
QX200™ Droplet Reader および QX Manager ソフトウェア Regulatory Edition

取扱説明書

Version 1.0



BIO-RAD

QX200™ Droplet Reader および QX Manager ソフトウェア Regulatory Edition

取扱説明書

第 1.0 版

カタログ番号 1864001JA, 1864001J1, 1864001J2, 1864001J3, 1864003JA, 1864003JB,
1864100JA, 1864100J1, 1864100J2, 1864100J3,



バイオ・ラッドテクニカルサポート

サポートや技術的なアドバイスについては、バイオ・ラッド社のテクニカルサポート部門にお問い合わせください。日本のテクニカルサポート部門の受付時間は、月～金曜日の営業日の午前9:00～午後5:00 となっています。

電話：03-6404-0331

FAX：03-6404-0334

E メール：life_ps_jp@bio-rad.com（日本国内用）

各国のテクニカルサポートと事業所の連絡先については、www.consult.bio-rad.com をご覧ください。

法的通知

本書のいかなる部分も、弊社から書面による許可を得ることなく、写真複写や記録を含む電子的または機械的ないかなる形式や手段によっても、あるいはいかなる情報記憶または情報検索システムによっても、複製または送信してはならないものとします。

Bio-Rad Laboratories, Inc.（以下、バイオ・ラッド）は自社の製品およびサービスをいつでも変更する権利を有します。本書は予告なしに変更されることがあります。バイオ・ラッドは、本書の正確性に万全を期していますが、本書の誤りや脱落、あるいは本書の利用によって生じた損害についての責任は一切負わないものとします。

BIO-RAD、DROPLET DIGITAL PCR、DDPCR は一部の地域でバイオ・ラッドの登録商標です。

EvaGreen は Biotium, Inc.の商標です。バイオ・ラッドは Biotium, Inc.のライセンスを受けて、研究目的に限り、リアルタイム PCR で使用するための EvaGreen®ダイを含む試薬を販売しています。

本書に使用されているすべての商標の権利はそれぞれの所有者に属します。

Copyright © 2019 by Bio-Rad Laboratories, Inc. All rights reserved.

バイオ・ラッドからのデジタル PCR 製品の購入には、弊社の知的所有権下で購入者が内部研究のみを目的として本製品を使用する制限的権利が含まれ、この権利は他者に譲渡することはできません。追加の条項または条件に弊社が許可する旨が明記されている場合を除き、購入者による本製品の販売または転売、あるいは契約業務や有料サービスなどの商業用途への使用は禁じられます。診断目的での使用も許可されません。こうした使用権に関する詳しい情報はバイオ・ラッドが提供しています。ほかに必要と思われる知的所有権の取得については、購入者／エンドユーザーがその責任を負います。QX Manager/QX200/QX100/QX200 AutoDG Droplet Digital PCR システムとその使用には、バイオ・ラッドが所有または許諾する米国特許権および／または米国内外の審議中の特許出願が適用されます。詳細は <http://www.bio-rad.com/en-us/trademarks> をご覧ください。

目次

第 1 章 安全規格と規制の遵守	9
規制要求事項の遵守.....	9
安全警告表示.....	10
安全な使用のための要件.....	11
危険性.....	12
バイオハザード.....	12
ケミカルハザード.....	14
爆発または燃焼の危険性.....	14
電氣的危険.....	14
輸送.....	15
保証.....	15
第 2 章 Droplet Digital PCR 概論	17
ddPCR のワークフロー.....	18
QX200 Droplet Digital PCR システム.....	19
詳細に関して.....	19
第 3 章 QX200 Droplet Reader について	21
梱包されている製品および追加が必要な製品.....	22
仕様.....	23
QX200 Droplet Reader 用プレートの組み立て方.....	24
機器の接続と起動.....	25
ステータスインジケータ・ライト.....	25
プレートホルダを装置にセットする.....	27
第 4 章 QX Manager Regulatory Edition について	29
第 5 章 QX Manager の利用の開始	31
ソフトウェアにサインインする.....	31
ユーザー権限を見る.....	32
個人の設定を管理する.....	35
サインアウトまたはユーザーの変更.....	36
Instrument Status バー.....	37
機能ウィンドウ.....	38
適合するファイルの種類.....	39
第 6 章 Run の実行	42

目次

プレートを設定する	42
Plate Configuration ウィンドウ	43
Plate Information タブ	43
プレートの設定	44
Well Selection タブ	46
プレートレイアウトでのウェル選択	46
Well Information タブ	48
ウェル情報の決定または編集	48
Run を開始する	51
Run 前の確認チェックリスト	52
Run 実行中	55
Run のステータス確認	56
ライブ解析の使用	57
Run のキャンセル	59
第 7 章 試薬・消耗品のロット管理	60
消耗品ロットの管理	61
試薬ロットの管理	62
Run 情報出力とレポートでのロット表示	63
第 8 章 プレートテンプレートの作成または編集	65
Plate Editor ウィンドウ	66
Plate Editor ツール	67
新しいプレートテンプレートを開く	68
既存のプレートテンプレートを開く	69
テンプレートのセットアップ- 使用するウェルの設定	70
実験の種類	73
サンプルの記述	74
サンプルの種類	75
スーパーミックス	75
アッセイの種類と蛍光色素	76
テンプレートのセットアップ- ウェルを含めるまたは除外する	78
第 9 章 Data Analysis モジュールの概要	81
解析のためのデータファイルを開く	82
データファイルの保存	84
Analysis Dashboard	85
ダッシュボードの表示を変更する	86

ダッシュボードのオプション	87
Plate View ウィンドウ	89
Plate Editor – 解析ビュー	89
Plate View	90
2D Plate View	91
データウィンドウ	92
Data Table タブ	92
Plate Well Data Table	99
Analysis Well Data テーブル	101
解析ウィンドウ	103
解析画面とアウトプットのオプション	104
共通オプション	104
グラフの拡大または縮小	107
グラフ表示を設定する	108
グラフスケールのオプションを選択する	109
グラフのメニューオプションを使用する	112
表のメニューオプションを使用する	114
Run およびプロット情報の表示	117
第 10 章 データ解析方法	119
Amplitude プロット解析のオプション	119
1D amplitude	124
2D amplitude	129
確率分布グラフ (Statistical Probability Chart) 解析のオプション	132
濃度 Concentration	135
コピー数 Copy Number	138
比率 Ratio	141
存在量比 (%) Fractional Abundance	143
イベント数 Event Counts	145
連鎖解析 Linkage Analysis	146
第 11 章 解析モジュールのレポート機能	149
レポートの要素	149
解析レポートの作成	153
レポートテンプレートの作成	154
第 12 章 Gene Study モジュール	157
Gene Study のオプション	158

目次

Gene Study のセットアップ.....	160
データファイルの追加	162
データファイルの除外	162
解析のためのデータファイルの選択	163
プレートビューの閲覧	163
Study Analysis 機能の使用	165
Gene Study レポート.....	167
Gene Study レポートの作成	168
付録 A 実験例	169
マルチプレックスアッセイによる直接定量	170
実験パラメータの設定	170
結果の閲覧と調整	171
トリプレックスアッセイによるコピー数多型.....	173
実験パラメータの設定	173
結果の閲覧と調整	174
ゲノム編集検出のためのドロップオフアッセイ	175
実験パラメータの設定	175
結果の閲覧と調整	176
Advanced Classification Method による直接定量	178
実験パラメータのセットアップ.....	178
結果の閲覧と調整	179
付録 B ユーザーの管理.....	181
ユーザーの追加.....	182
ユーザー権限の追加または削除	183
ユーザー設定の変更	185
ユーザーの削除.....	185
付録 C 装置のメンテナンス.....	187
オイル関連のメンテナンス.....	187
Droplet オイルの交換	188
廃液のメンテナンス	189
装置のフラッシングまたはプライミング	190
装置メンテナンス記録フォーム (Instrument Maintenance Form)	191
付録 D システムユーティリティ	193
System Settings タブ.....	194
Preferred Location.....	194

Shared Settings.....	195
システムログファイル.....	196
イベントログ.....	196
メンテナンスログ.....	197
メンテナンスレポート.....	198
データのアーカイブ保存.....	199
データの再処理.....	200
システムキャリブレーション.....	201
付録 E コンピューターの追加.....	203
付録 F トラブルシューティング.....	205
Event Log.....	205
装置のエラー.....	205
付録 G Ordering Infromation.....	209

目次

第 1 章 安全規格と規制の遵守

本項では、実験および電気機器のほか、化学物質および危険物質を用いる作業に適用される法的要求事項を挙げ、安全にご使用いただくための注意点および推奨事項についても説明します。

規制要求事項の遵守

本 QX200 Droplet Reader は、検査の結果、以下の安全規格および電磁両立性規格の適用される要求事項をすべて満たすことが認められています。

- IEC 61010-1:2010（第 3 版）、EN61010-1:2010（第 3 版）：計測、制御および実験室用電気機器- 第 1 部：一般要求事項
- IEC 61010-2-081:2015、EN 61010-2-081:2015：計測、制御および実験室用電気機器- 第 2 部-081：分析およびその他の目的の自動および半自動実験室用機器に対する個別要求事項
- IEC 61010-2-101:2015（第 2 版）、計測、制御および実験室用電気機器の EMC 要求事項、体外診断（IVD）医療機器のための個別要求事項
- IEC 61326-1:2012（クラス A）、EN 61326-1:2013（クラス A）：計測、制御および実験室用電気機器の EMC 要求事項、第 1 部：一般要求事項
- CAN/CSA22.2 No 61010-1-04：計測、制御および実験室用電気機器の安全性、第 1 部：一般要求事項
- 有害物質の使用制限（Restriction of hazardous substances：ROHS）に関する欧州連合（EU）指令
- 欧州化学品庁（ECHA）による 2007 年 6 月 1 日付け化学物質の登録、評価、認可および制限（Registration, evaluation, authorization and restriction of chemicals：REACH）
- 電気・電子機器の廃棄（WEEE）に関する指令

本機器は検査の結果、FCC 規則パート 15 に従ってクラス A デジタル機器の制限を遵守していることが認められています。これらの制限は、商業環境で機器を操作したときに生じる電波障害からの合理的な保護を目的として考案されています。



CE マークは、当該製品が適用 EN 指令の必須要求事項に適合していることを製造者が保証していることを示します。



SA マークは、プロジェクトがカナダおよび米国の規格に照らして検査され、適用規格の要求事項に適合していたことを示すものです。





WEEE（電気・電子機器の廃棄）指令のマークは、エンドユーザーが当該製品の廃棄を希望する場合、リカバリーとリサイクルのための分別収集施設に送らなければならないことを示します。

安全警告表示

装置に貼付され、本書にも記載されている警告表示は、損傷や危害の原因となる事柄について警告するものです。それぞれの安全警告表示の定義を表 1 にまとめます。

表 1 安全警告表示の意味

マーク	意味
	身体や機器への危険性に関する警告 本書を読まずに QX200 Droplet Reader システムを操作すると、人的傷害が発生するおそれがあります。安全に使用するため、本書に記載されていない方法で本装置を操作しないでください。電気機器の安全な使用の経験を積んだ有資格実験技師以外は本装置を操作しないでください。本システムのすべての構成部品は必ず乾いた清潔な手で慎重に取り扱ってください。
	バイオハザード物質の取扱いに関する警告 バイオハザードサンプルの取扱いに際しては、推奨される注意事項およびガイドラインに従い、各実験室および現地のあらゆるガイドラインを遵守してください。

安全な使用のための要件

QX200 Droplet Reader システムの安全な操作のために、バイオ・ラッドは本項および p.187 の「装置のメンテナンス」に記載の指示を遵守されることを強く推奨します。

本装置は実験専用の装置であり、本来の用途以外で本装置を使用したり、バイオ・ラッドまたは弊社の正規代理店以外が本装置の変更を行ったりした結果として負傷や損害が発生しても、弊社は一切の責任を負いません。

- 本装置は訓練を積んだ経験者以外は使用できません。
- 本装置に付属の電源コードとともに、使用地域のコンセントに対応するプラグアダプターを使用してください。
- 装置は頑丈で安定した平面の上に設置し、電源コードと USB ポートを利用しやすいよう背面および両側に十分な間隔を空けてください。
- 本装置は無線周波数エネルギーを生成、利用し、放射する可能性もあるため、取扱説明書の指示に従って据え付け・使用しない場合は、無線通信を妨害するおそれがあります。住宅地域で本システムを操作すると、電波障害を引き起こす可能性が高く、その場合、使用者は自費でこれを是正する必要があります。

注：停電に備えてバックアップ電源を用意しておくことが推奨されます。

弊社の QX200 Droplet Reader システムの安全な使用のための要件を表 2 にまとめます。クラス A の FCC 規制を遵守するため、付属のシールド付きケーブルを使用してください。

表 2 安全な使用の条件

使用パラメータ	安全な使用の条件
定格入力電力	入力：100～240 V、50～60 Hz、1 A 電圧変動は外部電源の定格の+ 10%を超えないこと。 本装置に付属の電源コードのみを使用すること。 ヒューズ：10 A 250 V スローブロー
汚染度／環境	2（屋内専用）
使用温度	18～30 °C
相対湿度	最大 80 %（結露なし）

使用パラメータ	安全な使用の条件
高度	海拔 0~2,000 m (0~6,560 フィート)
据付けカテゴリー	II (標準的な AC コンセントに外部電源プラグを差し込む)
通気条件	適正な通気のために以下の空間を設けること。 <ul style="list-style-type: none">■ 装置の左右に各 12 cm (5 インチ)■ 背部に 25 cm (10 インチ)
据付け台の要件	本装置を据え付ける実験台やテーブルの要件 幅 193 cm x 奥行き 76 cm (76" x 30") の大きさの実験台 1 台で、許容積載重量が 114 kg (250 ポンド) 超のもの 重要 : 複数の台にまたがって装置を据え付けないこと。 各軸につき傾き約 1° 以内の水平面 86cm - 102cm (34" - 40"); 実際の高さは、装置の人間工学的操作のためにユーザーの裁量で決定されます。

危険性

QX200 Droplet Reader システムは製造者の指示する方法で使用すれば、安全に操作できるように設計されています。本装置または関連部品のいずれかでも製造者の指示に従わずに使用された場合には、装置の持つ本来の保護機能が損なわれるおそれがあります。

指示に従わずに本装置を使用したり、バイオ・ラッドまたは弊社の正規代理店以外が本装置の変更を行ったりした結果として負傷や損害が発生しても、バイオ・ラッドは一切の責任を負いません。訓練を積んだ弊社職員以外は、QX200 Droplet Reader システムの保守点検を行うことはできません。

バイオハザード

QX200 Droplet Reader システムは実験室用製品ですが、バイオハザードサンプルが存在する場合は、以下のガイドラインに従うとともに、各実験室および現地のあらゆるガイドラインを遵守してください。

注 : 本装置の通常の操作ではバイオハザード物質は使用されません。

一般的注意

- 必ず実験用コート、手袋およびサイドシールド付き安全眼鏡かゴーグルを装着します。
- 手で口や鼻、眼に触れないでください。
- 感染の危険性のある物質を取り扱う場合は、切り傷やすり傷があれば事前に完全に保護してください。
- 感染の危険性のある物質を取り扱った場合は、退室する前に石鹸と水で十分に手洗いしてください。
- 感染性物質や感染の危険性のある物質はすべて、破損や漏れが生じない容器に保管します。
- 実験室から出る際は、保護用の着衣を脱いでから退室します。
- メモを取る、電話に出る、電灯をつけるなど、ほかの人間が手袋をはめずに触れる物に手袋をはめた手で触らないでください。
- 手袋は頻繁に交換し、コンタミネーションが目視で認められた場合は直ちにはずしてください。
- 適正にデコンタミネーションできない物質は感染の危険性のある物質に曝露させないでください。
- バイオハザード物質を用いて操作を行った場合は、適切な消毒剤（家庭用漂白剤の 1 : 10 希釈液など）を用いて作業場を消毒してください。

表面のデコンタミネーション



警告！ 感電防止のため、デコンタミネーションを始める前に必ず装置の電源を切り、電源プラグを抜いてください。

重要： 研磨剤や腐食性の洗剤、強アルカリ液は使用しないでください。これらの薬剤は表面を傷つけ、システムを破損させるおそれがあります。

下記の部分は漂白剤の 10 % 溶液でクリーニングすることができます。

- 外面およびシャーシ
- 内部のプレートホルダ
- ドロップレット作製、サーマルサイクリングおよびドロップレット読み取り表面

消毒剤の調製と使用については本製品の製造者の指示に従ってください。表面クリーニングの詳細な説明は付録 C 「装置のメンテナンス」に記載されています。他の洗浄剤の使用についてはバイオ・ラッドテクニカルサポートにお問い合わせください。

重要： フロントドアが開いた状態でハンドラーの Y 軸レールをクリーニングしないでください。この表面は潤滑処理されており、潤滑剤が除去されると、不具合が発生します。

バイオハザード物質の廃棄

以下のコンタミネーションの可能性のある物質は、各施設、地域および国内の規制に従い廃棄してください。

- 臨床サンプル
- 試薬
- 使用後の反応器具など、コンタミネーションが疑われる消耗品

ケミカルハザード

QX200 Droplet Reader システムには危険性のある化学物質は含まれません。

爆発または燃焼の危険性

QX200 Droplet Reader システムはバイオ・ラッドの指示に従い正しく使用された場合、燃焼や爆発に関連する危険性はありません。

電氣的危険

QX200 Droplet Reader システムは、物理的改造を加えることなく正しく設置、操作され、適正な規格の電源に接続されている場合、操作者に電氣的な危険が及ぶことはありません。

デコミッショニングと廃棄

QX200 Droplet Reader システムには、電気・電子機器の廃棄に関する EU 指令（WEEE 指令）に従い、未選別廃棄物として処分すべき電気資材と分別収集の必要な電気資材が含まれます。デコミッショニングの目的は、本装置が電気的および環境的に安全に廃棄できるようにすることです。廃棄される場合は、各国での必要な手続きについてお近くの弊社担当者にお問い合わせください。

輸送

QX200 Droplet Reader システムの移動や輸送の前にはデコンタミネーションを実施してください。損傷を防止するため、本装置の移動や輸送には必ず付属の包装資材を使用してください。適当な箱が見当たらない場合は、お近くの弊社営業所にご連絡ください。

保証

QX200 Droplet Reader システムとその付属品には弊社の標準的な保証が適用されます。詳細な保証内容につきましては、お近くの弊社営業所にお問い合わせください。

未承認のスーパーミックスの使用は装置に損害を与えるおそれがあり、これは保証の対象になりません。また、本装置の改造は安全性を損なう可能性があるため、保証および安全性証明は適用されません。

第 1 章 安全規格と規制の遵守

第2章 Droplet Digital PCR 概論

Droplet Digital PCR ポリメラーゼ連鎖反応 (ddPCR) は水・油エマルジョンドロップレット技術に基づくデジタル PCR 法です。ddPCR ではマイクロ流体工学と特許技術の界面活性剤を組み合わせ、各サンプルを油中水ドロップレットに分割します。この技術は、最も標準的な TaqMan プローブアッセイと同様の試薬とワークフローを使用し、明確な体積の分散油中水ドロップレットに封入された核酸分子数を計測することによって、核酸のターゲット配列を絶対定量します。

ddPCR は以下の領域においてきわめて有効です。

- **絶対定量-** ddPCR は検量線を必要とせずにインプットサンプルごとにターゲット DNA コピーの濃度を求められるため、ターゲット DNA の測定、ウイルス量解析および微生物の定量に理想的な方法です。
- **遺伝子コピー数多型 (CNV) などのゲノム変化-** CNV は表現型多様性、複雑な行動特性および疾患の原因である dosage-sensitive gene (量感受性遺伝子) の不足または過多を引き起こします。ddPCR は遺伝子コピー数の 1.2 倍の差を測定することができます。
- **レアシーケンスの検出-** 野生型の背景に少数の癌細胞が存在するような難しいサンプルでは単一遺伝子を増幅する必要があります。ddPCR はまれな突然変異やシーケンスも検出できる感度を備えています。
- **遺伝子発現およびマイクロ RNA (miRNA) 解析-** ddPCR は特に低含量 miRNA の発現レベルを単独で高い精度と感度により絶対定量することができます。
- **次世代シーケンシング (NGS) -** ddPCR はシーケンシングの精確さを高め、Run の繰り返しを減らすために、NGS サンプルライブラリーを定量することができます。絶対定量により単一ヌクレオチド多型やコピー数多型などのシーケンシングの結果を検証します。
- **単一細胞分析-** 均一な有糸分裂終了細胞、前駆細胞および幹細胞集団における遺伝子発現およびゲノム内容の高度 (10~100 倍) の細胞間変動には単一細胞の分析が必要です。ddPCR は低コピー数の定量が可能です。
- **ゲノム編集の検出-** ddPCR は、CRISPRCas9 などのゲノム編集ツールによって作製された HDR (相同組換え修復) および NHEJ (非相同末端結合) を高精度で迅速かつ費用対効果のある評価を行うことができます。

ddPCR には核酸の定量に関して下記のメリットがあります。

- **超高精度-** ddPCR による多数のサンプル分割によって、サンプル間でのターゲット DNA 配列のわずかな差も高精度で測定することが可能です。
- **S/N 比の向上-** サンプル分割することで高コピーのテンプレートとバックグラウンドが希釈され、ターゲットポジティブドロップレットのテンプレート濃度を効果的に高めます。これにより、レアなターゲットを高感度で検出でき、±10 %の精度で定量が可能です。
- **PCR 効率バイアスの除去-** qPCR の増幅効率依存を除去することにより、エラー率が低減し、ターゲットを正確に定量することができます。
- **定量の簡略化-** 絶対定量に検量線の必要がありません。

ddPCR のワークフロー

ddPCR は下記のワークフローに従って行われます。

- DNA または RNA とプライマー、プローブ色素および Bio-Rad ddPCR スーパーミックスを組み合わせ、PCR 用のサンプルを調製します。
- ドロップレットジェネレーターによって、サンプルはナノリットルサイズの均一なドロップレット約 2 万個に分割され、この分割処理によってターゲットおよびバックグラウンドの DNA がドロップレットにランダムに分配されます。
- サーマルサイクラーにより、ドロップレットごとに核酸ターゲットの PCR 増幅を実施します。
- ドロップレットリーダーで各ドロップレットを読み取り、元のサンプルのポジティブドロップレットの割合を求めます。ターゲット DNA 分子のコピーを 1 個でも含むポジティブドロップレットは、ネガティブドロップレットに比べて高い蛍光強度を示します。

QX200 Droplet Digital PCR システム

QX200 Droplet Digital PCR システムの一環として、バイオ・ラッドは以下の装置を提供しています。

- ドロップレット作成を行う QX200 Droplet Generator システムまた Automated Droplet Generator システム
- PCR 反応後のドロップレットから蛍光を検出する QX200 Droplet Reader システム

QX200 Droplet Generator



Automated Droplet Generator



QX200 Droplet Reader



重要： QX200 Droplet Reader は PCR 後の Droplet 読み取り機能のみを実行します。Droplet Digital PCR の全工程を実行するには Droplet Generator と PCR サーマルサイクラーが必要となります。PCR サーマルサイクラーを含む追加の装置、関連するアクセサリや消耗品はバイオ・ラッドから推奨製品が提供されています。詳細については、[付録 G「Ordering Information」](#)を参照してください。

詳細に関して

Help タブをクリックし、Bio-Rad Website のリンクをクリックすると、テクニカルノート、マニュアル、ビデオ、製品情報およびテクニカルサポートのリンクにアクセスすることができます。ウェブサイトには PCR、ドロップレットデジタル PCR および遺伝子発現に関連する様々な方法と応用に関する技術的な情報や資料も数多く掲載されています。

第 2 章 Droplet Digital PCR 概論

第3章 QX200 Droplet Reader について

Droplet 生成および PCR サーマルサイクリングプロセスの後、QX200 Droplet Reader システムはドロップレットが発する蛍光を解析用のバイナリデータを収集します。

- 各サンプルの Droplet を分離し単一化する
- 単一化させた Droplet に一定の流速を与え、単一の細い流路内にて 2 色の波長を照射し、検出器がどの液滴に 1 つ以上の標的分子が含まれているか（ポジティブな読み取り）、含まれていないか（ネガティブな読み取り）を蛍光検出する

この章に記載のある手順に従い、正しいプレートの設定、装置の接続、装置の起動、プレートの挿入を行ってください。説明には部品の詳細や仕様に関する情報も含まれています。



解説

- | | |
|---|--|
| 1 | Lid の開閉ボタン |
| 2 | ステータスインジケータ・ライト (詳細については「 ステータスインジケータ・ライト (25 ページ) 」を参照) |
| 3 | 本体背面部にある電源と USB コンセント |
| 4 | オイルと廃液ボトル (詳細については「 オイルのメンテナンス (187 ページ) 」を参照) |

梱包されている製品および追加が必要な製品

このセクションでは、ご購入時のドロップレットリーダーに含まれる製品、別途必要となるコンポーネントや消耗品を解説します。Droplet Digital PCR の全工程に必要な製品情報については、付録 G 「Ordering Information」 を参照してください。

表 3 に QX200 Droplet Reader システムに同梱されている構成部品を解説します。

表 3 QX200 Droplet Reader 構成部品

構成部品	説明	カタログ番号
QX200 Droplet Reader 本体	Droplet Reader 装置本体、QX200 ddPCR システムの一部	1864003
USB ケーブルと電源コード	解析用パソコンと Droplet Reader を接続する USB ケーブルと Droplet Reader 本体に電源を供給するための電源コード 注：ケーブルや電源コードを入手するには、Bio-Rad テクニカルサポートにお問い合わせください	お問い合わせ
Droplet Reader プレートホルダ (2)	96 ウェルプレート を Droplet Reader 本体に固定するための専用プレートホルダ	12006834

QX200 Droplet Reader での Run を確実にし、結果を分析するために必要なものがすべて揃っていることを確認するために、表 4 の別途購入できる追加コンポーネントとアクセサリをご参照ください。

表 4 その他のアクセサリと消耗品（他社製品含む）

構成部品	説明	カタログ番号
解析用 PC	QX200 Droplet Reader に接続して、本体の操作とデータ解析を行います。	17006483JA
QX Manager Software Regulatory Edition	QX200 Droplet Reader 対応の Part11 対応ソフトウェア	12012172
ddPCR Plates 96well	Droplet が壊れないよう特殊なコーティングが施された ddPCR 用 96 well plate	12001925
Rainin ピペット	20 μ l, サンプルローディング用 50 μ l, Droplet 操作用 8 連マルチチャンネル、200 μ l	L-20, L8-20 L-50, L8-50 L8-200

表 4 その他のアクセサリと消耗品（他社製品含む）の続き

構成品	説明	カタログ番号
Rainin ピペットチップ	Rainin のフィルター付きピペットチップ	GP-L10F GP-L200F
プレートシーラーホイルヒートシール	ddPCR 用 ホイルヒートシール (100 枚)	1814040
プレートシーラー	PX1 PCR Plate Sealer	1814000
Droplet Reader Oil	Droplet Reader オイル (2 x 1 L)	1863004

注：使用済みの空オイルボトルはオイルの廃液ボトルとして再利用ください。

仕様

このセクションでは装置のサイズと重量に関する情報を記載しています。環境および安全な使用に関する情報は [11 ページ](#)の「[安全な使用のための要件](#)」をご確認ください。

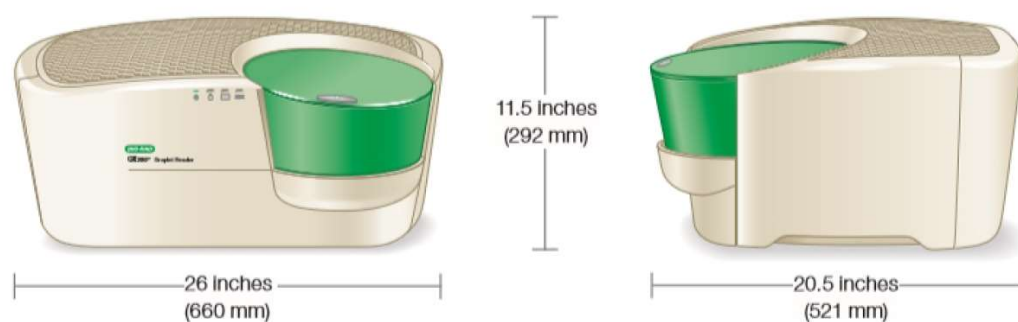


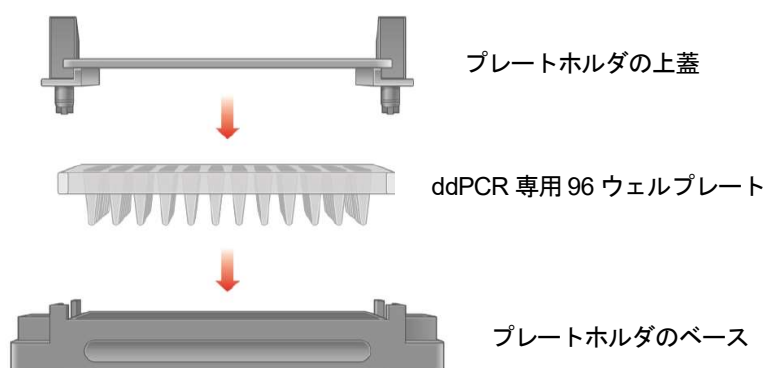
表 5 QX200 Droplet Reader の仕様

項目	仕様
重量	26 kg (56.6 lbs)
サイズ (W x D x H)	660 x 521 x 292 cm (26 x 20.5 x 11.5")

QX200 Droplet Reader 用プレートの組み立て方

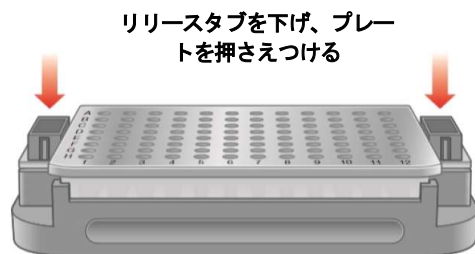
QX200 Droplet Reader は ddPCR 専用 96 ウェルプレートに対応しており、このプレートはプレートホルダにしっかり収まる設計になっています。QX200 Droplet Reader プレートは、下記3つの独立したコンポーネントで構成されます。

- プレートを固定するためのベース
- ddPCR 専用 96 ウェルプレート本体
- プレートを固定するための上蓋



プレートの組み立て方

1. ベース部分にプレートをセットします。
2. 上部のリリースタブを上げます。
3. 上蓋をプレートの上に置き、リリースタブを下げてプレートをホルダに固定します。



機器の接続と起動

QX200 Droplet Reader で Run を実行するには、QX Manager ソフトウェアがインストールされ、設定が完了しているラップトップまたはデスクトップコンピュータに装置を接続する必要があります。

Tip : QX200 Droplet Reader に接続した制御用 PC とは別に、QX Manager がインストールされた解析専用の PC を、少なくとも 1 台ご用意いただくことをお勧めいたします。QX200 Droplet Reader 用に購入できる追加アイテムについては、[22 ページ](#)の「[その他のアクセサリと消耗品](#)」を参照してください。

コンピュータと機器を接続するには

1. QX200 Droplet Reader の構成にある USB ケーブルを QX200 Droplet Reader 背面の USB ポートに接続し、反対側をデスクトップまたはラップトップコンピュータに接続します。
2. QX200 Droplet Reader の電源スイッチをオンにします。

パワーインジケータライトが緑色に点灯し、電源が入ったことを示します。

3. コンピュータの電源を入れ、接続されたコンピュータにログインし、QX Manager を開いてサインインします。詳細については、[31 ページ](#)の「[ソフトウェアへのサインイン](#)」を参照してください。

注 : ユーザーはコンピュータとソフトウェアに同じ安全な Windows アカウントでサインインする必要があります。

ソフトウェアが接続された装置を認識すると、QX Manager は Add Plate (プレートの追加) ウィンドウを表示します。

注 : ソフトウェアが装置の接続を認識しない場合は、データ分析 (Data Analysis) ウィンドウが表示されます。









ステータスインジケータ・ライト

このセクションでは QX200 Droplet Reader の前面に表示されるインジケータ・ライトについて解説します。



Run を開始する前に、インジケータ・ライトをチェックして、装置が測定可能である事を確認してください。インジケータ・ライトのついては、下記の表 6 を参照してください。

表 6 Droplet Reader のステータスインジケータ・ライト

インジケータ	 (Power)	 (Fluids)	 (Plate)	 (Run Status)
緑色に点灯 	電源オン	ボトル内容量 OK 注(1)	プレートホルダがセ ット	Run の完了
緑色に点滅 	---	<ul style="list-style-type: none"> ■ オイル<30% ■ 廃液>70% 注(2)	---	Run の実行中
黄色に点滅 	---	<ul style="list-style-type: none"> ■ オイル<10% ■ 廃液>90% 注(3)	---	Run 中のエラー
消灯 	電源オフ	---	プレートホルダがセ ット	プレートホルダがセ ット

注意事項

(1) ボトルインジケータ・ライトが緑で点灯している場合、ボトル内には 96 ウェルを実行するだけの十分なオイル容量があります。 QX Manager で 96 プレート全てのウェルを設定し、Run を開始することができます。

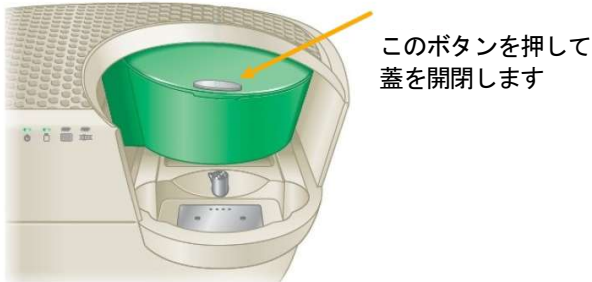
(2) ボトルインジケータ・ライトが緑色に点滅している場合、ボトル内には 96 未満のウェルを実行する場合であれば、Run を開始することも可能なオイルがあることを示しています。例えば、24 ウェルであれば、必要なオイル量はわずか 19%です。オイルレベルが許容量よりも多くのウェルをプレートに設定した場合、または適切な数のウェルを除外しなかった場合、ソフトウェアは Run 開始ボタンを有効にしません。

(3) Run を開始する前にオイルを追加し、廃液ボトルを交換する必要があります。

プレートホルダを装置にセットする

QX200 Droplet Reader にプレートホルダをセットするには

1. 緑色のふたの上にあるボタンを押して、Droplet Reader を開けます。



2. 組み立てたプレートホルダを Droplet Reader にロードします。必ず、PCR プレーートのウェル A1 が左上の位置にくるようにしてください。



重要：プレートホルダのタブがしっかりと固定され、プレートが平らになっていることを確認してください。平らになっていない場合、サンプリングニードルがプレートホルダの蓋に当たって装置を損傷する可能性があります。



3. もう一度ボタンを押すと蓋が閉まります。

QX Manager でプレートを追加して Run を開始する方法については、[41 ページ](#)の「[Run 実行](#)」を参照してください。

第 3 章 QX200 Droplet Reader について

第 4 章 QX Manager Regulatory Edition について

QX200 Droplet Reader に接続された QX Manager は、サンプルのアッセイ設定の作成、Run、分析に必要なすべての機能を提供します。

QX Manager, Regulatory Edition は、クローズドシステム内で、連邦規則第 21 条第 11 章 (21 CFR Part 11) に準拠した操作を可能とする機能を提供します。クローズドシステムとは、「システムへのアクセスが、システム上にある電子記録の内容に責任を持つ者によって制御される環境」(セクション 11.3(b)(4))と定義されています。

重要：

- QX Manager.Regulatory Edition に組み込まれているセキュリティコントロールは、セキュリティの確保および 21 CFR Part 11 に準拠するため、組織内のソフトウェア管理者によって適切に設定され、管理される必要があります。
- QX Manager Regulatory Edition は、それ自体が CFR の準拠を主張するものではなく、またユーザーのコンプライアンスを保証するものでもありません。使用者およびその組織は、QX Manager が提供するツールと連動したポリシーを、標準的な運用手順として確立する必要があります。

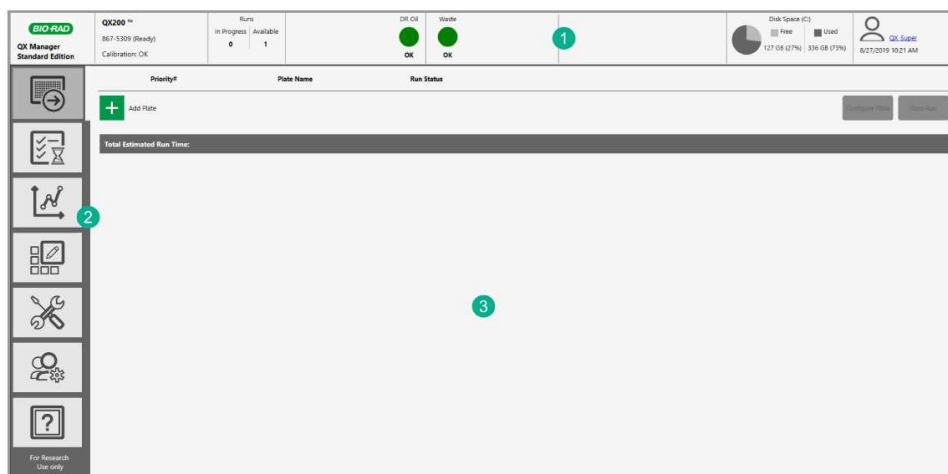
本装置と QX Manager の使用により下記の操作が可能です。

- プレート Run のためのカスタマイズされたリアルタイム ddPCR 実験のセットアップ
- ドロップレットの読み取り中にライブ解析機能を使用
- 解析モジュールを用いて様々な図表でのデータ解析
- カラーキャリブレーションデータの更新によるデータ再処理
- プレートとレポートテンプレートを作成して保存し、データレポートを作成
- システムおよび実験の監査ログを表示
- ファイルの再処理後、新旧データ値に関する監査ログレポートを作成

