ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE

คู่มือผู้ใช้
เวอร์ชัน 2.3

REF

12014330
12014334
12014335
12014348
12014349
12016659
12016687

ปรับปรุงเนื้อหา: พฤษภาคม 2022
ปรับปรุงซอฟต์แวร์: 2.3

CE IVD

BIO-RAD

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

คู่มือผู้ใช้

เวอร์ชัน 2.3

BIO-RAD

การสนับสนุนทางเทคนิคของ Bio-Rad™

ฝ่ายสนับสนุนทางเทคนิคของ Bio-Rad ในสหรัฐอเมริกา เปิดให้บริการวันจันทร์ถึงวันศุกร์ เวลา 5:00 น. ถึง 17:00 น. ตามเวลาแปซิฟิก

โทรศัพท์: 1-800-424-6723 กด 2

อีเมล: Support@bio-rad.com (สหรัฐอเมริกา/แคนาดาเท่านั้น)

หากต้องการความช่วยเหลือด้านเทคนิคภายนอกสหรัฐอเมริกาและแคนาดา โปรดติดต่อสำนักงานให้การสนับสนุนด้านเทคนิคในพื้นที่ของคุณ หรือคลิกลิงก์ Contact us (ติดต่อเรา) ที่ bio-rad.com

ประกาศ

ห้ามทำซ้ำหรือเผยแพร่ส่วนใดก็ตามในเอกสารนี้ในรูปแบบใด ๆ หรือด้วยวิธีการใด ๆ ทั้งทางอิเล็กทรอนิกส์และทางกล รวมถึงการทำสำเนา การบันทึก หรือระบบจัดเก็บหรือเรียกค้นข้อมูลใด ๆ โดยไม่ได้รับอนุญาตเป็นลายลักษณ์อักษรจาก Bio-Rad Laboratories, Inc.

Bio-Rad ขอสงวนสิทธิ์ในการปรับเปลี่ยนผลิตภัณฑ์และบริการของบริษัทได้ทุกเมื่อ คู่มือนี้อาจเปลี่ยนแปลงได้โดยไม่ต้องแจ้งให้ทราบล่วงหน้า แม้ว่าเอกสารนี้จะจัดทำขึ้นเพื่อความมั่นใจถึงความถูกต้อง ทว่า Bio-Rad จะไม่รับผิดชอบต่อข้อผิดพลาดหรือการละเว้น หรือความเสียหายใด ๆ ที่เกิดจากการนำไปใช้หรือการใช้ข้อมูลนี้

BIO-RAD เป็นเครื่องหมายการค้าของ Bio-Rad Laboratories, Inc.

SYBR เป็นเครื่องหมายการค้าของ Thermo Fisher Scientific Inc.

EvaGreen เป็นเครื่องหมายการค้าของ Biotium, Inc.

เครื่องหมายการค้าทั้งหมดที่ใช้ในที่นี้เป็นทรัพย์สินของเจ้าของที่เกี่ยวข้อง

Copyright © 2022 โดย Bio-Rad Laboratories, Inc. สงวนสิทธิ์ทุกประการ

วัตถุประสงค์การใช้งาน

CFX Opus Dx Real-Time PCR System™ with ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition™ มีวัตถุประสงค์เพื่อดำเนินการ PCR แบบใช้สารเรืองแสงเพื่อตรวจจับและกักกันลำดับพันธุกรรมของกรดนิวคลีอิก ระบบและซอฟต์แวร์มีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ในการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกายโดยช่างเทคนิคทางห้องปฏิบัติการที่ผ่านการฝึกอบรม ระบบนี้มีไว้เพื่อใช้กับการทดสอบกรดนิวคลีอิกของบุคคลที่สาม ซึ่งได้รับการผลิตและติดฉลากไว้ว่าเพื่อวัตถุประสงค์ในการวินิจฉัย

ความหมายตราสัญลักษณ์

ผู้ผลิต	หมายเลขล็อต
ใช้โดย	สำหรับใช้ในการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย
ขีดจำกัดอุณหภูมิ	หมายเลขแค็ตตาล็อก
ดูคำแนะนำในการใช้งาน	จำนวนการทดสอบ
สำหรับใช้กับ	หมายเลขซีเรียล
Rx Only ใช้ตามใบสั่งแพทย์เท่านั้น	ประกอบด้วยน้ำยาง

CE เครื่องหมาย CE - กฎระเบียบ (EU) 2017/746 IVDR	

การแปล

เอกสารเกี่ยวกับผลิตภัณฑ์อาจมีให้บริการในภาษาอื่นบนสื่ออิเล็กทรอนิกส์

ประวัติการแก้ไข

เอกสาร	วันที่	คำอธิบายการเปลี่ยนแปลง
คู่มือผู้ใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition เวอร์ชัน 2.0 (Doc ID #10000135651)	ธันวาคม 2020	เวอร์ชัน A เปิดตัวครั้งแรก
คู่มือผู้ใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition เวอร์ชัน 2.3 (Doc ID #10000135651)	พฤษภาคม 2022	■ อัปเดตให้รองรับ CFX Opus Deepwell Dx ■ ตารางพจนานุกรมสัญลักษณ์ที่อัปเดต ■ พิ่มบันทึกความปลอดภัยทางไซเบอร์ในการแนะนำ

สารบัญ

วัตถุประสงค์การใช้งาน iii
ความหมายตราสัญลักษณ์ iii
การแปล iv
ประวัติการแก้ไข v

การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ 17
ป้ายเตือนด้านความปลอดภัย 17
การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ 19
การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัย 19
ความเข้ากันได้ทางแม่เหล็กไฟฟ้า (EMC) 20
คำเตือนและหมายเหตุของ EMC 21
ข้อกำหนดเกี่ยวกับสภาพแวดล้อม 22
อันตราย 23
อันตรายทางชีวภาพ 23
อันตรายทางเคมี 24
อันตรายจากการระเบิดหรือเพลิงไหม้ 24
อันตรายทางไฟฟ้า 24
การขนส่ง 25
แบตเตอรี่ 25
การกำจัดของเสีย 25
การรับประกัน 25

บทที่ 1 บทนำ 27
คุณสมบัติหลักของซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 29
ค้นหาข้อมูลเพิ่มเติม 29

บทที่ 2 การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 31
ข้อกำหนดของระบบ 32
การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE 33
การตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ 34
ไฟล์ซอฟต์แวร์ 35

บทที่ 3 การจัดการบัญชีผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 37
การเริ่มต้นใช้งาน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 38
การเพิ่มผู้ใช้ Microsoft Windows ในคอมพิวเตอร์ที่มีซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 40
การเพิ่มและลบผู้ใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 42
การจัดการบทบาทของผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 43
การดูบทบาทและสิทธิ์ของคุณ 44
บทที่ 4 การใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 45
ไฟล์ที่ปลอดภัย 45
บทที่ 5 พื้นที่ทำงาน 55
หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) 56
Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) 57
หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 58
หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 59
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 60
บทที่ 6 หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) 61
หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) 62
คำสั่งเมนูไฟล์ 63
คำสั่งเมนูดู 63
คำสั่งเมนูผู้ใช้ 64
คำสั่งเมนูการทดสอบ 64
คำสั่งเมนูเครื่องมือ 65
คำสั่งเมนูช่วยเหลือ 66
คำสั่งแถบเครื่องมือ 66
Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) 68
แถบสถานะ 68
บานหน้าต่างเครื่องมือที่ตรวจพบ 69
การดูคุณสมบัติของเครื่องมือ 72
ก่อนที่คุณจะเริ่ม 73
การสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยา 73
การสอบเทียบสารย้อมสีใหม่ 75
การตั้งค่า User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) 78
บทที่ 7 การสร้างโปรโตคอล 95
พารามิเตอร์และช่วงต่าง ๆ สำหรับขั้นตอนโปรโตคอล 96

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 98
คำสั่งเมนูไฟล์ 98
คำสั่งเมนูการตั้งค่า 99
คำสั่งเมนูเครื่องมือ 99
คำสั่งแถบเครื่องมือ 99
Protocol Editing Controls (การควบคุมการแก้ไขโปรโตคอล) 100
การสร้างโปรโตคอลใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 103
การเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 103
การเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 104
การตั้งค่าโปรโตคอลใหม่ 105
การเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล 108
การแทรกขั้นการไล่ระดับอุณหภูมิ 109
การแทรกขั้นตอน GOTO 110
การแทรกขั้นตอน Melt Curve 110
การเพิ่มหรือการนำขั้นตอนการอ่านเพลตออก 112
การเปลี่ยนตัวเลือกขั้นตอน 112
การลบขั้นตอน 113
การคัดลอก การส่งออก หรือการพิมพ์โปรโตคอล 113
การสร้างโปรโตคอลด้วยระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ 114
การใช้เครื่องคำนวณ Ta 116
เกี่ยวกับเครื่องคำนวณ Ta 116

บทที่ 8 การเตรียมเพลต 121

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 122
คำสั่งเมนูไฟล์ 122
คำสั่งเมนูการแก้ไข 123
คำสั่งเมนูการตั้งค่า 123
คำสั่งเมนูเครื่องมือการแก้ไข 123
คำสั่งแถบเครื่องมือ 124
การสร้างไฟล์เพลตโดยใช้ตัวแก้ไขเพลต 125
การเปิดไฟล์เพลตใหม่ในตัวแก้ไขเพลต 125
การเปิดไฟล์เพลตที่มีอยู่ในตัวแก้ไขเพลต 127
การตั้งค่าไฟล์เพลตใหม่ 128
การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต 135
การกำหนดเป้าหมายให้หลุม 135

การกำหนดชื่อตัวอย่างให้หลุม 137
การกำหนดชุดกลุ่มชีวภาพให้หลุม 139
การกำหนดหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิคให้หลุม 141
การกำหนดชุดเจือจางให้กับประเภทตัวอย่างมาตรฐาน 142
การคัดลอกสารในหลุมไปยังหลุมอื่น 143
การเพิ่มบันทึกสำหรับหลุม 144
การเคลียร์สารทั้งหมดออกจากหลุม 144
การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ 146
การสร้างกลุ่มหลุม 149
การเปลี่ยนลักษณะการติดตาม 151
การดู การส่งออก และการนำเข้าเพลตในรูปแบบสเปรดชีต 153
การสร้างเค้าโครงเพลตโดยใช้ตัวช่วยการตั้งค่าเพลต 155
การใช้ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต 155
บทที่ 9 การดำเนินการทดสอบ 159
หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) 160
การเข้าสู่หน้าต่างการตั้งค่าการทดสอบ 161
แท็บ Protocal (โปรโตคอล) 162
แท็บเพลต 164
แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) 167
การดำเนินการทดสอบ 168
กล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) 170
แท็บสถานะการทดสอบ 170
แท็บสถานะเรียลไทม์ 173
แท็บ Time Status (สถานะเวลา) 176
การดำเนินการทดสอบ PrimePCR 177
การถ่ายโอนข้อมูลสแตนด์อะโลนเพื่อการวิเคราะห์ 179
การถ่ายโอนข้อมูลผ่านอีเมล 179
การถ่ายโอนข้อมูลจาก CFX Opus Dx Real-Time PCR System 179
การถ่ายโอนข้อมูลผ่าน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 181
การถ่ายโอนข้อมูลโดยใช้ไดรฟ์ USB 181
การถ่ายโอนข้อมูลผ่านไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันโดยใช้ CFX Opus Dx Real-Time PCR System 182
การสร้างไฟล์ข้อมูล 182
บทที่ 10 ภาพรวมการวิเคราะห์ข้อมูล 183
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 183

แถบเครื่องมือ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 184
แถบเมนูการวิเคราะห์ข้อมูล 185
รายละเอียดแท็บ 188
ตัวเลือกหมายเลขขั้นตอน 188
การดูกลุ่มหลุมในการวิเคราะห์ข้อมูล 189
การเปลี่ยนสารในหลุมหลังจากทำการทดสอบ 189
การตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูล 190
การปรับขีดจำกัด 190
การตั้งค่าพื้นฐาน 190
Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์) 191
จำนวนรอบที่จะวิเคราะห์ 192
ตัวเลือกหลุม 193
รายการเมนูคลิกขวาตัวเลือกหลุม 194
การแยกช่องออกจากการวิเคราะห์ชั่วคราว 195
แผนภูมิ 196
เครื่องมือแผนภูมิ 196
การขยายพื้นที่ในแผนภูมิ 204
การคัดลอกแผนภูมิลงในไฟล์ Microsoft 204
รายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ 204
สเปรดชีต 206
รายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับสเปรดชีต 206
Export (ส่งออก) 208
การส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด 208
การส่งออกไฟล์ RDML 209
การสร้างไฟล์ส่งออกที่กำหนดเอง 210
ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS 211
การส่งออกข้อมูลที่จัดรูปแบบ Seegene 211
บทที่ 11 รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล 213
แท็บ Quantification (การหาปริมาณ) 214
ตัวเลือกสารเรืองแสง 214
กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) 215
ตัวเลือก Log Scale (ขนาดการบันทึก) 216
แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน 217
ตัวเลือกเมนูแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ 218

สเปรดชีตแท็บการหาปริมาณ 218
แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ) 220
สเปรดชีตผลการทดสอบ 220
สเปรดชีตผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐาน 222
สเปรดชีตเพลต 223
สเปรดชีต RFU 224
แท็บ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) 225
การปรับข้อมูล Melt Curve 227
แท็บข้อมูล Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) 228
สเปรดชีต Melt Peak 228
สเปรดชีตซีตเพลต 229
สเปรดชีต RFU 230
สเปรดชีต -d(RFU)/dT 231
แท็บจุดสิ้นสุด 232
Results Data (ข้อมูลผลลัพธ์) 233
การปรับการวิเคราะห์ข้อมูลจุดสิ้นสุด 234
สเปรดชีต RFU สำหรับการวิเคราะห์จุดสิ้นสุด 234
แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล) 235
การปรับข้อมูลสำหรับการแยกอัลลีล 236
ตัวเลือกเมนูแผนภูมิ 237
สเปรดชีตการแยกอัลลีล 237
แท็บ Custom Data View (มุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง) 238
การสร้างมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง 239
แท็บ QC (การควบคุมคุณภาพ) 240
การเปลี่ยนเกณฑ์การควบคุมคุณภาพ 240
การแยกหลุมที่ไม่ผ่านการควบคุมคุณภาพออก 241
แท็บ Run Information (ข้อมูลการทดสอบ) 242
รายงานการวิเคราะห์ข้อมูล 243
ประเภทรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล 244
การสร้างรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล 247
การสร้างรายงานกลุ่มช่อง 248
บทที่ 12 การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน 249
การตั้งค่าเพลตสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน 249
การตั้งค่าเพลตที่แนะนำ 250

แผนภูมิการแสดงออกของยีน 251
Graphing (การเขียนกราฟ) 252
การเปลี่ยนและการทำหมายเหตุประกอบมุมมองแผนภูมิ 254
การปรับข้อมูลการแสดงออกของยีน 259
การตั้งค่าการทดสอบ 261
ตัวเลือกเมนูคลิกขวา 262
สเปรดชีตข้อมูล 263
ตัวเลือกการแสดงรายละเอียด 265
Clustergram (คลัสเตอร์แกรม) 268
การตั้งค่า 268
ตัวเลือกเมนูคลิกขวา 268
สเปรดชีตข้อมูล 268
แผนภาพกระจาย 269
การตั้งค่า 269
ตัวเลือกเมนูคลิกขวา 269
สเปรดชีตข้อมูล 270
สเปรดชีตผลการทดสอบ 271
การศึกษายีน 272
การสอบเทียบระหว่างการทดสอบ 272
กล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน) 273
แท็บการตั้งค่าการศึกษา 273
การเตรียมการศึกษายีน 274
แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) 275
ประเภทรายงานการศึกษายีน 276
การสร้างรายงานการศึกษายีน 278
ภาคผนวก A การคำนวณการวิเคราะห์ข้อมูล 279
ค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา 279
Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) 279
ปริมาณสัมพัทธ์เมื่อมีการเลือกตัวควบคุม 280
ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์ 280
ประสิทธิภาพที่แก้ไข Cq (CqE) 281
ค่าเฉลี่ยประสิทธิภาพที่แก้ไข Cq (MCqE) 281
การปรับระดับการแสดงออกของยีน 282
การแสดงออกของยีนเชิงปริมาณสำหรับกลุ่มตัวอย่างชีวภาพ 283

การปรับระดับการแสดงออกของยีนเมื่อมีการเลือกตัวควบคุม 283
ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการปรับระดับการแสดงออกของยีน 284
ปรับนิพจน์บรรทัดฐานเป็นระดับการแสดงออกเฉลี่ย 285
ปรับการปรับระดับการแสดงออกของยีนเป็นระดับการแสดงออกต่ำสุด 285
ปรับขนาดการแสดงออกบรรทัดฐานเป็นระดับการแสดงออกเฉลี่ย 285
ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐานที่มีการปรับขนาด 286
แถบแสดงข้อผิดพลาดสำหรับค่าการเบี่ยงเบนมาตรฐาน (lg) และข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย (lg) 287
สัดส่วนการเปลี่ยนแปลง 288
สูตรการคำนวณค่าที่ถูกต้อง 289
การคำนวณช่วงความเชื่อมั่นสำหรับการวิเคราะห์กลุ่มชีวภาพ 290
การคำนวณแผนภูมิ Box and Whisker 290

ภาคผนวก B เส้นทางการตรวจสอบ 293

การดูเส้นทางการตรวจสอบ 293
กิจกรรมที่ตรวจสอบได้ 295

ภาคผนวก C การผสานการทำงานร่วมกับระบบ LIMS 299

การสร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้ 299
การตั้งค่าโฟลเดอร์ LIMS และตัวเลือกการส่งออกข้อมูล 299
การสร้างโปรโตคอลระบบ LIMS 301
การสร้างไฟล์ LIMS 301
การเริ่มการทดสอบ LIMS 305
การส่งออกข้อมูลไปยังระบบ LIMS 306

ภาคผนวก D การแก้ไขปัญหา ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition 307

ทำรายการไฟล์และโฟลเดอร์ของ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ที่ปลอดภัย 307
บันทึกการใช้งาน 308
การเรียกไฟล์บันทึกแอปพลิเคชันและเฟิร์มแวร์ 309
การแก้ไขปัญหา 309
ไฟฟ้าขัดข้อง 309
การโอนไฟล์ไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE 309
การติดตั้ง ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ด้วยตนเอง 310
การติดตั้งไดรเวอร์อีกครั้ง 310

ภาคผนวก E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products 311

Software Notices 312
ZedGraph 312

Standard Open License Text 312
LGPL-2.1 312
ภาคผนวก F เอกสารอ้างอิง 325

การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ

CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR system (เรียกในคู่มือนี้ว่า CFX Opus Dx system) ให้ความร้อนและเย็นเร็วมากในระหว่างการทำงาน เพื่อการทำงานที่ปลอดภัยของระบบ PCR แบบเรียลไทม์ Bio-Rad ขอแนะนำอย่างยิ่งให้คุณปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยที่ระบุไว้ในส่วนนี้และตลอดทั้งคู่มือนี้

ป้ายเตือนด้านความปลอดภัย

ป้ายเตือนที่แปะบนเครื่อง CFX Opus Dx system รวมถึงในคู่มือฉบับนี้จะเตือนคุณเกี่ยวกับที่มาอันจะก่อให้เกิดการบาดเจ็บหรือเป็นอันตราย ตาราง 1 ระบุป้ายเตือนด้านความปลอดภัยแต่ละรายการ

ตาราง 1 คำเตือนด้านความปลอดภัยทั่วไป

ไอคอน	ความหมาย
	การใช้งาน CFX Opus Dx system ก่อนอ่านคู่มือนี้อาจก่อให้เกิดอันตรายจากการบาดเจ็บต่อตัวบุคคล การใช้เครื่องมือนี้ในลักษณะที่ไม่ได้ระบุไว้ในคู่มือนี้หรือระบุโดย Bio-Rad อาจส่งผลให้คุณลักษณะการป้องกันของเครื่องมือบกพร่องหรือปิดใช้งาน
   	ตัวเครื่อง CFX Opus Dx system ไม่มีอันตรายทางชีวภาพหรือกัมมันตภาพรังสี อันตรายดังกล่าวจะเป็นปัญหาเฉพาะเมื่อนำไปใช้งานในระบบผ่านทางสารตัวอย่างที่จะทดสอบ เมื่อจัดการสารตัวอย่างที่มีอันตรายทางชีวภาพหรือสารกัมมันตภาพรังสี ให้ปฏิบัติตามข้อควรระวังและแนวทางที่แนะนำเฉพาะสำหรับห้องปฏิบัติการและสถานที่ของคุณ คำแนะนำเหล่านี้จะรวมถึงวิธีการทำความสะอาด การตรวจสอบ และวิธีการกำจัดวัสดุอันตรายที่คุณกำลังใช้งาน นอกจากนี้ ตามที่ระบุไว้ข้างต้น ยังคงมีความเสี่ยงต่อการระเบิด การขับของเหลว หรือการระเหยออกจากภาชนะบรรจุตัวอย่าง เมื่อทำงานกับวัสดุที่เป็นอันตราย ความเสี่ยงต่อการบาดเจ็บจากวัสดุที่ถูกขับออกมาประกอบกับความเสี่ยงของวัสดุที่เป็นอันตรายอาจกระจายอยู่ภายในและรอบเครื่องมือ ผู้ใช้ควรใช้มาตรการป้องกันที่เหมาะสม

ตาราง 1 คำเตือนด้านความปลอดภัยทั่วไปต่อ

ไอคอน	ความหมาย
	CFX Opus Dx system ทำงานที่อุณหภูมิที่สูงพอที่จะทำให้เกิดการไหม้อย่างรุนแรง รอให้บล็อกตัวอย่างกลับไปยังอุณหภูมิห้องก่อนการเปิดฝาและนำตัวอย่างออกเสมอ แม้ว่าบล็อกตัวอย่างจะเย็นลงแล้ว แต่บริเวณรอบ ๆ รวมทั้งแผ่นทำความร้อนก็อาจยังคงร้อนอยู่ได้ในระยะหนึ่ง ในสถานการณ์ที่ไม่มีเวลาเพียงพอที่จะปล่อยให้เครื่องมือเย็นลง ขอแนะนำให้ใช้อุปกรณ์ป้องกันเช่นถุงมือกันความร้อนหรือ "ถุงมือสำหรับใช้กับเตาอบ"
	ความปลอดภัยและประสิทธิภาพของระบบใด ๆ ที่ใช้ร่วมกับ CFX Opus Dx system ถือเป็นความรับผิดชอบของผู้ประกอบเครื่องแต่เพียงผู้เดียว
	CFX Opus Dx system อาจร้อนเพียงพอในระหว่างการทำงานปกติเพื่อทำให้ของเหลวในตัวอย่างเดือดหรือกลายเป็นไอ และมีแรงดันต่อภาชนะบรรจุตัวอย่าง มีความเป็นไปได้ที่ภาชนะบรรจุตัวอย่างอาจเสียหาย นำไปสู่การรั่วไหล การพ่นของเหลว หรือการแตกระเบิดและการขับไอน้ำหรือของเหลวภายในและรอบ ๆ เครื่องมือ ผู้ใช้ควรใช้งานเครื่องมือโดยปิดฝาครอบหรือสวมแว่นตานิรภัย ถุงมือกันความร้อน และอุปกรณ์ป้องกันส่วนบุคคลอื่น ๆ ในระหว่างการใช้งานเพื่อหลีกเลี่ยงการบาดเจ็บ การเปิดเครื่องมือในขณะที่สารตัวอย่างยังร้อนอยู่ เช่น หลังจากยกเลิกการทดสอบ อาจทำให้ภาชนะที่มีแรงดันเกิดรั่วไหล พ่นหรือพุ่งของเหลว ปล่อยให้ตัวอย่างเย็นก่อนเปิดฝาครอบเสมอ ผู้ใช้ไม่ควรทดสอบปฏิกิริยาโดยที่ฝาหรือซีลผนึกเปิดอยู่ หลวม เป็นรู หรือเสียหาย เพราะจะเพิ่มโอกาสที่จะเกิดการแตกหรือระเบิดที่เป็นอันตรายได้ ผู้ใช้ไม่ควรทดสอบปฏิกิริยากับสารทำปฏิกิริยาที่ระเหยได้ซึ่งอาจเพิ่มโอกาสที่จะเกิดการแตกหรือระเบิดที่เป็นอันตรายได้

การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ

การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัย

CFX Opus Dx system ได้รับการทดสอบและพบว่าเป็นไปตามข้อกำหนดที่เกี่ยวข้องทั้งหมดของมาตรฐานด้านความปลอดภัยและแม่เหล็กไฟฟ้าต่างๆ ดังนี้:

- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย IEC 61010-1:2010 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย IEC 61010-2-010:2019 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-010: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการสำหรับการให้ความร้อนวัสดุ
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย IEC 61010-2-081:2019 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-081: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการแบบอัตโนมัติและกึ่งอัตโนมัติสำหรับการวิเคราะห์และวัตถุประสงค์อื่น ๆ
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย IEC 61010-2-101:2018 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-101: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)

- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-1-12:2018 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-2-010:19 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ส่วนที่ 2-010: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการสำหรับการให้ความร้อนวัสดุ
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-2-081:19 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ส่วนที่ 2-081: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการแบบอัตโนมัติและกึ่งอัตโนมัติสำหรับการวิเคราะห์และวัตถุประสงค์อื่น ๆ
- CSA-C22.2 NO. 61010-2-101:19 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-101: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)

- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย EN 61010-1:2010 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย EN 61010-2-010:2014 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-010: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการสำหรับการให้ความร้อนวัสดุ

- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย EN 61010-2-081:2015 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-081: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการแบบอัตโนมัติและกึ่งอัตโนมัติสำหรับการวิเคราะห์และวัตถุประสงค์อื่น ๆ
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย EN 61010-2-101:2017 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-101: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)

- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย UL 61010-1:2012 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย UL 61010-2-010:2019 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-010: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการสำหรับการให้ความร้อนวัสดุ
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย UL 61010-2-081:2019 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-081: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการแบบอัตโนมัติและกึ่งอัตโนมัติสำหรับการวิเคราะห์และวัตถุประสงค์อื่น ๆ
- ข้อกำหนดด้านความปลอดภัย UL 61010-2-101:19 สำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ส่วนที่ 2-101: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)

ความเข้ากันได้ทางแม่เหล็กไฟฟ้า (EMC)

CFX Opus Dx system ได้รับการทดสอบและพบว่าเป็นไปตามข้อกำหนดที่เกี่ยวข้องทั้งหมดของมาตรฐานด้านแม่เหล็กไฟฟ้าต่าง ๆ ดังนี้:

- IEC 61326-1:2012 อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ข้อกำหนด EMC — ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป ผ่านการทดสอบเป็นอุปกรณ์คลาส A
- IEC 61326-2-6:2012 อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ข้อกำหนด EMC — ส่วนที่ 2–6: ข้อกำหนดเฉพาะของอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)
- EN 61326-1:2013 อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ข้อกำหนด EMC — ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป ผ่านการทดสอบเป็นอุปกรณ์คลาส A
- EN 61326-2:-6:2013 อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ — ข้อกำหนด EMC — ส่วนที่ 2–6: ข้อกำหนดเฉพาะของอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)
- FCC ส่วนที่ 15 ส่วนย่อย B ส่วน 15.107 และ 15.109 ผ่านการทดสอบเป็นอุปกรณ์ดิจิทัลคลาส A
- CAN ICES-003v6:2019 การรบกวนที่ก่อให้เกิดมาตรฐานอุปกรณ์ อุปกรณ์เทคโนโลยีสารสนเทศ (รวมถึงอุปกรณ์ดิจิทัล) — ข้อจำกัดและวิธีการวัด ผ่านการทดสอบถึงขีดจำกัดคลาส A

คำเตือนและหมายเหตุของ EMC

- **คำเตือน:** การเปลี่ยนแปลงหรือแก้ไขเครื่องนี้ ไม่ได้รับการรับรองอย่างชัดเจนโดย Bio-Rad จึงสามารถเพิกถอนสิทธิ์การใช้เครื่องมือของผู้ใช้ได้
- **หมายเหตุ:** เครื่องมือนี้ได้รับการทดสอบและพบว่าเป็นไปตามขีดจำกัดสำหรับอุปกรณ์ดิจิทัลคลาส A ตามที่ระบุในส่วนที่ 15 ของข้อกำหนด FCC ขีดจำกัดเหล่านี้ออกแบบมาเพื่อป้องกันอันตรายที่เกิดจากสัญญาณรบกวนขณะที่มีการใช้งานเครื่อง เครื่องมือนี้สร้าง ใช้ และสามารถแผ่พลังงานคลื่นความถี่วิทยุ ซึ่งหากไม่ได้ติดตั้งและใช้งานตามคู่มือการใช้งาน อาจเกิดอันตรายจากสัญญาณคลื่นวิทยุ การทำงานของอุปกรณ์นี้ในบริเวณที่พักอาศัยมีแนวโน้มที่จะก่อให้เกิดการรบกวนที่เป็นผลเสีย ซึ่งในกรณีนี้ผู้ใช้จะต้องรับผิดชอบแก้ไขการรบกวนดังกล่าวด้วยตนเอง
- **หมายเหตุเกี่ยวกับการปฏิบัติตามข้อกำหนด FCC:** แม้ว่าเครื่องมือนี้ได้รับการทดสอบและพบว่าเป็นไปตามส่วนที่ 15 ส่วนย่อย B ของข้อกำหนด FCC สำหรับอุปกรณ์ดิจิทัลคลาส A แต่โปรดทราบว่าการปฏิบัติตามข้อกำหนดนี้เป็นไปโดยสมัครใจ เนื่องจากเครื่องมือดังกล่าวเป็น “อุปกรณ์ที่ได้รับการยกเว้น” ภายใต้ 47 CFR 15.103(c) เกี่ยวกับข้อกำหนด FCC ที่อ้างถึงซึ่งมีผลบังคับใช้ ณ เวลาที่ผลิต
- **หมายเหตุเกี่ยวกับสายเคเบิล:** เครื่องมือนี้ได้รับการทดสอบว่าเป็นไปตามข้อกำหนด EMC โดยใช้สาย USB ที่ออกแบบมาเป็นพิเศษซึ่งมาพร้อมกับเครื่องมือ จะต้องใช้สายเคเบิลเหล่านี้หรืออะไหล่ทดแทนที่ได้รับอนุญาตของ Bio-Rad กับเครื่องมือนี้เพื่อให้แน่ใจว่าสอดคล้องกับขีดจำกัดการปล่อยแม่เหล็กไฟฟ้าตามข้อกำหนด EMC อย่างต่อเนื่อง

ข้อกำหนดเกี่ยวกับสภาพแวดล้อม

CFX Opus Dx system ได้รับการออกแบบมาให้ใช้งานได้อย่างปลอดภัยภายใต้สภาวะแวดล้อมที่ระบุไว้ในตารางดังต่อไปนี้

ตาราง 2 CFX Opus Dx Real-Time PCR System ข้อกำหนดเกี่ยวกับสภาพแวดล้อม

พารามิเตอร์	ข้อมูลจำเพาะ
สภาพแวดล้อม	ใช้ภายในอาคารเท่านั้น
ระดับความสูงในการปฏิบัติงาน	ไม่เกิน 2,000 เมตรเหนือระดับน้ำทะเล
อุณหภูมิห้องโดยรอบ	15–31°C*
อุณหภูมิการขนส่งและการเก็บรักษา	–20° ถึง 60°C** –4 ถึง 140°F
ความชื้นสัมพัทธ์	20% ถึง 80% (ไม่ควบแน่น)***
พลังงานที่ใช้	สูงสุด 100 ถึง 240 โวลต์กระแสสลับ ±10%, 50–60 เฮิรตซ์, 850 วัตต์
ความผันผวนของแรงดันไฟหลักที่จ่าย	±10%
การใช้ไฟฟ้าสูงสุด	<850 วัตต์
ฟิวส์	10 A, 250 V, 5 x 20 มม., แบบขาดเร็ว (จำนวน 2)
หมวดหมู่แรงดันไฟฟ้าเกิน	II
ระดับมลพิษ	2

*การใช้งานเครื่องมือนอกเหนือจากช่วงอุณหภูมินี้อาจไม่เป็นไปตามข้อกำหนดด้านประสิทธิภาพ ช่วงอุณหภูมิห้องระหว่าง 5–40°C นับว่าปลอดภัย

**จัดเก็บและขนส่งเครื่องมือในบรรจุภัณฑ์สำหรับขนส่งเพื่อให้เป็นไปตามสภาวะอุณหภูมิเหล่านี้

***ควรจำกัดการใช้งานเครื่องมือที่อุณหภูมิ 4ºC ไว้ที่ 18 ชั่วโมงที่สภาวะเหล่านี้ สามารถเก็บที่อุณหภูมิ 4ºC ได้นาน 72 ชั่วโมง หากความชื้นน้อยกว่า 60% (ไม่มีการควบแน่น)

อันตราย

CFX Opus Dx system เป็นระบบที่ได้รับการออกแบบมาให้ทำงานอย่างปลอดภัยเมื่อใช้งานในลักษณะที่ผู้ผลิตกำหนด หากระบบหรือส่วนประกอบใด ๆ ที่เกี่ยวข้องถูกใช้ในลักษณะที่ไม่ได้ระบุโดยผู้ผลิต การป้องกันโดยธรรมชาติของเครื่องมือนั้นอาจลดลง Bio-Rad จะไม่รับผิดชอบต่อการบาดเจ็บหรือความเสียหายที่เกิดจากการใช้อุปกรณ์นี้ในลักษณะที่ไม่ได้ระบุแนะนำหรือโดยการดัดแปลงเครื่องมือที่ไม่ได้ดำเนินการโดย Bio-Rad หรือตัวแทนที่ได้รับอนุญาต บริการของ CFX Opus Dx system ควรได้รับการดำเนินการโดยบุคลากรที่ผ่านการฝึกอบรม จาก Bio-Rad เท่านั้น

อันตรายทางชีวภาพ

CFX Opus Dx system เป็นผลิตภัณฑ์สำหรับห้องปฏิบัติการ อย่างไรก็ตาม หากมีการใช้งานสารตัวอย่างที่มีอันตรายทางชีวภาพ ให้ปฏิบัติตามแนวทางต่อไปนี้และดำเนินการตามแนวทางภายในเฉพาะห้องปฏิบัติการและสถานที่ของคุณ

หมายเหตุ: การใช้งานในสภาวะปกติ เครื่องนี้จะไม่มีการปล่อยสารอันตรายทางชีวภาพ

ข้อควรระวังทั่วไป

- สวมเสื้อกาวน์และถุงมือสำหรับห้องปฏิบัติการ รวมถึงแว่นครอบตาหรือแว่นตานิรภัยที่ป้องกันด้านข้างอยู่เสมอ
- ไม่ใช้มือแตะปาก จมูก และดวงตา
- ปกปิดบาดหรือรอยถลอกให้สนิทก่อนทำงานกับวัสดุที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อได้
- หลังจากทำงานกับวัสดุใด ๆ ที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อ ให้ล้างมือด้วยสบู่และน้ำให้สะอาดก่อนออกจากห้องปฏิบัติการ
- ถอดนาฬิกาข้อมือและเครื่องประดับออกก่อนทำงานที่โต๊ะปฏิบัติการ
- เก็บวัสดุติดเชื้อหรือวัสดุที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อไว้ในภาชนะที่ปิดสนิทและกันการรั่วไหล
- ถอดชุดป้องกันออกก่อนที่จะออกจากห้องปฏิบัติการ
- ห้ามใช้มือที่ใส่ถุงมือ เขียน รับโทรศัพท์ เปิดปิดสวิตช์ไฟ หรือสัมผัสสิ่งใดที่ผู้อื่นที่ไม่ได้สวมถุงมืออาจสัมผัสได้
- เปลี่ยนถุงมือบ่อย ๆ ถอดถุงมือทันทีที่เห็นว่ามีการเปื้อน
- ห้ามนำวัสดุที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อมาสัมผัสกับวัสดุที่ไม่สามารถกำจัดการปนเปื้อนได้
- เมื่อเสร็จสิ้นการดำเนินการที่เกี่ยวข้องกับวัสดุที่เป็นอันตรายทางชีวภาพแล้ว ให้ขจัดสิ่งปนเปื้อนในพื้นที่การทำงานด้วยสารฆ่าเชื้อโรคที่เหมาะสม (ตัวอย่างเช่น น้ำยาฟอกขาวในครัวเรือนเจือจางให้มีความเข้มข้น 1:10)

การกำจัดการปนเปื้อนบนพื้นผิว

คำเตือน! เพื่อป้องกันไฟฟ้าช็อต ให้ปิดเครื่องและดึงปลั๊กออกจากเครื่องก่อนที่จะปฏิบัติตามขั้นตอนการกำจัดการปนเปื้อน

พื้นที่ต่อไปนี้สามารถทำความสะอาดได้ด้วยน้ำยาฆ่าเชื้อแบคทีเรีย น้ำยาฆ่าเชื้อไวรัส หรือน้ำยาฆ่าเชื้อราในโรงพยาบาล

- ฝาครอบด้านนอกและโครงตัวเครื่อง
- พื้นผิวบล็อกตัวอย่างภายในและหลุมบล็อกตัวอย่าง
- แผงควบคุมและจอแสดงผล

โปรดดูคำแนะนำจากผู้ผลิตผลิตภัณฑ์เพื่อเตรียมและใช้น้ำยาฆ่าเชื้อโรค ควรล้างบล็อกตัวอย่างและหลุมบล็อกตัวอย่างให้สะอาดด้วยน้ำหลาย ๆ ครั้งหลังจากที่ใช้น้ำยาฆ่าเชื้อ หลังจากล้างบล็อกตัวอย่างและหลุมบล็อกตัวอย่างด้วยน้ำแล้ว ให้เช็ดให้แห้งสนิท

สำคัญ: ห้ามใช้สารทำความสะอาดที่มีฤทธิ์กัดกร่อนหรือสารละลายที่มีความเป็นด่างรุนแรง สารเหล่านี้อาจสร้างรอยขีดข่วนบนพื้นผิวและทำให้บล็อกตัวอย่างเสียหาย ส่งผลให้ไม่สามารถควบคุมอุณหภูมิได้อย่างแม่นยำ

การกำจัดวัตถุอันตรายทางชีวภาพ

กำจัดวัตถุที่มีโอกาสปนเปื้อนเหล่านี้ตามกฎระเบียบสำหรับห้องปฏิบัติการ กฎระเบียบในท้องถิ่น ภูมิภาค และประเทศ

- สารตัวอย่างทางคลินิก
- สารทำปฏิกิริยา
- ภาชนะบรรจุตัวทำปฏิกิริยาที่ใช้แล้วหรืออุปกรณ์สิ้นเปลืองอื่น ๆ ที่อาจมีการปนเปื้อน

อันตรายทางเคมี

CFX Opus Dx system ไม่มีสารเคมีที่อาจเป็นอันตราย

อันตรายจากการระเบิดหรือเพลิงไหม้

CFX Opus Dx system จะไม่ก่อให้เกิดอันตรายจากการติดไฟหรือการระเบิดเมื่อใช้ตามวิธีที่กำหนดโดยห้องปฏิบัติการ Bio-Rad

อันตรายทางไฟฟ้า

หากติดตั้งและใช้งานได้อย่างถูกต้อง ของ CFX Opus Dx system จะไม่ก่อให้เกิดอันตรายทางไฟฟ้าแก่ผู้ใช้ โดยจะต้องไม่ทำการดัดแปลงทางกายภาพและเชื่อมต่อกับแหล่งจ่ายไฟที่มีคุณสมบัติเหมาะสม

การขนส่ง

ต้องดำเนินการตามขั้นตอนการกำจัดสิ่งปนเปื้อนก่อนเคลื่อนย้ายหรือขนส่ง CFX Opus Dx system เคลื่อนย้ายหรือจัดส่งเครื่องในภาชนะที่แยกต่างหากในวัสดุบรรจุภัณฑ์ที่ Bio-Rad จัดเตรียมให้เสมอ ซึ่งจะช่วยป้องกันเครื่องจากความเสียหาย

สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการขนส่งเครื่องและการขอวัสดุบรรจุภัณฑ์ที่เหมาะสม โปรดติดต่อสำนักงาน Bio-Rad ในพื้นที่ของท่าน

แบตเตอรี่

CFX Opus Dx system ใช้แบตเตอรี่เซลล์แบบเหรียญลิเธียมเมทัลขนาด 3 โวลต์ หนึ่งก้อน และก้อนแบตเตอรี่ เพื่อคงรักษาการตั้งค่าเวลาในกรณีที่เครื่องไม่มีกระแสไฟฟ้า หากเวลาไม่ตรงตามค่าที่ตั้งไว้หลังจากปิดเครื่อง อาจเป็นสัญญาณบ่งบอกว่าแบตเตอรี่อ่อน

คำเตือน! อย่าพยายามเปลี่ยนแบตเตอรี่ด้วยตัวเอง ขั้นตอนเหล่านี้ไม่ใช่ส่วนที่ผู้ใช้สามารถดำเนินการเองได้ โปรดติดต่อฝ่ายสนับสนุนทางเทคนิคของ Bio-Rad เพื่อขอความช่วยเหลือแทน

สำหรับรัฐแคลิฟอร์เนีย สหรัฐอเมริกาเท่านั้น

- วัสดุเปอร์คลอเรต — แบตเตอรี่ลิเธียมมีวัสดุเปอร์คลอเรต จะต้องดำเนินการอย่างพิเศษ โปรดดู www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate

การกำจัดของเสีย

CFX Opus Dx system ประกอบด้วยวัสดุทางอิเล็กทรอนิกส์ ซึ่งไม่ควรทิ้งรวมกับของเสียอื่น ๆ โดยไม่แยกประเภทก่อน ต้องทำการคัดแยกตามข้อกำหนดของ European Union Directive 2012/19/EU เกี่ยวกับของเสียทางอุปกรณ์อิเล็กทรอนิกส์ - WEEE directive ก่อนการกำจัด โปรดติดต่อตัวแทน Bio-Rad ในประเทศของคุณเพื่อขอคำแนะนำที่เหมาะสมสำหรับแต่ละประเทศ

การรับประกัน

CFX Opus Dx system รวมถึงอุปกรณ์เสริมที่เกี่ยวข้องจะรวมอยู่ในการรับประกันมาตรฐาน Bio-Rad ติดต่อสำนักงาน Bio-Rad ในท้องถิ่นของคุณเพื่อสอบถามรายละเอียดเกี่ยวกับการรับประกัน

บทที่ 1 บทนำ

ระบบการเพิ่มปริมาณ PCR ประสิทธิภาพสูงของ Bio-Rad มีความก้าวหน้าทางเทคโนโลยีสุดทันสมัย ให้ความแม่นยำและความสามารถในการทำซ้ำที่ดียิ่งขึ้นในการเพิ่มปริมาณกรดนิวคลีอิกสำหรับการทดลองจีโนม

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ของ Bio-Rad เข้ากันได้กับเครื่องมือต่อไปนี้ และมีไฟล์การทดสอบที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ไพรเมอร์ PrimePCR และการวิเคราะห์โพรบของ Bio-Rad

- CFX Opus 96 Dx Real-Time PCR System (รู้จักกันในคู่มือนี้ในชื่อ CFX Opus 96 Dx)
- CFX Opus 384 Dx Real-Time PCR System (รู้จักกันในคู่มือนี้ในชื่อ CFX Opus 384 Dx)
- CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR System (เรียกในคู่มือนี้ในว่า CFX Opus Deepwell Dx)

เมื่อใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition (รู้จักในคู่มือนี้เป็น CFX Maestro Dx SE) คุณสามารถแปลข้อมูลที่ซับซ้อนและสร้างการศึกษาที่มีประสิทธิภาพสำหรับการวิเคราะห์ทางพันธุกรรมได้ ด้วยการคลิกเพียงไม่กี่ครั้ง คุณสามารถตั้งค่าการศึกษาและทำความเข้าใจเกี่ยวกับการศึกษาการแสดงออกของยีนได้ด้วยเครื่องมือ เช่น t-tests, ANOVA ทางเดียว, การวิเคราะห์การควบคุม PrimePCR และเครื่องมือตัวเลือกยีนอ้างอิง จากนั้น คุณสามารถจัดเตรียมผลลัพธ์สำหรับเอกสารและโปสเตอร์ด้วยเครื่องมือสร้างภาพข้อมูลและเครื่องมือบรรณนิทัศน์ที่ปรับแต่งได้อย่างดีเยี่ยมของ CFX Maestro Dx SE

หมายเหตุ: การแสดงผลบางหน้าจอใน CFX Maestro อาจแตกต่างไปจากที่นำเสนอในคู่มือผู้ใช้ฉบับนี้ หน้าจอในซอฟต์แวร์มีความถูกต้อง และมีฟังก์ชันการใช้งานเหมือนกัน

สำคัญ: การรักษาความปลอดภัยทางไซเบอร์คือการปกป้องสินทรัพย์ในพื้นที่ไซเบอร์ให้ปลอดภัยจากการโจมตีทางไซเบอร์ การรักษาความปลอดภัยทางไซเบอร์เป็นความสามารถของ Bio-Rad ในการรักษาผู้คน ข้อมูล ระบบ และชื่อเสียงในพื้นที่ไซเบอร์ของตนให้ปลอดภัย พื้นที่ไซเบอร์คือโลกที่เชื่อมต่อถึงกันเสมอในทางเทคโนโลยี ซึ่งประกอบไปด้วยผู้คน องค์กร ข้อมูล และเทคโนโลยี

ปฏิกิริยาตอบกลับที่รวดเร็วมีความสำคัญในการแก้ปัญหาด้านความปลอดภัยทางไซเบอร์! หากคุณสงสัยว่าอาจมีปัญหาด้านความปลอดภัยทางไซเบอร์อันเกี่ยวข้องกับเครื่องมือของคุณ หรือมีการละเมิดการรักษาความปลอดภัยทางไซเบอร์ในสถานที่ทำงานของคุณ โปรดติดต่อตัวแทน Bio-Rad เพื่อรับการสนับสนุนทางเทคนิคทันที

คุณสมบัติหลักของซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

เมื่อคุณมี CFX Maestro Dx SE คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- วิเคราะห์ข้อมูลด้วยการใช้งาน กราฟแท่ง คลัสเตอร์แกรม หรือแผนภาพกระจาย เพื่อแปลความหมายและทำความเข้าใจผลลัพธ์อย่างรวดเร็ว
- ปรับเปลี่ยนการนำเสนอข้อมูลและสร้างกราฟความคมชัดสูงเพื่อการเผยแพร่เป็นสาธารณะและสร้างรายงาน
- กำหนดคุณภาพ RNA และแก้ไขปัญหาในการทดลองด้วยการควบคุมการวิเคราะห์ PrimePCR
- เลือกยีนอ้างอิงที่เหมาะสมและวิเคราะห์ความคงตัวของยีนด้วยเครื่องมือการเลือกยีนอ้างอิง (Reference Gene selection Tool)
- ทำการวิเคราะห์เชิงสถิติ รวมถึง ANOVA ทางเดียวในการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

คำแนะนำผู้ใช้งานนี้จะอธิบายถึงคุณลักษณะเหล่านี้และวิธีใช้การใช้งาน

ค้นหาข้อมูลเพิ่มเติม

หลังจากทำการติดตั้ง CFX Maestro Dx SE และตั้งค่าเครื่องมือ PCR Bio-Rad ที่เกี่ยวข้องแล้ว คุณจะสามารถเข้าถึงคู่มือฉบับนี้ได้ รวมถึงหัวข้อความช่วยเหลือโดยละเอียดจากเมนู Help (ช่วยเหลือ) ได้ในทุกมุมมอง

เคล็ดลับ: คลิกที่โลโก้ Bio-Rad ที่มุมขวาบนของหน้าต่าง CFX Maestro Dx SE ใดก็ได้เพื่อเปิดเว็บไซต์ของ Bio-Rad เว็บไซต์นี้จะมีลิงก์ไปยังบันทึกย่อทางเทคนิค คู่มือ วิดีโอ ข้อมูลผลิตภัณฑ์ และการสนับสนุนด้านเทคนิค นอกจากนี้ เว็บไซต์นี้ยังมีแหล่งข้อมูลด้านเทคนิคเกี่ยวกับวิธีการและการนำไปใช้ที่หลากหลายที่เกี่ยวข้องกับเทคนิค PCR, PCR แบบเรียลไทม์ และการแสดงออกของยีน

บทที่ 2 การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

บทนี้จะอธิบายถึงวิธีติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการติดตั้งเครื่อง PCR แบบเรียลไทม์ที่ Bio-Rad รองรับ โปรดดูคู่มือที่เกี่ยวข้อง

จำเป็นต้องมี CFX Maestro Dx SE เพื่อวิเคราะห์ข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์จากเครื่อง CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR system นอกจากนี้ คุณยังสามารถใช้ซอฟต์แวร์นี้ควบคุมเครื่องระบบเหล่านี้ในโหมดควบคุมด้วยซอฟต์แวร์ได้

CFX Opus Dx system จะจัดส่งพร้อมสาย USB ในถุงอุปกรณ์เสริม ใช้สาย USB เพื่อเชื่อมต่อคอมพิวเตอร์ที่ใช้งาน CFX Maestro Dx SE กับ CFX Opus Dx system

นำวัสดุบรรจุภัณฑ์ออกและเก็บไว้เพื่อใช้ในอนาคต หากชิ้นส่วนสูญหายหรือเสียหาย โปรดติดต่อสำนักงาน Bio-Rad ในพื้นที่

ข้อกำหนดของระบบ

ตาราง 3 แสดงข้อกำหนดของระบบขั้นต่ำและที่แนะนำสำหรับคอมพิวเตอร์ที่ใช้งาน CFX Maestro Dx SE

ตาราง 3 ข้อกำหนดของคอมพิวเตอร์สำหรับใช้งาน CFX Maestro Dx SE

ระบบ	ขั้นต่ำ	ที่แนะนำ
ระบบปฏิบัติการ	Microsoft Windows 10 (64 บิตเท่านั้น) บิลด์ 1511 หรือใหม่กว่า พร้อมการอัปเดตความปลอดภัยล่าสุด	Microsoft Windows 10 (64 บิตเท่านั้น) บิลด์ 1511 หรือใหม่กว่าพร้อมการอัปเดตความปลอดภัยล่าสุด
หมายเหตุ: Windows 11 รองรับ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ด้วยเช่นกัน **สำคัญ:** ต้องปิดใช้งาน Secure Boot (บูตอย่างปลอดภัย) ในคอมพิวเตอร์ที่ใช้งาน CFX Maestro Dx SE ควรกำหนดค่าคอมพิวเตอร์ที่ใช้งาน CFX Maestro Dx SE เพื่อไม่ให้รีสตาร์ทโดยอัตโนมัติหลังจากการอัปเดตระบบหรือการรักษาความปลอดภัยหากกำลังดำเนินการทดสอบอยู่ โปรดขอความช่วยเหลือจากผู้ดูแลระบบของคุณ		
พอร์ต	พอร์ตความเร็วสูง 2 USB 2.0	พอร์ตความเร็วสูง 2 USB 2.0
พื้นที่ฮาร์ดดิสก์	128 GB	128 GB
ความเร็วตัวประมวลผล	2.4 GHz, Dual Core	2.4 GHz, Quad Core
RAM	4 GB RAM	8 GB RAM
ความละเอียดหน้าจอ	1024 x 768 พร้อมโหมดสีจริง	1280 x 1024 พร้อมโหมดสีจริง
PDF reader		Adobe PDF Reader หรือ Windows PDF Reader จาก Microsoft Office Suites ที่รองรับ: ■ 2016 ■ 2019
การกำหนดค่าภายใน	รองรับระบบปฏิบัติการ Microsoft Windows 64-bit ในภาษาอังกฤษ จีน และรัสเซีย	รองรับระบบปฏิบัติการ Microsoft Windows 64-bit ในภาษาอังกฤษ จีน และรัสเซีย

หมายเหตุ: หากคุณวางแผนเรียกใช้ซอฟต์แวร์ CFX Automation Control บนคอมพิวเตอร์เครื่องเดียวกับ CFX Maestro Dx SE ตั้งค่าความละเอียดหน้าจอที่ 1280 x 1024 พร้อมโหมดสีจริง

การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE

สำคัญ: คุณต้องยกเลิกการเชื่อมต่อเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่ออกจากคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE ก่อนที่จะติดตั้งหรืออัปเกรดซอฟต์แวร์ คุณไม่จำเป็นต้องปิดเครื่องมือระหว่างติดตั้งซอฟต์แวร์ ตรวจสอบให้แน่ใจว่าคุณได้บันทึกการทดสอบทั้งหมดไว้แล้วและไม่ได้กำลังทดสอบอยู่

หมายเหตุ: ตรวจสอบว่า Secure Boot (บูตอย่างปลอดภัย) ถูกปิดใช้งานก่อนเริ่มขั้นตอนการติดตั้ง ตรวจสอบให้แน่ใจว่าคอมพิวเตอร์ได้รับการกำหนดค่าให้ไม่รีสตาร์ทโดยอัตโนมัติหลังจากการอัปเดตระบบหรือการรักษาความปลอดภัยหากกำลังดำเนินการทดสอบอยู่ โปรดขอความช่วยเหลือจากผู้ดูแลระบบของคุณ

วิธีติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE

1 หากจำเป็น ให้ถอดเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่ออกจากคอมพิวเตอร์

ค้นหาตำแหน่งและถอดสาย USB ของอุปกรณ์ออกจากคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE สามารถปล่อยปลายสายอีกด้านให้เสียบไว้ในได้

2 เข้าสู่ระบบคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE ด้วยสิทธิ์ระดับผู้ดูแลระบบ

3 เสียบไดรฟ์ USB ของซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE เข้ากับพอร์ต USB ของคอมพิวเตอร์

4 ใน Windows Explorer ให้ค้นหาและเปิดไดรฟ์ USB ของซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE

ไดรฟ์ USB มี Release Notes (บันทึกย่อประจำรุ่น) และโฟลเดอร์ต่อไปนี้

- CFX
- Drivers (โปรแกรมควบคุม)
- Firmware (เฟิร์มแวร์)
- Quick Start (คู่มือเริ่มต้นใช้งานด่วน)

มาพร้อมกับไฟล์อื่น ๆ โดยโฟลเดอร์ของ CFX มีโปรแกรมติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE (CFXMaestroDxSetup.exe)

5 เปิดโฟลเดอร์ของ CFX และคลิกสองครั้งที่ CFXMaestroDxSetup.exe เพื่อเริ่มโปรแกรมติดตั้ง

6 ทำตามคำแนะนำการติดตั้งบนหน้าจอ

เมื่อดำเนินการเสร็จสมบูรณ์แล้ว ไอคอน Bio-Rad ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition จะปรากฏบนเดสก์ท็อปของคอมพิวเตอร์

เคล็ดลับ: ตัวติดตั้ง CFX Maestro จะติดตั้งคู่มือผู้ใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition โดยอัตโนมัติ หากต้องการค้นหาคู่มือนี้ ให้ไปที่เมนู Help (ช่วยเหลือ) แล้วเลือก Open User Guides (เปิดคู่มือผู้ใช้)

7 หลังจากทำการติดตั้งเสร็จสิ้น คุณสามารถนำไดรฟ์ USB ของซอฟต์แวร์ออกได้อย่างปลอดภัย

การตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ

ระหว่างการติดตั้ง โปรแกรมติดตั้ง CFX Maestro Dx SE จะติดตั้งไดรเวอร์เครื่องมือลงในคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE โดย CFX Maestro Dx SE จะตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อเมื่อคุณเริ่มต้นซอฟต์แวร์

วิธีตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ

1 หากคุณยังไม่ได้ดำเนินการดังกล่าว ให้เสียบปลายสาย USB Type B สี่เหลี่ยม (ตัวผู้) ที่ให้มาด้วยเข้ากับพอร์ต USB Type B ที่ด้านหลังฐานเครื่องมือ

2 เสียบปลายอีกด้านหนึ่ง (พอร์ต) เข้ากับพอร์ต USB บนคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE

3 หากเครื่องไม่ได้กำลังทำงานอยู่ ให้กดสวิตช์เปิด/ปิดที่ด้านหลังเครื่องมือเพื่อเปิดเครื่อง

4 เริ่มต้น CFX Maestro Dx SE

ซอฟต์แวร์จะตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อโดยอัตโนมัติ และแสดงชื่อของเครื่องมือในแถบหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ในบานหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

หมายเหตุ: หากเครื่องมือไม่ปรากฏขึ้นในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้ตรวจสอบว่าได้ทำการเชื่อมต่อสาย USB อย่างถูกต้องแล้ว เมื่อต้องการติดตั้งไดรฟ์เวอร์อีกครั้ง ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ใน CFX Maestro Dx SE ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดรเวอร์เครื่องมืออีกครั้ง)

ไฟล์ซอฟต์แวร์

ตาราง 4 จะแสดงรายการประเภทไฟล์ CFX Maestro Dx SE

ตาราง 4 ประเภทไฟล์CFX Maestro Dx SE

ประเภทไฟล์	Extension (ส่วนขยาย)	Details (รายละเอียด)
Protocol (โปรโตคอล)	.prcl	มีรายละเอียดการตั้งค่าโปรโตคอลเพื่อดำเนินการทดสอบ PCR
Plate (เพลต)	.pltd	มีรายละเอียดการตั้งค่าเพลตเพื่อดำเนินการทดสอบ PCR
Data (ข้อมูล)	.pcrd	มีผลลัพธ์ของการดำเนินการทดสอบและการวิเคราะห์ PCR
PrimePCR run	.csv	มีเค้าโครงโปรโตคอลและเพลตสำหรับเพลต PrimePCR
Gene study (การศึกษายีน)	.mgxd	มีผลลัพธ์ของการดำเนินการทดสอบ PCR และการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนหลายผลลัพธ์
ไฟล์ข้อมูลเบื้องต้นแบบสแตนด์อะโลน	.zpcr	มีการอ่านสารเรืองแสงจากการทำงานแบบสแตนด์อะโลนที่แปลงไปเป็นไฟล์ข้อมูล
LIMS	.plrn	มีการติดตั้งเพลตและข้อมูลโปรโตคอลที่จำเป็นในการดำเนินการทดสอบที่เข้ากันได้กับระบบ LIMS
JSON	.json	ไฟล์แบบอ่านอย่างเดียวที่สร้างโดย CFX Opus Dx systems เท่านั้น ไฟล์นี้มีข้อมูลไฟล์การทดสอบซึ่งปรากฏในบานหน้าต่างรายละเอียดใน File Browser เมื่อเลือกไฟล์การทดสอบ ไฟล์นี้สร้างขึ้นหลังจากการทดสอบเสร็จสิ้น และจะถูกส่งออกไปพร้อมกับไฟล์ .zpcr และถูกบันทึกกับไฟล์ข้อมูลเมื่อตำแหน่งการบันทึกเป็นไดรฟ์ USB หรือโฟลเดอร์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกัน

บทที่ 3 การจัดการบัญชีผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

ใน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ผู้ใช้เข้าสู่ระบบด้วยชื่อผู้ใช้และรหัสผ่านสำหรับ Windows ผู้ที่ติดตั้ง CFX Maestro Dx SE แล้วจะได้รับมอบหมายบทบาทเป็นผู้ดูแลระบบโดยอัตโนมัติ และสามารถสร้างและจัดการบัญชีผู้ใช้และบทบาทได้ ผู้ใช้รายอื่นทั้งหมดจะต้องได้รับการกำหนดบัญชีผู้ใช้เพื่อเข้าสู่ระบบและใช้ซอฟต์แวร์

สำคัญ: ผู้ใช้แต่ละรายต้องมีบัญชี Windows และรหัสผ่านในคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE ก่อนที่คุณจะสามารถกำหนดบัญชีผู้ใช้และบทบาทได้ ผู้ใช้อาจเป็นสมาชิกของกลุ่มผู้ใช้ Windows หรือกลุ่มผู้ดูแลระบบ Windows ก็ได้ สมาชิกของกลุ่มผู้ใช้ Windows สามารถเข้าถึงได้เฉพาะไฟล์และโฟลเดอร์ใน CFX Maestro Dx SE ของตนเท่านั้น สมาชิกของกลุ่มผู้ดูแลระบบ Windows สามารถเข้าถึงไฟล์และโฟลเดอร์ของผู้ใช้ทุกรายบนคอมพิวเตอร์

บทนี้จะอธิบายวิธีสร้างผู้ใช้ Microsoft Windows เพื่อเพิ่มผู้ใช้เหล่านั้นเข้าไปที่ CFX Maestro Dx SE ส่วนนี้ยังอธิบายวิธีเพิ่มผู้ใช้ใน CFX Maestro Dx SE และจัดการบทบาทและสิทธิ์ของผู้ใช้

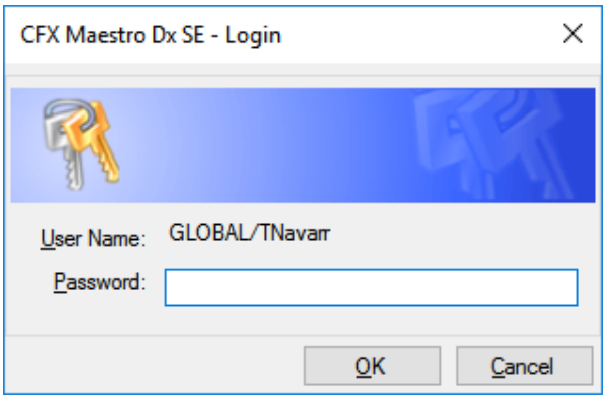
การเริ่มต้นใช้งาน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

หมายเหตุ: ผู้ใช้แต่ละรายต้องเข้าสู่ระบบด้วยชื่อผู้ใช้และรหัสผ่านสำหรับ Windows ของตน

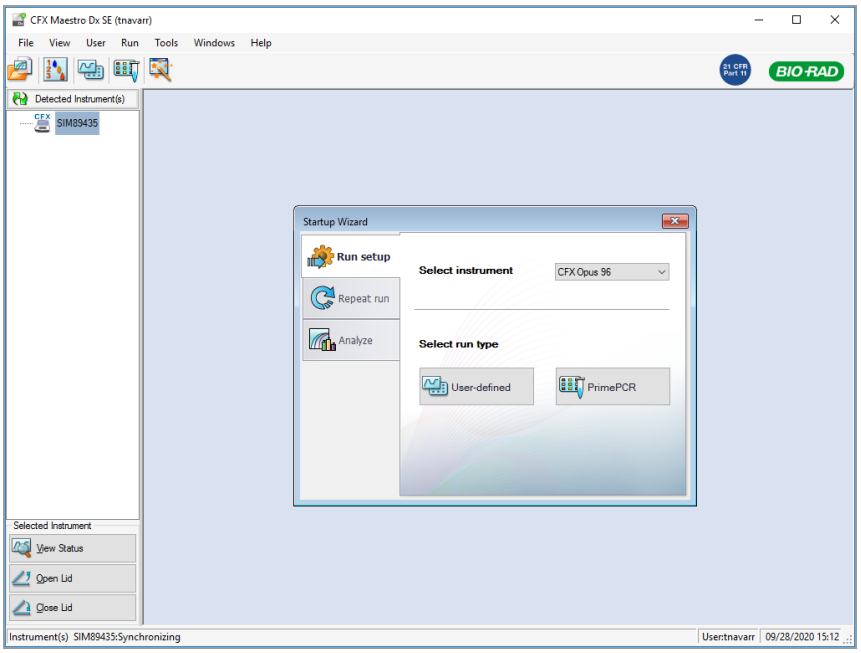
วิธีเริ่มใช้งาน CFX Maestro Dx SE

1 บนคอมพิวเตอร์เดสก์ท็อปที่มี CFX Maestro Dx SE คลิกสองครั้งที่ไอคอนเส้นทางลัดสู่ CFX Maestro Dx SE เพื่อเริ่มเปิดแอปพลิเคชัน

2 ในกล่องโต้ตอบการเข้าสู่ระบบ พิมพ์รหัสผ่านสำหรับ Windows ของคุณแล้วคลิก OK (ตกลง)



CFX Maestro Dx SE จะเปิดหน้าต่างหน้าหลักขึ้นมา แถบหัวเรื่องจะแสดงชื่อผู้ใช้ Windows ของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบ และแถบเมนูจะแสดงสติกเกอร์สีน้ำเงินระบุว่าซอฟต์แวร์เป็นไปตามข้อกำหนด 21 CFR Part 11 ดังตัวอย่าง


CFX Maestro Dx SE (tnavarr)
File
View
User
Run
Tools
Windows
Help
BIO-RAD
Detected Instrument(s)
SIM89435
Startup Wizard
Run setup
Repeat run
Analyze
Select instrument
CFX Opus 96
Select run type
User-defined
PrimePCR
Selected Instrument
View Status
Open Lid
Close Lid
Instrument(s) SIM89435:Synchronizing
User:tnavarr
09/28/2020 15:12

การเพิ่มผู้ใช้ Microsoft Windows ในคอมพิวเตอร์ที่มีซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

ผู้ใช้ทุกคนต้องเข้าสู่ระบบคอมพิวเตอร์ของ CFX Maestro Dx SE ด้วยชื่อผู้ใช้และรหัสผ่านสำหรับ Windows ของตนเอง สำหรับการติดตามการตรวจสอบที่ถูกต้อง ไม่สามารถเพิ่มบัญชีผู้ใช้ Windows ผ่านทางกล่องโต้ตอบ Start > Settings (การตั้งค่า) > Account (บัญชี) **ต้อง**เพิ่มบัญชีผู้ใช้ Windows ผ่านคอนโซล Computer Management (การจัดการคอมพิวเตอร์)

สำคัญ: การเปลี่ยนแปลงคุณสมบัติผู้ใช้ Windows (รวมถึงชื่อผู้ใช้และชื่อเต็ม) หลังจากที่คุณสร้างผู้ใช้ CFX Maestro Dx SE ที่เกี่ยวข้องจะเป็นการยืนยันผู้ใช้ของ CFX Maestro Dx SE ตรวจสอบว่าข้อมูลถูกต้องก่อนบันทึกผู้ใช้ Windows และสร้างผู้ใช้ CFX Maestro Dx SE ที่เกี่ยวข้อง

เคล็ดลับ: ตรวจสอบเอกสารการดูแลระบบ Microsoft Windows และดูข้อมูลเพิ่มเติมของผู้ดูแลระบบ Windows ของคุณก่อนสร้างบัญชี Windows

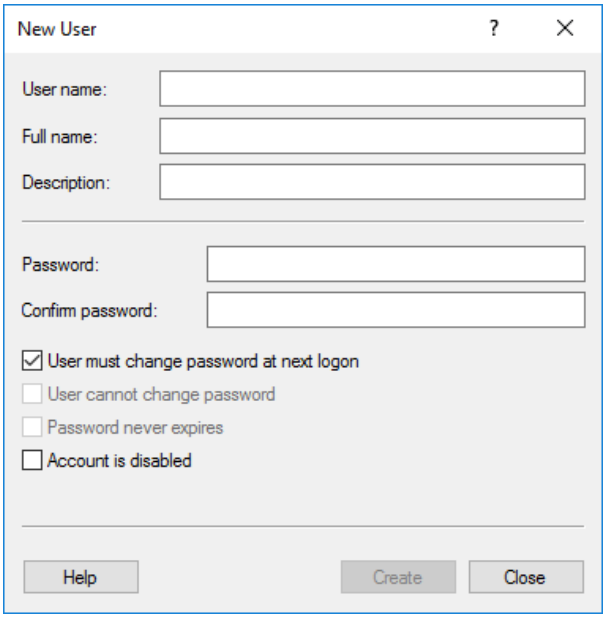
วิธีเพิ่มบัญชีผู้ใช้ Windows ในคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE

1 เข้าสู่ระบบคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE ในฐานะสมาชิกของกลุ่มผู้ดูแลระบบ Windows

2 บนเดสก์ท็อป ให้คลิกขวาที่ My Computer (คอมพิวเตอร์ของฉัน) แล้วเลือก Manage (จัดการ) เพื่อเปิดคอนโซล Computer Management (การจัดการคอมพิวเตอร์)

3 ในคอนโซล Computer Management (การจัดการคอมพิวเตอร์) ขยาย Local Users and Groups (ผู้ใช้และกลุ่มภายใน)

4 คลิกขวาที่โฟลเดอร์ Users (ผู้ใช้) แล้วเลือก New User (ผู้ใช้ใหม่) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบผู้ใช้ใหม่



5 ในกล่องโต้ตอบผู้ใช้ใหม่ คุณต้องกรอกข้อมูลในช่องต่อไปนี้

- ชื่อผู้ใช้
- ชื่อ-สกุล
- รหัสผ่าน
- ยืนยันรหัสผ่าน

6 คลิก Create (สร้าง)

การเพิ่มและลบผู้ใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

เคล็ดลับ: เฉพาะผู้ใช้ที่มีบทบาทเป็นผู้ดูแลระบบของ CFX Maestro Dx SE เท่านั้นที่สามารถสร้างและลบบัญชีผู้ใช้ CFX Maestro Dx SE ผู้ที่ติดตั้ง CFX Maestro Dx SE แล้วจะได้รับการกำหนดบทบาทเป็นผู้ดูแลระบบโดยอัตโนมัติ บุคคลนั้นสามารถกำหนดบทบาทผู้ดูแลระบบให้แก่ผู้ใช้รายอื่น

หมายเหตุ: ใน CFX Maestro Dx SE ผู้ใช้อย่างน้อยหนึ่งรายต้องได้รับการกำหนดบทบาทเป็นผู้ดูแลระบบ

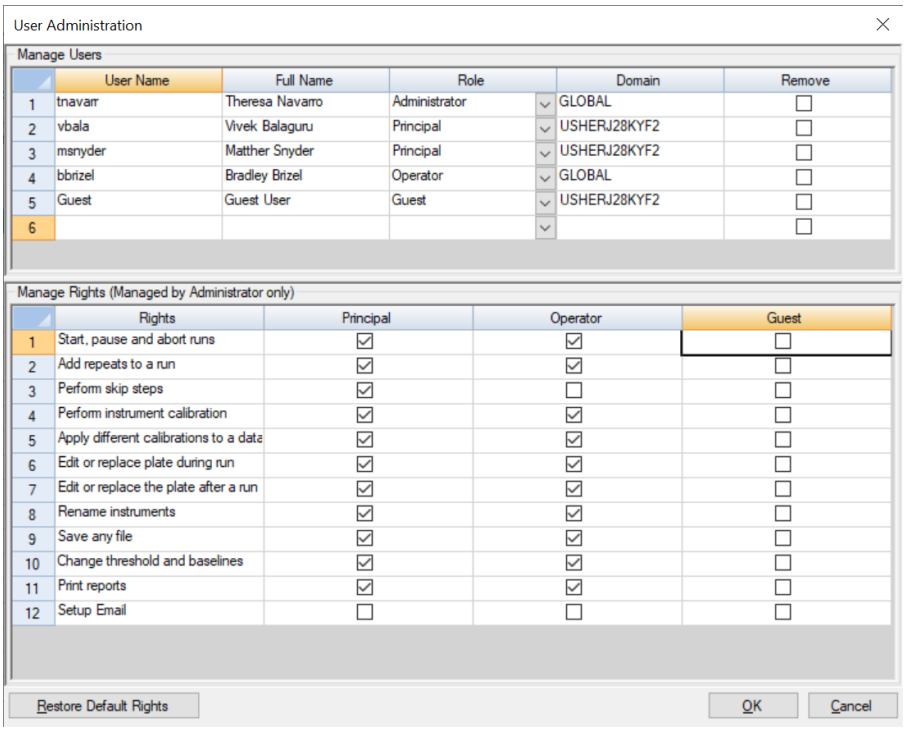
วิธีเพิ่มบัญชีผู้ใช้ CFX Maestro Dx SE

1 ตรวจสอบว่าผู้ใช้ที่ต้องใช้งานเครื่องแต่ละรายเป็นสมาชิกของกลุ่มผู้ใช้ Windows หรือกลุ่มผู้ดูแลระบบ Windows และมีรหัสผ่าน Windows บนคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE

2 เริ่มเปิดเครื่อง CFX Maestro Dx SE และเข้าสู่ระบบในฐานะผู้ดูแลระบบ

3 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก User (ผู้ใช้) > User Administration (การจัดการผู้ใช้)

กล่องโต้ตอบการจัดการผู้ใช้จะปรากฏขึ้น



4 ในส่วน Manage Users (จัดการผู้ใช้) ให้ระบุข้อมูลต่อไปนี้สำหรับผู้ใช้แต่ละราย

- **ชื่อผู้ใช้** — ใน CFX Maestro Dx SE ชื่อผู้ใช้**ต้อง**เป็นชื่อผู้ใช้สำหรับเข้าสู่ระบบ Windows ของผู้ใช้
- **ชื่อ-สกุล** — ชื่อและนามสกุลของผู้ใช้

  ชื่อนี้จะปรากฏในช่องชื่อ-สกุลของผู้ใช้ในเส้นทางการตรวจสอบ ชื่อนี้ต้องเป็นชื่อเดียวกับที่ป้อนในช่องชื่อ-สกุลเมื่อสร้างผู้ใช้ Windows

- **บทบาท** — บทบาทที่จะกำหนดให้แก่ผู้ใช้

  หมายเหตุ: คุณสามารถเลือกได้เพียงหนึ่งบทบาทจากรายการแบบเลื่อนลง ดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การจัดการบทบาทของผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

- **โดเมน** — โดเมน Windows ที่ผู้ใช้เข้าถึงซอฟต์แวร์

  ดูข้อมูลเพิ่มเติมจากผู้ดูแลระบบ Windows ของคุณ

5 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบการจัดการผู้ใช้

วิธีลบบัญชีผู้ใช้ CFX Maestro Dx SE

1 เริ่มเปิดเครื่อง CFX Maestro Dx SE และเข้าสู่ระบบในฐานะผู้ดูแลระบบ

2 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก User (ผู้ใช้) > User Administration (การจัดการผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบการจัดการผู้ใช้

3 ในแถบหน้าต่าง Manage Users (จัดการผู้ใช้) ให้เลือก Remove (ลบ) ผู้ใช้แต่ละรายที่คุณต้องการลบออก

4 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบการจัดการผู้ใช้

การจัดการบทบาทของผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

สำคัญ: CFX Maestro Dx SE กำหนดให้มีผู้ใช้อย่างน้อยหนึ่งคนรับมอบหมายบทบาทผู้ดูแลระบบ คุณสามารถมอบหมายบทบาทนี้ให้กับผู้ใช้มากกว่าหนึ่งคน

CFX Maestro Dx SE มีสี่บทบาทสำหรับผู้ใช้ ผู้ใช้แต่ละคนต้องได้รับการมอบหมายบทบาทเพื่อเข้าถึงซอฟต์แวร์ แม้ว่าจะสามารถกำหนดบทบาทแก่ผู้ใช้ได้เพียงบทบาทเดียว แต่คุณก็สามารถเปลี่ยนบทบาทของผู้ใช้ได้ทุกเมื่อ

ยกเว้นบทบาทผู้ดูแลระบบที่คุณสามารถเปลี่ยนสิทธิ์ที่กำหนดให้กับแต่ละบทบาทได้ ผู้ใช้ทั้งหมดที่ได้รับมอบหมายบทบาทจะได้รับเฉพาะสิทธิ์ของบทบาทนั้น

ตามค่าเริ่มต้น สิทธิ์สำหรับแต่ละบทบาทมีดังนี้

- ผู้ดูแลระบบ — บทบาทนี้มีสิทธิ์ทั้งหมด คุณไม่สามารถเปลี่ยนสิทธิ์เหล่านี้ได้
- หัวหน้า — บทบาทนี้มีสิทธิ์ทั้งหมด ยกเว้นการตั้งค่าอีเมล
- ผู้ปฏิบัติการ — บทบาทนี้มีสิทธิ์ทั้งหมด ยกเว้นการข้ามรอบและตั้งค่าอีเมล

- ผู้เยี่ยมชม — บทบาทนี้สามารถอ่านไฟล์ได้เท่านั้น

เมื่อกำหนดบทบาทใน CFX Maestro Dx SE ให้ระบุข้อกำหนดสำหรับผู้ใช้แต่ละรายอย่างรอบคอบ ตัวอย่างเช่น หากไม่มีสิทธิ์ในการบันทึก ผู้ใช้ที่ได้รับมอบหมายบทบาทผู้เยี่ยมชม จะไม่สามารถลงชื่อในไฟล์ได้ หากไม่มีสิทธิ์ในการตั้งค่าบัญชีอีเมล ก็จะไม่มีบทบาทใดที่ได้รับอีเมลเมื่อการทดสอบเสร็จสิ้น

วิธีแก้ไขสิทธิ์สำหรับบทบาท

1 เริ่มเปิดเครื่อง CFX Maestro Dx SE และเข้าสู่ระบบในฐานะผู้ดูแลระบบ

2 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก User (ผู้ใช้) > User Administration (การจัดการผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบการจัดการผู้ใช้

3 ในส่วน Manage Rights (จัดการสิทธิ์) ให้ล้างแต่ละบทบาทหรือเลือกช่องทำเครื่องหมายของสิทธิ์เฉพาะตามความจำเป็น

4 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบการจัดการผู้ใช้

การดูบทบาทและสิทธิ์ของคุณ

เคล็ดลับ: ผู้ใช้ที่ได้รับการกำหนดบทบาทผู้ใช้เป็น Principal (ผู้ควบคุม) Operator (ผู้ปฏิบัติงาน) หรือ Guest (ผู้เยี่ยมชม) สามารถดูการตั้งค่า สิทธิ์และบทบาทของผู้ใช้ของตนเองได้เท่านั้น ผู้ใช้ที่ได้รับการกำหนดบทบาทเป็นผู้ดูแลระบบสามารถดูสิทธิ์และบทบาทของผู้ใช้ทั้งหมด

วิธีการดูบทบาทและสิทธิ์ผู้ใช้ปัจจุบันของคุณ

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก User (ผู้ใช้) > User Administration (การจัดการผู้ใช้)

ติดต่อผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE ของคุณเพื่อแก้ไขการตั้งค่า สิทธิ์และบทบาทผู้ใช้ที่แสดงในหน้าต่าง User Administration (การจัดการผู้ใช้)

บทที่ 4 การใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

สำคัญ: ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ใช้ Microsoft Windows User Authentication เพื่อตรวจสอบการเข้าถึงไฟล์ข้อมูล CFX ที่ปลอดภัย ติดต่อผู้ดูแลระบบ Windows ของคุณเพื่อสร้างสภาพแวดล้อมที่สอดคล้องกับข้อกำหนด 21 CFR Part 11

เมื่อใช้ CFX Maestro Dx SE ผู้ใช้สามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- เซ็นชื่อลงในไฟล์ข้อมูลและไฟล์การศึกษายีน
- ใส่รหัสผ่านปกป้องไฟล์ข้อมูล
- ดูและพิมพ์เส้นทางการตรวจสอบ

ส่วนนี้อธิบายรายละเอียดคุณสมบัติเหล่านี้

ไฟล์ที่ปลอดภัย

ตามค่าเริ่มต้น CFX Maestro Dx SE จะบันทึกไฟล์ที่ปลอดภัยลงในโฟลเดอร์ส่วนตัวของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบ ซึ่งอยู่ที่

C:\Users\<username>\Documents\Bio-Rad\CFX_MDX\My qPCR

คุณสามารถบันทึกและแก้ไขไฟล์ .pcrd ได้ในโฟลเดอร์นั้น โฟลเดอร์นี้มีลิงก์ไปยังโฟลเดอร์อื่น (เช่น โฟลเดอร์ Sample Files) ที่มีไฟล์แบบอ่านอย่างเดียว อย่างไรก็ตาม ผู้ดูแลระบบสามารถลบเนื้อหาของโฟลเดอร์นั้นได้

เคล็ดลับ: มีอีกวิธีหนึ่งคือ ผู้ดูแลระบบ Windows ของคุณสามารถสร้างโฟลเดอร์ที่ใช้ร่วมกัน และผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE ของคุณสามารถตั้งโปรแกรมซอฟต์แวร์เพื่อบันทึกไฟล์ทั้งหมดลงในโฟลเดอร์นั้น

ใน CFX Maestro Dx SE ไฟล์เพลต โปรโตคอล ข้อมูล และไฟล์การศึกษายีนจะถูกทำเครื่องหมายว่าปลอดภัยเมื่อได้รับการบันทึก คุณสามารถสร้างไฟล์เหล่านี้ในซอฟต์แวร์ CFX Maestro หรือใน CFX Maestro Dx SE หลังจากที่ไฟล์เหล่านั้นถูกบันทึกใน CFX Maestro Dx SE แล้ว คุณสามารถเปิดไฟล์เหล่านี้ได้เฉพาะใน CFX Maestro Dx SE

CFX Maestro Dx SE จะสร้างเส้นทางการตรวจสอบสำหรับข้อมูลที่ปลอดภัยทั้งหมดและไฟล์การศึกษายีน (ไฟล์ .pcrd และไฟล์ .mgxd ตามลำดับ) ซอฟต์แวร์จะบันทึกกิจกรรมที่ตรวจสอบได้ทั้งหมดในเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์ สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม โปรดดูเส้นทางการตรวจสอบ ในหน้า 293

การลงนามในไฟล์ที่ปลอดภัย

หลังจากบันทึกไฟล์ใน CFX Maestro Dx SE ผู้ใช้สามารถเพิ่มลายเซ็นอิเล็กทรอนิกส์ได้ ในการเซ็นชื่อลงในไฟล์ บทบาทของผู้ใช้ต้องมีสิทธิ์ในการบันทึกไฟล์ ตัวอย่างเช่น ตามค่าเริ่มต้น บทบาทผู้เยี่ยมชมไม่มีสิทธิ์บันทึกไฟล์ ดังนั้น ผู้ใช้ที่ได้รับบทบาทนี้จึงไม่สามารถเซ็นชื่อในไฟล์ได้

ใน CFX Maestro Dx SE ไฟล์ที่มีการเซ็นชื่อจะไม่ได้ถูกตั้งค่าเป็นแบบอ่านอย่างเดียว จึงสามารถตรวจสอบ แก้ไข และลงนามในไฟล์ได้หลายครั้ง การเปลี่ยนแปลงและลายเซ็นทั้งหมดจะถูกติดตามในเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์ คุณสามารถเซ็นชื่อลงในไฟล์ประเภทต่อไปนี้

- ไฟล์ข้อมูล (.pcrd)
- ไฟล์การศึกษายีน (.mgxd)

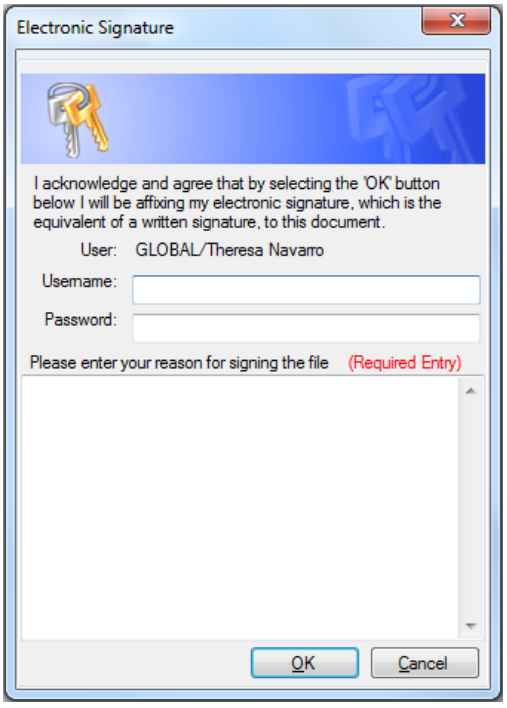
หมายเหตุ: ต้องบันทึกไฟล์ก่อนจึงจะสามารถเซ็นชื่อได้ หากคุณเพิ่งดำเนินการทดสอบใน CFX Maestro Dx SE ให้บันทึกไฟล์ข้อมูลผลลัพธ์ก่อน

วิธีเซ็นชื่อในไฟล์

1 เข้าสู่ระบบ CFX Maestro Dx SE ด้วยข้อมูลการเข้าสู่ระบบ Windows ของคุณ

2 เปิดไฟล์ข้อมูลที่ปลอดภัยหรือไฟล์การศึกษายีนเพื่อเซ็นชื่อ

3 เลือก File (ไฟล์) > Sign (เซ็นชื่อ) กล่องโต้ตอบลายเซ็นอิเล็กทรอนิกส์จะปรากฏขึ้น



4 กรอกชื่อผู้ใช้และรหัสผ่านสำหรับ Windows ของคุณและเหตุผลในการเซ็นชื่อในไฟล์

ชื่อผู้ใช้และเหตุผลในการเซ็นชื่อจะรวมอยู่ในเส้นทางการตรวจสอบ (สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม โปรดดูที่เส้นทางการตรวจสอบ ในหน้า 293)

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อส่งลายเซ็นและปิดกล่องโต้ตอบ

การแก้ไขไฟล์ที่ปลอดภัย

ใน CFX Maestro Dx SE ผู้ใช้สามารถแก้ไขไฟล์ที่ปลอดภัย รวมถึงข้อมูลที่ลงชื่อและไม่ได้ลงชื่อและไฟล์การศึกษายีน ซอฟต์แวร์จะแจ้งให้คุณระบุเหตุผลที่ทำการเปลี่ยนแปลงเมื่อคุณบันทึกข้อมูลที่ปลอดภัยที่แก้ไขแล้วหรือไฟล์การศึกษายีน โดยจะมีการติดตามการเปลี่ยนแปลงในเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์

เคล็ดลับ: เนื่องจากซอฟต์แวร์ไม่สร้างเส้นทางการตรวจสอบสำหรับไฟล์เพลตหรือไฟล์โปรโตคอล คุณจึงจะไม่ได้รับแจ้งให้ระบุเหตุผลเมื่อคุณบันทึกการเปลี่ยนแปลงของไฟล์เหล่านี้

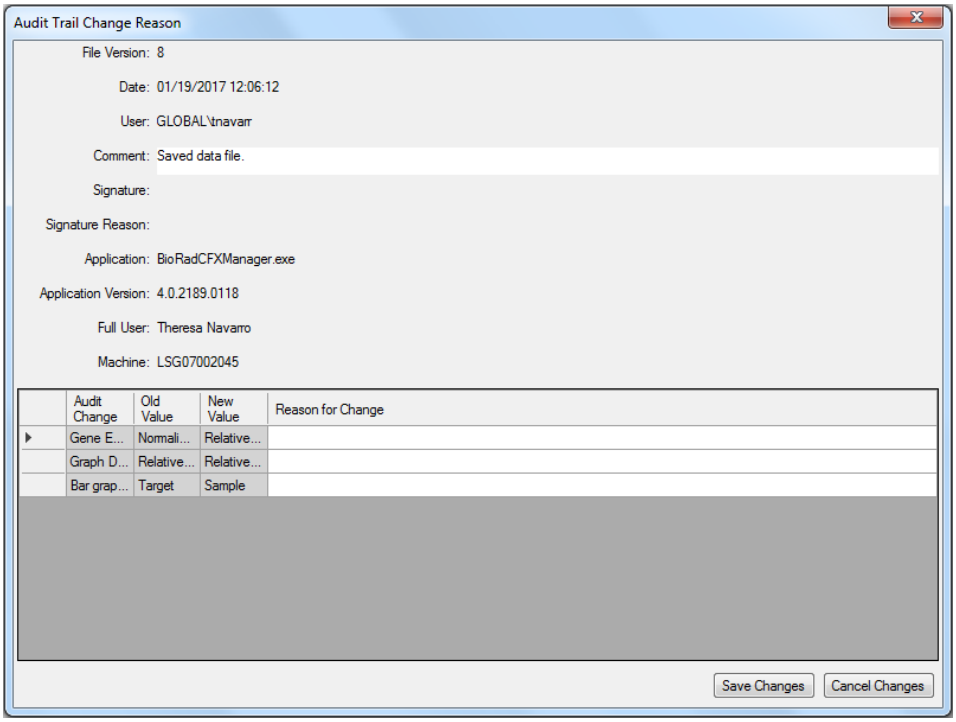
วิธีบันทึกข้อมูลที่แก้ไขแล้วหรือไฟล์การศึกษายีน

1 เข้าสู่ระบบ CFX Maestro Dx SE ด้วยข้อมูลการเข้าสู่ระบบ Windows ของคุณ

2 เปิดและแก้ไขไฟล์ข้อมูลที่ปลอดภัยหรือไฟล์การศึกษายีน

เคล็ดลับ: สำหรับรายการกิจกรรมที่สามารถตรวจสอบได้ โปรดดูกิจกรรมที่ตรวจสอบได้ ในหน้า 295

3 เลือก File (ไฟล์) > Save (บันทึก) กล่องโต้ตอบเหตุผลการเปลี่ยนแปลงเส้นทางการตรวจสอบจะปรากฏขึ้น



กล่องโต้ตอบนี้จะแสดงข้อมูลต่อไปนี้ ซึ่งบันทึกกิจกรรมการแก้ไขแต่ละรายการไว้ในส่วนหัวของเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์

- **วันที่** — วันที่เกิดการเปลี่ยนแปลง
- **ผู้ใช้** — โดเมน Windows และชื่อผู้ใช้ของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบ
- **ความคิดเห็น** — ความคิดเห็นที่บันทึกไว้ล่าสุด
- **ลายเซ็น** — ลายเซ็นอิเล็กทรอนิกส์ของบุคคลสุดท้ายที่ลงชื่อในไฟล์
- **เหตุผลที่ลงลายเซ็น** — เหตุผลสำหรับการลงลายเซ็น
- **แอปพลิเคชัน** — CFX Maestro Dx SE (ปรากฏเป็น BioRadCFXManager.exe ซึ่งถูกต้อง)
- **เวอร์ชันแอปพลิเคชัน** — เวอร์ชันปัจจุบันของ CFX Maestro Dx SE
- **ชื่อ-สกุลของผู้ใช้** — ชื่อ-สกุลของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบ

  หมายเหตุ: ชื่อนี้จะปรากฏในเส้นทางการตรวจสอบ
- **เครื่อง** — คอมพิวเตอร์ที่ติดตั้งซอฟต์แวร์

ตารางการเปลี่ยนแปลงจะแสดงการเปลี่ยนแปลงที่ตรวจสอบได้ที่เกิดขึ้นอันเป็นผลมาจากการแก้ไข คำอธิบายสั้น ๆ สำหรับเหตุผลที่ทำการเปลี่ยนแปลงอาจปรากฏขึ้นด้วย

เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มหรือแก้ไขคำอธิบายในคอลัมน์เหตุผลที่ทำการเปลี่ยนแปลง

4 ตรวจสอบรายการการเปลี่ยนแปลง ระบุเหตุผลโดยละเอียดหากจำเป็น

5 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก Save Changes (บันทึกการเปลี่ยนแปลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงที่ดำเนินการกับไฟล์ตลอดจนการเปลี่ยนแปลงใด ๆ ที่คุณดำเนินการกับกับตาราง แล้วปิดกล่องโต้ตอบ

  การเปลี่ยนแปลงในไฟล์และเหตุผลที่ทำการเปลี่ยนแปลงจะปรากฏในเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์
- คลิก Cancel Changes (ยกเลิกการเปลี่ยนแปลง) เพื่อย้อนกลับไฟล์เป็นสถานะก่อนหน้าและปิดกล่องโต้ตอบ

  การเปลี่ยนแปลงจะไม่บันทึกลงในไฟล์และจะไม่มีการอัปเดตเส้นทางการตรวจสอบ

รหัสผ่านปกป้องไฟล์

เพื่อเป็นการเพิ่มระดับความปลอดภัย CFX Maestro Dx SE ช่วยให้ผู้ใช้ตั้งรหัสผ่านสำหรับไฟล์ที่ปลอดภัยทั้งหมด เมื่อตั้งรหัสผ่านสำหรับไฟล์ที่ปลอดภัย ให้พิจารณาเงื่อนไขต่อไปนี้

เงื่อนไข	การดำเนินการ
ไม่ต้องใช้รหัสผ่าน	ผู้ใช้ทุกรายสามารถเปิด แก้ไข และบันทึกไฟล์ที่ปลอดภัยได้ตามสิทธิ์อนุญาตที่ผู้ใช้มี
ไฟล์ที่ต้องใช้รหัสผ่านสำหรับบันทึก	ผู้ใช้ทุกรายสามารถเปิดไฟล์ที่ปลอดภัยได้ และผู้ใช้ที่ทราบรหัสผ่านสำหรับการบันทึกสามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์ที่ปลอดภัยได้
ไฟล์ที่ต้องใช้รหัสผ่านสำหรับเปิด	เฉพาะผู้ใช้ที่ทราบรหัสผ่านสำหรับเปิดไฟล์เท่านั้นที่สามารถเปิด แก้ไข และบันทึกไฟล์ที่ปลอดภัยได้
ไฟล์ที่ต้องใช้ทั้งรหัสผ่านสำหรับเปิดและสำหรับการบันทึก	ผู้ใช้บางรายสามารถเปิดไฟล์ที่ปลอดภัย และกลุ่มย่อยของผู้ใช้เหล่านั้นสามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์ได้

ผู้ใช้ทุกรายสามารถดำเนินการ “บันทึกเป็น” เพื่อสร้างไฟล์ที่ปลอดภัยใหม่ด้วยชื่ออื่นหรือบันทึกไฟล์ที่มีชื่อเดียวกันในตำแหน่งอื่นได้ตราบเท่าที่มีหนึ่งในคุณสมบัติต่อไปนี้ โดยขึ้นอยู่กับบทบาทของผู้ใช้

- ไฟล์ที่ปลอดภัยไม่ได้รับการปกป้องด้วยรหัสผ่าน
- ผู้ใช้มีรหัสผ่านเพื่อเปิดไฟล์

เคล็ดลับ: ไฟล์ใหม่จะบันทึกโดยไม่มีการปกป้องด้วยรหัสผ่าน ไฟล์ต้นฉบับยังคงมีรหัสผ่านของตนอยู่

ผู้ใช้สามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์ต้นฉบับได้หากไฟล์มีคุณสมบัติหนึ่งในข้อต่อไปนี้ โดยขึ้นอยู่กับบทบาทของผู้ใช้

- ไฟล์ไม่ได้รับการปกป้องด้วยรหัสผ่าน
- ผู้ใช้มีรหัสผ่านสำหรับเปิดและรหัสผ่านสำหรับบันทึกไฟล์

หมายเหตุ: บทบาทของผู้ใช้ต้องมีสิทธิ์ในการบันทึกไฟล์เพื่อตั้งรหัสผ่าน ตัวอย่างเช่น ผู้ใช้ที่มีบทบาทเป็นผู้เยี่ยมชมไม่สามารถบันทึกไฟล์ได้ ดังนั้นจึงไม่สามารถตั้งรหัสผ่านสำหรับไฟล์ได้

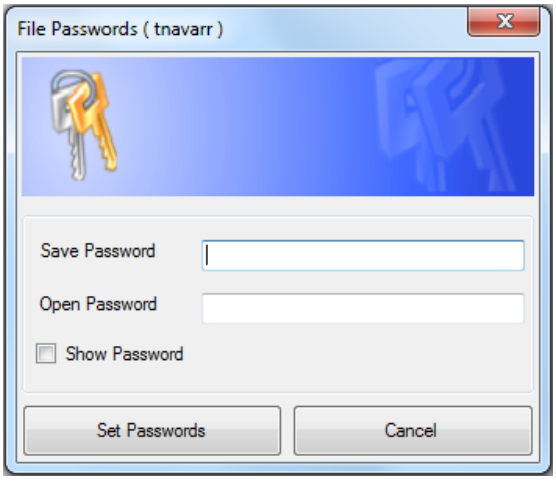
สำคัญ: เฉพาะผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE เท่านั้นที่สามารถรีเซ็ตหรือลบรหัสผ่าน

วิธีตั้งรหัสผ่านเพื่อปกป้องไฟล์

1 เข้าสู่ระบบ CFX Maestro Dx SE ด้วยข้อมูลสำหรับ Windows ของคุณ

2 เปิดไฟล์ที่ปลอดภัย

3 เลือก File (ไฟล์) > File Passwords (รหัสผ่านสำหรับไฟล์) กล่องโต้ตอบรหัสผ่านสำหรับไฟล์จะปรากฏขึ้น



4 กรอกรหัสผ่านในกล่อง Save Password (รหัสผ่านสำหรับการบันทึก) และ Open Password (รหัสผ่านสำหรับเปิด)

เคล็ดลับ: ตามค่าเริ่มต้น รหัสผ่านจะปรากฏเป็นอักขระดอกจันเมื่อพิมพ์ เลือก Show Password (แสดงรหัสผ่าน) เพื่อแสดงรหัสผ่านขณะที่คุณพิมพ์

สำคัญ: รหัสผ่านสามารถเป็นได้ทั้งพิมพ์ใหญ่และพิมพ์เล็ก CFX Maestro Dx SE ไม่มีข้อจำกัดในการตั้งรหัสผ่าน สำหรับแนวทางปฏิบัติที่ดีที่สุด โปรดติดต่อผู้ดูแลระบบในสถานที่ของคุณเพื่อทราบข้อกำหนดเกี่ยวกับรหัสผ่าน

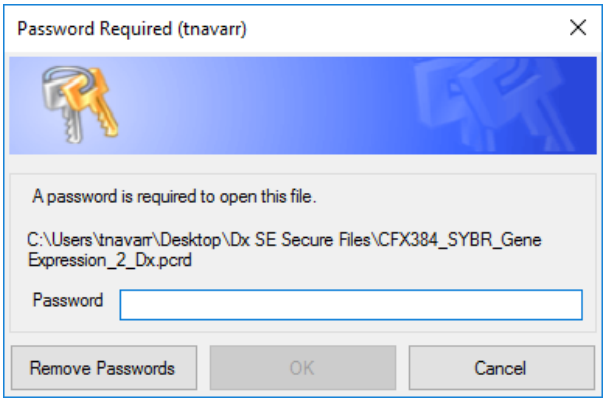
5 คลิก Set Passwords (ตั้งรหัสผ่าน) เพื่อตั้งรหัสผ่านและปิดกล่องโต้ตอบ

6 เลือก File (ไฟล์) > Save (บันทึก) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงในไฟล์

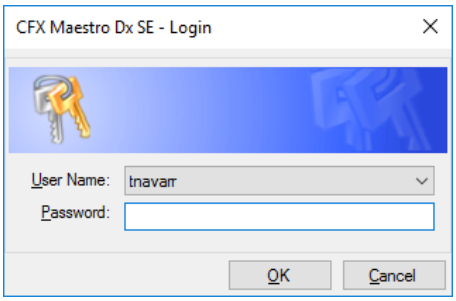
วิธีลบรหัสผ่าน

สำคัญ: คุณต้องเป็นผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE เพื่อลบรหัสผ่าน

1 ในกล่องโต้ตอบต้องใช้รหัสผ่าน คลิก Remove Passwords (ลบรหัสผ่าน)



กล่องโต้ตอบการเข้าสู่ระบบ CFX Maestro Dx SE จะปรากฏขึ้น



2 ระบุชื่อผู้ใช้และรหัสผ่านของ Windows สำหรับผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE แล้วคลิก OK (ตกลง)

ไฟล์ข้อมูลต้นฉบับจะปรากฏขึ้น

สำคัญ: คุณต้องบันทึกไฟล์เพื่อลบรหัสผ่าน

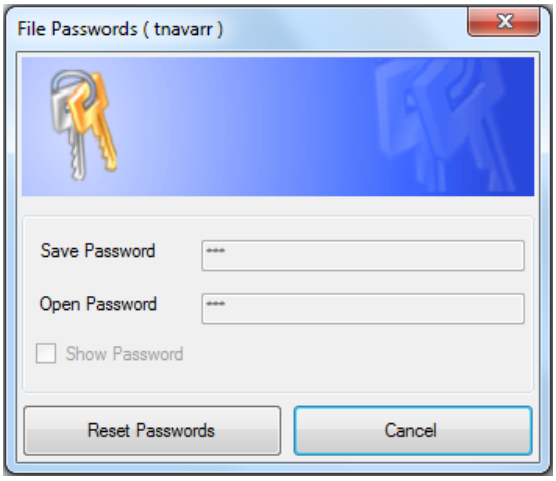
3 เลือก File (ไฟล์) > Save (บันทึก) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงในไฟล์

วิธีเปลี่ยนรหัสผ่าน

สำคัญ: เฉพาะผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE เท่านั้นที่สามารถเปลี่ยนรหัสผ่านได้

1 เปิดไฟล์ที่ปลอดภัย

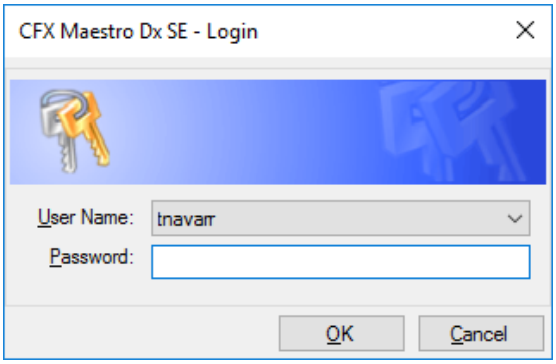
2 เลือก File (ไฟล์) > File Passwords (รหัสผ่านสำหรับไฟล์) กล่องโต้ตอบรหัสผ่านสำหรับไฟล์จะปรากฏขึ้น



เคล็ดลับ: รหัสผ่านสำหรับการบันทึก รหัสผ่านสำหรับเปิด และแสดงรหัสผ่าน จะปิดใช้งาน

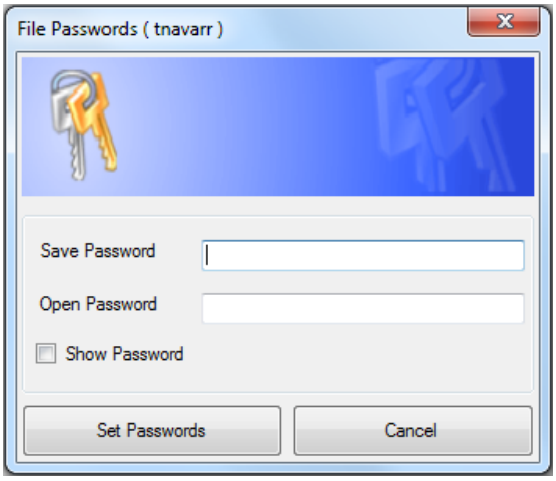
3 คลิก Reset Passwords (รีเซ็ตรหัสผ่าน)

กล่องโต้ตอบการเข้าสู่ระบบ CFX Maestro Dx SE จะปรากฏขึ้น



4 ระบุชื่อผู้ใช้และรหัสผ่านของ Windows สำหรับผู้ดูแลระบบ CFX Maestro Dx SE แล้วคลิก OK (ตกลง)

กล่องโต้ตอบรหัสผ่านสำหรับไฟล์จะปรากฏขึ้น



5 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการรีเซ็ตรหัสผ่านเพื่อปกป้องไฟล์ ให้พิมพ์รหัสผ่านใหม่ในช่องรหัสผ่านที่เหมาะสม
- หากต้องการลบรหัสผ่านสำหรับปกป้องไฟล์ ให้ล้างรหัสผ่านในช่อง

6 คลิก Set Passwords (ตั้งรหัสผ่าน) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงรหัสผ่านและออกจากกล่องโต้ตอบ

บทที่ 5 พื้นที่ทำงาน

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition มีอินเทอร์เฟซสำหรับตั้งค่าเพลต สร้างโปรโตคอล PCR และทดสอบได้บนเครื่องมือ CFX Opus Dx Deepwell Dx และวิเคราะห์ข้อมูลจากการทดสอบ PCR

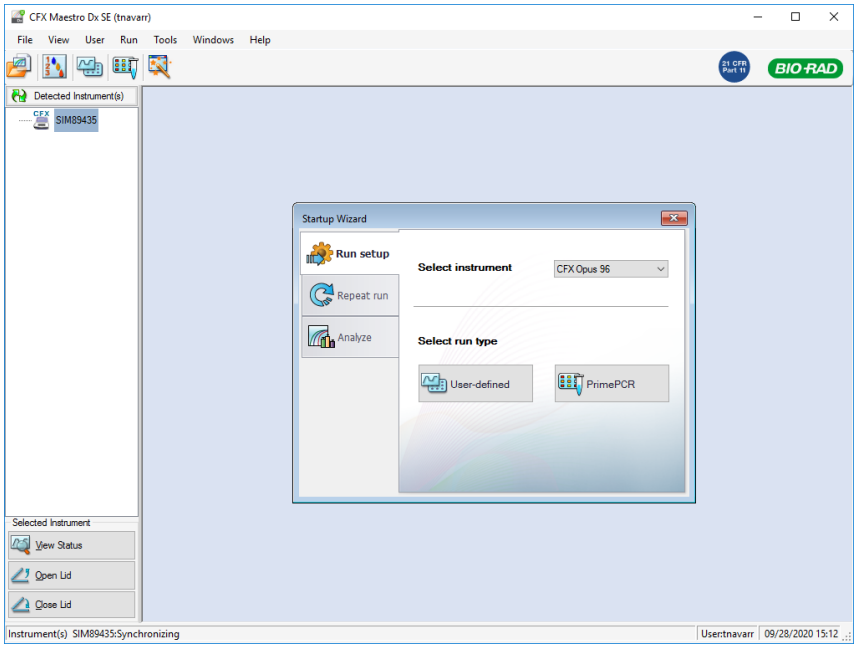
CFX Maestro Dx SE จะแสดงพื้นที่ทำงานหลัก 5 รายการดังนี้

- หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)
- หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
- หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

แต่ละพื้นที่ทำงานจะแสดงและอธิบายโดยสังเขปในบทนี้

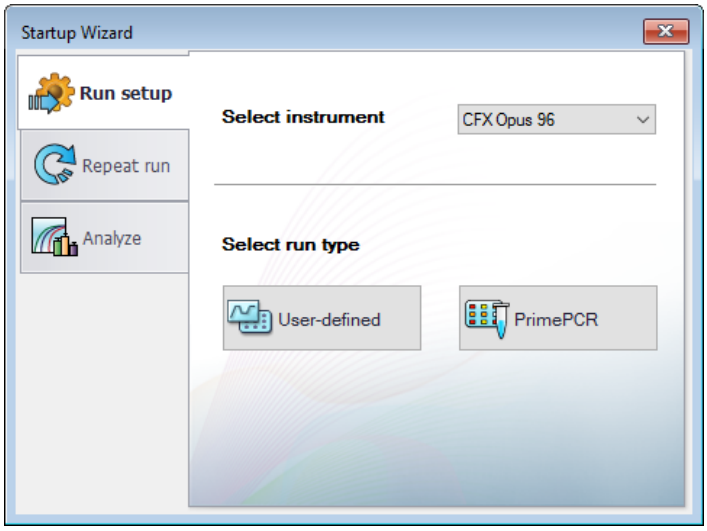
หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

CFX Maestro Dx SE จะเปิดหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) และแสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ที่คุณสามารถตั้งค่าการทดลอง ทำการทดสอบหรือทำการทดสอบซ้ำ หรือวิเคราะห์การทดสอบที่มีอยู่ จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) คุณสามารถดูบันทึกการใช้งานและบันทึกเครื่องมือ สร้างและจัดการผู้ใช้ และเข้าถึงเครื่องมือที่เป็นประโยชน์มากมาย ดูข้อมูลเพิ่มเติมใน บทที่ 6, หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)



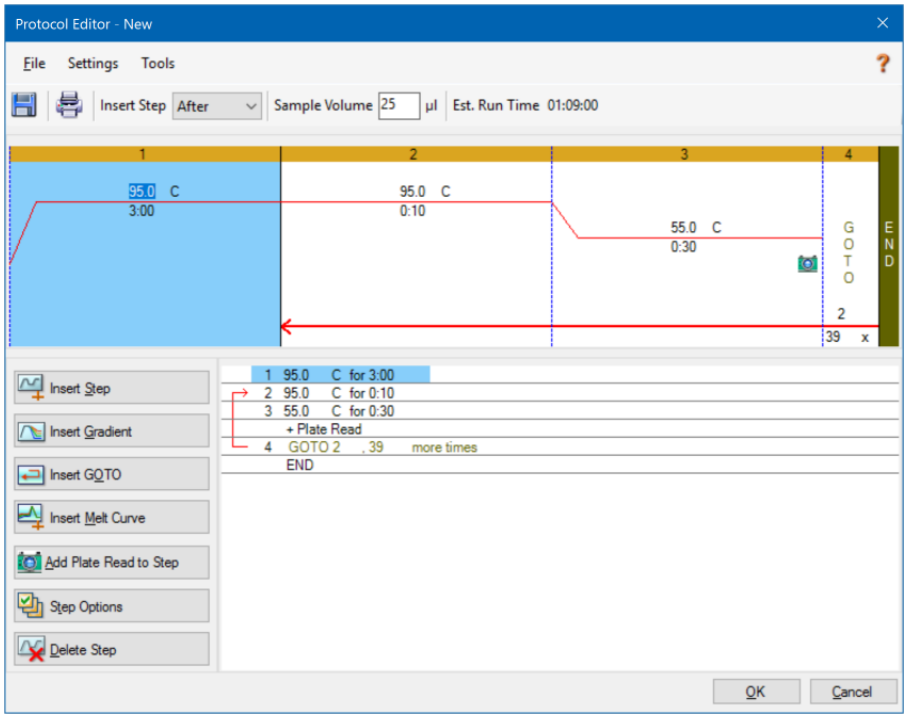
Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

ใช้ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้นในการตั้งค่าอย่างรวดเร็วและทำการทดลองที่กำหนดโดยผู้ใช้ หรือเลือกและทำการทดลอง PrimePCR คุณสามารถใช้ตัวช่วยสร้างนี้ในการทำการทดสอบซ้ำหรือวิเคราะห์ข้อมูลการทดสอบได้ด้วย



