentblokken eller blokker du kan kjøre eksperimentet på.

2. I fanen Start Run (Start kjøring) velger du et instrument og klikker på Start Run (Start kjøring).



Eksportere data til et LIMS

Etter at kjøringen er fullført, genererer CFX Maestro Dx SE en datafil (.pcrd) og lagrer den på den definerte mappeplasseringen for dataeksport.

Slik eksporterer du datafilen til et LIMS

- ▶ Åpne .pcrd-filen, og velg Export > Export to LIMS Folder (Eksport > Eksporter til LIMS-mappe).

Tips: Hvis du velger Automatically Export Data after Run (Eksporter data automatisk etter kjøring) i LIMS Options (Alternativer for LIMS), oppretter CFX Maestro Dx SE en LIMS-kompatibel datafil i .csv format og lagrer den i den samme mappen.

Vedlegg D Feilsøking i CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition

Dette tillegget gir forslag til feilsøking av problemer du kan støte på når du oppgraderer eller kjører CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition.

Hviteliste CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition filer og mapper

For å beskytte mot virus og skadelig programvare, kan IT-avdelingen din ha implementert svært strenge programvaresikkerhetstiltak. Disse tiltakene kan påvirke tiden for oppgradering eller kjøring av CFX Maestro Dx SE.

For å forbedre ytelsen til CFX Maestro Dx SE, anbefaler Bio-Rad at IT-avdelingen godkjenner følgende filer og mapper i brannmurinnstillingene i antivirusprogramvaren som er installert på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen:

Mapper

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx
- C:\ProgramData\Bio-Rad\CFX_MDx
- C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_MDx

Filer

- Alle .exe-filer i mappen C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx
- R.exe og Rscript.exe (i mappen C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx\R\R-3.3.1\bin)

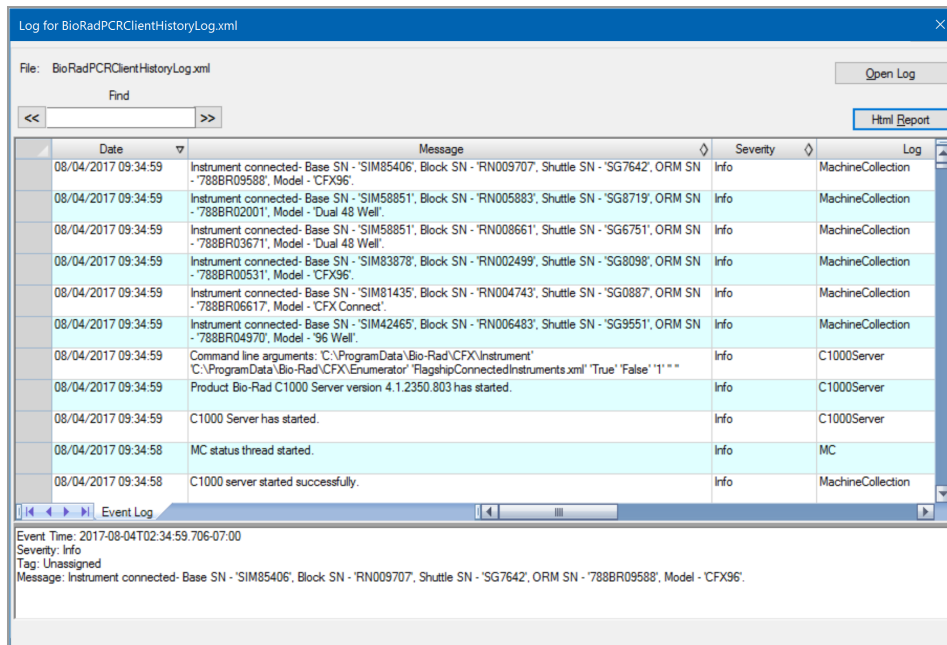
Programvarelogg

Før CFX Opus Dx starter en ny kjøring, starter systemet en selvdiagnostisk test for å bekrefte at det kjører innenfor spesifikasjonene. Programvaren registrerer resultatene av denne testen i filene Run Log (Kjøringslogg) og Application Log (Programvarelogg). Hvis du oppdager et problem i ett eller flere eksperimenter, må du åpne kjøerings- og programvareloggene for å finne ut når problemene startet.

CFX Maestro Dx SE Dx sporer informasjon om tilstanden til et instrument under en kjøring i Application Log (Programvarelogg). Bruk disse loggene til å spore hendelser som inntreffer på instrumentene og i programvaren samt for feilsøking.

Slik åpner du programvareloggen

- I startvinduet velger du View > Application Log (Vis > Programvarelogg).



For å vise programloggen som en HTML-fil, klikk på HTML Report-knappen.

Hente programvare- og firmware-loggfiler

Programvare- og firmware-loggene inneholder informasjon som beskriver handlinger utført under bruk av programvaren og ytelsen til kjøring. Disse loggene registrerer også programvare- eller firmware-feil som oppstår under bruk av programvaren eller instrumentet.

Slik får du tilgang til loggfilene for programmet og firmware:

1. Høyreklikk på instrumentet i ruten Detected Instruments (Oppdagede instrumenter).
2. Velg Retrieve Log Files (Hent loggfiler).
3. I dialogboksen Browse for Folder (Søk etter mappe) velger du målmappen på nettverket eller en lokal stasjon som du vil lagre loggfilene i.