Tips : QX Manager が待機状態の後にスタンバイモードに移行する場合は、ロックアウト画面のどこかをタップまたはクリックしてソフトウェアに再度ログインし、最後に表示していたアクティブウィンドウをもう一度表示してください。

第 4 章 QX Manager Regulatory Edition について

以下の図は機能エリアを示しています。



解説

- 1 ステータスバーには装置とユーザーに関する情報が表示されます。特定の機能についての詳細は、[37 ページ](#)の「[計器のステータスバー](#)」を参照してください。
- 2 タブを選択することによって主な機能ウィンドウが利用できます。
- 3 選択したタブの詳細がメイン領域に表示されます。

第5章 QX Manager の利用の開始

本章では以下の項目について説明します。

- ソフトウェアへのサインインまたはユーザーの変更の手順
- 割り当てられているユーザー権限の情報と個人設定の変更の手順
- 機能ウィンドウの詳細
- 装置のタッチスクリーンコンピューターとスタンドアロンコンピューターにインストールされるソフトウェアの違い
- お使いのソフトウェアのエディションに適合するファイルの種類

Tips : ほとんどの手順の説明に「タップまたはクリックします」という表現が使われています。Windows 10 ラップトップのタッチスクリーンであればボタンやタブ、フィールドをタップすることができます。キーボードやマウスを使用している場合はクリックしてください。

ソフトウェアにサインインする

システム管理者がソフトウェアのユーザーと権限を設定し、これらの情報をユーザーに伝えます。

重要 : Regulatory Edition では、ソフトウェアが監査可能なアクションを実行する前に再度サインインを促します。

サインインする。

1. ソフトウェアを開くには、デスクトップ上のソフトウェアアイコンをダブルクリックします。

Sign in ダイアログボックスが開きます。

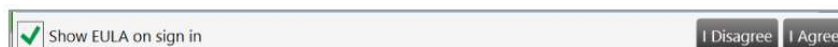


2. ユーザー名を入力します。
3. Sign in to:のラベルに正しいドメイン名が表示されている場合は、ユーザー名のみを入力します。ラベルがブランクのままか、別のドメインが表示されている場合は、**ドメイン名\ユーザー名**として入力します。

注：図に示すドメイン名やコンピュータ名は一例であり、ドメイン名がわからない場合は、システム管理者に問い合わせてください。

4. パスワードを入力したら、Sign in をタップまたはクリックします。

初めて使用するときは、エンドユーザーライセンス同意書（EULA）に同意する必要があります。



5. Show EULA on sign in チェックボックスのチェックを外してから、I Agree をタップまたはクリックします。

注：I Disagree をタップまたはクリックすると、アプリケーションは直ちに終了します。また、チェックボックスを選択したままにしておくと、アプリケーションにログインするたびに EULA の同意が必要になります。

EULA に同意すると、ダイアログボックスが閉じてアプリケーションが開き、Instrument Status バーにユーザー名が表示されます。

QX200 Droplet Reader に接続している場合は、Add Plate ウィンドウが開きます。

スタンドアロンコンピュータでソフトウェアを開いている場合は、Data Analysis ウィンドウが開きます。

ユーザー権限を見る

User Setup and Preferences ウィンドウでは、使用者に割り当てられているユーザー権限が緑色のチェックマークで表示されます。

- ▶ User Setup and Preferences タブを選択します。



割り当てられている権限はいつでも見ることができますが、使用者が Add/Manage Users（ユーザーの追加／管理）の権限を割り当てられていない限り、画面のチェックボックスは有効になりません。

User Management	
User Name:	USPLEC0TKYF2\QX_User1 Check Name
Full Name:	QX_User1 (USPLEC0TKYF2)
Privileges	
<input type="checkbox"/>	Add/Manage Users
<input checked="" type="checkbox"/>	Create New Templates
<input checked="" type="checkbox"/>	View Datafiles (created by other users)
<input checked="" type="checkbox"/>	Overwrite Existing Datafile name
<input type="checkbox"/>	System Settings
<input type="checkbox"/>	Maintenance
<input checked="" type="checkbox"/>	Data Archive

注： Add/Manage Users 権限を割り当てられているユーザーは新たなユーザーを追加し、すべてのユーザーの権限と設定を変更することもできます。ユーザーアカウントから Add/Manage Users 権限を削除できるのはスーパーユーザーのみです。

User Management	
User Name:	USPLEC0TKYF2\Mary_Jones Check Name
Full Name:	Mary Jones
Privileges	
<input checked="" type="checkbox"/>	Add/Manage Users
<input checked="" type="checkbox"/>	Create New Templates
<input checked="" type="checkbox"/>	View Datafiles (created by other users)
<input checked="" type="checkbox"/>	Overwrite Existing Datafile name
<input type="checkbox"/>	System Settings
<input type="checkbox"/>	Maintenance
<input checked="" type="checkbox"/>	Data Archive

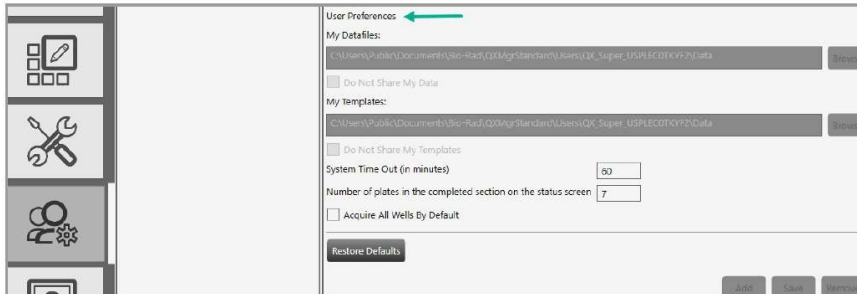
表 7 に示すユーザー権限は自由に組み合わせで割り当てることができます。

表 7 ユーザー権限

権限	目的
Add/Manage users (ユーザーの追加/管理)	ユーザーを追加または削除し、権限を割り当て、設定を変更する。 注: スーパーユーザーのみ他のユーザーからこの権限を削除できません。
Create new templates (新規テンプレートの作成)	プレートまたは解析レポートのデザインをテンプレートとして保存する。
View data files (created by other users) (他のユーザーが作成したデータファイルを見る)	別のユーザーが作成したファイルを見る。
Overwrite existing data file name (既存のデータファイル名を上書きする)	Save または Save As の機能を使用する。 <ul style="list-style-type: none"> Save を選択すると、ファイル名が変わることなく元のファイルの内容がユーザーによって行われたすべての変更置き換えられます。 Save As を選択すると、ユーザーは既存または新しい内容を新しいファイル名で保存できます。 変更の有無に関係なく、.qlps ファイルは自動的に.ddpcrs ファイルとして保存されます。 注: この権限のないユーザーはファイルを開いて、解析を実施することはできませんが、変更を保存することはできません。
System settings (システムの設定)	ログを閲覧し、設定または共有データファイルおよびテンプレートの保存場所を見て、変更する。 注: ファイルの保存場所はすべてのユーザーが見ることができます。 重要: システム管理者は System Settings (システム設定) で優先保存場所を設定でき、これは個人のユーザー設定に優先されます。
Maintenance (メンテナンス)	ソフトウェアアップデートを実行する。 イベントログを表示する。 注: メンテナンスログおよびメンテナンスレポートはすべてのユーザーが閲覧することができます。
Data archive (データのアーカイブ保存)	装置での Run に必要なディスクの空き容量を増やすため、タッチスクリーンコンピューターから生データを移動する

個人の設定を管理する

個人のユーザー設定を変更するには User Setup and Preferences ウィンドウを使用します。



ユーザー設定の欄にはデフォルトのフォルダの場所が表示されますが、ユーザー個人のテンプレートとデータファイルの保存場所を変更することができます。また、ユーザー個人のすべてのデータファイルとテンプレートを他のユーザーに非公開にしておくこともできます。ファイルやテンプレートを保存するたびに、個人用フォルダと共有フォルダのいずれかを選択するよう指示されます。

重要：システム管理者が System Settings で Preferred Locations（優先保存場所）を有効にしている場合は、User Preferences のデータファイルフォルダの場所は無効になり、データファイルはすべて優先ファイルパスに保存されます。ただし、テンプレートの保存場所はユーザーが選択できます。

ユーザー設定を変更するには、

1. User Setup and Preferences タブをタップまたはクリックします。
2. 以下の設定を変更します。
 - ユーザー個人のデータファイルとテンプレート用に別のファイルパスを入力します。
 - チェックボックスを選択または解除し、ユーザー個人のデータファイルとテンプレートのプライバシー設定を変更します。

注：管理者が System Settings で優先保存場所をすでに設定している場合には、パスおよびチェックボックスは機能しません。

 - 別のシステムタイムアウト時間を入力します。
 - Run Status ウィンドウに表示される終了プレートの総数として 100 以内の数字に変更できます。
 - Acquire all Wells By Default（デフォルトですべてのウェルを取得）チェックボックスを選択します。

注：チェックボックスを選択しない場合、デフォルトのプレートエディタ表示は、ドロップレット読み取りから除外されたすべてのウェルとなり、各ドロップレット読み取り実行のために手動でウェルを選択する必要があります。

3. Save をタップまたはクリックします。
4. 確認メッセージが表示されたら、Yes をタップまたはクリックして変更を保存し、OK をタップまたはクリックします。

サインアウトまたはユーザーの変更

ソフトウェアの実行中はサインアウトが可能であり、別のユーザーがサインインすることもできます。

注：画面がロックされていて、最初のユーザーが変更を保存していない場合には、画面に指示が現れます。サインアウトの処理を完了する前に、次のユーザーは変更を保存するか破棄するかを選択します。

サインアウトするには、

1. 右上のユーザー名のリンクをタップまたはクリックし、Sign Out を選択します。
2. 確認するために Yes をタップまたはクリックします。

未保存の変更がある場合、画面に指示が表示されます。

- 変更を破棄して先に進む場合は Yes をタップまたはクリックします。
- サインアウトを中止する場合は No をタップまたはクリックし、変更を保存してから、手順 1 と 2 をやり直します。

ユーザーを変更するには、

1. ロックアウト画面のどこかをタップまたはクリックし、Sign in ウィンドウを開きます。
2. ユーザー名を入力します。
 - ユーザーログインフィールドの下にドメイン名が表示されます。前のユーザーと同じドメインの場合はユーザー名のみを入力します。



- 別のドメインを指定する場合は、ドメイン名に続いてバックスラッシュとユーザー名を入力します。

<domain name>\<user name> * (例 : global\john_smith)

3. パスワードを入力し、Sign in をタップまたはクリックします。

Instrument Status バー

別のモジュールで表示される解析画面を除き、すべてのウィンドウの上部に装置の状態を示すステータスバーが表示されます。

コンピュータが QX200 Droplet Reader に接続されている場合、ステータスバーには以下の情報が表示されます。



解説

- | | |
|---|--|
| 1 | ソフトウェアの名称 |
| 2 | 装置の名称と状態 |
| 3 | 進行中のプレート Run 数と可能 Run 数 |
| 4 | オイルおよび廃液の量
オイルと廃液レベルのメンテナンスについては、 187 ページ「オイルのメンテナンス」 を参照ください。 |
| 5 | ディスクの使用容量と空き容量（単位 GB）
注：空き容量が少ないことを QX Manager ソフトウェアが検出すると、データをアーカイブ保存するよう指示が表示されます。詳細については、 199 ページ「データのアーカイブ」 を参照ください。 |
| 6 | 現在のユーザーのユーザー名と現在の日時 |

コンピュータが QX200 Droplet Reader に接続されていない場合、ステータスバーにはソフトウェア、ディスク容量、ユーザー情報のみが表示されます。

機能ウィンドウ

本項では QX Manager の機能エリアについて簡単に説明します。各タブからアクセスできる基本のウィンドウと特定の章やセクションの項目を含んだ内容を表 8 に示します。

表 8 ウィンドウタブ








タブ	名称	目的
	Add Plate	<ul style="list-style-type: none"> ■ プレートを追加する ■ Plate および Protocol Configuration ウィンドウにアクセスし、Run のためのプレートをセットアップできる。 <p>このウィンドウとそれ以降のウィンドウでの機能の使用方法については、41 ページ「プレートの追加」を参照ください。</p>
	Run Status	<ul style="list-style-type: none"> ■ 上部の表示領域で進行中の Run を見る。 ■ 下部の表示領域で終了した Run (Run の最大総数 100) を見る。 <p>Run Status の詳細については、54 ページの「Run の実行」と 55 ページの「Run のステータス確認」を参照ください。</p>
	Data Analysis	<p>Data Analysis モジュールと Gene Study モジュールにアクセスする。ファイル解析の詳細については、75 ページの「データ解析モジュールの概要」および 113 ページの「データ解析方法」を参照ください。</p>
	Template Setup	<ul style="list-style-type: none"> ■ プレートおよびレポートのテンプレートをセットアップできるウィンドウにアクセスする。 ■ 既存のテンプレートファイルを検索する。 ■ 消耗品や試薬のロット管理を行う。 <p>テンプレートの作成または編集については、65 ページの「プレートテンプレートの作成または編集」および 154 ページの「レポートテンプレートの作成」を参照ください。</p> <p>ロット管理については、59 ページの「消耗品および試薬のロット管理」を参照ください。</p>

表 8 ウィンドウタブの続き

タブ	名称	目的
	System Utilities	<ul style="list-style-type: none"> ■ ファイル保存情報、イベントログ、メンテナンスログおよびメンテナンスレポートにアクセスする。 ■ データをアーカイブまたは再解析する。 <p>詳細については、193 ページの「システムユーティリティ」を参照ください。</p> <p>注: 使用者が利用できる機能は、割り当てられているユーザー権限によって異なります。</p> <ul style="list-style-type: none"> ■ 重要: 装置のキャリブレーション機能については、弊社サービスエンジニア以外は利用できません。
	Users and Preferences	<ul style="list-style-type: none"> ■ 割り当てられているユーザー権限を確認し、個人のユーザー設定の確認と変更を行う。 ■ QX Manager ユーザーの設定、編集または削除を行う (Add/Manage Users 権限を割り当てられているユーザーのみ) <p>ユーザー権限と環境設定の詳細については、31 ページの「QX Manager の利用の開始」を参照ください。QX Manager でのユーザーの設定については、181 ページの「ユーザーの管理」を参照ください。</p>
	Help	ソフトウェアのバージョン情報、エンドユーザーライセンス契約書、Bio-Rad ウェブサイト、オープンソースソフトウェアライセンス情報および英語取扱説明書 (PDF フォーマット) にアクセスする。

別のモジュールで表示される解析画面を除き、すべてのウィンドウの上部に装置の状態を示すステータスバーが表示されます。

適合するファイルの種類

本項では QX Manager で開くことができるファイルの種類について説明します。

組織内でソフトウェアの複数のエディションが使用されている場合は、以下の点に注意してください。

- QX Manager Standard Edition で作成された解析ファイルは Standard Edition でしか開けません。
- QX Manager Regulatory Edition で作成された解析ファイルは Regulatory Edition でしか開けません。

表 9 適合ソフトウェアファイルの種類

ファイルの種類	拡張子	詳細
プレート	.ddplt	実験の Run に必要なセットアップの詳細を含むプレートテンプレートファイル
データ	.ddpcrs	QX Manager Regulatory Edition で実施された実験の Run とデータ解析の結果を含むファイル。この種類のファイルは Analysis モジュールで開きます。
データ	.qlps	2 チャンネル実験の Run とデータ解析のための QuantaSoft Regulatory バージョンのファイル。この種類のファイルは Analysis モジュールで開く。 注：.qlps ファイルは QX Manager Regulatory Edition で開くことができますが、何らかの変更を加えた場合には、.ddpcrs ファイルとして保存するように指示されます。

適合するファイルの種類

第 6 章 Run の実行

QX Manager ソフトウェアが QX200 Droplet Reader に挿入されたプレートホルダを認識した後、開いた Plate Configuration ウィンドウがプレートを識別し、プレートレイアウトの設定が完了すると、Run を開始できます。それぞれの必要項目入力（Add Plate、Configure Plate、Start Run）が完了すると、ソフトウェアは各ボタンを順次アクティブにしていきます。



プレートをセットする

このセクションでは、QX Manager でプレートをセットする方法について説明します。ソフトウェアでプレートを追加する前または後に、プレートを機器に挿入できます。プレートを QX200 Droplet Reader に正しく挿入する方法については、[27 ページの「プレートホルダを装置にセットする」](#)を参照ください。

QX Manager でプレートを挿入する

1. Add Plate タブをタップする。



Instrument Status バーの Runs Available 番号が 1 の場合、Add Plate ボタンが有効になります。

2. Add Plate の横の **+** アイコンをタップまたはクリックします。

QX Manager がコンパートメント内のプレートホルダを認識すると、ソフトウェアは Configure Plate ボタンを有効にします。

注： QX Manager がプレートホルダを認識しない場合、プレートホルダをセットするよう指示が表示されます。

3. プレートの設定をタップまたはクリックします。

プレート設定ウィンドウが開きます。

Plate Configuration ウィンドウ

Configure Plate をタップまたはクリックすると Plate Configuration (プレート設定) ウィンドウが開き、プレート情報が表示されます。

Plate Configuration ウィンドウでは、すべてのユーザーが最初の設定、変更後の設定あるいはプレート名、データファイル名、スーパーミックスのみを用いて、選択したプレートテンプレートで Run を開始することができます。

プレートを設定する場合

- Create New Template (新規テンプレートの作成) のユーザー権限を持たないユーザーは、Run 開始前にプレートデザインをカスタマイズすることはできませんが、ファイルを保存することはできません。
- Create New Template (新規テンプレートの作成) のユーザー権限を持つユーザーは、Run の開始前に新規または変更後のプレートデザインをテンプレートとして保存することができます。

Plate Information タブ

Plate Information タブは Plate Configuration ウィンドウを開くとデフォルトで選択され、実験に用いるプレートを簡単に設定することができます。

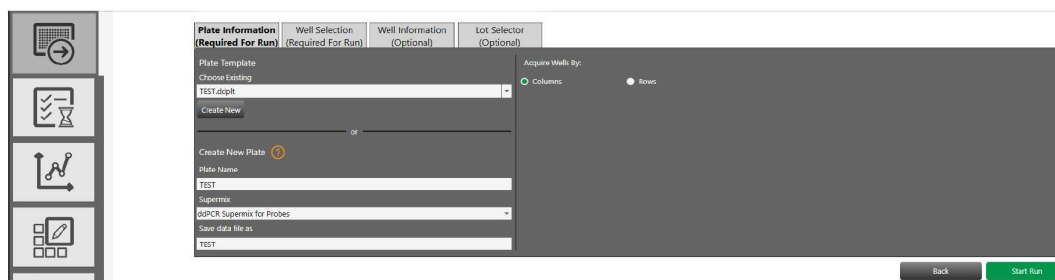
具体的には以下の操作が可能です。

- 既存のテンプレートを選択、変更 (任意) および実行する。
- 新しいプレートデザインを作成し、実行する。
- 必要なユーザー権限があれば、既存または新規のプレートデザインをテンプレートとして保存する。
- Run に使用するプレート名、スーパーミックスおよびデータファイル名 (任意) を特定する。

注: Start Run ボタンを有効化するには、最低限プレート名を入力し、スーパーミックスを選択する必要があります。データファイル名のフィールドにも自動でプレート名が入力されますが、変更することも可能です。残りの実験パラメータも Run の開始前であれば Plate Editor で設定でき、Run の終了後であれば Analysis モジュールのプレート編集レイアウトで設定することができます。

- 装置が使用するウェルの取得方法を選択する。

プレートの設定



既存のプレートテンプレートを選択するには

1. Plate Template (プレートテンプレート) の下で、「Choose Existing (既存のプレートを選択)」の下のドロップダウン矢印をタップまたはクリックして、テンプレートファイルを選択します。ソフトウェアが自動的に [Create New Plate (新規プレートの作成)] の下のフィールドに入力します。
2. (オプション) [Create New Plate (新規プレートの作成)] で、プレートまたはデータファイル名を変更します。
3. (オプション) [Acquire Wells By (ウェルの取得)] で、代替のウェル取得方法を選択します。デフォルトの取得はカラムによるものです。
4. Well Selection (ウェル選択) タブをタップまたはクリックし、すべての空ウェルが Droplet 読み取りから除外されていることを確認します。詳細は [45 ページ](#) の「[プレートレイアウトでのウェル選択](#)」を参照ください。
5. Well Information (ウェル情報) タブを選択し、Run で処理するウェルを選択します。
6. (オプション) 1 つまたは複数のウェル設定を変更します。詳細については、[47 ページ](#) の「[ウェル情報の決定または編集](#)」を参照ください。
7. [Apply] をクリックします。

Start Run ボタンが有効になります。

新しいテンプレートを作成するには

1. Plate Template (プレートテンプレート) の下で、[Create New (新規作成)] をタップまたはクリックして、テンプレート編集モードで対応するエディタウィンドウを開きます。

重要: テンプレートを保存することができる「Create New Template (新規テンプレートの作成)」のユーザー権限が割り当てられている必要があります。それ以外の場合は、既存のテンプレートを使用するか、Create New Plate (新規作成プレート) オプションを使用して、ウェル選択とウェル情報タブからプレートを設定する必要があります。

編集モードでプレートエディタが開きます。

2. [Exclude] ボタンをクリックして、処理するウェルを含めません。詳細は [45 ページ](#) の「[プレートレイアウトでのウェル選択](#)」を参照ください。

デフォルトではプレートエディタ内のすべてのウェルは自動的に除外されているため、Run するウェルを有効にする必要があります。フルプレートをいつも Run する場合は、ユーザー環境設定のデフォルト設定で、すべてのウェルを取得するように設定を変更してください。詳細は、[35 ページ](#) の「[個人の設定を管理する](#)」を参照ください。

重要: 空のウェルはすべて除外する必要があります。

3. 処理する各ウェルの実験パラメータを設定します。詳細については、[59 ページ](#) の「[プレートテンプレートの作成または編集](#)」を参照ください。
4. (オプション)[Acquire Wells By (ウェルの取得)] で、代替のウェル取得方法を選択します。デフォルトの取得は Column (列) ごとですが、Raw (行) ごとにウェルを取得する設定にも変更可能です。
5. [Apply] をクリックします。
6. [Save] をクリックして、次のいずれかを選択します。
 - 共有テンプレート。テンプレートはシステム設定で指定したフォルダに保存されます。
 - マイテンプレート (ユーザー設定のパスに保存) またはシステムテンプレート (システム管理者が指定した優先的な場所にファイルを保存します)。
 - システム管理者がすべてのユーザーに優先する場所を指定している場合は、テンプレートはその場所に保存されます。

Start Run ボタンが有効になります。

パラメータを定義せずにプレートを Run するには

1. [Create New Plate (新規プレートの作成)] でプレート名を入力します。
2. スーパーミックスを選択します
3. Run の最後に QX Manager が作成するデータファイルのファイル名を入力します。

Start Run ボタンが有効になります。

Well Selection タブ

Well Selection タブを選択すると、プレートのグリッドがブランクの状態が表示されます。

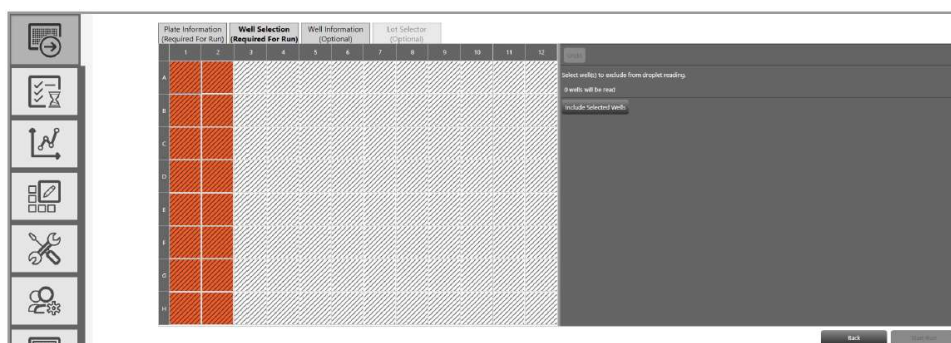
QX200 Droplet Reader では空ウェルを Droplet 読み取りから除外する必要があります。そのため、QX Manager Plate Editor レイアウトでは、デフォルト設定によりすべてのウェルが除外されている表示となり、実行するウェルを手動で選択する必要があります。

Tips: フルプレートをいつも Run する場合は、ユーザー環境設定のデフォルト設定で、すべてのウェルを取得するように設定を変更してください。詳細は、[35 ページ](#)の「[個人の設定を管理する](#)」を参照ください。

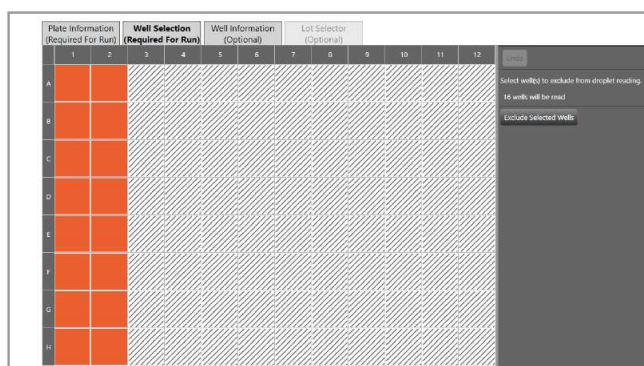
プレートレイアウトでのウェル選択

Run を実行するウェルを特定するには

1. Well Selection タブを選択します。
2. プレートエディターレイアウトで、サンプルを含むウェルを選択します。



3. [Include Selected Wells] (選択したウェルを含める) をタップまたはクリックします。



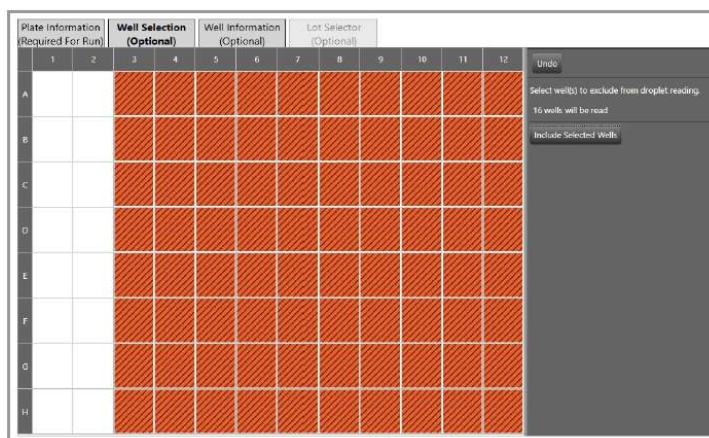
右側で、QX Manager が Droplet 読み取り実行を行うウェルの数を指定します。

Run 実行で除外するウェルを特定するには

- Well Selection タブを選択します。
- プレートエディターレイアウトでサンプルを含むウェルを選択します。



- [Exclude Selected Wells] (選択したウェルを除外) をタップまたはクリックします。



右側で、QX Manager が Droplet 読み取り実行を行うウェルの数を指定します。

Well Information タブ

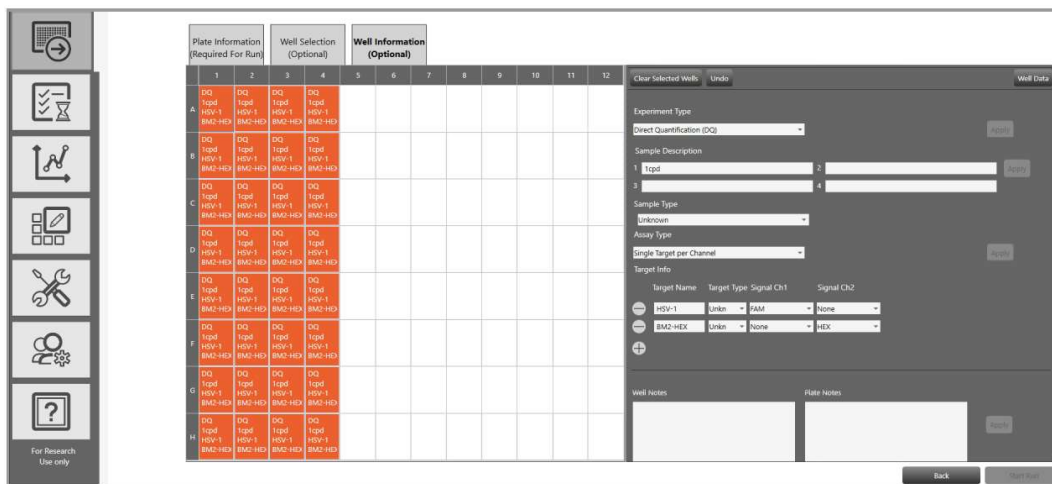
Well Information タブを選択すると、Plate Editor が開きます。

注： このウィンドウはテンプレート設定の編集ウィンドウと同じです。

選択したウェルの実験パラメータを Run の前か後に設定することができます。ただし、スーパーミックスを選択して、プレートおよびファイル名を特定しなければ、Start Run ボタンは使用可能になりません。

ウェル情報の決定または編集

各ウェルまたはウェルのグループごとに異なる実験パラメータを割り当てることができます。Apply をタップまたはクリックすると、新規または編集後の情報がソフトウェアに認識されます。



入力情報はいつでも適用することができます。

注： プレートレイアウトが終了する前に Save ボタンをタップまたはクリックすると、ファイルが閉じてしまうため、テンプレートの保存場所からもう一度開かなければなりません。

プレートのウェルを設定するには

1. 以下の手順で実行します。
 - Add Plate タブから Plate Editor にアクセスする場合は、Configure Plate をタップまたはクリックし、Well Information タブを選択して、Plate Editor を表示します。
 - Template Setup タブから Plate Editor にアクセスする場合は、デフォルトによって Edit ボタンが選択され、Plate Editor が開きます。

新しいテンプレートを作成する場合にはグリッドは空白です。既存のテンプレートを編集する場合は、設定されているウェルの情報が表示されます。

2. ウェルを個別に、またはグループで選択する。
3. Experiment Type (実験の種類) を選択します。詳細については [73 ページ](#)の「[実験の種類](#)」を参照ください。
4. Sample Description のフィールドにサンプルを説明する 4 つ以下の単語または語句を入力します。詳細については [74 ページ](#)の「[サンプルの説明](#)」を参照ください。
5. Sample Type (サンプルの種類) を選択します。詳細については [75 ページ](#)の「[サンプルタイプ](#)」を参照ください。
6. スーパーミックスを選択します。詳細については [75 ページ](#)の「[スーパーミックス](#)」を参照ください。
7. Assay Type (アッセイの種類) を選択します。選択した実験の種類によって、利用できるアッセイの種類は異なります。詳細については [76 ページ](#)の「[アッセイタイプと蛍光](#)」の蛍光オプションを参照ください。
8. (オプションとして) Target Info の欄でチャンネルに割り当てる蛍光色素を変更します。

蛍光色素の情報は、当該分析法で可能な列の最大数がターゲットごとに自動で入力されますが、必要があれば、デフォルトの蛍光色素の割り当てを変更することもできます。

- a. フィールドのドロップダウンの矢印をタップまたはクリックし、別の項目を選択する。
 - b. 列を削除するには、ターゲットの横のマイナス (-) アイコンをタップまたはクリックします。
 - c. 列を再度追加するには、プラス (+) アイコンをタップまたはクリックします。
9. (オプションとして) いつでもウェル解除をするときは、ウェルを選択し Clear Selected Wells をタップまたはクリックします。

第 6 章 Run の実行

10. Apply をタップまたはクリックします。

Tips : 入力と選択のデータを適用してから、ウェルにカーソルを置くと、ウェルの情報が表示されます。

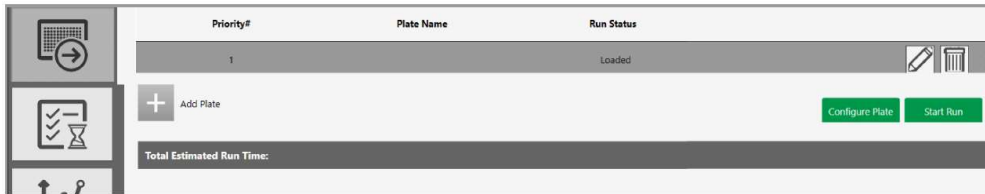
	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ
	NTC/1cpd	0.125 cpd	0.25 cpd	0.5 cpd	1 cpd	2 cpd
E	HSV	Experiment Type: Direct Quantification (DQ)			HSV-1	HSV-1
	B2M	Sample Description 1: 0.5 cpd Ch1/1cpd Ch2			B2M+Hex	B2M+Hex
		Sample Type: Unknown				
		Supermix: ddPCR Supermix for Probes				
		Assay Type: Single Target per Channel				
		Target Information:				
				QX	DQ	
				cpd	Ch1	2 cpd
F	NTC	HSV-1, Unknown, FAM			cpd	Ch1
	HSV	B2M+Hex, Unknown, HEX			HSV-1	HSV-1
	B2M+Hex	B2M+Hex	B2M+Hex	B2M+Hex	B2M+Hex	B2M+Hex

11. プレートの設定を終了する場合は、Save をタップまたはクリックします。

Run を開始する

QX Manager で Run に用いるプレートのセットアップに必要な要件がすべて満たされると、Start Run ボタンが使用可能になります。

重要 : QX200 Droplet Reader のリーダーオイルが十分にあり、廃液ボトルが 70%未満であることを確認してください。



- ▶ Start Run をタップします。

ユーザー資格情報を再認証するため、再度サインインが促されます。

ユーザー名とパスワードを入力して、「サインイン」をタップまたはクリックします。

ソフトウェアは装置の準備ができていることを確認するため、必須要件のチェックを実行し、下記のいずれかになります。

- 装置がチェックをパスすると、Run が正常に開始します。54 ページの「Run を実行する」に進んでください。
- チェックにより装置に何か不適切な点が見つかったら、ダイアログボックスが現れ、問題点が指摘されます。次に進む前に問題を解決してください。詳細については、「Run 前の確認チェックリスト」を参照ください。



指摘された問題がすべて解決されるまで装置は Run を開始できません

Run 前の確認チェックリスト

装置のステータスの Run 前の条件確認で装置の準備状態に問題が 1 つ以上見つかった場合、QX Manager は Check for Run ダイアログボックスに該当項目を **X** と表示し、それらの問題を提示します。Run を開始する前に、すべての問題を解決する必要があります。

注：ここに記載されていない装置またはソフトウェアの問題が発生した場合は、[205 ページ](#)の「[トラブルシューティング](#)」を参照ください。



装置の Run 開始を妨げる可能性のある各問題については、[表 10](#) を参照してください。

表 10 Run 前のエラーインジケータ

ステータスチェック項目	問題	提案される解決方法
機器の接続	<p>USB ケーブルの接続が認識されない</p> <p>電源接続が認識されない</p>	<p>機器とコンピュータの間の USB ケーブルを外してから再接続します。</p> <p>電源コンセントが機能していることを確認します。電源コードをコンセントから外し、コンセントに再び差し込んでください。</p>
流体レベルの安定性	<p>オイルや廃液がボトル内壁を移動しているため、正確なレベルを判断することができません。</p>	<p>オイルが落ち着くまで待つてから、再度確認ください。装置が平らで安定した実験台上にあることを確認してください。</p>
オイルレベル	<p>オイルレベルが Run 許容レベルを下回っている。</p>	<p>オイルボトルを外し、未開封のものと交換します。</p>
廃液オイル量	<p>廃液オイルレベルが Run の許容レベルを超えています。</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1. リーダーオイルボトルの残っているオイルを空にし、オイルラベルの上に廃液ラベル（バイオ・ラッド社提供）を貼ります。 2. 空ボトルを廃液スロットに挿入します。容器の交換については、ページ 187 の「装置のメンテナンス」を参照ください。
ボトルのドアの閉まり	<p>ボトルのドアが適切に閉まっていない。</p>	<p>ボトルの扉を開けて詰まりがないことを確認し再度扉を閉めてください。</p>
リーダーのドアの閉まり	<p>リーダーのドアが適切に閉まっていない。</p>	<p>リーダードアを開けて詰まりがないことを確認し、再度ドアを閉めてください。</p>
リーダーの蓋の閉まり	<p>リーダーの蓋が適切に閉まっていない。</p>	<p>リーダーの蓋を開けて障害物がないことを確認し、再度蓋を閉めてください。</p>

表 10 Run 前のエラーインジケータの続き

ステータスチェック項目	問題	提案される解決方法
プレートホルダのセット	プレートホルダが正しくセットされていない。	<ol style="list-style-type: none"> 1. リーダードアを開けて、プレートホルダを取り外します。 2. プレートカバーのタブがしっかりと固定されていることを確認します。 3. プレートホルダを再びセットし、プレートホルダが平らになることを確認します。 <p>QX200 Droplet Reader へのプレートの装填については、27 ページの「プレートホルダを装置にセットする」を参照ください。</p>
ディスク容量	Run データに使用できるストレージ容量が不足しています。	古いデータファイルをアーカイブしてスペースを確保します。データファイルのアーカイブについては、 199 ページ の「 データのアーカイブ 」を参照ください。

問題が解決したら、「Run の実行」に進みます。

Run 実行中

Run の進行中と終了後に QX Manager は Run Status ウィンドウに実行情報を表示します。詳細は「[Run のステータス確認](#)」を参照してください。

- Run 実行中、測定終了後のウェルでは、各ウェル内ドロップレットのリアルタイム解析を実施することができます。詳細は [56 ページ](#)の「[ライブ解析の使用](#)」を参照ください。
- Run はいつでもキャンセルできます。詳細については、[58 ページ](#)の「[Run のキャンセル](#)」を参照ください。
- Run が終了すると、QX Manager は Run を Run ステータスの完了リストに移動します。