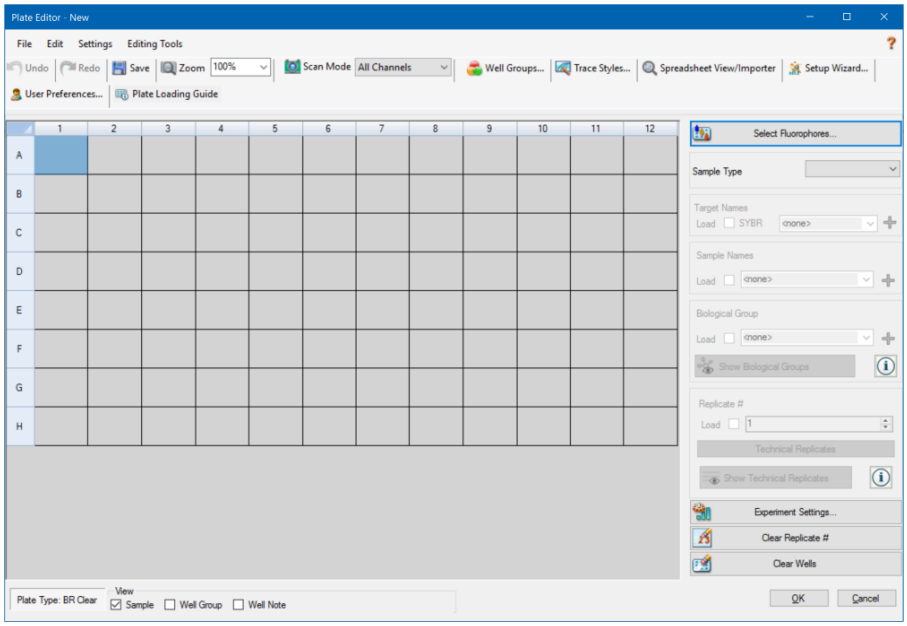
หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) คุณสามารถสร้าง เปิด ตรวจสอบ และแก้ไขโปรโตคอลได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถปรับอุณหภูมิของฝาครอบสำหรับโปรโตคอลแบบเปิดได้ ฟังก์ชัน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) มีรายละเอียดอยู่ใน บทที่ 7, การสร้างโปรโตคอล



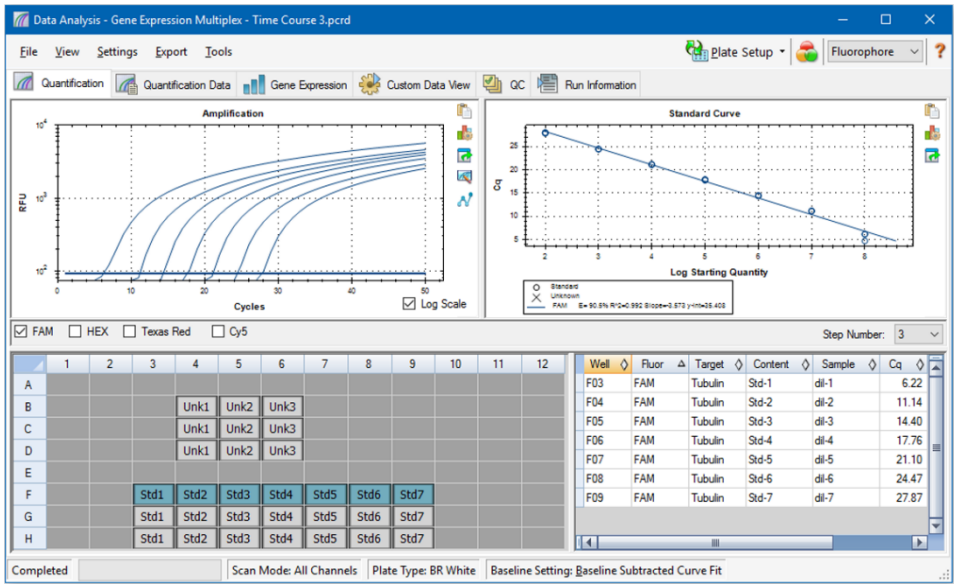
หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) คุณสามารถสร้าง เปิด ตรวจสอบ และแก้ไขเพลตได้ ฟังก์ชัน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) มีรายละเอียดอยู่ใน บทที่ 8, การเตรียมเพลต



หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) คุณสามารถดูและเปรียบเทียบข้อมูลการทดสอบ ทำการวิเคราะห์เชิงสถิติ ส่งออกข้อมูล และสร้างรายงานที่พร้อมสำหรับพิมพ์ได้ ฟังก์ชันการวิเคราะห์ข้อมูลมีรายละเอียดอยู่ใน
บทที่ 10, ภาพรวมการวิเคราะห์ข้อมูล และบทที่ 11, รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล



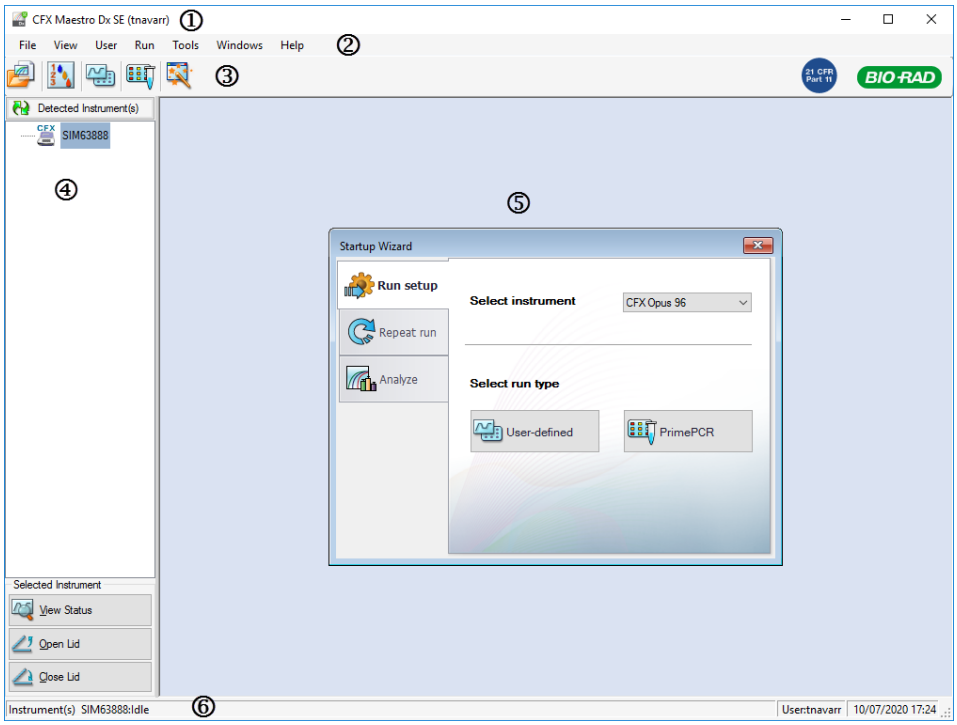
บทที่ 6 หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ให้อินเทอร์เฟซสำหรับการพัฒนาโปรโตคอล PCR, การทดสอบบน Dx systemsของ CFX และวิเคราะห์ข้อมูลการทดสอบ PCR

บทนี้แนะนำเกี่ยวกับ CFX Maestro Dx SE และอธิบายคุณสมบัติที่เข้าใช้งานได้จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

CFX Maestro Dx SE จะเปิดหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) และแสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ซึ่งคุณสามารถตั้งค่าการทดสอบ ดำเนินการหรือทำการทดสอบซ้ำ หรือวิเคราะห์การทดสอบที่ทำอยู่ จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) คุณสามารถดูบันทึกการใช้งานและบันทึกเครื่องมือ สร้างและจัดการผู้ใช้ และเข้าถึงเครื่องมือที่เป็นประโยชน์มากมาย



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	แถบชื่อซอฟต์แวร์จะแสดงชื่อของซอฟต์แวร์และผู้ใช้ที่ได้เข้าสู่ระบบ
2	แถบเมนูจะมีทางลัดเพื่อเข้าถึงเมนู File (ไฟล์), View (ดู), Users (ผู้ใช้), Run (การทดสอบ), Tools (เครื่องมือ), Window (หน้าต่าง) และ Help (ช่วยเหลือ)
3	คำสั่งของแถบเครื่องมือมีทางลัดเพื่อเข้าถึงตัวเลือกเมนู
4	บานหน้าต่างด้านซ้ายจะแสดงเครื่องมือที่เชื่อมต่อกับคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE และมีปุ่มที่สามารถใช้งานฝาครอบและดูสถานะของเครื่องมือได้

5	บานหน้าต่างหลักจะแสดงหน้าต่างที่ทำงานอยู่ หน้าต่างที่ทำงานเป็นค่าเริ่มต้นบนหน้าจอ Home (หน้าหลัก) คือ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
6	แถบสถานะจะแสดงชื่อของเครื่องมือที่เชื่อมต่อและผู้ใช้ที่ได้เข้าสู่ระบบ

คำสั่งเมนูไฟล์

New (ใหม่) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกสร้างโปรโตคอล เพลต หรือการศึกษายีนใหม่ได้

Open (เปิด) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกเพื่อค้นหาและเปิดโปรโตคอล เพลต ไฟล์ข้อมูล การศึกษายีน ไฟล์ LIMS การทดสอบจากเครื่องมือแบบสแตนด์อะโลน (stand- alone run) หรือไฟล์การทดสอบ PrimePCR™

Recent Data Files (ไฟล์ข้อมูลล่าสุด) — แสดงรายการของไฟล์ PCR ที่เปิดล่าสุด

Repeat a Run (ทำการทดสอบซ้ำ) — เปิด Windows Explorer ในตำแหน่งที่บันทึกไฟล์ PCR ไว้ ซึ่งคุณจะสามารถค้นหาการทดสอบเพื่อทำการทดสอบซ้ำได้

Exit (ออก) — ปิด CFX Maestro Dx SE

คำสั่งเมนูดู

Application Log (บันทึกการใช้งาน) — แสดงบันทึกการใช้งานซอฟต์แวร์ตั้งแต่การติดตั้งครั้งแรกจนถึงปัจจุบัน

Run Reports (รายงานการทดสอบ) — แสดงรายการรายงานการทดสอบ

Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) — แสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ในบานหน้าต่างหลัก

Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) — แสดงหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ในบานหน้าต่างหลัก

Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ) — แสดงหน้าต่าง Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ) ในบานหน้าต่างหลัก

Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) — สลับระหว่างการแสดงและไม่แสดงเครื่องมือที่เชื่อมต่อในบานหน้าต่างด้านซ้าย ตามค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์จะแสดงเครื่องมือที่เชื่อมต่อในบานหน้าต่างด้านซ้าย

Toolbar (แถบเครื่องมือ) — สลับระหว่างการแสดงและไม่แสดงแถบเครื่องมือที่ด้านบนของหน้าจอ ตามค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์จะแสดงแถบเครื่องมือ

Status Bar (แถบสถานะ) — สลับระหว่างการแสดงและไม่แสดงแถบสถานะที่ด้านล่างของหน้าจอ ตามค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์จะแสดงแถบสถานะ

Show (แสดง) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถทำรายการต่อไปนี้

- ดูหรือบล็อกบันทึกสถานะ
- เปิดและดูโฟลเดอร์ข้อมูล CFX Maestro Dx SE
- เปิดและดูโฟลเดอร์ข้อมูลของผู้ใช้

- เปิดและดูโฟลเดอร์ของไฟล์ LIMS
- เปิดและดูโฟลเดอร์ PrimePCR
- ดูประวัติการทดสอบ
- ดูคุณสมบัติของเครื่องมือที่เชื่อมต่อทั้งหมด

คำสั่งเมนูผู้ใช้

Select User (เลือกผู้ใช้) — เปิดหน้าจอ Login (เข้าสู่ระบบ) ที่คุณสามารถเลือกผู้ใช้จากรายการ User Name (ชื่อผู้ใช้) แบบเลื่อนลงและเข้าสู่แอปพลิเคชัน

Change Password (เปลี่ยนรหัสผ่าน) — เปิดกล่องโต้ตอบ Change Password (เปลี่ยนรหัสผ่าน) ที่ผู้ใช้สามารถเปลี่ยนรหัสผ่าน ของตนได้

หมายเหตุ: ตัวเลือกนี้ถูกปิดใช้งานสำหรับ CFX Maestro Dx SE ผู้ใช้ต้องเปลี่ยนรหัสผ่าน Windows ของตน CFX Maestro Dx SEเพื่อเปลี่ยนรหัสผ่าน CFX Maestro Dx SE

User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) — เปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ที่ผู้ใช้สามารถเปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นสำหรับสิ่งต่อไปนี้

- การส่งและการรับการแจ้งทางอีเมลเมื่อการทดสอบเสร็จสิ้น
- การบันทึกไฟล์ข้อมูล
- การสร้างโปรโตคอลผ่าน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) หรือ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ)
- การสร้างเพลต
- การวิเคราะห์ข้อมูล
- การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน
- การกำหนดคุณภาพของข้อมูล
- การส่งออกข้อมูลของเครื่องมือ CFX

User Administration (การจัดการผู้ใช้) — เปิดกล่องโต้ตอบ User Administration (การจัดการผู้ใช้) ที่ผู้ดูแลระบบสามารถสร้างผู้ใช้ แก้ไขสิทธิ์ในบทบาท และกำหนดบทบาทแก่ผู้ใช้

Bio-Rad Service Login (การเข้าสู่ระบบบริการ) — สำหรับให้พนักงานฝ่ายบริการด้านเทคนิคของ Bio-Rad ใช้งานเท่านั้น ห้ามเลือกคำสั่งนี้

คำสั่งเมนูการทดสอบ

User-defined Run (การทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด) — เปิดหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ซึ่งคุณจะสามารถตั้งค่าโปรโตคอลและเพลตที่ผู้ใช้กำหนด แล้วทำการทดสอบ PCR บนเครื่องมือที่เลือกได้

PrimePCR Run (การทดสอบ PrimePCR) — เปิดแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่มีโปรโตคอล PrimePCR ตามค่าเริ่มต้นและเค้าโครงเพลตที่บรรจุไว้ในเครื่องมือที่เลือก

End-Point Only Run (การทดสอบที่จุดสิ้นสุดเท่านั้น) — เปิดแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่มีโปรโตคอลจุดสิ้นสุดตามค่าเริ่มต้นและเค้าโครงเพลตที่บรรจุไว้ในเครื่องมือที่เลือก

Qualification Run (การทดสอบคุณสมบัติ) — เปิดแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่มีโปรโตคอลคุณสมบัติของ Bio-Rad ตามค่าเริ่มต้นและเค้าโครงเพลตที่บรรจุไว้ในเครื่องมือที่เลือก

คำสั่งเมนูเครื่องมือ

Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณ Master Mix) — เปิดเครื่องคำนวณ Master Mix ที่คุณสามารถสร้างส่วนผสมปฏิกิริยาและพิมพ์การคำนวณ

Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) — เปิดกล่องโต้ตอบ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ที่คุณสามารถสร้างโปรโตคอลใหม่ได้ง่าย ๆ

เครื่องคำนวณ T_a — เปิดเครื่องคำนวณ T_a ที่คุณสามารถคำนวณอุณหภูมิ Annealingของไพรเมอร์ได้ง่าย ๆ

Dye Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการสอบเทียบสารเรืองแสง) — เปิดตัวช่วยสร้าง Dye Calibration (การสอบเทียบสารเรืองแสง) ที่คุณสามารถปรับเทียบเครื่องมือสำหรับสารเรืองแสงใหม่

Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดร์เวอร์เครื่องมืออีกครั้ง) — ติดตั้งไดร์เวอร์ที่ควบคุมการสื่อสารกับเครื่องระบบ PCR แบบเรียลไทม์ของ Bio-Rad

Zip Data and Log Files (ไฟล์ข้อมูล Zip และไฟล์บันทึก) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกไฟล์เพื่อบีบอัดและบันทึกในไฟล์ zip เพื่อจัดเก็บหรือเพื่อส่งอีเมล

Batch Analysis (การวิเคราะห์แบตช์) — เปิดกล่องโต้ตอบ Batch Analysis (การวิเคราะห์แบตช์) ที่คุณสามารถตั้งค่าพารามิเตอร์เพื่อการวิเคราะห์มากกว่าหนึ่งไฟล์ข้อมูลต่อครั้ง

Options (ตัวเลือก) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถทำดังนี้

- กำหนดการตั้งค่าเซิร์ฟเวอร์อีเมลของคุณ
- กำหนดการตั้งค่าการส่งออกสำหรับ LIMS และไฟล์ข้อมูลอื่น ๆ

  เคล็ดลับ: คุณยังสามารถเลือกตัวเลือกเพื่อเริ่ม Seegene Viewer โดยอัตโนมัติเมื่อส่งออกหากคุณเลือกที่จะส่งออกข้อมูลของคุณในรูปแบบ Seegene
- เปลี่ยนภาษาที่แสดงในอินเทอร์เฟซผู้ใช้ (อังกฤษ, จีน, รัสเซีย)

  สำคัญ: คุณต้องรีสตาร์ท CFX Maestro Dx SE เพื่อแสดงภาษาที่เลือก

  สำคัญ: ภาษาของระบบปฏิบัติการที่คุณใช้งานจะต้องตรงกับภาษาที่คุณต้องการให้แสดงในอินเทอร์เฟซของ CFX Maestro Dx SE

คำสั่งเมนูช่วยเหลือ

เคล็ดลับ: เมนู Help (ช่วยเหลือ) มีอยู่บนแถบเมนูในหน้าต่าง CFX Maestro Dx SE ทั้งหมด

Contents (สาร) — แสดงแท็บ Contents (สาร) ในระบบ Help (ช่วยเหลือ) ของ CFX Maestro Dx SE

Index (ดัชนี) — แสดงแท็บ Index (ดัชนี) ในระบบ Help (ช่วยเหลือ) ของ CFX Maestro Dx SE

Search (ค้นหา) — แสดงแท็บ Search (ค้นหา) ในระบบ Help (ช่วยเหลือ) ของ CFX Maestro Dx SE

Open User Guide (เปิดคู่มือผู้ใช้) — เปิดไฟล์ PDF ของคู่มือนี้

Additional Documentation (เอกสารเพิ่มเติม) — ให้การเข้าถึงคู่มือการใช้งาน CFX Opus Dx Real-Time PCR Systems

Release Notes (บันทึกย่อประจำรุ่น) — เปิดเอกสาร Release Notes (บันทึกย่อประจำรุ่น) สำหรับเวอร์ชัน CFX Maestro Dx SE ที่ติดตั้ง

Video Resources (ทรัพยากรวิดีโอ) — เปิดเว็บไซต์ที่มีทรัพยากรวิดีโอของ Bio-Rad เช่น วิดีโอคำแนะนำ

qPCR Applications and Technologies Web Site (แอปพลิเคชัน qPCR และเว็บไซต์เทคโนโลยี) — เปิดแอปพลิเคชัน qPCR และเว็บไซต์เทคโนโลยีของ Bio-Rad ที่คุณสามารถเรียนรู้เพิ่มเกี่ยวกับ PCR แบบเรียลไทม์ (qPCR) ได้

PCR Reagents Web Site (เว็บไซต์น้ำยา PCR) — เปิดเว็บไซต์น้ำยาสำหรับ PCR และ qPCR ของ Bio-Rad ที่คุณสามารถสั่งซื้อน้ำยา PCR, Supermix, สารย้อมสี และชุดอุปกรณ์ได้

PCR Plastic Consumables Web Site (เว็บไซต์วัสดุสิ้นเปลืองจากพลาสติกสำหรับ PCR) — เปิดเว็บไซต์วัสดุสิ้นเปลืองจากพลาสติกสำหรับ PCR ของ Bio-Rad ที่คุณสามารถสั่งซื้อเพลต PCR ที่ปิดผนึกเพลต หลอดและจุกปิด และอุปกรณ์เสริมอื่น ๆ ที่ทำจากพลาสติก

Software Web Site (เว็บไซต์ซอฟต์แวร์) — เปิดเว็บไซต์ PCR Analysis Software (ซอฟต์แวร์วิเคราะห์ PCR) ของ Bio-Rad ที่คุณสามารถสั่งซื้อ CFX Maestro Dx SE เวอร์ชันที่อัปเดตแล้วของ Bio-Rad ได้

About (เกี่ยวกับ) — แสดงข้อมูลลิขสิทธิ์และเวอร์ชันของ CFX Maestro Dx SE

คำสั่งแถบเครื่องมือ

— เปิด Windows Explorer ที่คุณสามารถนำทางไปยังและเปิดไฟล์ข้อมูลหรือไฟล์การศึกษายีน

— เปิด Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณ Master Mix)

— เปิดหน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ)

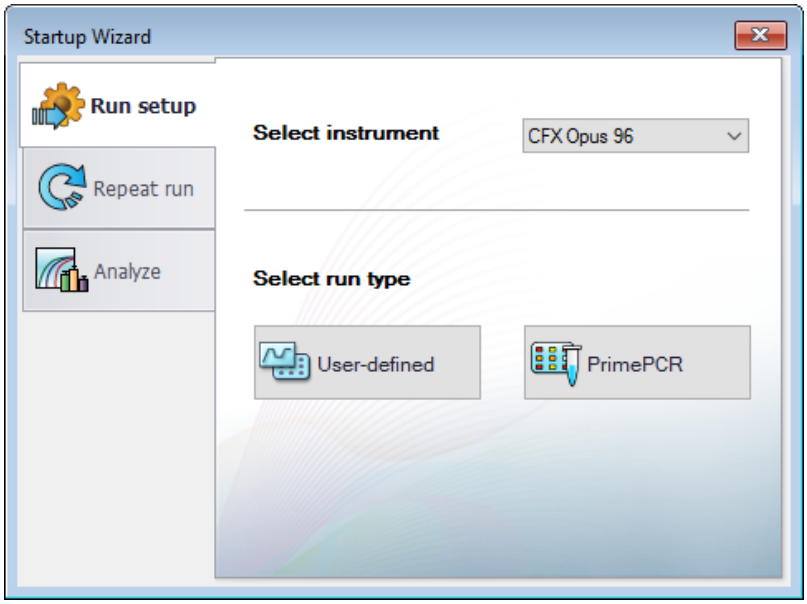
— เปิดหน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) กับโปรโตคอล PrimePCR ค่าเริ่มต้นและเค้าโครงเพลตที่บรรจุในเครื่องมือที่เลือก

— เปิด Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

เมื่อ CFX Maestro Dx SE เริ่มทำงาน บานหน้าต่างการทำงานจะแสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) จาก Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) คุณสามารถทำดังนี้

- เลือกเครื่องมือจากเครื่องมือที่ตรวจพบและตั้งค่าการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนดหรือ PrimePCR
- เปิดและทำการทดสอบซ้ำ
- เปิดไฟล์ข้อมูลเพื่อวิเคราะห์ผลจากการการทดสอบครั้งเดียวหรือจากไฟล์การศึกษายีนเพื่อดูผลลัพธ์จากการทดสอบการแสดงออกของยีนหลายการทดสอบ



จะมีการอธิบายงานเหล่านี้โดยละเอียดในบทต่อ ๆ ไป

แถบสถานะ

ด้านซ้ายของแถบสถานะที่ด้านล่างหน้าต่างซอฟต์แวร์หลัก จะแสดงสถานะปัจจุบันของเครื่องมือที่ตรวจพบ ด้านขวาของแถบสถานะจะแสดงชื่อของผู้ใช้ปัจจุบัน รวมถึงวันที่และเวลา

บานหน้าต่างเครื่องมือที่ตรวจพบ

บานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) จะแสดงเครื่องมือแต่ละตัวที่เชื่อมต่อกับ CFX Maestro Dx SE คอมพิวเตอร์ ตามค่าเริ่มต้น เครื่องมือแต่ละตัวจะปรากฏเป็นไอคอน และหมายเลขซีเรียลจะปรากฏเป็นชื่อของเครื่องมือ

จากแผงนี้คุณสามารถสามารถทำสิ่งต่าง ๆ ดังนี้

- ดูคุณสมบัติและสารเรืองแสงที่ผ่านการสอบเทียบสำหรับเครื่องมือที่เลือก

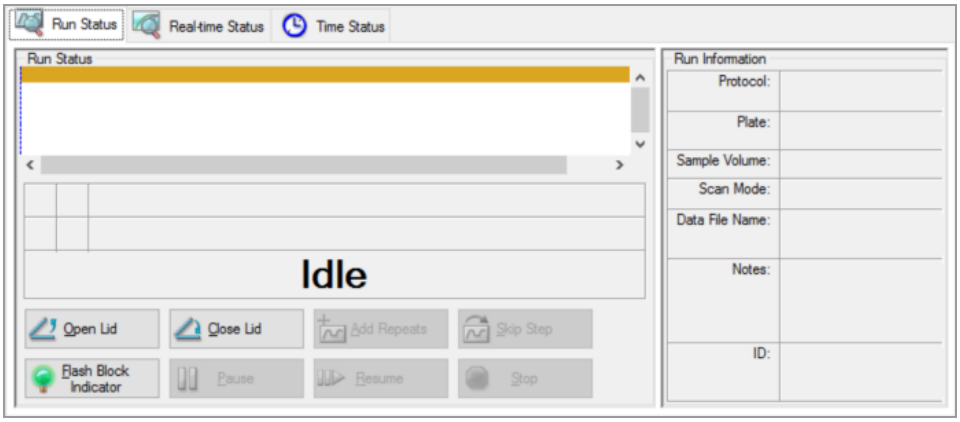
  สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับคุณสมบัติของเครื่องมือ โปรดดูที่การดูคุณสมบัติของเครื่องมือ ในหน้า 72
- ดูสถานะของเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่
- เปิดฝาครอบมอเตอร์บนเครื่องมือที่เลือก
- ปิดฝาครอบมอเตอร์บนเครื่องมือที่เลือก
- ดูสถานะของเครื่องมือที่เชื่อมต่อทั้งหมด

วิธีดูสถานะของเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่

▶ ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้เลือกเครื่องมือเป้าหมายและทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก View Status (ดูสถานะ) ในส่วน Selected Instrument (เครื่องมือที่เลือก)
- คลิกขวาและเลือก View Status (ดูสถานะ) บนเมนูที่ปรากฏขึ้น

กล่องโต้ตอบ Run Details (ใช้งานรายละเอียด) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Run Status (ใช้งานสถานะ) สถานะของเครื่องมือที่เลือกจะปรากฏขึ้นใต้บานหน้าต่างใช้งานสถานะ เช่น:



วิธีเปิดหรือปิดฝาครอบบนเครื่องมือ

▶ ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้เลือกเครื่องมือเป้าหมายและทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก Open Lid (เปิดฝาครอบ) หรือ Close Lid (ปิดฝาครอบ) ในส่วน Selected Instrument (เครื่องมือที่ตรวจพบ)
- คลิกขวาและเลือกการดำเนินการที่เหมาะสมบนเมนูที่ปรากฏขึ้น
- เปิดกล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) เลือกแท็บ Run Status (สถานะการทดสอบ) แล้วคลิก Open Lid (เปิดฝาครอบ) หรือ Close Lid (ปิดฝาครอบ)

วิธีดูสถานะของเครื่องมือที่ตรวจพบทั้งหมด

▶ โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ในส่วน All Instruments (เครื่องมือทั้งหมด) ในบานหน้าต่าง Selected Instrument (เครื่องมือที่ตรวจพบ) คลิก View Summary (ดูสรุป)
- บนแถบเมนู เลือก View (ดู) > Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)

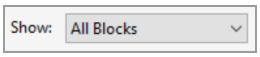
กล่องโต้ตอบ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ) จะปรากฏขึ้น

เคล็ดลับ: หากระบบตรวจพบเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่เพียงเครื่องเดียว ส่วน All Instruments (เครื่องมือทั้งหมด) จะไม่ปรากฏในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) วิธีการดูสรุปเครื่องมือสำหรับเครื่องมือหนึ่ง ให้เลือก View (ดู) > Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)

Instrument Summary Toolbar Controls (การควบคุมแถบเครื่องมือการสรุปเครื่องมือ)

ตาราง 5 จะแสดงการควบคุมและฟังก์ชันในแถบเครื่องมือ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)

ตาราง 5 Instrument Summary Toolbar Controls (การควบคุมแถบเครื่องมือการสรุปเครื่องมือ)

ปุ่ม	ชื่อปุ่ม	ฟังก์ชัน
	สร้างการทำงานใหม่	สร้างการทำงานบนบล็อกที่เลือกโดยการเปิดหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)
	STOP (หยุด)	หยุดการทำงานปัจจุบันบนบล็อกที่เลือก
	หยุดชั่วคราว	หยุดการทำงานปัจจุบันบนบล็อกที่เลือกชั่วคราว
	ใช้งานต่อ	ใช้งานการทำงานในบล็อกที่เลือกต่อ
	กะพริบ Block Indicator (ตัวระบุบล็อก)	กะพริบไฟ LED ของตัวระบุบนฝาครอบของบล็อกที่เลือก
	Open Lid (เปิดฝา)	เปิดฝาครอบมอเตอร์ของบล็อกที่เลือก
	Close Lid (ปิดฝา)	ปิดฝาครอบมอเตอร์ของบล็อกที่เลือก
	Hide Selected Blocks (ซ่อนบล็อกที่เลือก)	ซ่อนบล็อกที่เลือกในรายการ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)
	Show All Blocks (แสดงบล็อกทั้งหมด)	แสดงบล็อกที่เลือกในรายการ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)
	Show (แสดง)	เลือกบล็อกที่จะแสดงในรายการ เลือกตัวเลือกใดตัวเลือกหนึ่งเพื่อแสดงบล็อกที่ตรวจพบทั้งหมด บล็อกว่างทั้งหมด บล็อกทั้งหมดที่กำลังทำงานด้วยผู้ใช้ปัจจุบัน หรือบล็อกที่กำลังทำงานทั้งหมด

การดูคุณสมบัติของเครื่องมือ

จากบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) คุณสามารถดูรายละเอียดเกี่ยวกับเครื่องมือที่เลือกได้ ซึ่งประกอบด้วยคุณสมบัติของเครื่องมือ สถานะของสกรูสำหรับการจัดส่ง (สำหรับเครื่อง CFX Connect และ CFX Touch เท่านั้น) และรายการสารเรืองแสงที่ได้รับการสอบเทียบ

วิธีการดูคุณสมบัติของเครื่องมือ

▶ ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้คลิกขวาที่เครื่องมือเป้าหมาย และเลือก Properties (คุณสมบัติ) บนเมนูที่ปรากฏขึ้นมา

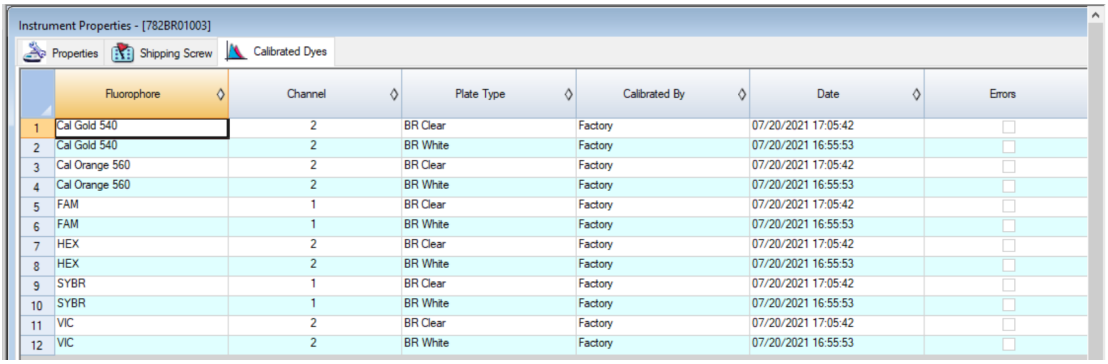
แท็บ Properties (คุณสมบัติ)

แท็บ Properties (คุณสมบัติ) จะแสดงรายละเอียดทางเทคนิคเกี่ยวกับเครื่องมือที่เลือก โดยประกอบด้วยรุ่น หมายเลขเครื่องของส่วนประกอบ และเวอร์ชันเฟิร์มแวร์ ชื่อเริ่มต้นของเครื่องมือ (หมายเลขเครื่อง) จะปรากฏขึ้นในหลายตำแหน่ง รวมถึงในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) และในแถบส่วนหัวของกล่องโต้ตอบ Instrument Properties (คุณสมบัติของเครื่องมือ) คุณสามารถเปลี่ยนชื่อเครื่องมือเพื่อให้สามารถระบุได้ง่ายขึ้น

หมายเหตุ: คุณไม่สามารถเปลี่ยนชื่อเครื่องมือ CFX Opus ที่ใช้ CFX Maestro ได้

แท็บ Calibrated Dyes (สารเรืองแสงที่ได้รับการสอบเทียบ)

แท็บ Calibrated Dyes (สารเรืองแสงที่ได้รับการสอบเทียบ) จะแสดงสารเรืองแสงและเพลตที่ปรับเทียบสำหรับเครื่องมือที่เลือก



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

หากต้องการดูข้อมูลโดยละเอียดเกี่ยวกับการสอบเทียบ ให้คลิกปุ่ม Info (ข้อมูล) ในคอลัมน์ Detail (รายละเอียด)

ก่อนที่คุณจะเริ่ม

ส่วนนี้อธิบายงานที่คุณอาจต้องดำเนินการก่อนใช้งาน CFX Maestro Dx SE ซึ่งรวมถึง

- การสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยา
- การสอบเทียบสีฟลูออเรสเซนต์ใหม่

การสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยา

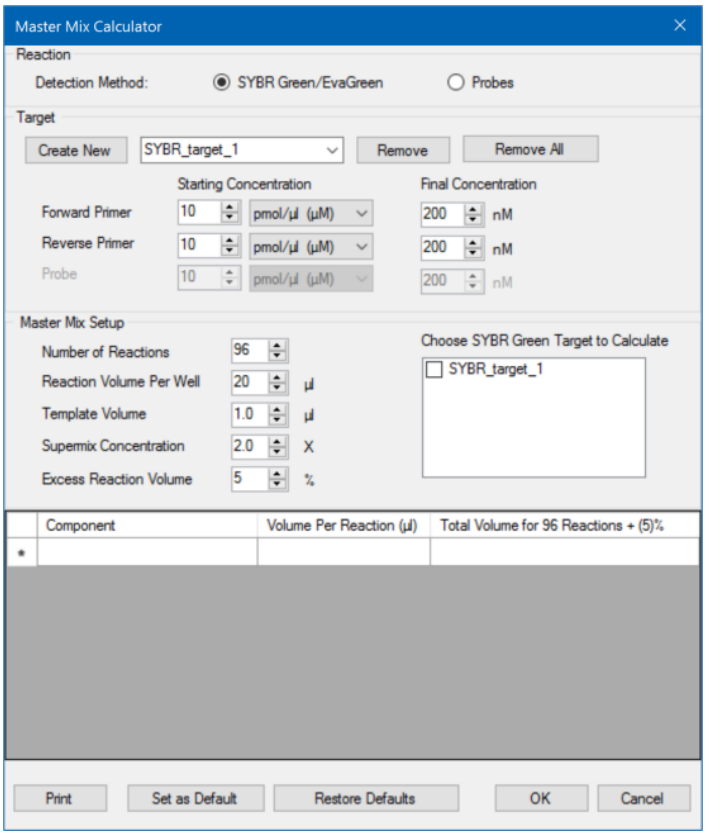
เมื่อใช้ Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก) ของ CFX Maestro Dx SE คุณจะสามารถคำนวณปริมาณที่ต้องการของแต่ละส่วนประกอบในส่วนผสมหลักของคุณได้อย่างง่ายดาย คุณสามารถพิมพ์ตารางการคำนวณส่วนผสมหลักไปยังเครื่องพิมพ์เริ่มต้นของคุณ และบันทึกการคำนวณสำหรับแต่ละเป้าหมายเพื่อใช้ในภายหลังได้

วิธีการสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยาโดยใช้ Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)

1 หากต้องการเปิด Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก Tools (เครื่องมือ) > Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)
- คลิกแถบเครื่องมือ Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)

Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก) จะปรากฏขึ้น



2 ในหัวข้อ Reaction (ปฏิกิริยา) ให้เลือกวิธีการตรวจจับดังนี้

- SYBR® Green/EvaGreen®
- โพรบ

3 หากต้องการสร้างเป้าหมายใหม่ ในหัวข้อ Target (เป้าหมาย) ให้คลิก Create New (สร้างใหม่) ชื่อเป้าหมายใหม่จะปรากฏในรายการเป้าหมายแบบเลื่อนลง

4 (ไม่บังคับ) วิธีเปลี่ยนชื่อเป้าหมายเริ่มต้น

a ไฮไลต์ชื่อเป้าหมายในรายการเป้าหมายแบบเลื่อนลง

b พิมพ์ชื่อเป้าหมายใหม่ในช่อง Target (เป้าหมาย)

c กดปุ่ม Enter

5 ปรับความเข้มข้นเริ่มต้นและความเข้มข้นขั้นสุดท้ายสำหรับฟอร์เวิร์ดและรีเวิร์สไพรเมอร์และโพรบทั้งหมด

6 ในหัวข้อ Master Mix Setup (ตั้งค่าส่วนผสมหลัก) ให้ปรับค่าสำหรับ

- จำนวนปฏิกิริยาที่จะทดสอบ

- ปริมาณปฏิกิริยาต่อหลุม
- ปริมาณเทมเพลตต่อหลุม
- ความเข้มข้นของ Supermix ต่อหลุม
- ปริมาณปฏิกิริยาที่มากเกินไปต่อหลุม

7 (ไม่บังคับ) ดำเนินการตามขั้นตอน 2–6 กับเป้าหมายในจำนวนเท่าที่จำเป็น

8 ในหัวข้อ Choose Target to Calculate (เลือกเป้าหมายในการคำนวณ) ให้เลือกเป้าหมายที่จะคำนวณ

เคล็ดลับ: คุณสามารถคำนวณเป้าหมายเพียงหนึ่งเป้าหมาย หรือหลายเป้าหมาย หรือเป้าหมายทั้งหมดพร้อมกันได้

ปริมาณที่คำนวณได้ของส่วนประกอบที่ต้องการสำหรับแต่ละเป้าหมายที่เลือกจะปรากฏในตารางส่วนผสมหลัก

9 คลิก Set as Default (ตั้งค่าเป็นค่าเริ่มต้น) เพื่อตั้งค่าการป้อนข้อมูลปริมาณในหัวข้อ Target and Master Mix Setup (ตั้งค่าเป้าหมายและส่วนผสมหลัก) ให้เป็นค่าเริ่มต้นใหม่

10 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกเนื้อหาของกล่องโต้ตอบ Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)

วิธีพิมพ์ตารางคำนวณส่วนผสมหลัก

▶ หากต้องการพิมพ์ตารางคำนวณส่วนผสมหลัก ให้คลิก Print (พิมพ์)

ตารางคำนวณจะพิมพ์ไปยังเครื่องพิมพ์เริ่มต้นของคุณ

วิธีบันทึกตารางคำนวณส่วนผสมหลักเป็นไฟล์ PDF

▶ เปลี่ยนเครื่องพิมพ์เริ่มต้นของคุณเป็นไดรเวอร์ PDF และคลิก Print (พิมพ์) บน Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)

วิธีลบเป้าหมาย

▶ เลือกเป้าหมายโดยใช้รายการเป้าหมายแบบเลื่อนลง แล้วคลิก Remove (ลบ)

สำคัญ: การลบเป้าหมายออกจากรายการเป้าหมายจะเป็นการลบเป้าหมายออกจากการคำนวณส่วนผสมหลักที่เป้าหมายนั้นใช้ด้วย ควรใช้ความระมัดระวังเมื่อทำการลบเป้าหมาย

การสอบเทียบสารย้อมสีใหม่

CFX Opus 96 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx System ได้รับการสอบเทียบสารเรืองแสงที่นิยมใช้ในเพลตหลุมสีขาวและเพลตหลุมใสมาจากโรงงาน The CFX Opus 384 Dx System ได้รับการสอบเทียบสารเรืองแสงที่นิยมใช้เฉพาะในเพลตหลุมสีขาวมาจากโรงงาน ตาราง 6 แสดงรายการสารเรืองแสงและช่องทางสำหรับการสอบเทียบเครื่องมือแต่ละตัว

หมายเหตุ: The CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx System ยังมีช่องเฉพาะสำหรับเคมี FRET ด้วย ช่องทางนี้ไม่จำเป็นต้องมีการสอบเทียบสารเรืองแสงเฉพาะ

สำคัญ: หากคุณทำการสอบเทียบสารเรืองแสงเองซึ่งได้รับการสอบเทียบมาจากโรงงานแล้ว เครื่องมือจะใช้การสอบเทียบที่ผู้ใช้กำหนดแทนการสอบเทียบจากโรงงาน

ตาราง 6 สอบเทียบสารเรืองแสงจากโรงงาน, ช่องทางและเครื่องมือ

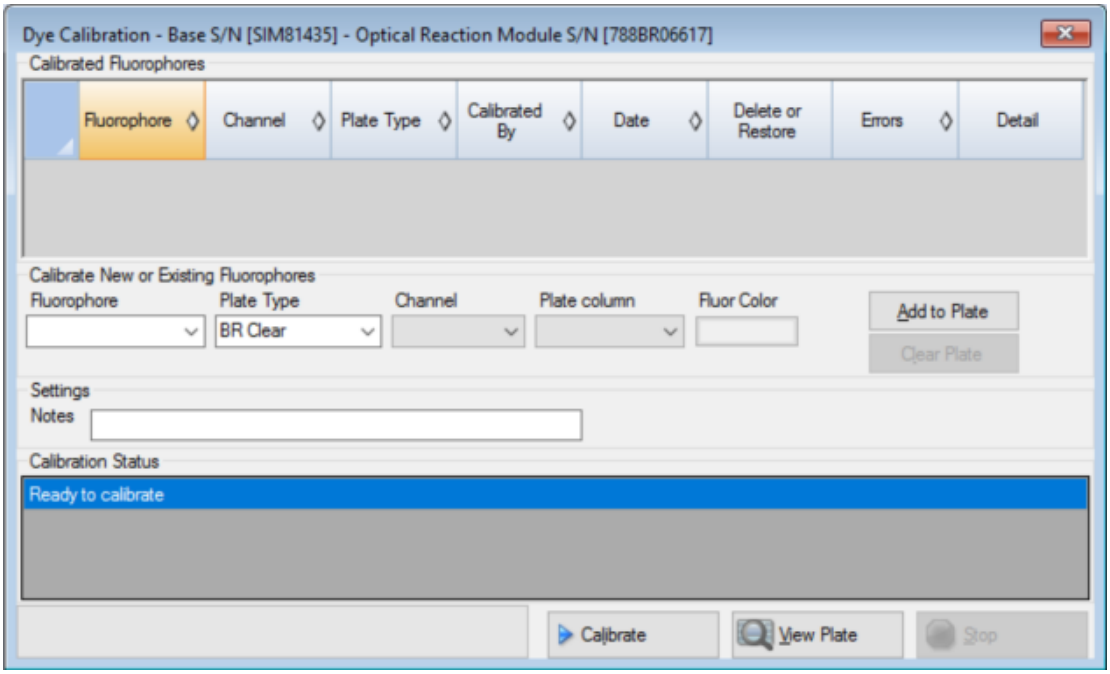
สารเรืองแสง	ช่องทาง	การกระตุ้น, nm	การตรวจจับ, nm	เครื่องมือ
FAM, SYBR® Green I	1	450–490	515–530	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx system
VIC, HEX, CAL Fluor Gold 540, Cal Fluor Orange 560	2	515–535	560–580	CFX Opus 96 Dx ,CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx system
ROX, Texas Red, CAL Fluor Red 610, TEX 615	3	560–590	610–650	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx system
CY5, Quasar 670	4	620–650	675–690	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx system
Quasar 705, Cy5.5	5	672–684	705–730	CFX Opus 96 Dx system เท่านั้น
สารเคมี FRET (ไม่ได้สอบเทียบมาจากโรงงาน)				

สารเรืองแสง	ช่องทาง	การกระตุ้น, nm	การตรวจจับ, nm	เครื่องมือ
สีที่ไม่ได้สอบเทียบมาจากโรงงาน	FRET	450–490	560-580	CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx system

วิธีปรับสอบสารย้อมสีใหม่สำหรับระบบ CFX

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือกอุปกรณ์เป้าหมายในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ)

2 เลือก Tools (เครื่องมือ) > Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการสอบเทียบ) เพื่อเปิด Dye Calibration wizard (ตัวช่วยสร้างการสอบเทียบสารเรืองแสง)



สารเรืองแสงที่ปรับเทียบแล้วสำหรับเครื่องมือเป้าหมายจะปรากฏในตาราง Calibrated Fluorophores (สารเรืองแสงที่ปรับเทียบแล้ว)

3 ในหัวข้อ Calibrate New or Existing Fluorophores (ปรับเทียบใหม่หรือสารเรืองแสงที่มี) ให้เลือกสารเรืองแสงที่จะทำการสอบเทียบจากรายการแบบเลื่อนลง

หากชื่อสารเรืองแสงไม่อยู่ในรายการ ให้พิมพ์ชื่อลงในกล่องข้อความเพื่อเพิ่มลงในรายการ

สำคัญ: โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อตั้งชื่อสารเรืองแสงที่ปรับเทียบเอง หากคุณสร้างการสอบเทียบสารเรืองแสงแบบกำหนดเองสำหรับสารเรืองแสงที่มีชื่อเดียวกับสารเรืองแสงที่ได้รับการสอบเทียบจากโรงงาน สารเรืองแสงที่กำหนดเอง (ไม่ใช่สารเรืองแสงที่ปรับเทียบจากโรงงาน) จะเป็นสารที่เครื่องมือใช้ในระหว่างการทดสอบ

4 เลือกประเภทของเพลตสำหรับสารเรืองแสง

หากประเภทของเพลตไม่อยู่ในรายการ ให้พิมพ์ชื่อในกล่องข้อความเพื่อเพิ่มลงในรายการ

5 เลือกช่องทางสำหรับสารเรืองแสง

6 เลือกคอลัมน์เพลตสำหรับสารเรืองแสง

7 (ไม่บังคับ) พิมพ์สีเพื่อเชื่อมโยงกับสารเรืองแสง

8 คลิก Add to Plate (เพิ่มไปยังเพลต) เพื่อเพิ่มสารเรืองแสง

9 (ไม่บังคับ) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 3–8 เพื่อเพิ่มสารเรืองแสงแต่ละรายการที่คุณวางแผนจะทำการสอบเทียบสำหรับเพลต

10 เมื่อทำการเพิ่มสารเรืองแสงเสร็จสิ้น ให้คลิก View Plate (ดูเพลต) เพื่อเปิดหน้าต่าง Pure Dye Plate Display (แสดงเพลตสารย้อมสีบริสุทธิ์)

ใช้หน้าต่างนี้เป็นแนวทางในการบรรจุสารย้อมสีลงในเพลต

11 เตรียมเพลตแบบ 96 หลุม, 384 หลุม หรือแบบหลุมลึกสำหรับการสอบเทียบสารเรืองแสง

a ใช้ปิเปตต์หยดสารย้อมสีลงในแต่ละหลุมตามรูปแบบที่แสดงใน Pure Dye Plate Display (แสดงเพลตสารย้อมสีบริสุทธิ์)

b สำหรับสารเรืองแสงแต่ละรายการ ให้ใส่สารย้อมสีปริมาณ 300 nM ลงในหลุม 50 µl (เพลต 96 หลุมหรือแบบหลุมลึก) หรือ 30 µl (เพลต 384 หลุม) จำนวน 4 หลุม จะสังเกตเห็นว่าเพลตอย่างน้อยครึ่งหนึ่งเป็นหลุมเปล่า

c ปิดผนึกเพลตด้วยวิธีปิดผนึกที่คุณจะใช้ในการทดสอบของคุณ

12 วางเพลตที่จะทำการสอบเทียบลงในบล็อกและปิดฝา

13 ใน Dye Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการสอบเทียบสารเรืองแสง) ให้คลิก Calibrate (สอบเทียบ) แล้วคลิก OK (ตกลง) เพื่อยืนยันว่าเพลตอยู่ในบล็อก

14 เมื่อ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ทำการสอบเทียบเสร็จสิ้น กล่องโต้ตอบจะปรากฏขึ้น คลิก Yes (ใช่) เพื่อสิ้นสุดการสอบเทียบและเปิด Dye Calibration Viewer (โปรแกรมดูการสอบเทียบสารเรืองแสง)

15 คลิก OK (ตกลง) เพื่อปิดหน้าต่าง

การตั้งค่า User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

เคล็ดลับ: ไม่จำเป็นต้องดำเนินการเหล่านี้เพื่อใช้ CFX Maestro Dx SE คุณสามารถข้ามส่วนนี้ได้หรือดำเนินการเหล่านี้ได้ตลอดเวลาอย่างปลอดภัย

ใน CFX Maestro Dx SE ผู้ใช้แต่ละรายสามารถปรับแต่งสภาพแวดล้อมการทำงานของตนเองได้ เช่น ในเมนู Users (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- ตั้งค่าการแจ้งอีเมลเมื่อการทดสอบเสร็จสิ้น

  หมายเหตุ: คุณลักษณะนี้มีให้เฉพาะผู้ใช้ที่ได้รับบทบาทที่มีสิทธิ์นี้เท่านั้น ดู การจัดการบทบาทของผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ในหน้า 43 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

- เปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นสำหรับรายการต่อไปนี้
  - ตำแหน่งที่คุณบันทึกไฟล์
  - ไฟล์ตั้งค่าการทดสอบ
  - คำนำหน้าการตั้งชื่อไฟล์
- ตั้งค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นเพื่อใช้เมื่อสร้างโปรโตคอลและเพลตใหม่
- ตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูลเริ่มต้นและพารามิเตอร์การแสดงออกของยีน
- กำหนดพารามิเตอร์ควบคุมคุณภาพเริ่มต้นเอง
- วิธีปรับแต่งพารามิเตอร์การส่งออกข้อมูล

ในเมนู Tools (เครื่องมือ) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- สร้างน้ำยาทดสอบ (master mix)
- ปรับเทียบสารย้อมสีสำหรับเครื่องมือที่เฉพาะเจาะจง

หมายเหตุ: การสอบเทียบ master mix และสารเรืองแสงพร้อมใช้งานสำหรับทุกคนที่เข้าสู่ระบบซอฟต์แวร์

ส่วนนี้อธิบายวิธีดำเนินการเหล่านี้

การตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมล

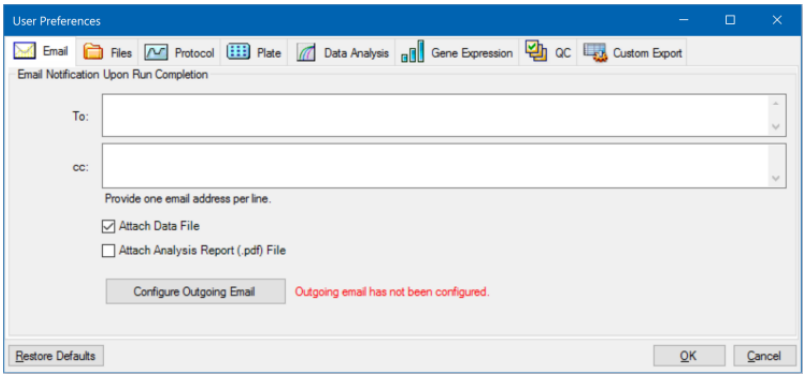
คุณสามารถเชื่อมต่อ CFX Maestro Dx SE กับเซิร์ฟเวอร์อีเมลขาออกของคุณเพื่อส่งการแจ้งเตือนทางอีเมลเกี่ยวกับการดำเนินการทดสอบเสร็จสิ้นให้กับรายชื่อผู้ใช้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถเลือกที่จะแนบไฟล์สารและรายงานการวิเคราะห์ให้กับรายชื่อผู้ใช้ได้ หากต้องการตั้งค่าการเชื่อมต่อระหว่าง CFX Maestro Dx SE และเซิร์ฟเวอร์ SMTP ของคุณ โปรดดูที่การเชื่อมต่อ Security Edition เข้ากับเซิร์ฟเวอร์ SMTP ในหน้า 81

หมายเหตุ: ความสามารถของผู้ใช้ในการเข้าถึงคุณลักษณะการตั้งค่าอีเมลจะขึ้นอยู่กับบทบาทและสิทธิ์ของผู้ใช้ที่ผู้ดูแลระบบกำหนดให้ สำหรับรายละเอียดเกี่ยวกับการจัดการผู้ใช้และหน้าที่ของผู้ใช้ โปรดดูที่ การจัดการบทบาทของผู้ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ในหน้า 43

วิธีตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมล

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นมาโดยแสดงแท็บ Email (อีเมล)



หมายเหตุ: คุณจะได้รับแจ้งหากระบบตรวจพบว่าคุณไม่ได้ตั้งค่าเซิร์ฟเวอร์ SMTP ที่ถูกต้องสำหรับ CFX Maestro Dx SE คลิก Configure Outgoing Email (กำหนดค่าอีเมลขาออก) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก) และกำหนดค่าเซิร์ฟเวอร์อีเมล SMTP สำหรับสารเพิ่มเติม โปรดดูที่การเชื่อมต่อ Security Edition เข้ากับเซิร์ฟเวอร์ SMTP ในหน้า 81

2 ในกล่องข้อความ To (ถึง) ให้พิมพ์ที่อยู่อีเมลของแต่ละคนที่คุณวางแผนจะแจ้งให้ทราบว่าการดำเนินการทดสอบเสร็จสิ้น ผู้รับทุกคนจะได้รับอีเมลหลังจากการดำเนินการทดสอบเสร็จสิ้น

หมายเหตุ: คุณต้องป้อนที่อยู่อีเมลแต่ละที่อยู่แยกบรรทัดกัน กด Enter หรือ Return (กลับ) หลังจากที่อยู่แต่ละที่อยู่

3 (ไม่บังคับ) ในกล่องข้อความ cc ให้พิมพ์ที่อยู่อีเมลของผู้รับที่คุณวางแผนจะส่งสำเนาของการแจ้งเตือนทางอีเมลแต่ละครั้ง

4 (ไม่บังคับ) ตามค่าเริ่มต้น ผู้รับทุกคนจะได้รับสำเนาของไฟล์ข้อมูลเป็นไฟล์แนบ ล้างช่องทำเครื่องหมายนี้หากคุณไม่ต้องการแนบสำเนาไฟล์ข้อมูล

5 (ไม่บังคับ) เลือก Attach Analysis Report (แนบรายงานการวิเคราะห์) เพื่อแนบไฟล์ PDF ของรายงานการวิเคราะห์ไปกับอีเมล

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

หมายเหตุ: คุณอาจสามารถกำหนดค่าระบบให้ส่งการแจ้งเตือนทางอีเมลไปยังโทรศัพท์มือถือของคุณได้ ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับผู้ให้บริการของคุณ ติดต่อผู้ให้บริการโทรศัพท์มือถือของคุณ เพื่อขอข้อมูลเฉพาะเกี่ยวกับที่อยู่อีเมลสำหรับโทรศัพท์มือถือของคุณ ป้อนที่อยู่อีเมลของโทรศัพท์ (เช่น 5552221234@your_service_provider_EmailDomain.net) ในกล่องข้อความ "To" ของหน้าจอ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

วิธีแก้ไขที่อยู่อีเมลของผู้รับ

▶ แก้ไขที่อยู่อีเมลตามที่จำเป็น แล้วคลิก OK (ตกลง)

วิธีการลบผู้รับอีเมลออก

1 เลือกผู้รับอีเมลและกดปุ่ม Delete (ลบ)

2 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การเชื่อมต่อ Security Edition เข้ากับเซิร์ฟเวอร์ SMTP

สำคัญ: ผู้ให้บริการเว็บเมลเชิงพาณิชย์บางรายได้เพิ่มการรักษาความปลอดภัยสำหรับอีเมล หากคุณใช้บัญชีเหล่านี้ คุณต้องเปิดใช้งานการตั้งค่า **อนุญาตแอปที่มีความปลอดภัยต่ำ** ในการตั้งค่าบัญชีเพื่อเปิดใช้งาน CFX Maestro Dx SE เพื่อส่งอีเมล ดูสารเพิ่มเติมได้ที่สารการรักษาความปลอดภัยของผู้ให้บริการเว็บเมล