Merknad: Mappen har tittelen "Logs".

4. Klikk OK for å lagre filene.

Viktig: Lagring av en loggfil med samme filnavn som en eksisterende loggfil, vil overskrive den eksisterende loggfilen.

Feilsøking

Du kan vanligvis løse problemer med programvare- og instrumentkommunikasjon ved å starte datamaskinen og systemet på nytt. Det er viktig at du lagrer eventuelt pågående arbeid før du starter på nytt.

Merknad: Kontroller at datamaskinen har nok RAM og ledig diskplass. Minimum RAM er 4 GB og minimum ledig diskplass er 128 GB.

Strømbrydd

Ved et strømbrydd stenges instrumentet og datamaskinen ned. Hvis strømbryddet er kortvarig, vil instrumentet gjenoppta kjøringen av en protokoll, men strømbryddet blir registrert i Application Log (Applikasjonslogg). Avhengig av datamaskinens innstillinger og lengden på strømbryddet, vil instrumentet og programvaren prøve å fortsette kjøringen, avhengig av protokolltrinnet:

- Hvis protokollen er i et trinn som ikke inneholder plateavlesning, fortsetter protokollen å kjøre straks instrumentet forsynes med strøm igjen.
- Hvis protokollen er i et trinn som inneholder plateavlesning, venter instrumentet på at programvaren skal startes på nytt og gjenopptar kommunikasjonen for innsamling av data. I denne situasjonen fortsetter protokollen kun hvis programvaren ikke er stengt ned av datamaskinen. Protokollen fortsetter når datamaskinen og programvaren starter opp på nytt.

Overføre filer til CFX Maestro Dx SE-datamaskinen

Du kan overføre data og loggfiler som ligger på instrumentet til harddisken til en tilkoblet CFX Maestro Dx SE-datamaskin.

Tips: Alle filer i mappen for sanntidsdata på instrumentbasen overføres til datamaskinen.

Merknad: Fra CFX Opus Dx-instrumenter kan du bare overføre loggfiler. Alle loggfiler på instrumentet overføres til datamaskinen.

Slik henter du ut filer fra instrumentet

1. Høyreklikk på målinstrumentet i ruten Detected Instruments (Detekterte instrumenter) i startvinduet, og velg Retrieve Log Files.
2. Velg en mappe der du vil lagre filene.
3. Klikk på OK.

Installere CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition manuelt

Slik installerer du CFX Maestro Dx SE manuelt

1. Koble fra eventuelle instrumenter som er koblet til datamaskinen.

Finn instrumentets USB-kabel på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen, og koble den fra. Kabelenden som er tilkoblet instrumentet, trenger ikke kobles fra.
2. Logg på CFX Maestro Dx SE-datamaskinen som administrator.
3. Sett USB-stasjonen med CFX Maestro Dx SE inn i USB-porten på datamaskinen.
4. Åpne Windows Utforsker, naviger til USB-stasjonen med CFX Maestro Dx SE og åpne den.
5. Åpne CFX-mappen og dobbeltklikk på CFXMaestroDxSetup.exe for å installere CFX Maestro Dx SE.
6. Følg instruksjonene på skjermen for å installere programvaren.

Når installeringen er ferdig, vises Bio-Rad CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-velkomstskjermbildet på dataskjermen og Bio-Rad CFX Maestro Dx-programvare, Security Edition-ikonet vises på skrivebordet.

7. Løs trygt ut programvarens USB-enhet og start CFX Maestro Dx SE.

Installere driverne på nytt

Slik installerer du instrumentdriverne på nytt

- ▶ I startvinduet velger du Tools > Reinstall Instrument Drivers (Verktøy > Installer instrumentdrivere på nytt).

Merknad: Hvis programvaren har problemer med å kommunisere med et sanntidssystem etter at du har installert driverne på nytt og sjekket USB-tilkoblingen, må du kontakte teknisk støtte hos Bio-Rad.

Vedlegg 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!

Vedlegg F Referanser

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*. 2. utgave (New York: SAGE Publications, Inc.).

Merknad om opphavsrett, Minpack (1999) University of Chicago. Med enerett

Redistribuering og bruk i kildeformer og binære former, med eller uten modifisering, er tillatt, forutsatt at følgende betingelser er oppfylt:

1. Ved redistribuering av kildekoden må den ovennevnte merknaden om opphavsrett, denne listen over betingelser og følgende forbehold også distribueres.
2. Redistribueringer i binær form må reprodusere den ovennevnte merknaden om opphavsrett, denne listen over betingelser og følgende forbehold i dokumentasjonen og/eller andre materialer som medfølger distribueringen.
3. Eventuell sluttbrukerdokumentasjon som medfølger redistribueringen må inneholde følgende tekst:

«Dette produktet inneholder programvare utviklet av University of Chicago, som eier av Argonne National Laboratory.»



Bio-Rad Laboratories, Inc.
4000 Alfred Nobel Drive
Hercules, CA 94547



Bio-Rad
3, boulevard Raymond Poincaré
92430 Marnes-la-Coquette, France
Tif.: +33 (0)1 47 95 60 00
Faks: +33 (0)1 47 41 91 33
bio-rad.com



**Bio-Rad
Laboratories, Inc.**

Life Science
Group

Website 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