データファイルは常に下記の場所のいずれかに保存されます。

- ユーザー設定で指定したユーザー個人のファイル保存場所
- System Settings での優先保存場所

重要: システム管理者がすべてのユーザーの優先保存場所を指定している場合は、これらのファイルパスが個人設定のファイルパスに優先されます。

ファイル保存場所に関する詳細は [193 ページ](#)の「[システムユーティリティ](#)」を、データファイルを開いて分析する方法については、[81 ページ](#)の「[データ分析モジュールの概要](#)」をそれぞれ参照してください。

Run のステータス確認

Run Status ウィンドウから各 Run を追跡することができます。

Plate Name	Run Status	Location	Time Remaining	Time Elapsed
Test		Droplet Reader	01:58:37	00:00:12

Total Time Remaining: 1:58:37

Plate Name	Run Status	Run Completed	File Name
------------	------------	---------------	-----------

進行中の Run は上部領域に表示され、処理が終了するまで上部領域に残ります。Run Status の欄に表示されるアイコンは、表 11 に示すように現在の状況を表します。

表 11 Run Status インジケータ

ステータスアイコン	意味
	最初または次の段階を始める準備ができています
	ドロップレット読み取り中（測定中）
	Run が完了し、プレートは Reader 内にある
	Run が完了し、プレートは Reader から取り出されている
	Run の停止またはシステムによるキャンセル

Run が終了するとソフトウェアは Run を下部領域に移動します。この表には終了した Run が最大 100 件まで表示されます。

Tips : ユーザー設定で表示される終了後の Run の数を設定します。35 ページの「[個人の設定を管理する](#)」を参照してください。

各欄の内容を表 12 で説明します。

表 12 Run 情報の表示欄

項目	表示場所	内容
Plate name	上部および下部領域	Create New Plate で入力した名称 注：既存のテンプレートを選択した場合は、テンプレート名が表示されます。
Run status	上部および下部領域	状況を示すアイコン（55 ページの表 11 参照）
Time remaining	上部領域のみ	Run の終了までの予想時間（時間と分で表示）
Time elapsed	上部領域のみ	Run の開始からの経過時間（時間と分で表示）
Total time remaining	上部領域の下	Run の総残り時間（時間と分で表示）
Run completed	下部領域のみ	装置が Run を完了した日時を示すタイムスタンプ
File name	下部領域のみ	プレート名とシステム由来の識別コード

Run の完了後、解析データファイルはユーザーの個人ファイル保存場所またはシステム管理者が指定した優先保存場所に保存されます。

重要：システム管理者が System Settings ですべてのユーザーの優先保存場所を指定している場合は、ファイルはそこに保存され、個人設定のファイルパスには保存されません。詳細は 194 ページの「優先保存場所」を参照してください。

ユーザーのシステムがネットワークに接続されており、グローバル設定で共有フォルダが特定されている場合、データファイルは共有フォルダにもコピーされます。

ライブ解析の使用

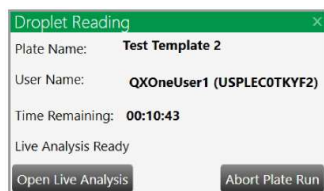
QX200 Droplet Reader がドロップレットの読み取りを開始すると、QX Manager はオプションとして、全体の処理は継続しつつ、読み取られたウェルのリアルタイム解析ツールを提供します。

最初、QX Manager は Plate Editor の各ウェルを無効化の状態に表示します。ソフトウェアが装置からのウェルを取得し、ドロップレットを読み取ったことを確認すると、読み取り専用モードでライブ解析が有効になります。すべてのウェルが可能になるまでそのプロセスは継続し、すべてのウェルが有効になれば終了します。

ライブ解析を使用するには、

1. 進行中の Run のドロップレット読み取りアイコン (📄) をタップする。

Droplet Reading ダイアログボックスが開きます。




2. Open Live Analysis をタップします。
3. 解析ウィンドウを選択します。
4. ウェルセクターで有効になっているウェルを 1 つまたは複数選択してください。

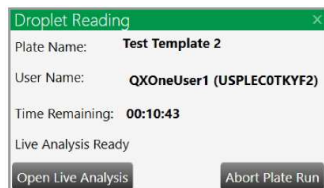
重要 : QX Manager は選択された解析ウィンドウに読み取り専用データを表示します。使用者はデータを見ることはできませんが、変更を加えるには Run が終了するのを待って、Analysis モジュールでデータを表示する必要があります。

Run のキャンセル

ドロップレット読み取りプロセス中は、いつでも Run をキャンセルすることができます。

1. Run Status ウィンドウで、キャンセルする Run ドロップレット読み取りアイコン () をタップまたはクリックします。

Droplet Reading ダイアログボックスが開きます。



2. Abort Plate run (プレート Run の中止) をクリックします。
3. 確認メッセージが表示されたら、「Yes」をクリックまたはタップします。
装置は現在のウェル読み取りを終了し、プロセスを停止し、Run 前の状態に戻ります。

アイコン () が Run Status 列に表示されます。

その後、QX Manager は処理されたウェルのデータファイルを作成し、イベントログのラン終了ステータスを "run aborted by user" と指定します。

注: 「No」をクリックするかタップするか、または 30 秒以内に確認メッセージに回答しない場合、処理は中断されることなく続行されます。

第7章 試薬・消耗品のロット管理

QX Manager ソフトウェア上で試薬消耗品残量を管理し、使用状況を追跡することができます。

消耗品については以下の項目のロットを管理することができます。

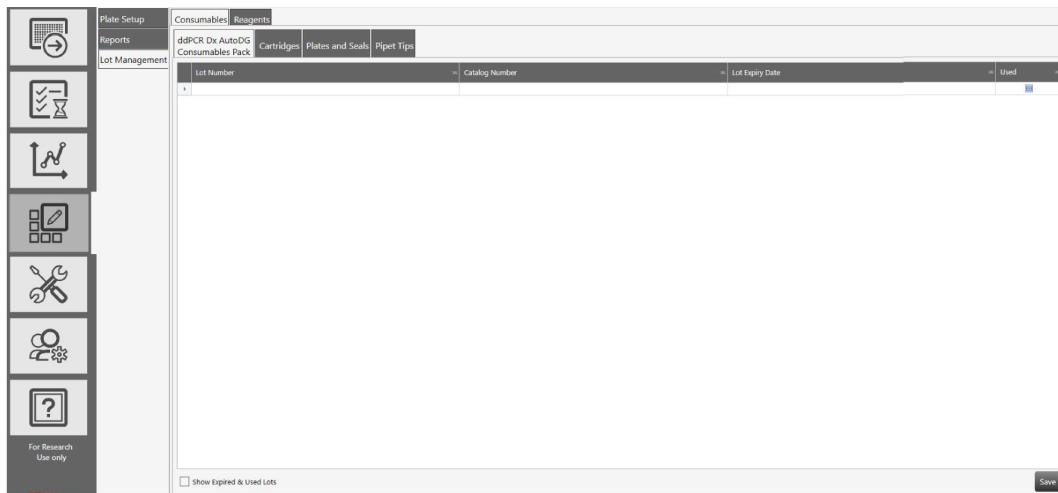
- ddPCR Dx AutoDG 消耗品パック
- カートリッジ
- プレートとシール
- ピペットチップ

試薬については以下の項目のロットを管理することができます。

- PCR Supermix
- Droplet Generation オイル
- Droplet Reader オイル
- Buffer コントロール
- 各種アッセイ

使い切ったロットは表示されません。

消耗品ロットの管理



消耗品のロットを入力するには

1. Template setup タブを選択する。



2. Lot Management を選択し、Consumables タブをタップする。

Consumables ウィンドウで、ロット情報グリッドの上に以下のタブが表示されます。

- ddPCR Dx AutoDG 消耗品パック（デフォルトで表示されます）
- カートリッジ
- プレートとシール
- ピペットチップ

3. タブを選択する。

4. (オプション) 有効期限切れや使用済みのロットを表示するには、ウィンドウ左下のチェックボックスを選択します。

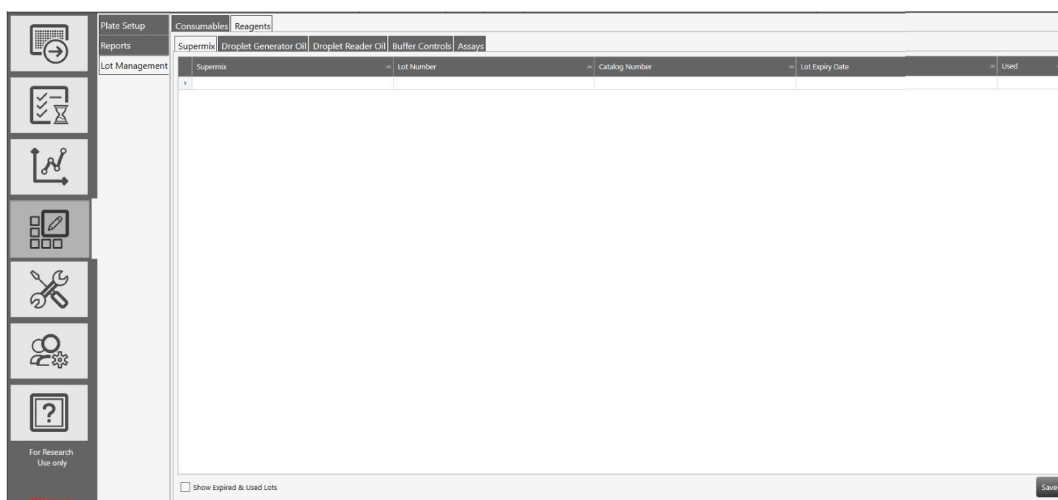
5. 各フィールドをクリックして、以下の内容を入力してください。

- ロットナンバー

第7章 試薬・消耗品のロット管理

- カタログ番号
 - ロットの有効期限
6. Run で消耗品が使用された場合は、Used チェックボックスを選択します。
 7. すべてのロットが追加されるまで繰り返します。
 8. Save をタップもしくはクリックする。

試薬ロットの管理



試薬のロットを入力するには

1. Template setup タブを選択する。



2. Lot Management を選択し、Reagents タブをタップする。

Reagents ウィンドウで、ロット情報グリッドの上に以下のタブが表示されます。

- PCR Supermix (デフォルトで表示されます)
- Droplet Generation オイル
- Droplet Reader オイル

- Buffer コントロール
 - 各種アッセイ
3. タブを選択する。
 4. (オプション) 有効期限切れや使用済みのロットを表示するには、ウィンドウ左下のチェックボックスを選択します。
 5. 各フィールドをクリックして、以下の内容を入力してください。
 - PCR Supermix (Supermix グリッド内のみ)
 - ロットナンバー
 - カタログ番号
 - ロットの有効期限
 9. Run で試薬が全て使用された場合は、Used チェックボックスを選択します。
 10. すべてのロットが追加されるまで繰り返します。
 11. Save をタップもしくはクリックする。

Run 情報出力とレポートでのロット表示

ロット設定が完了したら、解析ファイルの Run Information 画面にロットが表示されていることを確認します。

Run Information 画面でロットを表示するには

1. Add Plate をクリックし、Configure Plate を選択する。
2. Lot Selector タブをクリックする。
3. 試薬、消耗品それぞれに対し
 - a. Run に該当する各ロットを選択する。
 - b. それぞれの選択が終わったら、Select Lots をクリックする。
4. Run 開始ボタンが有効になるまでプレート設定を続ける。
5. Run 開始ボタンをクリックする。
6. Run が完了したら解析ファイルを開く。
7. Run Information タブをクリックし、使用したロットを表示する。

レポートにロットを表示するには

- ▶ レポートを実行する前に、レポート項目でロット情報のチェックボックスが選択されていることを確認します。

第 8 章 プレートテンプレートの作成または編集

Create New Templates（新規テンプレートの作成）のユーザー権限を有するユーザーは、Template Setup ウィンドウを利用して、新規または変更後のプレートやプロトコール、またはレポートのデザインをテンプレートとして保存することができます。既存のテンプレートファイルの検索も可能です。

- ユーザーが作成、保存したテンプレートで、以下のパスのいずれかに自動で保存されたもの。
 - ユーザー設定で指定されたパス。これらは My Templates の下に表示されます。
 - システム管理者が全ユーザー用のパスを指定している場合に、System Settings で優先保存場所に指定されたパス。これらは System Templates の下に表示されます。
- 重要：**システム管理者が全ユーザー用の優先保存場所（Preferred Location）を指定している場合、このパスは個人設定で指定されたパスに優先されます。優先保存場所は System Settings（システムの設定）のユーザー権限を有するユーザーでなければ有効化しません。
- いずれかのユーザーが作成、保存したテンプレートで、共有テンプレートとして指定されているもの。これらは Shared Templates の下に表示されます。

Template Setup ウィンドウまたはプレートの追加ウィンドウから、プレートテンプレートを作成または修正することができます。テンプレート設定ウィンドウから、レポートを修正することもできます。

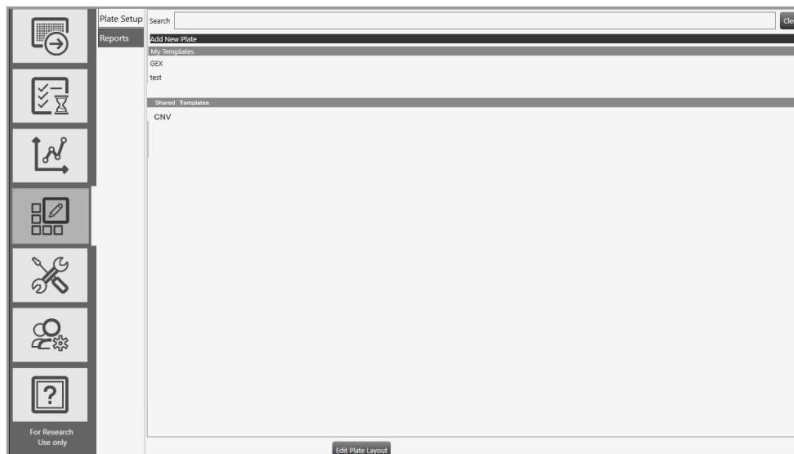
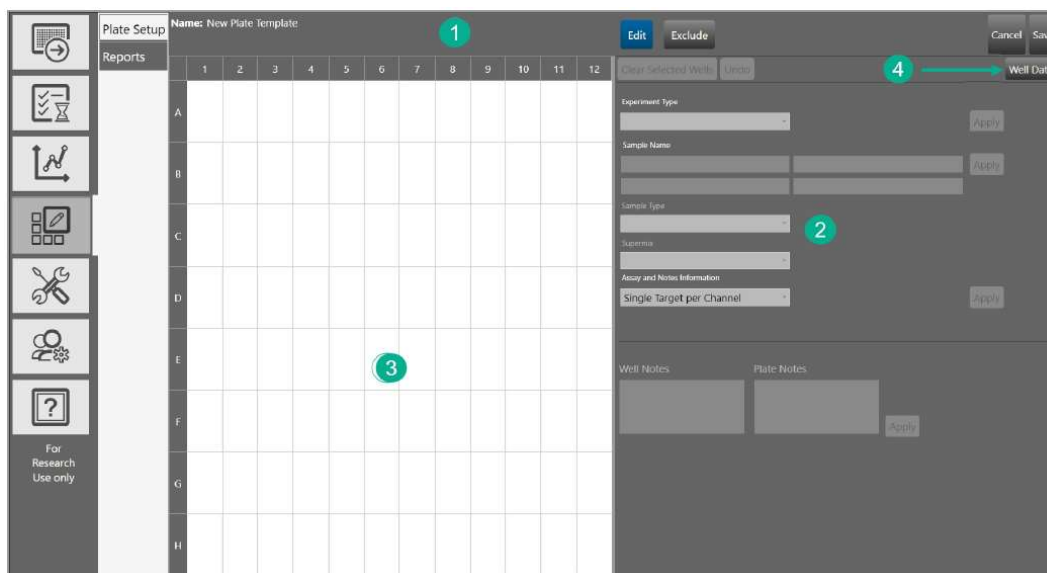


Plate Editor ウィンドウ

Template Setup の Plate Editor を使用して以下の作業を行うことができます。

- 新規のプレートテンプレートファイルの作成または既存のプレートテンプレートファイルの編集
- 再利用のための新規または変更後テンプレートの保存（新規テンプレートの作成の権限を有するユーザーのみ）
- 各ウェルの実験の種類、サンプルの種類、スーパーミックスおよびアッセイの種類の設定または変更
- リファレンスターゲットとコントロールサンプルの設定
- ドロップレット作製とドロップレット読み取りまたはドロップレット読み取りのみからのウェルの除外
- プレートやウェルに関するメモの追加

Plate Layout ビューはデフォルトのテンプレート画面です。



解説

- 1 画面の上部から Edit と Exclude ボタンにアクセスできます。
- 2 右側の領域には実験パラメータを指定するためのインターフェースが含まれます。

解説（続き）

- 3 左側の領域にはプレートのグリッドと各ウェルの設定情報が表示されます。
- 4 Well Data ボタンを押すと Well Data テーブルに切り替わり、表形式でプレートのセットアップを見ることができ、もう一度押すと Plate Editor に戻ります。Well Data テーブルが表示されているときは、ボタンの名称は Plate Layout に変わります。



Plate Editor ツール

Plate Template Editor で Experiment（実験）を設定するには表 13 に示すボタンを使用します。

表 13 Plate Editor ボタン

ボタン	機能
Edit	以下の作業が可能 <ul style="list-style-type: none"> ■ ウェルの選択または選択したウェルの解除 ■ 実験の種類、サンプルの名称と種類、スーパーミックスおよびアッセイの種類の設定 ■ ターゲットの名称、種類および各チャンネルの蛍光色素の設定 ■ ウェルまたはプレートに関するメモの追加 注：このボタンはウィンドウを開くとデフォルトにより使用可能になります。
Exclude	ドロップレット読み取りからウェルを除外できる。
Cancel	キャンセルして Template Setup ウィンドウに戻れる。
Save	ダイアログボックスが開いてファイル名を入力でき、保存場所を指定できる。
Clear Selected Wells	選択したウェルの情報を削除できる。
Undo	最後の操作を取り消せる。 注：このボタンは、最低 1 つの実験パラメータ（例えば Experiment Type の選択）を適用して初めて使用可能になります。
Well Data / Plate Layout	Well Data テーブルと Plate Layout ビューを切り替えるためのトグルボタン
Apply	選択したウェルに関する入力情報と設定を適用する。

新しいプレートテンプレートを開く

新しいプレートテンプレートは、プレートセットアップウィンドウまたはプレートの追加ウィンドウから開くことができます。

- 今後の使用のために保存するテンプレートを 1 つまたは複数作成する場合は、Template Setup を使用します。
- Run しようとしているプレートに対応するテンプレートを作成する場合は、Add Plate を使用します。

プレートセットアップウィンドウから新しいプレートテンプレートを開くには

1. Template setup タブをタップする。



2. Plate Setup をタップする。
3. Add New Plate をタップする。
8. Edit Plate Layout をタップする。

プレートエディタが開き、空白のプレートテンプレートが表示されます。

9. プレートをセットアップするには、47 ページの「[ウェル情報の決定または編集](#)」に進みます。

プレート追加ウィンドウから新しいプレートテンプレートを開くには

1. Add Plate タブをタップする。



2. Add Plate の横の **+** アイコンをタップまたはクリックします。
3. ソフトウェアが Configure Plate ボタンを有効にしたら、Configure Plate をタップまたはクリックします。

デフォルトでは Configuration ウィンドウがプレート情報タブに開きます。

4. Plate template の下で、Create New をタップまたはクリックします。

プレートプレートエディタが開き、ブランクのプレートレイアウトが表示されます。

5. プレートをセットアップするには、47 ページの「[ウェル情報の決定または編集](#)」に進みます。

既存のプレートテンプレートを開く

既存プレートテンプレートは、テンプレートセットアップウィンドウまたはプレートの追加ウィンドウから開くことができます。

- 今後の使用のために保存するテンプレートを 1 つまたは複数編集する場合は、Template Setup を使用します。
- Run しようとしているプレートに対応するテンプレートを編集する場合は、Add Plate を使用します。

テンプレートセットアップウィンドウから既存のプレートテンプレートを開くには

1. Template setup タブをタップまたはクリックする。



デフォルトでは、Plate Setup ウィンドウが表示され、利用可能なプレートテンプレートのリストが表示されます。

2. テンプレートを選択し、Edit Plate Layout をタップまたはクリックします。

Tips : テンプレートファイルをダブルクリックして開くこともできます。

プレートエディタが開き、現在設定されているプレートテンプレートが表示されます。

プレートに変更を加えるには、[47 ページ](#)の「[ウェル情報の決定または編集](#)」に進みます。

プレート追加ウィンドウから既存のプレートテンプレートを開くには

1. Add Plate タブをタップする。



2. Add Plate の横の **+** アイコンをタップまたはクリックします。

3. ソフトウェアが Configure Plate ボタンを有効にしたら、Configure Plate をタップまたはクリックします。

デフォルトでは Configuration ウィンドウがプレート情報タブに開きます。

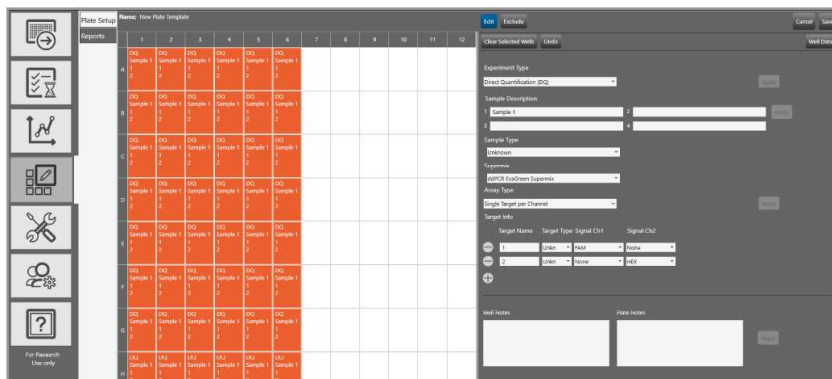
4. プレートテンプレートの下で、ドロップダウン矢印をタップまたはクリックして、リストからテンプレートを選択します

テンプレートプレートエディタが開き、設定されたレイアウトが表示されます。

テンプレートを変更せずにプレート Run を行うことも、設定変更することもできます。プレートに変更を加えるには、[47 ページ](#)の「[ウェル情報の決定または編集](#)」に進みます。

テンプレートのセットアップ- 使用するウェルの設定

Template Setup タブから Plate Editor を開くと、デフォルトにより Edit ボタンが選択されます。各ウェルまたはウェルのグループごとに異なる実験パラメータを割り当てることができます。



各ウェルまたはウェルのグループごとに以下の操作を行ってください。

- 実験の種類を選択する。
- サンプルの種類を選ぶ。
- スーパーミックスを選ぶ。
- アッセイの方法を選ぶ。

オプションとして以下の操作も可能です。

- ウェルごとにサンプルの説明を 4 種類まで入力できます。
- 蛍光色素の割り当てを変更します。
- 各ウェルのメモを追加します。
- プレートのメモを追加します。

新しいテンプレートを作成する場合、グリッドは空白で表示されます。既存のテンプレートを編集するには、設定済みのウェルを選択すると、以前に保存された情報が表示されます。

ウェルのパラメータを設定するには、

1. ウェルまたはウェルのグループを選択します。
2. Experiment Type のドロップダウンリストから新規または別の実験の種類を選択します。詳細は [73 ページ](#)の「**実験の種類**」を参照ください。
3. Sample Description のフィールドでサンプルを記述する単語または語句を 4 つまで入力するか変更してください。詳細は [74 ページ](#)の「**サンプルの記述**」を参照ください。
4. Sample Type のドロップダウンリストから新規または別のサンプルの種類を選択します。詳細は [75 ページ](#)の「**サンプルの種類**」を参照ください。
5. Supermix のドロップダウンリストからスーパーミックスを選択するか変更します。詳細は [75 ページ](#)の「**スーパーミックス**」を参照ください。
6. Assay Type のフィールドは選択された実験の種類に基づいて自動で入力されます。これを変更するには、ドロップダウンリストから別のアッセイの種類を選択します。詳細は [76 ページ](#)の「**アッセイの種類と蛍光色素**」の蛍光色素のオプションを参照ください。

注：利用できるアッセイの種類は選択された実験の種類によって異なります。

7. (オプションとして) Target Info でチャンネルに割り当てる蛍光色素を変更することができます。

蛍光色素の情報はアッセイの種類によって可能な最大行数とともにターゲットごとに自動で入力されますが、必要があればデフォルトの蛍光色素の割り当てを変更することもできます。

- a. フィールドのドロップダウンの矢印をタップまたはクリックし、別のオプションを選択します。
 - b. 行を削除するには、ターゲットの横のマイナス (-) アイコンをタップまたはクリックします。
 - c. 行を再度追加するには、プラス (+) アイコンをタップまたはクリックします。
8. (オプションとして) いつでも 1 つまたは複数のウェルを消去するには、ウェルを選択し、Clear Selected Well をタップまたはクリックします。
 9. Apply をタップまたはクリックします。

注：新規または編集後の情報をソフトウェアに認識させるには、テンプレートを保存する前に Apply をタップまたはクリックする必要があります。一度適用されれば、ウェルにポインターを合わせると、それぞれの情報が簡単な説明として表示されます。

第 8 章 プレートテンプレートの作成または編集

DQ	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ
NTC/1cpd	0.125 cpd	0.25 cpd	0.5 cpd	1 cpd Ch1	2 cpd Ch1
HSV	Experiment Type: Direct Quantification (DQ)			HSV-1	HSV-1
B2M	Sample Description: 1: 0.5 cpd Ch1/1cpd Ch2			B2M-Hex	B2M-Hex
	Sample Type: Unknown				
	Supermix: ddPCR Supermix for Probes				
	Assay Type: Single Target per Channel				
DQ	Target Information: HSV-1, Unknown, FAM			HSV-1	HSV-1
NTC	HSV	B2M-Hex	Unknown, HEX	HSV-1	HSV-1
HSV	B2M-Hex	B2M-Hex	B2M-Hex	B2M-Hex	B2M-Hex

10. 空のウェルが Droplet 読み取りから除外されていることを確認します。詳細は [78 ページの「テンプレートのセットアップ- ウェルの除外」](#) を参照してください。
11. プレートの設定を完了すれば、右上にある Save をタップまたはクリックし、Save ダイアログボックスで新しいテンプレート名を入力して、再び Save をタップまたはクリックします。

注: テンプレートは新しい名前を付けて保存してください。既存のテンプレートを上書きすることはできません。プレートレイアウトの完了前に Save ボタンをタップまたはクリックするとファイルが閉じてしまうため、テンプレートの保存場所からもう一度開いてください。

実験の種類

QX Manager では 7 種類の実験から選択が可能であり、それぞれ異なるアッセイの種類や解析ツールを選択することができます。各種実験の説明を表 14 にまとめます。

Tips : 1 つのプレートに複数の実験を割り当てることはできますが、1 つのウェルには 1 種類の実験しか割り当てられません。

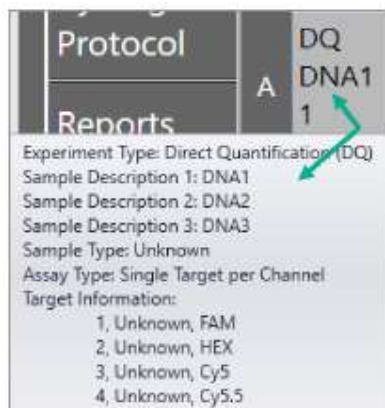
表 14 実験の種類

種類	内容
Direct quantification (DQ)	Direct quantification (DQ) は絶対定量により、サンプル中のターゲット DNA コピー濃度 (コピー数/ μ l) を決定する。fluorescence amplitude に基づきウェル内の各ターゲットのポジティブドロップレットとネガティブドロップレットを測定し、ポアソン分布を用いてそれぞれのターゲット DNA 分子の初期濃度を計算する。 注 : QuantaSoft ソフトウェア versions 1.4~1.7 で作成された ABS は、本ソフトウェアでは DQ として自動マッピングされます。
Copy number variation (CNV)	コピー数多型 (CNV) は濃度を求め、既知のリファレンスまたは同一ウェル内のリファレンスに対する未知ターゲットのコピー数の比率 (CNV) を計算する。
Mutation detection (MUT)	変異検出 (MUT) は濃度を求め、野生型のバックグラウンドに低頻度で存在する未知の変異存在量比 (%) (fractional abundance) を計算する。
Rare event detection (RED)	レアイベント検出 (RED) は大量のバックグラウンド DNA において所定のリファレンス分子に対する未知の変異または稀なターゲット分子の濃度を求める。
Drop-off (DOF)	ドロップオフ (DOF) はインデルやゲノム編集など非野生型配列を検出するために考案されたアッセイのターゲット絶対定量を求める。DOF は、1 つのプローブがすべてのアレルをカウントし、もう 1 つの「ドロップオフ」プローブは予測される切断部位の上部に位置するアッセイをカバーするためにデザインされている。
Gene expression (GEX)	遺伝子発現 (GEX) は DQ と同様に濃度を求め、既知のリファレンスまたは同一ウェル内のリファレンスに対する未知ターゲットの発現量を計算する。
Residual DNA quantification (RDQ)	残留 DNA 定量 (RDQ) は宿主細胞の残存 DNA の精密な定量法である。 注 : ユーザーは特定のゲノム (ヒト、マウス) などに対して変換係数 (1/C 値) を入力することで、測定したコピー数に基づいてウェルに入力された質量を小数点以下 3 桁まで算出することができます。ソフトウェアはその結果を ddPCR ウェルの pg/ μ l 単位で Data Table の Molecular Weight 列に表示します。その後、希釈係数に基づいて開始サンプル濃度を逆算することができます。

サンプルの記述

QX Manager では、各ウェルにつき最大 4 つのフィールドにサンプルを記述する単語や語句を入力することができます。記述者はアッセイの種類、希釈係数などの情報を含むことができます。

Tips : Plate Editor レイアウトには 1 つ目のフィールドの情報しか表示されません。2 つ目、3 つ目および 4 つ目のフィールドの入力情報は Well Data テーブルで確認できますが、下図のようにウェルにマウスポインターを合わせると、簡単な説明が表示されます。



サンプルの種類

QX Manager ではサンプルは下記の 4 種類から選択できます。

- Unknown (未知)
- NTC (No Template Control)
- 1 つまたは複数のターゲット検出が予測される Positive Control (陽性コントロール)
- 陽性反応がないことが予測される Negative Control (陰性コントロール)

Tips : 1 つのプレートに異なる種類のサンプルを割り当てることはできますが、1 つのウェルには 1 種類しか割り当てられません。

スーパーミックス

重要 : 未承認のスーパーミックスは装置に害を及ぼし、保証が無効になるおそれがあります。

QX Manager では 5 種類の PCR スーパーミックスが使用できます。各スーパーミックスは、DNA および RNA ターゲットの増幅と検出の効率と感度を最大限に高めるように最適化されています。

- **ddPCR Multiplex Supermix-** 複数のターゲットを対象とするプローブベースの実験で DNA ターゲットを増幅し検出するために、核酸サンプルの調製に使用します。
- **ddPCR Supermix for Probes (no-dUTP) -** 加水分解プローブベースのアッセイを用い、DNA ターゲットの増幅と検出の感度を高めるために、核酸サンプルの調製に使用します。
- **ddPCR Supermix for Probes-** 実験間のキャリーオーバーPCR 産物の再増幅を防止するために、ウラシル N-グリコシラーゼ (UNG) デコンタミネーションプロトコルを用いたサンプルの調製に使用します。
- **ddPCR Supermix for Residual DNA Quantification-** 残存 DNA の検出に使用します。
- **One-Step RT ddPCR Advanced Kit for Probes-** RNA 分子ターゲットの絶対定量に使用します。

アッセイの種類と蛍光色素

QX Manager ソフトウェアでは全部で 5 種類のアッセイが選択できます。表 15 にまとめます。

表 15 アッセイの種類

アッセイの種類	内容
Single target per channel	本アッセイは DQ、CNV、MUT および GEX の実験に使用できません。
Amplitude multiplex	1 ウェルにつき最大 4 種類までターゲットを増やせ、1 チャンネルにつき 1 ないし 2 種のターゲットを検出できる方法。最大 8 行表示され、7 行まで削除できます。
Probe mix triplex	2 つのチャンネルのそれぞれで 1 つのターゲットが検出され、両方のチャンネルで 3 つ目のターゲットが検出されるよう、ウェルごとに正確な 3 ターゲット検出を可能にする Triplex モード。
Advanced classification	チャンネルごとに検出されるメソッドターゲットの任意の組み合わせで、ウェルごとにターゲットのマルチプレックス率を高める方法。 本アッセイは DQ のアッセイにのみ利用できる。
Basic drop-off	この方法はターゲット各 2 種類の 2 つのグループを検出できません。グループ 1 はデフォルトで示され、FAM および HEX/VIC で 1 種類、FAM または HEX/VIC で 1 種類のターゲットとします。本アッセイは DOF の実験に利用できます。

選択した実験の種類によって利用できるアッセイの種類が決まります。実験の種類とアッセイの組み合わせを表 16 に示します。

表 16 実験の種類によって利用できるアッセイの種類

アッセイの種類	実験の種類						
	DQ	CNV	MUT	DOF	GEX	RDQ	RED
Single target per channel	✓	✓	✓		✓	✓	✓
Amplitude multiplex	✓	✓	✓		✓	✓	✓
Probe mix triplex	✓	✓	✓		✓	✓	✓
Advanced classification	✓						
Basic drop-off				✓			

各ターゲットのチャンネルには蛍光色素が自動で入力されますが、デフォルトの選択を変更することもできます。

表 17 を使用し、アッセイごとに蛍光色素のオプションから指定してください。

表 17 蛍光色素のオプション

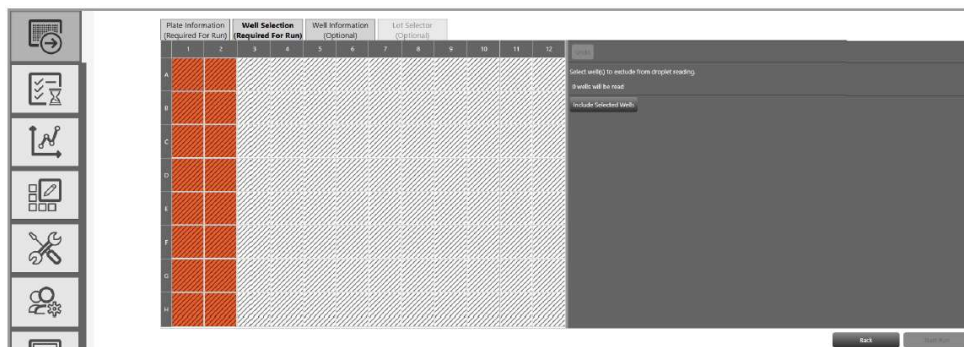
アッセイの方法	Signal Ch1	Signal Ch2
Single target per channel (ターゲット 1~2 種類)	FAM	HEX
	EvaGreen®	VIC
	なし	なし
Amplitude multiplex (ターゲット 1~5 種類)	FAM Hi	HEX Hi
	FAM Lo	HEX Lo
	EvaGreen® Hi	VIC Hi
	EvaGreen® Lo	VIC Lo
	なし	なし
Probe mix triplex (ターゲット 3 種類)	FAM	HEX
	EvaGreen®	VIC
	なし	なし

テンプレートのセットアップ- ウェルを含めるまたは除外する

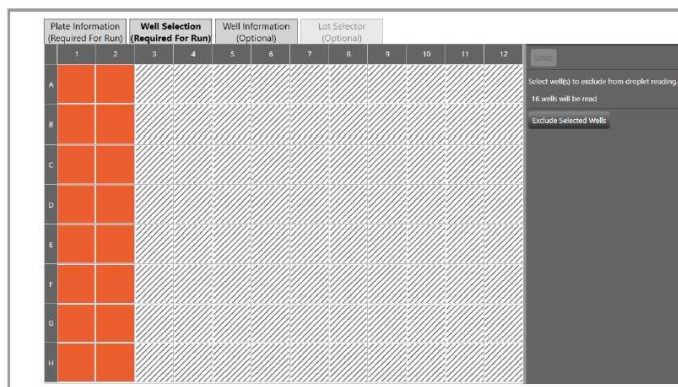
オプションとして、ドロップレット検出するウェルを含めるまたは除外することが選択できません。

ドロップレット読み取りを行うウェルを特定するには

1. Well Selection タブを選択します。
2. Plate Editor レイアウトで、サンプルを含むウェルを選択します。



3. Include Selected Wells をタップまたはクリックします。



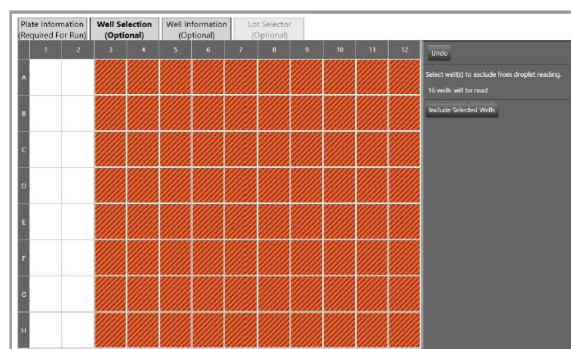
画面の右側で、QX Manager による Droplet 読み取り実行に含まれるウェル数指定ができます。

ドロップレット読み取りを除外するウェルを特定するには

4. Well Selection タブを選択します。
5. Plate Editor レイアウトで、空ウェルすべてを選択します。



6. Exclude Selected Wells をタップまたはクリックします。



画面の右側で、QX Manager による Droplet 読み取り実行に含まれるウェル数が指定されます。

第 8 章 プレートテンプレートの作成または編集

第9章 Data Analysis モジュールの概要

装置が各ウェルのドロップレットの読み取りを始めると、QX200 Droplet Reader は生データの収集を開始します。各ドロップレットの読み取り処理の終了とともに QX Manager はこの生データを用いてデータファイルを作成します。これには、ターゲットごとに同定されたサンプル中のポジティブドロップレットとネガティブドロップレットの数に基づく解析情報が含まれます。ポジティブドロップレットの割合をポアソン分布に当てはめ、ターゲット DNA 分子の初期濃度をコピー数/ μl の単位で求めます。