หากคุณกำลังใช้เซิร์ฟเวอร์ SMTP ของ Google Gmail หรือ Microsoft Office 365 เพื่อส่งอีเมล คุณจะต้องเปิดใช้งานการตรวจสอบยืนยัน 2 ปัจจัยและสร้าง "รหัสผ่านสำหรับแอป" ในการตั้งค่าบัญชี Gmail หรือ Office365 สำหรับการตรวจสอบยืนยันในกล่องโต้ตอบการตั้งค่าอีเมลของ Maestro ให้คัดลอกและวาง “รหัสผ่านสำหรับแอป” ลงในช่อง Password (รหัสผ่าน) แทนที่รหัสผ่านปกติของอีเมล

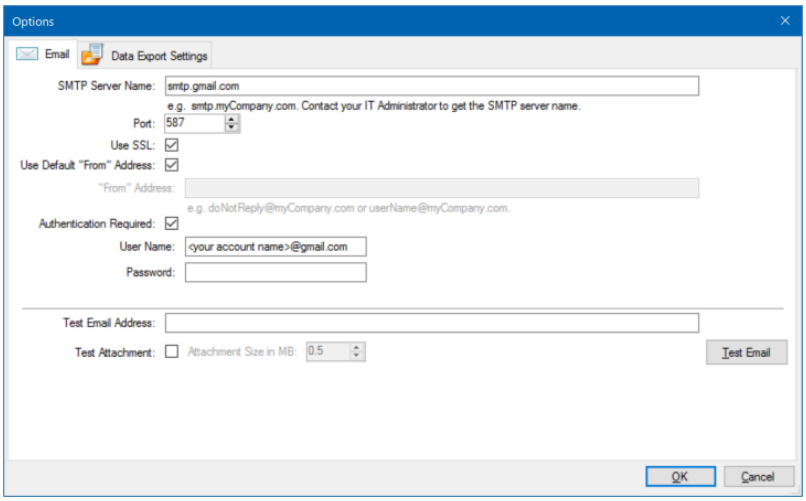
คุณต้องสร้างการเชื่อมต่อจาก CFX Maestro Dx SE ไปยังเซิร์ฟเวอร์อีเมลก่อนที่ซอฟต์แวร์จะสามารถส่งการแจ้งเตือนอีเมลได้

วิธีเชื่อมต่อ CFX Maestro Dx SE กับเซิร์ฟเวอร์อีเมล

1 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) และคลิก Configure Outgoing Email (กำหนดค่าอีเมลส่งออก) บนแท็บ Email (อีเมล)
- เลือก Tools (เครื่องมือ) > Options (ตัวเลือก)

กล่องโต้ตอบ Option (ตัวเลือก) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Email (อีเมล)



2 ระบุข้อมูลต่อไปนี้ของบริษัทของคุณ

- **SMTP Server Name (ชื่อเซิร์ฟเวอร์ SMTP)** — ชื่อของเซิร์ฟเวอร์อีเมลขาออกที่บริษัทของคุณ
- **Port (พอร์ต)** — หมายเลขพอร์ตของเซิร์ฟเวอร์ SMTP โดยทั่วไปแล้วจะเป็น 25
- **Use SSL (ใช้ SSL)** — ตัวเลือก Secure Sockets Layer (SSL) บางเซิร์ฟเวอร์ SMTP ต้องมีการตั้งค่านี้ หากบริษัทของคุณไม่ได้กำหนดไว้ ให้ยกเลิกการเลือกช่องทำเครื่องหมายนี้
- **ใช้ที่อยู่ "จาก" ตามค่าเริ่มต้น** — ชื่อของเซิร์ฟเวอร์อีเมลที่บริษัทของคุณ บางเซิร์ฟเวอร์ SMTP กำหนดให้อีเมลที่ส่งออกทั้งหมดต้องมีที่อยู่ "จาก" ซึ่งเป็นโดเมนที่จำเพาะ เช่น name@YourCompany.com หากเป็นกรณีนี้ ให้ยกเลิกการเลือกช่องทำเครื่องหมายนี้และระบุที่อยู่อีเมลที่ถูกต้อง
- **Authentication Required (ต้องมีการรับรองความถูกต้อง)** — หากเว็บไซต์ของคุณต้องมีการรับรองความถูกต้องของบัญชี ให้ตรวจสอบว่าได้เลือกช่องทำเครื่องหมายนี้แล้ว
- **User Name (ชื่อผู้ใช้)** — ชื่อของบัญชีที่ได้รับการรับรองความถูต้อง ต้องระบุหากเลือก Authentication Required (ต้องมีการรับรองความถูกต้อง)

- **Password (รหัสผ่าน)** — รหัสผ่านสำหรับบัญชีที่ได้รับการรับรองความถูกต้อง ต้องระบุหากเลือก Authentication Required (ต้องมีการรับรองความถูกต้อง)

สำคัญ: หากคุณกำลังใช้เซิร์ฟเวอร์ SMTP ของ Google Gmail หรือ Microsoft Office 365 เพื่อส่งอีเมล คุณจะต้องเปิดใช้งานการตรวจสอบยืนยัน 2 ปัจจัยจากนั้นจึงสร้าง “รหัสผ่านสำหรับแอป” ในการตั้งค่าบัญชี Gmail หรือ Office365 สำหรับการตรวจสอบยืนยันในกล่องโต้ตอบการตั้งค่าอีเมลของ Maestro ให้คัดลอกและวาง “รหัสผ่านสำหรับแอป” ลงในช่อง Password (รหัสผ่าน) ของ CFX Maestro Dx SE แทนที่รหัสผ่านปกติของอีเมล

หากต้องการตรวจสอบการตั้งค่าของเซิร์ฟเวอร์ SMTP ว่าถูกต้องหรือไม่ ให้กรอกที่อยู่อีเมลที่ถูกต้องในกล่องข้อความ Test Email Address (ทดสอบที่อยู่อีเมล) แล้วคลิก Test Email (ทดสอบอีเมล)

หมายเหตุ: บางเซิร์ฟเวอร์ SMTP ไม่อนุญาตให้แนบไฟล์ แต่บางเซิร์ฟเวอร์ก็อนุญาตให้แนบไฟล์ขนาดไม่เกินที่ระบุไว้ หากคุณวางแผนส่งไล์ข้อมูลและ/หรือรายงานทางอีเมลโดยใช้ CFX Maestro Dx SE ให้เลือก Test Attachment (ทดสอบการแนบไฟล์) และกำหนดค่าไฟล์ที่แนบให้มีขนาดไม่เกิน 5 เมกะไบท์ (MB) หรือมากกว่า

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น

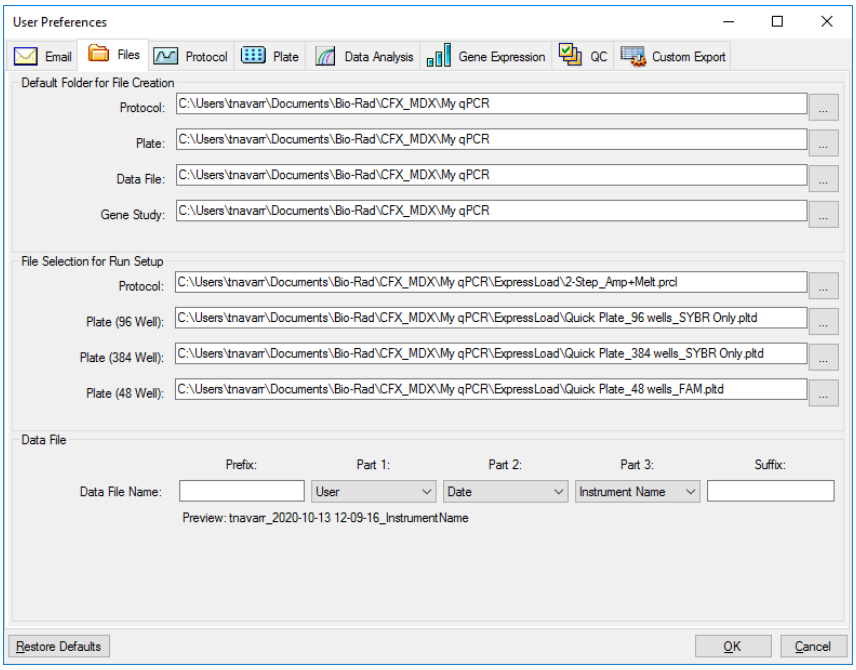
ในแท็บ Files (ไฟล์) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถเปลี่ยนรายการต่อไปนี้ได้

- ตำแหน่งเริ่มต้นที่จะบันทึกไฟล์ CFX Maestro Dx SE
- ไฟล์เริ่มต้นสำหรับการตั้งค่าการทดสอบ
- พารามิเตอร์การตั้งชื่อไฟล์เริ่มต้น

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ Files (ไฟล์)



3 ใน Default Folder (โฟลเดอร์เริ่มต้น) สำหรับหัวข้อ File Creation (การสร้างไฟล์) ให้เลือกโฟลเดอร์เริ่มต้นที่คุณต้องการบันทึกไฟล์ใหม่ คุณสามารถเลือกตำแหน่งที่แตกต่างกันสำหรับไฟล์แต่ละประเภทได้

- Protocol (โปรโตคอล)
- Plate (เพลต)
- Data File (ไฟล์ข้อมูล)
- Gene Study (การศึกษายีน)

4 ใน File Selection (การเลือกไฟล์) สำหรับหัวข้อ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ให้เลือกโปรโตคอลเป้าหมายและไฟล์เพลตให้ปรากฏขึ้นเมื่อคุณเปิดหน้าต่าง Experiment Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

5 ในหัวข้อ Data File (ไฟล์ข้อมูล) ให้กำหนดค่านำหน้าและ/หรือค่าต่อท้ายสำหรับไฟล์ข้อมูล สำหรับส่วนอื่น ๆ ให้เลือกค่าใหม่จากรายการแบบเลื่อนลง นอกจากนี้ คุณยังสามารถกำหนดค่านำหน้าและค่าต่อท้ายได้เองในกล่องข้อความ Prefix and Suffix (ค่านำหน้าและค่าต่อท้าย)

CFX Maestro Dx SE แสดงตัวอย่างชื่อไฟล์ใต้ช่องสำหรับเลือก

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

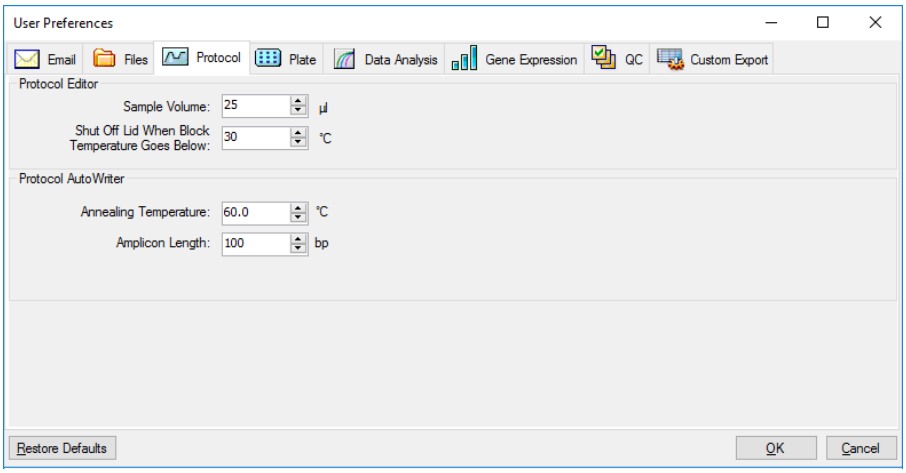
สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การตั้งค่าพารามิเตอร์โปรโตคอลเริ่มต้น

วิธีตั้งค่าพารามิเตอร์โปรโตคอลเริ่มต้นสำหรับ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) และ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ)

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ Protocol (โปรโตคอล)



3 ในส่วน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ให้ระบุค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้ที่ปรากฏใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

- **ปริมาณตัวอย่าง** — ปริมาณของแต่ละสารตัวอย่างในหลุม (ในหน่วยไมโครลิตรหรือ µl)
- **Lid Shutoff temperature (อุณหภูมิปิดฝาครอบ)** — อุณหภูมิในหน่วย ºC ที่ตัวทำความร้อนของฝาครอบจะปิดระหว่างการทดสอบ

4 ในส่วน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ให้ระบุค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้ที่ปรากฏใน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ)

- **Annealing temperature (อุณหภูมิ Annealing)** — อุณหภูมิในหน่วย ºC สำหรับการทดลองที่ใช้ iProof DNA polymerase, iTaq DNA polymerase หรือ polymerase อื่น ๆ
- **Amplicon length (ความยาวของ Amplicon)** — ความยาวของ amplicon ในหน่วย bp

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น

การเปลี่ยนแปลงที่คุณทำกับแท็บ Plate (เพลต) จะพร้อมใช้งานสำหรับผู้ใช้ซอฟต์แวร์ทุกคน การเปลี่ยนแปลงที่คุณทำระหว่างการตั้งค่าเพลตจะพร้อมใช้งานสำหรับผู้ใช้หลังจากที่คุณบันทึกและปิดไฟล์เพลตแล้ว

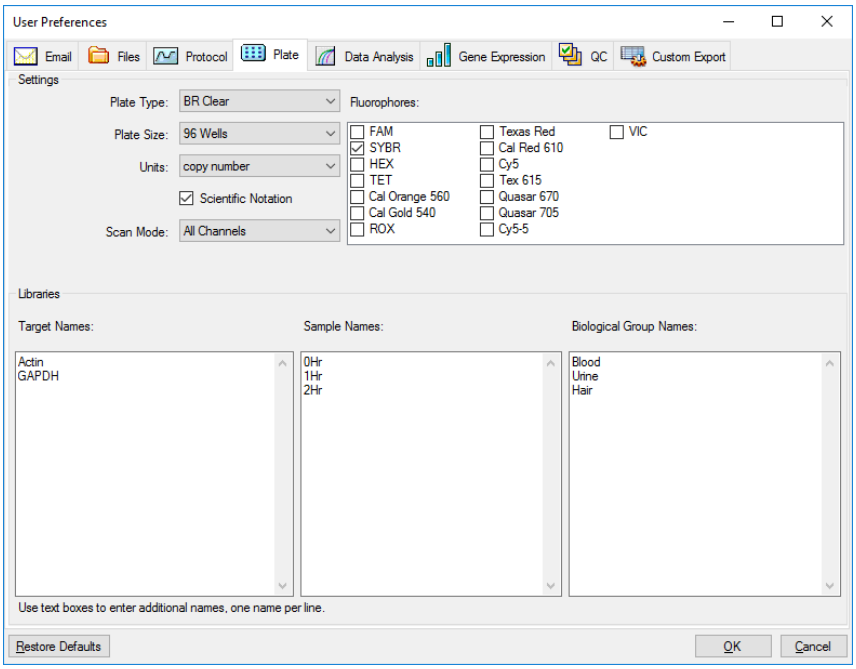
ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้

- ตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น
- เพิ่มชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพใหม่ลงในไลบรารีที่เกี่ยวข้อง
- ลบชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพออกจากไลบรารีที่เกี่ยวข้อง

วิธีตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ Plate (เพลต)



3 กำหนดค่าในการตั้งค่าต่อไปนี้สำหรับไฟล์เพลตใหม่ ค่าเหล่านี้จะปรากฏในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

- **Plate Type (ประเภทของเพลต)**
- **Plate Size (ขนาดของเพลต)**
- **Units (หน่วย)** — ความเข้มข้นของเทมเพลตเริ่มต้นสำหรับหลุมที่มีตัวอย่างมาตรฐาน

  CFX Maestro Dx SE ใช้หน่วยเหล่านี้ในการสร้างเส้นโค้งมาตรฐานในแท็บ Data Analysis Quantification (การหาปริมาณการวิเคราะห์ข้อมูล)
- **Scientific Notation (สัญกรณ์วิทยาศาสตร์)** — เมื่อเลือกตัวเลือกนี้ CFX Maestro Dx SE จะแสดงหน่วยความเข้มข้นในสัญกรณ์ทางวิทยาศาสตร์
- **Scan Mode (โหมดสแกน)** — จำนวนหรือประเภทของช่องที่จะสแกนระหว่างทำการทดสอบ
- **Fluorophores (สารเรืองแสง)** — สารเรืองแสงเริ่มต้นที่ปรากฏในการควบคุมการบรรจุหลุมใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
- **Libraries (ไลบรารี)** — ชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพที่คุณมักใช้ในการทดสอบ
  - **Target Names (ชื่อเป้าหมาย)** — ชื่อของยีนและลำดับพันธุกรรมเป้าหมาย
  - **Sample Names (ชื่อตัวอย่าง)** — ชื่อของตัวอย่างการทดสอบหรือลักษณะการระบุสำหรับตัวอย่าง (ตัวอย่างเช่น Mouse1, Mouse2, Mouse3)
  - **Biological Group Names (ชื่อกลุ่มชีวภาพ)** — ชื่อสำหรับกลุ่มตัวอย่างที่คล้ายคลึงกันที่มีสถานะการควบคุมตัวแปรหรือเงื่อนไขเดียวกัน (เช่น 0 ชม., 1 ชม., 2 ชม.)

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

วิธีเพิ่มชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพใหม่

▶ ในกล่องไลบรารีที่เหมาะสม ให้พิมพ์ชื่อสำหรับเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพ แล้วคลิก OK (ตกลง)

วิธีลบชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพ

▶ ในกล่องไลบรารีที่เหมาะสม ให้เลือกชื่อและกดปุ่ม Delete (ลบ) แล้วคลิก OK (ตกลง)

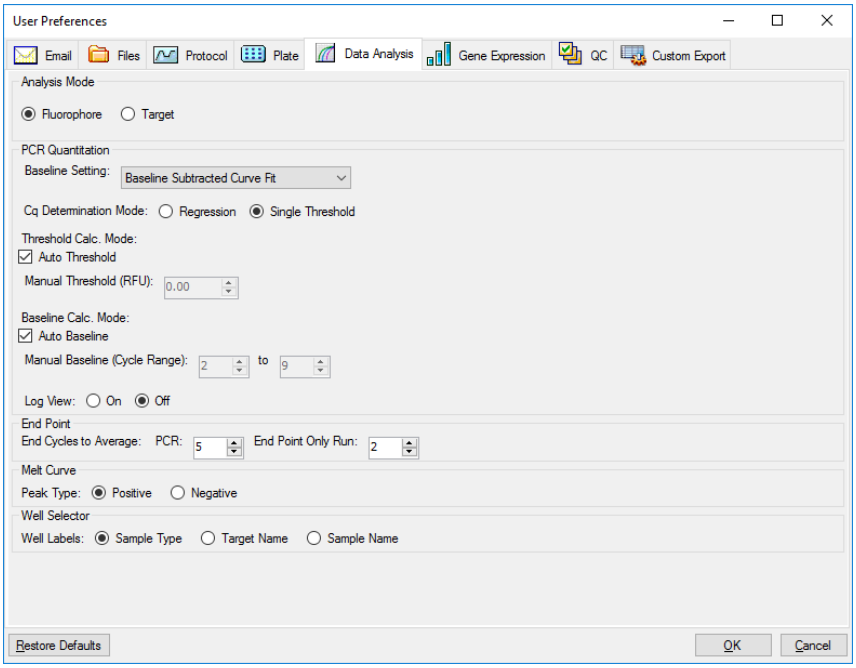
สำคัญ: ชื่อที่คุณลบออกจากไลบรารีจะถูกนำออกจากซอฟต์แวร์และไม่สามารถใช้งานได้อีกต่อไป หากต้องการคืนค่าชื่อ CFX Maestro Dx SE เริ่มต้น ให้คลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อทำการลบชื่อ CFX Maestro Dx SE เริ่มต้นและเมื่อคลิกปุ่มนี้

การตั้งค่าพารามิเตอร์การวิเคราะห์ข้อมูลเริ่มต้น

วิธีตั้งค่าพารามิเตอร์การวิเคราะห์ข้อมูลเริ่มต้น

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เลือกแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)



3 ในส่วน Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์) เลือกโหมดที่จะวิเคราะห์ข้อมูล (สารเรืองแสงหรือเป้าหมาย)

4 ในส่วน PCR Quantitation (ปริมาณ PCR) ให้ตั้งค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นสำหรับตัวเลือกต่อไปนี้

- **Baseline Setting (การตั้งค่าพื้นฐาน)** — วิธีการพื้นฐานสำหรับโหมดการวิเคราะห์
- **Cq Determination Mode (โหมดการกำหนด Cq)** — โหมดที่ใช้คำนวณค่า C_q สำหรับแต่ละการติดตามสารเรืองแสง (ขีดจำกัดถดถอยหรือขีดจำกัดเดี่ยว)
- **Threshold Calc. Mode (โหมดการคำนวณขีดจำกัด)** — ปริมาณเป้าหมายในจุดปลายทาง

  ค่าเริ่มต้นคือ Auto (อัตโนมัติ) นั่นคือซอฟต์แวร์จะคำนวณเป้าหมายจุดปลายทางโดยอัตโนมัติ เมื่อต้องการตั้งค่าขีดจำกัดที่เจาะจง ล้างช่องทำเครื่องหมาย Auto (อัตโนมัติ) และป้อนจำนวนจุดปลายทางของคุณที่คำนวณในหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์ (หรือ RFU) ค่าสูงสุดคือ 65000.00 RFUs ไฟล์ข้อมูลสำหรับการทดสอบที่ตามมาจะใช้การตั้งค่าขีดจำกัดนี้

- **Baseline Calc. Mode (โหมดการคำนวณพื้นฐาน)** — ค่าพื้นฐานสำหรับการติดตามทั้งหมด

  ค่าเริ่มต้นคือ Auto (อัตโนมัติ) นั่นคือซอฟต์แวร์จะคำนวณพื้นฐานสำหรับการติดตามทั้งหมดโดยอัตโนมัติ หากต้องการตั้งค่าพื้นฐานที่เฉพาะเจาะจง ให้ล้างกล่องกาเครื่องหมาย Auto (อัตโนมัติ) และป้อนค่าต่ำสุดและสูงสุดสำหรับช่วงรอบ (1 ถึง 9999) ไฟล์ข้อมูลสำหรับการทดสอบที่ตามมาจะใช้ช่วงรอบนี้

- **Log View (มุมมองบันทึก)** — กำหนดว่าซอฟต์แวร์จะแสดงข้อมูลการเพิ่มปริมาณอย่างไร
  - **เปิด** — ข้อมูลการเพิ่มปริมาณจะแสดงเป็นกราฟกึ่งลอการิทึม
  - **ปิด** — (ค่าเริ่มต้น) ข้อมูลการเพิ่มปริมาณจะแสดงเป็นกราฟเชิงเส้น

5 ในส่วน End Point (จุดปลายทาง) ให้เลือกจำนวนรอบสุดท้ายเพื่อหาค่าเฉลี่ยเมื่อคำนวณการคำนวณจุดปลายทาง

- **PCR** — จำนวนรอบสุดท้ายเพื่อหาค่าเฉลี่ยสำหรับข้อมูลปริมาณ (ค่าเริ่มต้นคือ 5)
- **การทดสอบ End Point Only (จุดสิ้นสุดเท่านั้น)** — จำนวนรอบสุดท้ายเพื่อหาค่าเฉลี่ยสำหรับข้อมูลจุดปลายทาง (ค่าเริ่มต้นคือ 2)

6 ในส่วน Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) ให้เลือกประเภทจุดยอดที่จะตรวจจับ (ค่าบวกหรือค่าลบ)

7 ในส่วน Well Selector (ตัวเลือกช่อง) เลือกวิธีการแสดงป้ายช่อง (ตามประเภทตัวอย่าง ชื่อเป้าหมายหรือชื่อตัวอย่าง)

8 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การตั้งค่าพารามิเตอร์ไฟล์ข้อมูลการแสดงออกของยีนเริ่มต้น

วิธีตั้งค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นสำหรับไฟล์ข้อมูลการแสดงออกของยีนใหม่

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

3 กำหนดค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้

- **Relative to (เทียบกับ)** — เขียนกราฟข้อมูลการแสดงออกของยีนเทียบกับตัวควบคุม (ที่เริ่มต้นที่ 1) หรือเทียบกับศูนย์
  - **Zero (ศูนย์)** — ซอฟต์แวร์จะไม่สนใจตัวควบคุม เป็นค่าเริ่มต้นเมื่อไม่มีการกำหนดตัวอย่างควบคุมในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
  - **Control (ตัวควบคุม)** — ซอฟต์แวร์จะคำนวณข้อมูลเทียบกับตัวอย่างควบคุมที่กำหนดในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
- **X-axis (แกน X)** — เขียนกราฟตัวอย่างหรือเป้าหมายบนแกน x
- **Y-axis (แกน Y)** — เขียนกราฟเส้นตรง มาตราส่วน log2 หรือ log10 บนแกน y
- **Scaling (การปรับขนาด)** — ตัวเลือกการปรับขนาดสำหรับกราฟ (ตัวเลือกเริ่มต้นคือ ไม่ปรับขนาด)
  - **Highest (สูงสุด)** — ซอฟแวร์จะปรับขนาดกราฟไปยังจุดข้อมูลที่สูงที่สุด
  - **Lowest (ต่ำสุด)** — ซอฟต์แวร์จะปรับขนาดกราฟไปยังจุดข้อมูลที่ต่ำที่สุด
  - **Unscaled (ไม่ปรับขนาด)** — ซอฟต์แวร์จะแสดงข้อมูลที่ไม่มีการปรับขนาดในกราฟ
- **Mode (โหมด)** — โหมดการวิเคราะห์ ทั้งปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) หรือการปรับระดับการแสดงออกของยีน ($\Delta\Delta C_q$)
- **Error Bar (แถบข้อผิดพลาด)** — ความแปรปรวนของข้อมูลที่แสดงเป็นค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Std. Dev.) หรือข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย (Std. Error Mean)
- **Error Bar Multiplier (ตัวคูณแถบข้อผิดพลาด)** — ตัวคูณค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่ใช้เพื่อสร้างกราฟแถบข้อผิดพลาด (ค่าเริ่มต้นคือ 1)

  คุณสามารถเพิ่มตัวคูณให้เท่ากับ 2 หรือ 3 ได้
- **Sample Types to Exclude (ประเภทตัวอย่างที่จะไม่รวม)** — ประเภทตัวอย่างที่จะไม่รวมในการวิเคราะห์

  คุณสามารถเลือกตัวอย่างอย่างน้อยหนึ่งตัวอย่างเพื่อนำออกจากการวิเคราะห์ได้ หากไม่ต้องการรวมทุกประเภทตัวอย่าง ให้เคลียร์ช่องทำเครื่องหมายประเภทตัวอย่างที่เลือก

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การปรับแต่งกฎการควบคุมคุณภาพ

ใน CFX Maestro Dx SE คุณสามารถกำหนดกฎการควบคุมคุณภาพ ซึ่งจะมีผลกับข้อมูลในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ซอฟต์แวร์จะตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลเทียบกับกฎที่คุณตั้งขึ้น

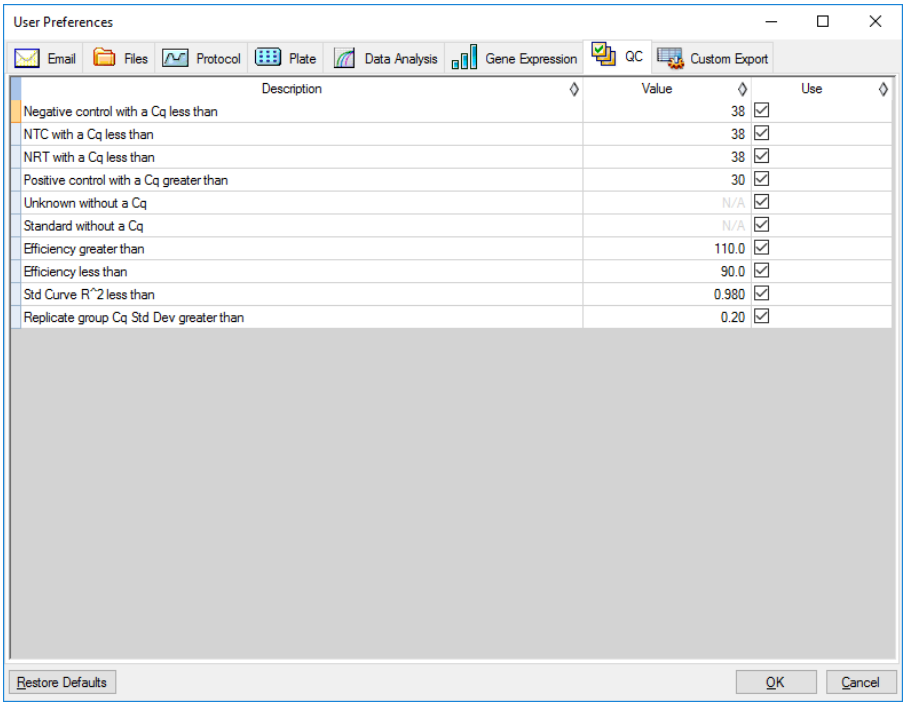
หมายเหตุ: ตามค่าเริ่มต้น ระบบจะเปิดใช้งานกฎการควบคุมคุณภาพทั้งหมด

เคล็ดลับ: คุณสามารถแยกหลุมที่ไม่ผ่านพารามิเตอร์ QC (การตรวจสอบคุณภาพ) ออกจากส่วนการวิเคราะห์ในโมดูล QC (การตรวจสอบคุณภาพ) ของหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ได้อย่างง่ายดาย

วิธีปรับแต่งกฎการควบคุมคุณภาพ

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preference (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ QC (การตรวจสอบคุณภาพ)



จุดการปรับแต่ง

- **NTC** — no template control (การควบคุมไม่มีเทมเพลต)

- **NRT** — no reverse transcriptase control (ไม่มีการควบคุมรีเวิร์สแทรนสคริปเทส)
- **Efficiency (ประสิทธิภาพ)** — reaction efficiency (ประสิทธิภาพของปฏิกิริยา)
- **Std Curve R^2 (เส้นโค้งมาตรฐาน R^2)** — ค่ายกกำลังสอง R สำหรับเส้นโค้งมาตรฐาน
- **Replicate group Cq Std Dev** — ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณสำหรับแต่ละกลุ่มที่ทำซ้ำ

3 สำหรับแต่ละกฎ QC ให้ทำหนึ่งในข้อต่อไปนี้

- หากต้องการใช้ค่าเริ่มต้น ก็ไม่ต้องทำอะไรเลย
- หากต้องการเปลี่ยนค่า ให้คลิกกล่องข้อความ Value (ค่า) แล้วพิมพ์ค่าใหม่จากนั้นกดปุ่ม Enter
- หากต้องการปิดใช้งานกฎ ให้ยกเลิกการเลือกช่องทำเครื่องหมาย Use (ใช้)

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การปรับแต่งพารามิเตอร์การส่งออกข้อมูล

คุณสามารถส่งออกข้อมูล CFX Maestro Dx SE ในรูปแบบต่อไปนี้ได้

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

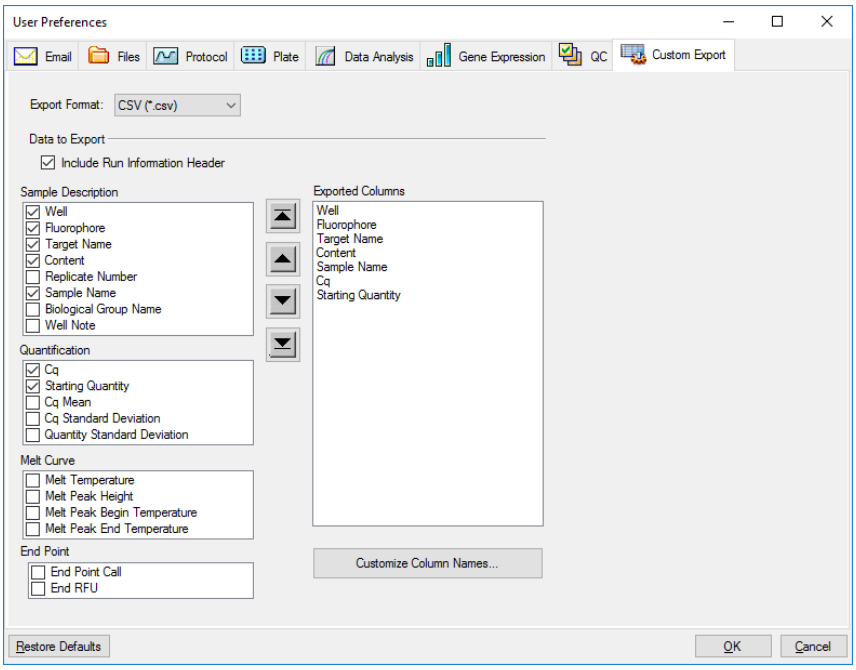
สำคัญ: คอมพิวเตอร์ของคุณต้องติดตั้ง Microsoft Excel เอาไว้เพื่อส่งออกข้อมูลไปยังสเปรดชีต Microsoft Excel

คุณสามารถระบุประเภทของข้อมูลที่ต้องการส่งออกและปรับแต่งเอาท์พุทของข้อมูลที่ส่งออกเองได้

วิธีปรับแต่งพารามิเตอร์การส่งออกข้อมูล

1 เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง)



3 เลือกรูปแบบที่ต้องการส่งออกข้อมูลจากรายการแบบเลื่อนลง Export Format (รูปแบบการส่งออก)

4 ในส่วน Data to Export (ข้อมูลที่ต้องการส่งออก) ให้เลือกหรือยกเลิกการเลือกกล่องทำเครื่องหมายระบุประเภทของข้อมูลที่ต้องการส่งออก รายการที่เลือกจะปรากฏในกล่องรายการ Exported Columns (คอลัมน์ที่ส่งออก)

หมายเหตุ: ตามค่าเริ่มต้น ข้อมูลที่จะรันผลจะรวมอยู่ในส่วนหัวด้วย ยกเลิกการเลือกกล่องทำเครื่องหมายหากคุณไม่ต้องการรวมข้อมูลที่รันผล

5 คุณสามารถเปลี่ยนแปลงลำดับหน้าจอเอาท์พุทของรายการที่เลือก

ในกล่องรายการ Exported Columns (คอลัมน์ที่ส่งออก) ให้ไฮไลท์รายการแล้วคลิกปุ่มลูกศรทางด้านซ้ายของรายการเพื่อย้ายขึ้นหรือย้ายลง

6 หรืออีกทางเลือกหนึ่งคือ คุณสามารถเปลี่ยนชื่อคอลัมน์เอาท์พุทของรายการที่เลือกดังนี้

a คลิก Customize Column Names (ปรับแต่งชื่อคอลัมน์)

กล่องโต้ตอบ Column Name Customizer (ตัวปรับแต่งชื่อคอลัมน์) จะปรากฏขึ้น

b สำหรับชื่อคอลัมน์เริ่มต้นแต่ละคอลัมน์ที่คุณต้องการเปลี่ยน ให้พิมพ์ชื่อใหม่ในช่อง Custom Name (ชื่อที่กำหนดเอง)

c โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับสู่แท็บ Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง) ชื่อใหม่จะปรากฏในวงเล็บข้างชื่อคอลัมน์เริ่มต้นในกล่องรายการ Exported Columns (คอลัมน์ที่ส่งออก)
- คลิก Cancel (ยกเลิก) เพื่อล้างการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แท็บ Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง)

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

บทที่ 7 การสร้างโปรโตคอล

โปรโตคอลเป็นชุดขั้นตอนที่ดำเนินการในลำดับพันธุกรรมที่เฉพาะเจาะจง ใน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ขั้นตอนทั้งหมดเกี่ยวข้องกับตัวเลือกบนเครื่องมือ ตัวอย่างเช่น ขั้นตอนการสั่งให้เครื่องมือควบคุมอุณหภูมิของบล็อกและฝาครอบ ใช้อุณหภูมิที่ต่างกันในบล็อก ทำการอ่านเพลต หรือทำการวิเคราะห์ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) โดยจะระบุตัวเลือกแต่ละตัวสำหรับเพลตและประเภทการทดสอบที่แตกต่างกัน

มีสองตัวเลือกสำหรับการสร้างโปรโตคอล ตัวแก้ไขโปรโตคอลและระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ

คุณลักษณะ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) มีดังต่อไปนี้

- การควบคุมโปรโตคอลมาตรฐานเพื่อสร้างโปรโตคอลได้อย่างรวดเร็ว
- ความสามารถในการคำนวณการไล่ระดับอุณหภูมิสำหรับจำนวนแถวที่เลือกได้อย่างรวดเร็ว
- ความสามารถในการคำนวณเวลาในการทดสอบสำหรับประเภทเพลตที่เลือกได้อย่างรวดเร็ว
- ความสามารถในการแก้ไขขั้นตอนของโปรโตคอล
- ความสามารถในการบันทึกโปรโตคอลเพื่อนำมาใช้อีกครั้ง
- ความสามารถในการสั่งพิมพ์โปรโตคอลไปยังเครื่องพิมพ์เริ่มต้น

Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะสร้างโปรโตคอล PCR แบบกำหนดเองโดยอัตโนมัติโดยใช้ขั้นตอนการเริ่มร้อน การแยกสายขั้นต้น การหลอม และการต่อขยายโดยใช้พารามิเตอร์ที่คุณป้อน จากนั้นคุณจะสามารถดูการแสดงผลกราฟิกของโปรโตคอลที่แนะนำ และแก้ไข ทำการทดสอบ หรือบันทึกโปรโตคอลได้

พารามิเตอร์และช่วงต่าง ๆ สำหรับขั้นตอนโปรโตคอล

ใช้ข้อมูลในตาราง 7 เพื่อเปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นสำหรับขั้นตอนในโปรโตคอลของคุณ

ขั้นตอนอุณหภูมิ

อุณหภูมิเป้าหมายคือค่าระหว่าง 4.0 ถึง 100.0°C ซึ่งจะกำหนดเป็นค่าองศาไม่เกิน 10 ระบบจะเพิ่มอุณหภูมิให้ถึงขั้นนี้และรักษาค่านั้นไว้เป็นระยะเวลาที่กำหนด (เวลาคงค่าอุณหภูมิ)

ขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิ

ช่วงการไล่ระดับอุณหภูมิคือความแตกต่างระหว่างอุณหภูมิที่ต่ำกว่าและอุณหภูมิที่สูงกว่าในขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิ ช่วงอุณหภูมิสูงสุดที่อนุญาตคือ 24°C อุณหภูมิที่ต่ำกว่าคือค่าระหว่าง 30.0 ถึง 99.0°C ซึ่งจะกำหนดเป็นค่าองศาไม่เกิน 10 อุณหภูมิสูงสุดคือ 100°C Thermal Cycler จะเร่งจนไปถึงการไล่ระดับอุณหภูมิเป้าหมายในทุกบล็อกและคงค่าอุณหภูมินั้นไว้ตามเวลาการคงค่าอุณหภูมิที่กำหนด

สำคัญ: เครื่องมือจะคำนวณค่าการไล่ระดับอุณหภูมิ เมื่อคุณป้อนค่าในช่องด้านบนและด้านล่างของเครื่องคำนวณการไล่ระดับอุณหภูมิ ซอฟต์แวร์จะคำนวณและกำหนดอุณหภูมิสำหรับช่องที่เหลือให้โดยอัตโนมัติ เมื่อคุณป้อนอุณหภูมิในช่องใดก็ได้ระหว่างช่องด้านบนและด้านล่าง เครื่องมือจะคำนวณช่องที่เหลือให้โดยอัตโนมัติ คุณไม่สามารถป้อนค่าอุณหภูมิในทุกช่องได้ด้วยตนเอง

ตาราง 7 พารามิเตอร์และช่วงอุณหภูมิสำหรับขั้นตอนโปรโตคอล

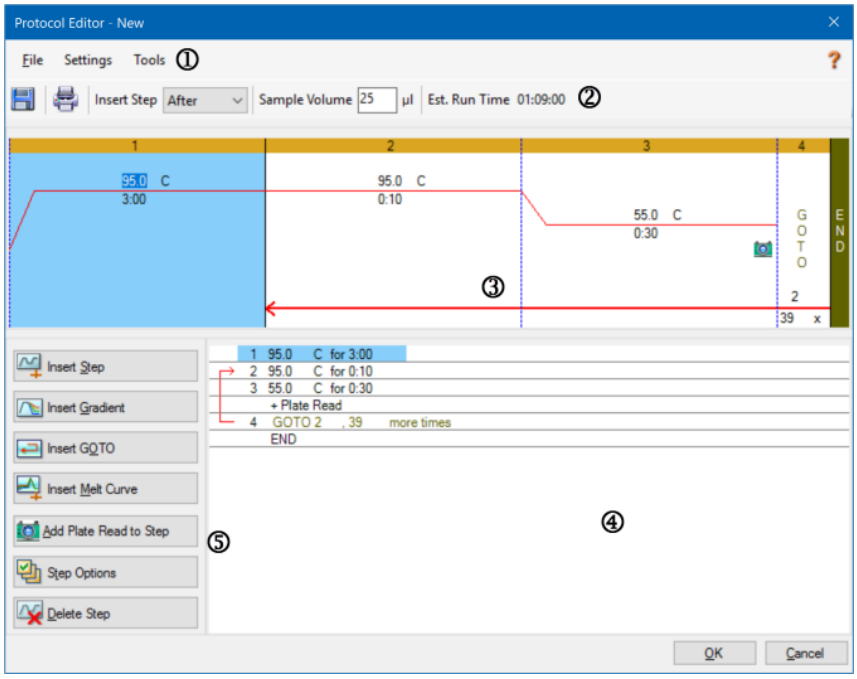
พารามิเตอร์	ช่วง	คำอธิบาย
อัตราเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิขึ้นลง	■ สำหรับ CFX Opus 96 Dx systems: 0.1–5°C ต่อวินาที ■ สำหรับ CFX Opus 384 Dx systems: 0.1–2.5°C ต่อวินาที ■ สำหรับ CFX Opus Deepwell Dx systems: 0.1–2.5°C ต่อวินาที	สั่งให้ Thermal Cycler ไปยังอุณหภูมิเป้าหมายตามอัตราที่กำหนดในขั้นตอนนั้น ใช้ได้เฉพาะกับขั้นตอนอุณหภูมิเท่านั้น
Increment (การเพิ่มอุณหภูมิ)	ตัวเลขตั้งแต่ –10.0 ถึง 10.0°C ต่อรอบ	สั่งให้ Thermal Cycler เปลี่ยนอุณหภูมิเป้าหมายของขั้นตอนในแต่ละรอบ โดยที่ตัวเลขบวกจะเพิ่มอุณหภูมิและตัวเลขลบจะลดอุณหภูมิ ใช้ได้เฉพาะกับขั้นตอนอุณหภูมิเท่านั้น

ตาราง 7 พารามิเตอร์และช่วงอุณหภูมิสำหรับขั้นตอนโปรโตคอลต่อ

พารามิเตอร์	ช่วง	คำอธิบาย
Extend (ขยายเวลา)	เวลาตั้งแต่ –60 ถึง 60 วินาทีต่อรอบ	สั่งให้ Thermal Cycler ขยายเวลาคงค่าอุณหภูมิในแต่ละรอบ ตัวเลขบวกจะเพิ่มเวลาคงค่าอุณหภูมิ และตัวเลขลบจะลดเวลาคงค่าอุณหภูมิ ใช้ได้ทั้งขั้นตอนอุณหภูมิและขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิ
Beep (เสียงเตือน)	(ไม่มีพารามิเตอร์)	สั่งให้ Thermal Cycler ส่งเสียงบี๊บเตือนเพื่อส่งสัญญาณว่าเครื่อง Thermal Cycler ทำงานถึงอุณหภูมิเป้าหมายสำหรับขั้นตอนนั้นแล้ว ใช้ได้เฉพาะกับขั้นตอนอุณหภูมิเท่านั้น
Plate read (การอ่านค่าเพลต)	(ไม่มีพารามิเตอร์)	สั่งให้ Thermal Cycler เพิ่มการอ่านค่าเพลตลงในขั้นตอนที่เลือก ใช้ได้ทั้งขั้นตอนอุณหภูมิและขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิ

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

ใช้ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ในการสร้าง เปิด ตรวจสอบ และแก้ไขโปรโตคอล โดยค่าเริ่มต้น Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะแสดงโปรโตคอล 2 ขั้นตอนแบบเรียลไทม์ทั่วไปสำหรับเพลต 96 หลุม



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	แถบเมนูจะมีทางลัดเพื่อเข้าถึงเมนูคำสั่ง File (ไฟล์) Settings (การตั้งค่า) และ Tools (เครื่องมือ)
2	แถบเครื่องมือจะมีทางลัดเพื่อบันทึกและพิมพ์โปรโตคอล กำหนดตำแหน่งที่จะแทรกขั้นตอน กำหนดปริมาตรตัวอย่าง และดูระยะเวลาในการทดสอบโปรโตคอลโดยประมาณ
3	บานหน้าต่างหลักจะแสดงโปรโตคอลในรูปกราฟิก
4	บานหน้าต่างด้านล่างจะแสดงโครงร่างโปรโตคอล
5	บานหน้าต่างด้านซ้ายจะแสดงตัวควบคุมโปรโตคอลที่คุณสามารถเพิ่มเพื่อกำหนดโปรโตคอลด้วยตัวเองได้

คำสั่งเมนูไฟล์

Save (บันทึก) — บันทึกโปรโตคอลปัจจุบัน

Save As (บันทึกเป็น) — บันทึกโปรโตคอลปัจจุบันด้วยชื่อใหม่หรือในตำแหน่งใหม่

File Passwords (รหัสผ่านของไฟล์) — ช่วยให้ผู้ใช้สามารถตั้งค่ารหัสผ่านสำหรับการบันทึกไฟล์และรหัสผ่านสำหรับเปิดไฟล์ได้

เคล็ดลับ: สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม โปรดดูรหัสผ่านปกป้องไฟล์ ในหน้า 49

Close (ปิด) — ปิด Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

คำสั่งเมนูการตั้งค่า

Lid Setting (การตั้งค่าฝา) — เปิดกล่องโต้ตอบ Lid Setting (การตั้งค่าฝา) ที่คุณสามารถเปลี่ยนแปลงหรือตั้งค่าอุณหภูมิฝา

คำสั่งเมนูเครื่องมือ

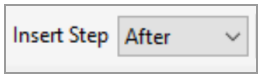
Gradient Calculator (เครื่องคำนวณการไล่ระดับอุณหภูมิ) ใช้เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกประเภทของบล็อกสำหรับขั้นการไล่ระดับอุณหภูมิได้ ค่าเริ่มต้นคือ 96 หลุม

Run Time Calculator (เครื่องคำนวณเวลาในการทดสอบ) ใช้เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกประเภทของเพลตและโหมดสแกนเพื่อคำนวณเวลาในการทดสอบโดยประมาณในหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ค่าเริ่มต้นสำหรับทุกช่องคือ 96 หลุม

คำสั่งแถบเครื่องมือ

— บันทึกไฟล์โปรโตคอลปัจจุบัน

— พิมพ์หน้าต่างที่เลือก



— ใช้คำสั่งนี้ในการเลือกตำแหน่งที่จะแทรกขั้นตอนที่เกี่ยวข้องกับขั้นตอนที่เลือกในปัจจุบัน

— ใช้คำสั่งนี้เพื่อป้อนปริมาณตัวอย่างในหน่วย µl ปริมาณตัวอย่างจะแตกต่างกันไปตามประเภทของบล็อก

- สำหรับบล็อก 96 หลุม ช่วงปริมาณจะเท่ากับ 0–50 µl
- สำหรับบล็อก 384 หลุม ช่วงปริมาณจะเท่ากับ 0–30 µl
- สำหรับบล็อก 96 หลุมลึก ช่วงปริมาณจะเท่ากับ 0–125 µl

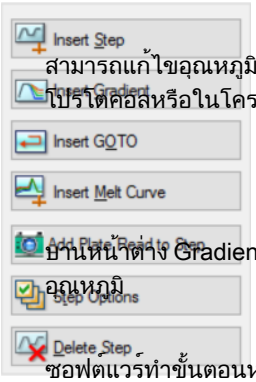
— แสดงเวลาการทดสอบโดยประมาณตามขั้นตอนโปรโตคอล อัตราเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิขึ้นลง และประเภทของบล็อกที่เลือก

— แสดงข้อมูลวิธีใช้เกี่ยวกับโปรโตคอล

Protocol Editing Controls (การควบคุมการแก้ไขโปรโตคอล)

บานหน้าต่างด้านซ้ายของหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ประกอบด้วยกาควบคุมที่คุณสามารถใช้ในการสร้างโปรโตคอลได้

การควบคุมแต่ละตัวประกอบด้วยชุดของพารามิเตอร์ที่แสดงขั้นตอนในโปรโตคอล คุณสามารถแก้ไขพารามิเตอร์แต่ละตัว และเพิ่มหรือลบได้เพื่อกำหนดโปรโตคอลของคุณด้วยตัวเอง ส่วนนี้จะอธิบายตัวเลือกในการควบคุมแต่ละตัว



- **Insert Step (แทรกขั้นตอน)** — แทรกขั้นตอนก่อนหรือหลังขั้นตอนที่เลือก คุณสามารถแก้ไขอุณหภูมิและเวลาคงค่าอุณหภูมิได้ในจอแสดงผลกราฟฟิกของโปรโตคอลหรือในโครงร่างโปรโตคอลได้
- **Insert Gradient (แทรกการไล่ระดับอุณหภูมิ)** — แทรกขั้นการไล่ระดับอุณหภูมิตามประเภทของบล็อกของหลุมที่เลือกในเครื่องคำนวณการไล่ระดับอุณหภูมิ คุณสามารถแก้ไขช่วงการไล่ระดับอุณหภูมิได้ในบานหน้าต่าง Gradient (การไล่ระดับอุณหภูมิ) ที่ปรากฏขึ้นเมื่อแทรกขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิ
- **Insert GOTO (แทรกคำสั่ง GOTO)** — จะแทรกขั้นตอนรอบ (ลูป) ซึ่งจะสั่งให้ซอฟต์แวร์ทำขั้นตอนหนึ่ง ๆ ซ้ำตามลำดับและจำนวนรอบที่ระบุ การทำขั้นตอนซ้ำจะเริ่มขึ้นหลังจากที่รอบแรกสิ้นสุด ตัวอย่างเช่น คุณสามารถสั่งให้ซอฟต์แวร์ทำขั้นตอน 2–4 ซ้ำได้ 39 ครั้ง หลังการทำขั้นตอนซ้ำครั้งสุดท้าย ซอฟต์แวร์จะทำขั้นตอนที่ 2–4 รวมทั้งหมด 40 ครั้ง คุณสามารถแก้ไขขั้นตอนย้อนกลับ (GOTO) และจำนวนรอบได้ในจอแสดงกราฟฟิกหรือในโครงร่างโปรโตคอล
- **Insert Melt Curve (แทรก Melt Curve)** — แทรกขั้นตอนการอ่าน Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)
- **Insert Plate Read to Step (แทรกคำสั่งอ่านเพลตในขั้นตอน)** — เพิ่มคำสั่งอ่านเพลตในขั้นตอนที่เลือก การอ่านเพลตจะวัดจำนวนของสารเรืองแสงเมื่อสิ้นสุดรอบ โดยทั่วไปแล้ว ขั้นตอนอ่านเพลตจะเป็นขั้นตอนสุดท้ายในลูปคำสั่ง GOTO

  เคล็ดลับ: หลังเพิ่มคำสั่งการอ่านเพลตในขั้นตอนแล้ว ปุ่มจะเปลี่ยนเป็น Remove Plate Read (ลบการอ่านเพลตออก) เมื่อคุณเลือกขั้นตอน
- **Remove Plate Read (ลบการอ่านเพลตออก)** — ลบคำสั่งการอ่านเพลตออกจากขั้นตอนที่เลือก

  เคล็ดลับ: หลังจากที่คุณลบคำสั่งการอ่านเพลตออกจากขั้นตอนแล้ว ปุ่มจะเปลี่ยนเป็น Add Plate Read to Step (เพิ่มการอ่านเพลตไว้ในขั้นตอน) เมื่อคุณเลือกขั้นตอน

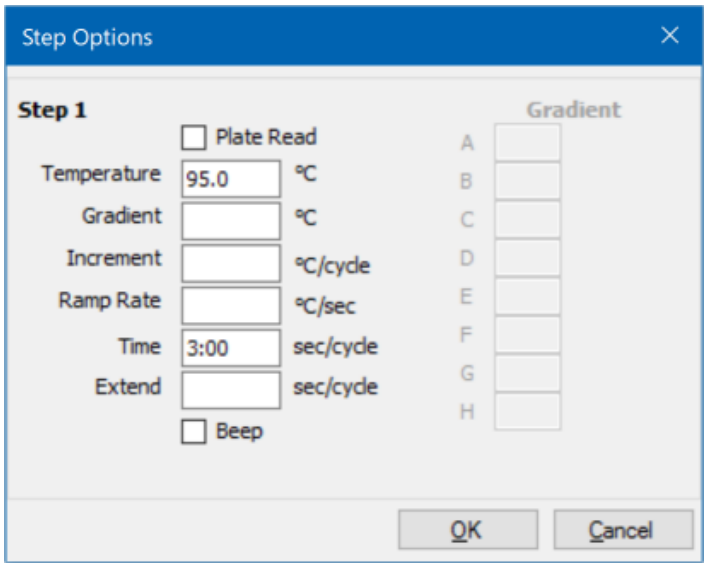
- **Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)** — จะเปิดกล่องโต้ตอบ Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) และแสดงตัวเลือกที่มีสำหรับขั้นตอนที่เลือก โปรดดูStep Options (ตัวเลือกขั้นตอน) ในหน้า 102 สำหรับข้อมูลอย่างละเอียดเกี่ยวกับตัวเลือกขั้นตอน

  เคล็ดลับ: คุณยังสามารถเข้าถึงตัวเลือกขั้นตอนโดยการคลิกขวาที่ขั้นตอนในหน้าจอกราฟฟิก

- **Delete Step (ลบขั้นตอน)** — ลบขั้นตอนที่เลือกออกจากโปรโตคอล

Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)

เปิดกล่องโต้ตอบ Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อดูตัวเลือกที่คุณสามารถเพิ่ม เปลี่ยนแปลง หรือลบออกจากขั้นตอนได้



- **Plate Read (การอ่านเพลต)** — เมื่อเลือก จะเพิ่มการอ่านเพลตไว้ในขั้นตอน
- **Temperature (อุณหภูมิ)** — จะตั้งค่าอุณหภูมิเป้าหมายสำหรับขั้นตอนที่เลือก
- **Gradient (การไล่ระดับอุณหภูมิ)** — จะตั้งค่าช่วงการไล่ระดับอุณหภูมิสำหรับขั้นตอน ช่วงคือ 1–24°C

  หมายเหตุ: การไล่ระดับอุณหภูมิจะทำงานโดยใช้อุณหภูมิต่ำสุดที่ด้านหน้าของบล็อก (ในภาพนี้คือแถว H) และอุณหภูมิสูงสุดที่ด้านหลังของบล็อก (ในภาพนี้คือแถว A)
- **Increment (การเพิ่มอุณหภูมิ)** — ปริมาณอุณหภูมิที่จะเพิ่มขึ้น (หรือลดลง) ของขั้นตอนที่เลือก จำนวนตามค่านี้จะถูกเพิ่มไปยังอุณหภูมิเป้าหมายในแต่ละรอบ ช่วงคือ ±0.1–10°C

  หมายเหตุ: ในการลดอุณหภูมิ ให้พิมพ์เครื่องหมายลบ (–) ก่อนค่าตัวเลข (ตัวอย่างเช่น –5°C)
- **Ramp Rate (อัตราเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิขึ้นลง)** — อัตราการเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิขึ้นลงสำหรับขั้นตอนที่เลือก ช่วงอุณหภูมิขึ้นอยู่กับขนาดของบล็อก
- **Time (เวลา)** — เวลาคงค่าอุณหภูมิหรับขั้นตอนที่เลือก
- **Extend (ขยายเวลา)** — ระยะเวลา (เป็นวินาที) ที่จะขยายหรือลดในขั้นตอนที่เลือก ตัวเลือกนี้จะเพิ่มไปยังเวลาคงค่าอุณหภูมิในแต่ละรอบ ช่วงคือ ±1–60 วินาที
- **Beep (เสียงบี๊บ)** — เมื่อเลือก เสียงบี๊บเตือนจะดังขึ้นระหว่างดำเนินการขั้นตอน

  เคล็ดลับ: เมื่อคุณป้อนตัวเลขที่อยู่นอกช่วงตัวเลือก ซอฟต์แวร์จะเปลี่ยนตัวเลขให้เป็นข้อมูลที่ใกล้เคียงที่สุดภายในช่วง

การสร้างโปรโตคอลใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

คุณสามารถสร้างไฟล์โปรโตคอลแบบกำหนดเองได้โดยใช้ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) นอกจากนี้ คุณยังสามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์โปรโตคอลที่บันทึกไว้ก่อนหน้า หรือไฟล์โปรโตคอลตัวอย่างที่จัดส่งมาพร้อมกับ CFX Maestro Dx SE ได้เช่นกัน

หากต้องการสร้างไฟล์โปรโตคอลใหม่ ให้ดำเนินการดังต่อไปนี้

- เปิดไฟล์โปรโตคอลใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

  เคล็ดลับ: คุณสามารถเปิดโปรโตคอลใหม่หรือที่มีอยู่เดิมใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ได้
- ตั้งค่าโปรโตคอลใหม่
- เพิ่มขั้นตอนในโปรโตคอลจากบานหน้าต่างควบคุมโปรโตคอล
- แก้ไขคุณสมบัติของขั้นตอน
- บันทึกโปรโตคอล

เคล็ดลับ: หากต้องการสร้างโปรโตคอลใหม่จากไฟล์โปรโตคอลที่บันทึกไว้ก่อนหน้าหรือไฟล์โปรโตคอลตัวอย่าง โปรดดูที่การเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ในหน้า 104

การเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

CFX Maestro Dx SE มีหลากหลายตัวเลือกในการเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่

- จากเมนูไฟล์ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- จากกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- จากกล่องโต้ตอบ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

หากต้องการเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่จากเมนู File (ไฟล์)

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก File (ไฟล์) > New (ใหม่) > Protocol (โปรโตคอล)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงไฟล์โปรโตคอลเริ่มต้น

เคล็ดลับ: สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการตั้งค่าโปรโตคอลเริ่มต้น โปรดดูที่
การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 83

วิธีการเปิดโปรโตคอลใหม่จากกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

   - เลือก Run (การทดสอบ) > User-defined Run (การทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด)
   - คลิก User-defined Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด) บนแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล) และแสดงไฟล์โปรโตคอลเริ่มต้น

2 คลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงโปรโตคอลเรียลไทม์เริ่มต้น

วิธีการเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่จากกล่องโต้ตอบ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้เพื่อเปิด Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) หากไม่ได้อยู่ในมุมมอง

- เลือก View (มุมมอง) > Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- คลิก Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) บนแถบเครื่องมือ

2 หากจำเป็น ให้เลือกประเภทเครื่องมือจากรายการแบบเลื่อนลง

3 คลิก User-defined (ผู้ใช้กำหนด) เป็นประเภทการทดสอบ

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล) และแสดงไฟล์โปรโตคอลเริ่มต้น

4 คลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงโปรโตคอลเรียลไทม์เริ่มต้น

วิธีเปิดโปรโตคอลใหม่จากเมนการทดสอบ

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

- เลือก Run (การทดสอบ) > User-defined Run (การทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด)
- คลิก User-defined Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด) บนแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล) และแสดงไฟล์โปรโตคอลเริ่มต้น

2 คลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงโปรโตคอลเรียลไทม์เริ่มต้น

การเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

CFX Maestro Dx SE มีตัวอย่างไฟล์โปรโตคอลที่คุณสามารถแก้ไขและบันทึกเป็นโปรโตคอลใหม่ที่กำหนดเองได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถสร้างโปรโตคอลใหม่จากโปรโตคอลที่กำหนดเองที่มีอยู่ได้

วิธีการเปิดไฟล์โปรโตคอลตัวอย่าง

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Protocol (โปรโตคอล)

โดยค่าเริ่มต้น Windows Explorer จะเปิดตำแหน่งของโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่าง CFX Maestro Dx SE

2 เปิดโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่าง คุณจะเห็นโฟลเดอร์ต่อไปนี้

- **ConventionalProtocols** — มีไฟล์โปรโตคอลตัวอย่างสำหรับการวิเคราะห์ PCR แบบดั้งเดิม
- **DataFiles** — มีไฟล์ข้อมูลตัวอย่างที่คุณสามารถใช้เพื่อค้นหาคุณลักษณะของ CFX Maestro Dx SE ได้
- **MeltCalibration** — มีไฟล์โปรโตคอลตัวอย่างสำหรับใช้กับซอฟต์แวร์ Precision Melt Analysis ของ Bio-Rad
- **Plates** — มีไฟล์เพลตตัวอย่าง
- **RealTimeProtocols** — มีไฟล์โปรโตคอลตัวอย่างสำหรับการวิเคราะห์ PCR แบบเรียลไทม์

3 เปิดโฟลเดอร์โปรโตคอลสำหรับประเภทของการทดสอบที่คุณวางแผนที่จะดำเนินการระหว่าง ConventionalProtocols หรือ RealTimeProtocols

4 เลือกโปรโตคอลที่ต้องการและคลิก Open (เปิด)

โปรโตคอลตัวอย่างจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

5 เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) และบันทึกโปรโตคอลด้วยชื่อใหม่หรือในโฟลเดอร์ใหม่

วิธีเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Protocol (โปรโตคอล) ค้นหาและเลือกโปรโตคอลเป้าหมาย และคลิก Open (เปิด)
- เปิดตัวช่วยสร้างการเริ่มต้นและทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้
  - วิธีการแก้ไขโปรโตคอลที่แสดง ให้คลิก Edit Selected (แก้ไขที่เลือก)
  - หากต้องการแก้ไขโปรโตคอลอื่นที่มีอยู่ ให้คลิก Select Existing (เลือกที่มีอยู่) และไปที่ไฟล์เป้าหมาย

  โปรโตคอลจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

2 เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) และบันทึกโปรโตคอลด้วยชื่อใหม่หรือในโฟลเดอร์ใหม่

การตั้งค่าโปรโตคอลใหม่

เคล็ดลับ: หากไฟล์โปรโตคอลของคุณมีพารามิเตอร์ที่จำเป็น (เช่น หากคุณกำลังแก้ไขไฟล์เพลตที่มีอยู่) คุณสามารถข้ามส่วนนี้ได้ ไปที่การเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล ในหน้า 108

ไฟล์โปรโตคอลใหม่ต้องมีพารามิเตอร์ต่อไปนี้

- Block type (ประเภทบล็อก)
- โหมดสแกนสำหรับประเภทบล็อกที่เลือก
- Lid temperature (อุณหภูมิฝาครอบ)

- Sample volume (ปริมาณสารตัวอย่าง)

การตั้งค่าประเภทของบล็อก

CFX Maestro Dx SE จะคำนวณการเพิ่มอุณหภูมิโดยอัตโนมัติสำหรับขั้นการไล่ระดับอุณหภูมิตามประเภทบล็อก

หมายเหตุ: ประเภทของเพลตที่ตั้งค่าใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ต้องเป็นประเภทเดียวกับเพลตในโมดูลปฏิกิริยา

วิธีตั้งค่าประเภทบล็อก

▶ ในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Gradient Calculator (เครื่องคำนวณการไล่ระดับอุณหภูมิ) แล้วเลือกประเภทเพลตที่เหมาะสมในรายการแบบเลื่อนลงที่ปรากฏ

การเลือกโหมดสแกนสำหรับประเภทบล็อกที่เลือก

หากต้องการกำหนดเวลาทดสอบสำหรับโปรโตคอล ให้เลือกประเภทบล็อกเป้าหมายและโหมดสแกน

วิธีเลือกประเภทบล็อกและโหมดสแกน

▶ ในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Run time Calculator (เครื่องคำนวณเวลาทดสอบ) และเลือกประเภทเพลตที่เหมาะสมและโหมดสแกนในรายการแบบเลื่อนลงที่ปรากฏ

การปรับอุณหภูมิของฝาครอบ

CFX Maestro Dx SE จะกำหนดอุณหภูมิเริ่มต้นของฝาครอบดังต่อไปนี้

- เครื่องมือแบบ 96 หลุมและหลุมลึก — 105.0°C
- เครื่องมือแบบ 384 หลุม — 95.0°C

คุณสามารถเปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นหรือปิดตัวทำความร้อนที่ฝาครอบตามความจำเป็นของโปรโตคอลได้

วิธีปรับอุณหภูมิของฝาครอบ

1 ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้เลือก Settings (การตั้งค่า) > Lid Settings (การตั้งค่าฝาครอบ)

กล่องโต้ตอบ Lid Settings (การตั้งค่าฝาครอบ) จะปรากฏขึ้น

2 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก User Defined (ผู้ใช้กำหนดเอง) แล้วป้อนค่าอุณหภูมิในกล่องข้อความ
- เลือก Turn Off Lid Heater (ปิดตัวทำความร้อนที่ฝาครอบ)

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

การตั้งค่าปริมาณตัวอย่าง

โดยค่าเริ่มต้น CFX Maestro Dx SE ตั้งค่าปริมาตรตัวอย่างสำหรับแต่ละหลุมเป็น 25 µl ปริมาณตัวอย่างจะแตกต่างกันไปตามประเภทของบล็อก เช่น

- 0–50 µl สำหรับบล็อก 96 หลุม
- 0–30 µl สำหรับบล็อก 384 หลุม

เครื่องมือจะใช้โหมดการควบคุมอุณหภูมิหนึ่งในสองโหมดในการกำหนดว่าจะให้ตัวอย่างเพิ่มอุณหภูมิถึงอุณหภูมิเป้าหมายในโปรโตคอลเมื่อใด

- **Calculated Mode (โหมดที่คำนวณได้)** — เมื่อปริมาณตัวอย่างถูกตั้งค่าเป็นปริมาณที่เหมาะสมสำหรับบล็อกที่ไม่ใช่ค่าศูนย์ เครื่องมือจะคำนวณอุณหภูมิตัวอย่างตามปริมาณตัวอย่าง ซึ่งนี่เป็นโหมดมาตรฐาน
- **Block Mode (โหมดบล็อก)** — เมื่อปริมาณตัวอย่างตั้งค่าเป็นศูนย์ (0) µl เครื่องจะบันทึกอุณหภูมิตัวอย่างเป็นเช่นเดียวกับอุณหภูมิของบล็อกที่วัดได้

วิธีการตั้งค่าปริมาณตัวอย่างสำหรับบล็อกเฉพาะที่ต้องการ

▶ ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้พิมพ์ค่าที่ถูกต้องในกล่องข้อความ Sample Volume (ปริมาณตัวอย่าง) บนแถบเครื่องมือ

เคล็ดลับ: คุณสามารถเปลี่ยนปริมาณตัวอย่างเริ่มต้นในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดูการเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 83

การเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล

วิธีการเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล

1 เปิดโปรโตคอลในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

2 กำหนดตำแหน่งที่จะแทรกขั้นตอนใหม่ บนแถบเครื่องมือ ให้เลือก Before (ก่อน) หรือ After (หลัง) ในรายการแบบเลื่อนลง Step (ขั้นตอน)

3 บนกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอนใหม่

4 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert Step (แทรกขั้นตอน)

5 หากต้องการเปลี่ยนอุณหภูมิหรือเวลาในการระงับ ให้คลิกค่าเริ่มต้นบนกราฟหรือโครงร่างโปรโตคอล และพิมพ์ค่าใหม่

6 (ไม่บังคับ) ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อแสดงกล่องโต้ตอบตัวเลือกขั้นตอน และปรับเปลี่ยนตัวเลือกที่มีอยู่สำหรับขั้นตอนที่เลือก

   เคล็ดลับ: คุณสามารถเข้าถึงกล่องโต้ตอบตัวเลือกขั้นตอนได้ในเมนูคลิกขวา ทั้งในบานหน้าต่างกราฟหรือหรือบานหน้าต่างโครงร่างโปรโตคอล

7 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นกับโปรโตคอล

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

8 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้พิมพ์ชื่อไฟล์โปรโตคอลใหม่ และคลิก Save (บันทึก)

การแทรกขั้นการไล่ระดับอุณหภูมิ

หากต้องการแทรกขั้นการไล่ระดับอุณหภูมิ

1 ให้ตรวจสอบว่าขนาดของเพลตสำหรับการไล่ระดับอุณหภูมิมีขนาดเดียวกับประเภทบล็อกของเครื่องมือ 96 หลุม, 384 หลุม หรือหลุมลึก

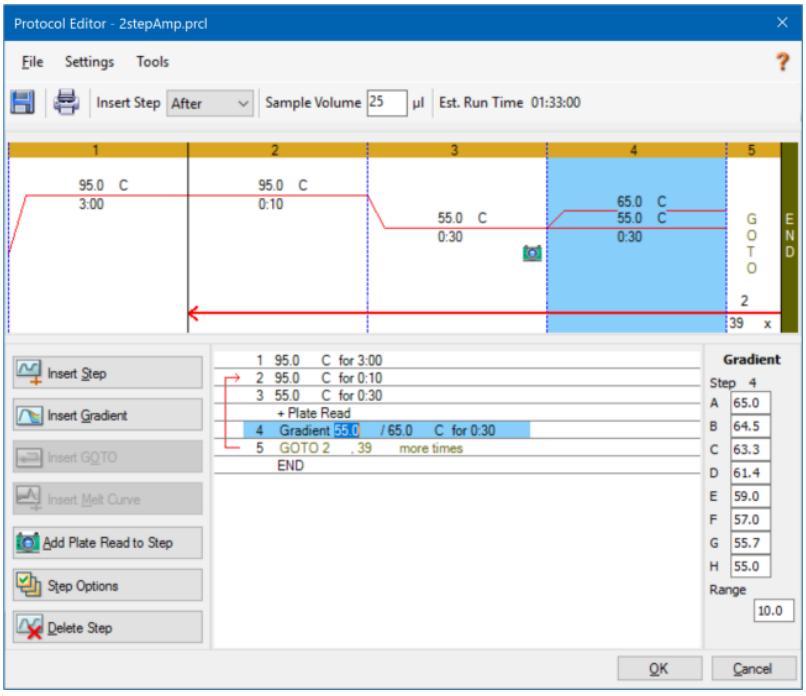
2 หากคุณยังไม่ได้ดำเนินการดังกล่าว ให้เลือกขนาดของเพลตสำหรับการไล่ระดับอุณหภูมิ

เลือก Tools (เครื่องมือ) > Gradient Calculator (เครื่องคำนวนณการไล่ระดับอุณหภูมิ) และเลือกประเภทหลุมที่เหมาะสม
จากรายการแบบเลื่อนลง

3 ในแถบเครื่องมือ ให้เลือก Before (ก่อน) หรือ After (หลัง) จากรายการแบบเลื่อนลง Insert Step (แทรกขั้นตอน)

4 ในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่าง ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิ

5 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert Gradient (แทรกการไล่ระดับอุณหภูมิ) ขั้นตอนการไล่ระดับอุณหภูมิใหม่จะถูกเน้นในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่าง เช่น:



อุณหภูมิของแต่ละแถวในการไล่ระดับอุณหภูมิจะปรากฏในตาราง Gradient (การไล่ระดับอุณหภูมิ) ในบานหน้าต่างด้านขวา

6 ในการแก้ไขช่วงอุณหภูมิการไล่ระดับอุณหภูมิ ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิกที่อุณหภูมิเริ่มต้นในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่างและป้อนอุณหภูมิใหม่
- คลิก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อป้อนช่วงการไล่ระดับอุณหภูมิในหน้าต่าง Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)
- เปลี่ยนค่า Range (ช่วง) ในตาราง Gradient (การไล่ระดับอุณหภูมิ)

7 วิธีการแก้ไขเวลาในการระงับ ให้คลิกเวลาเริ่มต้นในมุมมองรูปภาพหรือข้อความและป้อนเวลาใหม่

8 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลง

การแทรกขั้นตอน GOTO

หมายเหตุ: คุณไม่สามารถแทรกขั้นตอนคำสั่ง GOTO ภายในชุดคำสั่ง GOTO ได้ คุณไม่สามารถสร้างลูปคำสั่ง GOTO ซ้อนในได้

วิธีแทรกขั้นตอนคำสั่ง GOTO

1 ในแถบเครื่องมือ ให้เลือก Before (ก่อน) หรือ After (หลัง) จากรายการแบบเลื่อนลง Insert Step (ใส่ขั้นตอน)

2 ในกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอนคำสั่ง GOTO

3 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert GOTO (แทรกคำสั่ง GOTO)

4 ในการแก้ไขหมายเลขขั้นตอนคำสั่ง GOTO หรือจำนวนคำสั่ง GOTO ซ้ำกัน ให้เลือกหมายเลขเริ่มต้นในกรอบกราฟหรือบานหน้าต่างโครงร่างและป้อนค่าใหม่

5 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลง

การแทรกขั้นตอน Melt Curve

เคล็ดลับ: คุณไม่สามารถแทรกขั้นตอน Melt Curve ภายในลูปคำสั่ง GOTO ได้

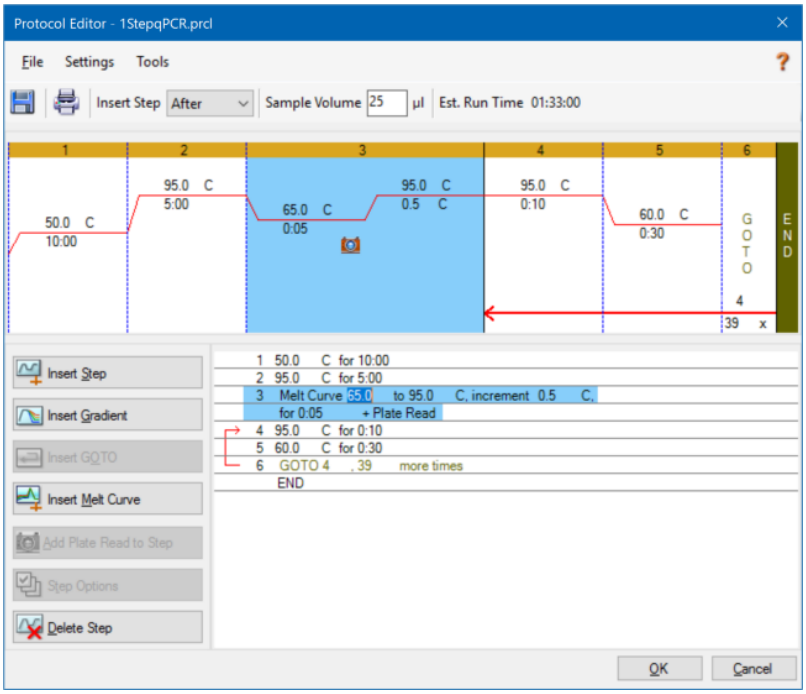
หมายเหตุ: ขั้นตอน Melt Curve จะรวมถึงการระงับเป็นเวลา 30 วินาทีเมื่อเริ่มต้นขั้นตอนที่ไม่ได้แสดงไว้ในโปรโตคอล

วิธีแทรกขั้นตอน Melt Curve

1 ในแถบเครื่องมือ ให้เลือก Before (ก่อน) หรือ After (หลัง) จากรายการแบบเลื่อนลง Insert Step (ใส่ขั้นตอน)

2 บนกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอน Melt Curve

3 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert Melt Curve (แทรก Melt Curve) ขั้นตอน Melt Curve ใหม่จะถูกเน้นในกราฟและบานหน้าต่างโครงร่าง ตัวอย่างเช่น:



4 ในการแก้ไขช่วงอุณหภูมิหลอมละลายหรือเวลาที่เพิ่มขึ้น ให้เลือกหมายเลขเริ่มต้นในกราฟหรือบานหน้าต่างโครงร่างและป้อนค่าใหม่

5 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลง

การเพิ่มหรือการนำขั้นตอนการอ่านเพลตออก

เคล็ดลับ: หลังเพิ่มคำสั่งการอ่านเพลตในขั้นตอนแล้ว ปุ่มจะเปลี่ยนเป็น Remove Plate Read (ลบการอ่านเพลตออก) เมื่อคุณเลือกขั้นตอน

วิธีเพิ่มการอ่านเพลตในขั้นตอน

1 ในแถบเครื่องมือ ให้เลือก Before (ก่อน) หรือ After (หลัง) จากรายการแบบเลื่อนลง Insert Step (ใส่ขั้นตอน)

2 ในกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังที่คุณต้องการใส่ขั้นตอนการอ่านเพลต

3 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Add Plate Read to Step (เพิ่มการอ่านเพลตในขั้นตอน) เพื่อเพิ่มการอ่านเพลตในขั้นตอนที่เลือก

4 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลง

วิธีนำการอ่านเพลตออกจากขั้นตอน

▶ ในกราฟ ให้เลือกขั้นตอนที่มีการอ่านเพลต จากนั้นคลิก Remove Plate Read (ลบการอ่านเพลตออก) ในบานหน้าต่างด้านซ้าย

การเปลี่ยนตัวเลือกขั้นตอน

หากต้องการเปลี่ยนตัวเลือกขั้นตอนสำหรับขั้นตอนที่เลือก

1 เลือกขั้นตอนเป้าหมายในกราฟหรือบานหน้าต่างโครงร่าง

2 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย คลิก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)

   หรือคลิกขวาที่ขั้นตอนเป้าหมายในบานหน้าต่างหนึ่งแล้วเลือก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) ในเมนูที่ปรากฏขึ้น

3 วิธีเพิ่ม ปรับเปลี่ยน หรือลบตัวเลือกออก

   - ป้อนค่าในกล่องข้อความที่ถูกต้อง
   - แก้ไขค่าในกล่องข้อความเฉพาะ
   - เลือกหรือล้างกล่องข้อความ

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)

5 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกโปรโตคอล

การลบขั้นตอน

สำคัญ: คุณไม่สามารถเลิกทำฟังก์ชันนี้ได้ โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อลบขั้นตอน

วิธีการลบขั้นตอนในโปรโตคอล

1 เลือกขั้นตอนในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่าง

2 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Delete Step (ลบขั้นตอน) เพื่อลบขั้นตอนที่เลือก

3 คลิก OK (ตกลง) จากนั้นคลิก Yes (ใช่) เพื่อบันทึกโปรโตคอล

การคัดลอก การส่งออก หรือการพิมพ์โปรโตคอล

วิธีคัดลอกโปรโตคอล

▶ คลิกขวาที่โครงร่างโปรโตคอลและเลือก Copy Protocol (คัดลอกโปรโตคอล)

คุณสามารถวางโครงร่างลงในไฟล์ .txt, .xls, .doc หรือ .ppt ได้

วิธีการส่งออกโปรโตคอล

1 คลิกขวาที่โครงร่างโปรโตคอลและเลือก Export Protocol (ส่งออกโปรโตคอล)

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

2 (ไม่บังคับ) ใน Windows Explorer ให้ไปที่โฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์โปรโตคอล

3 ใน File name (ชื่อไฟล์) ให้พิมพ์ชื่อไฟล์โปรโตคอลที่จะส่งออก

4 คลิก Save (บันทึก)

วิธีพิมพ์โปรโตคอล

▶ คลิกขวาที่โครงร่างโปรโตคอลและเลือก Print (พิมพ์)

คุณสามารถพิมพ์โครงร่างโปรโตคอลไปยังเครื่องพิมพ์ที่คุณตั้งเป็นค่าเริ่มต้นได้

การสร้างโปรโตคอลด้วยระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ

สำคัญ: Bio-Rad ไม่รับประกันว่าการเรียกใช้โปรโตคอลที่สร้างขึ้นด้วย Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ในผลิตภัณฑ์ PCR จะได้ผลเสมอไป

Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ของ CFX Maestro Dx SE จะสร้างรอบโปรโตคอลขึ้นมาโดยอัตโนมัติตามพารามิเตอร์ที่ป้อนข้อมูลต่อไปนี้

- **ความยาวของ Amplicon** — ความยาวของผลิตภัณฑ์ PCR ที่คาดไว้
- **อุณหภูมิ Annealing** — ปฏิกิริยา T_a สำหรับไพรเมอร์ที่ใช้

  หากไม่ทราบค่า T_a คุณสามารถใช้เครื่องคำนวณค่า T_a เพื่อคำนวณโดยอัตโนมัติตามลำดับไพรเมอร์ของคุณได้

  หมายเหตุ: ค่า T_a จะปรับจากข้อมูลอุณหภูมิหลอมละลายของไพรเมอร์ (T_m) ซึ่งขึ้นอยู่กับเอนไซม์ที่เลือกและความเร็วของโปรโตคอล
- **ประเภทเอนไซม์** — เอนไซม์ดีเอ็นเอโพลิเมอเรส (iTaq, iProof DNA Polymerase หรืออื่น ๆ)

  หากคุณใช้เอนไซม์อื่นนอกเหนือไปจาก iTaq หรือ iProof DNA Polymerase คุณสามารถป้อนข้อมูลเพิ่มเติมได้ ซึ่งรวมถึงช่วงการไล่ระดับอุณหภูมิ เวลาในการเปิดใช้งานเริ่มร้อน (เป็นวินาที) และเวลาต่อขยายขั้นสุดท้าย (เป็นวินาที)
- **ความเร็วในการทำงาน** — ความเร็วของปฏิกิริยา (มาตรฐาน เร็ว หรือเร็วมาก)

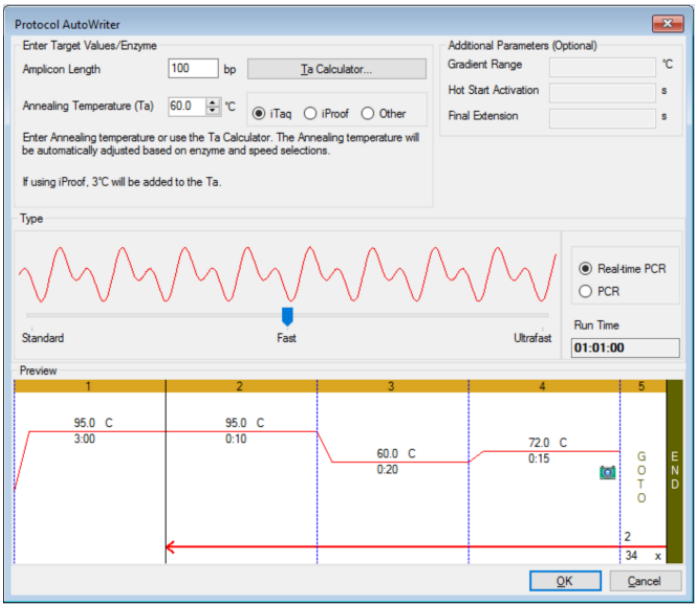
  Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะเพิ่มประสิทธิภาพโปรโตคอลตามการตั้งค่าความเร็วที่เลือก ระยะเวลาในการทำงานโดยรวมจะกำหนดจากจำนวนขั้นตอนและรอบ ระยะเวลาการบ่มในแต่ละขั้นตอน และเวลาที่ใช้เพื่อให้รวมเป็นหนึ่งเดียวกันที่อุณหภูมิเป้าหมาย

Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะสร้างโปรโตคอล PCR แบบกำหนดเองโดยอัตโนมัติ โดยใช้ขั้นตอนการเริ่มร้อน การแยกสายขั้นต้น การหลอม และการต่อขยาย โดยใช้พารามิเตอร์ที่คุณป้อนและแนวทาง PCR มาตรฐาน จากนั้นคุณจะสามารถดูการแสดงผลกราฟิกของโปรโตคอลที่แนะนำ และแก้ไข ทำการทดสอบ หรือบันทึกโปรโตคอลได้

วิธีการสร้างโปรโตคอลใหม่โดยใช้ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ของ CFX Maestro Dx SE

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ)

กล่องโต้ตอบ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะปรากฏขึ้น



2 ในหัวข้อ Enter Target Values/Enzyme (ป้อนค่า/เอนไซม์เป้าหมาย) ให้ดำเนินการดังต่อไปนี้

- ป้อนอุณหภูมิ Annealing (T_a) สำหรับไพรเมอร์ที่ใช้หากทราบ

  เคล็ดลับ: ดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่การใช้เครื่องคำนวณ Ta ในหน้า 116

  หมายเหตุ: โปรดดูข้อมูลเกี่ยวกับการคำนวณที่ใช้ในเครื่องคำนวณ T_a ได้ที่ Breslauer et al 1986

- ป้อนความยาว Amplicon ในคู่เบส (bp)

- เลือกประเภทเอนไซม์จากรายการตัวเลือก (iTaq DNA Polymerase, iProof DNA Polymerase หรืออื่น ๆ)

  เคล็ดลับ: หากคุณเลือก Other (อื่น ๆ) เป็นประเภทเอนไซม์ พารามิเตอร์ในหัวข้อ Additional Parameters (Optional) (พารามิเตอร์เพิ่มเติม) (ไม่บังคับ) จะเริ่มทำงาน

3 หากคุณเลือก Other (อื่น ๆ) เป็นประเภทของเอนไซม์ คุณสามารถเพิ่มพารามิเตอร์ใด ๆ หรือทั้งหมดต่อไปนี้ในโปรโตคอลได้

- ช่วงการไล่ระดับอุณหภูมิ
- อุณหภูมิในการเปิดใช้งานเริ่มร้อน
- เวลาต่อขยายขั้นสุดท้าย

4 ในหัวข้อ Type (พิมพ์) ให้เลื่อนแถบเลื่อนเพื่อเลือกความเร็วของโปรโตคอล (มาตรฐาน เร็ว หรือเร็วมาก) CFX Maestro Dx SE จะปรับเวลาในการทดสอบทั้งหมด

5 เลือกประเภทของ PCR ที่จะดำเนินการ (PCR แบบเรียลไทม์เป็นค่าเริ่มต้น)

CFX Maestro Dx SE จะเพิ่มขั้นตอนการอ่านเพลตเพื่อเก็บข้อมูลสารเรืองแสงด้วย PCR แบบเรียลไทม์

6 ในหัวข้อ Preview (แสดงตัวอย่าง) ให้ตรวจสอบโปรโตคอล คุณสามารถทำการเปลี่ยนแปลงได้ตามต้องการ

7 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกโปรโตคอลใหม่ หลังจากบันทึกแล้ว โปรโตคอลจะเปิดขึ้นใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) คลิก Edit Selected (แก้ไขสิ่งที่เลือก) เพื่อทำการเปลี่ยนแปลงใด ๆ กับโปรโตคอลตัวอย่างเช่น คุณอาจต้องเปลี่ยนอุณหภูมิฝาครอบและปริมาณตัวอย่าง
- คลิก Cancel (ยกเลิก) เพื่อปิดหน้าต่างโดยไม่บันทึกโปรโตคอล

การใช้เครื่องคำนวณ T_a

เมื่อไม่ทราบอุณหภูมิ Annealingสำหรับไพรเมอร์ คุณสามารถใช้เครื่องคำนวณ T_a ในการคำนวณค่าได้ คุณสามารถใช้ค่าใน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) หรือใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) เพื่อสร้างโปรโตคอลของคุณ

เกี่ยวกับเครื่องคำนวณ T_a

ตัวคำนวณ T_a จะคำนวณค่า T_m สำหรับแต่ละไพรเมอร์ รวมถึงค่า T_a สำหรับโปรโตคอลที่ความเร็วมาตรฐาน

ค่า T_a สำหรับโปรโตคอลจะขึ้นอยู่กับค่าเฉลี่ยไพรเมอร์ T_m โดยใช้กฎต่อไปนี้

- หากความแตกต่างระหว่างค่าไพรเมอร์ T_m มีค่า >4°C ค่า T_a = (ค่าต่ำของไพรเมอร์ T_m ทั้งสอง + 2) – 4°C
- หากความแตกต่างระหว่างค่า T_m มีค่า ≤4°C ค่า T_a = (ค่าเฉลี่ยของไพรเมอร์ T_m) – 4°C

วิธีการนับคู่เบส

สำหรับแต่ละไพรเมอร์ ตัวคำนวณ T_a จะใช้วิธีการนับคู่เบสสำหรับลำดับ 14 คู่เบส (bp) หรือน้อยกว่า

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

โดย w, x, y และ z คือจำนวนเบส A, T, G และ C ตามลำดับ

การจำแนกประเภทด้วย Nearest Neighbor Method

จะต้องใช้การจำแนกประเภทด้วย Nearest Neighbor Method สำหรับลำดับที่ยาวกว่า 14 คู่เบส ในการจำแนกประเภทด้วยวิธี Nearest Neighbor Method การคำนวนอุณหภูมิในการละลายอยู่นั้นขึ้นอยู่กับความสัมพันธ์ทางเทอร์โมไดนามิกส์ระหว่างเอนโทรปี (ลำดับหรือปริมาณความสุ่มของโอลิโกนิวคลีโอไทด์) เอนทัลปี (ความร้อนที่ถูกปล่อยออกมาหรือซึมซับโดยโอลิโกนิวคลีโอไทด์) พลังงานเสรี และอุณหภูมิ

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

โดย

- ΔH = ค่าของเอนทัลปีในหน่วย Cal/Mole*K
- T = อุณหภูมิในหน่วยเคลวิน
- ΔS = ค่าของเอนโทรปีในหน่วย Cal/Mole*K
- ΔG = พลังงานเสรีของกิ๊บส์ในหน่วย Cal/Mole*K

การเปลี่ยนแปลงในเอนโทรปีและเอนทัลปีจะถูกคำนวณโดยตรงด้วยการรวมค่าของคู่นิวคลีโอไทด์ที่แสดงอยู่ใน ตาราง 8 (Breslauer et al. 1986)

ความสัมพันธ์ระหว่างพลังงานเสรีและความเข้มข้นของตัวทำปฏิกริยาและสารในสภาพคงตัวนั้นกำหนดโดย:

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

โดย R เป็นค่าคงที่ของก๊าซ (1.986 Cal/Mole*K)

การสลับ G ในสมการทั้งสองและการหาค่าของ T

$$T = \Delta H/(\Delta S + R^*\text{Ln}((\text{DNA} * \text{ไพรเมอร์})/(\text{DNA} + \text{ไพรเมอร์})))$$

คาดได้ว่าความเข้มข้นของ DNA และ DNA ไพรเมอร์คอมเพล็กซ์นั้นเท่ากัน

โดยสามารถกำหนดด้วยการเผ้าสังเกตได้ว่ามีพลังงานเสรี 5 kcal (3.4 kcal) (Sugimoto et al. 1996) เปลี่ยนแปลงไประหว่างการเปลี่ยนผ่านจาก DNA สายเดี่ยวเป็น DNA แบบ B ซึ่งคาดเดาได้ว่าเป็นพลังงานที่มีต้นตอเป็นไฮโดรเจนสุดท้ายแล้ว การเพิ่มการปรับเปลี่ยนเกลือทำให้เกิดสมการที่ตัวคำนวณ T_a ใช้งาน:

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

ไม่จำเป็นต้องมีการปรับเปลี่ยนค่าคงที่ของความเข้มข้นของเกลือ เนื่องจากความหลากหลายของพารามิเตอร์ได้ถูกกำหนดไว้ที่ 1 M NaCl และ $\log_{10}$ ของ 1 คือศูนย์

การคำนวณเทอร์โมไดนามิกส์พบว่าการหลอมจะเกิดขึ้นที่ค่า pH 7.0 การคำนวณ T_m แสดงให้เห็นว่าลำดับนั้นไม่มีลักษณะสมมาตรและประกอบไปด้วยหนึ่ง G หรือ C เป็นอย่างน้อย

ลำดับโอลิโกนิวคลีโอไทด์ควรมีความยาวอยู่ที่อย่างน้อย 14 เบสเพื่อให้มีค่า T_m ที่เหมาะสม ความยาวที่น้อยกว่า 14 เบสจะใช้วิธีการนับคู่เบส (ดูตาราง 8 ต่อไป)

ตาราง 8 ค่าคงที่ของปฏิกริยา Breslauer

ปฏิกริยา		ΔH	ΔS	ΔG
AA	TT	9.1	24	1.5
AT	TA	8.6	23.9	1.5
AC	TG	6.5	17.3	1.3
AG	TC	7.8	20.8	1.6
TA	AT	6	16.9	0.9
TT	AA	9.1	24	1.9
TC	AG	5.6	13.5	1.6
TG	AC	5.8	12.9	1.9
CA	GT	5.8	12.9	1.9
CT	GA	7.8	20.8	1.6
CC	GG	11	26.6	3.1
CG	GC	11.9	27.8	3.6
GA	CT	5.6	13.5	1.6
GT	CA	6.5	17.3	1.3
GC	CG	11.1	26.7	3.1
GG	CC	11	26.6	3.1

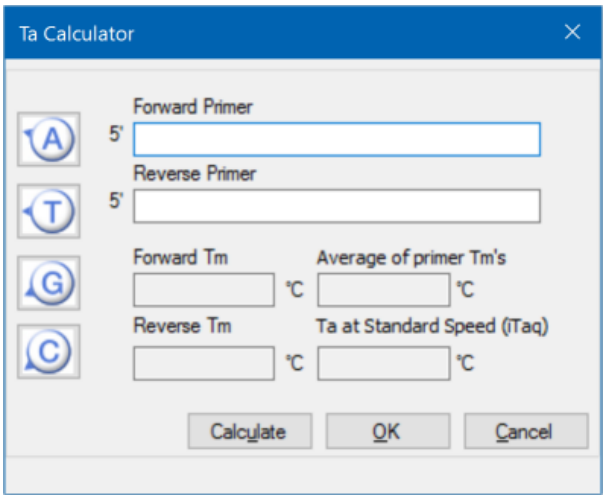
การใช้เครื่องคำนวณ T_a

วิธีใช้เครื่องคำนวณ T_a

1 หากต้องการเปิดเครื่องคำนวณ T_a ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากคุณอยู่ใน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) คลิกที่เครื่องคำนวณ T_a
- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก Tools (เครื่องมือ) > เครื่องคำนวณ T_a

กล่องโต้ตอบเครื่องคำนวณ T_a จะปรากฏขึ้น



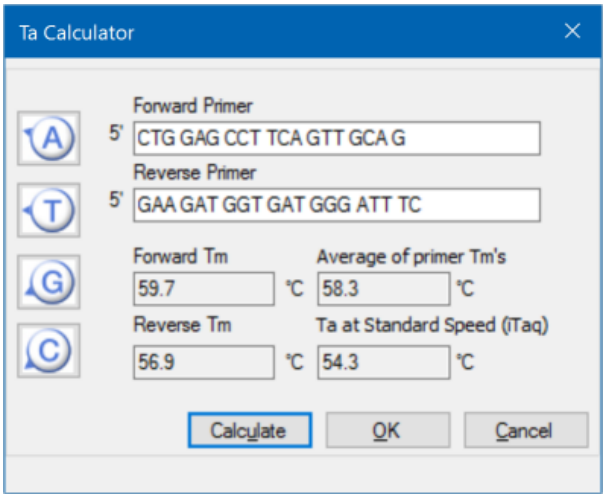
2 ในกล่องข้อความ Forward Primer (ส่งต่อไพรเมอร์) พิมพ์หรือวางลำดับส่งต่อไพรเมอร์

เคล็ดลับ: นอกจากนี้คุณสามารถใช้ปุ่ม A, T, G, C ทางด้านซ้ายของกล่องโต้ตอบเพื่อป้อนลำดับ

3 พิมพ์หรือวางลำดับย้อนกลับไพรเมอร์ในกล่องข้อความ Reverse Primer (ย้อนกลับไพรเมอร์)

4 คลิก Calculate (คำนวณ)

เครื่องคำนวณ T_a คำนวณและแสดง T_m ของแต่ละไพรเมอร์และ T_m เฉลี่ยและค่า T_a เช่น:



หากค่าไพรเมอร์ T_m มากกว่า 4°C Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะใช้ค่าไพรเมอร์ T_m ที่ต่ำกว่า + 2°C เป็นฐานในการคำนวณค่า T_a ที่คุณสามารถแก้ไขเพิ่มเติมโดยเปลี่ยนเอนไซม์และความเร็วปฏิกิริยา

เครื่องคำนวณ T_a สร้างอุณหภูมิ Annealingสำหรับความเร็วมาตรฐานกับ iTaq DNA polymerase เมื่อใช้เอนไซม์อื่น การตั้งค่าความเร็วจะปรับ T_aโดยอัตโนมัติ

5 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากคุณเปิดเครื่องคำนวณ T_a จาก Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) คลิก OK (ตกลง) คุณจะกลับไปที่ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) อุณหภูมิ Annealingจะได้รับการแก้ไขโดยอัตโนมัติ
- หากคุณเปิดเครื่องคำนวณ T_a จากเมนู Tools (เครื่องมือ) บันทึกการคำนวณ และคลิก Cancel (ยกเลิก) เพื่อปิดเครื่องคำนวณ

บทที่ 8 การเตรียมเพลต

ไฟล์เพลตจะมีข้อมูลเกี่ยวกับพารามิเตอร์การทำงาน เช่น โหมดสแกน สารเรืองแสง และสารในหลุม หลังทดสอบเสร็จสิ้นแล้ว ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition จะเชื่อมโยงสารในหลุมกับข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บรวบรวมระหว่างการทดสอบ และจะนำการวิเคราะห์ที่เหมาะสมในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ไปใช้ ตัวอย่างเช่น หลุมที่มีประเภทตัวอย่างมาตรฐานที่ใช้ในการสร้างกราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

CFX Maestro Dx SE มีสองตัวเลือกสำหรับการสร้างเพลต Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) สำหรับการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์และ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) สำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน

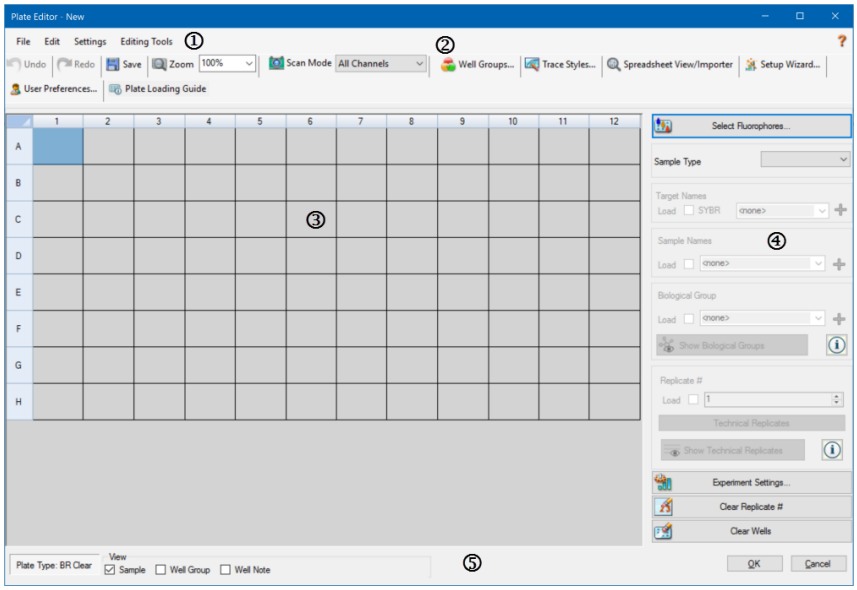
Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) มีคุณลักษณะต่อไปนี้

- สารเรืองแสงมาตรฐานและประเภทตัวอย่างสำหรับกำหนดให้กับหลุมเพลต
- ความสามารถในการตั้งค่าเป้าหมายอ้างอิงและตัวอย่างควบคุมสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน
- ความสามารถในการแก้ไขการตั้งค่าเพลตก่อน ระหว่าง หรือหลังจากการทดสอบ
- ความสามารถในการบันทึกไฟล์เพลตสำหรับการใช้ซ้ำ
- ความสามารถในการพิมพ์ไฟล์เพลตที่เครื่องพิมพ์เริ่มต้น

Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) จะช่วยคุณสร้างโครงร่างเพลตสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ก่อน ระหว่าง หรือหลังทำการทดสอบได้

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

คุณใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ในการสร้างเพลตแบบกำหนดเองหรือแก้ไขเพลตที่มีอยู่



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	แถบเมนูจะช่วยให้สามารถเข้าถึงไฟล์และคำสั่งเมนูการตั้งค่า รวมทั้งตัวเลือกเครื่องมือแก้ไขเพลตได้อย่างรวดเร็ว
2	แถบเครื่องมือจะช่วยให้สามารถเข้าถึงฟังก์ชันการโหลดเพลตที่สำคัญได้อย่างรวดเร็ว
3	บานหน้าต่างหลักจะแสดงโครงร่างเพลตและตัวเลือกเพลตตามที่คุณใช้
4	บานหน้าต่างด้านขวาแสดงตัวเลือกที่คุณใช้ในการกำหนดเพลตของคุณด้วยตัวเอง
5	บานหน้าต่างด้านล่างแสดงประเภทของเพลตและช่วยให้สามารถเข้าถึงตัวเลือกการดูอย่างรวดเร็ว

คำสั่งเมนูไฟล์

Save (บันทึก) — บันทึกไฟล์ข้อมูลเพลตในตำแหน่งที่ระบุไว้ในแท็บ File (ไฟล์) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดูการเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 83 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม รายการเมนูนี้จะสามารถใช้งานได้เมื่อสร้างไฟล์เพลตใหม่เท่านั้น

Save As (บันทึกเป็น) — บันทึกไฟล์ข้อมูลเพลตที่เปิดอยู่ในชื่อใหม่ที่คุณกำหนดให้ รายการเมนูนี้จะสามารถใช้งานได้เมื่อสร้างไฟล์เพลตใหม่เท่านั้น

File Passwords (รหัสผ่านของไฟล์) — ช่วยให้ผู้ใช้สามารถตั้งค่ารหัสผ่านสำหรับการบันทึกไฟล์และรหัสผ่านสำหรับเปิดไฟล์ได้

Extract Plate (แยกเพลต) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถแยก/บันทึกไฟล์เพลต (.pltd) ได้ รายการเมนูนี้จะสามารถใช้งานได้เมื่อดูหรือแก้ไขไฟล์เพลตที่มีอยู่เดิมเท่านั้น

Print (พิมพ์) — พิมพ์ไฟล์ข้อมูลเพลตที่เปิดอยู่

Close (ปิด) — ปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

คำสั่งเมนูการแก้ไข

Undo (เลิกทำ) — ยกเลิกการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นกับไฟล์เพลตก่อนหน้าที่จะถูกบันทึกการเปลี่ยนแปลง

Redo (ทำซ้ำ) — ย้อนการเลิกทำล่าสุด นอกเสียจากว่าไฟล์เพลตจะถูกบันทึกการเปลี่ยนแปลงแล้ว

คำสั่งเมนูการตั้งค่า

Plate Size (ขนาดของเพลต) — จะเปิดกล่องโต้ตอบซึ่งคุณสามารถเลือกขนาดของเพลตสำหรับการทดสอบ

หมายเหตุ: ขนาดของเพลตจะต้องเท่ากับขนาดของบล็อกบนเครื่องมือที่ทำการทดสอบ

เลือกแบบ 96 หลุมสำหรับ:

- CFX Opus 96 Dx
- CFX Opus Deepwell Dx

เลือกแบบ 384 หลุมสำหรับ:

- CFX Opus 384Dx

Plate Type (ประเภทของเพลต) — ช่วยให้คุณสามารถเลือกประเภทของหลุมในเพลตที่จะใส่ตัวอย่างของคุณว่าจะเป็นแบบ BR White หรือ BR Clear เพื่อการวิเคราะห์ข้อมูลที่แม่นยำ ประเภทของเพลตที่เลือกจะต้องเหมือนกับประเภทของเพลตที่ใช้ในการทดสอบ

หมายเหตุ: คุณจะต้องปรับเทียบค่าประเภทเพลตใหม่ โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่ การสอบเทียบสารย้อมสีใหม่ ในหน้า 75

Number Convention (การแสดงตัวเลข) — ช่วยให้คุณสามารถเลือกหรือยกเลิกการเลือกตัวเลือกเพื่อแสดงหน่วยในสัญกรณ์ทางวิทยาศาสตร์ ค่าเริ่มต้นคือการแสดงหน่วยในสัญกรณ์ทางวิทยาศาสตร์

Units (หน่วย) — ช่วยให้คุณสามารถเลือกหน่วยที่จะแสดงในสเปรดชีตเมื่อดำเนินการนับจำนวนของเส้นโค้งที่ไม่รู้จักและเส้นโค้งมาตรฐาน

คำสั่งเมนูเครื่องมือการแก้ไข

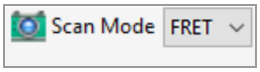
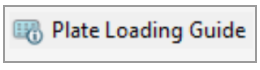
Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) เปิด Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ซึ่งคุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์โครงร่างและการวิเคราะห์สำหรับเพลตปัจจุบันได้ คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า)

ก่อน ระหว่าง หรือหลังทำการทดสอบเสร็จสิ้นได้

Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าสเปรดชีต) เปิดกล่องโต้ตอบ View (มุมมอง) ซึ่งจะแสดงเค้าโครงเพลตเป็นเทมเพลตในรูปแบบสเปรดชีต คุณสามารถใช้กล่องโต้ตอบนี้เพื่อส่งออกหรือนำเข้าข้อมูลเทมเพลตของเพลตในรูปแบบ .csv

Flip Plate (พลิกเพลต) พลิกสารในเพลต 180°

คำสั่งแถบเครื่องมือ

	ย้อนกลับการเปลี่ยนแปลงของเพลต CFX Maestro Dx SE รองรับการเลิกทำได้ถึงสิบครั้ง
	ย้อนกลับการเลิกทำล่าสุด CFX Maestro Dx SE รองรับการทำซ้ำได้ถึงสิบครั้ง
	บันทึกไฟล์เพลตนี้
	แสดงรายการเลื่อนลงที่ซึ่งคุณสามารถเพิ่มหรือลดการขยายมุมมองเพลตได้
	แสดงรายการเลื่อนลงที่ซึ่งคุณสามารถเลือกโหมดสแกน ที่ควบคุมเครื่องมือจากช่องทางใด ๆ เพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลของสารเรืองแสงระหว่างการทดลอง
	เปิด Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) ที่คุณสามารถใช้งานเพื่อสร้างกลุ่มหลุมให้กับเพลตปัจจุบันที่ใช้งาน
	แสดงกล่องโต้ตอบที่ซึ่งคุณสามารถเลือกสีและสัญลักษณ์สำหรับการติดตามการเพิ่มปริมาณ
	เปิดกล่องโต้ตอบ View (มุมมอง) ซึ่งจะแสดงเค้าโครงเพลตเป็นเทมเพลตในรูปแบบแผ่นงาน คุณสามารถใช้กล่องโต้ตอบนี้เพื่อส่งออกหรือนำเข้าข้อมูลเทมเพลตของเพลตในรูปแบบ .csv
	เปิด Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ที่ซึ่งคุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์โครงร่างและการวิเคราะห์สำหรับเพลตปัจจุบันได้ คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ก่อน ระหว่าง หรือหลังทำการทดสอบได้
	เปิดแท็บ Plate (เพลต) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ที่ซึ่งคุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์เค้าโครงเพลตและสร้างหรือลบเป้าหมายตัวอย่าง และชื่อของกลุ่มชีวภาพได้ การเปลี่ยนแปลงที่คุณกระทำในแท็บ Plate (เพลต) จะยังพร้อมใช้งานในครั้งถัดไปที่คุณเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
	แสดงขั้นตอนที่จำเป็นสำหรับการตั้งค่าเพลตและการโหลดหลุม

การสร้างไฟล์เพลตโดยใช้ตัวแก้ไขเพลต

Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ช่วยให้คุณสามารถสร้างไฟล์เพลตที่กำหนดเองได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้หรือไฟล์เพลตตัวอย่างที่จัดส่งมาพร้อมกับ CFX Opus Dx system ได้

หากต้องการสร้างไฟล์เพลตใหม่ ให้ทำดังต่อไปนี้

- เปิดไฟล์เพลตใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
- เลือกประเภทของเพลต

  หมายเหตุ: ประเภทของเพลตสำหรับไฟล์เพลตจะต้องเป็นประเภทเดียวกับเพลตในโมดูลปฏิกิริยา
- เลือกโหมดสแกนที่จะใช้ในโปรโตคอล
- เลือกสารเรืองแสงที่จะใช้ในเพลต
- เลือกประเภทตัวอย่าง เป้าหมาย และสารตัวอย่าง
- เลือกการทำซ้ำทางเทคนิค หากเหมาะสม
- บันทึกเค้าโครงเพลต

เคล็ดลับ: หากต้องการสร้างเพลตใหม่จากไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้หรือไฟล์เพลตตัวอย่าง โปรดดูการเปิดไฟล์เพลตที่มีอยู่ในตัวแก้ไขเพลต ในหน้า 127

การเปิดไฟล์เพลตใหม่ในตัวแก้ไขเพลต

CFX Maestro Dx SE ให้ตัวเลือกที่หลากหลายในการเปิดไฟล์เพลตใหม่ดังนี้

- จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- จากกล่องโต้ตอบ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- จากกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

หากต้องการเปิดไฟล์เพลตใหม่จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

▶ เลือก File (ไฟล์) > New (ใหม่) > Plate (เพลต)

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะเปิดและแสดงไฟล์เพลตเริ่มต้นสำหรับเครื่องมือที่เลือก

เคล็ดลับ: สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการตั้งค่าไฟล์เพลตเริ่มต้นของคุณ โปรดดูการเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 83

หากต้องการเปิดไฟล์เพลตใหม่จาก Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้เพื่อเปิด Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) หากไม่ได้อยู่ในมุมมอง

- เลือก View (มุมมอง) > Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- คลิก Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) บนแถบเครื่องมือ

2 หากจำเป็น ให้เลือกประเภทเครื่องมือจากรายการแบบเลื่อนลง

3 หากต้องการสร้างเพลตใหม่ ให้คลิก User-defined (กำหนดโดยผู้ใช้) เป็นประเภทการทดสอบ

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะแสดงขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล)

4 คลิกที่แท็บ Plate (เพลต) และคลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะเปิดและแสดงรูปแบบเพลตเริ่มต้นสำหรับเครื่องมือที่เลือก

หากต้องการเปิดไฟล์เพลตใหม่จากกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

- เลือก Run (การทดสอบ) > User-defined Run (การทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด)
- คลิก User-defined Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด) บนแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล)

2 หากต้องการสร้างเพลตใหม่ คลิกที่แท็บ Plate (เพลต) และคลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะเปิดและแสดงรูปแบบเพลตเริ่มต้นสำหรับเครื่องมือที่เลือก