Analysis モジュールでデータファイルを開くと、データとともに自動解析及び計算結果を見ることができ、結果の再計算、再プロットまたは色の変更のオプションを選択することもできます。

データ解析タブを選択すると、下記2つのモジュールにアクセスできます。

- ddPCR Data 解析
- Gene Study 解析



Data Analysis モジュールには以下の機能があります。

- 1D および 2D プロットでドロップレットデータを表示する。
- amplitude multiplexing アッセイおよび probe mixing アッセイを用いて、1 ウェル内の複数のターゲットを解析する。
- 「Drop-off assay」解析オプションにより、ゲノム編集イベントおよび非野生型イベントを検出する。
- 柔軟性の高いデータを視覚化し、エクスポートする。
- 種々の解析のレポートを作成する。

Gene Study モジュールには以下の機能があります。

- 1 つまたは複数のデータファイルを追加することによってデータを収集する。
- 複数の実験から得られた遺伝子発現データの計算結果を表示する。

注： Gene Study 機能で解析できるサンプルの最大数はコンピュータの RAM および仮想メモリのサイズによって制限されます。

本セクションでは解析機能を要約し、グラフ表示の一般的なオプションについて説明します。各解析ウィンドウの具体的な情報や使用方法、データ計算に関する情報は、[第 10 章「データ解析方法」](#)に記載しています。

解析レポートについては [149 ページの「レポートの要素」](#) を、Gene Study 機能については [157 ページの「Gene Study モジュール」](#) を参照してください。

解析のためのデータファイルを開く

Data Analysis モジュールでは以下の種類のファイルを開くことができます。

- .qlps ファイル

このファイルタイプを開くとデフォルトでは Plate Editor が表示されます。QX Manager でこの種類のファイルを保存すると、自動的に .ddpcrs ファイルとして保存されます。新しいファイルが作成され、元のファイルは上書きされません。

- .ddpcrs ファイル

解析データファイルは通常、あらかじめ指定された以下の保存場所のいずれか 1 つに保存されます。

- 接続されたコンピュータにあるユーザーの個人フォルダまたは System Settings ウィンドウで優先保存場所として指定されたシステムフォルダ

注： ユーザー設定では個人フォルダが表示されます。優先または共有保存場所を見るには、System Settings ウィンドウを開きます。

重要： システム管理者が全ユーザー用の優先保存場所を指定している場合は、ユーザー設定で指定されたファイルパスよりも優先されます。

- ネットワークパスなど、別の場所の共有フォルダ

注： アクセス可能な場合、データファイルは共有フォルダにも保存されます。

データファイルを開くには、QX Manager がインストールされ、保存場所にアクセスできるコンピュータでなければなりません。

解析のためのデータファイルを開くには

1. QX Manager を開き、アプリケーションにログインします。
2. Data Analysis タブを選択します。



利用できるデータファイルが以下の見出しの下に表示されます。

■ Recent Datafiles

最近開いたファイルの一覧が表示されます。

■ System Datafiles または My Datafiles

下記の保存場所のいずれか一方しか利用できません。

- システム管理者が全ユーザー用の優先保存場所を指定している場合、すべてのデータファイルはそのフォルダに保存されており、ファイルは System Datafiles の下に表示されます。
- 全ユーザーに有効な優先保存場所がない場合には、ユーザーのデータファイルは自身の個人フォルダに保存されており、My Datafiles の下に表示されます。


■ Shared Datafiles

System Settings ウィンドウで指定された共有場所に保存されているデータファイルの一覧が表示されます。

重要： データファイルはつねに My Datafiles または System Datafiles のいずれかに保存されますが、ソフトウェアがデータファイルを保存する際に共有の保存場所（ネットワークディレクトリなど）にアクセス可能な場合は、これにも保存されます。

3. ファイルをタップまたはクリックし、Analysis モジュールで開きます。

左側に各解析のタブとデータウィンドウが表示されます。

Tips： QX200 Droplet Reader に接続されたコンピュータからは、Run Status ウィンドウからデータファイルを開くこともできます。完了ファイルセクションで、ファイルの完了した Run アイコン () をタップまたはクリックしてから、Launch Analysis をタップまたはクリックします。

データファイルの保存

データファイルは、変更の有無、同じファイル名でも異なるファイル名でも、同じ場所にも異なる場所にも保存することができます。

注： 同じファイル名で保存するには、既存のデータファイル名を上書きするユーザー権限が必要です。

データファイルを保存するには

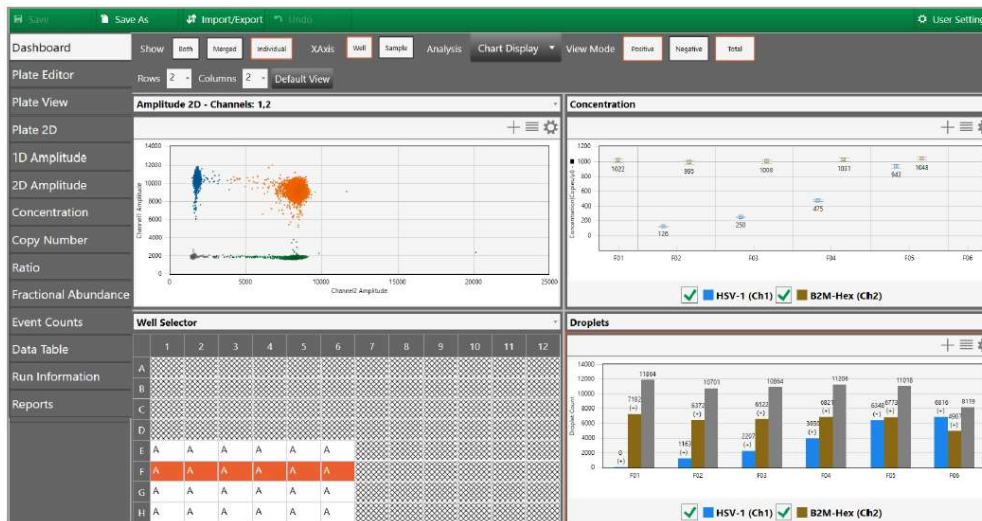
1. 次のいずれかを実行します。
 - 同じファイル名で同じ場所に保存するには、Save をタップします。
 - 別のファイル名で、または別の場所に保存するには、Save as をタップします。
 - 同じ名前と同じ場所に保存している場合、QX Manager はすぐにファイルを保存します。
 - 別のファイル名で保存している場合、または別の場所に保存している場合は、ステップ3に進みます。

ユーザー資格情報を再認証するには、保存理由を入力してから再度サインインするよう求められます。
2. 保存理由を入力し、Save As をタップまたはクリックします。
3. ユーザー名とパスワードを入力し、Sign in をタップまたはクリックします。
 - 同じ名前と同じ場所に保存する場合、QX Manager はすぐにファイルを保存します。
 - ファイルを別のファイル名で保存している場合、または別の場所に保存する場合は、そのままステップ3に進みます。
4. 新しい場所に移動するか、新しいファイル名を入力します。
5. Save をタップします。

Analysis Dashboard

データファイルを開くと、Dashboard ウィンドウが開き、デフォルトの解析とデータウィンドウがサマリービューで表示されます。これはカスタマイズが可能であり、Dashboard に表示されるウィンドウの数を増減できるほか、表示されるウィンドウの選択も変更することができます。

Dashboard 画面のオプションについては [87 ページの「Dashboard のオプション」](#) を参照ください。



注：.qlps ファイルを開いた場合は、デフォルトビューとして Plate Editor が表示されるため、Dashboard を開くには Dashboard タブを選択する必要があります。

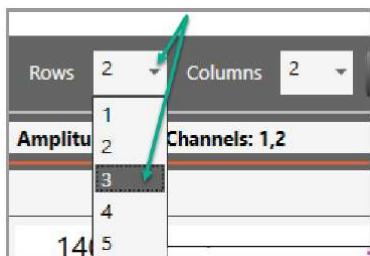
左側のタブからプレートビュー、amplitude グラフ、確率分布グラフ、ドロップレット数および完成したデータテーブルにアクセスすることができます。Run Information ウィンドウでは個々の Run データも見ることができ、Reports ウィンドウからはあらゆる解析チャートのレポートの作成が可能です。

ダッシュボードの表示を変更する

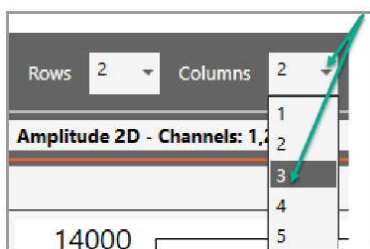
列番号と行番号を変更して、分析ウィンドウのいずれかまたはすべてを同時に表示することができます。

表示されるウィンドウの数を変更するには

1. Rows のドロップダウン矢印をタップして、希望の番号を選択します。



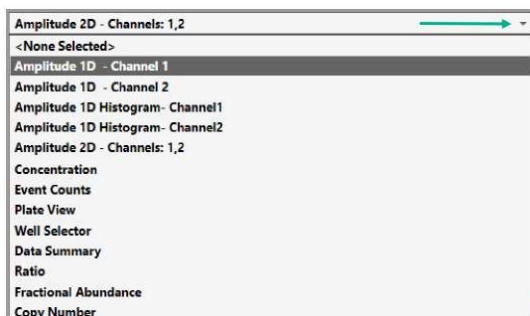
2. カラムのドロップダウン矢印をタップして、希望の番号を選択します。



ドロップダウンメニューを使用して、ダッシュボードに表示されるウィンドウを変更することもできます。

特定のダッシュボードスロットに別のウィンドウを表示するには

1. 右上のドロップダウン矢印をタップすると、利用可能なウィンドウの一覧が表示され、ウィンドウを選択することができます。

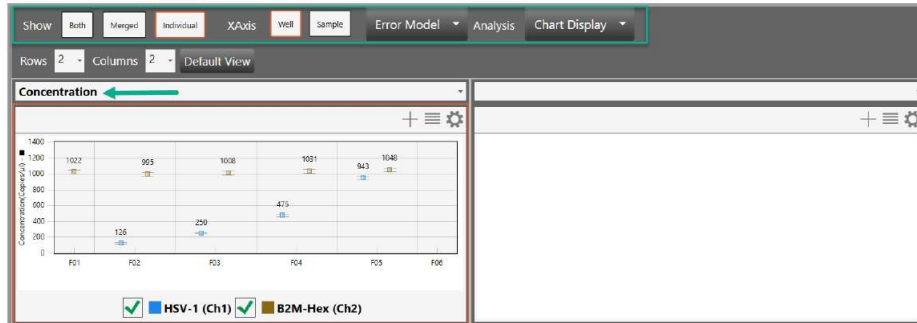


ドロップダウンリストが閉じ、ウィンドウがすぐに切り替わります。

ダッシュボードのオプション

Dashboard ウィンドウからは、選択した個々のウィンドウに応じて下記の範囲のオプションを使用することができます。

- ウィンドウを選択した場合、メニューバーに表示されるオプションはサイドメニューからウィンドウを開いた場合に現れるオプションと一致します。例えば、Dashboard の Concentration グラフを選択すると、Concentration メニューのオプションが表示されます。



- 行や列を追加または削除することによってダッシュボード表示全体をリセットし、表示するウィンドウの数を増減することができます。



2行2列のデフォルト表示に戻すには Default View をタップまたはクリックします。

- あらゆるウィンドウで以下の作業が可能です。
 - ウィンドウの展開または折りたたみ
 - 画像のコピー、保存または印刷
 - 表示、スケール、軸および対数オプションの選択
 - ドロップダウンリストの使用による現在の表示から別の表示への切り替え
 - 特定のグラフでのメニューバーオプションの使用

Droplets チャートを Dashboard に追加すると（下のハイライト表示）、QX Manager は View Mode オプションを追加します。

注: ドロプレットウィンドウは、イベントカウントウィンドウと同じです。

下記のグラフにみられるオプションを [82 ページの表 18](#) にまとめます。



表 18 Dashboard のオプション

項目	内容
1	選択されたウィンドウを特定する境界線
2	Dashboard の選択されたウィンドウの種類に応じたツールバー
3	現在の表示を新しい表示に切り替えるためのドロップダウン矢印
4	グラフのオプション

Plate View ウィンドウ

QX Manager の Analysis モジュールでは以下のウィンドウを開くことができ、これらには Run のすべてのウェルのデータが含まれます。

- **Plate Editor (解析ビュー)** - Runに含まれる各ウェルの実験の種類、サンプル名、サンプルの種類、スーパーミックスおよびアッセイの種類が表示されます (Template SetupのPlate Editorと同様)。
- **Plate View**- 処理された各ウェルの濃度値がテキストフォーマットで表示されます。
- **2D Plate View**- 各ウェルの2次元 amplitude グラフが表示されます。

Plate Editor – 解析ビュー

Analysis モジュールの Plate Editor タブを使用してウェルを選択し、実験パラメータを見たり、変更したりすることが可能です。他の Plate Editor と同じく、Analysis Plate Editor にも Run に含まれる各ウェルの実験情報が表示されます。

重要： スーパーミックス以外のすべてのフィールドの変更が可能です。

Analysis Plate Editor で選択するウェルによって、他の解析ウィンドウで最初に表示されるデータが決まります。

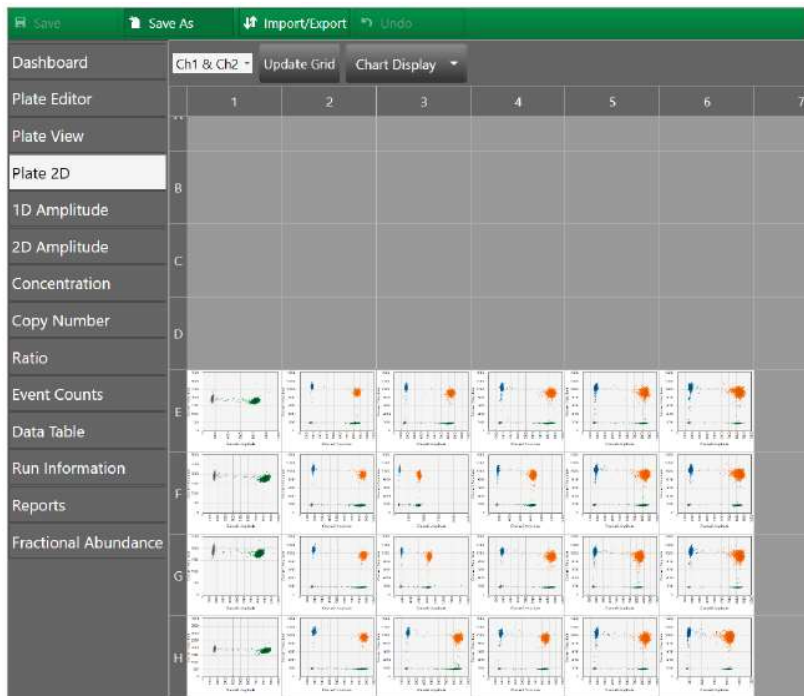
Plate View

Plate View タブを選択すると、プレートレイアウトのグリッド内に Run で処理された各ウェルの各ターゲット濃度計算値がテキストで表示されます。グラフフォーマットの濃度データについては [135 ページ](#)の「濃度」を参照ください。

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
Event Counts	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ							
Data Table	NTC/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.125 cpd Ch1/1cpd Ch2 No Call 1050.3	0.25 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.5 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	1 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	2 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	4 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	8 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	16 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	32 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	64 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	128 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	256 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex
Reports	NTC/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.125 cpd Ch1/1cpd Ch2 No Call 1021.7	0.25 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.5 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	1 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	2 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	4 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	8 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	16 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	32 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	64 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	128 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	
Fractional Abundance	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ	DQ							
	NTC/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.125 cpd Ch1/1cpd Ch2 No Call 1012.2	0.25 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.5 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	1 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	2 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	4 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	8 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	16 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	32 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	64 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	128 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	
	NTC/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.125 cpd Ch1/1cpd Ch2 No Call 1028.6	0.25 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	0.5 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	1 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	2 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	4 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	8 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	16 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	32 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	64 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	128 cpd Ch1/1cpd Ch2 HSV-1 B2M-Hex	

2D Plate View

処理済みのウェルの amplitude を比較しやすくするため、Plate 2D タブではウェルごとに別のグラフで二次元 amplitude データを表示することができます。ウェルのグラフを大きく表示するには、2D Amplitude ビューでこのウェルを選択します。



データウィンドウ

QX Manager はウェルと Run のデータを表形式で示します。

- **Data Table-** 左側のメインタブから利用でき、ユーザーが設定した実験パラメータに加えて、Run のすべての計算結果が表示されます。

注：個別（individual）ウェルフォーマット、統合（merged）フォーマットまたはその両方でのデータ表示が可能です。

- **Plate Well Data Table-** Analysis モジュールの Plate Editor に含まれるプレートセットアップウィンドウで利用でき、個々のウェルの設定情報のみが表示されます。
- **Analysis Well Data Table-** Analysis モジュールで利用でき、Well Selector で選択したウェルの設定と Run データのサブセットが表示されます。

Data Table タブ

閾値設定ツールまたは手動によるクラスタリングツールによってドロップレットのクラスターが特定されると、Data Table ウィンドウには各ウェルに含まれる各ターゲットのデータが列で表示されます。

Well	SampleDesc1	Target	Conc(copies/ul)	Status	Status Reason	Experiment	SampleType	TargetType	Supermix	DyeName(s)	Copies/20ulWell	TotalC
E01	NTC/1cpd Ch2	HSV-1	No Cal	CHECK	Automatic Analysis Unsuccessful	DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM		
E01	NTC/1cpd Ch2	B2M...	1050	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	21005	
E02	0.125 cpd Ch...	HSV-1	121	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	2420	
E02	0.125 cpd Ch...	B2M...	1008	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20158	
E03	0.25 cpd Ch1...	HSV-1	238	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	4768	
E03	0.25 cpd Ch1...	B2M...	1046	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20920	
E04	0.5 cpd Ch1...	HSV-1	482	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	9636	
E04	0.5 cpd Ch1...	B2M...	1018	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20357	
E05	1 cpd Ch1/1c...	HSV-1	956	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	19127	
E05	1 cpd Ch1/1c...	B2M...	1020	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20400	
E06	2 cpd Ch1/1c...	HSV-1	1939	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	38786	
E06	2 cpd Ch1/1c...	B2M...	997	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	19988	
F01	NTC/1cpd Ch2	HSV-1	No Cal	CHECK	Automatic Analysis Unsuccessful	DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM		
F01	NTC/1cpd Ch2	B2M...	1022	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20435	
F02	0.125 cpd Ch...	HSV-1	126	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	2529	
F02	0.125 cpd Ch...	B2M...	995	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	15890	
F03	0.25 cpd Ch1...	HSV-1	250	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	4991	
F03	0.25 cpd Ch1...	B2M...	1068	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20156	
F04	0.5 cpd Ch1...	HSV-1	475	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	9492	
F04	0.5 cpd Ch1...	B2M...	1031	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20621	
F05	1 cpd Ch1/1c...	HSV-1	943	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM	18865	
F05	1 cpd Ch1/1c...	B2M...	1048	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20962	
F06	2 cpd Ch1/1c...	HSV-1	No Cal	CHECK	Droplet Count < 10000	DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM		
F06	2 cpd Ch1/1c...	B2M...	No Cal	CHECK	Droplet Count < 10000	DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX		
G01	NTC/1cpd Ch2	HSV-1	No Cal	CHECK	Automatic Analysis Unsuccessful	DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	FAM		
G01	NTC/1cpd Ch2	B2M...	1012	OK		DQ	Unknown	Unknown	dSPCR S...	HEX	20245	

Data Table の列の定義

表 19 に Data Table の各フィールドの定義をまとめます。

表 19 Data Table の列

列名	内容
Well	プレート内のウェルの位置 注：本装置には 96 ウェルプレートしか使用できません。
Sample description 1 Sample description 2 Sample description 3 Sample description 4	各ウェル内のサンプルを記述する単語または語句 注：プレートレイアウトビューには Sample description 1 のデータしか表示されませんが、ウェルにマウスポインターを合わせると、入力されているすべてのサンプル記述情報がツールチップに表示されます。
Target	Plate Editor タブからのターゲット名
Conc(copies/μl)	μl あたりのコピー数として記録されたターゲット分子の濃度
Molecular Weight (pg/μl)	ddPCR ウェル内の DNA の質量濃度 (単位 pg/μl)
Status	Check、OK、Multi または Manual のいずれかが表示されます。 <ul style="list-style-type: none"> ■ Check の場合は、ウェルの自動解析に失敗したか、ウェル内のドロップレット数が 1 万個に満たなかったことを示します。 ■ OK の場合は、自動解析に十分な数のドロップレットが計測されたことを示します。 ■ Multi の場合は、マルチウェル選択の一部としてデータが自動解析されたことを示します。 Manual の場合は、ドロップレットが手動で解析されたことを示します。
Status Reason	状況の理由の説明 (自動解析の失敗、ドロップレット数の不足またはドロップレットの手動解析)
Experiment	Plate Editor でウェルに選択された実験の種類
SampleType	Plate Editor でウェルに選択されたサンプルの種類
TargetType	Plate Editor で各色素 (FAM、または EveGreen® および HEX または VIC) が選択されたターゲットの種類

表 19 Data Table の列 (続き)

列名	内容
Supermix	Plate Editor でウェルに選択されたスーパーミックス
DyeName(s)	Plate Editor でウェルのチャンネル 1 および 2 に割り当てられた色素
Copies/20 μ lWell	体積 20 μ l で正規化したターゲットの濃度
TotalConfMax	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルの高いエラーバーのターゲット濃度
TotalConfMin	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルの低いエラーバーのターゲット濃度
PoissonConfMax	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーの正規化最大ターゲット濃度
PoissonConfMin	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバー正規化最小ターゲット濃度
Accepted Droplets	品質アルゴリズムによって許容されるドロップレットの総数
Positives	ターゲットを含むドロップレットの数
Negatives	ターゲットを含まないドロップレットの数
Ch1+Ch2+	チャンネル 1 とチャンネル 2 の両方のターゲットを含むドロップレットの数
Ch1+Ch2-	チャンネル 1 のターゲットのみを含むドロップレットの数
Ch1-Ch2+	チャンネル 2 のターゲットのみを含むドロップレットの数
Ch1-Ch2-	チャンネル 1 とチャンネル 2 のいずれのターゲットも含まないドロップレットの数
Linkage	連続した DNA 分子を標的とすると予測される 2 つの標的のコピーの濃度を示し、Double Positive クラスター内のコピー過多と 1 μ l あたりのコピー数予想値によって計算されます。
CNV	リファレンスに対するターゲットのコピー数の計算値
TotalCNVMax	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルの高いエラーバーのコピー数

表 19 Data Table の列 (続き)

列名	内容
TotalCNVMin	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルの低いエラーバーのコピー数
PoissonCNVMax	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーの正規化最大コピー数
PoissonCNVMin	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーの正規化最小コピー数
ReferenceCopies	Plate Editor のリファレンスターゲットに指定されたコピー数。デフォルトは 2 で、2 倍体ゲノムあたり 2 コピーを示す。
UnknownCopies	本フィールドは QX Manager では現在使用されていません。
Threshold1	左から右および下から上への 1 本目の閾値線の閾値
Threshold2	左から右および下から上への 2 本目の閾値線の閾値
Threshold3	左から右および下から上への 3 本目の閾値線の閾値
ThresholdSigmaAbove	ネガティブクラスターの標準偏差の倍数で表されるネガティブクラスターの平均値からの閾値の距離
ThresholdSigmaBelow	ポジティブクラスターの標準偏差の倍数で表されるポジティブクラスターの平均値からの閾値の距離
ReferenceUsed	リファレンスとして使用されたターゲットの特定
Ratio	リファレンスに対するターゲットの比率
TotalRatioMax	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルのリファレンスに対する未知ターゲットの比率の高いエラーバー
TotalRatioMin	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルのリファレンスに対する未知ターゲットの比率の低いエラーバー

表 19 Data Table の列 (続き)

列名	内容
ThresholdSigmaAbove	ネガティブクラスターの標準偏差の倍数で表されるネガティブクラスターの平均値からの閾値の距離
ThresholdSigmaBelow	ポジティブクラスターの標準偏差の倍数で表されるポジティブクラスターの平均値からの閾値の距離
ReferenceUsed	リファレンスとして使用されたターゲットの特定
Ratio	リファレンスに対するターゲットの比率
TotalRatioMax	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルのリファレンスに対する未知ターゲットの比率の高いエラーバー
TotalRatioMin	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルのリファレンスに対する未知ターゲットの比率の低いエラーバー
PoissonRatioMax	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーの正規化したリファレンスに対する未知ターゲットの最大比率
PoissonRatioMin	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーの正規化したリファレンスに対する未知ターゲットの最小比率
FractionalAbundance	リファレンスターゲットに対する未知ターゲットの存在量比 (%) の計算値
TotalFractionalAbundanceMax	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルの高いエラーバーの存在量比 (%)
TotalFractionalAbundanceMin	ウェルをマージした場合で、95%信頼区間での統合ウェルの低いエラーバーの存在量比 (%)
PoissonFractionalAbundanceMax	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーで正規化最大存在量比 (%)
PoissonFractionalAbundanceMin	95%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーで正規化した最小存在量比 (%)
MeanAmplitudeOfPositives	ターゲットを含むすべてのドロップレットの平均 amplitude 値
MeanAmplitudeOfNegatives	ターゲットを含まないすべてのドロップレットの平均 amplitude 値
MeanAmplitudeTotal	すべてのドロップレットの平均 amplitude 値
ExperimentComments	QX Manager では使用しません。コメントが追加された場合、このフィールドには QuantaSoft ver. 1.4~1.7 で作成されたファイルからのデータのみが入力されます。
MergedWells	統合 (マージ) されたウェルを特定
TotalConfidenceMax68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルの高いエラーバーのターゲット濃度
TotalConfidenceMin68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルの低いエラーバーのターゲット濃度
PoissonConfidenceMax68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーで正規化最大ターゲット濃度

表 19 Data Table の列 (続き)

列名	内容
PoissonConfidenceMin68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーで正規化最小ターゲット濃度
TotalCNVMax68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルの高いエラーバーのコピー数
TotalCNVMin68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルの低いエラーバーのコピー数
PoissonCNVMax68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーで正規化した最大コピー数
PoissonCNVMin68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーで正規化した最小コピー数
TotalRatioMax68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルのリファレンスに対する未知ターゲットの高いエラーバー比率
TotalRatioMin68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルのリファレンスに対する未知ターゲットの低いエラーバー比率
PoissonRatioMax68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーで正規化したリファレンスに対する未知ターゲットの最大比率
PoissonRatioMin68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーで正規化したリファレンスに対する未知ターゲットの最小比率
TotalFractionalAbundanceMax68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルの高いエラーバーの存在量比 (%)
TotalFractionalAbundanceMin68	ウェルをマージした場合で、68%信頼区間での統合ウェルの低いエラーバーの存在量比 (%)
PoissonFractionalAbundanceMax68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、高いエラーバーで正規化した最大存在量比 (%)

表 19 Data Table の列 (続き)

列名	内容
PoissonFractionalAbundanceMin68	68%信頼区間のドロップレットポアソン分布で、低いエラーバーで正規化した最小存在量比 (%)
TiltCorrected	ウェルに傾き補正機能が適用されたかどうかを示す。 注：傾き補正機能は、2つのシングルポジティブクラスターの重心がダブルネガティブクラスターの重心と直交するように、ダブルネガティブクラスターの重心から各ドロップレットへの角度を回転させます。

Plate Well Data Table

Plate Editor から Well Data テーブルを含むウィンドウにアクセスでき、このウィンドウにはサンプルを含むすべてのウェルの設定および Run の情報が表示されます。

注：この表は編集できません。

表 20 Plate Well Data Table の列

列名	内容
Well	ウェル番号 (A01~H12)
Perform Droplet Reading	ウェルを読み取る場合は Yes 読み取らない場合は No
Experiment Type	Plate Editor で選択された実験の種類 <ul style="list-style-type: none"> ■ Direct Quantification (DQ : 直接定量) ■ Copy Number Variation (CNV : コピー数多型) ■ Mutation Detection (MUT : 変異検出) ■ Rare Event Detection (RED : レアイベント検出) ■ Drop-off (DOF : ドロップオフ) ■ Gene Expression (GEX : 遺伝子発現) ■ Residual DNA Quantification (RDQ : 残存 DNA 定量)
Sample description 1 Sample description 2 Sample description 3 Sample description 4	Plate Editor で入力された各サンプルを識別するための単語または語句 注：ウェルごとにサンプルの説明を 4 種類まで入力することができます。
Sample Type	Plate Editor で選択されたサンプルの種類 <ul style="list-style-type: none"> ■ Unknown (未知) ■ No template control (NTC) ■ Positive control (Pos-Ctrl : 陽性コントロール) ■ Negative control (Nrg-Ctrl : 陰性コントロール)

表 20 Plate Well Data Table の列 (続き)

列名	内容
Supermix Name	Plate Editor で選択されたスーパーミックス <ul style="list-style-type: none"> ■ ddPCR Multiplex Supermix ■ ddPCR Supermix for Probes (no dUTP) ■ ddPCR Supermix for Probes ■ ddPCR Supermix for Residual DNA Quantification ■ One-Step RT-ddPCR Advanced Kit for Probes ■ ddPCR EvaGreen® Supermix
Plex Mode	Plate Editor で選択されたアッセイ手法 <ul style="list-style-type: none"> ■ Single Target per Channel ■ Amplitude Multiplex ■ Probe Mix Triplex ■ Advanced Classification Method
Target Name	Plate Editor タブで入力されたターゲット名
Target Type	Plate Editor タブで選択されたターゲットの種類
Signal Channel 1	FAM 蛍光色素
Signal Channel 2	HEX または VIC 蛍光色素
Reference Copies	Plate Editor タブでリファレンスターゲットに指定されたコピー数
Well Notes	ユーザーによる入力情報
Plot?	選択すると、ウェルのコピー数の計算にターゲットが使用されます。
RDQ Conversion Factor	ウェルの残存 DNA 定量の換算係数

注：RDQ は残存 DNA 定量実験でのみ利用可能です。

Analysis Well Data テーブル

解析ウィンドウでは、Well Selector の横に設定内容と Run データの両方を含むウェルデータテーブルが表示されます。この表には、最初に Plate Editor で選択したウェル、またはその後に Well Selector で選択したウェルのみのデータ列の一部が表示されます。

Well	SampleDesc1	Target	Conc(copies/μL)	Status	Experiment	SampleType
F01	NTC/1cpd Ch2	HSV-1	No Call	CHECK	DQ	Unknc
F01	NTC/1cpd Ch2	B2M-...	1022	OK	DQ	Unknc
F02	0.125 cpd Ch...	HSV-1	126	OK	DQ	Unknc
F02	0.125 cpd Ch...	B2M-...	995	OK	DQ	Unknc
F03	0.25 cpd Ch1...	HSV-1	250	OK	DQ	Unknc
F03	0.25 cpd Ch1...	B2M-...	1008	OK	DQ	Unknc
F04	0.5 cpd Ch1/...	HSV-1	475	OK	DQ	Unknc

この統合表の各列の内容を表 21 にまとめます。

表 21 Analysis Well Data テーブルのフィールド

列名	内容
Well	サンプルが含まれるプレート内のウェルの位置
Sample description 1 Sample description 2 Sample description 3 Sample description 4	Plate Editor タブでウェルを識別するために使用されたサンプル名
Target	Plate Editor タブからのターゲット名
Conc (copies/μl)	ポアソン分布の計算法を用いて求められた濃度
Status	クラスターが同定されたか否か、ならびに使用された方法は何か（手動または自動解析）を示します。
Experiment	Plate Editor からの実験の種類
SampleType	Plate Editor からのサンプルの種類
TargetType	Plate Editor でターゲットに割り当てられたターゲットの種類
Supermix	Plate Editor からのスーパーミックス
DyeName(s)	Plate Editor でターゲットのチャンネル 1 およびチャンネル 2 に割り当てられた蛍光色素

表 21 Analysis Well Data テーブルのフィールド (続き)

列名	内容
Accepted Droplets	品質アルゴリズムによって許容されたドロップレットの総数
Positives	ターゲットを含むドロップレットの数
Negatives	ターゲットを含まないドロップレットの数

解析ウィンドウ

Analysis モジュールでは、amplitude 表示と確率分布グラフを見ることができます。

Amplitude グラフ

Amplitude グラフはドロップレットを色素の蛍光強度で示します。下記の解析ウィンドウでは、FAM/EvaGreen®および HEX/VIC の蛍光色素によって同定されたポジティブドロップレットとネガティブドロップレットの蛍光強度が表示されます。

- 1D Amplitude
- 2D Amplitude

確率分布グラフ (Statistical Probability Chart)

確率分布グラフはポジティブドロップレットの濃度に基づく計算結果を示します。下記の解析ウィンドウでは、サンプルごとに各蛍光色素のポジティブドロップレットとネガティブドロップレットの数を計測した後、ポジティブドロップレットの割合をポアソン分布に当てはめて、ターゲット DNA 分子の初期濃度をコピー数/ μl の単位で求めます。

- Concentration (濃度)
- Copy Number (コピー数)
- Ratio (比率)
- Fractional Abundance (存在量比 (%))

QX Manager で解析データファイルを開き、グリッド内の 1 つまたは複数のウェルを選択すると、算出されたポアソン確率分布の平均値がデータポイントとしてグリッド内にプロットされます。データポイントにマウスポインターを合わせると、high、median および low number を見ることができます。

注：68%または 95% (デフォルト設定) の信頼水準を用いてデータを表示することもできます。

イベント数

イベント数はターゲットが認められた (ポジティブ) ドロップレットの数と認められなかった (ネガティブ) ドロップレットの数を記録します。Event Counts タブは、選択されたウェルごとに各ターゲットのポジティブ、ネガティブおよび全ドロップレットの数を棒グラフで表示します。

注：ダッシュボード表示では、Droplets ウィンドウにイベントカウントが表示されます。

詳細は第 10 章「データ解析方法」を参照してください。

解析画面とアウトプットのオプション

Analysis モジュールでは以下のような様々なオプションが利用できます。

- **共通オプション**- 基本ツールバーから利用でき、データファイルを保存、インポートまたはエクスポートする。
- **グラフ表示設定**- 解析ウィンドウでのグラフの表示方法を変更する。
- **グラフスケールオプション**- 軸に表示されるスケールを変更する
- **グラフメニューオプション**- (☰アイコンから) グラフ画面で利用でき、画像をコピー、保存および印刷する。データポイントを示す Amplitude グラフでは表示か非表示を選択できる。
- **表メニューオプション**- (☰アイコンから) 表画面で利用でき、データのコピーや Excel または CSV ファイルへのエクスポートのほか、列の表示/非表示が可能である。

グラフ表示は全画面サイズに拡大することもでき、元の表示に戻すこともできます。

共通オプション



共通オプションの内容を表 22 にまとめます。共通オプションは Analysis モジュールのすべてのウィンドウで利用することができます。

表 22 共通オプション

オプション	内容
Save	解析ファイルの変更を現在のファイル名またはファイル拡張子で保存します。
Save as	ファイルを別のファイル拡張子で保存します (例えば、.qlps を .ddpcrs に変更する、あるいはファイルの変更を別のファイル名で保存するなど)
Import/export	<ul style="list-style-type: none"> ■ プレートセットアップデータをインポートまたはエクスポートします。 ■ グラフ解析データを Excel ファイルにエクスポートします。
Undo	Plate Editor でのみ使用可能です。
User Settings	個人のユーザー設定をデフォルト設定に戻すことができます。

データファイルを保存するには、

1. Save または Save As をタップまたはクリックします。

- Save をタップまたはクリックすると、加えたすべての変更が直ちに元のファイル名で保存されます。
 - Save As をタップまたはクリックすると、ステップ 2 に続きます。
2. Save As ダイアログボックスで新しいファイル名を入力し、Save をタップまたはクリックします。

このファイルは新しいファイル名で保存されます。

セットアップまたは解析データをインポートまたはエクスポートするには、

1. Import/Export をタップまたはクリックします。

利用可能なインポート／エクスポートのオプションを表 23 にまとめます。

注：保存されていないデータがある場合は、内容をインポートまたはエクスポートする前にファイルを保存するように指示されます。

表 23 インポート／エクスポートのオプション

インポート／エクスポートのオプション	内容
Import plate setup CSV	プレートレイアウトデータを CSV ファイルから Plate Editor にインポートします。 注： このオプションは Plate Editor でのみ利用できます。既存のレイアウトに新しいプレートレイアウトを上書きします。
Export plate setup CSV	設定された Plate Editor レイアウトを CSV ファイルにエクスポートします。 注： このオプションは Plate Editor でのみ利用できます。
Import plate setup	プレートテンプレート (ddplt) ファイルからプレートレイアウトをインポートします。 注： このオプションは Plate Editor でのみ利用できます。
Export plate setup	プレートレイアウトをプレートテンプレートファイルにエクスポートします。 注： このオプションは Plate Editor でのみ利用できます。
Export visible data to CSV	Well Selector で選択したウェルのデータのみを CSV ファイルにエクスポートします。
Export cluster data	Excel スプレッドシートにデータをエクスポートします。 注： (ウェルごとに) ターゲットが認められたかどうか (1=Yes、0=No)、ドロップレット数、色素別の平均値および標準偏差ならびにクラスターID を含みます。
Export linkage data	過剰に存在するターゲットのコピー数と予測値のデータ (コピー数/ μ l) を CSV ファイルにエクスポートします。

表 23 インポート/エクスポートのオプション (続き)

インポート/エクスポートのオプション	内容
Export visible charts	表示されているすべてのグラフをエクスポートします。
Print visible charts	表示されているすべてのグラフを印刷します。

オプションが利用できるウィンドウや項目を表 24 に示します。

表 24 利用可能なオプション

インポート/エクスポートのオプション	Plate editor	Plate view	Plate 2D	Amplitude プロット	確率分布 グラフ	イベント 数	データ テーブル
Import plate setup CSV	✓						
Export plate setup CSV	✓						
Import plate setup	✓						
Export plate setup	✓						
Export visible data to CSV				✓	✓	✓	✓
Export cluster data	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Export linkage data	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Export visible charts			✓	✓	✓	✓	
Print visible charts			✓	✓	✓	✓	

注: amplitude プロットは 1D および 2D で利用でき、確率分布グラフは Concentration (濃度)、Copy Number (コピー数)、Ratio (比率) および Fractional Abundance (存在量比) で利用できます。Dashboard 画面では表示されているプロットまたはグラフに応じたオプションを利用することができます。



グラフの拡大または縮小

以下のウィンドウではグラフの拡大や縮小が可能です。

- Dashboard
- 1D Amplitude
- 2D Amplitude
- Concentration
- Copy Number
- Ratio
- Fractional Abundance
- Event Counts

amplitude または確率分布グラフを最大サイズまで拡大すると、次に縮小するまで Well Selector と Well Data テーブルは非表示になります。

グラフを拡大または縮小するには、

1. グラフを全画面サイズにするには、グラフ右上の () アイコンをタップまたはクリックします。
2. 元のサイズに縮小するには () アイコンをタップまたはクリックします。

グラフ表示を設定する

Chart Display 設定では主にフォントサイズと位置を調節できます。各設定項目の説明と、それぞれが利用できるウィンドウを表 25 にまとめます。

表 25 グラフ表示の設定

設定項目	ウィンドウ	内容
Channel or Dye	1D Amplitude 2D Amplitude	グラフのタイトルにチャンネルまたは色素のいずれを使用するか選択します。Channel を選択すると、チャンネル番号がグラフのタイトルとして表示され、Dye を選択すると、FAM または HEX がタイトルとして表示されます。
Axis Data Label Size	1D Amplitude 2D Amplitude Concentration Copy Number Ratio Fractional Abundance Event Counts	軸のデータラベルに別のフォントサイズを選択します。
Chart Data Label Size	Concentration Copy Number Ratio Fractional Abundance Event Counts	グラフのデータラベルに別のフォントサイズを選択します。
Chart Marker Size	Concentration Copy Number Ratio Fractional Abundance	グラフマーカーに別のフォントサイズを選択します。
Chart Marker Label Position	Concentration Copy Number Ratio Fractional Abundance	マーカーラベルの位置を変更します。

グラフ表示を設定するには、

1. Chart Display ボタンをタップまたはクリックします。

2. 希望のオプションを選択します。

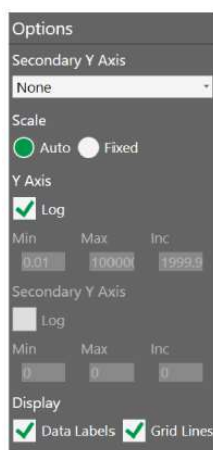
選択した内容が直ちに反映され、表示が変わります。

3. 以下のいずれかを実行します。

- 変更をデフォルトの設定として保存する場合は、自身のデフォルトとして Save をタップまたはクリックします。成功のメッセージが表示されれば、OK をタップまたはクリックしてダイアログを閉じます。
- 設定を保存せずにメニューを閉じるには、グラフ画面のどこかをタップまたはクリックします。

グラフスケールのオプションを選択する

グラフスケールのオプションでは主にグラフスケールの表示を調節します。




各オプションの内容と、それぞれが利用できるウィンドウを表 26 にまとめます。

表 26 グラフスケールのオプション

オプション	内容
Scale	<p>すべてのグラフのオプションに表示されます。</p> <p>Scale オプションによってグラフデータの数値の範囲が決まります。</p> <p>Auto- デフォルトによる選択。QX Manager はデータ分布に適合するスケールを自動で表示します。</p> <p>Fixed- Fixed を選択すると Axis フィールドが有効になり、目盛の範囲と間隔を手動で調整できます。</p>
Axis	<p>すべてのグラフのオプションに表示されます。</p> <p>Axis フィールドが有効になると、各軸のデータ表示の最小値 (Min) と最大値 (Max) ならびに目盛の間隔 (Incr) を手動で調整することができます。</p> <p>X- 横軸</p> <p>Y- 縦軸</p> <p>注: x 軸スケールの変更は 2D Amplitude グラフでのみ可能です。</p>
Secondary Y Axis	<p>Concentration グラフのオプションにのみ表示されます。</p> <p>ドロップダウンリストの Channel 2 濃度、比率、コピー数または存在量比 (%) から選択でき、2 番目の y 軸にそれぞれのデータを表示することができます。</p>
Log	<p>すべての確率分布グラフ (Concentration、Copy Number、Ratio および Fractional Abundance) のオプションに表示されます。</p> <p>Log チェックボックスを選択すると、10 を底とする対数フォーマットで y 軸が表示される。</p> <p>注: Concentration グラフでは 2 番目の y 軸に Log を選択することもできます。</p>
Inverse	<p>Ratio および Fractional Abundance のオプションにのみ表示されます。</p> <p>Inverse オプションは、足して 2 になる Ratio データポイントの逆の数に等しく、足して 100 になる Fractional Abundance データポイントの逆の数に等しくなります。</p>
Data labels	<p>すべての確率分布グラフのオプションに表示されます。</p> <p>データラベルはデフォルトによってグラフのポイントごとに表示されますが、チェックボックスを解除するとラベルは表示されません。</p>
Grid Lines	<p>すべてのグラフのオプションに表示されます。</p> <p>デフォルトによってグリッド線が表示されますが、チェックボックスを解除すると、これらは表示されません。</p>

グラフスケールのオプションを選択するには、

1. グラフ左上の () アイコンをタップまたはクリックして、利用できるオプションを表示します。
2. グラフスケールを手動で設定するには、Fixed を選択します。

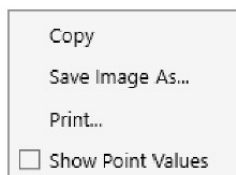
注： Auto がデフォルト設定です。

3. Min、Max および Inc のフィールドで y 軸の下限値、上限値および目盛の間隔を入力します。2D Amplitude については、x 軸のスケールも変更できます。

注： 目盛間隔は Log チェックボックスのチェックが外れていないと入力できません。

4. Concentration については 2 番目の y 軸表示のオプションを選択します。10 を底とする対数スケールに y 軸のスケールを変更するには、Log チェックボックスを選択します。
5. Ratio および Fractional Abundance のグラフで逆数を表示するには、Inverse チェックボックスを選択します。
6. データラベルやグリッド線を表示しない場合は、Data Labels または Grid Lines のチェックを外します。

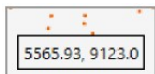
グラフのメニューオプションを使用する



グラフのメニューオプションを表 27 で説明します。

表 27 グラフのメニューオプション

オプション	内容
Copy	グラフを画像ファイルとしてコピーし、MS Word ファイルなどの別のドキュメントに貼り付けることができます。
Save Image as	グラフを画像ファイルとして保存します。
Print	画像を印刷します。
Show Point Values	データポイントにマウスポインターを置くと、それぞれの数値が表示されます。



Tips : Show Point Values チェックボックスを選択すると、データを見ることができます。

グラフのメニューオプションは以下のウィンドウで利用することができます。

- 1D Amplitude
- 2D Amplitude
- Concentration
- Copy Number
- Ratio
- Fractional Abundance
- Event Counts

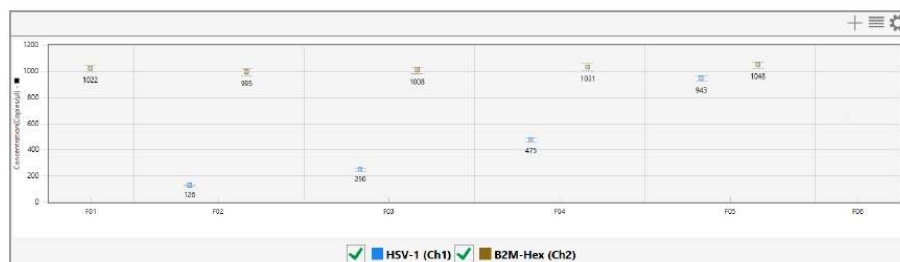
グラフのメニューオプションを使用するには、

1. Well Selector でウェルを選択します。

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A												
B												
C												
D												
E	A	A	A	A	A	A						
F	A	A	A	A	A	A						
G	A	A	A	A	A	A						
H	A	A	A	A	A	A						

各ウェルのデータが Well Data テーブルと関連グラフに表示されます。

Well Data						
Well	SampleDesc1	Target	Conc(copies/μL)	Status	Experiment	
F01	NTC/1cpd Ch2	HSV-1	No Call	CHECK	DQ	
F01	NTC/1cpd Ch2	B2M-...	1022	OK	DQ	
F02	0.125 cpd Ch...	HSV-1	126	OK	DQ	
F02	0.125 cpd Ch...	B2M-...	995	OK	DQ	
F03	0.25 cpd Ch1...	HSV-1	250	OK	DQ	
F03	0.25 cpd Ch1...	B2M-...	1008	OK	DQ	
F04	0.5 cpd Ch1/...	HSV-1	475	OK	DQ	



2. グラフ右上のメニューアイコン (☰) をタップまたはクリックし、ドロップダウンリストから選択します。

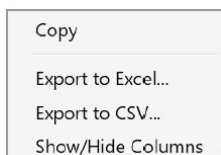
- Clipboard にグラフをコピーするには Copy を選択します。

注：データを貼り付けるには、貼り付け先（Word ファイルなど）に移動してから右クリックして、Paste を選択します。

- ファイルを保存するには、Save Image As を選択し、画面の指示に従います。
- 画像を印刷するには、Print を選択し、画面の指示に従います。

3. 画面のどこかをタップまたはクリックし、ダイアログボックスを閉じます。

表のメニューオプションを使用する



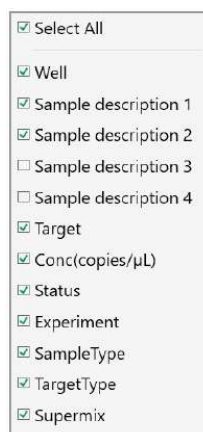
表のメニューオプションを表 28 で説明します。

表 28 表のメニューオプション

オプション	内容
Copy	選択したウェルの情報をコピーします。
Export to Excel	データを.xlsx ファイルにエクスポートします。
Export to CSV	データを.csv ファイルにエクスポートします。

表 28 表のメニューオプション（続き）

オプション	内容
Show/Hide Columns	表の表示に列を追加したり、表示から列を削除したりします。 Show/Hide Columns を選択すると、下記のダイアログボックスが開きます。チェックボックスの選択／解除によって、データテーブルの列の表示／非表示を指定します。



- Select All
- Well
- Sample description 1
- Sample description 2
- Sample description 3
- Sample description 4
- Target
- Conc(copies/μL)
- Status
- Experiment
- SampleType
- TargetType
- Supermix

第9章 Data Analysis モジュールの概要

表のメニューオプションは以下のウィンドウで利用することができます。

- 1D Amplitude
- 2D Amplitude
- Concentration
- Copy Number
- Ratio
- Fractional Abundance
- Event Counts

Tips : メニューアイコンには個々のウィンドウ、もしくは Dashboard 画面のウィンドウからアクセスすることができます。

表のメニューオプションを使用するには、

Data Table でこれらのオプションを使用する場合は、ステップ 3 に進みます。

1. Well Selector でウェルを選択します。

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A												
B												
C												
D												
E	A	A	A	A	A	A						
F	A	A	A	A	A	A						
G	A	A	A	A	A	A						
H	A	A	A	A	A	A						

それぞれのウェルのデータが Well Data テーブルに表示されます。

Well Data						
Well	SampleDesc1	Target	Conc(copies/ μ L)	Status	Experiment	
F01	NTC/1cpd Ch2	HSV-1	No Call	CHECK	DQ	
F01	NTC/1cpd Ch2	B2M-...	1022	OK	DQ	
F02	0.125 cpd Ch...	HSV-1	126	OK	DQ	
F02	0.125 cpd Ch...	B2M-...	995	OK	DQ	
F03	0.25 cpd Ch1...	HSV-1	250	OK	DQ	
F03	0.25 cpd Ch1...	B2M-...	1008	OK	DQ	
F04	0.5 cpd Ch1/...	HSV-1	475	OK	DQ	

2. 表の右上のメニューアイコン (☰) をタップまたはクリックし、ドロップダウンリストから選択します。
 - 選択したウェルのデータを Clipboard にコピーするには Copy を選択します。
 注：データを貼り付けるには、貼り付け先（Excel ファイルなど）に移動してから右クリックして、Paste を選択します。
 - データをエクスポートするには、Export to Excel または Export to CSV を選択し、画面の指示に従ってファイルを保存します。
 注：Exporting to Excel はデータをスプレッドシートフォーマットでエクスポートし、Exporting to CSV はカンマ区切りフォーマットでエクスポートします。
 - 表の列を表示または非表示にするには、Show/Hide Columns を選択した後、チェックボックスを選択または解除します。
3. 画面のどこかをタップまたはクリックし、ダイアログボックスを閉じます。

Run およびロット情報の表示

Run 情報ウィンドウを使用して、Run に関する情報を表示し、プレートに関する Run 後のメモを表示または追加します。

Instrument Serial Number:	<instrument identifier>	Post Run Plate Notes: N/A
Plate Name:	LindaTest	
Date of Run:	09/04/2018 10:09:34 AM	
User Name of Run Initiator:	\ <user name>	
Bar Code:	31-00-2D-00-39-00-36-00	
SuperMix Type:	ddPCR EvaGreen Supermix	
Number Of Wells Generated:	96	
Number Of Wells Read:	96	
Oil Name:	EvaGreen	
Initial Wait Elapsed Time	0h 10m 18s	
DR Elapsed Time	0h 12m 9s	
Run Status	Success	
Errors:	N/A	

第 9 章 Data Analysis モジュールの概要

第 10 章 データ解析方法

第 8 章「Data Analysis モジュールの概要」に要約したように、本ソフトウェアは数種類のフォーマットで解析データを提示します。Analysis モジュールでデータファイルを開くと、データとともに自動解析閾値と計算結果を見ることができ、結果の再計算や再プロット、色の変更などのオプションを選択することもできます。

データは以下のフォーマットで表示されます。

- Amplitude では、各ウェルのドロップレットを散布図、1次元または2次元ビューで表示します。
- 統計モデルでは、選択した誤差モデルと信頼区間に基づき、ターゲット分子濃度の推定値に加え、別のターゲットに対する比率および存在量比 (%) が表示されます。

注：CNV 実験を実行した場合は、コピー数多型も計算されます。

- イベント数は、各ウェルに存在する各ターゲットのポジティブドロップレットとネガティブドロップレットの正確な数を表します。

Amplitude プロット解析のオプション

QX Manager ソフトウェアでは、3種類の amplitude プロット表示が可能であり、データとともに自動設定閾値を見ることができ、別のオプションを選択して結果の再プロットや色の変更を行うことも可能です。

1D amplitude プロットおよび 2D amplitude プロットでは以下の作業が可能です。




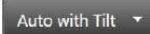


- ウェルの計算結果を表示する。

注：1D amplitude プロットは選択された各ウェルのデータをそれぞれのセクションに表示しますが、2D amplitude プロットは選択されたすべてのウェルのデータをまとめて表示します。

- 閾値を変更する。
- ヒートマップでデータを表示する。
- ヒストグラムを表示する。
- 自動解析を再度適用する。
- 自動解析に傾き補正を適用する。






1D および 2D amplitude プロットの両方で利用できる解析オプションを表 29 にまとめます。

表 29 1D および 2D amplitude ツールオプション

アイコン	モード	内容
	ビューモード	QX Manager によって割り当てられた閾値やクラスターとともにデータが表示されます。このアイコンを選択すると、画面がロックされ、閾値を変更できなくなります。
	ヒートマップ	ドロップレットの分布を示します。ドロップレットの密度が高いほど高温として表示されます。
	自動解析	傾き補正機能を無効化した状態でデータを再度、自動解析します。 傾き補正機能を有効化し、データを再度、自動解析します。
	傾き補正付き自動解析	注：傾き補正機能は 2 つのシングルポジティブクラスターの重心がダブルネガティブクラスターの重心と直交するように、ダブルネガティブクラスターの重心から各ドロップレットへの角度を回転させます。
	リセット	データを元の自動解析データにリセットします。
	グラフ表示のオプション	軸にチャンネル番号または蛍光色素を表示するかを選択し、軸マーカー、データラベルおよび軸ラベルの大きさを変更します。



1D amplitude プロットにのみ利用できる解析オプションを表 30 にまとめます。


表 30 1D amplitude ツールオプション

アイコン	モード	内容
	閾値、単一ウェル	1D amplitude プロットでは、単一または複数のウェルについて手で閾値を入力することができます。プロット内のどこかをタップまたはクリックし、データに閾値線を加えます。
	閾値、複数ウェル	
<p>閾値を調整するには、</p> <ul style="list-style-type: none"> ■ プロットエリアで線を水平にドラッグする。 ■ 各閾値線の端にあるボックスに新しい閾値を入力する。 ■ 上向きと下向きの矢印をタップし、数値を増減する。 		
	閾値、単一ウェル SD	単一または複数のウェルについて、QX Manager が閾値と標準偏差 (SD) を自動で計算し、入力します。
	閾値、複数ウェル SD	
<p>重要: RMD ではクラスターは通常、互いに直交しないため、SD 閾値は推奨されません。</p> <p>注: SD 閾値は、ポジティブターゲットの平均値よりも低く、ネガティブターゲットの平均値よりも高い位置に設定されます。プロット内のクリックした場所を起点とし、分類誤差が最小限になるように、SD によってポジティブクラスターとネガティブクラスターの間に関値の位置が決定されます。</p>		
	ヒストグラムの表示	データをヒストグラムプロットで表示することができます。

2D amplitude プロットにのみ利用できる解析オプションを表 31 にまとめます。

表 31 2D amplitude ツールオプション

アイコン	モード	内容
	閾値線	<p>Threshold line アイコンを使用すると、ペアのチャンネルの閾値を確立でき、ドロップレットを色の異なる別のクラスターに分けることができます。プロット内のどこかをタップまたはクリックし、データに閾値線を加えます。</p> <p>閾値を調整するには、</p> <ul style="list-style-type: none"> ■ プロットエリアで線を水平または垂直にドラッグする。 ■ 各閾値線の端にあるボックスに新しい閾値を入力する。 ■ 上向きと下向きの矢印をタップし、数値を増減する。
	閾値線、SD	<p>QX Manager が閾値線と標準偏差 (SD) を自動で計算し、入力します。</p> <p>重要: RMD ではクラスターは通常、互いに直交しないため、SD 閾値は推奨されません。</p> <p>注: SD 閾値はポジティブターゲットの平均値よりも低く、ネガティブターゲットの平均値よりも高い限界値で設定されます。プロット内のクリックした場所を起点とし、分類誤差が最小限になるように、SD によってポジティブクラスターとネガティブクラスターの間に関値の位置が決定されます。</p>

アイコン	モード	内容
	閾値、クラスター スクエア	Threshold Cluster アイコンを使用すると、ペアのチャンネルの閾値を確立でき、ドロップレットを色の異なる別のクラスターに分けることができます。
	閾値、クラスター サークル	ドロップレットを分類するには
	閾値、クラスター 自由形	<ul style="list-style-type: none"> 3つの Threshold Cluster Mode ボタン（スクエア、サークルまたは自由形）のいずれかをタップします。 選択した形でドロップレットのクラスターを囲みます。

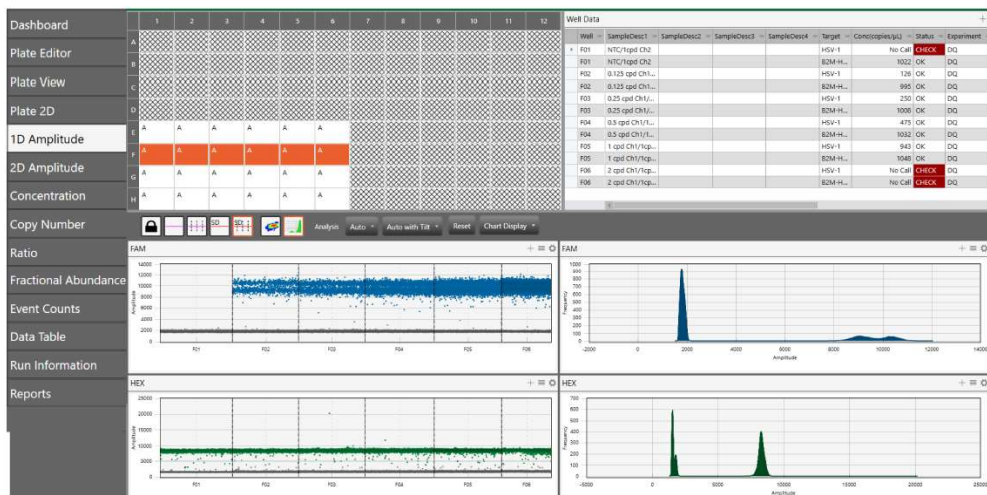
注：クラスターモードツールを用いてドロップレットのクラスターを囲む際には、ターゲット別に色が表示されたダイアログボックスがウィンドウに現れ、正しいターゲットの組み合わせを選ぶことができます。

プレートのセットアップで指定されたシグナル値に基づき2つの軸にターゲット名が表示されます。ドロップレットを各ターゲットのポジティブまたはネガティブに自動で分類するために選択したクラスターの位置に最も近い色つきボックスをタップまたはクリックします。

注：Cluster ダイアログボックスの表示は plex モードによって異なります。

1D amplitude

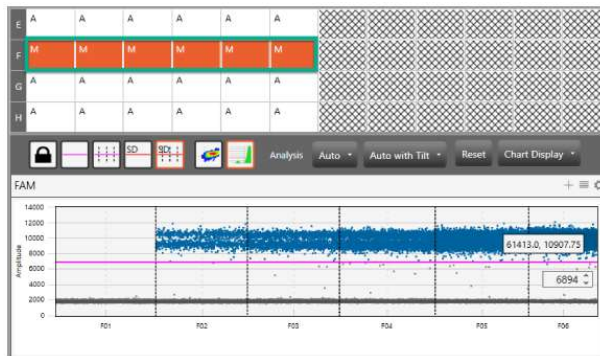
1D amplitude 解析ウィンドウを使用すると、Well Selector で選択した各ウェルのドロップレットの amplitude がチャンネル別に取得順で表示されます。



1D amplitude プロットは、

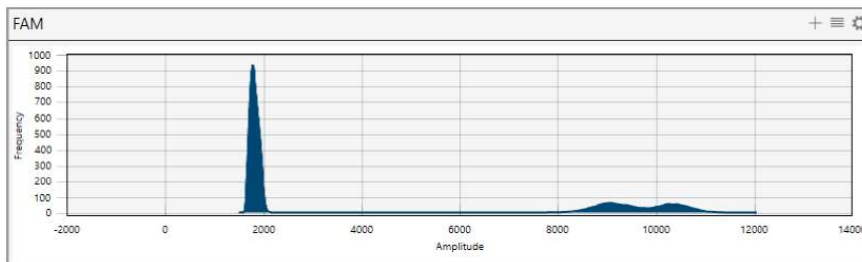
- 測定されたすべてのドロップレットを対象に、各ウェル内のポジティブドロップレットとネガティブドロップレットを視覚的に表します。

ポジティブドロップレットはカラーで表示され、ネガティブドロップレットはグレースケールで表示されます。Well Selector では、QX Manager が自動でドロップレットデータの閾値設定を行ったウェルに A が表示されます。手動で閾値を設定した場合には、閾値を変更したウェルに M が表示されます。



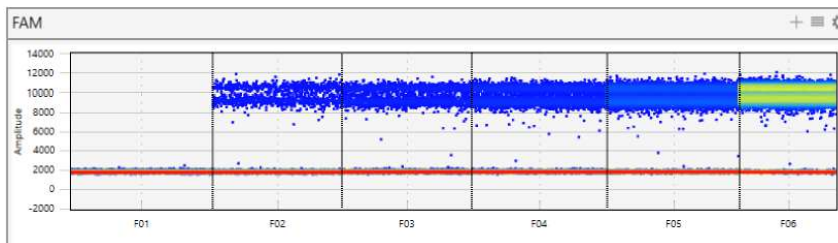
- amplitude のヒストグラムプロット

ヒストグラムは、選択した各ウェルまたはウェルのグループごとに所定の fluorescence amplitude を示したドロップレットの度数を表示します。チャンネル 1 (FAM/EvaGreen®) のヒストグラムは青で、チャンネル 2 (HEX/VIC) のヒストグラムは緑で表示されます。



注： ヒストグラムアイコンはデフォルトで有効化されているため、蛍光色素（チャンネル）ごとに自動でヒストグラムプロットが表示されます。

- Amplitude のヒートマップビュー



1D Amplitude タブを選択すると、閾値の変更およびヒートマップとヒストグラムの表示／非表示ができるツールバーオプションがプロットの上に現れます。



注：各ツールオプションの詳細は 113 ページの「Amplitude プロット解析のオプション」を参照してください。

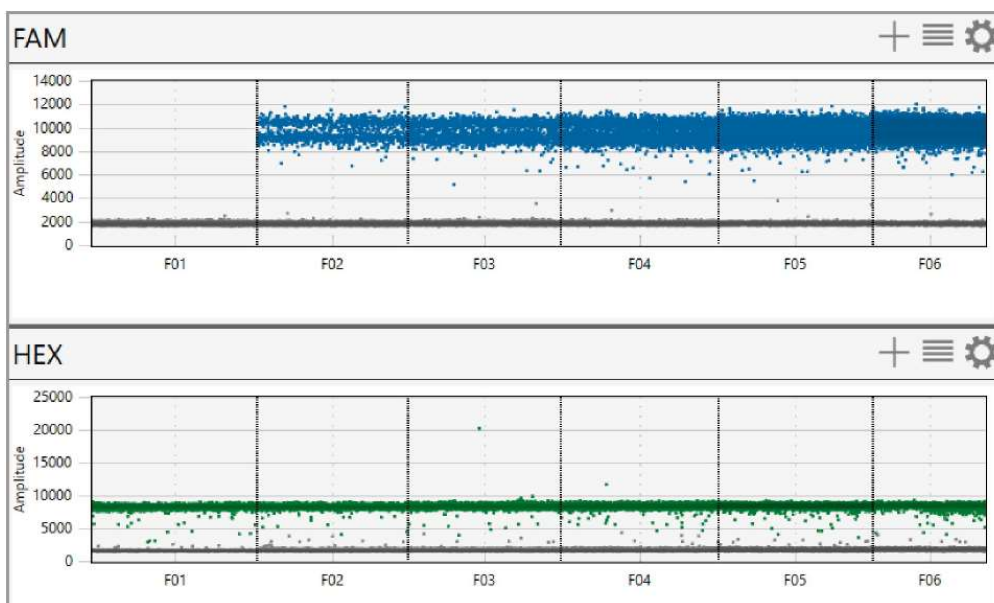
1D amplitude プロットのデフォルトの色の割り当ては以下のとおりです。

FAM ポジティブ	=	青
HEX ポジティブ	=	緑
ネガティブ	=	グレー

本セクションの図は 4 種類のターゲットについて分析した直接定量実験のデータを表しています。


- FAM プロット（チャンネル 1 の FAM 色素）は 1 つめのターゲットのポジティブドロップレットを青色で示します。
- HEX プロット（チャンネル 2 の HEX 色素）は 2 つめのターゲットのポジティブドロップレットを緑色で示します。

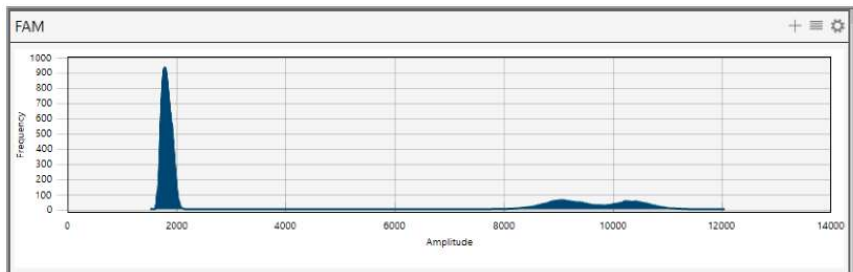
ネガティブドロップレットは各プロットにグレースケールで表示されます。




十分な数のドロップレットが認識された実験では、ポジティブドロップレットとネガティブドロップレットを区別する amplitude 閾値が自動で設定されます。

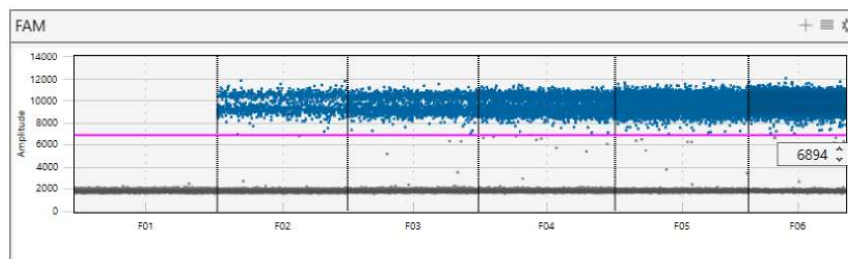
注：ドロップレットをポジティブとみなす閾値をソフトウェアが自動計算するには、ウェルデータが一定の品質基準（ドロップレット 1 万個以上）を満たしている必要があります。ポジティブドロップレットとネガティブドロップレットを正しく定量するために、手動閾値設定ツールを利用することもできます。

デフォルトによってヒストグラムアイコン () が有効化されるため、amplitude プロットとともにヒストグラムプロットも自動で表示されます。



閾値を手動で調整するには、

1. 1つまたは複数のウェルを選択します。
2. いずれかの閾値アイコン () をタップまたはクリックし、手動で閾値を設定します。
 - 単一ウェルの通常閾値：複数のウェルの場合、ウェルごとに別の閾値を設定することができます。
 - 複数ウェルの通常閾値：選択したすべてのウェルに同じ閾値を設定することができます。
 - 単一ウェルの標準偏差閾値：複数のウェルの場合、ウェルごとに別の閾値を設定することができます。
 - 複数ウェルの標準偏差閾値：選択したすべてのウェルに同じ閾値を設定することができます。
3. 新しい閾値を加えたいプロット内の場所をタップまたはクリックします。
4. 閾値線が表示されたら、上向きまたは下向きの矢印を使用するか、閾値をクリック・アンド・ドラッグして、位置を調整します。



QX Manager は手動で設定された閾値を表示し、閾値より上にあるドロップレットの色を変更します。


注：閾値の数値を手動で入力することもできます。

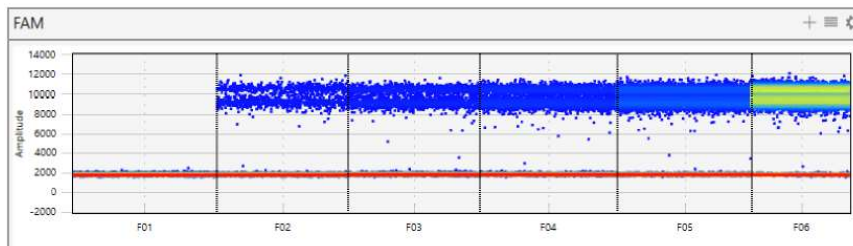
閾値を手動で変更すると、ウェルセクターには Automatic (自動) の A の代わりに Manual (手動) の M が表示されます。

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
B	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M
C	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
D	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
E												
F												
G												
H												

- (オプションとして) 自動閾値にリセットするには、Auto をタップまたはクリックします。
- (オプションとして) 傾き補正を考慮に入れて自動閾値を調整するには、Auto with Tilt をタップまたはクリックします。
- (オプションとして) すべてを元の表示に戻すには、Reset をタップまたはクリックします。

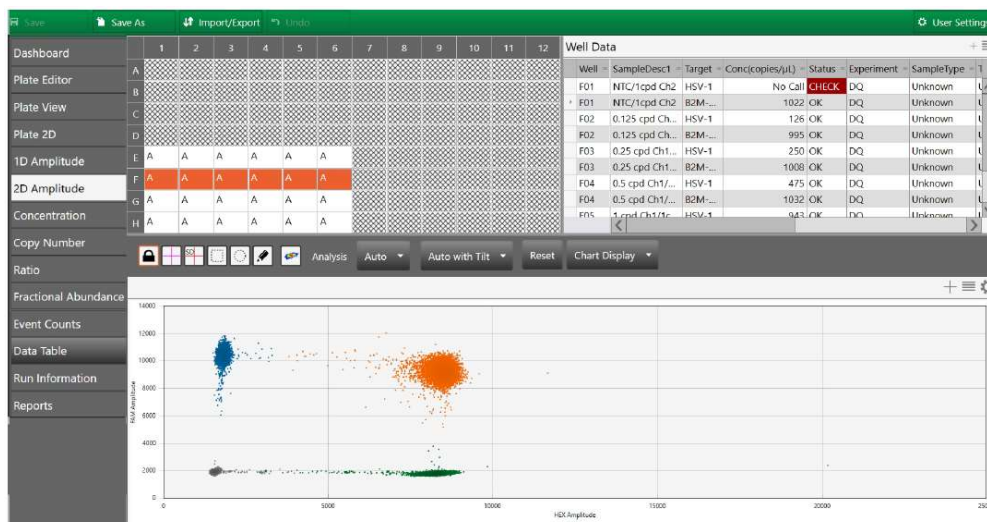
プロットデータのヒートマップを見るには、

- ▶ () アイコンをタップまたはクリックします。

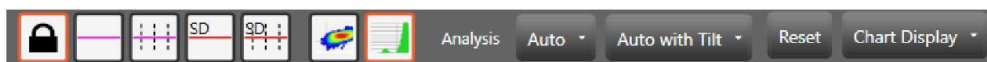


2D amplitude

2D Amplitude ウィンドウには、Plate Editor の解析ビューで選択されたウェルについて、2種類のターゲットの蛍光強度が表示されます。



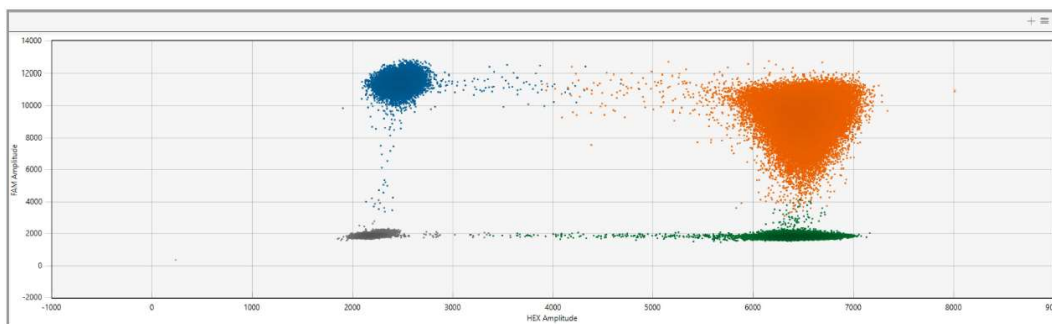
2D Amplitude タブを選択すると、閾値の変更、ウェルの手動クラスタリングおよびヒートマップの表示/非表示ができるツールバーオプションがプロットの上に現れます。各ツールバーオプションの詳細は 113 ページの「Amplitude プロット解析のオプション」を参照ください。



注：各ツールバーオプションの詳細は 119 ページの「Amplitude プロット解析のオプション」を参照ください。

本セクションの図は 2 種類のターゲットについて分析した直接定量実験のデータを表していません。

プロットは、第 1 ターゲットおよび第 2 ターゲットの陽性 Droplet、両方のターゲットを含む Droplet、およびどちらのターゲットも含まない Droplet についての個々のクラスタ表現を示しています。



2D amplitude プロットのデフォルトの色の割り当ては以下のとおりです。


FAM ポジティブ	=	青
HEX/VIC ポジティブ	=	緑
FAM および HEX/VIC ポジティブ	=	オレンジ(モニターによっては茶色に見えることもあります)
ネガティブ	=	グレー

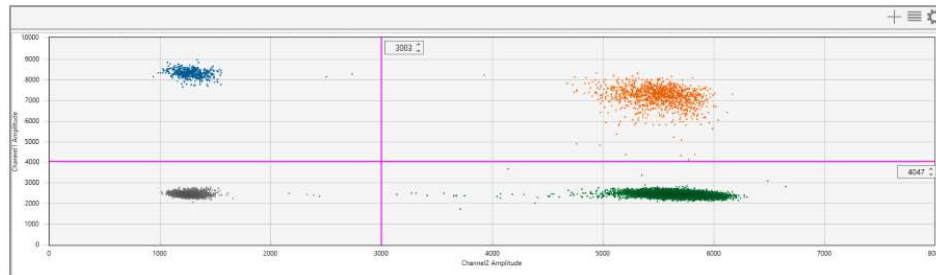
注: ドロップレットをポジティブとみなす閾値をソフトウェアが自動計算するには、ウェルデータが一定の品質基準(ドロップレット 1 万個以上)を満たしている必要があります。ポジティブドロップレットとネガティブドロップレットを正しく定量するために、手動閾値設定ツールを利用することもできます。


2D amplitude のツールを使用するには、

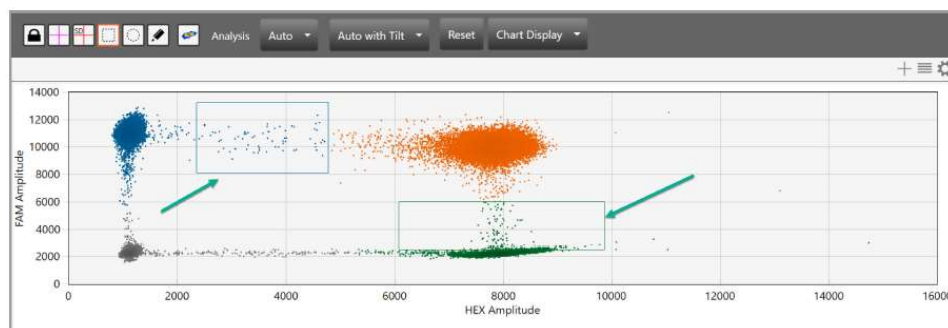
1. Analysis モジュールでデータファイルを開いて、2D Amplitude タブを選択します。
2. 閾値線またはクラスターのオプションを選択します。