การเปิดไฟล์เพลตที่มีอยู่ในตัวแก้ไขเพลต

CFX Maestro Dx SE มีตัวอย่างไฟล์เพลตที่คุณสามารถแก้ไขและบันทึกเป็นเพลตใหม่ได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถสร้างไฟล์เพลตใหม่จากไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้ได้

วิธีเปิดไฟล์เพลตตัวอย่าง

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Plate (เพลต)

Windows Explorer จะเปิดไปที่ตำแหน่งของโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่างใน CFX Opus Dx system

2 เปิดโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่างแล้วเปิดโฟลเดอร์ Plates (เพลต)

3 เลือกไฟล์เพลตแล้วคลิก Open (เปิด)

ไฟล์เพลตตัวอย่างจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

4 เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) และบันทึกไฟล์เพลตเป็นชื่อใหม่หรือในโฟลเดอร์ใหม่

วิธีเปิดไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Plate (เพลต) ค้นหาและเลือกเพลตเป้าหมาย แล้วคลิก Open (เปิด)
- เปิดตัวช่วยสร้างการเริ่มต้นและทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้
  - หากต้องการแก้ไขไฟล์เพลตที่มีอยู่ ให้คลิก Select Existing (เลือกที่มีอยู่)
  - หากต้องการแก้ไขไฟล์เพลตที่แสดง ให้คลิก Edit Selected (แก้ไขที่เลือก)

  เพลตเป้าหมายจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

2 เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) และบันทึกไฟล์เพลตเป็นชื่อใหม่หรือในโฟลเดอร์ใหม่

การตั้งค่าไฟล์เพลตใหม่

เคล็ดลับ: หากไฟล์เพลตของคุณมีพารามิเตอร์ที่จำเป็น (ตัวอย่างเช่น หากคุณกำลังแก้ไขตัวอย่างหรือไฟล์เพลตที่มีอยู่) คุณสามารถข้ามส่วนนี้ได้ ดำเนินการต่อที่การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต ในหน้า 135

ไฟล์เพลตใหม่ต้องใช้พารามิเตอร์ต่อไปนี้

- Plate Size (ขนาดของเพลต)
- Plate Type (ประเภทของเพลต)
- Scan Mode (โหมดสแกน)
- One Fluorophore (สารเรืองแสงหนึ่งชนิด) (สารย้อมสี)
- One sample type (ประเภทตัวอย่างหนึ่งประเภท)

การเลือกขนาดและประเภทของเพลต

สำคัญ: คุณต้องเลือกขนาดเพลตระหว่างตั้งค่าเพลต คุณไม่สามารถเปลี่ยนขนาดเพลตระหว่างหรือหลังจากการทดสอบได้

ซอฟต์แวร์จะใช้ขนาดและประเภทเพลตกับทุกหลุมระหว่างการทดสอบ ตรวจสอบว่าขนาดเพลตที่เลือกเท่ากับเพลตที่คุณจะใช้ในการทดสอบ

CFX Opus Dx System ของ Bio-Rad ผ่านการสอบเทียบการใช้งานสารย้อมสีเรืองแสงร่วมกับเพลตจำนวนมากจากโรงงาน การสอบเทียบจะดำเนินการเฉพาะเจาะจงกับประเภทเครื่องมือ สารย้อมสี และเพลต ตรวจสอบว่าสารเรืองแสงที่คุณวางแผนจะใช้ได้รับการปรับเทียบกับประเภทเพลตที่คุณเลือก

เคล็ดลับ: หากต้องการปรับเทียบการใช้งานร่วมกันของประเภทสารย้อมสีและเพลตใหม่บนเครื่องมือ ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Dye Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบสารย้อมสี) ดูข้อมูลเกี่ยวกับการปรับเทียบประเภทสารย้อมสีและเพลตที่การสอบเทียบสารย้อมสีใหม่ ในหน้า 75

การเลือกโหมดสแกน

CFX Opus 96 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx จะกระตุ้นและตรวจจับสารเรืองแสงในห้าช่อง (รวมถึง FRET) CFX Opus 384 Dx System จะกระตุ้นและตรวจจับสารเรืองแสงในสี่ช่อง (รวมถึง FRET) ระบบทั้งหมดใช้โหมดสแกนหลายโหมดในการเก็บรวบรวมข้อมูลสารเรืองแสงระหว่างการทดสอบ

CFX Maestro Dx SE มีโหมดสแกนสามโหมดดังนี้:

- ทุกช่อง
  - สแกนช่อง 1 ถึง 5 บนเครื่อง CFX Opus 96 Dx และ CFX Opus Deepwell Dx
  - สแกนช่อง 1 ถึง 4 บนเครื่อง CFX Opus 384 Dx system

- SYBR®/FAM
  - สแกนช่อง 1 เท่านั้น
  - สแกนได้อย่างรวดเร็ว
- FRET
  - สแกนเฉพาะช่อง FRET เท่านั้น
  - สแกนได้อย่างรวดเร็ว

การเลือกสารเรืองแสง

สำคัญ: ก่อนเริ่มต้นการทดสอบ CFX System จะตรวจสอบว่าสารเรืองแสงที่คุณระบุในเพลตได้รับการสอบเทียบบนเครื่องมือนั้นแล้ว คุณไม่สามารถดำเนินการเพลตได้หากมีสารเรืองแสงที่ยังไม่ได้สอบเทียบบนเครื่องมือนั้น

คุณต้องโหลดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งรายการไปยังเค้าโครงเพลตก่อนทำการทดสอบ คุณสามารถเพิ่มสารเรืองแสงได้มากเท่าที่จำเป็นในเวลานี้ แต่เพลตต้องมีสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชุด สารเรืองแสงที่เลือกจะปรากฏเป็นตัวเลือกสำหรับเป้าหมายในชื่อเป้าหมาย

คุณใช้กล่องโต้ตอบ Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง) ในการโหลดสารเรืองแสง (หรือสารย้อมสีเพลต) ลงในชุดควบคุมการโหลดหลุมของ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) สารเรืองแสงที่ปรากฏในกล่องโต้ตอบ Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง) ขึ้นอยู่กับโหมดสแกนที่คุณเลือกดังนี้

- ทุกช่อง

  สารเรืองแสงที่มีทั้งหมดจะปรากฏ

  เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มสารเรืองแสงได้มากตามที่จำเป็น แต่คุณสามารถโหลดสารเรืองแสงได้เพียงหนึ่งชุดต่อช่องในแต่ละหลุม

- SYBR®/FAM

  เฉพาะสารเรืองแสงช่อง 1 ที่ปรากฏ

- FRET

  เฉพาะสารเรืองแสงช่อง 6 ที่ปรากฏ

  เคล็ดลับ: สารเรืองแสง FRET ช่อง 6 จะปรากฏเมื่อโหมดการสแกนที่เลือกเป็น FRET เท่านั้น ไม่สามารถใช้ได้สำหรับโหมดการสแกนทุกช่อง

หมายเหตุ: คุณไม่สามารถเพิ่มสารเรืองแสงโดยตรงหรือนำออกจากกล่องโต้ตอบ Select Fluorophore (เลือกสารเรืองแสง) คุณต้องปรับเทียบสารเรืองแสงใหม่บนเครื่องมือโดยใช้ Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบ) หลังจากการปรับเทียบ สารเรืองแสงใหม่จะถูกเพิ่มไปยังรายการนี้โดยอัตโนมัติ สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม โปรดดูการสอบเทียบสารย้อมสีใหม่ ในหน้า 75

การเลือกประเภทตัวอย่าง

สำคัญ: คุณต้องเลือกประเภทตัวอย่างอย่างน้อยหนึ่งประเภทเพื่อกำหนดหลุมของเพลตก่อนการทดสอบ

CFX Maestro Dx SE มีตัวอย่างห้าประเภทดังนี้

- Unknown (ไม่ทราบ)
- Standard (มาตรฐาน)
- NTC (no template control) (การควบคุมไม่มีเทมเพลต)
- Positive Control (การควบคุมค่าบวก)
- Negative Control (การควบคุมค่าลบ)
- NRT (no reverse transcriptase) (การควบคุมการควบคุมไม่มีรีเวิร์สแทรนสคริปเทส)

คุณกำหนดประเภทตัวอย่างสำหรับหลุมของเพลต

การตั้งค่าเพลตใหม่

วิธีการตั้งค่าเพลตใหม่

1 เปิดเพลตใหม่ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

2 หากต้องการตั้งค่าขนาดเพลต ให้เลือก Settings (การตั้งค่า) > Plate Size (ขนาดของเพลต) และเลือกขนาดเพลตที่เหมาะสมจากเมนูแบบเลื่อนลง

3 หากต้องการตั้งค่าประเภทเพลต ให้เลือก Settings (การตั้งค่า) > Plate Type (ประเภทของเพลต) และเลือกระหว่าง BR White หรือ BR Clear จากเมนูแบบเลื่อนลง

4 หรืออีกทางเลือกหนึ่ง จากเมนู Settings (การตั้งค่า) คุณสามารถเปลี่ยนรูปแบบตัวเลขและหน่วยแสดงผลได้

   - หากต้องการเปลี่ยนรูปแบบตัวเลข ให้เลือก Settings (การตั้งค่า) > Number Convention (รูปแบบตัวเลข) และเลือก Scientific Notation (สัญกรณ์วิทยาศาสตร์)

     เคล็ดลับ: สัญกรณ์วิทยาศาสตร์จะถูกเลือกไว้เป็นค่าเริ่มต้น ในกรณีนี้ การเลือก Scientific Notation (สัญกรณ์วิทยาศาสตร์) จะเป็นการเคลียร์ค่าเริ่มต้นและกำหนดรูปแบบตัวเลขเป็นรูปแบบมาตรฐาน

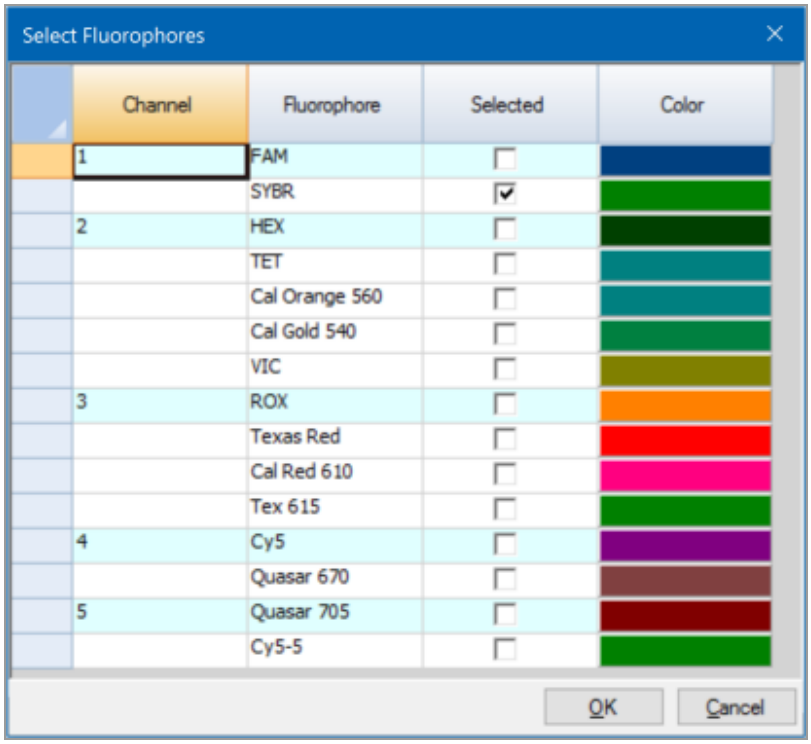
   - หากต้องการเปลี่ยนหน่วยแสดงผล ให้เลือก Settings (การตั้งค่า) > Units (หน่วย) และเลือกค่าหน่วยใหม่

5 หากต้องการตั้งค่าโหมดสแกน ให้เลือกโหมดสแกนที่เหมาะสมจากรายการแบบเลื่อนลงของ Scan Mode (โหมดสแกน) ในแถบเครื่องมือหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

6 เลือกสารเรืองแสงที่จำเป็นสำหรับเพลต

a ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้คลิก Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง)

กล่องโต้ตอบ Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง) จะปรากฏขึ้น คุณจะเห็นสารเรืองแสงที่พร้อมใช้งานสำหรับประเภทของโหมดสแกนที่คุณเลือกไว้ในขั้นตอน 5 ดังตัวอย่าง



b หากต้องการเลือกสารเรืองแสง ให้คลิกที่ช่องทำเครื่องหมาย Selected (ที่เลือก)

เคล็ดลับ: หากต้องการนำสารเรืองแสงออกจากรายการ ให้เคลียร์ช่องทำเครื่องหมาย Selected (ที่เลือก)

c หากต้องการเปลี่ยนสีของสารเรืองแสง คลิกที่กล่อง Color (สี)

หมายเหตุ: สีที่คุณเลือกเป็นตัวแทนของสารเรืองแสงทั้งในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) และแผนภูมิ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

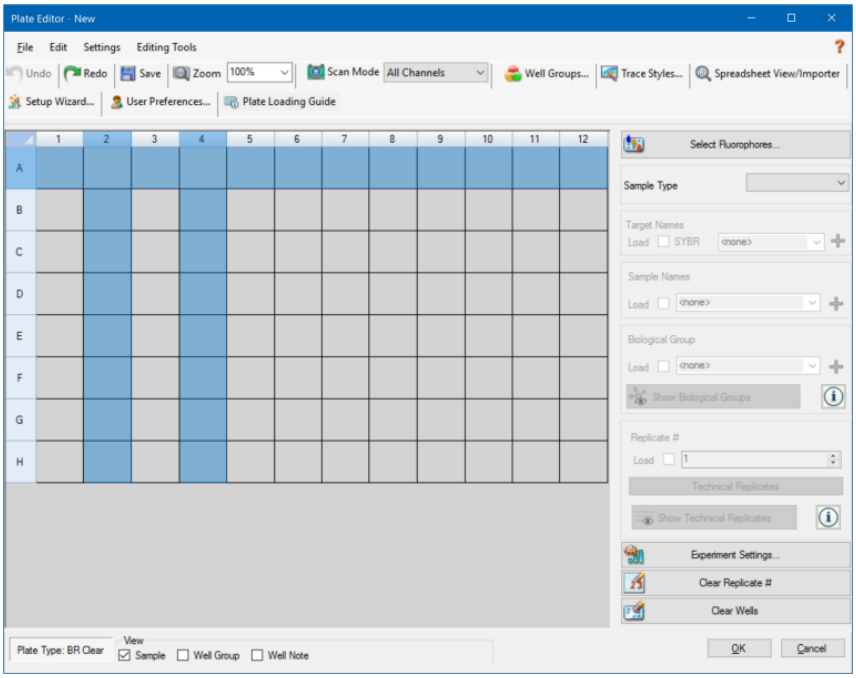
d ในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ให้เลือกสีที่คุณต้องการหรือคลิก Define Custom Colors (กำหนดสีที่กำหนดเอง) และสร้างสีใหม่เพื่อเป็นตัวแทนของสารเรืองแสง

e คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและออกจากกล่องโต้ตอบ Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง)

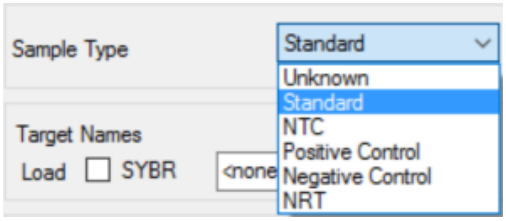
7 คุณต้องเลือกหลุมอย่างน้อยหนึ่งหลุมที่จะโหลดประเภทตัวอย่าง โดยค่าเริ่มต้น หลุม A1 จะถูกเลือกไว้ในบานหน้าต่างเพลต ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการโหลดหลุมหลายหลุมที่อยู่ติดกัน ให้คลิกที่หลุมและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการโหลดหลุมหลายหลุมที่ไม่ได้อยู่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control และคลิกที่แต่ละหลุม
- หากต้องการโหลดทั้งคอลัมน์ที่มีตัวอย่างประเภทเดียวกัน ให้คลิกที่หมายเลขคอลัมน์
- หากต้องการโหลดทั้งแถว ให้คลิกที่หมายเลขแถว
- หากต้องการโหลดทั้งเพลต ให้คลิกที่มุมบนซ้ายของเพลต

ตัวอย่างเช่น



8 กำหนดประเภทตัวอย่างให้กับหลุมที่เลือกหรือหลุมจากเมนูแบบเลื่อนลง Sample Type (ประเภทตัวอย่าง)

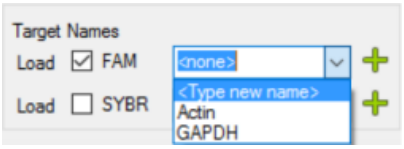


9 กำหนดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิดให้กับหลุมทั้งหมดที่มีประเภทตัวอย่าง คุณสามารถกำหนดสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

หมายเหตุ: คุณสามารถกำหนดสารเรืองแสงเพียงหนึ่งชนิดต่อหนึ่งช่องเท่านั้น คุณไม่สามารถกำหนดสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดจากช่องเดียวกันให้กับหลุมเดียวกันได้

เคล็ดลับ: คุณสามารถเชื่อมโยงเป้าหมายกับสารเรืองแสง หรือคุณสามารถกำหนดสารเรืองแสงให้กับหลุมได้ในเวลานี้และเชื่อมโยงเป้าหมายกับสารเรืองแสงหลังจากที่คุณทำการทดสอบเท่านั้น

- หากต้องการกำหนดเฉพาะสารเรืองแสงให้กับหลุมที่เลือก ในหัวข้อ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้เลือกช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด) สำหรับสารเรืองแสงที่ระบุ
- หากต้องการเชื่อมโยงเป้าหมายกับสารเรืองแสง ในหัวข้อ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ให้เลือกชื่อเป้าหมายจากรายการเลื่อนลงสำหรับสารเรืองแสงที่ระบุ ซอฟต์แวร์จะเลือกช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด) ของสารเรืองแสงนั้นโดยอัตโนมัติ



10 สำหรับหลุมที่มีตัวอย่างประเภทมาตรฐาน คุณต้องโหลดความเข้มข้น หลุมแต่ละหลุมสามารถมีค่าความเข้มข้นที่แตกต่างกันได้ โดยค่าเริ่มต้น CFX Maestro Dx SE โหลดความเข้มข้น 1.00E + 06 ลงในหลุมทั้งหมดที่มีประเภทตัวอย่างมาตรฐาน คุณสามารถเปลี่ยนค่าได้หากจำเป็น

a ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุมมาตรฐาน

b ในหัวข้อ Concentration (ความเข้มข้น) ให้คลิก Load (โหลด) เพื่อโหลดค่าไปยังหลุมที่เลือก

c (ไม่บังคับ) หากต้องการโหลดระดับความเข้มข้นอื่น ให้พิมพ์ค่าใหม่ในกล่องข้อความ Concentration (ความเข้มข้น) และกด Enter

d ทำขั้นตอนนี้สำหรับหลุมทั้งหมดที่มีตัวอย่างประเภทมาตรฐาน

เคล็ดลับ: ในการโหลดความเข้มข้นเดียวกันลงในหลุมมาตรฐานทั้งหมด รายการ <All> (ทั้งหมด) จะต้องปรากฏอยู่ในรายการแบบเลื่อนลงด้านล่าง Concentration Value (ค่าความเข้มข้น) หากต้องการโหลดค่าความเข้มข้นเดียวกันลงในหลุมทั้งหมดที่มีสารเรืองแสงที่ระบุ ให้คลิกรายการแบบเลื่อนลงและเลือกสารเรืองแสง

11 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกเพลตใหม่

รายการเมนูคลิกขวาสำหรับเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

ตาราง 9 แสดงรายการเมนูที่มีในเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) หากคุณคลิกขวาบนหลุมใดก็ตามในเครื่องมือ เมนูนี้จะปรากฏใน Spreadsheet View/Importer (ดู/นำเข้าสเปรดชีต) เช่นกัน

ตาราง 9 รายการเมนูคลิกขวาในเครื่องมือดู/นำเข้าสเปรดชีตของเพลต

รายการ	ฟังก์ชัน
Copy (คัดลอก)	คัดลอกสเปรดชีตทั้งหมด
Copy as Image (คัดลอกเป็นภาพ)	คัดลอกสเปรดชีตเป็นไฟล์ภาพ
Print (พิมพ์)	พิมพ์แผ่นงาน
Print Selection (พิมพ์การเลือก)	พิมพ์เฉพาะเซลล์ที่เลือก
Export to Excel (ส่งออกไปยัง Excel)	ส่งออกไฟล์ไปยังแผ่นงาน Excel
Export to CSV (ส่งออกไปยัง CSV)	ส่งออกไฟล์เป็นไฟล์ .csv
Export to Xml (ส่งออกไปยัง Xml)	ส่งออกเป็นไฟล์ .xml
Export to Html (ส่งออกไปยัง Html)	ส่งออกไฟล์เป็นไฟล์ .html
Find (ค้นหา)	ค้นหาข้อความที่ระบุ
Sort (จัดเรียง)	จัดเรียงแผ่นงานโดยการเลือกไม่เกินสามคอลัมน์ข้อมูลในหน้าต่าง Sort (จัดเรียง)

การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต

ไฟล์เพลตจะมีข้อมูลเกี่ยวกับสารในแต่ละหลุมที่โหลดไว้พร้อมตัวอย่างเพื่อการทดสอบ หลังทดสอบเสร็จสิ้น CFX Maestro Dx SE จะเชื่อมโยงสารในหลุมกับข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บรวบรวมระหว่างโปรโตคอล และจะนำการวิเคราะห์ที่เหมาะสมในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ไปใช้

ใน CFX Maestro Dx SE คุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์ให้แต่ละหลุมในเพลตของคุณก่อน ระหว่าง หรือแม้แต่หลังดำเนินการทดลองได้ คุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์ให้ไฟล์เพลตที่มีอยู่หรือไฟล์เพลตใหม่ก็ได้ พารามิเตอร์เหล่านี้มีดังนี้

- **Target names (ชื่อเป้าหมาย)** — เป้าหมายหรือเป้าหมายที่สนใจ (ยีนหรือลำดับพันธุกรรม) ในแต่ละหลุมที่โหลด
- **Sample names (ชื่อตัวอย่าง)** — ตัวระบุหรือสภาวะที่สอดคล้องกับตัวอย่างในแต่ละหลุมที่โหลด เช่น mouse1, mouse2 หรือ mouse3
- **Biological groups (กลุ่มชีวภาพ)** — ตัวระบุหรือสภาวะที่สอดคล้องกับกลุ่มของหลุม เช่น 0Hr, 1Hr หรือ 2Hr

  เคล็ดลับ: ชื่อเป้าหมาย ชื่อตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพต้องเป็นชื่อเดียวกันในหลุมต่าง ๆ เพื่อเปรียบเทียบข้อมูลในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ของหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แต่ละชื่อต้องมีตัวพิมพ์เล็ก-ใหญ่ เครื่องหมายวรรคตอน และเว้นวรรคที่เหมือนกัน ตัวอย่างเช่น “Actin” ไม่เหมือนกับ “actin”, “2Hr” ไม่เหมือนกับ “2 hr” และ “Mouse 1” ไม่เหมือนกับ “mouse1” เพื่อให้แน่ใจว่าการตั้งชื่อสอดคล้องกัน ให้ป้อนชื่อในส่วน Libraries (ไลบรารี) ใน User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) > Plate (เพลต) ที่มีอยู่ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- **Technical replicates (การทำซ้ำทางเทคนิค)** — แต่ละหลุมที่ใช้เพื่อวิเคราะห์คู่ตัวอย่างและเป้าหมายเดียวกัน กล่าวคือปฏิกิริยา qPCR ทำซ้ำ
- **Dilution series (ชุดเจือจาง)** — ปริมาณที่จะเปลี่ยนแปลงความเข้มข้นของชนิดตัวอย่างมาตรฐานภายในกลุ่มทำซ้ำเพื่อสร้างข้อมูลเส้นโค้งมาตรฐานในการวิเคราะห์

การกำหนดเป้าหมายให้หลุม

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชื่อเป้าหมายเดียวกันให้กับหลุมเดียวหรือหลาย ๆ หลุมได้ คุณยังสามารถกำหนดหลาย ๆ เป้าหมายให้กับหลุมเดียวกันได้ด้วย

สำคัญ: หากคลิก OK (ตกลง) หลังกำหนดเป้าหมาย จะเป็นการบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดใช้งาน Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิก OK (ตกลง)

วิธีกำหนดเป้าหมายให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

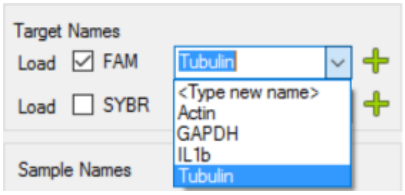
1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบว่ามีการกำหนดชนิดตัวอย่างให้กับหลุมหรือกลุ่มของหลุม

โปรดดูการเลือกประเภทตัวอย่าง ในหน้า 130 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการกำหนดชนิดตัวอย่างให้กับหลุม

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุม:

- ในการเลือกหลุมเดียว ให้คลิกที่หลุมนั้น
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หลุมหนึ่งและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control และคลิกที่แต่ละหลุม
- หากต้องการเลือกทั้งคอลัมน์ที่มีประเภทตัวอย่างเดียวกัน ให้คลิกที่หมายเลขคอลัมน์
- หากต้องการเลือกทั้งแถว ให้คลิกที่หมายเลขแถว

3 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้เลือกชื่อจากรายการ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) แบบเลื่อนลงสำหรับสารเรืองแสงที่เลือกแต่ละรายการ



4 ทำขั้นตอน 3 ซ้ำสำหรับแต่ละหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่คุณต้องกำหนดเป้าหมายให้

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชื่อเป้าหมายเดียวกันหรือต่างกันให้กับสารเรืองแสงที่เลือกแต่ละรายการได้

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

หมายเหตุ: หากคุณเปลี่ยนเพลตผิดพลาด ให้คลิก Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ก่อนที่จะคลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลง

วิธีลบชื่อเป้าหมาย

▶ ในการลบชื่อเป้าหมายออกจากหลุมหรือกลุ่มหลุมที่เลือก ให้ล้างช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด)

สำคัญ: หากลบชื่อเป้าหมายออกจากหลุม สารเรืองแสงที่เกี่ยวข้องกันก็จะถูกลบออกด้วย โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อลบชื่อเป้าหมายออกจากหลุม

วิธีเพิ่มชื่อเป้าหมายในรายการ

▶ ในการเพิ่มชื่อเป้าหมายในรายการแบบเลื่อนลง ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- พิมพ์ชื่อในรายการ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) แบบเลื่อนลงแล้วกด Enter

  เคล็ดลับ: ชื่อเป้าหมายที่คุณเพิ่มในรายการหนึ่งจะปรากฏในรายการเป้าหมายอื่น ๆ ทั้งหมด
- คลิกสัญลักษณ์บวก + สีเขียวที่ด้านขวาของรายการแบบเลื่อนลง พิมพ์ชื่อเป้าหมายแล้วกด Enter
- คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ แล้วเพิ่มชื่อให้ไลบรารี Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ในแท็บ Plate (เพลต)

สำคัญ: ชื่อเป้าหมายที่คุณเพิ่มในรายการแบบเลื่อนลงจะใช้ได้กับเพลตปัจจุบันเท่านั้น และหากคุณกำหนดชื่อให้หลุมและบันทึกเค้าโครงเพลตเท่านั้น หากคุณไม่กำหนดชื่อให้หลุม แล้วบันทึกเค้าโครงของเพลต ชื่อจะไม่บันทึกและจะไม่สามารถใช้ได้ในอนาคต ในการเพิ่มชื่อเป้าหมายอย่างถาวร ให้เพิ่มชื่อในไลบรารี Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ด้วยโดยใช้กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ชื่อที่คุณเพิ่มในไลบรารีจะใช้ได้หลังจากคุณเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) อีกครั้ง โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น ในหน้า 86

วิธีลบชื่อเป้าหมายออกจากรายการ

1 คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Plate (เพลต)

2 ในไลบรารี Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ในแท็บ Plate (เพลต) ให้เลือกชื่อที่จะลบออกแล้วกดปุ่ม Delete (ลบ)

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและออกจากกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

สำคัญ: คุณไม่สามารถลบชื่อเป้าหมายที่คุณบันทึกไว้ด้วยไฟล์เพลตได้ ชื่อที่กำหนดเองที่คุณเพิ่มในรายการ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) แบบเลื่อนลงและที่คุณไม่ใช้และบันทึกไว้ด้วยไฟล์เพลตจะถูกลบออกจากรายการโดยอัตโนมัติ ชื่อที่คุณลบออกจาก Target Names Library (ไลบรารีชื่อเป้าหมาย) จะถูกลบออกจากซอฟต์แวร์อย่างถาวรและจะไม่สามารถใช้งานได้อีกต่อไป โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อลบชื่อเป้าหมาย

การกำหนดชื่อตัวอย่างให้หลุม

หมายเหตุ: ในการกำหนดชื่อตัวอย่าง คุณต้องกำหนดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิดให้หลุมที่เลือก หากไม่มีการกำหนดสารเรืองแสงให้กับหลุมที่เลือก รายการ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) แบบเลื่อนลงจะถูกปิดใช้งาน โปรดดูการกำหนดเป้าหมายให้หลุม ในหน้า 135 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการกำหนดสารเรืองแสง

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชื่อตัวอย่างเพียงหนึ่งชื่อให้กับแต่ละหลุมหรือกลุ่มหลุม

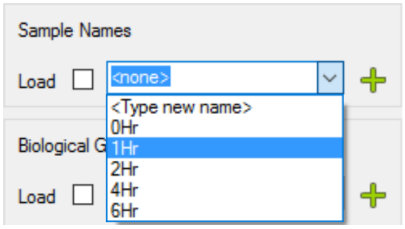
วิธีกำหนดชื่อตัวอย่างให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบว่ามีการกำหนดสารเรืองแสงให้หลุมหรือกลุ่มหลุมแล้ว

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุม

3 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้เลือกรายการ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) แบบเลื่อนลง

ซอฟต์แวร์จะเลือกช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด) ของสารเรืองแสงนั้นโดยอัตโนมัติ



4 ทำขั้นตอน 3 ซ้ำสำหรับแต่ละหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่คุณต้องกำหนดชื่อตัวอย่างให้

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

หมายเหตุ: หากคุณเปลี่ยนเพลตผิดพลาด ให้คลิก Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ก่อนที่จะคลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลง

วิธีลบชื่อตัวอย่าง

▶ ในการลบชื่อตัวอย่างออกจากหลุมหรือกลุ่มหลุมที่เลือก ให้ล้างช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด)

วิธีเพิ่มชื่อตัวอย่างในรายการ

▶ ในการเพิ่มชื่อตัวอย่างในรายการแบบเลื่อนลง ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- พิมพ์ชื่อในรายการ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) แบบเลื่อนลง แล้วกด Enter
- คลิกสัญลักษณ์บวก + สีเขียวที่ด้านขวาของรายการแบบเลื่อนลง แล้วพิมพ์ชื่อตัวอย่าง
- คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ แล้วเพิ่มชื่อให้ไลบรารี Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) ในแท็บ Plate (เพลต)

สำคัญ: ชื่อตัวอย่างที่คุณเพิ่มในรายการแบบเลื่อนลงจะใช้ได้กับเพลตปัจจุบันเท่านั้น และหากคุณกำหนดชื่อให้หลุมและบันทึกเค้าโครงเพลตเท่านั้น หากคุณไม่กำหนดชื่อให้หลุม แล้วบันทึกเค้าโครงของเพลต ชื่อจะไม่บันทึกและจะไม่สามารถใช้ได้ในอนาคต ในการเพิ่มชื่อตัวอย่างอย่างถาวร ให้เพิ่มชื่อในไลบรารี Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) ด้วยโดยใช้กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ชื่อที่คุณเพิ่มในไลบรารีจะใช้ได้หลังจากคุณเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) อีกครั้ง โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น ในหน้า 86

วิธีลบชื่อตัวอย่างออกจากรายการ

1 คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Plate (เพลต)

2 ในไลบรารี Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) ในแท็บ Plate (เพลต) ให้เลือกชื่อที่จะลบออกแล้วกดปุ่ม Delete (ลบ)

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและออกจากกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

สำคัญ: คุณไม่สามารถลบชื่อตัวอย่างที่คุณบันทึกไว้ด้วยไฟล์เพลตได้ ชื่อที่กำหนดเองที่คุณเพิ่มในรายการ Sample Group Names (ชื่อตัวอย่าง) แบบเลื่อนลงและที่คุณไม่ใช้และบันทึกไว้ด้วยไฟล์เพลตจะถูกลบออกจากรายการโดยอัตโนมัติ ชื่อที่คุณลบออกจาก Sample Names Library (ไลบรารีชื่อตัวอย่าง) จะลบออกจากซอฟต์แวร์อย่างถาวรและจะไม่สามารถใช้งานได้อีกต่อไป โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อลบชื่อตัวอย่าง

การกำหนดชุดกลุ่มชีวภาพให้หลุม

หมายเหตุ: ในการกำหนดชุดกลุ่มชีวภาพ คุณต้องกำหนดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิดให้หลุมที่เลือก การกำหนดสารเรืองแสงจะเปิดใช้งานรายการ Biological Groups (ชุดกลุ่มชีวภาพ) แบบเลื่อนลง โปรดดู การกำหนดเป้าหมายให้หลุม ในหน้า 135 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการกำหนดสารเรืองแสง

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชุดกลุ่มชีวภาพหนึ่งชุดให้กับแต่ละหลุมหรือกลุ่มหลุม

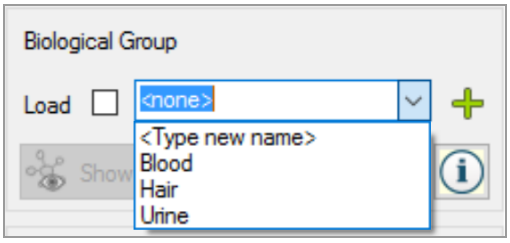
วิธีกำหนดชุดกลุ่มชีวภาพให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบว่ามีการกำหนดสารเรืองแสงให้หลุมหรือกลุ่มหลุมแล้ว

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุม

3 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้เลือกรายการแบบเลื่อนลงของ Biological Group (กลุ่มชีวภาพ)

CFX Maestro Dx SE จะเลือกช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด) ของสารเรืองแสงนั้นโดยอัตโนมัติ



4 ทำขั้นตอน 3 ซ้ำสำหรับแต่ละหลุมหรือกลุ่มหลุมที่คุณต้องกำหนดชุดกลุ่มชีวภาพให้

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

หมายเหตุ: หากคุณเปลี่ยนเพลตผิดพลาด ให้คลิก Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ก่อนที่จะคลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลง

วิธีลบชุดกลุ่มชีวภาพ

▶ ในการลบชุดกลุ่มชีวภาพออกจากหลุมหรือกลุ่มหลุมที่เลือก ให้ล้างช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด)

วิธีเพิ่มกลุ่มชีวภาพในรายการ

▶ ในการเพิ่มกลุ่มชีวภาพในรายการแบบเลื่อนลง ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- พิมพ์ชื่อลงในกล่อง Biological Group (ชุดชีวภาพ) แบบเลื่อนลง แล้วกด Enter

- คลิกสัญลักษณ์บวก + สีเขียวที่ด้านขวาของรายการแบบเลื่อนลง แล้วพิมพ์ชื่อของกลุ่มชีวภาพ
- คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ แล้วเพิ่มชื่อให้ไลบรารี Biological Group Names (ชื่อกลุ่มชีวภาพ) ในแท็บ Plate (เพลต)

สำคัญ: ชื่อชุดกลุ่มชีวภาพที่คุณเพิ่มในรายการแบบเลื่อนลงจะใช้ได้กับเพลตปัจจุบันเท่านั้น และเฉพาะเมื่อคุณกำหนดชื่อให้หลุมและบันทึกเค้าโครงเพลตเท่านั้น หากคุณไม่กำหนดชื่อให้หลุมแล้วบันทึกเค้าโครงของเพลต ชื่อจะไม่บันทึกและจะไม่สามารถใช้ได้ในอนาคต ในการเพิ่มชื่อกลุ่มชีวภาพอย่างถาวร ให้เพิ่มชื่อในไลบรารี Biological Group Names (ชื่อกลุ่มชีวภาพ) ด้วยโดยใช้กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ชื่อที่คุณเพิ่มในไลบรารีจะใช้ได้หลังจากคุณเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) อีกครั้ง โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น ในหน้า 86

วิธีลบชื่อกลุ่มชีวภาพออกจากรายการ

1 คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Plate (เพลต)

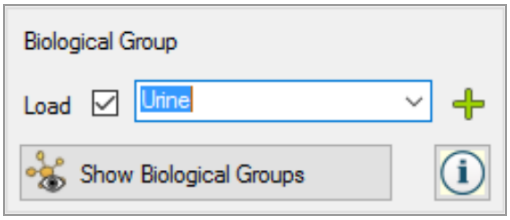
2 ในไลบรารี Biological Group Names (ชื่อกลุ่มชีวภาพ) ในแท็บ Plate (เพลต) ให้เลือกชื่อที่จะลบออกแล้วกดปุ่ม Delete (ลบ)

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและออกจากกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

สำคัญ: คุณไม่สามารถลบชื่อกลุ่มชีวภาพที่คุณบันทึกไว้ด้วยไฟล์เพลตได้ ชื่อที่กำหนดเองที่คุณเพิ่มในรายการ Biological Group Names (ชื่อกลุ่มชีวภาพ) แบบเลื่อนลงและที่คุณไม่ใช้และบันทึกไว้ด้วยไฟล์เพลตจะถูกลบออกจากรายการโดยอัตโนมัติ ชื่อที่คุณลบออกจาก Biological Group Names Library (ไลบรารีชื่อกลุ่มชีวภาพ) จะถูกลบออกจากซอฟต์แวร์อย่างถาวรและจะไม่สามารถใช้งานได้อีกต่อไป โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อลบชื่อชีวภาพ

วิธีดูชุดกลุ่มชีวภาพทั้งหมดในเพลต

▶ คลิก Show Biological Groups (แสดงชุดกลุ่มชีวภาพ) เพื่อดูกลุ่มชีวภาพทั้งหมดในเพลต



แต่ละกลุ่มจะได้รับการระบุด้วยสีเฉพาะ และปุ่ม Show Biological Groups (แสดงกลุ่มชีวภาพ) จะเปลี่ยนเป็น Hide Biological Groups (ซ่อนกลุ่มชีวภาพ)

คลิก Hide Biological Groups (ซ่อนกลุ่มชีวภาพ) เพื่อล้างสีในหลุม อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถคลิกที่หลุมใดก็ได้ในเพลตเพื่อซ่อนกลุ่มชีวภาพได้

การกำหนดหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิคให้หลุม

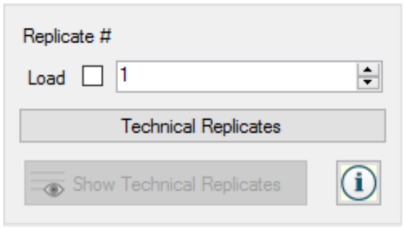
สำคัญ: ในการกำหนดหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิค หลุมที่เลือกจะต้องมีสารในหลุมที่เหมือนกัน กล่าวคือ หลุมที่เลือกต้องมีตัวอย่างและสารเรืองแสงชนิดเดียวกัน หากจำเป็น ให้กำหนดชื่อเป้าหมายและชื่อตัวอย่างเดียวกันและชุดกลุ่มชีวภาพเดียวกัน หากไม่เหมือนกัน CFX Maestro Dx SE จะไม่สามารถใช้ตัวเลือกนี้ได้

ในการกำหนดหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิคให้กับกลุ่มของหลุมหนึ่งกลุ่ม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบให้แน่ใจว่าสารของกลุ่มของหลุมเหมือนกันทั้งหมด

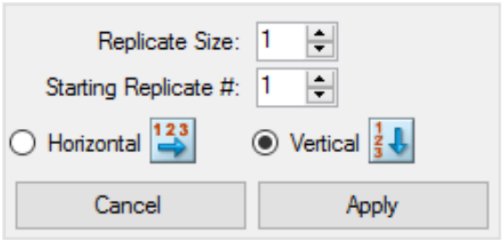
2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกกลุ่มเป้าหมายของหลุม

3 หากต้องการกำหนดหมายเลขทำซ้ำเดียวกันให้กับหลุมทั้งหมดที่เลือก ในส่วน Replicate # (การทำซ้ำ #) ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้พิมพ์หมายเลขทำซ้ำในช่องและเลือกโหลด



4 (ไม่บังคับ) วิธีใช้ชุดการทำซ้ำกับชุดของหลุมที่เลือก

a คลิก Technical Replicates (การทำซ้ำทางเทคนิค) ส่วน Replicate # (การทำซ้ำ #) จะเปลี่ยนไปแสดงตัวเลือกต่อไปนี้



- **Replicate size (ขนาดการทำซ้ำ)** — ตัวเลขที่แสดงจำนวนของหลุมในแต่ละกลุ่มของการทำซ้ำ
- **Starting replicate # (การทำซ้ำเริ่มต้น #)** — ตัวเลขแรกในชุดการทำซ้ำสำหรับกลุ่มการทำซ้ำที่เลือก

หมายเหตุ: โดยค่าเริ่มต้น CFX Maestro Dx SE จะแสดงหมายเลขการทำซ้ำเริ่มต้นเป็นตัวเลขหนึ่งที่มากกว่าหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิคสุดท้ายที่กำหนดในเพลต ยกตัวอย่างเช่น หากหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิคในเพลตครั้งก่อนคือ 5 หมายเลขเริ่มต้นครั้งถัดไปจะเป็น 6 คุณสามารถเปลี่ยนหมายเลขเริ่มต้นเป็นหมายเลขใด ๆ ที่ยังไม่ได้กำหนดไว้ได้

- ทิศทางการโหลด (แนวนอนหรือแนวตั้ง)

b คลิก Apply (ใช้) เพื่อใช้พารามิเตอร์กับชุดทำซ้ำและกลับไปที่หน้าจอ Replicate # (การทำซ้ำ #)

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

หมายเหตุ: หากคุณเปลี่ยนเพลตผิดพลาด ให้คลิก Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ก่อนที่จะคลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลง

วิธีลบหลุมออกจากชุดทำซ้ำ

▶ ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่จะลบออก แล้วล้างช่องทำเครื่องหมาย Replicate # Load (โหลดการทำซ้ำ #)

อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถคลิก Clear Replicate # (เคลียร์การทำซ้ำ #) เพื่อเคลียร์หมายเลขทำซ้ำออกจากหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่เลือกได้

วิธีดูการทำซ้ำทางเทคนิคทั้งหมดบนเพลต

▶ ให้คลิก Show Technical Replicates (แสดงการทำซ้ำทางเทคนิค) เพื่อดูการทำซ้ำทางเทคนิคทั้งหมดบนเพลต

แต่ละกลุ่มจะได้รับการระบุด้วยสีเฉพาะ และปุ่ม Show Technical Replicates (แสดงการทำซ้ำทางด้านเทคนิค) จะเปลี่ยนเป็น Hide Technical Replicates (ซ่อนการทำซ้ำทางเทคนิค)

คลิก Hide Technical Replicates (ซ่อนการทำซ้ำทางเทคนิค) เพื่อเคลียร์สีในหลุม อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถคลิกที่หลุมใดหลุมหนึ่งในเพลตเพื่อซ่อนการทำซ้ำทางเทคนิคได้

การกำหนดชุดเจือจางให้กับประเภทตัวอย่างมาตรฐาน

ดังที่กล่าวก่อนหน้านี้ หลุมทั้งหมดที่มีประเภทตัวอย่างเป็น Standard (มาตรฐาน) จะต้องได้รับการกำหนดค่าความเข้มข้น คุณสามารถกำหนดชุดเจือจางให้กับหลุมหลาย ๆ หลุมที่มีประเภทตัวอย่างเป็น Standard (มาตรฐาน)

หมายเหตุ: ในการกำหนดชุดเจือจางให้กับกลุ่มของหลุม หลุมจะต้องรวมอยู่ในชุดทำซ้ำทางเทคนิค โปรดดูการกำหนดหมายเลขทำซ้ำทางเทคนิคให้หลุม ในหน้า 141 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการเพิ่มหลุมให้กับชุดทำซ้ำ

วิธีกำหนดชุดเจือจางให้กับกลุ่มของหลุมตัวอย่าง Standard (มาตรฐาน)

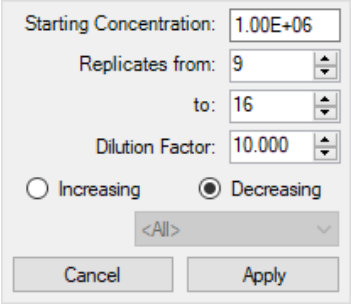
1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบให้แน่ใจว่าได้ปฏิบัติตามข้อกำหนดต่อไปนี้

- ประเภทตัวอย่างสำหรับกลุ่มของหลุมเป็น Standard (มาตรฐาน)
- หลุมทั้งหมดในกลุ่มได้รับการกำหนดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิด และทั้งหมดมีสารเรืองแสงชนิดเดียวกัน
- หลุมทั้งหมดในกลุ่มจะรวมเข้าไปในชุดทำซ้ำทางเทคนิคชุดเดียวกัน

  หมายเหตุ: CFX Maestro Dx SE ใช้ตัวเลือก Dilution Series (ชุดเจือจาง) เฉพาะเมื่อหลุมทั้งหมดที่เลือกมีคุณสมบัติตรงตามเกณฑ์เหล่านี้

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกกลุ่มเป้าหมายของหลุม

3 ในส่วน Concentration (ความเข้มข้น) ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้คลิก Dilution Series (ชุดเจือจาง) ส่วน Concentration (ความเข้มข้น) จะเปลี่ยนไปแสดงตัวเลือกต่อไปนี้



- **Starting concentration (ความเข้มข้นเริ่มต้น)** — ค่าความเข้มข้นที่ชุดจะเริ่มต้น
- **Replicates from and to (ทำซ้ำตั้งแต่และถึง)** — การทำซ้ำในชุดที่จะใช้ปัจจัยการเจือจาง
- **Dilution factor (ปัจจัยการเจือจาง)** — ปริมาณที่จะเปลี่ยนแปลงความเข้มข้นภายในแต่ละกลุ่มทำซ้ำ

4 ตั้งค่าสำหรับตัวเลือกหรือยอมรับค่าเริ่มต้น

5 โดยค่าเริ่มต้น ชุดเจือจางจะลดลงตามปัจจัยการเจือจาง เลือก Increasing (เพิ่มขึ้น) เพื่อเพิ่มชุดเจือจาง

6 (ไม่บังคับ) โดยค่าเริ่มต้น ปัจจัยการเจือจางจะใช้กับสารเรืองแสงทั้งหมดในชุดทำซ้ำ หากชุดของคุณมีสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดและคุณต้องการใช้การเจือจางกับสารเรืองแสงหนึ่งชนิด ให้เลือกจากรายการแบบเลื่อนลง

7 คลิก Apply (นำไปใช้) เพื่อใช้ชุดการเจือจางกับกลุ่มของหลุมและกลับไปที่มุมมอง Concentration (ความเข้มข้น)

8 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

การคัดลอกสารในหลุมไปยังหลุมอื่น

คุณสามารถคัดลอกสารที่อยู่ในหลุมและวางลงในหลุมเดี่ยวหรือหลุมหลายหลุมได้ อย่างไรก็ตาม คุณสามารถคัดลอกสารที่อยู่ในหลุมได้เพียงหลุมเดียวเท่านั้น คุณไม่สามารถเลือกหลายหลุมและคัดลอกสารในหลุมเหล่านั้นได้

วิธีการคัดลอกสารในหลุมไปยังหลุมอื่น

1 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมที่จะทำการคัดลอก

2 คลิกขวาที่หลุมและเลือก Copy Well (คัดลอกหลุม)

3 เลือกหนึ่งหลุมหรือหลายหลุมที่จะวางสารนั้น

- หากต้องการเลือกหลุมเดียว ให้คลิกที่หลุม
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หลุมหนึ่งและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control และคลิกที่แต่ละหลุม

4 เมื่อเลือกหลุมเป้าหมายแล้ว ให้คลิกขวาและเลือก Paste Well (วางหลุม)

CFX Maestro Dx SE จะวางสารในหลุมแรกลงในหลุมที่เลือก

การเพิ่มบันทึกสำหรับหลุม

คุณสามารถเพิ่มโน้ตอธิบายในหลุมได้ คุณสามารถดูหมายเหตุสำหรับหลุมได้ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

วิธีเพิ่มหมายเหตุให้กับหลุม

1 ในบานหน้าต่างของเพลต ให้เลือกหลุมที่คุณต้องการจะเพิ่มหมายเหตุ

2 ในส่วน View (มุมมอง) ในบานหน้าต่างด้านล่าง ให้เลือก Well Note (หมายเหตุของหลุม)

พื้นที่ Well Note จะปรากฏขึ้นในบานหน้าต่างด้านขวา

3 พิมพ์เนื้อหาของโน้ตในกล่องข้อความแล้วกด Enter

ข้อความจะปรากฏที่ด้านล่างของหลุมที่เลือก

เคล็ดลับ: หากคุณเคยสร้างโน้ตสำหรับหลุมมาก่อน คุณสามารถเลือกโน้ตได้จากรายการแบบเลื่อนลง จากนั้นนำไปใช้กับหลุมที่เลือก

การเคลียร์สารทั้งหมดออกจากหลุม

คุณสามารถเคลียร์สารในแต่ละหลุม กลุ่มของหลุม หรือทั้งเพลตของสารทั้งหมดได้ การเคลียร์หลุมจะไม่ลบข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บรวบรวมไว้ในระหว่างการอ่านเพลต

สำคัญ: การเคลียร์หลุมจะเป็นการลบสารออกจากหลุมอย่างถาวร หากคุณคลิก OK (ตกลง) และบันทึกเพลตหลังจากการเคลียร์หลุม คุณจะไม่สามารถยกเลิกการเคลียร์ได้ โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อทำการเคลียร์หลุม

วิธีการเคลียร์การตั้งค่าทั้งหมดจากหลุม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มของหลุมในบานหน้าต่างเพลต

- หากต้องการเลือกหลุมเดียว ให้คลิกที่หลุม
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หลุมหนึ่งและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control และคลิกที่แต่ละหลุม
- หากต้องการเลือกทั้งคอลัมน์ที่มีประเภทตัวอย่างเดียวกัน ให้คลิกที่หมายเลขคอลัมน์
- หากต้องการเลือกทั้งแถว ให้คลิกที่หมายเลขแถว

2 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้คลิก Clear Wells (เคลียร์หลุม)

CFX Maestro Dx SE จะเคลียร์การตั้งค่าทั้งหมดจากหลุมที่เลือก

3 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากคุณทำการเคลียร์หลุมผิดพลาด ให้คลิก Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ก่อนที่จะคลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลง

  สำคัญ: หากคลิก OK (ตกลง) ก่อนที่จะคลิก Undo (เลิกทำ) จะเป็นการบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดใช้งาน Undo (เลิกทำ) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

- คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ

ใช้กล่องข้อความ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เพื่อดูหรือเปลี่ยนรายการของเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพ หรือเพื่อตั้งค่ากลุ่มตัวอย่างการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน โดยจะช่วยวิเคราะห์ว่าคุณได้กำหนดกลุ่มชีวภาพให้กับหลุมต่าง ๆ บนเพลตแล้วหรือไม่

ในกล่องข้อความ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) แท็บ Targets (เป้าหมาย) แสดงรายการของชื่อเป้าหมายสำหรับแต่ละปฏิกิริยา PCR เช่น ยีนเป้าหมายหรือลำดับยีนที่สนใจ

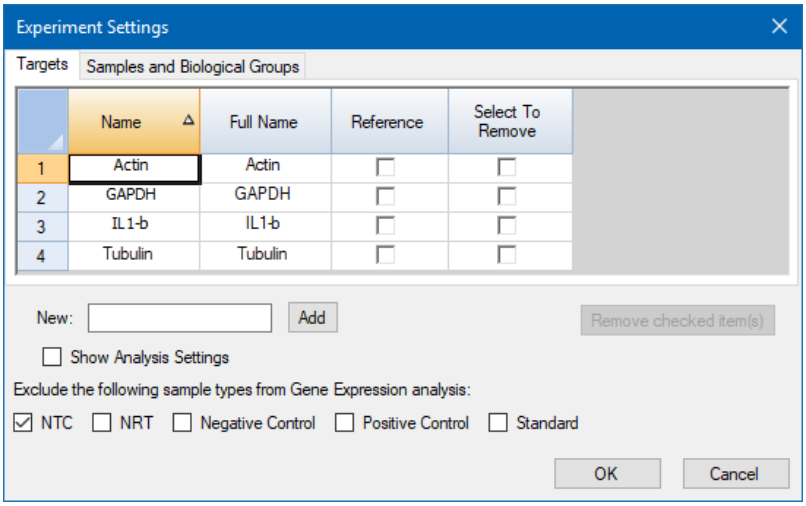
แท็บ Samples and Biological Groups (ตัวอย่างและกลุ่มชีวภาพ) แสดงรายชื่อของตัวอย่างและชื่อกลุ่มชีวภาพ ที่บ่งบอกถึงแหล่งที่มาของเป้าหมาย เช่น เก็บตัวอย่างที่ 1 ชั่วโมง (1HR) หรือจากแต่ละรายการที่ระบุ (mouse1)

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าเพลตโดยใช้กล่องข้อความ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

1 หากต้องการเปิดกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ในบานหน้าต่างด้านขวาของ Plage Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้คลิก Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
- ในแท็บ Gene Expression (การแสดงของยีน) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้คลิก Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

กล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) จะปรากฏขึ้นโดยแสดงเนื้อหาของแท็บ Targets (เป้าหมาย)



2 หากต้องการเพิ่มชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพใหม่ ให้พิมพ์ชื่อในแท็บที่เหมาะสมในกล่องข้อความ New (ใหม่) แล้วคลิก Add (เพิ่ม)

3 หากต้องการลบชื่อเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพออกจากรายการ ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายของรายการในคอลัมน์ Select to Remove (เลือกเพื่อลบ) ในแท็บที่เหมาะสม แล้วคลิก Remove checked item(s) (ลบรายการที่ทำเครื่องหมายไว้)

4 CFX Maestro Dx SE ไม่รวมตัวอย่างประเภท NTC (การควบคุมไม่มีเทมเพลต) จากการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

หากต้องการรวมประเภทตัวอย่าง NTC ให้ล้างช่องทำเครื่องหมาย Exclude (ยกเว้น) ของ NTC ในส่วนประเภทตัวอย่างต่อไปนี้ คุณเลือกยกเว้นประเภทตัวอย่างต่อไปนี้ได้โดยการเลือกช่องทำเครื่องหมายที่เหมาะสม

- NRT (no reverse transcriptase) (การควบคุมการควบคุมไม่มีรีเวิร์สแทรนสคริปเทส)
- Negative Control (การควบคุมค่าลบ)
- Positive Control (การควบคุมค่าบวก)
- Standard (มาตรฐาน)

5 ในแท็บ Targets (เป้าหมาย)

a ในการเลือกเป้าหมายเป็นการอ้างอิงสำหรับการวิเคราะห์สารการแสดงออกของยีน ให้เลือกในคอลัมน์ Reference (การอ้างอิง)

b หากต้องการซ่อนการตั้งค่าการวิเคราะห์ที่จะนำมาใช้ในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ในหน้าต่าง Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์) ให้ยกเลิกการเลือก Show Analysis Settings (แสดงการตั้งค่าการวิเคราะห์)