注: データが直交しておらず、閾値線によってドロップレットの集団を適切に分けられない場合は、クラスターオプションを使用します。

- 閾値線を調整するには、閾値線の種類 () を選択してからプロット内をタップまたはクリックし、十字線を加えます。以下の方法のいずれかを使用します。
 - プロットエリアで線を水平または垂直にドラッグする。
 - 各閾値線の端にあるボックスに新しい閾値を入力する。
 - 上向きと下向きの矢印をタップし、数値を増減する。



- クラスターオプションを用いて閾値を調整するには、クラスターの種類 () を選択し、選んだ形状でドロプレットのクラスターを囲んで分類します。



3. (オプションとして) 自動閾値にリセットするには、Auto をタップまたはクリックします。
4. (オプションとして) 傾き補正を考慮に入れて自動設定閾値を調整するには、Auto with Tilt をタップまたはクリックします。
5. (オプションとして) すべてを元の表示に戻すには、Reset をタップまたはクリックします。

確率分布グラフ (Statistical Probability Chart) 解析のオプション

QX Manager はオリジナルの計算によるデータをグラフに表示しますが、別のオプションを選択して結果を再計算することもできます。

統計的確率分布を表すグラフでは、以下の作業が可能です。

- 個別または統合したウェルのデータを表示する。
- 誤差モデルと信頼区間を変更する。

注: イベント数については、ビューモードを変えてポジティブ、ネガティブまたはすべてのドロプレットの数を表示することもできます。




利用できるオプションを表 32 にまとめます。

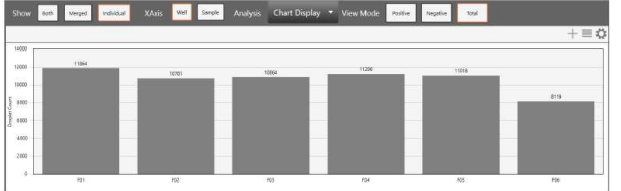
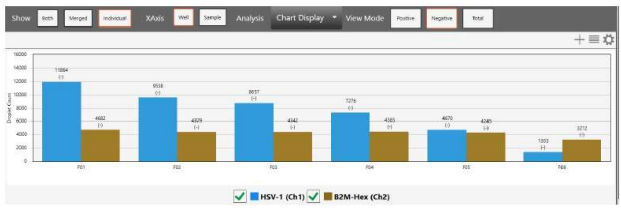
表 32 確率分布グラフのグラフツールオプション

アイコン	モード	内容
	個別/統合両方表示	選択されたすべてのウェルを統合して計算した総数またはパーセンテージと、選択された各ウェルを個別に計算して得られた総数またはパーセンテージを表示します。
	統合解析表示	選択された同一パラメータのすべてのウェルを統合して計算した総数またはパーセンテージを表示します。 注：ソフトウェアがウェルをマージする前に、ウェルのセットアップが各ウェルに一致する必要があります。
	個別解析表示	選択された各ウェルを個別に計算して得られた総数またはパーセンテージを表示します。
	x 軸のウェル	x 軸にウェル番号を表示します。
	x 軸のサンプル	x 軸にサンプル名の一部とチャンネル番号を表示します。
	誤差モデルと信頼区間	<p>注：Well と Sample は同時に選択できます。</p> <p>誤差モデルと信頼水準を選択します。デフォルトの設定は結果の信頼性を最大にするため、誤差モデルはポアソン、信頼区間は 95% です。</p>  <p>重要：ソフトウェアは計算に下記の乗数を使用します。</p> <ul style="list-style-type: none"> ■ 95%信頼区間にはシグマ乗数 1.96 ■ 68%信頼区間にはシグマ乗数 1.0

Event Count ウィンドウで利用できる追加オプションを表 33 にまとめます。これらのオプションはイベント数のデータにしか利用できません。

表 33 イベント数の追加オプション

アイコン	モード	内容
	ビューモード ポジティブ	各ウェルのターゲット別のポジティブドロップレット数を棒グラフで表示します。
	ビューモード ネガティブ	各ウェルのターゲット別のネガティブドロップレット数を棒グラフで表示します。
	ビューモード トータル	各ウェルの全ドロップレットの数を棒グラフで表示します。



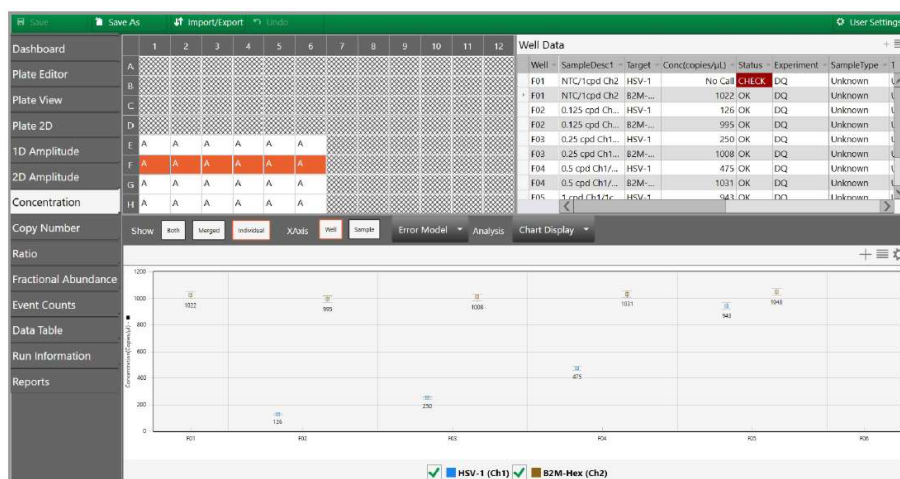
濃度 Concentration

濃度解析では、デフォルト設定に基づきサンプル 1 μl あたりのターゲット分子のコピー数を測定します。ツールバーを使用すれば、各ウェルの計算結果を統合したり分けたりできるほか、別の誤差モデルと信頼区間に基づいて結果を再計算することもできます。

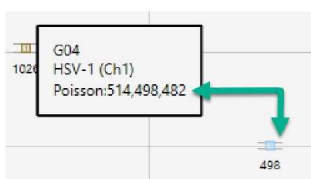
ツールバーオプションの詳細は 132 ページの「確率分布グラフ解析のオプション」を参照ください。



以下の図には一連のウェルの濃度データを表示しています。



QX Manager は各ターゲットの平均濃度をデータポイントとしてプロットします。データポイントにポインターを合わせると、信頼区間の最大値、中央値および最小値が表示されます。



本ソフトウェアは下記の式と変数を使用します。

濃度の計算

$$C = -\ln\left(\frac{N_{neg}}{N}\right) / V_{droplet}$$

式中の

-ln	負の自然対数
$V_{droplet}$	ドロップレットの体積
N_{neg}	ネガティブドロップレットの数
N	ドロップレットの総数

信頼区間の計算

注：68%信頼区間を選択すると、乗数は 1.96 から 1.0 に変更されます。

$$p = \frac{N_{neg}}{N}$$

$$\hat{\sigma}_{N_{neg}} = \sqrt{Np(1-p)}$$

$$N_{neg,min} = N_{neg} - 1.96 * \hat{\sigma}_{N_{neg}}$$

$$N_{neg,max} = N_{neg} + 1.96 * \hat{\sigma}_{N_{neg}}$$

式中の

$V_{droplet}$	ドロップレットの体積
N_{neg}	ネガティブドロップレットの数
N	ドロップレットの総数
P	p 値 (サンプル中にターゲットが検出される確率)
Δ	デルタ

サイズ推定の計算式

注：エラーモデルを定義するときに信頼区間を小さく指定すると、ソフトウェアは 95%ではなく 68%を計算に使用します。

$$b1 = -\ln\left(\frac{N_{neg.min}}{N}\right) / V_{droplet}$$

$$b2 = -\ln\left(\frac{N_{neg.max}}{N}\right) / V_{droplet}$$

$$(c_{low_95\%}, c_{high_95\%}) = (\min(b1, b2), \max(b1, b2))$$

count	low	high
0	0	2.996
1	0.042	4.776
2	0.303	6.406
3	0.712	7.951
4	1.207	9.431
5	1.758	10.865
6	2.35	12.264
7	2.974	13.632
8	3.622	14.979
9	4.292	16.304
10	4.979	17.614
11	5.68	18.911
12	6.395	20.193
13	7.121	21.465
14	7.858	22.726
15	8.603	23.98
16	9.356	25.226
17	10.117	26.464
18	10.885	27.694
19	11.659	28.919
20	12.439	30.139
21	13.224	31.353
22	14.015	32.561
23	14.809	33.767
24	15.608	34.967
25	16.412	36.162
26	17.219	37.355
27	18.03	38.543
28	18.844	39.729
29	19.661	40.912
30	20.482	42.09
31	21.306	43.266
32	22.132	44.439

33	22.961	45.61
34	23.792	46.779
35	24.626	47.945
36	25.462	49.109
37	26.301	50.269
38	27.142	51.428
39	27.984	52.586
40	28.829	53.741
41	29.676	54.893
42	30.524	56.045
43	31.375	57.194
44	32.227	58.342
45	33.08	59.489
46	33.935	60.634
47	34.792	61.776
48	35.651	62.917
49	36.51	64.058
50	37.372	65.196
51	38.234	66.334
52	39.098	67.47
53	39.963	68.605
54	40.829	69.739
55	41.697	70.87
56	42.566	72.001
57	43.436	73.131
58	44.307	74.26
59	45.18	75.387
60	46.053	76.514
61	46.927	77.64
62	47.803	78.764
63	48.679	79.888
64	49.556	81.011
65	50.434	82.133
66	51.314	83.252

67	52.194	84.372
68	53.075	85.491
69	53.957	86.609
70	54.84	87.726
71	55.723	88.843
72	56.608	89.958
73	57.493	91.073
74	58.379	92.187
75	59.266	93.3
76	60.153	94.413
77	61.041	95.525
78	61.93	96.636
79	62.819	97.747
80	63.71	98.856
81	64.601	99.964
82	65.493	101.072
83	66.385	102.18
84	67.278	103.287
85	68.172	104.393
86	69.066	105.499
87	69.961	106.604
88	70.856	107.709
89	71.752	108.813
90	72.649	109.916
91	73.546	111.019
92	74.444	112.121
93	75.342	113.223
94	76.241	114.324
95	77.14	115.425
96	78.04	116.525
97	78.941	117.624
98	79.842	118.723
99	80.743	119.822

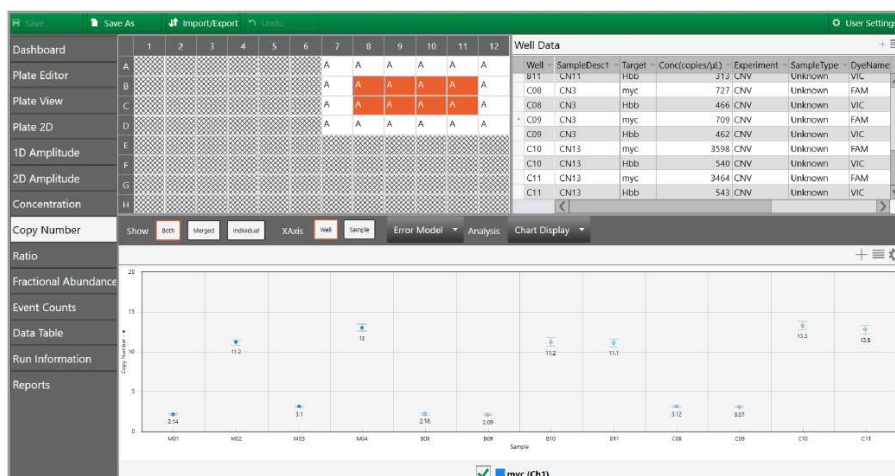
コピー数 Copy Number

重要：コピー数多型データを見るには、コピー数多型（CNV）ddPCR 実験を実行している必要があります。

コピー数解析ではゲノムあたりのターゲット遺伝子の数を計算するため、リファレンス遺伝子に対するターゲット遺伝子の推定数を求めます。ツールバーを使用すれば、各ウェルの計算結果を統合したり分けたりできるほか、別の誤差モデルと信頼区間に基づいて結果を再計算することができます。ツールバーオプションの詳細は 132 ページの「確率分布グラフ解析のオプション」を参照してください。



以下の図には一連のウェルのコピー数データを表示しています。



QX Manager は各コピー数多型をデータポイントとしてプロットします。データポイントにポインターを合わせると、上限値、中央値および下限値が表示されます。



本ソフトウェアは下記の式と変数を使用します。

$$CNV = \frac{A}{B} N_B$$

式中の

A	ターゲット濃度
B	リファレンス濃度
N _B	ゲノムに含まれるリファレンスコピー数 (通常は 2)

信頼区間の計算

注：エラーモデルを定義するときに信頼区間を小さく指定すると、ソフトウェアは 95%ではなく 68%を計算に使用します。

$$CI_{CNV} = N_B \cdot \frac{A}{B} \sqrt{\frac{CI_A^2}{A^2} + \frac{CI_B^2}{B^2}}$$

$$(CNV_{low_95\%}, CNV_{hi_95\%}) = (CNV - (1/2)CI_{CNV}, CNV + (1/2)CI_{CNV})$$

式中の

A	ターゲット濃度
B	リファレンス濃度
N _B	ゲノムに含まれるリファレンスコピー数 (通常は 2)
CI _A	ターゲットのポアソン信頼区間 (95% max - 95% min)
CI _B	リファレンスのポアソン信頼区間 (95% max - 95% min)

注：

コピー数解析は、ターゲット DNA 配列のコピー数を不変のリファレンス DNA 配列との比較によって求めます。ゲノムに含まれる倍数性の変化 (染色体の付加または欠失)、欠失 (染色体の部分的欠如) あるいは重複 (ターゲット配列の繰り返し) などの構造多型を求めるのに CNV 解析を使用します。

統計学的信頼性をもって連続するコピー数 (CN) 状態を識別できる能力は、コピー数評価において技術的な課題となっています。基本的に CN 状態が増えるほど、状態間でのターゲットゲノム濃度の%差は減少します。例えば、所定のターゲット遺伝子座で CN 3 は CN 2 よりもゲノムあたりの濃度が 50%高いですが、CN 5 は CN 4 よりも 25%しか高くありません。

1 ウェルあたり最大 2 万個ものドロップレットという反応の膨大な分割に加え、ddPCR 濃度測定法の絶対的な性質と精度により、ddPCR の CNV 解析は CN 3 を超える連続コピー数状態の区別に必要な定量的識別が可能です。例えば、CN 5 と CN 6 のサンプル間のターゲット濃度の 20% 差は、ddPCR を使用すれば再現性よく検出することができます。この識別能は連続 CN 状態間の濃度差のほか、ウェルあたりの DNA 量に依存します。

比率 Ratio

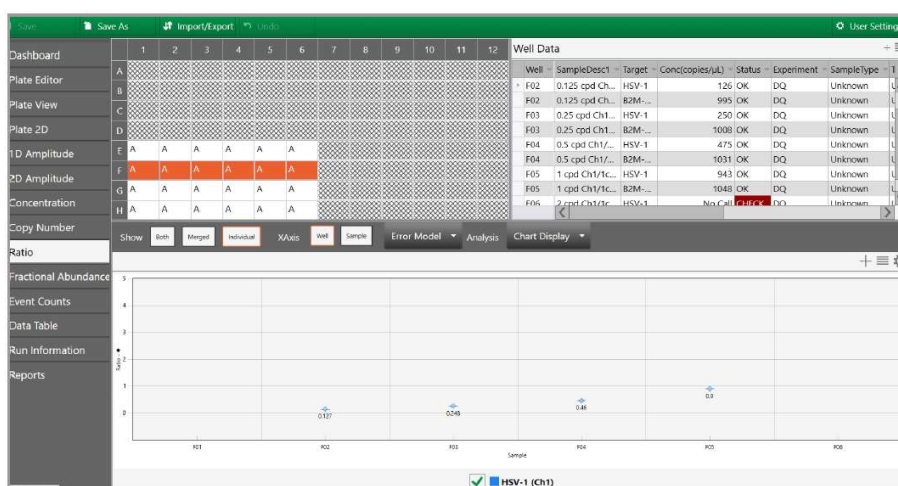
比率解析では、デフォルトの設定に基づきサンプル 1 μl に含まれる 2 つのターゲット分子の割合を求めます。

T1 : T2

ツールバーを使用すれば、各ウェルの計算結果を統合したり分けたりできるほか、別の誤差モデルと信頼区間に基づいて結果を再計算することができます。ツールバーオプションの詳細は [132 ページ](#)の「確率分布グラフ解析のオプション」を参照ください。



以下の図には一連のウェルの比率データを表示しています。



QX Manager ソフトウェアは各比率をデータポイントとしてプロットします。信頼区間の値を見るには、データポイントにポインターを合わせます。



本ソフトウェアは下記の式と変数を使用します。

$$r = \frac{A}{B}$$

式中の

A	ターゲット濃度
B	リファレンス濃度

注：リファレンスが選択されていない場合は、最大番号のチャンネルが自動的にリファレンスとみなされます。複数のリファレンスが選択されている場合は、幾何平均値が使用されます。

信頼区間の計算

注：エラーモデルを定義するときに信頼区間を小さく指定すると、ソフトウェアは 95%ではなく 68%を計算に使用します。

$$CI_r = \frac{A}{B} \sqrt{\frac{CI_A^2}{A^2} + \frac{CI_B^2}{B^2}}$$

$$(r_{low_95\%}, r_{hi_95\%}) = (r - (1/2)CI_r, r + (1/2)CI_r)$$

式中の

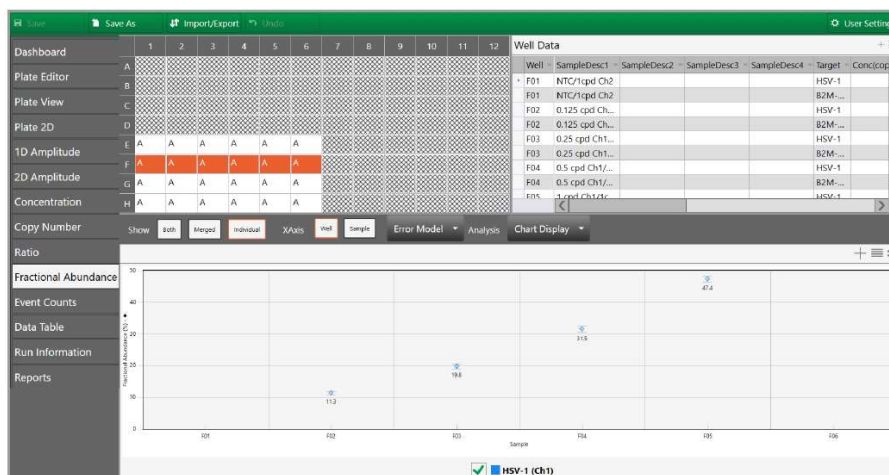
A	ターゲット 1 の目標濃度
B	ターゲット 2 の目標濃度
CI _A	ターゲット 1 のポアソン信頼区間 (95% max - 95% min)
CI _B	ターゲット 2 のポアソン信頼区間 (95% max - 95% min)

存在量比 (%) Fractional Abundance

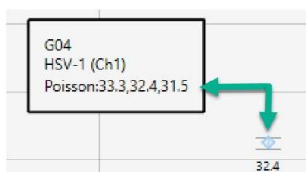
存在量比 (%) の解析では、デフォルト設定に基づきサンプル 1 µl あたりのターゲットの相対的存在量を求めます。ツールバーを使用すれば、各ウェルの計算結果を統合したり分けたりできるほか、別の誤差モデルと信頼区間に基づいて結果を再計算することができます。ツールバーオプションの詳細は 132 ページの「確率分布グラフ解析のオプション」を参照してください。



以下の図には一連のウェルの存在量比データを表示しています。



QX Manager は存在量比をデータポイントとしてプロットします。信頼区間の最大値と最小値を見るには、データポイントにポインターを合わせます。



本ソフトウェアは下記の式と変数を使用します。

$$f = \frac{A}{A + B}$$

式中の

A	ターゲット濃度
B	リファレンス濃度

注：リファレンスが選択されていない場合は、最大番号のチャンネルが自動的にリファレンスとみなされます。複数のリファレンスが選択されている場合は、幾何平均値が使用されます。

信頼区間の計算

注：エラーモデルを定義するときに信頼区間を小さく指定すると、ソフトウェアは 95%ではなく 68%を計算に使用します。

$$CI_f = \frac{1}{(A+B)^2} \sqrt{B^2 CI_A^2 + A^2 CI_B^2}$$

$$(f_{low_95\%}, f_{hi_95\%}) = (f - (1/2)CI_f, f + (1/2)CI_f)$$

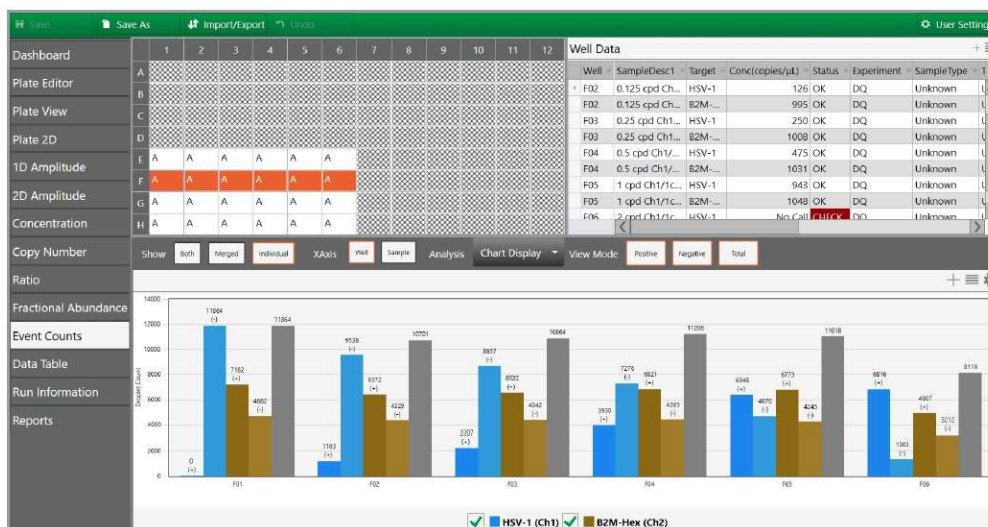
式中の

A	ターゲット 1 の目標濃度
B	ターゲット 2 の目標濃度
CI _A	ターゲット 1 のポアソン信頼区間 (95% max - 95% min)
CI _B	ターゲット 2 のポアソン信頼区間 (95% max - 95% min)

イベント数 Event Counts

Event Counts タブを選択すると、選択したウェル別に各ターゲットのポジティブドロップレットとネガティブドロップレットの数が棒グラフで表示されます。

注: ダッシュボード表示では、イベント カウントはドロップレット ウィンドウに表示されます。



ツールバーを使用すれば、各ウェルのデータを統合したり分けたりすることによって表示を変更することができます。データの表示にウェル名やサンプル名を選択することができ、ポジティブドロップレット、ネガティブドロップレットまたは全ドロップレットの数を自由に組み合わせることもできます。



連鎖解析 Linkage Analysis

ddPCR では、2つのターゲット遺伝子での物理的連結は以下のパターンのいずれかで起こり得ます。

- 標的配列が同じ場合はタンデムリピート
- 同一染色体上の DNA 上で物理的に近い2つのターゲット配列の近接性

本ソフトウェアは下記の式と変数を使用します。

$$linkage = \ln(N) - \ln\left(n_{00} + n_{01} + n_{10} + \frac{n_{01}n_{10}}{n_{00}}\right)$$

式中の

ln	自然対数
-ln	負の自然対数
N	Droplet の総数
n_{00}	両チャンネルの負の Droplet 数
n_{01}	チャンネル 1 の負の Droplet 数、チャンネル 2 の正の Droplet 数
n_{10}	チャンネル 1 の正の Droplet 数、チャンネル 2 の負の Droplet 数

$$\sigma_{linkage} = \sqrt{\frac{(n_{00} + n_{01})^2 \sigma_{10}^2 + (n_{00} + n_{10})^2 \sigma_{01}^2 + \left(n_{00} - \frac{n_{10}n_{01}}{n_{00}}\right)^2 \sigma_{00}^2}{(n_{00}^2 + n_{00}n_{10} + n_{00}n_{01} + n_{01}n_{10})^2}}$$

式中の

N	Droplet の総数
n_{00}	両チャンネルの負の Droplet 数
n_{01}	チャンネル 1 の負の Droplet 数、チャンネル 2 の正の Droplet 数
n_{10}	チャンネル 1 の正の Droplet 数、チャンネル 2 の負の Droplet 数

p	P 値 (確率)
0	Delta

信頼区間の計算

$$CI_{linkage} = (linkage - (1.96)\sigma_{linkage}, linkage + (1.96)\sigma_{linkage})$$

式中の

σ 標準偏差

第 10 章 データ解析方法

第 11 章 解析モジュールのレポート機能

Reporting 機能を使用して、QX Manager Analysis モジュールで様々なレポートを作成することができます。

解析ファイルからその場でレポートを作成することもできますが、所定のレポートを定期的に作成する必要がある場合は、繰り返し利用できるようにレポートテンプレートを設定しておくことも可能です。

本章では、利用可能なレポートの要素、解析レポートの作成方法およびレポートテンプレートの作成方法について説明します。

レポートの要素

QX Manager では、Run とデータに関する以下の要素のいずれかまたは全部に関するレポートを作成することができます。

Run Setup

- Plate Setup (プレートのセットアップ)
 - Well (ウェル)
 - Perform droplet reading (ドロップレット読み取りの実施)
 - Experiment type (実験の種類)
 - Sample description 1, 2,3, and 4 (サンプルの記述 1、2、3 および 4)
 - Sample type (サンプルの種類)
 - Supermix name (スーパーミックスの名称)
 - Plex mode (Plex モード)
 - Target name (ターゲット名)
 - Target type (ターゲットの種類)
 - Signal channel 1, 2, 3, and 4 (蛍光チャンネル 1、2、3 および 4)
 - Reference copies (リファレンスコピー数)
 - Well notes (ウェルノート)
 - Plot? (プロット?)
 - Rdp conversion factor (Rdq 換算係数)

- Plate name (プレート名)
- Supermix information (スーパーミックスの情報)
- Number of wells read (読み取りウェル数)
- Selected wells for report (報告の対象であるウェル)
- Username of the person who did the run (Run の実行者のユーザー名)
- Run start time (Run 開始時間)
- Run complete time (Run 終了時間)
- Initial wait elapsed time (最初の待ち時間)
- DR elapsed time (DR 経過時間)
- Errors (エラー)
- Instrument serial number (装置のシリアル番号)
- Firmware version (ファームウェアのバージョン)
- Software version (ソフトウェアのバージョン)
- Software (ソフトウェア)
- Run notes (Run ノート)
- Lot information (ロットの情報)

1D Amplitude

- Threshold value (閾値)
- Tilt correction (傾き補正)
- Amplitude 1D chart (amplitude 1D グラフ)
- Amplitude 1D chart for each well (各ウェルの amplitude 1D グラフ)
- Amplitude 1D histogram chart (amplitude 1D ヒストグラム)
- Amplitude 1D histogram chart for each well (各ウェルの amplitude 1D ヒストグラム)

2D Amplitude

- Threshold value (閾値)
- Tilt correction (傾き補正)
- Amplitude 2D chart (amplitude 2D グラフ)

- Amplitude 2D chart for each well (各ウエルの amplitude 2D グラフ)

Concentration

- Error model (誤差モデル)
- Confidence model (信頼区間)
- Chart (グラフ)

Copy Number

- Error model (誤差モデル)
- Confidence model (信頼区間)
- Chart (グラフ)

Ratio

- Error model (誤差モデル)
- Confidence model (信頼区間)
- Inverse (逆数)
- Chart (グラフ)

Fractional Abundance

- Error model (誤差モデル)
- Confidence model (信頼区間)
- Inverse (逆数)
- Chart (グラフ)

Event Counts

Analysis Results

Audit Logs

監査ログには、プレート Run のオリジナルデータがすべて含まれており、データファイルに加えられた変更も記録されます。ログには、変更数、日付、変更を行ったユーザーのユーザー名、ソフトウェアのバージョン、フルユーザー名、コンピュータ名、変更の理由が記録されます。また、テーブルフォーマットで記録されるものには、変更タイプと説明、すべてのウエル設定の新旧値が含まれます。

第 11 章 解析モジュールのレポート機能

説明欄には、変更の影響を受けたウェルのウェル番号が含まれており、その他の説明情報も含まれている場合があります。

解析レポートの作成

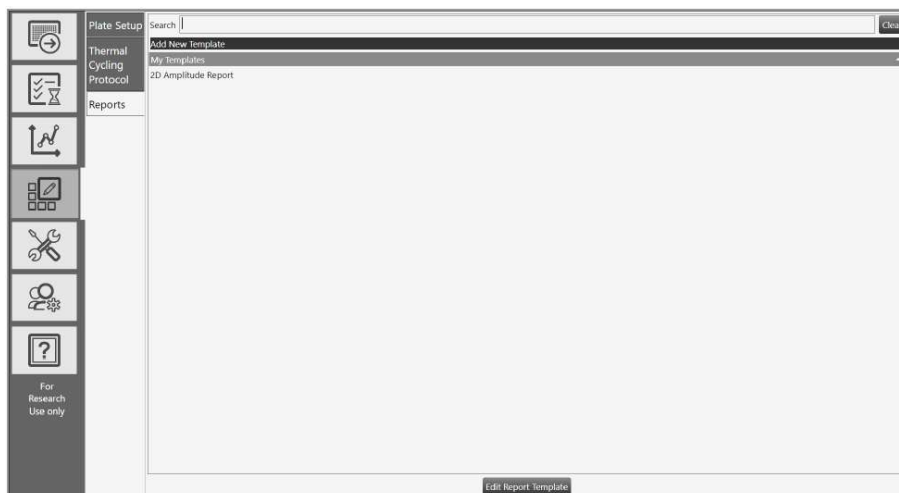
テンプレートを使用してレポートを作成することもできますし、その場でカスタムレポートを作成することもできます。

1. レポートタブを選択します。
2. 下記のいずれかを実行します。
 - テンプレートからレポートを作成するには、テンプレート ドロップダウン矢印をクリックし、リストからテンプレートを選択します。
 - テンプレート内のレポート要素を変更するには、ステップ 3 に進みます。
 - テンプレートを変更せずにレポートを実行するには、ステップ 5 に進みます。
 - カスタムレポートを作成するには、ステップ 3 に進みます。
3. 左側の矢印をクリックすると、拡張されたリストが表示されます。
4. 含めるレポート要素のチェックボックスを選択します。
5. レポートのタイトルを入力します。
6. (オプション) Select the Password Encrypt Report チェックボックスを選択し、パスワードを入力します。
7. Generate Report をクリックします。

PDF レポートが作成されます。
8. Save をクリックしレポートを保存します。

レポートテンプレートの作成

Create New Templates (新規テンプレートの作成) のユーザー権限を割り当てられている場合には、新しいレポートテンプレートを作成し、保存することができます。デフォルトのレポート構成を編集するか、既存のレポートを開いて編集した後、変更後の構成を新しいテンプレートとして保存します。



注：レポートの作成については、[149 ページ](#)の「[レポートの要素](#)」を参照してください。

レポートテンプレートを作成するには、

1. Template Setup タブを選択し、Reports をタップまたはクリックします。



2. 以下のいずれかを実行します。
 - 新規のテンプレートを作成するには、Add New Template をタップまたはクリックします。
 - 既存のテンプレートを開くには、テンプレートを選択してから Edit Report Template をタップまたはクリックします。

デフォルトまたは選択したレイアウトが表示されます。

3. 各項目の左にある矢印をタップまたはクリックすると、報告可能な項目のリストが展開します。
4. チェックボックスを選択または解除し、レポートの構成を決定します。

Tips : 画面の下にあるボタンを使用すると、すべてのカテゴリーの展開または折りたたみや、すべてのチェックボックスの選択または解除が一度で実行できます。



5. Report Title のフィールドでレポートテンプレートの名称を入力します。30 字を超えないようにします。
6. Save をタップまたはクリックします。
7. Save ダイアログボックスでテンプレートファイルの名称を入力します。
8. 保存場所を選択します。

下記から選びます。

- System Templates または My Templates

重要 : このうち 1 つしか有効になりません。システム管理者が System Settings で優先保存場所を指定している場合は、System Templates フォルダか Shared フォルダにテンプレートを保存することができ、優先保存場所が設定されていない場合は、My Templates フォルダか Shared フォルダに保存することができます。

- Shared Templates

このフォルダに保存することを選択すると、作成したテンプレートをすべてのユーザーが利用できるようになります。

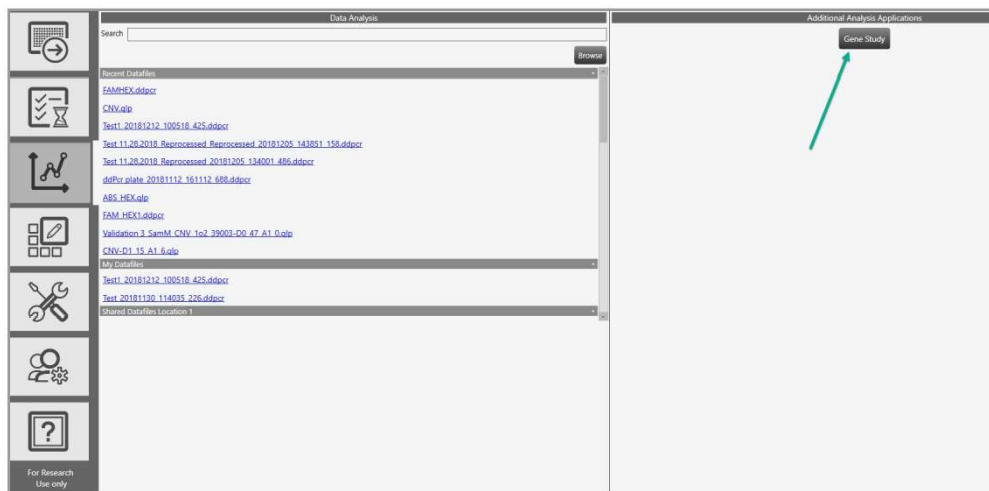
9. もう一度 Save をタップまたはクリックし、レポートのフォーマットをテンプレートとして保存します。

第 11 章 解析モジュールのレポート機能

第 12 章 Gene Study モジュール

Data Analysis ウィンドウから Gene Study モジュールにアクセスすることができます。

注： Gene Study モジュールはタッチスクリーンコンピューターからは利用できません。

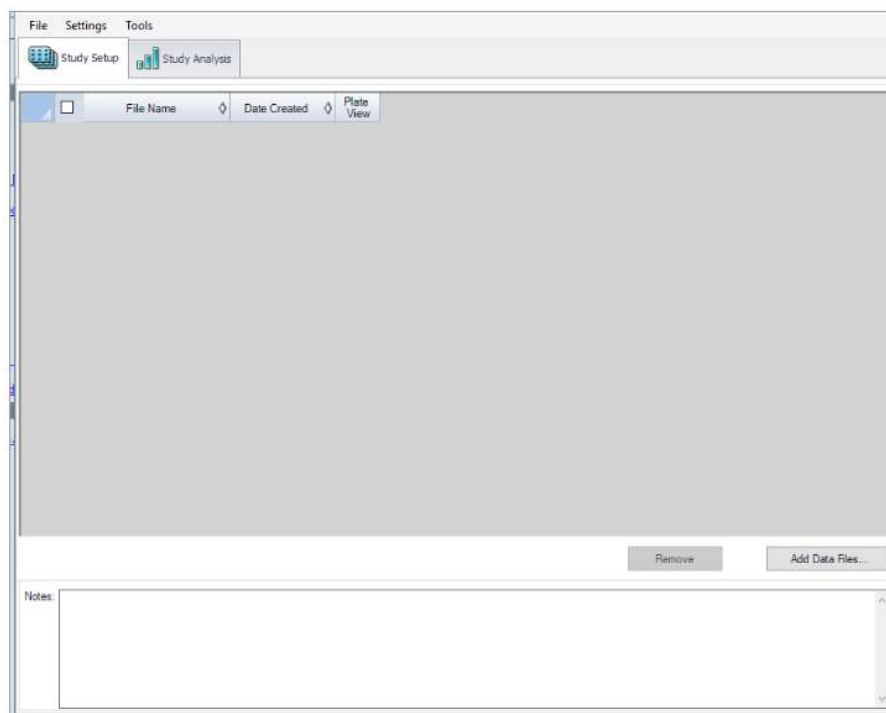


Gene Study をセットアップするには、データファイルを追加してから、ddPCR 実験の遺伝子発現データを比較します。

注： Gene Study で解析できるサンプルの最大数は、コンピュータの RAM および仮想メモリの容量によって制限されます。

Gene Study モジュールを開くには、

- ▶ Gene Study をクリックします。



Gene Study ダイアログボックスには下記の 2 つのタブが含まれます。

- **Study Setup-** Gene Study の Run ファイルを管理する。

重要 : Gene Study でデータファイルを追加または削除しても、元のファイルのデータは変更されません。

- **Study Analysis-** 組み合わせた Run 結果の遺伝子発現データを表示する。

これらのタブからは Gene Study のセットアップのためのファイルの追加、グラフやプロットでのデータの解析、Gene Study データのレポートの作成が可能です。

Gene Study のオプション

Gene Study モジュールでは下記のメニューが用意されており、オプションが利用できます。

- **File-** Gene Study を開き、保存し、閉じる。ファイルを追加する。
- **Settings-** デフォルトのレイアウトに戻る。
- **Tools-** レポートを作成する。

Gene Study ファイルを開くには、

1. File → Open の順にクリックします。
2. Open ダイアログボックスでデータファイルを見つけて選択し、Open をタップまたはクリックします。Gene Study モジュールでファイルが開きます。

Gene Study ファイルを保存するには、

1. File をクリックし、Save または Save As を選択します。
2. 指示に従い、ファイル名を入力し、Save をタップまたはクリックします。
3. 既存のファイルに上書きするよう指示された場合は、Yes か No をタップまたはクリックします。

Gene Study ファイルを閉じるには、

- ▶ File → Close の順にクリックします。

注：ファイルが保存されていない場合は忠告のメッセージが表示されます。

データファイルを追加するには、

1. File → Add Data Files の順にクリックします。
2. Open ダイアログボックスで Gene Study に追加するデータファイルを見つけます。
3. 1つまたは複数のファイルを選択し、Open をタップまたはクリックします。

Study Setup ウィンドウにファイルが追加されます。

デフォルトの設定に戻すには、

- ▶ Settings → Restore default settings の順にクリックします。

注：変更されたデータファイルが少なくとも1つ開いている必要があります。

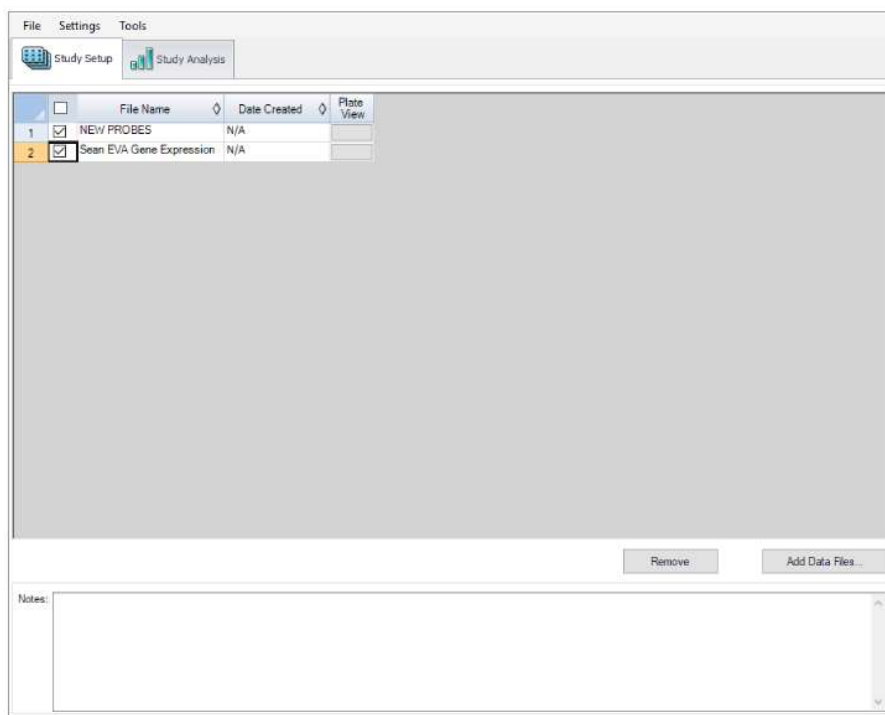
レポートを作成するには、

- ▶ [167 ページの「Gene Study のレポート」](#) を参照してください。

Gene Study のセットアップ

Study Setup ウィンドウを使用して、以下の作業を行います。

- 解析に含めるデータファイルを追加する。
- 解析からデータファイルを除外する。
- 閲覧および解析のためのデータファイルを選択する。
- データファイルのプレートビューを表示する。



Study Setup の各列とその内容を表 34 にまとめます。

表 34 Gene Study セットアップフィールド

列のタイトル	内容
File Name	データファイルの名称
Date Created	ファイルを Gene Study モジュールにインポートした日付
Plate View	Gene Study に含まれる各ウェルの色素別のデータを示したプレートマップを開く。

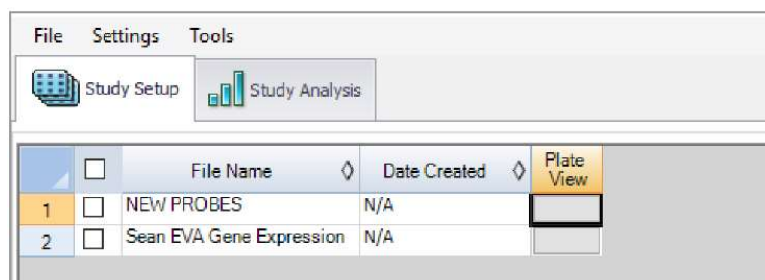
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	FAM 8.014	FAM 7.883	FAM 6.696	FAM 9.344	FAM 7.082	FAM 9.086	FAM 0.000					
	1	1	1	1	1	1	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
B	FAM 4.705	FAM 3.816	FAM 3.995	FAM 4.353	FAM 4.447	FAM 4.647	FAM 0.000					
	2	2	2	2	2	2	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
C	FAM 2.369	FAM 2.169	FAM 2.223	FAM 1.885	FAM 2.357	FAM 1.747	FAM 0.000					
	3	3	3	3	3	3	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
D	FAM 1.000	FAM 1.226	FAM 1.011	FAM 1.298	FAM 1.175	FAM 0.929	FAM 0.000					
	4	4	4	4	4	4	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
E	FAM-1 32.904	FAM-1 31.401	FAM-1 29.440	FAM-1 32.486	FAM-1 31.268	FAM-1 33.993	FAM-1 0.000					
	1	1	1	1	1	1	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
F	FAM-1 33.789	FAM-1 33.305	FAM-1 33.518	FAM-1 32.269	FAM-1 30.299	FAM-1 32.104	FAM-1 0.000					
	2	2	2	2	2	2	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1					

データファイルの追加

データファイルを追加するには、

1. Study Setup タブで Add Data Files をタップまたはクリックします。
2. Open ダイアログボックスで Gene Study に追加するデータファイルを見つけます。
3. 1 つまたは複数のファイルを選択し、Open をタップまたはクリックします。

Study Setup ウィンドウにファイルが追加されます。



データファイルの除外

データファイルを除外するには、

- ▶ ファイルの横にあるチェックボックスを選択してから、Remove をタップまたはクリックします。

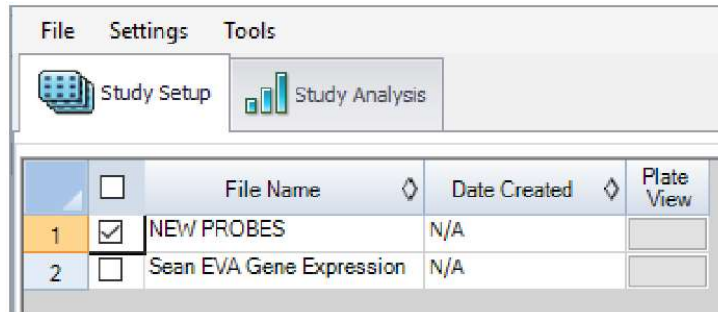
Study Setup ウィンドウからファイルが除外されます。

注：ファイルを選択するまで、Remove ボタンは有効になりません。

解析のためのデータファイルの選択

解析のためのデータファイルを選択するには、

1. 解析に含めるファイルの横にあるチェックボックスを選択します。

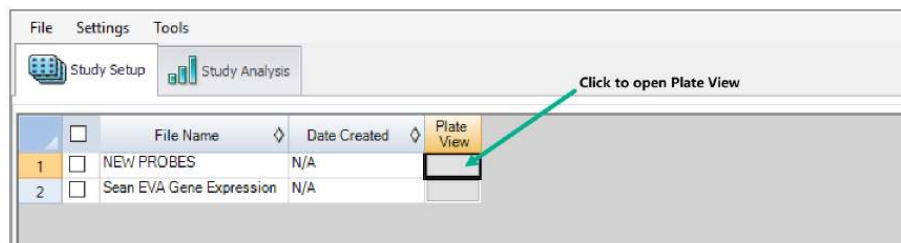


2. 解析結果を見るには Study Analysis タブを選択します。詳細は [165 ページの「Study Analysis 機能」](#) を参照ください。

プレートビューの閲覧

プレートビューを見るには、

1. Plate View の列でプレートビューを表示するファイルのボタンをタップまたはクリックします。



プレートビューが表示されます。

第 12 章 Gene Study モジュール

Gene Study Plate View

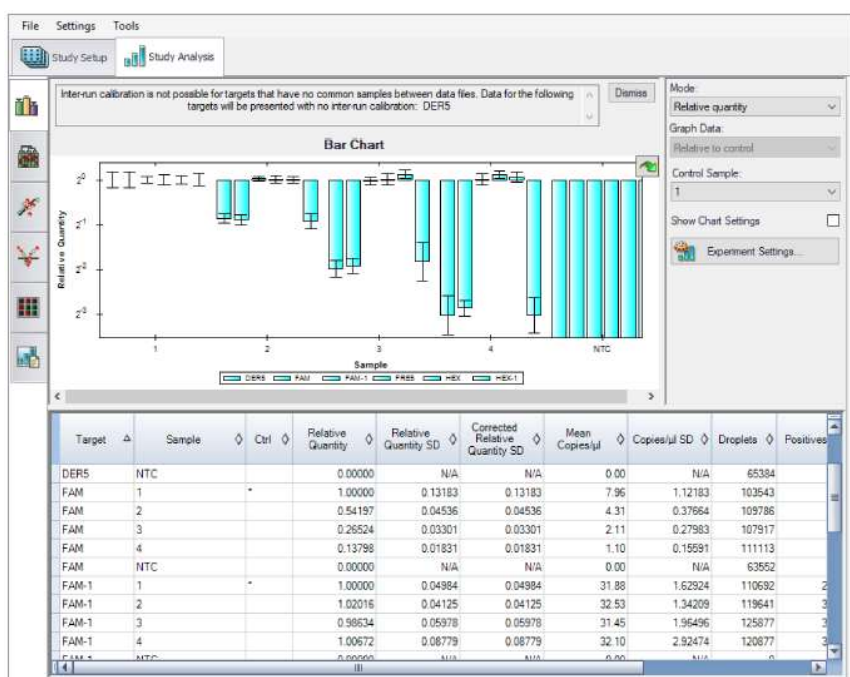
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM					
	8.014	7.889	6.696	9.344	7.082	9.086	0.000					
	1	1	1	1	1	1	NTC					
B	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM					
	4.705	3.816	3.995	4.353	4.447	4.647	0.000					
C	2	2	2	2	2	2	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM					
D	2.369	2.169	2.223	1.885	2.357	1.747	0.000					
	3	3	3	3	3	3	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
E	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM	FAM					
	1.000	1.226	1.011	1.298	1.175	0.929	0.000					
	4	4	4	4	4	4	NTC					
F	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1					
	32.904	31.401	29.440	32.486	31.268	33.993	0.000					
G	1	1	1	1	1	1	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1					
H	33.789	33.305	33.518	32.269	30.299	32.104	0.000					
	2	2	2	2	2	2	NTC					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					
I	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1	FAM-1					
	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk					

Navigation: |< < > >| FAM / HEX

Close

2. プレートビューを閉じるには Close をクリックします。

Study Analysis 機能の使用



Study Analysis タブでは、Gene Study のすべての Run データが図表で表示されます。これらを表 35 で解説します。

表 35 解析ツールバー







ボタン	内容
棒グラフ 	棒の長さは正規化発現量または相対量を表します。
クラスターグラム 	異なるターゲットおよびサンプルの発現量の類似度に基づく階層図でデータを表します。

表 35 解析ツールバー（続き）

ボタン	内容
散布図 	対照サンプルと実験サンプルにおけるターゲットの正規化発現量の点プロット
ボルケーノプロット 	対照サンプルと比較した実験サンプルのターゲット発現量（発現調節）の変化の点プロット
ヒートマップ 	相対的な正規化発現量に基づき対照サンプルと比較した実験サンプルのターゲット発現調節を示すプレートレイアウトグリッド 注： 複数のプレートの同じ場所に同じターゲットが存在するが、サンプルが異なる場合は、ドロップダウンメニューを使用して、解析に用いるプレートを選択します。
結果表 	結果を表形式で示す

Gene Study レポート

Gene Study のデータをレポートにまとめるには Gene Study Report ダイアログボックスを使用します。Gene Study レポートに利用できるすべてのオプションを表 36 にまとめます。

表 36 Gene Study レポートのカテゴリ

カテゴリ	オプション	内容
Header		
	Report Information	日付、ユーザー名、データファイル名、データファイルパスおよび選択されたウェルグループ
	Gene Study File List	Gene Study のすべてのデータファイルのリスト
	Notes	データレポートに関するメモや注釈
Study Analysis Bar Chart		
	Analysis Settings	選択されたパラメータのリスト
	Chart	遺伝子発現棒グラフによるデータの表示
	Target Names	Gene Study のターゲットの一覧
	Sample Names	Gene Study のサンプルの一覧
	Data	スプレッドシートによるデータの表示
	Target Stability	ターゲットの安定性のデータ
	Inter-run Calibration	Run 間キャリブレーションのデータ
Study Analysis Clustergram, Scatter Plot, Volcano Plot, and Heat Map		
	Analysis Settings	各種グラフの設定
	Chart	遺伝子発現グラフによるデータの表示
	Data	スプレッドシートによるターゲット別のデータの表示

Gene Study レポートの作成

レポートを作成する前に Gene Study のデータとグラフに必要な調整を行います。

Gene Study レポートを作成するには、

1. Gene Study メニューで Tools → Reports の順に選択し、Report ダイアログボックスを開きます。
2. レポートに含めたいオプションを選択します。

レポートを開くと、デフォルトのオプションが選択されます。カテゴリ全体またはカテゴリ内の各項目を変更するにはチェックボックスを選択または解除します。

利用できるオプションについては [167 ページ](#)の「Gene Study レポート」を参照ください。

3. レポートに含めるカテゴリと項目の順序を変えます。

オプションを必要な位置にドラッグします。項目の順序は同じカテゴリ内でしか変更できません。

4. Update Report をクリックし、すべての変更を反映させて Report Preview ウィンドウを更新します。

5. レポートを印刷または保存します。

- a. ツールバーの Print Report ボタンをクリックし、現在のレポートを印刷します。
- b. File から Save を選択します。この時 PDF、MHT または MHTML などのファイルフォーマットを選択し、ファイルの保存場所を選択します。

注： MHT および MHTML は Microsoft のフォーマットです。

- c. レポートを新しいファイル名で保存するか新しい場所に保存する場合は、File → Save As を選択します。
6. （オプションとして）最新のレポート設定をテンプレートとして保存するには、Template → Save または Save As を選択します。

付録 A 実験例

本セクションでは、下記の実験を例にとり、セットアップと解析について説明します。

- Amplitude Multiplex アッセイを用いた、直接定量
- Probe Mix Triplex アッセイを用いた、コピー数多型
- ゲノム編集検出のための Basic Drop-off Assay を用いた、ドロップオフアッセイ
- Advanced Classification Method アッセイを用いた、直接定量

重要：この付録では、スーパーミックスとウェルが Run 前に選択されており、解析中に変更できないデータ収集ファイルでの仕様としています。

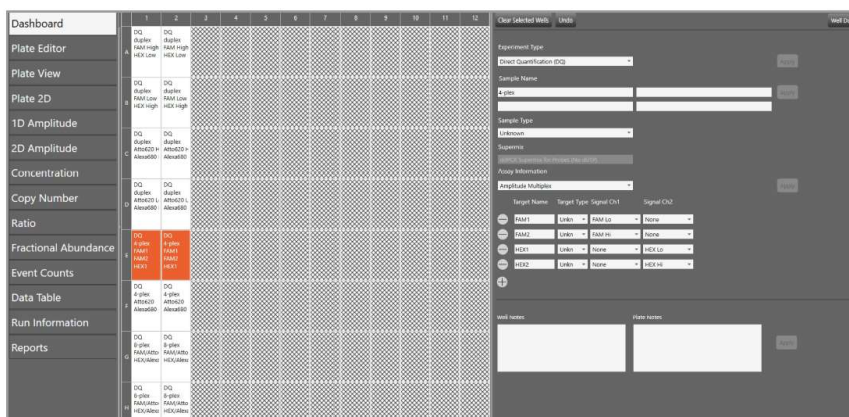
マルチプレックスアッセイによる直接定量

Amplitude Multiplex オプションを使用することによって、評価するターゲット数を増やすことができます。

実験パラメータの設定

実験パラメータを設定するには、

1. 解析データファイルを開き、Plate Editor タブを選択します。



2. ウェル解析属性を割り当てるウェルを 1 つまたは複数選択します。
 3. 実験の種類を Direct Quantification (DQ) に変更した後、Apply をタップまたはクリックします。
 4. (オプションとして) サンプルの記述を変更します。
 5. (オプションとして) サンプルの種類を変更します。デフォルトは Unknown (未知) です。
- 注：** データ収集中に使用したスーパーミックスを変更することはできません。
6. Assay Type の欄で Amplitude Multiplex を選択し、Apply をタップまたはクリックします。
ターゲットが 8 行表示されます。
 7. ウェルのターゲットごとにターゲットの名称と種類 (未知またはリファレンス) を変更します。ソフトウェアは各ターゲットに対して、それぞれ FAM Lo、FAM Hi、HEX Lo、HEX Hi をデフォルトとしています。
 8. Reference を選択すると、リファレンスコピー数を変更することができます。デフォルトは 2 です。

リファレンスを選択しなければ、最大番号のチャンネルのターゲットがリファレンスとして使用されます。

1 ウェルで複数のリファレンスが選択されている場合、プロットでリファレンスを指定するためのチェックボックスが右側に表示されます。

注：各 Reference ターゲットにより結果の比率の計算が可能になります。

9. (オプションとして) High/Low のターゲットの表示を変更します。

Amplitude Multiplex では 1 チャンネルにつき最大 2 つのアッセイが可能であり、Lo と Hi の表示によって識別されます。このマルチプレックスモードでは、各ターゲットのシグナルが 1 つのチャンネルでのみ検出されることがあります。以下の方法が可能です。

- チャンネルが 2 種類の色素に対応する場合は、別の色素を選択する (例えば HEX を VIC に、または VIC を HEX に変更する)。
- ターゲットに別のチャンネルを選択する (例えば FAM を HEX に変更する)。
- Hi を Lo に、または Lo を Hi に変更する。

10. Apply をタップまたはクリックします。

Tips : オプションとして、プレートのセットアップを手早く処理するために、1 つのウェルのデータを別のウェルにコピー・アンド・ペーストすることができます。また、Undo をタップまたはクリックすると、適用されたウェルの設定を取り消すことができます。

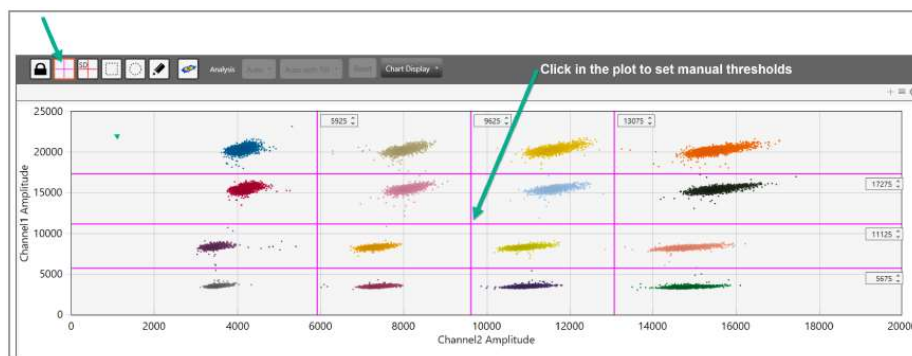
結果の閲覧と調整

自動閾値設定は Amplitude Multiplex 実験には利用できません。

グラフ全体にわたって容易に特定できるクラスターについては、Threshold Lines モードを用いて手動で閾値を設定します。データが直交せず、閾値線によってドロップレットの集団を適切に分割できない場合は、Threshold Clusters を用いて手動で閾値を設定します。

2D Amplitude ウィンドウで閾値を設定するには、

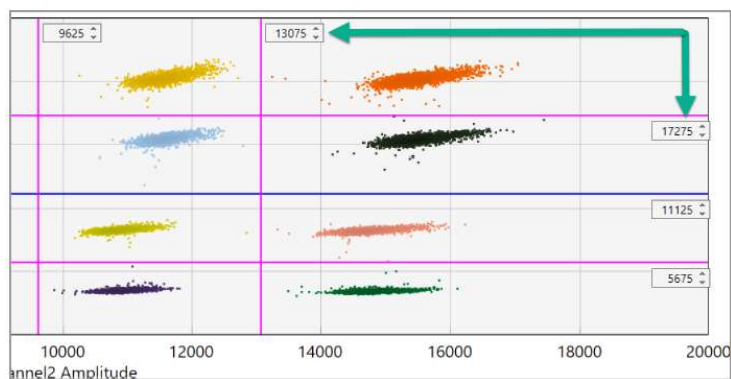
1. 2D Amplitude タブを選択します。



2. ツールバーで Threshold Line Mode ボタンをタップまたはクリックします。

3. プロットのどこかをタップまたはクリックし、データに「best fit」な閾値線を適用します。
4. 閾値を調整するには、プロットエリアで閾値線を水平または垂直にドラッグします。

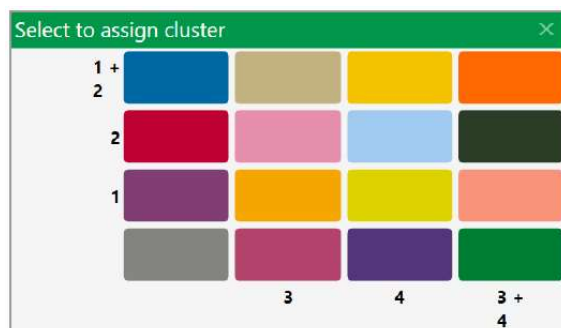
Tips : 各閾値線の端にあるボックスに閾値を数値で入力することもできます。



マニュアルクラスターを適用し、調整するには、

1. 3つのクラスターモードボタン（スクエア、サークルまたはフリーハンド）のいずれかをタップまたはクリックします。
2. マウスの左ボタンを押したまま、最初に分類するドロップレットのクラスターを選択した形で囲みます。

Tips : マウスボタンから指を離すと、正しいターゲットの組み合わせが選択できるようにポップアップツールが表示されます。プレートのセットアップの際に割り当てられたシグナル値に基づき、2つの軸にターゲット名が表示されます。



3. ターゲットごとにドロップレットをポジティブまたはネガティブに分類するには、ドロップレットのクラスターの位置に最も近いカラーボックスを選択します。

トリプレックスアッセイによるコピー数多型

probe mix triplexing による CNV 実験では、2 つのターゲットと 1 つのリファレンスを使用し、解析データを生成します。

実験パラメータの設定

実験パラメータを設定するには、

1. 解析データファイルを開き、Plate Editor タブを選択します。
2. ウェル情報を割り当てるウェルを 1 つまたは複数選択します。
3. 実験の種類を Copy Number Variation (CNV) に変更した後、Apply をタップまたはクリックします。
4. (オプションとして) サンプルの記述を変更します。
5. (オプションとして) サンプルの種類を変更します。デフォルトは Unknown (未知) です。

注： データ収集中に使用したスーパーミックスを変更することはできません。

6. Apply をタップまたはクリックします。
7. Assay Type のドロップダウンリストから Probe Mix Triplex を選択し、Apply をタップまたはクリックします。

ターゲットが 3 つ表示されます。

重要： トリプレックスターゲットの追加や削除はできません。

8. ウェルのターゲットごとにターゲット名を入力し、ターゲットの種類 (未知またはリファレンス) を選択します。
9. 以下のようにターゲットを割り当てます。

Target	Target Type	Signal Ch1	Signal Ch2	Ref Copies	Plot?
Target 1	Unknown	FAM	None	N/A	N/A
Target 2	Unknown	None	HEX/VIC	N/A	N/A
Target 3	Reference	FAM	HEX/VIC	2	Yes

10. Apply をタップまたはクリックします。

Tips： オプションとして、プレートのセットアップを手早く処理するために、1 つのウェルのデータを別のウェルにコピー・アンド・ペーストすることができます。また、Undo をタップまたはクリックすると、適用されたウェルの設定を取り消すことができます。

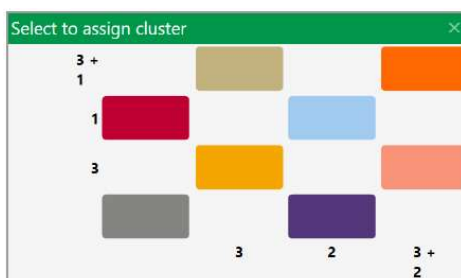
結果の閲覧と調整

注：自動閾値設定は Probe Mix Triplex 実験には利用できません。

結果を見るには、

1. すべてのウェルの設定が終われば、2D Amplitude タブを選択してデータを評価し、クラスターを手動で設定します。
2. 3つのクラスターモードボタン（スクエア、サークルまたはフリーハンド）のいずれかをタップまたはクリックします。
3. マウスの左ボタンを押したまま、最初に分類するドロップレットのクラスターを選択した形で囲みます。

Tips : マウスボタンから指を離すと、正しいターゲットの組み合わせが選択できるようにポップアップツールが表示されます。プレートのセットアップの際に割り当てられたシグナル値に基づき、2つの軸にターゲット名が表示されます。



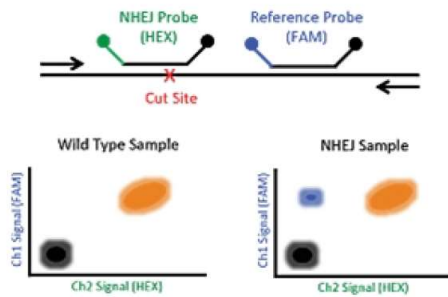
4. ターゲットごとにドロップレットをポジティブまたはネガティブに分類するには、ドロップレットのクラスターの位置に最も近いカラーボックスを選択します。

ゲノム編集検出のためのドロップオフアッセイ

ドロップオフアッセイの2つの設定が可能で、以下に示します。野生型と NHEJ インデル対立遺伝子にシグナル（期待されるクラスター位置）を割り当てます。野生型アレルによって産生されるシグナルは、FAM と HEX の両方に対して常に陽性となりますが、NHEJ インデルアレルによって産生されるシグナルは、使用されるアッセイの構成に依存します（以下の左と右に示すように）。

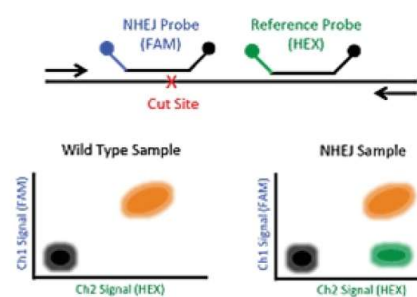
Drop-Off Probe in HEX

NHEJ Probe = HEX and Reference Probe = FAM



Drop-Off Probe in FAM

NHEJ Probe = FAM and Reference Probe = HEX



実験パラメータの設定

実験パラメータを設定するには、

1. 解析データファイルを開き、Plate Editor タブを選択します。
2. ウェル解析属性を割り当てるウェルを1つまたは複数選択します。
3. 実験の種類を Drop-Off (DOF) に変更した後、Apply をタップまたはクリックします。

Target Name	Target Type	Signal Ch1	Signal Ch2	Ref Copies
WildType	Ref	FAM	HEX	2
NHEJEvent	Unkn	FAM	None	

4. (オプションとして) サンプルの記述を変更します。
5. (オプションとして) サンプルの種類を変更します。デフォルトは Unknown (未知) です。
注：データ収集中に使用したスーパーミックスの変更はできません。
6. Apply をタップまたはクリックします。
アッセイの種類は自動的に Basic Drop-Off に指定されます。
7. ターゲット名を入力した後、1つを Reference、残りを Unknown とします。
リファレンスターゲットにより結果の比率計算が可能になります。
8. Apply をタップまたはクリックします。

Tips : オプションとして、プレートのセットアップを手早く処理するために、1つのウェルのデータを別のウェルにコピー・アンド・ペーストすることができます。また、Undo をタップまたはクリックすると、適用されたウェルの設定を取り消すことができます。

結果の閲覧と調整

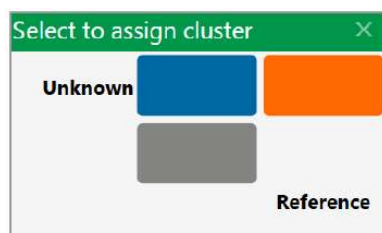
閾値設定は Drop Off 実験には利用できません。

クラスターを適用し、調整するには、

1. すべてのウェルの設定が終われば、2D Amplitude タブを選択してデータを評価し、クラスターを手動で設定します。
2. 3つのクラスターモードボタン (スクエア、サークルまたはフリーハンド) のいずれかをタップまたはクリックします。

3. マウスの左ボタンを押したまま、最初に分類するドロップレットのクラスターを選択した形で囲みます。

Tips : マウスボタンから指を離すと、正しいターゲットの組み合わせが選択できるようにポップアップツールが表示されます。プレートのセットアップの際に割り当てられたシグナル値に基づき、2つの軸にターゲット名が表示されます。



4. ターゲットごとにドロップレットをポジティブまたはネガティブに分類するには、ドロップレットのクラスターの位置に最も近いカラーボックスを選択します。

10. (オプションとして)リファレンスを選択すると、リファレンスコピー数を変更することができます。デフォルトは2です。

- リファレンスを選択しなければ、最大番号のチャンネルのターゲットがリファレンスとして使用されます。
- 1ウェルで複数のリファレンスを選択すると、プロット内でリファレンスを使用するためのチェックボックスが右に表示されます。

注：各 Reference ターゲットにより結果の比率計算が可能になります。

11. 最初のターゲットに予測されるチャンネルのシグナルを割り当てます。

12. 最後のターゲットには、最初のターゲットに選択しなかったチャンネルのシグナルを割り当てます。

中間の各ターゲットにはターゲットの混合比率に応じてシグナルが割り当てられます。

13. Apply をタップまたはクリックして、すべてのウェルの設定を確定します。

Tips：オプションとして、プレートのセットアップを手早く処理するために、1つのウェルのデータを別のウェルにコピー・アンド・ペーストすることができます。また、Undo をタップまたはクリックすると、適用されたウェルの設定を取り消すことができます。

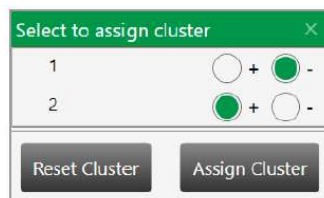
結果の閲覧と調整

1. 2D Amplitude タブをタップまたはクリックします。

デフォルトによってすべてのドロップレットは未分類のまま赤色で表示されます。2D プロットでの Advanced Classification 実験の閾値設定に利用できるのは Threshold Cluster モードのみです。

2. Threshold Cluster モードのツール（ボックス、サークルまたはフリーハンド）のいずれかを使用し、ドロップレットクラスターをターゲットに割り当てます。

ドロップレットクラスターを選択すると、クラスター割り当てボックスが表示されます。



3. ラジオボタンを選択し、クラスターの構成を特定します。

例えば、クラスターがターゲット2のポジティブドロップレットで構成される場合には、ターゲット2のポジティブラジオボタンと残るターゲットのネガティブラジオボタンを選択します。

重要：計算させるにはターゲットごとに少なくとも1つのポジティブクラスターと、指定されたネガティブクラスターが存在する必要があります。

付録 A 実験例

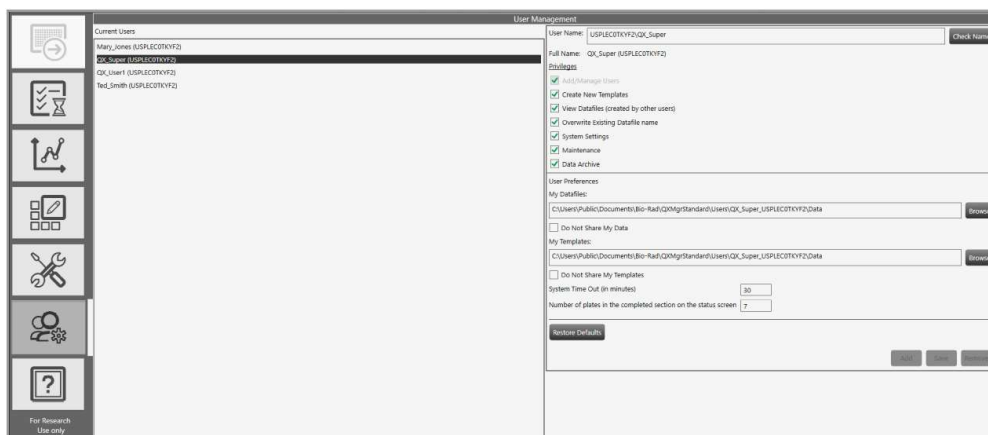
注: ソフトウェアは未指定のドロップレットは計算上無視します。ドロップレット／クラスターの構成が不明の場合は、未指定（赤色）にしておきます。

結果はデータテーブルおよび Concentration タブで見ることができます。

AssayType でサンプルの 1 つをリファレンスとしている場合は、Ratio タブで未知サンプルとリファレンスの濃度比を見ることができます。

付録 B ユーザーの管理

User Setup and Preferences ウィンドウを使用して、QX Manager のユーザーの追加、変更または削除ならびにユーザー権限および選択可能項目の設定および変更が可能です。



すべての権限を持つスーパーユーザーアカウントを最初に設定する必要があります。スーパーユーザーアカウントを使用して、追加のユーザーを作成したり、ユーザー権限を割り当てたりします。サポートが必要な場合は、Bio-Rad テクニカルサポートまでお問い合わせください。

注： 所定の権限のいずれも割り当てられていないユーザーも、Run の実行と解析モジュールの使用は可能です。

ローカルアカウントまたはドメインアカウントを設定することができます。QX200 Droplet Reader に接続されているコンピュータの場合

- 社内ネットワークにアクセスできる場合は、QX Manager ソフトウェアは Active Directory のユーザー名を認識することができます。
- 社内ネットワークにアクセスできない場合は、社内の IT 部門がユーザー名をローカル Windows アカウントとして設定することができます。

PC が所属施設の要件に準拠している限り、任意のユーザー名とパスワードでユーザーアカウントを作成することができます。ソフトウェアは各ユーザーを Active Directory またはローカルドメインのいずれかの名前と照合するように設計されているため、ユーザーは正しいドメインとユーザー名でログインする必要があります。

ソフトウェアにユーザーを追加するには、まず QX Manager がローカルまたはドメインのユーザーグループでこのユーザーを認証できなければなりません。以下の点に注意してください。

- ローカル ID の場合、ソフトウェアがインストールされているコンピュータごとにローカル Windows ユーザーアカウントとして各ユーザーを設定する必要があります。
- Active Directory ID の場合、IT 部門は QX200 Droplet Reader に接続されているコンピュータ、およびソフトウェアを実行する別のすべてのコンピュータをネットワークに接続する必要があります。

ユーザーの追加

Add/Manage Users (ユーザーの追加/管理) の権限を有するユーザーのみが QX Manager のユーザーを追加することができます。

追加の前にまず、すべてのユーザーに Active Directory またはローカルアカウントとして設定されている ID があることを確認します。

ユーザーを追加するには、

1. User Name のフィールドでユーザー名を入力し、Check Name をタップまたはクリックします。

下記のいずれかの状態になります。

- ソフトウェアがユーザー名を認識すれば、確認メッセージが表示されます。手順 2 に進みます。
 - ユーザー名が認識されなければ、エラーメッセージが表示されます。以下のいずれかを実行してください。
 - ネットワークのユーザーであれば、ネットワークとの接続が機能していることを確認した後、入力が正しいか確かめてください。
 - ローカルユーザーの場合、入力が正しいか確認してください。ユーザーがローカルでもネットワークでも設定されていない場合は、システム管理者に問い合わせてください。
2. 認証成功のメッセージが表示されれば、OK をタップまたはクリックしてから、Add をタップまたはクリックします。

画面に確認メッセージが表示されます。
 3. Yes をタップまたはクリックしてユーザーを追加し、OK をタップまたはクリックしてダイアログボックスを閉じます。

ユーザー権限の追加または削除

Add/Manage users（ユーザーの追加／管理）の権限が割り当てられているユーザー以外は、ユーザー権限の追加や削除をすることはできません。

デフォルトにより、表 37 に示す権限のないユーザーでも Run のセットアップと実行、ファイルを開くこと、ならびに結果の閲覧と解析は可能です。

表 37 ユーザー権限

権限	内容
Add/manage users	ユーザーを追加または削除し、権限を割り当て、設定内容を変更する。 注： 他のユーザーからこの権限を削除できるのはスーパーユーザーのみです。
Create new templates	プレート、サーマルサイクリングプロトコールまたは解析レポートのデザインをテンプレートとして保存する。
View data files created by other users	別のユーザーが作成した保存フォルダのファイルを閲覧する。
Overwrite existing data file name	Save または Save As の機能を使用する。 <ul style="list-style-type: none"> Save を選択すると、元のファイルの中身が当該ユーザーによって変更されたものに置き換わり、ファイル名は変わらない。 Save As を選択すると、新しいファイル名でファイルが保存される。 注： この権限を持たないユーザーはファイルを開いて解析を実行することはできますが、変更を保存することはできません。
System settings	イベントログを閲覧し、共有データファイルおよびプレートの保存場所の閲覧と変更を行う。 データファイルには 2 つ、テンプレートには 1 つの保存場所を設定できる。 注： 優先保存場所も設定でき、これは個人設定のすべてのパスに優先されます。
Maintenance	ソフトウェアのアップデートを行う。 イベントログを閲覧する。 注： メンテナンスログとメンテナンスレポートはすべてのユーザーが閲覧できます。
Data archive	装置の実行に必要なディスクの空き容量を増やすために、QX Manager をインストールしているコンピューターから生データを移動する。