ซอฟต์แวร์จะซ่อนคอลัมน์ต่อไปนี้

- Color (สี)
- Show Chart (แสดงแผนภูมิ)
- Auto Efficiency (ประสิทธิภาพอัตโนมัติ)
- Efficiency (%) (ประสิทธิภาพ %)

c หากต้องการเปลี่ยนสีกราฟของเป้าหมายในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้คลิกที่เซลล์ในคอลัมน์ Color (สี) เลือกสีใหม่ในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น แล้วคลิก OK (ตกลง)

d หากต้องการแสดงเป้าหมายในสีที่เลือกในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายของเป้าหมายในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

e ตามค่าเริ่มต้น CFX Maestro Dx SE จะคำนวณค่าประสิทธิภาพสัมพัทธ์ให้กับเป้าหมาย หากสารเป้าหมายมีกราฟมาตรฐานรวมอยู่ด้วย

หากต้องการใช้ค่าประสิทธิภาพที่กำหนดไว้ก่อนหน้านี้ ให้พิมพ์ค่าในเซลล์ของเป้าหมายในคอลัมน์ Efficiency (%) (ประสิทธิภาพ %) แล้วกดปุ่ม Enter CFX Maestro Dx SE จะยกเลิกการทำเครื่องหมายในช่อง Auto Efficiency (ประสิทธิภาพอัตโนมัติ)

6 ในแท็บ Samples and Biological Groups (ตัวอย่างและกลุ่มชีวภาพ)

   a หากต้องการเลือกตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพเป็นตัวอย่างควบคุมสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายของตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพในคอลัมน์ Control (ควบคุม)

   b หากต้องการกำหนดเงื่อนไขการควบคุมให้กับตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพสำหรับการทดสอบ ให้คลิกช่องทำเครื่องหมายของตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพในคอลัมน์ Control (ควบคุม)

   c หากยังไม่ได้เลือก ให้คลิก Show Analysis Settings (แสดงการตั้งค่าการวิเคราะห์) เพื่อดูหรือเปลี่ยนพารามิเตอร์การวิเคราะห์ที่จะนำไปใช้งานในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ซอฟต์แวร์จะซ่อนคอลัมน์ Color (สี) และ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกพารามิเตอร์ในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) แล้วกลับสู่หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

การสร้างกลุ่มหลุม

กลุ่มของหลุมจะแบ่งเพลต ๆ หนึ่งออกเป็นส่วนหลุมย่อยที่สามารถแยกวิเคราะห์ได้ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เมื่อตั้งค่ากลุ่มหลุมแล้วให้เลือกหนึ่งกลุ่มในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลในรูปแบบของกลุ่มอิสระ ยกตัวอย่างเช่น ตั้งค่ากลุ่มหลุมเพื่อวิเคราะห์การทดสอบหลายรายการที่ดำเนินการในหนึ่งเพลต หรือเพื่อวิเคราะห์กลุ่มหลุมแต่ละกลุ่มด้วยเส้นโค้งมาตรฐานที่ต่างกัน

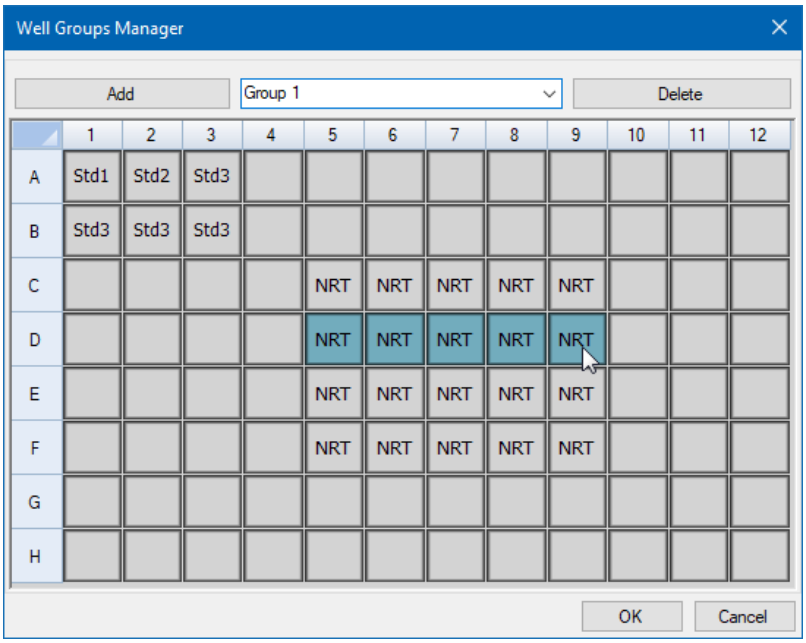
หมายเหตุ: กลุ่มหลุมเริ่มต้นคือ All Wells (หลุมทั้งหมด)

วิธีสร้างกลุ่มหลุม

1 หากต้องการเปิด Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ในแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้คลิก Well Groups (กลุ่มหลุม)
- ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้คลิก Manage Well Groups (จัดการกลุ่มหลุม)

กล่องโต้ตอบ Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) จะปรากฏขึ้น



2 คลิก Add (เพิ่ม) เพื่อสร้างกลุ่มใหม่ เมนูแบบเลื่อนลงจะแสดงชื่อกลุ่มเป็น Group 1 สำหรับกลุ่มแรก

3 เลือกหลุมให้กับกลุ่มหลุมในมุมมองเพลตโดยการคลิกและลากข้ามกลุ่มหลุมต่าง ๆ หลุมที่เลือกจะปรากฏใน Manager (ตัวจัดการ)

4 (ไม่บังคับ) หากต้องการเปลี่ยนชื่อกลุ่ม ให้เลือกชื่อในเมนูแบบเลื่อนลง แล้วพิมพ์ชื่อใหม่

5 (ไม่บังคับ) หากต้องการลบกลุ่มหลุม ให้เลือกชื่อในรายการแบบเลื่อนลงแล้วคลิก Delete (ลบ)

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อสิ้นสุดการดำเนินการและปิดหน้าต่าง หรือคลิก Cancel (ยกเลิก) เพื่อปิดหน้าต่างโดยไม่เปลี่ยนแปลงค่าใด

รายการเมนูคลิกขวาสำหรับกล่องโต้ตอบ Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม)

ตาราง 10 แสดงรายการเมนูที่มีอยู่ในกล่องโต้ตอบ Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) เมื่อคุณคลิกขวาที่หลุมใด ๆ

ตาราง 10 รายการเมนูคลิกขวาในกล่องโต้ตอบ Plate Editor Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุมในตัวแก้ไขเพลต)

รายการ	ฟังก์ชัน
Copy (คัดลอก)	คัดลอกสารในหลุมที่สามารถวางในหลุมอื่นๆ ได้
Copy as Image (คัดลอกเป็นภาพ)	คัดลอกมุมมองตัวเลือกหลุมเป็นภาพ
Print (พิมพ์)	พิมพ์มุมมองตัวเลือกหลุม
Print Selection (ตัวเลือกพิมพ์)	พิมพ์เฉพาะเซลล์ที่เลือก
Export to Excel (ส่งออกไปยัง Excel)	ส่งออกข้อมูลไปยังสเปรดชีต Excel
Export to CSV (ส่งออกไปยัง CSV)	ส่งออกข้อมูลเป็นเอกสารที่คั่นด้วยจุลภาค
Export to Xml (ส่งออกไปยัง Xml)	ส่งออกข้อมูลเป็นเอกสาร .xml
Export to Html (ส่งออกไปยัง Html)	ส่งออกข้อมูลเป็นเอกสาร .html

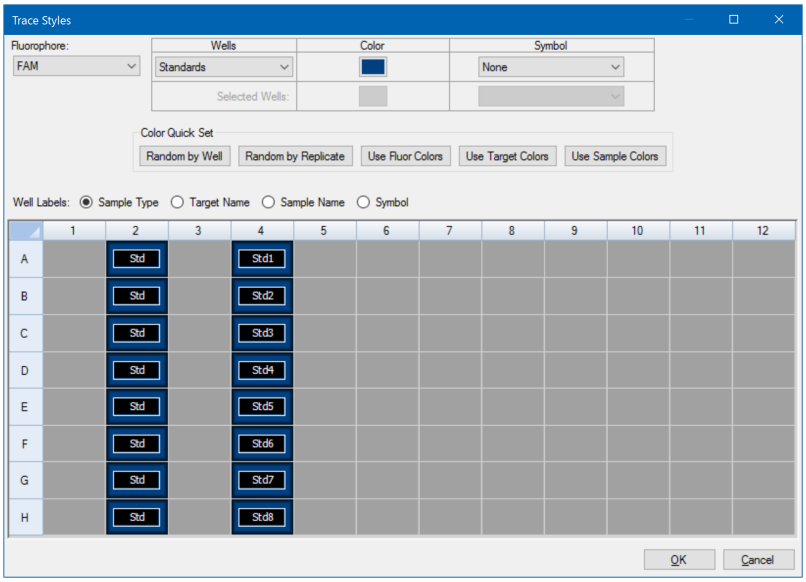
การเปลี่ยนลักษณะการติดตาม

ในระหว่างการตั้งค่าเพลตและขณะที่กำลังดำเนินการอยู่ คุณสามารถปรับเปลี่ยนสีและลักษณะการติดตามการเพิ่มปริมาณได้ จากนั้นคุณสามารถดูการติดตามได้อย่างง่ายดายในหน้าต่างสถานะแบบเรียลไทม์ในขณะที่กำลังรวบรวมข้อมูล

วิธีการเปลี่ยนลักษณะการติดตาม

1 คลิก Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ในแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) จะปรากฏขึ้นมาสำหรับเพลตที่เปิด ตัวอย่างเช่น



2 หากต้องการแสดงลักษณะการติดตามด้วยสารเรืองแสงที่ระบุ ให้เลือกสารเรืองแสงจากเมนูแบบเลื่อนลง Fluorophores (สารเรืองแสง)

3 วิธีเปลี่ยนการแสดงการติดตาม

a เลือกประเภทการติดตามจากรายการแบบเลื่อนลง Wells (หลุม)

b คลิกที่สีในคอลัมน์ Color (สี)

c ในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้นมา ให้เลือกสีอื่นสำหรับการติดตาม และคลิก OK (ตกลง)

CFX Maestro Dx SE จะแสดงการเปลี่ยนสีสำหรับประเภทหลุมในตาราง

d (ไม่บังคับ) เลือกสัญลักษณ์สำหรับการติดตามจากรายการแบบเลื่อนลง Symbols (สัญลักษณ์)

4 หากต้องการเปลี่ยนชุดสีอย่างรวดเร็ว ให้คลิกตัวเลือกที่เหมาะสมในหัวข้อ Color Quick Set (ชุดสีด่วน)

5 หากต้องการดูป้ายกำกับหลุมในตาราง ให้เลือกประเภทของป้ายกำกับในหัวข้อ Well Labels (ป้ายกำกับหลุม)

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลง หรือ Cancel (ยกเลิก) เพื่อยกเลิกการเปลี่ยนแปลง

การดู การส่งออก และการนำเข้าเพลตในรูปแบบสเปรดชีต

Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าสเปรดชีต) จะแสดงข้อมูลสารของเพลตในรูปแบบสเปรดชีต ตัวดูจะมีตัวเลือกเพื่อดู นำเข้า และส่งออกข้อมูลของหลุมตามที่อธิบายด้านล่าง

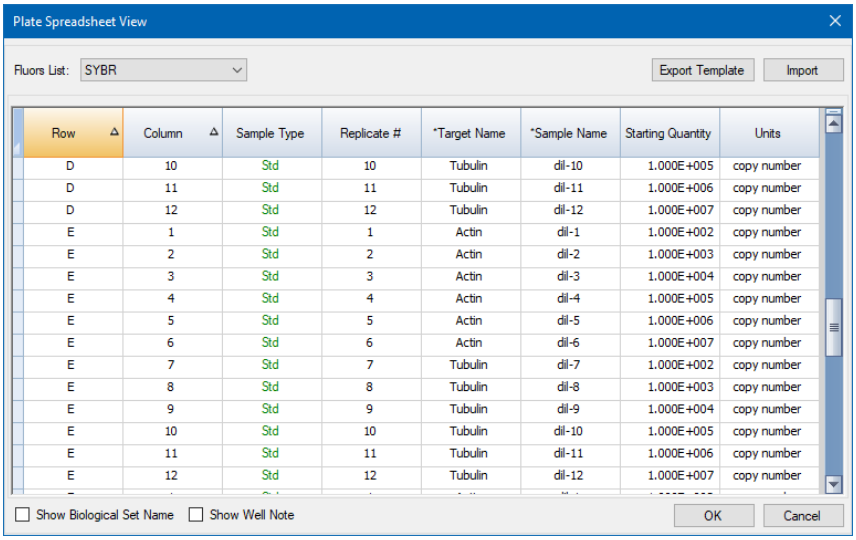
การใช้ Spreadsheet Viewer เพื่อส่งออกและนำเข้าข้อมูลเพลต

คุณสามารถส่งออกชื่อเป้าหมาย ชื่อตัวอย่าง ชื่อกลุ่มชีวภาพ และหมายเหตุของหลุมในเทมเพลตรูปแบบที่คั่นด้วยแท็บจาก Spreadsheet Viewer ไปยังแอปพลิเคชัน เช่น Microsoft Excel คุณยังสามารถนำเข้าข้อมูลจากแอปพลิเคชันที่คั่นด้วยแท็บลงในเพลตที่กำหนดไว้ล่วงหน้าจากไฟล์ข้อมูลการทดลองได้เช่นกัน

หากต้องการใช้งาน Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าแผ่นงาน)

1 สร้างและบันทึกไฟล์เพลต (ดูการสร้างไฟล์เพลตโดยใช้ตัวแก้ไขเพลต)

2 ที่แถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) คลิกที่แท็บ Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าแผ่นงาน) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Plate Spreadsheet View (มุมมองแผ่นงานของเพลต)



3 (ไม่บังคับ) คลิกที่ Show Biological Set Name (แสดงชื่อชุดชีวภาพ) และ Show Well Note boxes (แสดงกล่องบันทึกหมายเหตุหลุม) เพื่อแสดงคอลัมน์เหล่านี้ใน Spreadsheet View และในไฟล์ที่ส่งออก

4 คลิกปุ่ม Export Template (ส่งออกเทมเพลต) เพื่อสร้างเทมเพลตว่างในไฟล์ Excel (ฟอร์แมต .csv) ไฟล์ที่ส่งออกจะแสดงเค้าโครงเหมือนกับเพลตของคุณ

เคล็ดลับ: ใช้ชื่อไฟล์เพลตเมื่อบันทึกไฟล์เพลตของคุณ เพื่อช่วยให้หาไฟล์ได้ง่าย

5 เติมข้อมูลในเซลล์ของไฟล์ Excel ด้วยสารในหลุม

หมายเหตุ: คุณสามารถแก้ไขเนื้อหาของเซลล์ต่าง ๆ ในคอลัมน์ที่มีเครื่องหมายดอกจัน (*) ถัดจากชื่อของคอลัมน์ได้ (เช่น *ชื่อเป้าหมาย, *ชื่อตัวอย่าง, *ชื่อกลุ่มชีวภาพ, *หมายเหตุของหลุม)

หมายเหตุ: คุณไม่สามารถเพิ่มค่าลงในคอลัมน์ Standard Curve (เส้นโค้งมาตรฐาน) และ Quantity (ปริมาณ) ในไฟล์ Excel ที่ส่งออกได้ หากต้องการแก้ไขข้อมูลดังกล่าว ให้ส่งกลับไปที่ Plate Editor แล้วเลือก Settings (ตั้งค่า) > Units (หน่วย) ในแถบเมนู หลังจากที่การทดลองของเพลตเสร็จสิ้น ข้อมูลจากเส้นโค้งมาตรฐานเหล่านี้จะปรากฏในแผนภูมิกราฟเส้นโค้งมาตรฐานที่แท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) โดยอยู่ในรูปแบบหน่วยที่คุณเลือก

6 นำเข้าไฟล์ Excel ที่เติมข้อมูลกลับเข้าไปที่ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) โดยคลิกปุ่ม Import (นำเข้า) ข้อมูลเพลตที่นำเข้าจะปรากฏในหน้าต่าง Plate Spreadsheet View (มุมมองสเปรดชีตของเพลต)

สำคัญ: หากคุณมีสารเรืองแสงหลายชนิด คุณจะต้องทำตามขั้นตอนที่ 3-5 สำหรับสารเรืองแสงแต่ละชนิด โดยใช้เมนูดรอปดาวน์ Flours List (รายการสารเรืองแสง) ใน Plate Spreadsheet View (มุมมองสเปรดชีตของเพลต)

7 คลิกที่ปุ่ม OK (ตกลง) ข้อมูลใหม่ของเพลตจะปรากฏในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

เคล็ดลับ: คุณสามารถดูรายการเมนูที่มีในเครื่องมือ Spreadsheet View/Importer (ดู/นำเข้าสเปรดชีต) หากคุณคลิกขวาบนหลุมใดก็ได้ในเครื่องมือ หรือบนส่วนหัวของตารางใดก็ได้ใน Plate Spreadsheet View (มุมมองสเปรดชีตของเพลต)

การสร้างเค้าโครงเพลตโดยใช้ตัวช่วยการตั้งค่าเพลต

คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ในการป้อนข้อมูลเค้าโครงเพลตที่จำเป็นสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกยีนที่เป็นบรรทัดฐานดังนี้

- ชื่อเป้าหมาย
- ชื่อตัวอย่าง
- ตำแหน่งของเป้าหมายและตัวอย่างบนเพลต
- ยีนอ้างอิง
- ตัวอย่างควบคุม

คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ก่อน ระหว่าง หรือหลังทำการทดสอบได้

การใช้ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต

บทนี้อธิบายถึงวิธีการสร้างเค้าโครงเพลตโดยใช้ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต หากต้องการดูสารของแต่ละหลุมในเพลตได้ง่ายขึ้น ให้คลิก Zoom (ซูม) เพลตที่ด้านบนของ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า)

สำคัญ: หากกลับไปที่แท็บ Auto layout (เค้าโครงอัตโนมัติ) ในขณะที่อยู่ในแท็บอื่น ๆ ใน Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) จะเป็นการรีเซ็ตเค้าโครงเพลต โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อเลือกแท็บนี้

เคล็ดลับ: คุณสามารถรีเซ็ตเค้าโครงโดยเลือก Tools (เครื่องมือ) > Clear Plate (เคลียร์เพลต) ใน Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ได้

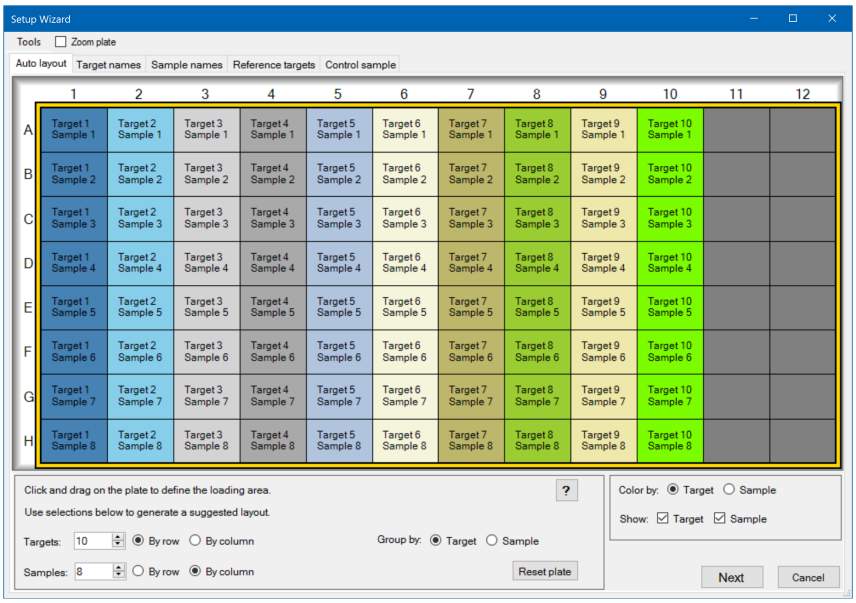
วิธีใช้ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต

1 เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

2 ในการเปิดตัวช่วยการตั้งค่า ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก Editing Tools (เครื่องมือแก้ไข) > Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า)
- คลิก Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) บนแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) จะปรากฏขึ้นโดยแสดงแท็บ Auto layout (เค้าโครงอัตโนมัติ)



3 ในแท็บ Auto Layout (เค้าโครงอัตโนมัติ) ให้ทำดังต่อไปนี้

a คลิกที่หลุมหนึ่งในตารางและลากผ่านลงเพื่อระบุพื้นที่บนเพลตที่คุณวางแผนจะโหลดตัวอย่าง

b ป้อนจำนวนเป้าหมายและตัวอย่างที่จะโหลด

เคล็ดลับ: จำนวนเป้าหมายและตัวอย่างที่จะโหลดจะต้องเท่ากับจำนวนเซลล์ที่เลือก หากตัวเลขที่ป้อนไม่พอดีกับพื้นที่ที่เลือก ให้ปรับเปลี่ยนตัวเลขหรือพื้นที่การเลือกเพลต คุณสามารถระบุการจัดวางรายการบนเพลตและจัดกลุ่มได้

c (ไม่บังคับ) เปลี่ยนการจัดวางเพลต ตัวอย่างเช่น คุณสามารถกำหนดเป้าหมายในคอลัมน์และตัวอย่างในแถว หรือจัดกลุ่มตามตัวอย่าง

d คลิก Next (ถัดไป) เพื่อไปยังแท็บ Target Names (ชื่อเป้าหมาย)

หมายเหตุ: หากเค้าโครงเพลตของคุณไม่มีรูปแบบปกติ ให้ใช้แท็บ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) เพื่อกำหนดตำแหน่งเป้าหมายของคุณด้วยตนเอง หรือใช้แท็บ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) เพื่อกำหนดตำแหน่งตัวอย่างของคุณบนเพลตด้วยตนเอง คลิกและลากเพื่อเลือกหลุมหลายหลุม

4 ในแท็บ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ให้กำหนดชื่อเป้าหมายสำหรับกลุ่มเป้าหมาย

a โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการเปลี่ยนชื่อเป้าหมายตามกลุ่ม ให้ตั้งค่าเป็น Select by to Target (เลือกโดยไปที่เป้าหมาย)
- หากต้องการเปลี่ยนชื่อเป้าหมายตามหลุม ให้ตั้งค่าเป็น Select by to Well (เลือกโดยไปที่หลุม)

b เลือกกลุ่มเป้าหมายหรือหลุมในตาราง และพิมพ์ชื่อในรายการแบบเลื่อนลง Target Name (ชื่อเป้าหมาย)

เคล็ดลับ: กด Tab เพื่อเลือกกลุ่มหรือหลุมถัดไปทางขวา หรือ Enter เพื่อเลือกกลุ่มหรือหลุมถัดไปทางด้านล่าง หรืออีกวิธีหนึ่ง ในแท็บ Target Name (ชื่อเป้าหมาย) และ Sample Name (ชื่อตัวอย่าง) ให้กดปุ่ม Control ค้างไว้และคลิกที่หลุมเพื่อเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ได้อยู่ติดกัน

c คลิก Next (ถัดไป) เพื่อไปยังแท็บ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง)

5 ในแท็บ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) ให้กำหนดชื่อตัวอย่างสำหรับกลุ่มตัวอย่าง

6 คลิก Next (ถัดไป) เพื่อไปยังแท็บ Reference Targets (เป้าหมายอ้างอิง)

7 ในแท็บ Reference Targets (เป้าหมายอ้างอิง) ให้เลือกเป้าหมายอย่างน้อยหนึ่งรายการเพื่อใช้เป็นข้อมูลอ้างอิงสำหรับการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน และคลิก Next (ถัดไป) เพื่อดำเนินการต่อไปยังแท็บ Control Sample (ตัวอย่างควบคุม)

8 ในแท็บ Control Sample (ตัวอย่างควบคุม) ให้เลือกตัวอย่างหนึ่งตัวอย่างเพื่อใช้เป็นตัวควบคุมสำหรับการคำนวณการแสดงออกของยีนสัมพัทธ์

9 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกเค้าโครงเพลตและกลับไปที่ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ซึ่งคุณสามารถกำหนดค่าพารามิเตอร์เพลตเพิ่มเติมได้ โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต ในหน้า 135

หรืออีกวิธีหนึ่ง คลิก Previous (ก่อนหน้า) เพื่อกลับไปยังแท็บก่อนหน้าเพื่อทำการเปลี่ยนแปลง

หมายเหตุ: หากกลับไปที่แท็บ Auto Layout (เค้าโครงอัตโนมัติ) จะเป็นการรีเซ็ตเพลตโดยอัตโนมัติ โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิก Previous (ก่อนหน้า)

บทที่ 9 การดำเนินการทดสอบ

บทนี้อธิบายวิธีดำเนินการทดสอบแบบกำหนดเอง (กำหนดโดยผู้ใช้) หรือการทดสอบ PrimePCR โดยใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

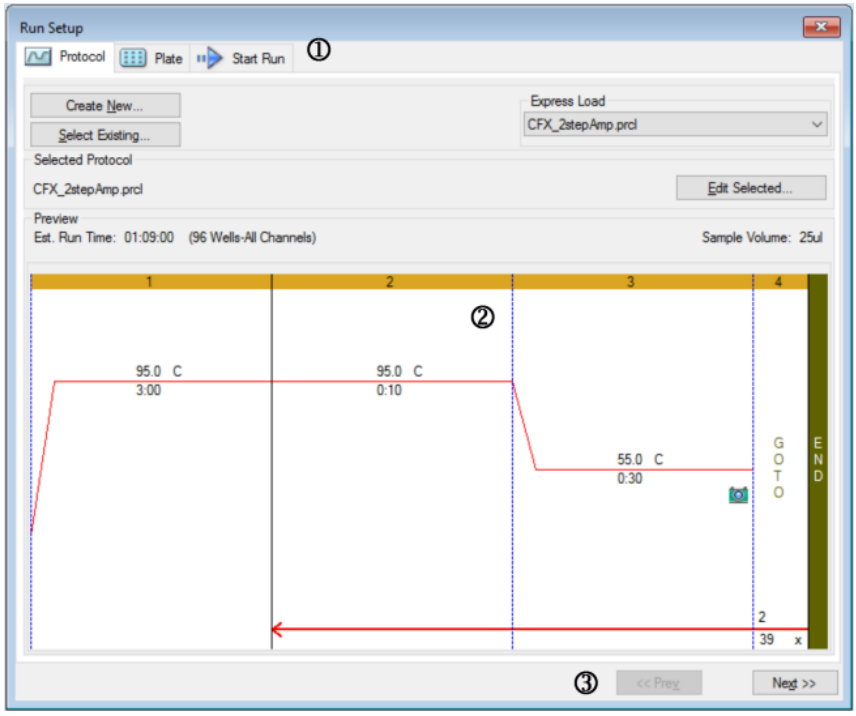
ไฟล์ข้อมูลการทดสอบจะมีข้อมูลโปรโตคอลและข้อมูลเพลตสำหรับการทดสอบ นอกจากนี้ ไฟล์ยังประกอบด้วยข้อมูลจากการวิเคราะห์ที่ CFX Maestro Dx SE ดำเนินการหลังจากทำการทดสอบเสร็จสิ้นด้วย

CFX Maestro Dx SE ทำให้การตั้งค่าและการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนดหรือการทดสอบ PrimePCR เป็นเรื่องง่าย หน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะแนะนำให้ทราบถึงขั้นตอนทั่วไปในการตั้งค่าการทดสอบ ซึ่งจะนำคุณไปที่กล่องโต้ตอบ Start Run (เริ่มต้นการทดสอบ) จากนั้นคุณจะเริ่มต้นการทดสอบได้

หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ)

หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) ให้คุณเข้าถึงไฟล์อย่างรวดเร็วและมีการตั้งค่าที่จำเป็นต้องดำเนินการและทำการทดลอง เมื่อคุณเลือกทำการทดลองที่กำหนดโดยผู้ใช้ หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดแสดงแท็บ Protocol (โปรโตคอล) เมื่อคุณเลือกทำการทดสอบ PrimePCR หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดการแสดงแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ)

เคล็ดลับ: ดูข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับ PrimePCR ที่การดำเนินการทดสอบ PrimePCR ในหน้า 177 ดูข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในหน้า 167



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	แท็บต่าง ๆ จะแนะนำคุณเกี่ยวกับการตั้งค่าและการทำการทดสอบ ■ แท็บ Protocol (โปรโตคอล) — เลือกโปรโตคอลที่มีอยู่ที่จะทดสอบหรือแก้ไข หรือสร้างโปรโตคอลใหม่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ■ แท็บ Plate (เพลต) — เลือกเพลตที่มีอยู่ที่จะทดสอบหรือแก้ไข หรือสร้างเพลตใหม่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ■ แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) — ดูการตั้งค่าการทดสอบ เลือกบล็อกเครื่องมือหนึ่งหรือหลายบล็อก และเริ่มการทดสอบ
2	หน้าต่างหลักแสดงตัวเลือกสำหรับแต่ละแท็บเมื่อคุณใช้แท็บ
3	ปุ่มนำทางจะนำคุณไปยังแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ)

การเข้าสู่หน้าต่างการตั้งค่าการทดสอบ

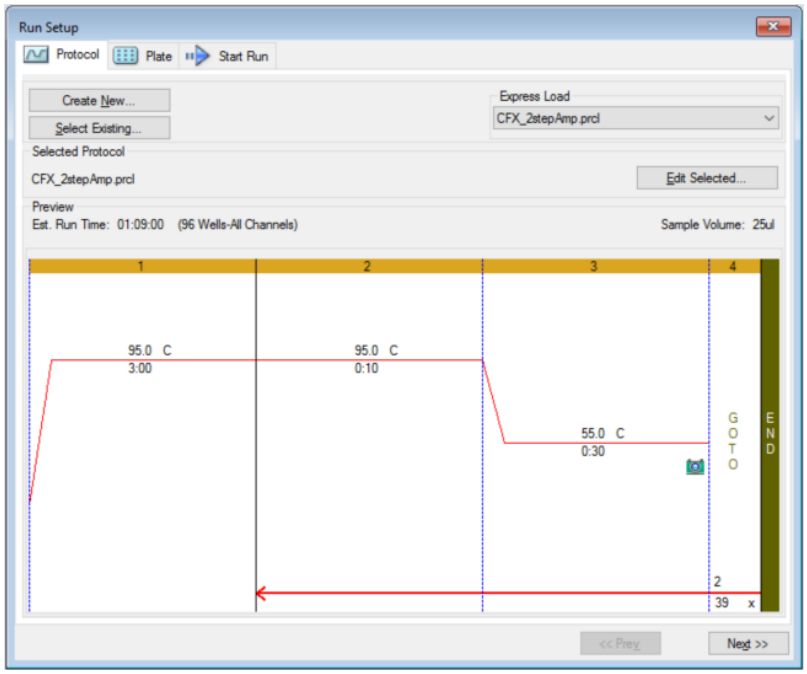
วิธีเข้าสู่หน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

▶ โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ในแท็บ Run setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ให้คลิกที่ User-defined (ผู้ใช้กำหนด) หรือ PrimePCR
- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้คลิกที่ User-defined Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด) หรือ PrimePCR Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ PrimePCR) บนแถบเครื่องมือ
- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก Run (การทดสอบ) > User-defined Run (การทดสอบที่ผู้ใช้กำหนด) หรือ Run (การทดสอบ) > PrimePCR Run (การทดสอบ PrimePCR)

แท็บ Protocal (โปรโตคอล)

แท็บ Protocal (โปรโตคอล) จะแสดงตัวอย่างของไฟล์โปรโตคอลที่คุณวางแผนจะดำเนินการ ไฟล์โปรโตคอลมีคำแนะนำสำหรับขั้นตอนอุณหภูมิของอุปกรณ์รวมทั้งตัวเลือกอุปกรณ์ที่ควบคุมอัตราการเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิขึ้นลง ปริมาณตัวอย่าง และอุณหภูมิฝาครอบ



สำหรับค่าเริ่มต้นซอฟต์แวร์จะแสดงโปรโตคอลที่ระบุไว้ในการเลือกไฟล์สำหรับส่วนการตั้งค่าการทำงานในแท็บไฟล์ ในกล่องโต้ตอบ User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถเปลี่ยนโปรโตคอลเริ่มต้นได้ ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดูการเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 83 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

ในแท็บ Protocal (โปรโตคอล) คุณสามารถทำดังนี้

- สร้างโปรโตคอลใหม่สำหรับทดสอบ
- เลือกโปรโตคอลที่มีอยู่สำหรับทดสอบหรือแก้ไข

สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการสร้างและการแก้ไขโปรโตคอลโปรดดู บทที่ 7, การสร้างโปรโตคอล

วิธีสร้างโปรโตคอลใหม่

1 ที่แท็บ Protocal (โปรโตคอล) ให้คลิก Create New (สร้างใหม่)

Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะปรากฏขึ้น

2 ใช้ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ในการสร้างโปรโตคอลใหม่

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกโปรโตคอลและกลับไปยังแท็บ Protocal (โปรโตคอล) ใน Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

4 ดูรายละเอียดของโปรโตคอล และทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากรายละเอียดถูกต้อง คลิก Next (ถัดไป) เพื่อดำเนินการต่อไปยังแท็บ Plate (เพลต)
- หากรายละเอียดไม่ถูกต้อง คลิก Edit Selected (แก้ไขสิ่งที่เลือก) เพื่อกลับไปยังหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) แก้ไขโปรโตคอล บันทึกการเปลี่ยนแปลง จากนั้นคลิก Next (ถัดไป) บนแท็บ Protocal (โปรโตคอล) เพื่อดำเนินต่อไปยังแท็บ Plate (เพลต)

วิธีเลือกโปรโตคอลที่มีอยู่

1 บนแท็บ Protocal (โปรโตคอล) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก Select Existing (เลือกที่มีอยู่) และไปยังโปรโตคอลที่มีอยู่
- คลิก Express Load (โหลดด่วน) และเลือกโปรโตคอลจากรายการแบบเลื่อนลงของโปรโตคอล

  เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มโปรโตคอลไปยังหรือลบโปรโตคอลออกจากรายการแบบเลื่อนลง Express Load (โหลดด่วน) ได้ โปรดดู การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดโปรโตคอลด่วน ที่ตามมาสำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

2 ดูรายละเอียดของโปรโตคอล และทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากรายละเอียดถูกต้อง คลิก Next (ถัดไป) เพื่อดำเนินการต่อไปยังแท็บ Plate (เพลต)
- หากรายละเอียดไม่ถูกต้อง คลิก Edit Selected (แก้ไขสิ่งที่เลือก) เพื่อเปิด Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) แก้ไขโปรโตคอล บันทึกการเปลี่ยนแปลง จากนั้นคลิก Next (ถัดไป) บนแท็บ Protocal (โปรโตคอล) เพื่อดำเนินต่อไปยังแท็บ Plate (เพลต)

การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดโปรโตคอลด่วน

คุณสามารถปรับเปลี่ยนเนื้อหาของรายการแบบเลื่อนลง Express Load (โหลดด่วน) ที่ปรากฏใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ได้ โปรโตคอลในรายการนี้จะถูกบันทึกไว้ในโฟลเดอร์ต่อไปนี้

c:\Users\Public\Public Documents\Bio-Rad\CFX_MDx\Users\<user_name>\ExpressLoad\

วิธีปรับเปลี่ยนรายการ Express Load (โหลดด่วน) ของโปรโตคอล

1 ค้นหาและเปิดโฟลเดอร์ ExpressLoad

2 ตรวจดูไฟล์โปรโตคอล (.pcrl) ในโฟลเดอร์

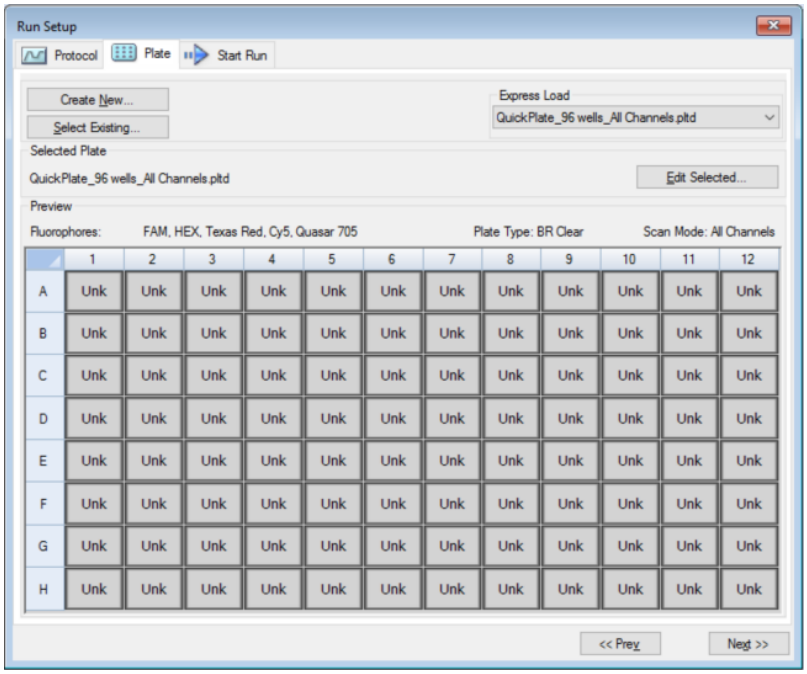
3 ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ลบโปรโตคอลออกจากโฟลเดอร์เพื่อนำไฟล์เหล่านั้นออกจากรายการแบบเลื่อนลง
- คัดลอกโปรโตคอลลงในโฟลเดอร์เพื่อเพิ่มไฟล์เหล่านั้นลงในรายการแบบเลื่อนลง

แท็บเพลต

หมายเหตุ: หากโปรโตคอลที่เลือกในแท็บ Protocol (โปรโตคอล) ไม่ได้ประกอบด้วยขั้นตอนการอ่านเพลต สำหรับการวิเคราะห์ PCR แบบเรียลไทม์ แท็บ Plate (เพลต) นั้นจะถูกซ่อน หากต้องการดูแท็บ Plate (เพลต) ให้เพิ่มขั้นตอนการอ่านเพลตอย่างน้อยหนึ่งขั้นตอนไปยังโปรโตคอล

แท็บ Plate (เพลต) จะแสดงตัวอย่างของไฟล์เพลตที่คุณวางแผนจะโหลด ในการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์ ไฟล์เพลตจะประกอบด้วยคำอธิบายสารของแต่ละหลุมรวมทั้งสารเรืองแสง โหมดสแกน และประเภทเพลต CFX Maestro Dx SE จะใช้คำอธิบายเหล่านี้สำหรับการรวบรวมและวิเคราะห์ข้อมูล



ตามค่าเริ่มต้นแล้ว ซอฟต์แวร์จะแสดงเพลตที่ระบุไว้ในส่วน File Selection for Run Setup (การเลือกไฟล์สำหรับการตั้งค่าการทดสอบ) ในแท็บ File (ไฟล์) ในกล่องโต้ตอบ User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถเปลี่ยนเพลตเริ่มต้นได้ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดู การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 83 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

ที่แท็บ Plate (เพลต) คุณสามารถทำดังนี้

- สร้างเพลตใหม่เพื่อโหลด
- เลือกเพลตที่มีอยู่เดิมเพื่อโหลดหรือแก้ไข

สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการสร้างและแก้ไขเพลต โปรดดูบทที่ 8, การเตรียมเพลต

วิธีสร้างเพลตใหม่

1 ที่แท็บ Plate (เพลต) ให้คลิก Create New (สร้างใหม่)

Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะปรากฏขึ้น

2 ใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ในการสร้างเพลตใหม่

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกเพลตและกลับไปที่แท็บ Plate (เพลต) ใน Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

4 ดูรายละเอียดของเพลต จากนั้นดำเนินการหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากรายละเอียดถูกต้อง คลิกที่ Next (ถัดไป) เพื่อดำเนินการไปยังแท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ)
- หากรายละเอียดไม่ถูกต้อง คลิกที่ Edit Selected (แก้ไขสิ่งที่เลือก) เพื่อกลับไปยัง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจดูไฟล์เพลต บันทึกการเปลี่ยนแปลง จากนั้นคลิกที่ Next (ถัดไป) ที่แท็บ Plate (เพลต) เพื่อดำเนินการไปยังแท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ)

วิธีเลือกไฟล์เพลตที่มีอยู่เดิม

1 ที่แท็บ Plate (เพลต) ให้ดำเนินการหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก Select Existing (เลือกที่มีอยู่) และไปยังไฟล์เพลตที่มีอยู่เดิม
- คลิกที่ Express Load (โหลดด่วน) จากนั้นเลือกไฟล์เพลตจากรายการแบบเลื่อนลง

  เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มหรือลบเพลตออกจากรายการ Express Load (โหลดด่วน) แบบเลื่อนลงได้ โปรดดูที่การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดเพลตด่วนต่อไปเพื่อดูข้อมูลเพิ่มเติม

2 ดูรายละเอียดของเพลต จากนั้นดำเนินการหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากรายละเอียดถูกต้อง คลิกที่ Next (ถัดไป) เพื่อดำเนินการไปยังแท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ)
- หากรายละเอียดไม่ถูกต้อง คลิกที่ Edit Selected (แก้ไขสิ่งที่เลือก) เพื่อเปิดหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจดูไฟล์เพลต บันทึกการเปลี่ยนแปลง จากนั้นคลิกที่ Next (ถัดไป) เพื่อดำเนินการไปยังแท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ)

การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดเพลตด่วน

คุณสามารถปรับเปลี่ยนเนื้อหาของรายการแบบเลื่อนลง Express Load (โหลดด่วน) ที่ปรากฏใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ได้ เพลตที่ปรากฏในรายการนี้จะถูกบันทึกไว้ในโฟลเดอร์ต่อไปนี้

c:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_MDx\Users\<user_name>\ExpressLoad\

วิธีปรับเปลี่ยนรายการ Express Load (โหลดด่วน) ของไฟล์เพลต

1 ค้นหาและเปิดโฟลเดอร์ ExpressLoad

2 ตรวจดูไฟล์เพลต (.pltd) ในโฟลเดอร์

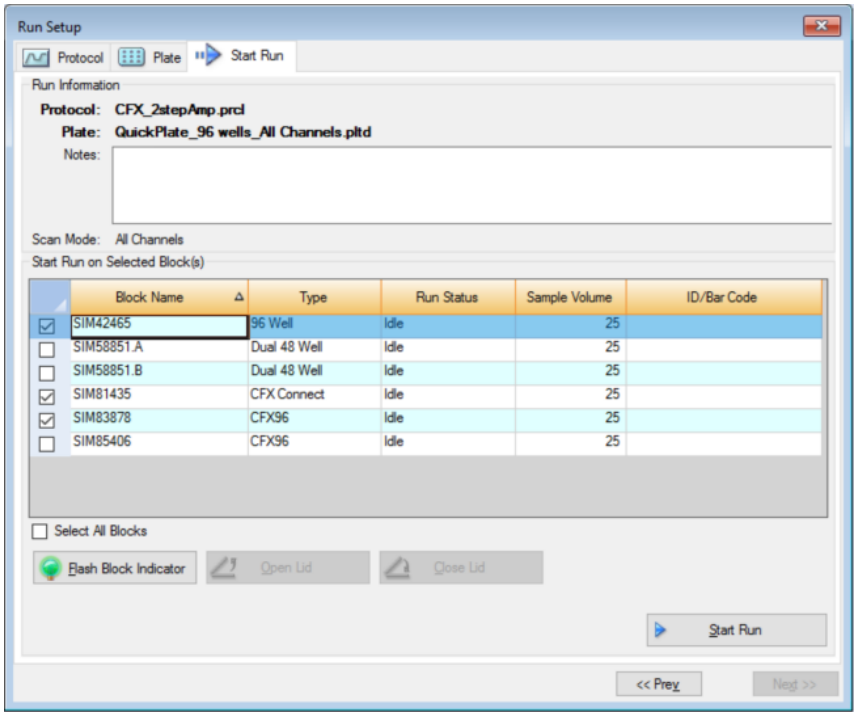
3 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ลบไฟล์เพลตออกจากโฟลเดอร์เพื่อนำไฟล์เหล่านั้นออกจากรายการแบบเลื่อนลง

- คัดลอกไฟล์เพลตลงในโฟลเดอร์เพื่อเพิ่มไฟล์เหล่านั้นลงในรายการแบบเลื่อนลง

แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ)

แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) แสดงข้อมูลเกี่ยวกับการทดลองที่จะดำเนินการ นอกจากนี้ยังแสดงบล็อกเครื่องมือที่เชื่อมต่อที่คุณสามารถทำการทดลองได้



ในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- ดูข้อมูลการทดสอบแบบรายละเอียด รวมถึงไฟล์โปรโตคอลที่เลือก ไฟล์เพลต และโหมดสแกน
- เพิ่มหมายเหตุเกี่ยวกับการทดสอบ
- ดูรายละเอียดเกี่ยวกับเครื่องมือที่เชื่อมต่อทั้งหมด รวมถึงสถานะการทดสอบ (ที่ดำเนินการหรือที่ไม่ดำเนินการ) ปริมาณตัวอย่างในหน่วย µl อุณหภูมิฝาครอบ โหมดการเลียนแบบ และ ID หรือบาร์โค้ดถ้ามี

  หมายเหตุ: คุณสามารถแก้ไขคอลัมน์ที่ปรากฏใน Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในตาราง Selected Blocks (บล็อกที่เลือก) ดูข้อมูลเพิ่มเติมที่การปรับเปลี่ยนรายละเอียดในตารางบล็อกที่เลือก ในหน้า 168
- เลือกหนึ่งบล็อกหรือหลายบล็อกที่จะทำการทดสอบ
- เปิดหรือปิดฝาครอบของเครื่องมือที่เลือกจากระยะไกล
- เริ่มการทดสอบ

การปรับเปลี่ยนรายละเอียดในตารางบล็อกที่เลือก

คุณสามารถปรับเปลี่ยนคอลัมน์ที่ปรากฏใน Start Run (เริ่มทำการทดสอบ) ในตาราง Selected Block(s) (บล็อกที่เลือก) ได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถปรับเปลี่ยนปริมาตรตัวอย่างเริ่มต้นและค่าอุณหภูมิของฝาครอบในตารางได้ การเปลี่ยนแปลงการตั้งค่าจะใช้กับการทดสอบที่จะดำเนินการ

วิธีเพิ่มคอลัมน์ใน Start Run (เริ่มทำการทดสอบ) ในตาราง Selected Blocks (บล็อกที่เลือก)

▶ คลิกขวาที่ตารางแล้วเลือกตัวเลือกในเมนูที่ปรากฏขึ้นมา

วิธีลบคอลัมน์ใน Start Run (เริ่มทำการทดสอบ) ในตาราง Selected Blocks (บล็อกที่เลือก)

▶ คลิกขวาที่ตารางแล้วล้างตัวเลือกในเมนูที่ปรากฏขึ้นมา

วิธีแก้ไขปริมาณตัวอย่างหรือค่าอุณหภูมิของฝาครอบสำหรับบล็อก

▶ เลือกปริมาณตัวอย่างหรือเซลล์อุณหภูมิฝาครอบสำหรับบล็อกเป้าหมาย แล้วพิมพ์ค่าใหม่ลงในเซลล์

วิธีเพิ่ม ID การทดสอบหรือบาร์โค้ดสำหรับบล็อก

▶ เลือกเซลล์ ID/บาร์โค้ดสำหรับบล็อกเป้าหมายและพิมพ์ ID หรือสแกนบล็อกด้วยเครื่องอ่านบาร์โค้ด

การดำเนินการทดสอบ

สำคัญ: ก่อนที่จะดำเนินการทดสอบ ให้ตรวจสอบให้แน่ใจว่าซอฟต์แวร์ป้องกันไวรัสของคอมพิวเตอร์ของคุณจะไม่เริ่มการสแกนในระหว่างการทดสอบ โปรดดูการติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx SE ในหน้า 33 และพบผู้ดูแลระบบของคุณสำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

วิธีดำเนินการทดสอบ

1 ในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ให้ตรวจสอบรายละเอียดของเพลตและโปรโตคอลในหัวข้อ Run Information (ข้อมูลการทดสอบ)

2 (ไม่บังคับ) เพิ่มบันทึกเกี่ยวกับการดำเนินการหรือการทดสอบในกล่องข้อความ Notes (บันทึก)

3 เลือกช่องทำเครื่องหมายของบล็อกอย่างน้อยหนึ่งบล็อกที่จะดำเนินการทดสอบ

เคล็ดลับ: หากต้องการดำเนินการทดสอบในบล็อกทั้งหมด ให้เลือก Select All Blocks (เลือกบล็อกทั้งหมด) ที่อยู่ใต้ตาราง Selected Blocks (บล็อกที่เลือก)

4 (ตัวเลือก) คลิก Flash Block Indicator (ตัวบ่งชี้บล็อกกระพริบ) เพื่อกะพริบไฟ LED แสดงสถานะบนบล็อกเครื่องมือที่เลือก

5 ใส่เพลตที่จะทำการทดสอบลงในบล็อก

   a คลิก Open Lid (เปิดฝา) ฝาครอบมอเตอร์ของแต่ละบล็อกที่เลือกจะเปิดขึ้น

   b ใส่เพลตที่จะทำการทดสอบลงในแต่ละบล็อกที่เลือก

c คลิก Close Lid (ปิดฝา)

เคล็ดลับ: บน CFX Opus Dx system แตะ Open Lid (เปิดฝาครอบ) หรือ Close Lid (ปิดฝาครอบ) บนหน้า Home (หน้าหลัก)

6 คลิก Open Lid (เปิดฝาครอบ) และ Close Lid (ปิดฝาครอบ) เพื่อเปิดและปิดฝาครอบมอเตอร์ของแต่ละบล็อกเครื่องมือที่เลือก

7 ดูรายละเอียดการการทดสอบ และทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากรายละเอียดถูกต้อง ให้คลิก Start Run (เริ่มการทดสอบ)
- หากรายละเอียดไม่ถูกต้อง
  - แก้ไขรายละเอียดให้ถูกต้องในตาราง Selected Blocks (บล็อกที่เลือก) และคลิก Start Run (เริ่มการทดสอบ)
  - กลับไปยังแท็บที่ถูกต้องและทำการเปลี่ยนแปลงที่เหมาะสม บันทึกการเปลี่ยนแปลงแล้วคลิก Next (ถัดไป) เพื่อกลับไปที่แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) และเริ่มต้นการดำเนินการทดสอบ

วิธีเริ่มต้นการทดสอบใหม่จากการทดสอบก่อนหน้า

▶ โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก File (ไฟล์) > Repeat a Run (ทำการทดสอบซ้ำ) ในแถบเมนูซอฟต์แวร์หลัก ค้นหาและคลิกสองครั้งที่ไฟล์ข้อมูลการทดสอบที่คุณต้องการจะทำซ้ำ
- เลือกแท็บ Repeat Run (ทำการทดสอบซ้ำ) ใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) และคลิกสองครั้งที่ไฟล์ข้อมูลการทดสอบของการทดสอบที่คุณต้องการจะทำซ้ำ

  หรืออีกทางเลือกหนึ่ง ในแท็บ Repeat Run (ทำการทดสอบซ้ำ) คุณสามารถคลิก Browse (เรียกดู) แล้วค้นหาและดับเบิลคลิกที่ไฟล์ข้อมูลการทดสอบที่คุณต้องการจะทำซ้ำ

กล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ)

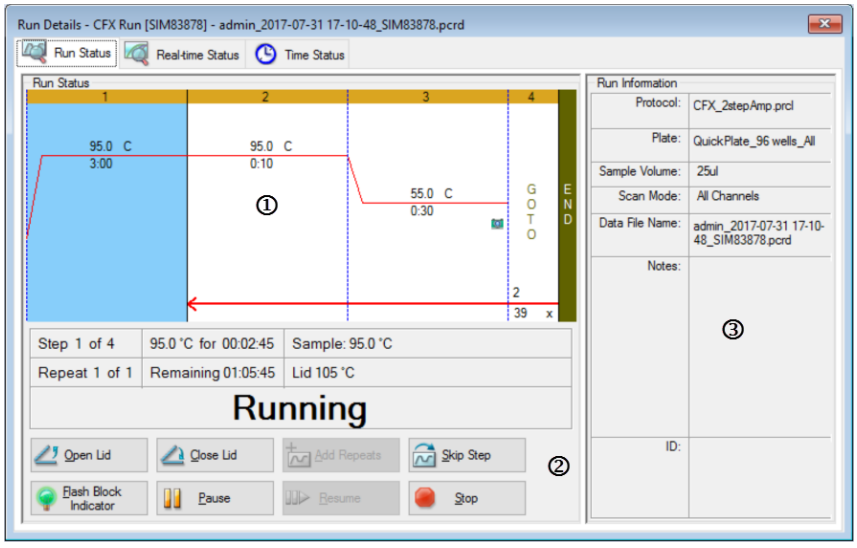
เมื่อคุณคลิก Start Run (เริ่มการทดสอบ) CFX Maestro Dx SE จะแจ้งให้คุณบันทึกไฟล์ข้อมูล (.pcrd) เริ่มการทดสอบ และเปิดกล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) กล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) ประกอบด้วยแท็บสถานะ 3 แท็บ

- **Run Status (สถานะการทดสอบ)** — ใช้แท็บนี้เพื่อดูสถานะปัจจุบันของโปรโตคอล เปิดหรือปิดฝาครอบ หยุดการทดสอบชั่วคราว เพิ่มการทำซ้ำ ข้ามขั้นตอน หรือหยุดการทดสอบ
- **Real-time Status (สถานะเรียลไทม์)** — ใช้แท็บนี้เพื่อดูข้อมูลสารเรืองแสงของ PCR แบบเรียลไทม์ตามที่มีการเก็บรวบรวม
- **Time Status (สถานะเวลา)** — ใช้แท็บนี้เพื่อดูตัวจับเวลาถอยหลังแบบเต็มหน้าจอสำหรับโปรโตคอล

คำอธิบายโดยละเอียดสำหรับแท็บเหล่านี้อยู่ในหัวข้อต่อไป

แท็บสถานะการทดสอบ

แท็บ Run Status (สถานะการทดสอบ) จะแสดงสถานะปัจจุบันของการทดสอบที่กำลังดำเนินการอยู่ ในมุมมองนี้ คุณยังสามารถควบคุมฝาครอบและเปลี่ยนการทดสอบที่กำลังดำเนินการอยู่ได้



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	Run Status Pane (บานหน้าต่างสถานะการทดสอบ) แสดงการดำเนินการปัจจุบันของโปรโตคอล
2	Run Status Controls (ควบคุมสถานะการทดสอบ) ช่วยให้คุณสามารถใช้งานเครื่องมือหรือขัดขวางโปรโตคอลปัจจุบันได้
3	Run Information Pane (บานหน้าต่างข้อมูลการทดสอบ) แสดงรายละเอียดการทดสอบ

คำสั่ง Run Status (เรียกดูสถานะการทำงาน)

ใช้คำสั่งในแท็บ Run Status (สถานะการทดสอบ) เพื่อใช้งานอุปกรณ์จากซอฟต์แวร์หรือเปลี่ยนการทดสอบที่กำลังดำเนินอยู่