ラボの各担当者の役割によって割り当てられるユーザー権限の一例を表 38 に示します。ユーザーはあらゆるシナリオで定義および使用できますが、規制環境では必要になる場合があります。

表 38 ユーザーの役職の例

権限	スーパーユーザー	ラボ管理者	リーダー	一般ユーザー
Add/manage users	✓	✓		
Create new templates	✓	✓	✓	✓*
View data files	✓	✓	✓	✓
Overwrite existing data file name	✓	✓	✓	
System settings	✓			
Maintenance	✓			
Data archive	✓	✓	✓	✓
Access the module recovery tool	✓	✓	✓	✓

*誰もがテンプレートを作成し保存できる場合は、この権限を管理者以外の役割に割り当てることができます。テンプレートのフォーマットが制限されている場合には、この権限は管理職のみに割り当てられるべきです。

注: 少なくとも 1 人の追加のスーパーユーザーをバックアップとして定義し、必要に応じて他の管理ユーザーと標準ユーザーを定義することをお勧めします。ゲストユーザーは、共有テンプレートを開いて Run を実行し解析を実行できますが、通常は他の権限は割り当てられません。

権限を追加または変更するには、

1. Add/Manage Users タブをタップまたはクリックし、User Management ウィンドウを開きます。
2. User Name フィールドにユーザー名を入力します。
3. ソフトウェアの使用におけるユーザーの役割に従い、各権限のチェックボックスを選択または解除します。

ユーザー権限はどのような組み合わせでも割り当てることができます。

4. 確認メッセージが表示されたら、Yes をタップまたはクリックして変更を保存した後、OK をタップまたはクリックして、ポップアップを閉じます。

ユーザー設定の変更

Add/Manage Users（ユーザーの追加／管理）権限を割り当てられているユーザーは他のユーザーの設定を変更することができます。個々のユーザーも自身の設定は変更することができます。

ユーザー設定を変更するには、

1. Add/Manage Users タブをタップまたはクリックし、ユーザー名を入力します。
2. ユーザーの下記の設定のいずれかを変更します。
 - ユーザーのデータファイルとテンプレート用に別のファイルパスを入力します。

重要 : System Settings で Preferred Locations（優先保存場所）も指定でき、これは個人設定で指定されたすべてのファイルパスに優先されます。詳細は [194 ページ](#)の「[System Settings タブ](#)」を参照ください。

 - ユーザーデータファイルとテンプレートのプライバシー設定を変更するには、チェックボックスを選択または解除します。
 - デフォルトのシステムタイムアウト時間として別の数字を入力できます。
 - Status のセクションに表示される終了プレート数として 100 以下の別の数字を入力できます。
3. Save をタップまたはクリックします。

確認メッセージが表示されます。
4. Yes をタップまたはクリックして変更を保存した後、OK をタップまたはクリックして、ダイアログボックスを閉じます。

ユーザーの削除

Add/Manage Users（ユーザーの追加／管理）権限を割り当てられているユーザーのみがユーザーを削除することができます。ソフトウェアから削除しても、他のシステムやデータベースからは削除されず、ユーザーはネットワークや Windows のローカルユーザーリストに残ります。

ユーザーを削除するには、

1. Add/Manage Users タブをタップまたはクリックし、User Management ウィンドウを開きます。
2. Current Users の領域でユーザーを選択し、Remove をタップまたはクリックします。

確認メッセージが表示されます。
3. Yes をタップまたはクリックしてユーザーを削除した後、OK をタップまたはクリックして、ダイアログボックスを閉じます。

付録 B ユーザーの管理

付録 C 装置のメンテナンス

バイオ・ラッドはお使いの器具の定期的なメンテナンスをお勧めします。メンテナンスでは以下の作業を行います。

- 表面のクリーニング
- 定期的な液量のチェック
- 部品や配線の損傷を調べるための点検

バイオ・ラッドは弊社サービスエンジニアが行う半年に 1 回の故障防止メンテナンスをお勧めしています。お使いの装置の保守点検や再キャリブレーションが必要な場合は弊社にご連絡ください。

オイル関連のメンテナンス

少なくとも 1 回のフル Run に十分な量のオイルがあることを確認し、廃液オイルが満タンに近い状態であれば、廃液ボトルを交換し、空ボトルを用意する必要があります。

オイルレベルは、以下のいずれかの方法で確認できます。

- QX Manager のステータスバーの Reader オイルの残量と廃棄オイルのパーセンテージ表示を確認します。
- QX200 Droplet Reader のインジケータ・ライトを確認し、オイルが少なく廃棄オイルが多いと点滅するインジケータが点滅していない事を確認します。
- 容器を目視で確認します。

表 39 は装置のオイルの液面レベルに関するメンテナンスについてまとめています。

表 39 オイル液面レベル

QX200 インジケータ・ライトカラー	オイルレベル	ステータス
緑に点灯	オイル>30% 廃棄物<70%	オイルレベル OK。ランニングを開始できます。
緑に点滅	オイル<30% 廃棄物>70%	96 ウェル未満であれば Run を開始できるかもしれませんが、プレートエディタで設定したプレート数の Run を実行するのに十分なオイルがディスペンサー内がない場合、ソフトウェアはオイル交換または廃液ボトルが交換されるまで Run を実行しません。
黄色に点滅	オイル<10% 廃棄物>90%	ソフトウェアはオイル交換または廃液ボトルが交換されるまで Run を実行しません。

Droplet オイルの交換

Droplet オイルを交換するには

1. Droplet Reader 左側面のハンドルを握り、ボトル収納部をスライドさせて引き出します。
2. オイルボトルを外して脇に置き、廃液ボトルとして再利用します。
3. 新しいオイルボトルを挿入し、キャップを所定の位置に締めます。

廃液のメンテナンス

発生した廃棄物を処理したり、廃棄したりする場合は、標準 MSDS（化学物質安全性データシート）と OSHA 基準（米国のみ）を適用してください。典型的な廃棄物プロファイルには、以下の内容が含まれている必要があります。

フッ素系オイル	95%
水	5%
ブリーチ	0.5%未満
タンパク質、核酸、蛍光色素	0.1%未満

バイオ・ラッド社のドロップレット作製および Droplet Reader 用オイルは、フッ素化炭化水素化合物を主成分としているため、所属機関、都道府県、地域の規則に従って処分してください。これらの不燃性液は不活性であるため、環境に与える影響も毒性も低いといえます。廃棄物はポリエチレン容器に収集し、1 カ月以内に処分してください。

最後の空のオイルボトルを新しい廃液ボトルとして使用してください。バイオ・ラッドからオイルラベルを覆う廃液ボトル用ラベルを提供しています。

廃液ボトルを交換するには

1. Droplet Reader 左側面のハンドルを握り、ボトル収納部をスライドさせて引き出します。
2. 廃液ボトルを取り出します。
3. 新しい廃液ラベルをオイルボトルのオイルラベルに貼ります。
4. 新しい廃液ボトルをスロットに挿入します。

重要：空になったオイルボトルは各ボトルを 1 回だけ新しい廃液ボトルとして使用し、その後は廃棄し、使いまわさないでください。捨てる前には、微生物の繁殖を防ぐために 10% 漂白液 50ml をボトルに加え、廃棄物としてラベルを貼ってください。

装置のフラッシングまたはプライミング

廃液ボトルを交換した後は QX200 Droplet Reader 内をフラッシングする必要があります。

装置をフラッシングするには

1. System Utilities タブを選択します。
2. Flush をタップします。

装置をフラッシングするかどうかを尋ねるメッセージが表示されます。

3. Yes をタップして開始します。
4. フラッシングを実行中というメッセージが表示されます。

フラッシングプロセスが終了すると、操作完了のメッセージが表示されます。

5. OK をタップします。

装置をプライムするには

オイルボトルを交換した後は、QX200 Droplet Reader のプライミングを行う必要があります。

1. System Utilities タブを選択します。
2. Prime をタップします。

装置をプライムするかどうかを尋ねるメッセージが表示されます。

3. Yes をタップして開始します。
4. プライミングを実行中というメッセージが表示されます。

プライミングプロセスが終了すると、操作完了のメッセージが表示されます。

5. OK をタップします。

付録 C 装置のメンテナンス

付録 D システムユーティリティ

System Utilities タブからは装置に関連するタスクおよびデータ、ソフトウェア、データならびに保存を管理するための下記のタブにアクセスすることができます。

- **System Settings-** 共有テンプレートおよびデータファイルの保存場所を見る
- **Event Log-** すべてのソフトウェア作業に関する記録データを見る
- **Maintenance Log-** メンテナンス作業を記録する
- **Maintenance Reports-** バイオ・ラッドメンテナンス部門からのメンテナンス記録の PDF ファイル
- **Archive Data-** ユーザーの一次保存領域の空き容量を増やす。
- **Reprocess Data-** 新しいキャリブレーション値を使用してデータファイルを再処理する
- **Tools** – 装置を洗浄またはプライムする。

注：

- Instrument Calibration タブはバイオ・ラッドサービスエンジニアのユーザーアカウントでしか機能しません。
- 装置のタッチスクリーンではないコンピュータを使用する場合は、System Settings タブと Event Log タブしか利用できません。

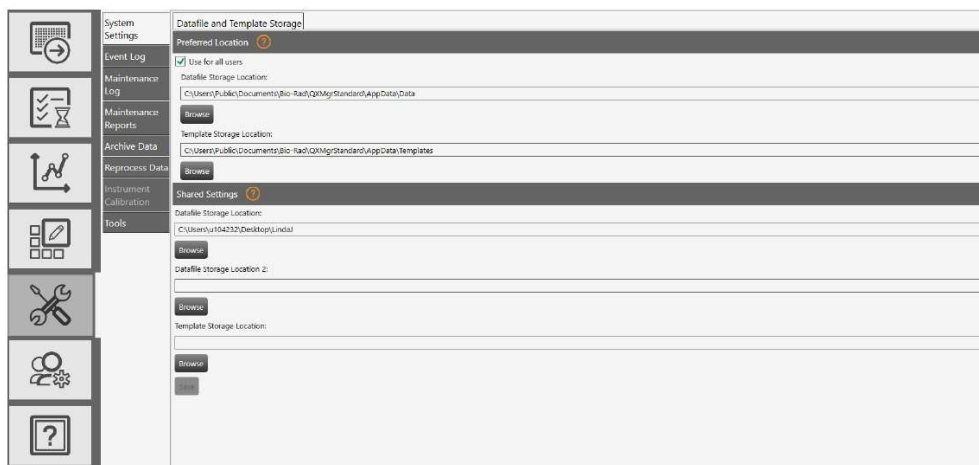
System Settings タブ

System Utilities タブを選択すると、デフォルトによって System Settings ウィンドウが開き、保存ファイルパスを入力するフィールドが表示されます。

System Settings タブでは下記の保存領域を設定することができます。

- 保存場所の指定 (Preferred Location)
- 共有設定 (Shared Settings)

重要: 一次保存場所は、ユーザーの個人設定で指定されたファイルパスか、Preferred Locations で指定されているファイルパスのいずれかです。システム管理者が全ユーザー用の Preferred Location を設定している場合には、個人設定のファイルパスよりも優先されます。



Preferred Location

Preferred Location (優先保存場所) のファイルパスを使用する場合、すべてのユーザーのデータファイルは装置の指定されたフォルダに自動的に保存されます。

重要: 優先保存場所を設定できるのは System Settings のユーザー権限を割り当てられているユーザーのみです。この設定は個人の設定に優先されます。

注: 優先保存場所の制約はデータファイルにのみ適用され、テンプレートの保存場所についてはユーザーが選択することができます。

優先保存場所を指定するには、

1. すべてのユーザーのチェックボックスで Use を選択し、Save をタップまたはクリックします。

Datafile Storage Location および Template Storage Location のフィールドでファイルパスを特定します。

2. (オプションとして) ファイルパスを変更し、Save をタップまたはクリックします。

Shared Settings

Shared Settings では、共有データファイル用の保存フォルダを 2 つと共有テンプレート用の保存フォルダを 1 つ指定することができます。

重要 : System Settings のユーザー権限を割り当てられているユーザーのみは、System Settings ウィンドウで保存場所を変更することができます。

Tips : データファイルはサイズが大きいことが多いため、一次保存フォルダとバックアップフォルダを設定することができます。空き容量を定期的にチェックし、必要に応じて Archive 機能を使用することが推奨されます。

共有フォルダを指定するには、

1. Datafile Storage Location のフィールドにファイルパスを入力するか、Browse をタップまたはクリックしてフォルダを検索します。
2. Datafile Storage Location 2 のフィールドにファイルパスを入力するか、Browse をタップまたはクリックしてフォルダを検索します。

注 : これらのパスは二次保存場所になります。データファイルは必ず優先保存場所 (システム管理者が指定している場合) またはユーザー設定で指定されたパスにまず保存されます。

3. Template Storage Location フィールドにファイルパスを入力するか、Browse をタップまたはクリックしてフォルダを検索します。
4. Save をタップまたはクリックします。

システムログファイル

System Utilities タブから、システムとソフトウェアのイベント（イベントログ）およびメンテナンス作業（メンテナンスログ）のログファイルにアクセスすることができます。

Regulatory Edition の場合、監査ログを PDF レポートとして作成することもできます。詳細は QX Manager ソフトウェア取扱説明書 Regulatory Edition をご覧ください。

注： Standard Edition でも報告可能項目の一覧に Audit Log のチェックボックスが表示されますが、使用することはできません。

イベントログ

Maintenance のユーザー権限を付与されているユーザーはシステムイベントログを見ることができ、これにはあらゆるソフトウェア活動の情報がタイムスタンプとともに表示されます。

Date-Time	Message	Severity	User Name
12/10/2018 10:21:44 AM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/10/2018 10:21:22 AM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/10/2018 10:21:21 AM	Application Started, Application Version: 1.0.82, OS Version: Microsoft Windows 10 Enterprise, 100.17134, Locale: English (in...	Info	BRBAD
12/17/2018 2:53:30 PM	Application Closed	Info	BRBAD
12/17/2018 2:47:07 PM	Failed to Open analysis File "I:\QXRegulatoryFiles\BioRadNameID\version\color\calibrator\Plate_20180819_202254_889_Appl...	Warning	BRBAD
12/17/2018 2:44:47 PM	Analysis File Opened: path: "I:\DemoData\2\bin\Combined EvaScreen Experiments\Combined EvaScreen Experiments.apl"	Info	BRBAD
12/17/2018 2:44:24 PM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/17/2018 2:44:17 PM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/17/2018 2:44:16 PM	Application Started, Application Version: 1.0.82, OS Version: Microsoft Windows 10 Enterprise, 100.17134, Locale: English (in...	Info	BRBAD
12/16/2018 4:01:32 PM	Application Closed	Info	BRBAD
12/16/2018 4:01:19 PM	Changes discarded for Datafile: "I:\DemoData\2\bin\Combined EvaScreen Experiments\Combined EvaScreen Experiments.apl"	Info	BRBAD
12/16/2018 4:01:19 PM	Bio-Rad Research and Development shutdown the application and discarded it loaded plates and changes in Datafiles.	Info	BRBAD
12/16/2018 1:26:39 PM	Analysis File Opened: path: "I:\DemoData\2\bin\Combined EvaScreen Experiments\Combined EvaScreen Experiments.apl"	Info	BRBAD
12/16/2018 1:18:00 PM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/16/2018 1:17:34 PM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/16/2018 1:17:19 PM	Application Started, Application Version: 1.0.82, OS Version: Microsoft Windows 10 Enterprise, 100.17134, Locale: English (in...	Info	BRBAD
12/15/2018 3:13:01 PM	Application Closed	Info	BRBAD
12/15/2018 3:11:49 PM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/15/2018 3:11:40 PM	User Logged in, User Name: BRBAD, User Full Name: Bio-Rad Research and Development	Info	BRBAD
12/15/2018 3:11:36 PM	Application Started, Application Version: 1.0.82, OS Version: Microsoft Windows 10 Enterprise, 100.17134, Locale: English (in...	Info	BRBAD

イベントログを見るには、

1. System Settings タブを選択します。



2. Event Log を選択し、下記のいずれかを実行します。

- Event Log ウィンドウに表示されたイベントのリストをスクロールする。
- Open Log をタップまたはクリックし、Notepad でテキストファイルを開く。

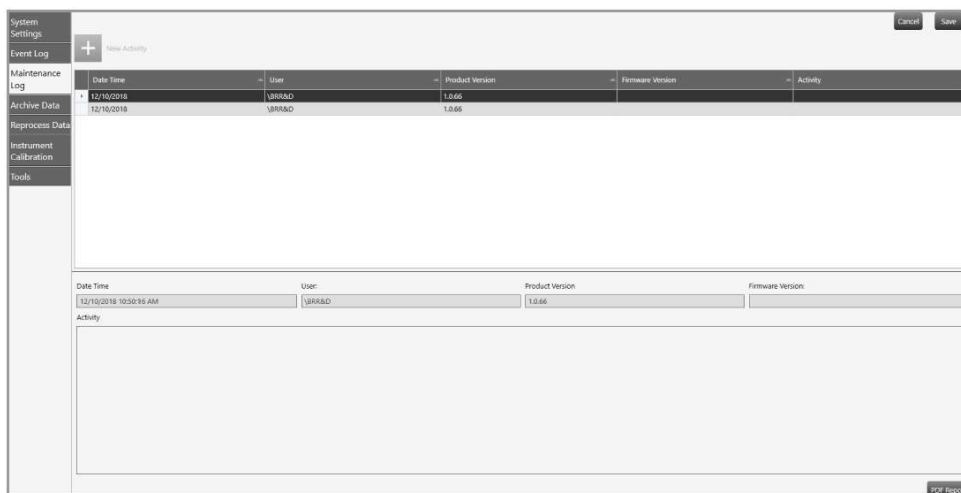
3. (オプションとして) PDF ドキュメントを自動で作成し表示するには、PDF Report をタップまたはクリックします。

Tips : ファイルへのアクセスを制限するために、パスワードを設定することができます。PDF Password チェックボックスを選択し、フィールドにパスワードを入力します。ファイルは Log Reports フォルダに保存され、パスワードを入力しない限り開くことができません。

メンテナンスログ

メンテナンス記録が一覧で表示されるメンテナンスログはすべてのユーザーが閲覧できます。Maintenance Log タブは装置のタッチスクリーンからしか利用できません。

メンテナンスユーザー権限が割り当てられているユーザーはメンテナンス記録の設定、関連作業の特定および PDF レポートの作成を行うことができます。



メンテナンスログを見るには、

1. System Settings タブを選択します。



2. Maintenance Log タブを選択します。
3. ログの内容を見るには、グリッドのリストをスクロールします。

新しい作業を追加するには

1. New Activity の横のプラス記号 (+) をタップまたはクリックします。

グリッドに新しい行が現れ、Date Time、User、Product Version および Firmware Version の各フィールドにデータが自動で入力されます。

2. Activity フィールドに予定されている作業の内容を入力します。
3. Save をタップまたはクリックします。
4. 別の作業を追加するには、同じ手順を繰り返します。

Save をタップまたはクリックした後、追加した作業の PDF レポートを作成することもできます。

5. (オプションとして) PDF Report をタップまたはクリックします。

メンテナンスレポート

ご利用の装置のメンテナンスを実施した際に弊社のサービスエンジニアが作成したレポートは Maintenance Reports タブに保存されます。Maintenance Reports タブは装置のタッチスクリーンからしか利用できません。

- ▶ レポートを開くには、リストの項目をタップまたはクリックします。

以下に示すのはカラーキャリブレーションのレポートの例です。

BIO-RAD

Color Calibration and Carryover Report

Entered by the Person who did the Report

Report Generation Date and Time: 10/20/2019 03:29:14M

Instrument Serial Number: CHASLE11

Firmware Version: 1.790

Software Version: 1.075A.0020

Software: QX (QX) Software Standard Edition

Lot Information:

GC/MS Cartridge: 1270

Droplet Generator: DR105/DR101/DR200/101

Droplet Reader: DR105/DR101/DR200/101

Calibration Method: None: 2/2019 03:20:11 PM

Color Calibration Results	Carryover Test Results	# of carryover events
Channel 1 (FAM)	Pass	Fail
Channel 2 (DR-X-VIC)	Pass	
Channel 3 (L-PS)	Pass	
Channel 4 (DR-2,3)	Pass	
Low Box	Fail	

Copyright © 2019 Bio-Rad Laboratories, Inc. All rights reserved. Page 5/1

データのアーカイブ保存

QX200 Droplet Reader に接続されているコンピューターの空き容量が既定の限界に近づくと、一定の間隔で忠告メッセージが表示されます。ユーザーは生データを別の場所のアーカイブフォルダに移動させることによって、空き容量を増やすことができます。

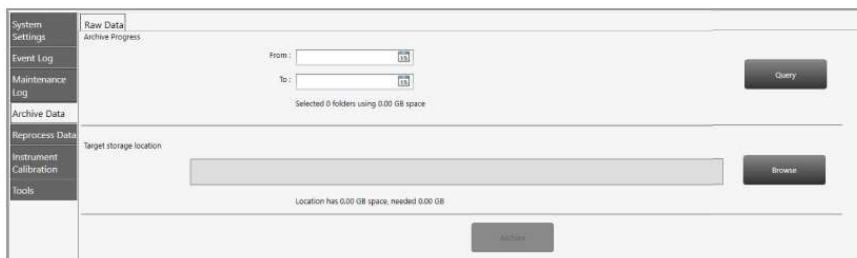
重要：データをアーカイブに保管するには、Data Archive（データのアーカイブ保存）のユーザー権限が必要です。

ファイルをアーカイブに保存するには、

1. System Settings タブを選択します。



2. Archive Data を選択します。
3. アーカイブするファイルタイプのタブを選択します。例えば、Raw Data を選択します。



4. Raw Data Archive Progress でカレンダーアイコンをタップまたはクリックし、From と To の日付を選択して、期間を指定します。
5. Query をクリックして、日付範囲内のファイルを検索します。
6. Browse をタップまたはクリックし、希望の保存場所を検索します。
7. Archive をタップまたはクリックします。

データの再処理

装置を再校正した後、異なる色校正値を使用して実行からデータファイルを再処理することができます。

注： QX Manager でデータを再処理するには、装置がアイドル状態になっている必要があります。ファイルが古いソフトウェア・バージョンで作成された場合、ソフトウェアはファイルを再処理することができず、アドバイザー・メッセージが表示されます。

データファイルを再処理するには

1. System Utilities タブを選択します。



2. Reprocess Data をタップします。
3. Browse をタップして解析データ ファイルに移動し、Select Datafile ダイアログボックスでファイルを選択して Open をタップまたはクリックします。

校正値は最初のカラーキャリブレーションの表に表示されます。

System	Datafile					
Settings	%JohnTest 11.28.2018_Reprocessed_20181203_134001_486.dgpr					
Event Log	Browse					
Maintenance Log	Calibration values in data file Use these values					
Archive Data	Color Calibration Table:					
Reprocess Data	Channel	FAM	HEX	VIC	EvaGreen	
Instrument Calibration	1	362.302378125	7275.3159468475	8	11888.6962899421	
	2	5980.76546875	8772.428750975	10000	3590.165234875	
Tools	New calibration values					
	Color Calibration Table:					
	Channel	FAM	HEX	VIC	EvaGreen	
	1					
	2					

4. New calibration values の見出しで、FAM、HEX、VIC、EvaGreen®蛍光色素の新しい値を入力します。
5. Reprocess Data タップします。

注： データファイルを再処理すると、ソフトウェアは新旧の校正値を含む監査レコードを作成します。

システムキャリブレーション

QX200 Droplet Reader システムで Run を実行するには、装置の適正なキャリブレーションが必要です。

ご利用の装置のキャリブレーションは弊社サービスエンジニアしか行えないため、QX Manager の Instrument Calibration のオプションを使用できるのも弊社サービスエンジニアに限られます。このオプションはタッチスクリーンからしか利用できず、他のいかなるユーザーもこの機能を使用することはできません。

保守点検が必要な場合は、バイオ・ラッドテクニカルサポートにご連絡ください。

ツール機能は現在のところ装置のメンテナンスにのみ適用されます。詳細については、[190 ページ](#)の「[装置の洗浄またはプライミング](#)」を参照ください。

付録 D システムユーティリティ

付録 E コンピューターの追加

解析目的に限り、バイオ・ラッド社から提供されたソフトウェアを各個人が所有するパソコンにインストールすることができます。インストールについては、バイオ・ラッドテクニカルサポートまでご連絡ください。

付録 F トラブルシューティング

このセクションでは、装置またはソフトウェアで生じる可能性のある、マイナーな問題のトラブルシューティングと解決法に関する情報を提供します。

Event Log

イベントログには、システムエラーを含むすべてのシステムとユーザーのアクティビティの記録が含まれています。エラーイベントが理解できない場合や、すぐに解決できない場合は、バイオ・ラッドテクニカルサポートまでご連絡ください。

装置のエラー

Run 中にエラーが発生した場合、ソフトウェアは Run をキャンセルし、Status 列に X を表示し、Run Aborted by System メッセージと共に Run End ステータスとして表示します。付録 F には、タイプ別にグループ化されたエラーが記載されています。

1. X をタップすると、対応するエラーコードと説明が表示されます。
2. 新しい Run を開始する前に、ソリューション欄のステップを実行します。
3. 提案された解決策で問題が解決しない場合は、すぐにバイオ・ラッドテクニカルサポートにご連絡ください。

注： エラーコードと説明は、Run 情報ウィンドウにも表示されます。

通信エラーは、装置本体、ケーブルの接続状況および電源障害によって発生することがあります。

表 40 通信エラー

Error Code	説明	解決策
102, 103, 104*, 110*, 111	装置とソフトウェア間の通信障害、検出器ボードのエラー、Run 中の障害、または接続を再確立できない場合 注：アスタリスク(*)が付いているコードについては、一部のデータが使用可能な場合があります。	USB ケーブルを外して再接続し、電源を入れます。
302, 308	ポンプを含む通信エラー 注：一部のデータは使用可能な場合があります。	Droplet Reader の電源を入れ直します。
502 900	無効なチェックサム値 無効なコマンド	

電気的エラーは通常、正しくない設定によって引き起こされます。

表 41 電気的エラーコード

Error Code	説明	解決策
406	電気的エラー、電源値の設定が無効です。 注：一部のデータは使用可能な場合があります。	Droplet Reader の電源を入れ直します。

機械的なエラーは、オイル関連の問題（低オイル、高廃棄物）、装置操作のエラー、またはバイナリデータ収集エラーによって引き起こされることがあります。

表 42 装置によるエラーコード

Error Code	説明	解決策
105, 106	フルディスクまたはモーションレスポンスが無効でした。 注：一部のデータは使用可能な場合があります。	Droplet Reader の電源を入れ直します。
201	モーターが無効になっています 注：一部のデータは使用できる場合があります。	1. プレートとプレートの蓋を取り外し、再度挿入します。 2. ヒートシールホイールが正確にシールされているか、2 枚シールされていないかを確認します。 3. すべてのモーター軸のひずみを確認します。 4. 機器の電源を入れ直します。

表 42 装置によるエラーコードの続き

Error Code	説明	解決策
205, 207, 210, 211, 212, 218	目標の場所もしくはホームポジションに対し、X、Y または Z 軸の移動が割り当てられた時間内に到達できません。 注：一部のデータは使用可能な場合があります。	モーターの障害物がないか確認し、Droplet Reader の電源を入れ直します。
301, 303, 304, 305, 307, 312, 316, 317	ポンプエラー 注：一部のデータは使用可能な場合があります。	Droplet Reader の電源を入れ直します。

付録 F トラブルシューティング

付録 G Ordering Information

この付録には、QX200 Droplet Reader を含むバイオ・ラッドから提供される ddPCR 製品の製品または交換用機器、アクセサリ、消耗品の説明とカタログ番号が記載されています。

ddPCR システムとそれぞれの装置パッケージ

表 43 には、QX200 Droplet Digital PCR システム全体、個々の ddPCR 装置および付属品の情報が記載されています。

表 43 ddPCR システムとそれぞれの装置パッケージ

製品名	内容	カタログ番号
QX200 Droplet Digital PCR システム	QX200 Droplet Generator 本体、QX200 Droplet Reader システム、ddPCR 専用 PC、ソフトウェア、一部の消耗品が含まれています。	1864001JA
QX200 Droplet Generator システム	QX200 Droplet Generator 本体、カートリッジとガスケット(各 24 個)、カートリッジホルダ(2)、電源コード(1)が含まれています。	1864002JA
QX200 Droplet Reader システム	QX200 Droplet Reader 本体、プレートホルダ(2)、USB ケーブル(1)、電源コード(1)が含まれています。	1864003JA
Automated Droplet Generator システム	Automated Droplet Generator 本体、冷却ブロックアクセサリ (1)、オイルパージリザーバ (1)、電源コード (1) が含まれています。	1864101JA
C1000 Touch サーマルサイクラー+96 Deep Well リアクションモジュール	C1000 Touch サーマルサイクラー本体、1000 シリーズ用リアクションモジュール 96 Deep wellx0.2ml、96well Hard-Shell マイクロプレート clear well/white shell、0.2ml 8 連ドームキャップ/ナチュラル、その他アクセサリ	1851197JA

QX200 Droplet Reader のアクセサリ

表 44 に QX200 Droplet Reader のアクセサリに関する情報が記載されています。

表 44 QX200 Droplet Reader アクセサリ

構成品	説明	カタログ番号
解析用 PC	QX200 Droplet Reader に接続して、本体の操作とデータ解析を行います。	17006483JA
USB ケーブルと電源コード	解析用パソコンと Droplet Reader を接続する USB ケーブルと Droplet Reader 本体に電源を供給するための電源コード 注： ケーブルや電源コードを入手するには、Bio-Rad テクニカルサポートにお問い合わせください	お問い合わせ
Droplet Reader プレートホルダ (2)	96 ウェルプレート を Droplet Reader 本体に固定するための専用プレートホルダ	12006834

注：試薬には、PCR Suprmix（プローブまたは EvaGreen®用）、Droplet Generation オイル、Buffer control キット（プローブまたは EvaGreen®用）が含まれます。

QX200 Droplet Generator システムのアクセサリ

表 45 には QX200 Droplet Generator のアクセサリに関する情報が記載されています。

表 45 QX200 Droplet Generator アクセサリ

構成品	説明	カタログ番号
DG8 カートリッジ&ガスケットセット (120 カートリッジ & ガスケット、960 ウェル分)	サンプルとオイルを混合させ、Droplet を生成のためのマイクロ流体カートリッジカートリッジを密封するガスケット 注： 蒸発を防止し、Droplet を生成するために必要な加圧を行うため、カートリッジを密閉する必要があります。	1864007
DG8 カートリッジホルダ	DG8 カートリッジを Droplet Generator 内に正確に配置し保持します。	1863051
電源コード	QX200 Droplet Generator を電源に接続します。 注： 交換については、バイオ・ラッドテクニカルサポートにお問い合わせください	お問い合わせ

Automated Droplet Generator システムのアクセサリ

表 46 には Automated Droplet Generator のアクセサリに関する情報が記載されています。

表 46 Automated Droplet Generator アクセサリ

構成品	説明	カタログ番号
クーリングブロック	Droplet 生成時の蒸発を防止	12002819
DG32 カートリッジ	サンプルと Droplet Generation オイルを混合するためのガスケット付きマイクロ流体カートリッジ	1864108 1864109
オイル廃液容器	Priming と洗浄からのオイル廃液を回収します。	お問い合わせ
電源コード	Automated Droplet Generator を電源に接続します。 注：交換については、バイオ・ラッドテクニカルサポートにお問い合わせください	お問い合わせ

ddPCR に使用する試薬消耗品

表 47 には Droplet Digital PCR に使用する試薬消耗品に関する情報が記載されています

表 47 Droplet Digital PCR に使用する試薬消耗品

構成品	説明	カタログ番号
96-well PCR plates	ddPCR 専用 96-well PCR plates	12001925
DG32 カートリッジ (AUTODG)	AutoDG で使用するサンプルと Droplet Generation オイルを混合するためのガスケット付きマイクロ流体カートリッジ	1864108 1864109
Rainin ピペット	20 μ l, サンプルローディング用 50 μ l, Droplet 操作用 8 連マルチチャンネル、200 μ l	L-20, L8-20 L-50, L8-50 L8-200
Rainin ピペットチップ	Rainin のフィルター付きピペットチップ	GP-L10F GP-L200F
ピペットチップ (AUTODG)	AutoDG 用専用ピペットチップ	1864120 1864121
ピペットチップ回収トレイ (AUTODG)	AutoDG 用ピペットチップ回収トレイ	1864125
ホイルシール	貫通可能な ddPCR 用ホイルプレートシール	1814040
プレートシーラー	PX1 PCR Plate Sealer	1814000

表 47 Droplet Digital PCR に使用する試薬消耗品の続き

構成品	説明	カタログ番号
Droplet Generation オイル	Droplet Generator オイル for Probe	1863005
	Automated Droplet Generation オイル for EvaGreen	1864112
	Automated Droplet Generation オイル for Probes	1864110
Buffer コントロール	QX200 Buffer Control Kit for EvaGreen	1864052
	QX200 Buffer Control Kit for Probes	1863052
Droplet Reader オイル	Droplet Reader オイル (2 x 1 L)	1863004
Droplet Reader 廃液 ボトル	空の Droplet Reader オイルボトルを使用して、読み取りから廃液を回収することができます。	NA
PCR Supermix		
注：これらの Supermix は、QX200 Droplet Generator と Automatic Droplet Generator の両方で使用できます。		
	QX200 ddPCR EvaGreen® supermix	1864033 2ml (2 x1ml)
	QX200 Droplet Generator を用いた核酸サンプル調製用	1864034 5ml (5 x1ml)
		1864035 25ml (25 x1ml)
		1864036 50ml (50 x1ml)
	ddPCR Supermix for Probes (no dUTP)	1863023 2ml (2 x1ml)
	2xSupermix、QX100 または QX200 Droplet Generator を用いた核酸サンプル調製用	1863024 5ml (5 x1ml)
		1863025 25ml (25 x1)
	ddPCR Supermix for Probes	1863026 2ml (2 x1ml)
	注：2xSupermix、QX100 または QX200 Droplet Generator でのサンプル前処理用	1863010 5ml (5 x1ml)
		1863027 25ml (25 x1ml)
		1863028 50ml (50 x1ml)

表 47 Droplet Digital PCR に使用する試薬消耗品の続き

構成品	説明	カタログ番号
	ddPCR Supermix for Residual DNA Quantification 注：2xSupermix、QX100 または QX200 Droplet Generator での Residual DNA 検出用	1864037 2ml (2 x1ml) 1864038 5ml (5 x1ml) 1864039 25ml (25 x1ml) 1864050 50ml (50 x1ml)
	One-step RT-ddPCR Advanced Kit for Probes 注：200 または 500 反應用の 2x RT-ddPCR Supermix、1 または 2 本のマンガナーセテートチューブを含む。	1864021 2ml (2 x1ml) 1864022 5ml (5 x1ml)
ddPCR 変異解析用マルチスクリーニングキット		
	ddPCR KRAS G12/G13 Screening Kit	1863506
	ddPCR KRAS Q61 Screening Kit	12001626
	ddPCR BRAF V600 Screening Kit	12001037
	ddPCR NRAS Q61 Screening Kit	12001006
	ddPCR NRAS G12 Screening Kit	12001094
	ddPCR NRAS G12/G13 Screening Kit	12001627
	ddPCR EGFR Exon 19 Deletions Screening Kit	12002392
	注：すべてのキットには、20 x マルチプレックスアッセイと 2xSupermix (no dUTP)が含まれています。	
ddPCR Residual DNA Quantification キット		
	ddPCR CHO Residual DNA Quantification キット	17000031
	ddPCR E. coli Residual DNA Quantification キット	17000032
	注：200 x 20ml 反応、20x CHO または大腸菌検出アッセイを含む Residual DNA 定量用 RDQ アッセイと 2x ddPCR Supermix を含む。	

表 47 Droplet Digital PCR に使用する試薬消耗品の続き

構成品	説明	カタログ番号
ddPCR Copy Number Determination キット		
	ddPCR SMN1 Copy Number Determination キット	1863500
	ddPCR SMN2 Copy Number Determination キット	1863503
	注: 200 反応用、20x でのアッセイを含む。2x ddPCR Supermix for Probes (No dUTP) およびポジティブコントロール付き。	
ddPCR Library 定量キット		
	ddPCR ライブラリ定量キット for Illumina TruSeq	1863040
	注: 200 反応、20x のプライマーおよびプローブのバイアル 1 本、2x ddPCR Supermix for Probes (No dUTP) およびポジティブコントロールを含む。	
ddPCR Genome Edit Detection アッセイ		
	ddPCR HDR Gene Edit Assay	12002312 100 rxns
	ddPCR HDR Gene Edit Assay	12002313 500 rxns
	ddPCR HDR Gene Edit Package	12003796 1,000 rxns
	ddPCR HDR Ref Assay, Predesigned	12003805 100 rxns
	ddPCR HDR Ref Assay, Predesigned	12003806 500 rxns
	ddPCR HDR Ref Package, Predesigned	12003793 1,000 rxns
	ddPCR NHEJ Gene Edit Assay	12002314 100 rxns
	ddPCR NHEJ Gene Edit Assay	12002315 500 rxns
	ddPCR NHEJ Gene Edit Package	12003794 1,000 rxns



バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社

ライフサイエンス www.bio-rad.com

本 社	〒140-0002	東京都品川区東品川 2-2-24	天王洲セントラルタワー	FAX: 03-5463-8480	TEL: 03-6361-7000
大阪営業所	〒532-0025	大阪市淀川区新北野 1-14-11	大阪新北野第一ビル	FAX: 06-6308-3064	TEL: 06-6308-6568

※学術のお問い合わせは、 Email: life_ps_jp@bio-rad.com FAX: 03-6404-0334 TEL: 03-6404-0331

M12507L 2010a