หมายเหตุ: ทำการเปลี่ยนแปลงโปรโตคอลระหว่างการทดสอบ เช่น การเพิ่มการทำซ้ำ แต่อย่าเปลี่ยนไฟล์โปรโตคอลที่เกี่ยวข้องกับการทดสอบ การดำเนินการเหล่านี้จะถูกบันทึกใน Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ)

— เปิดฝาครอบมอเตอร์บนอุปกรณ์ที่เลือก

สำคัญ: การเปิดฝาครอบระหว่างการทดสอบจะเป็นการหยุดการทดสอบชั่วคราวในขั้นตอนปัจจุบันและอาจทำให้ข้อมูลเปลี่ยนแปลงไป คำสั่ง Run Status (เรียกดูสถานะการทำงาน) ในหน้า 171

— ปิดฝาครอบมอเตอร์บนอุปกรณ์ที่เลือก

— เพิ่มการทำซ้ำให้กับขั้นตอนคำสั่ง GOTO ปัจจุบันในโปรโตคอล มีตัวเลือกนี้ในกรณีที่การทดสอบกำลังดำเนินการในขั้นตอนคำสั่ง GOTO เท่านั้น

หมายเหตุ: คุณสามารถเพิ่มการทำซ้ำได้ในขณะที่อยู่ในรอบ GOTO เมื่อโปรโตคอลกำลังดำเนินการอยู่ อย่างไรก็ตาม CFX Maestro Dx SE จะรับรู้การเปลี่ยนแปลงล่าสุดในจำนวนครั้งที่ทำซ้ำ ตัวอย่างเช่น หากคุณเพิ่มการทำซ้ำอีก 10 ครั้งในระหว่างที่อยู่ในรอบ GOTO ซอฟต์แวร์จะเปลี่ยนจำนวนทั้งหมดเป็น n + 10 หากคุณเพิ่มการทำซ้ำอีกห้า (5) ครั้งในขณะที่อยู่ในรอบเดียวกัน CFX Maestro จะเปลี่ยนจำนวนการทำซ้ำทั้งหมดเป็น n + 5 การเปลี่ยนแปลงครั้งแรก (การทำซ้ำ 10 ครั้ง) จะตกไป เพื่อให้แน่ใจว่าซอฟต์แวร์ดำเนินการตามจำนวนการทำซ้ำที่ต้องการ ให้ป้อนจำนวนทั้งหมด (ในกรณีนี้คือการทำซ้ำ 15 ครั้ง)

— ข้ามขั้นตอนปัจจุบันในโปรโตคอล

หมายเหตุ: หากคุณเริ่มการข้ามขณะอยู่ในขั้นตอน GOTO ระบบจะข้ามไปยังรอบถัดไปในลูป GOTO หากรอบสุดท้ายของขั้นตอน GOTO กำลังดำเนินอยู่ขณะที่คุณทำการข้าม ระบบจะข้ามไปยังขั้นตอนถัดไป

— ไฟ LED กะพริบบนอุปกรณ์ที่เลือกเพื่อระบุบล็อกที่เลือก

— หยุดโปรโตคอลชั่วคราว

หมายเหตุ: การดำเนินการนี้จะถูกบันทึกใน Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ)

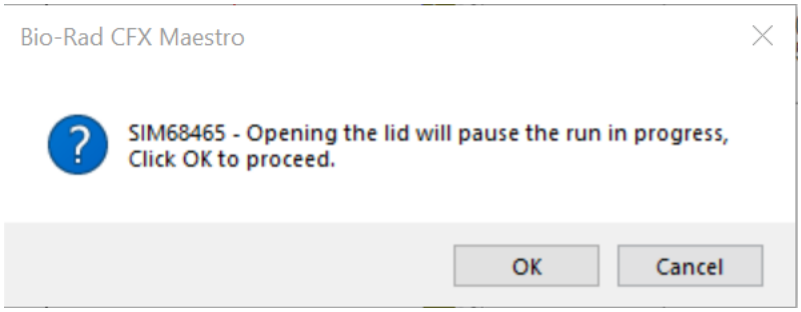
— ให้โปรโตคอลที่หยุดชั่วคราวกลับมาทำงาน

— หยุดการทำงานก่อนโปรโตคอลสิ้นสุด

หมายเหตุ: การหยุดการทำงานก่อนโปรโตคอลสิ้นสุดอาจทำให้ข้อมูลของคุณเปลี่ยนแปลงไป

เปิดฝาครอบของเครื่องมือระหว่างการทดสอบ PCR

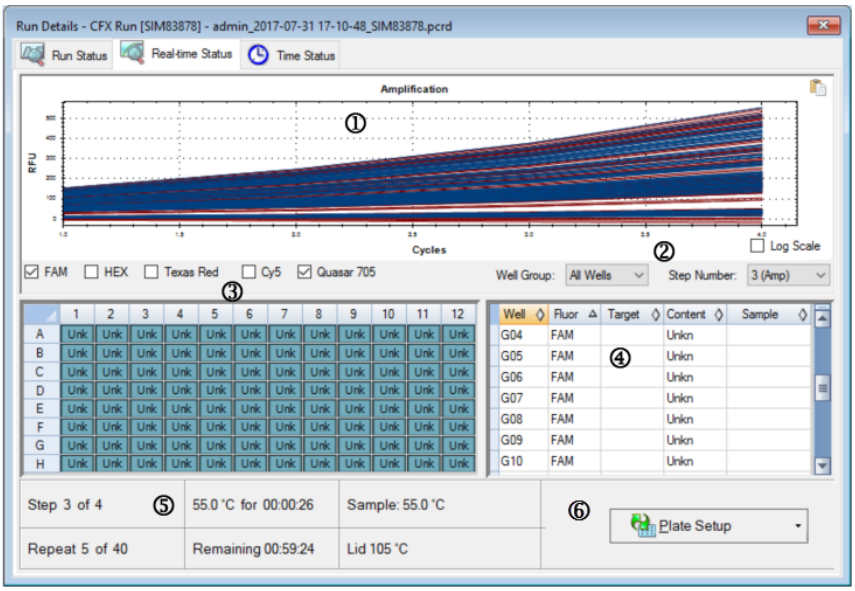
หากเปิดฝาครอบของเครื่องมือระหว่างการทดสอบ PCR CFX Maestro Dx SE จะแสดงข้อความยืนยันต่อไปนี้:



ขณะที่ข้อความปรากฏขึ้น เครื่องมือจะยังคงดำเนินการกับโปรโตคอลต่อไป ปุ่ม OK (ตกลง) จะหยุดการทดสอบชั่วคราว และฝาครอบของเครื่องมือจะคลายและเปิดออก ปุ่ม Cancel (ยกเลิก) จะยกเลิกข้อความและดำเนินการทดสอบต่อไป

แท็บสถานะเรียลไทม์

แท็บ Real-time Status (สถานะเรียลไทม์) แสดงข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์ที่เก็บรวบรวมได้ในแต่ละรอบในระหว่างทำการทดสอบหลังจากที่มีการอ่านค่าสองเพลตแรก



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	Amplification Trace Pane (หน้าต่างการติดตามการเพิ่มปริมาณ) แสดงข้อมูลการเพิ่มปริมาณแบบเรียลไทม์ในระหว่างทำการทดสอบ
2	Well Group Identifier (ตัวระบุกลุ่มหลุม) หากมีการระบุกลุ่มหลุมในการตั้งค่าเพลต ผู้ใช้สามารถเลือกกลุ่มหลุมที่เฉพาะเจาะจงเพื่อดูการติดตาม หลุม และข้อมูลแบบตารางได้ Step Number Identifier (ตัวระบุหมายเลขขั้นตอน) หากโปรโตคอลเก็บข้อมูลที่ขั้นตอนมากกว่าหนึ่งขั้นตอน (เช่น ในขณะที่ทำการเพิ่มปริมาณและ Melt Curve) ผู้ใช้สามารถเลือกขั้นตอนที่เฉพาะเจาะจงและดูการติดตามที่เก็บรวบรวมได้ในขั้นตอนนั้นได้
3	Well Selector Pane (บานหน้าต่างตัวเลือกหลุม) แสดงหลุมที่ใช้งาน ไม่ได้ใช้งาน และไม่มีสารในเพลต
4	Plate Setup Table Pane (บานหน้าต่างตารางการตั้งค่าเพลต) แสดงการตั้งค่าเพลตในรูปแบบตาราง

5	Run Details Pane (บานหน้าต่างรายละเอียดการทดสอบ) แสดงสถานะเรียลไทม์ของการทดสอบ ซึ่งประกอบด้วยรายการต่อไปนี้ ■ Current Step (ขั้นตอนปัจจุบัน) ■ Current Repeat (การทำซ้ำในปัจจุบัน) ■ Current Temperature (อุณหภูมิปัจจุบัน) ■ Time Remaining (เวลาที่เหลืออยู่) ■ Sample Temperature (อุณหภูมิของตัวอย่าง) ■ Lid temperature (อุณหภูมิฝาครอบ)
6	Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) เปิดกล่องโต้ตอบ Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) ซึ่งผู้ใช้สามารถปรับเปลี่ยนการตั้งค่าเพลตปัจจุบันในระหว่างทำการทดสอบได้

ในแท็บ Real-time Status (สถานะเรียลไทม์) คุณสามารถทำดังนี้

- แสดงหรือซ่อนการติดตามแบบเรียลไทม์โดยเลือกการติดตามในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุมหรือตารางการตั้งค่าเพลต
- ดูการติดตามหนึ่งรายการหรือเป็นกลุ่มโดยเลือกการติดตามในกลุ่มหลุมแบบเลื่อนลง
- แก้ไขเพลตหรือเปลี่ยนไฟล์เพลต
- ใช้ไฟล์ PrimePCR ในการทดสอบ

การแสดงหรือซ่อนการติดตามแบบเรียลไทม์

ตามค่าเริ่มต้น หลุมที่มีสารอยู่ทั้งหมดจะทำงานและปรากฏในตารางการตั้งค่าเพลต หลุมที่ทำงานจะปรากฏเป็นสีน้ำเงินในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม หลุมที่ซ่อนอยู่จะปรากฏเป็นสีเทาอ่อน และหลุมที่ไม่ได้ใช้จะปรากฏเป็นสีเทาเข้มในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม

คุณสามารถซ่อนการติดตามจากหลุมที่ใช้งานอยู่ในระหว่างทำการทดสอบได้ โดย CFX Maestro Dx SE ยังคงรวบรวมข้อมูลสำหรับทุกหลุมต่อไป เมื่อคุณซ่อนหลุม ข้อมูลของหลุมที่ซ่อนจะไม่ปรากฏในตารางการตั้งค่าเพลต

วิธีซ่อนการติดตามแบบเรียลไทม์

▶ ในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม ให้คลิกหลุมที่ทำงาน (สีฟ้า) ที่คุณต้องการจะซ่อน

วิธีแสดงการติดตามแบบเรียลไทม์

▶ ในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม ให้คลิกหลุมที่ซ่อน (สีเทาอ่อน) ที่คุณต้องการจะแสดง

โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับตัวเลือกหลุมได้ที่ ตัวเลือกหลุม ในหน้า 193

การแก้ไข Plate Setup (การตั้งค่าเพลต)

วิธีแก้ไขการตั้งค่าเพลต

▶ คลิก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) แล้วเลือก View/Edit Plate (ดู/แก้ไขเพลต)

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะปรากฏขึ้น ซึ่งคุณสามารถแก้ไขเพลตได้ขณะที่กำลังดำเนินการทดสอบอยู่ สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการแก้ไขเพลต โปรดดูบทที่ 8, การเตรียมเพลต

หมายเหตุ: นอกจากนี้ คุณยังสามารถแก้ไขรูปแบบการติดตามได้จากหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) การเปลี่ยนแปลงจะปรากฏขึ้นในแผนภาพลักษณะการติดตามการเพิ่มปริมาณในแท็บ Real-time Status (สถานะแบบเรียลไทม์)

การเปลี่ยนไฟล์เพลต

เคล็ดลับ: การเปลี่ยนไฟล์เพลตจะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งหากคุณเริ่มทำการทดสอบด้วยไฟล์ Quick Plate (เพลตด่วน) ในโฟลเดอร์ ExpressLoad

วิธีเปลี่ยนไฟล์เพลต

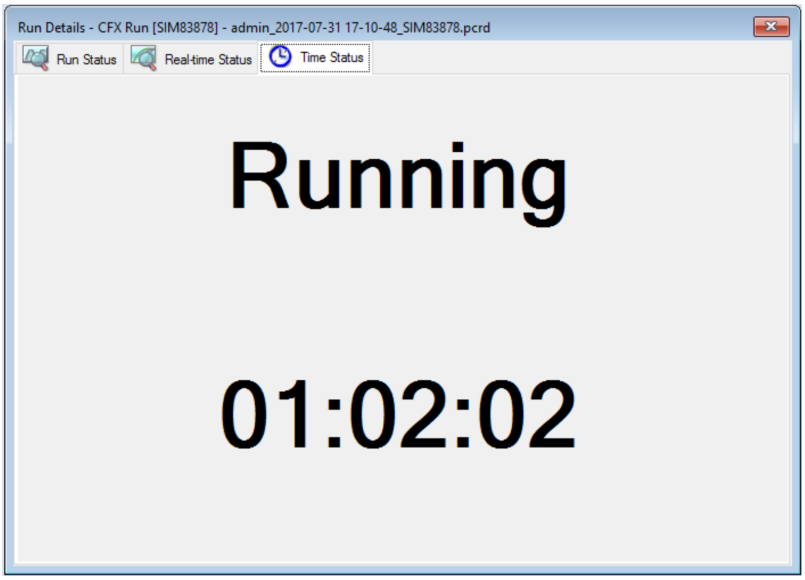
▶ คลิก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) แล้วเลือกตัวเลือกใดตัวเลือกหนึ่งต่อไปนี้

- Replace Plate File (เปลี่ยนไฟล์เพลต) — เลือกไฟล์เพลตใหม่จากรายการในหน้าต่างเบราว์เซอร์
- Apply PrimePCR File (ใช้ไฟล์ PrimePCR) — ค้นหาไฟล์การทดสอบที่จะได้เค้าโครงเพลตมาโดยใช้การค้นหาแบบสมาร์ทหรือคลิก Browse (เรียกดู) เพื่อค้นหาไฟล์ที่คุณดาวน์โหลดจากเว็บไซต์ Bio-Rad และไฟล์ที่ไม่ได้อยู่ในโฟลเดอร์ PrimePCR

หมายเหตุ: CFX Maestro Dx SE จะตรวจสอบโหมดการสแกนและขนาดเพลตสำหรับไฟล์เพลต ซึ่งจะต้องเป็นไปในลักษณะเดียวกันกับการตั้งค่าการทดสอบสำหรับให้การทดสอบเริ่มทำงาน

แท็บ Time Status (สถานะเวลา)

แท็บ Time Status (สถานะเวลา) แสดงเวลาที่เหลืออยู่ที่จะทำการทดสอบปัจจุบันให้เสร็จสิ้น



การดำเนินการทดสอบ PrimePCR

การทดลอง PrimePCR จะใช้การวิเคราะห์แบบตามเส้นทาง (Pathway) หรือเฉพาะโรค (Disease-Specific) ที่ Bio-Rad ได้ตรวจสอบและปรับค่า Wet-Lab แล้ว โดยสามารถใช้งานได้ในรูปแบบต่อไปนี้

- แผงอเนกประสงค์ — คือเพลตที่ประกอบไปด้วยการวิเคราะห์เฉพาะสำหรับเส้นทางหรือโรคทางชีววิทยา ซึ่งประกอบไปด้วยการควบคุม PrimePCR และยีนอ้างอิง
- แผงกำหนดค่าตามประสงค์ — คือเพลตที่สามารถตั้งค่าได้ในเค้าโครงที่กำหนดโดยผู้ใช้ พร้อมกับตัวเลือกในการเลือกการวิเคราะห์ตามความสนใจ การควบคุม และการอ้างอิงที่ต้องการ
- การวิเคราะห์แบบแยก — คือหลอดแก้วที่ประกอบไปด้วยการไพรเมอร์เฉพาะสำหรับการใช้งานในการทำปฏิกริยาแบบเรียลไทม์

หากต้องการลดเวลาการทำงานโดยรวม คุณสามารถลบขั้นตอนการหลอมละลายในโปรโตคอลได้ Bio-Rad แนะนำไม่ให้คุณปรับเปลี่ยนสิ่งใดเพิ่มเติมไปยังโปรโตคอลการทดลอง PrimePCR โปรโตคอลเริ่มต้นเป็นโปรโตคอลที่ใช้งานสำหรับตรวจสอบการวิเคราะห์ การเปลี่ยนแปลงค่าไปจากนี้อาจส่งผลต่อผลลัพธ์ที่ได้ การเปลี่ยนแปลงที่เกิดกับโปรโตคอลจะถูกทำเป็นหมายเหตุไว้ที่แท็บ Run Information (ข้อมูลการทดสอบ) ของไฟล์ข้อมูลผลลัพธ์และในรายงานใด ๆ ที่ถูกสร้างขึ้น

วิธีเริ่มต้นทดสอบ PrimePCR

▶ หากต้องการเริ่มต้นทดสอบ PrimePCR ให้ดำเนินการหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) เลือก PrimePCR ที่แท็บ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) แล้วเลือกสารเคมีที่เหมาะสม (SYBER® หรือโพรบ)
- เลือกการทดลอง PrimePCR จากรายการ Recent Runs (การทดสอบล่าสุด) ที่แท็บ Repeat Run (การทดสอบซ้ำ) ใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > PrimePCR Run (การทดลอง PrimePCR) ที่หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- ลากและวางไฟล์การทดลอง PrimePCR บนหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

หลังจากที่คุณเลือกการทดสอบ PrimePCR แล้ว หน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดขึ้นที่แท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ) พร้อมกับเค้าโครงเพลต PrimePCR เริ่มต้นที่โหลดไว้ตามอุปกรณ์ที่เลือก

วิธีลบขั้นตอนการหลอมละลายในโปรโตคอล

▶ ที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล) ให้ยกเลิกการทำเครื่องหมายในช่องที่อยู่ติดกับรายการ Include Melt Step (รวมขั้นตอนการหลอมละลาย)

วิธีนำเข้าข้อมูลเป้าหมายสำหรับเพลต PrimePCR ไปยังเค้าโครงเพลต

1 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ที่แท็บ Real-time Status (สถานะแบบเรียลไทม์) ในกล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) ให้เลือก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) > Apply PrimePCR File (ใช้ไฟล์ PrimePCR)
- ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้เลือก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) > Apply PrimePCR File (ใช้ไฟล์ PrimePCR)

2 ในกล่องโต้ตอบไฟล์การทดสอบ PrimePCR ให้คลิก Browse (เรียกดู) เพื่อไปยังไฟล์ PrimePCR (.csv) ที่เหมาะสม

3 เลือกไฟล์ PrimePCR ที่ต้องการและคลิก Open (เปิด)

CFX Opus Dx systemนำเข้าข้อมูลเป้าหมายไปยังเค้าโครงเพลต

การถ่ายโอนข้อมูลสแตนด์อะโลนเพื่อการวิเคราะห์

สำคัญ: เมื่อคุณถ่ายโอนไฟล์ข้อมูลจาก CFX Opus Dx system ไปยัง CFX Maestro Dx SE ไฟล์ทั้งหมดที่บันทึกไว้ในระบบจะถูกถ่ายโอน ตรวจสอบให้แน่ใจว่าคุณมีเนื้อที่ว่างเพียงพอที่จะทำการถ่ายโอนข้อมูลได้อย่างปลอดภัย

เมื่อการทดสอบเสร็จสิ้น CFX Maestro Dx SE จะวิเคราะห์ข้อมูลสารเรืองแสง หากทำการทดสอบในโหมดCFX Maestro Dx SEสแตนด์อะโลนและบันทึกลงในเครื่อง CFX Opus Dx system เองแล้ว ต้องถ่ายโอนข้อมูลไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE เพื่อทำการวิเคราะห์

CFX Opus Dx system สามารถจัดเก็บการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์ได้ถึง 100 ครั้ง หลังการทดสอบเสร็จสิ้น CFX Maestro Dx SEคุณสามารถถ่ายโอนไฟล์ข้อมูลสแตนด์อะโลนไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE ผ่านอีเมล CFX Maestro Dx SEไดรฟ์ USB หรือผ่านซอฟต์แวร์ได้

ในส่วนนี้จะอธิบายวิธีการถ่ายโอนไฟล์ข้อมูลสแตนด์อะโลนไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE

การถ่ายโอนข้อมูลผ่านอีเมล

วิธีการส่งอีเมลไฟล์ข้อมูลเมื่อสิ้นสุดการทดสอบ

1 ตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมลสำหรับเครื่องมือ

โปรดดูการตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมล ในหน้า 79 หรือ CFX Opus Dx Real-Time PCR System คู่มือการใช้งาน

2 เมื่อคุณตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมล ให้ตรวจสอบให้แน่ใจว่าได้เลือก Attach Data File (แนบไฟล์ข้อมูล) ไว้แล้ว

ข้อมูลการทดสอบจะส่งทางอีเมลเป็นไฟล์ .pcrd

การถ่ายโอนข้อมูลจาก CFX Opus Dx Real-Time PCR System

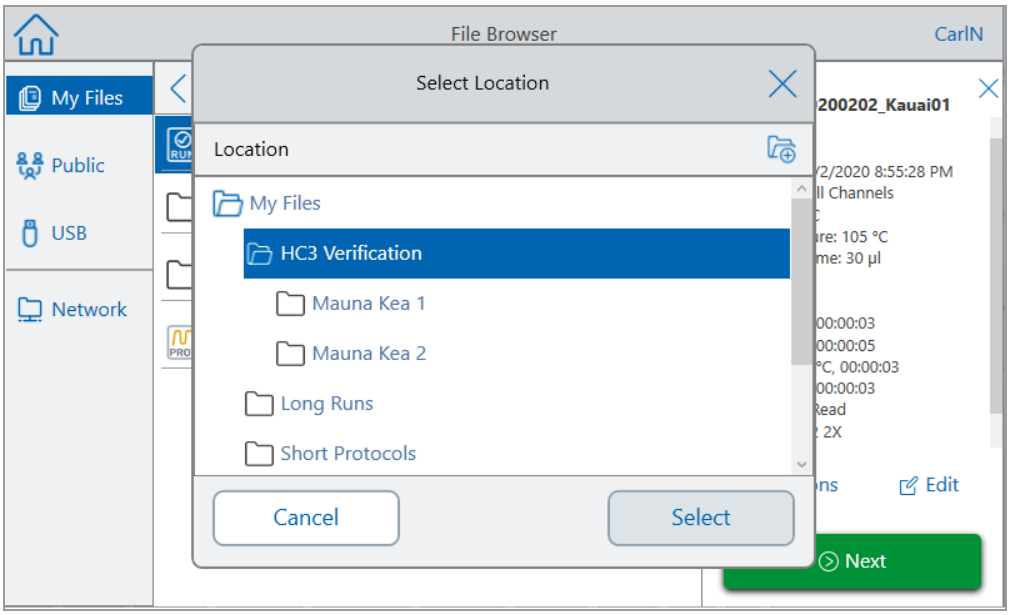
การใช้คุณสมบัติ File Browser บน CFX Opus Dx system คุณสามารถถ่ายโอนไฟล์ข้อมูลไปยังไดรฟ์ USB ที่เชื่อมต่อหรือไปยังโฟลเดอร์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันได้ คุณยังสามารถถ่ายโอนไฟล์โปรโตคอลของ CFX Maestro Dx SE จากไดรฟ์ USB หรือไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันไปยังโฟลเดอร์ของคุณหรือโฟลเดอร์สาธารณะบน CFX Opus Dx system และทดสอบบน CFX Opus Dx system ได้

เคล็ดลับ: ส่วนนี้อธิบายถึงวิธีการถ่ายโอนข้อมูล สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการตั้งค่าการเชื่อมต่อ Ethernet โปรดดูที่การใช้งาน คำแนะนำเครื่องมือ CFX Opus Dx Real-Time PCR System ได้ในเมนูช่วยเหลือ CFX Maestro Dx SE

1 บนหน้าจอหลักของ CFX Opus Dx system ให้แตะ Files (ไฟล์) เพื่อดูหน้าจอ File Browser

2 ในหน้าจอ File Browser ให้ไปที่ไฟล์ที่คุณต้องการคัดลอก จากนั้นแตะไฟล์เพื่อดูบานหน้าต่างรายละเอียดไฟล์

3 ในแถบหน้าต่างรายละเอียดไฟล์ ให้แตะ Options (ตัวเลือก) แล้วแตะ Copy (คัดลอก)



กล่องโต้ตอบเลือกตำแหน่งจะปรากฏขึ้น

4 ในกล่องโต้ตอบเลือกตำแหน่ง ให้เลือกทำอย่างใดอย่างหนึ่งต่อไปนี้:

- ไปที่โฟลเดอร์ที่มีอยู่
- ไปที่ตำแหน่งที่ต้องการเพื่อสร้างโฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์ จากนั้นแตะ Create Folder (สร้างโฟลเดอร์) () เพื่อสร้างโฟลเดอร์ใหม่ในตำแหน่งนั้น

5 แตะ Select (เลือก) เพื่อคัดลอกไฟล์ไปยังตำแหน่งที่เลือกหรือ Cancel (ยกเลิก) เพื่อกลับไปที่หน้าจอ File Browser

หมายเหตุ: หากมีไฟล์ที่มีชื่อเดียวกันอยู่ในตำแหน่งที่เลือก กล่องข้อความจะปรากฏขึ้น แตะ Yes (ใช่) เพื่อเขียนทับไฟล์ที่มีอยู่หรือ No (ไม่ใช่) เพื่อกลับไปที่หน้าจอ File Browser

CFX Opus Dx system จะแสดงข้อความยืนยันเมื่อคัดลอกไฟล์สำเร็จ

การถ่ายโอนข้อมูลผ่าน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

วิธีถ่ายโอนข้อมูลผ่าน CFX Maestro Dx SE

1 ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้คลิกขวาที่เครื่องมือเป้าหมายและเลือก Retrieve Data Files (เรียกไฟล์ข้อมูล)

CFX Maestro Dx SE จะแสดงกล่องโต้ตอบ Browse For Folder (เรียกดูโฟลเดอร์)

2 ในกล่องโต้ตอบ Browse For Folder (เรียกดูโฟลเดอร์) ให้เรียกดูตำแหน่งที่คุณต้องการบันทึกไฟล์ข้อมูลและคลิก OK (ตกลง)

กระบวนการโอนย้ายจะสร้างโฟลเดอร์ที่ชื่อว่า Real-Time Data (ข้อมูลเรียลไทม์) ในตำแหน่งที่เลือก ข้อมูลการทดสอบจะถูกบันทึกลงในโฟลเดอร์ Real-Time Data (ข้อมูลเรียลไทม์) เป็นไฟล์ .zpcr แยกต่างหาก

การถ่ายโอนข้อมูลโดยใช้ไดรฟ์ USB

หากคุณใส่ USB ไดรฟ์ในพอร์ต USB บนเครื่องมือ ไฟล์ข้อมูลจะถูกบันทึกลงในไดเรกทอรีรากของไดรฟ์ USB โดยอัตโนมัติเมื่อการทดสอบเสร็จสิ้น คุณสามารถค้นหาไฟล์ข้อมูลที่บันทึกก่อนหน้านี้และบันทึกในไดรฟ์ USB ที่เสียบอยู่ได้

วิธีถ่ายโอนไฟล์ข้อมูลไปยังไดรฟ์ USB ที่เชื่อมต่อบน CFX Opus Dx system

▶ ในกล่องโต้ตอบ Select Location (เลือกตำแหน่ง) ให้แตะ USB และไปที่โฟลเดอร์เป้าหมายที่จะคัดลอกไฟล์ หรือกด Cancel (ยกเลิก) เพื่อกลับไปที่หน้าจอ File Browser

หมายเหตุ: หากมีไฟล์ที่มีชื่อเดียวกันอยู่ในตำแหน่งที่เลือก กล่องโต้ตอบจะปรากฏขึ้น แตะ Yes (ใช่) เพื่อเขียนทับไฟล์ที่มีอยู่หรือ No (ไม่ใช่) เพื่อกลับไปที่หน้าจอ File Browser

CFX Opus Dx system จะแสดงข้อความยืนยันเมื่อคัดลอกไฟล์สำเร็จ

การถ่ายโอนข้อมูลผ่านไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันโดยใช้ CFX Opus Dx Real-Time PCR System

เคล็ดลับ: คุณสามารถถ่ายโอนข้อมูลไปยังและจากไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันผ่านทาง CFX Opus Dx system ได้เท่านั้น

CFX Opus Dx system ช่วยให้คุณสามารถเชื่อมต่อกับไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันโดยใช้อีเธอร์เน็ต เมื่อเชื่อมต่อสำเร็จแล้ว คุณสามารถโอนไฟล์ข้อมูลไปยังหรือจากโฟลเดอร์ในไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกันได้

วิธีถ่ายโอนข้อมูลไปยังและจากไดรฟ์บนเครือข่ายที่ใช้ร่วมกัน

▶ ในกล่องโต้ตอบ Select Location (เลือกตำแหน่ง) ให้แตะ Network (เครือข่าย) และไปที่โฟลเดอร์เป้าหมายที่จะคัดลอกไฟล์ หรือกด Cancel (ยกเลิก) เพื่อกลับไปที่หน้าจอ File Browser

หมายเหตุ: หากมีไฟล์ที่มีชื่อเดียวกันอยู่ในตำแหน่งที่เลือก กล่องโต้ตอบจะปรากฏขึ้น แตะ Yes (ใช่) เพื่อเขียนทับไฟล์ที่มีอยู่หรือ No (ไม่ใช่) เพื่อกลับไปที่หน้าจอ File Browser

CFX Opus Dx system จะแสดงข้อความยืนยันเมื่อคัดลอกไฟล์สำเร็จ

การสร้างไฟล์ข้อมูล

ในการวิเคราะห์ข้อมูลที่ถ่ายโอนจากเครื่องมือไปยังคอมพิวเตอร์ที่มี CFX Maestro Dx SE ไฟล์ข้อมูลที่บีบอัด (ไฟล์ .zpcr) ต้องถูกแปลงเป็นไฟล์ข้อมูล (ไฟล์ .pcrd) โดย CFX Maestro Dx SE จะแปลงไฟล์ .zpcr เป็นไฟล์ .pcrd จากนั้นจะเลือกไฟล์เพลตที่มีโหมดสแกนและขนาดเพลตเหมือนกันและนำไปใช้กับไฟล์ .pcrd

วิธีสร้างไฟล์ข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลแบบสแตนด์อะโลน

1 ใน CFX Maestro Dx SE ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- ค้นหาไฟล์ .zpcr ที่ต้องการแล้วลากไปยังหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ของ CFX Maestro Dx SE
- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Stand-alone Run (ดำเนินการแบบสแตนด์อะโลน) แล้วเลือกไฟล์เป้าหมาย

CFX Maestro Dx SE จะแสดงกล่องข้อความ Save As (บันทึกเป็น)

2 ไปยังโฟลเดอร์ที่คุณวางแผนจะบันทึกไฟล์ .pcrd แล้วคลิก Save (บันทึก)

หลังจากคุณบันทึกไฟล์ .pcrd CFX Maestro Dx SE เปิดหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แล้วแสดงข้อมูลผลลัพธ์

บทที่ 10 ภาพรวมการวิเคราะห์ข้อมูล

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ประมวลผลข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์โดยอัตโนมัติเมื่อสิ้นสุดการทดสอบแต่ละครั้ง และเปิดหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เพื่อแสดงข้อมูลเหล่านี้ (ไฟล์ .pcrd)

- ลากไฟล์ข้อมูล (นามสกุล .pcrd) มาที่หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) แล้วปล่อย
- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Data File (ไฟล์ข้อมูล) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) และเรียกดูไฟล์ .pcrd เป้าหมาย
- เลือก File (ไฟล์) > Recent Data Files (ไฟล์ข้อมูลล่าสุด) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เพื่อเลือกจากรายการไฟล์ข้อมูลที่เปิดล่าสุด 10 รายการ
- เลือกแท็บ Analyze (วิเคราะห์) ใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) และเลือกจาก Recent Files (ไฟล์ล่าสุด) หรือคลิก Browse (เรียกดู) เพื่อค้นหาไฟล์ข้อมูล

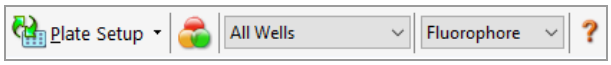
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แสดงแท็บหลายแท็บ แต่ละแท็บแสดงข้อมูลที่มีการวิเคราะห์สำหรับวิธีการวิเคราะห์เฉพาะหรือข้อมูลที่มีการเรียกใช้เฉพาะ แท็บจะปรากฏขึ้นเฉพาะเมื่อมีข้อมูลที่รวบรวมในการทดสอบสำหรับการวิเคราะห์ประเภทดังกล่าวเท่านั้น

เคล็ดลับ: หากต้องการเลือกแท็บให้แสดงผล เลือกแท็บจากเมนูแบบเลื่อนลง View (ดู) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ในการกลับสู่เค้าโครงของแท็บเดิม เลือก Settings (การตั้งค่า) > Restore Default Window Layout (เรียกคืนรูปแบบหน้าต่างเริ่มต้น)

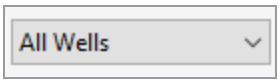
แถบเครื่องมือ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

แถบเครื่องมือในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) จะมีการเข้าถึงด่วนไปยังฟังก์ชันการวิเคราะห์ข้อมูลที่สำคัญ



ตาราง 11 แสดงรายการฟังก์ชันของปุ่มต่าง ๆ ในแถบเครื่องมือ

ตาราง 11 แถบเครื่องมือในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ปุ่ม	Name (ชื่อ)	ฟังก์ชัน
	Plate Setup (การตั้งค่าเพลต)	ดู/แก้ไขเพลต — เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) เพื่อดูและแก้ไขสารที่อยู่ในหลุม แทนที่เพลต — เลือกไฟล์เพลตเพื่อแทนที่รูปแบบเพลต นำไฟล์ PrimePCR ไปใช้ — เลือกไฟล์การทดสอบเพื่อแทนที่รูปแบบเพลตสำหรับการทดสอบ PrimePCR
	Manage Well Groups (จัดการกลุ่มหลุม)	เปิดหน้าต่าง Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) เพื่อสร้าง แก้ไข และลบกลุ่มหลุม
	Well Group (กลุ่มหลุม)	เลือกชื่อกลุ่มหลุมที่มีอยู่จากเมนูแบบเลื่อนลง การเลือกเริ่มต้นคือ All Wells (ทุกหลุม) ปุ่มนี้จะแสดงขึ้นเฉพาะเมื่อมีการสร้างกลุ่มหลุมขึ้น
	Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)	วิเคราะห์ข้อมูลในโหมด Fluorophore (สารเรืองแสง) หรือ Target (เป้าหมาย)
	Help (ช่วยเหลือ)	เปิด Help (ช่วยเหลือ) เกี่ยวกับซอฟต์แวร์ ซึ่งคุณจะพบความช่วยเหลือทางออนไลน์และสำเนาดิจิทัลของคู่มือนี้ในรูปแบบ Acrobat PDF

แถบเมนูการวิเคราะห์ข้อมูล

ตาราง 12 แสดงรายการแถบเมนูในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์สาร)

ตาราง 12 รายการแถบเมนูในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์สาร)

รายการเมนู	Command (คำสั่ง)	Function (ฟังก์ชัน)
File (ไฟล์)	Save (บันทึก)	บันทึกไฟล์
	Save As (บันทึกเป็น)	บันทึกไฟล์ด้วยชื่อใหม่
	รหัสผ่านของไฟล์	ช่วยให้ผู้ใช้สามารถตั้งรหัสผ่านสำหรับบันทึกและเปิดไฟล์
	เซ็นชื่อ	ช่วยให้ผู้ใช้สามารถเซ็นชื่อลงในไฟล์ข้อมูล
	ทำการทดสอบซ้ำ	แยกโปรโตคอลและไฟล์เพลตออกจากการดำเนินการทดสอบปัจจุบันเพื่อทำการทดสอบใหม่
	Close (ปิด)	ปิดหน้าต่างการวิเคราะห์ข้อมูล
View (ดู)	Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ)	เปิดหน้าต่าง Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ) เพื่อดูประวัติการทดสอบของไฟล์ข้อมูลปัจจุบัน
	เส้นทางการตรวจสอบ	เปิดเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์
	การหาปริมาณ, Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ), การแสดงออกของยีน, จุดสิ้นสุด, ดูข้อมูลแบบกำหนดเอง, การควบคุมคุณภาพ, ข้อมูลการทดสอบ	แสดงข้อมูลที่วิเคราะห์ในแท็บที่เลือกในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ต้องเลือกแท็บอย่างน้อยหนึ่งแท็บ

ตาราง 12 รายการแถบเมนูในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์สาร)ต่อ

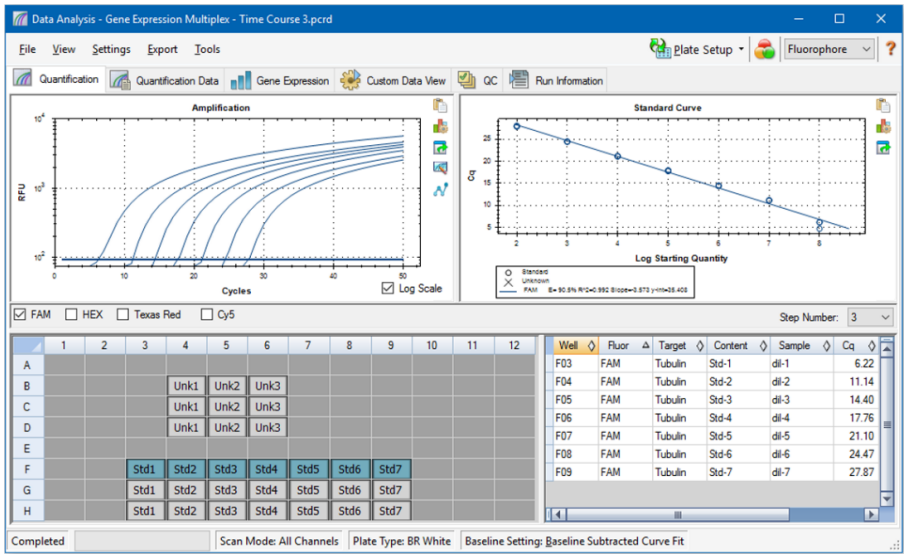
รายการเมนู	Command (คำสั่ง)	Function (ฟังก์ชัน)
การตั้งค่า	โหมดการกำหนดค่า C_q	ช่วยให้คุณสามารถเลือกโหมดรีเกรสชันหรือขีดจำกัดเดี่ยวเพื่อกำหนดวิธีการคำนวณค่า C_q สำหรับแต่ละการติดตาม
	Baseline Setting (การตั้งค่าพื้นฐาน)	ช่วยให้คุณสามารถเลือกวิธีการลบค่าพื้นฐานสำหรับกลุ่มหลุมที่เลือก
	Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)	ช่วยให้คุณสามารถทำการวิเคราะห์ข้อมูลตามสารเรืองแสงหรือตามเป้าหมาย
	จำนวนรอบที่จะวิเคราะห์	ช่วยให้คุณสามารถเลือกรอบที่จะวิเคราะห์
	Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน)	เปิดหน้าต่าง Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน) เพื่อปรับค่าพื้นฐานหรือขีดจำกัด
	Trace Styles (รูปแบบการติดตาม)	เปิดหน้าต่าง Trace Styles (รูปแบบการติดตาม)
	Plate Setup (การตั้งค่าเพลต)	เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) เพื่อดูและแก้ไขเพลต แทนที่เพลตปัจจุบันด้วยเพลตหนึ่งจากไฟล์เพลตที่ผู้ใช้กำหนดหรือไฟล์เรียกใช้ PrimePCR
	Include All Excluded Wells (รวมหลุมที่ยกเว้นทั้งหมด)	รวมหลุมที่ยกเว้นทั้งหมดเข้าไปในการวิเคราะห์
	Mouse Highlighting (การไฮไลต์ด้วยเมาส์)	เปิดหรือปิดการไฮไลต์ข้อมูลพร้อมกันโดยใช้ตัวชี้เมาส์ **เคล็ดลับ:** หากการไฮไลต์ด้วยเมาส์ปิดใช้งานอยู่ ให้กดปุ่ม Control (ควบคุม) เพื่อเปิดการไฮไลต์ชั่วคราว
	Restore Default Window Layout (เรียกคืนรูปแบบหน้าต่างเริ่มต้น)	เรียกคืนค่าการจัดหน้าต่างให้เป็นค่าเริ่มต้น

ตาราง 12 รายการแถบเมนูในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์สาร)ต่อ

รายการเมนู	Command (คำสั่ง)	Function (ฟังก์ชัน)
Export (ส่งออก)	Export All Data Sheets (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด)	ช่วยให้คุณสามารถเลือกว่าจะส่งออกมุมมองสเปรดชีตทั้งหมดจากทุกแท็บเป็น .csv หรือ .txt Excel หรือไฟล์ .xml
	Export RDML File (ส่งออกไฟล์ RDML)	ช่วยให้คุณสามารถเลือกเวอร์ชัน 1.1 หรือ 1.0 ของ RDML เพื่อส่งออกไฟล์
	Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง)	เปิดหน้าต่าง Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง) ซึ่งจะมีการระบุขอบเขตข้อมูลที่จะส่งออกและสามารถระบุรูปแบบไฟล์ได้
	Export to LIMS Folder (ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS)	เปิดหน้าต่างเพื่อบันทึกสารในรูปแบบที่กำหนดไว้ล่วงหน้าไปยังโฟลเดอร์ LIMS
	Manual Export (การส่งออกด้วยตนเอง)	เปิดหน้าต่างเพื่อระบุตำแหน่งที่จะบันทึกสารจากมุมมองสเปรดชีตทั้งหมดไปยังไฟล์ Excel ที่มีโครงสร้างสำหรับการใช้งานโดย Seegene, Inc. และ Bio-Rad Laboratories โดยเฉพาะ **เคล็ดลับ:** คุณยังสามารถเริ่มเปิด Seegene Viewer โดยอัตโนมัติเมื่อส่งออก ดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่คำสั่งเมนูเครื่องมือ ในหน้า 65
Tools (เครื่องมือ)	Reports (รายงาน)	เปิดรายงานสำหรับไฟล์ข้อมูลนี้
	Well Group Reports (รายงานกลุ่มหลุม)	เปิดหน้าต่าง Well Group Reports (รายงานกลุ่มหลุม) เพื่อสร้างรายงานสำหรับกลุ่มหลุมที่ระบุ
	Import Fluorophore Calibration (นำเข้าการสอบเทียบสารเรืองแสง)	เลือกไฟล์การปรับเทียบที่จะใช้กับไฟล์ข้อมูลปัจจุบัน
	qbase+	เปิดใช้ qbase+ v2.5 โดยตรงจากไฟล์ .pcrd ปัจจุบัน หากมีการติดตั้งไว้
	สร้างไฟล์ LIMS PLRN	บันทึกไฟล์ข้อมูลเป็นไฟล์. plrn ในรูปแบบ LIMS

รายละเอียดแท็บ

แต่ละแท็บในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) จะแสดงข้อมูลในแผนภูมิและสเปรดชีตสำหรับวิธีการวิเคราะห์เฉพาะ และมีตัวเลือกหลุมเพื่อเลือกข้อมูลที่คุณต้องการแสดง เมื่อเปิดหน้าต่างขึ้นมา Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) จะแสดงแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) โดยค่าเริ่มต้น คุณสามารถใช้ข้อมูลกราฟ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) เพื่อพิจารณาการตั้งค่าการวิเคราะห์ที่เหมาะสมสำหรับการดำเนินการทดสอบได้



หมายเหตุ: ซอฟต์แวร์จะเชื่อมโยงข้อมูลในบานหน้าต่างของแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แต่ละแท็บ ตัวอย่างเช่น หากไฮไลต์หลุมหนึ่งโดยวางตัวชี้เมาส์ไว้บนหลุมในมุมมองตัวเลือกหลุม ข้อมูลในทุกบานหน้าต่างอื่น ๆ ก็จะไฮไลต์ไปด้วย

ตัวเลือกหมายเลขขั้นตอน

เครื่อง CFX Opus Dx System สามารถรับข้อมูลการเรืองแสงได้จากหลายขั้นตอนของโปรโตคอล ซอฟต์แวร์จะเก็บรักษาข้อมูลที่ได้มาในแต่ละขั้นตอนต่างหาก CFX Maestro Dx SE จะแสดงตัวเลือกหมายเลขขั้นตอนด้านล่างแผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐานบนแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) เมื่อโปรโตคอลมีขั้นตอนการรวบรวมข้อมูลอย่างน้อยหนึ่งขั้นตอน CFX Maestro Dx SE จะแสดงข้อมูลจากขั้นตอนการรวบรวมข้อมูลครั้งแรก

หากโปรโตคอลมีขั้นตอนการรวบรวมข้อมูลมากกว่าหนึ่งขั้นตอน คุณสามารถเลือกขั้นตอนอื่นจากรายการแบบเลื่อนลงได้ ตัวอย่างเช่น

เมื่อคุณเลือกขั้นตอน ซอฟต์แวร์จะใช้การเลือกดังกล่าวกับข้อมูลทั้งหมดที่แสดงในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

การดูกลุ่มหลุมในการวิเคราะห์ข้อมูล

หลุมในเพลตจะสามารถจัดกลุ่มเป็นกลุ่มย่อยสำหรับการวิเคราะห์โดยใช้กลุ่มหลุมได้อย่างอิสระ เมื่อคุณสร้างกลุ่มหลุม ชื่อของกลุ่มเหล่านี้จะปรากฏในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) รายการแบบเลื่อนลง Well Groups (กลุ่มหลุม) บนแถบเครื่องมือ

หากคุณสร้างกลุ่มหลุม ซอฟต์แวร์จะแสดงค่ากลุ่มหลุมเริ่มต้น All Wells (ทุกหลุม) เมื่อคุณเปิดหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เพื่อแสดงข้อมูลในหลุมทั้งหมดที่มีสารในแผนภูมิและสเปรดชีต เฉพาะหลุมในกลุ่มหลุมที่มีการบรรจุสารเท่านั้นที่จะปรากฏในตัวเลือกหลุม และเฉพาะข้อมูลสำหรับหลุมเหล่านั้นเท่านั้นที่จะรวมอยู่ในการคำนวณการวิเคราะห์ข้อมูล

เคล็ดลับ: หากต้องการสร้าง แก้ไข และลบกลุ่มหลุม ให้คลิก Manage Well Groups (จัดการกลุ่มหลุม) ในแถบเครื่องมือ

หมายเหตุ: หากคุณไม่ได้สร้างกลุ่มหลุม รายการแบบเลื่อนลง Well Groups (กลุ่มหลุม) จะไม่ปรากฏในแถบเครื่องมือ

การเปลี่ยนสารในหลุมหลังจากทำการทดสอบ

ระหว่างทำการวิเคราะห์ข้อมูล การเปลี่ยนวิธีการแสดงข้อมูลโดยการเปลี่ยนสารในหลุมใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะไม่เปลี่ยนแปลงข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บไว้จากแต่ละหลุมในระหว่างการดำเนินการทดสอบ หลังจากที่โมดูลรวบรวมข้อมูลสารเรืองแสงแล้ว คุณจะไม่สามารถลบข้อมูลเหล่านั้นได้ แต่คุณสามารถเลือกที่จะลบข้อมูลออกจากมุมมองและการวิเคราะห์ได้

วิธีเปลี่ยนสารในหลุมหลังจากทำการทดสอบ

▶ ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้คลิก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) และเลือกหนึ่งตัวเลือกต่อไปนี้

- **Edit/View Plate (แก้ไข/ดูเพลต)** — เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ซึ่งคุณสามารถทำการเปลี่ยนแปลงเค้าโครงได้ด้วยตนเอง
- **Replace Plate File (แทนที่ไฟล์เพลต)** — เปิดเบราว์เซอร์ Select Plate (เลือกเพลต) ซึ่งคุณสามารถไปยังไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้เพื่อแทนที่ด้วยรูปแบบเพลตปัจจุบัน
- **Apply PrimePCR File (นำไฟล์ PrimePCR ไปใช้)** — เปิดกล่องโต้ตอบ Select PrimePCR File (เลือกไฟล์ PrimePCR) ซึ่งคุณสามารถค้นหาไฟล์ทดสอบ PrimePCR และนำไปใช้กับรูปแบบเพลตได้

เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มหรือแก้ไขข้อมูลเกี่ยวกับสารในหลุมก่อนที่จะดำเนินการทดสอบ ระหว่างดำเนินการทดสอบ หรือหลังจากที่ดำเนินการทดสอบ PCR เสร็จสิ้นได้ คุณต้องกำหนดโหมดการสแกนและขนาดของเพลตก่อนดำเนินการทดสอบ พารามิเตอร์เหล่านี้ไม่สามารถเปลี่ยนแปลงได้หลังจากที่ดำเนินการทดสอบ

การตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูล

ข้อมูลแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) แสดงหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์ (RFU) สำหรับแต่ละหลุมในทุกรอบ การติดตามแต่ละครั้งในแผนภูมิแสดงข้อมูลจากสารเรืองแสงเดี่ยวในหนึ่งหลุม ข้อมูลเหล่านี้ใช้ในการกำหนดค่า C_q สำหรับแต่ละหลุมต่อสารเรืองแสง ซอฟต์แวร์ใช้หนึ่งในสองโหมดเพื่อกำหนดค่า C_q ดังนี้

- **Regression (การถดถอย)** — ใช้โมเดลการถดถอยแบบหลายตัวแปรที่ไม่ใช่เชิงเส้นในการติดตามหลุมแต่ละหลุม และจากนั้นใช้โมเดลนี้เพื่อคำนวณค่า C_q ที่เหมาะสมที่สุด
- **Single Threshold (ขีดจำกัดเดี่ยว)** — ใช้ค่าขีดจำกัดเดี่ยวเพื่อคำนวณค่า C_q ตามจุดตัดขีดจำกัดของการติดตามสารเรืองแสงแต่ละตัว

เลือก Settings (การตั้งค่า) > C_q Determination Mode (โหมดการกำหนดค่า) เพื่อเลือกโหมดการกำหนดค่า C_q

การปรับขีดจำกัด

ในโหมด Single Threshold (ขีดจำกัดเดียว) คุณสามารถปรับขีดจำกัดสำหรับสารเรืองแสงได้โดยคลิกที่เส้นขีดจำกัดในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณและเลื่อนตัวชี้เมาส์ในแนวตั้ง อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถระบุขีดจำกัดการข้ามที่แน่นอนสำหรับสารเรืองแสงที่เลือกได้

การตั้งค่าพื้นฐาน

ซอฟต์แวร์จะกำหนดค่าพื้นฐานแต่ละรายการให้กับแต่ละหลุมโดยอัตโนมัติ การตั้งค่าพื้นฐานจะประเมินวิธีการลบค่าพื้นฐานให้กับการติดตามสารเรืองแสงทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะให้ตัวเลือกการลบค่าพื้นฐานสามตัวเลือกดังนี้

- **No Baseline Subtraction (ไม่มีการลบค่าพื้นฐาน)** — แสดงข้อมูลเป็นการติดตามสารเรืองแสงสัมพัทธ์ การวิเคราะห์บางส่วนไม่สามารถทำได้ในโหมดการวิเคราะห์นี้ ดังนั้นซอฟต์แวร์จะไม่แสดงแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน), End Point (จุดสิ้นสุด) และ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล)
- **Baseline Subtracted (ลบค่าพื้นฐาน)** — แสดงข้อมูลเป็นการติดตามที่มีการลบค่าพื้นฐานให้กับสารเรืองแสงแต่ละรายการในหลุม ซอฟต์แวร์ต้องมีการลบค่าพื้นฐานของข้อมูลเพื่อประเมินรอบการหาปริมาณ สร้างเส้นโค้งมาตรฐาน และประเมินความเข้มข้นของตัวอย่างที่ไม่รู้จัก ในการสร้างการติดตามที่มีการลบค่าพื้นฐาน ซอฟต์แวร์จะปรับเส้นตรงที่เหมาะสมที่สุดในข้อมูลสารเรืองแสงที่บันทึกไว้ของแต่ละหลุมในระหว่างรอบพื้นฐานแล้วลบข้อมูลที่เหมาะสมที่สุดออกจากข้อมูลที่มีการลบเบื้องหลังในแต่ละรอบ
- **การปรับเส้นโค้งที่มีการลบค่าพื้นฐาน** — แสดงข้อมูลเป็นการติดตามที่มีการลบค่าพื้นฐาน และซอฟต์แวร์จะปรับเส้นโค้งที่มีการลบค่าพื้นฐานให้เรียบโดยใช้ตัวกรองค่าเฉลี่ยแบบแทนที่ตรงกลาง จะมีการดำเนินการกระบวนการนี้เพื่อปล่อยให้ C_q แต่ละค่าเป็นค่าคงที่

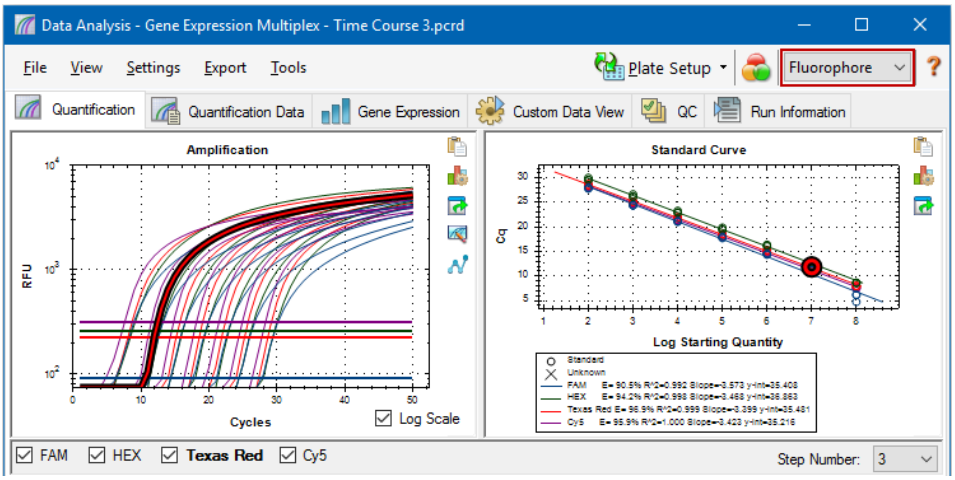
นอกเหนือไปจากตัวเลือกเหล่านี้ คุณยังสามารถเลือก Apply Fluorescent Drift Correction (ใช้การแก้ไขการเบี่ยงเบนของสารเรืองแสง) ได้อีกด้วย ในส่วนของหลุมที่มีค่า RFU ที่เบี่ยงเบนอย่างผิดปกติในระหว่างรอบการทดสอบช่วงต้น ซอฟต์แวร์จะได้ค่าพื้นฐานโดยประมาณมาจากหลุมที่อยู่ติดกัน ซึ่งมีการสร้างค่าพื้นฐานในแนวนอนเสร็จสมบูรณ์ไปแล้ว

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าการลบค่าพื้นฐาน

▶ เลือก Settings (การตั้งค่า) > Baseline Setting (การตั้งค่าพื้นฐาน)

Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)

คุณสามารถจัดกลุ่มและวิเคราะห์ข้อมูลตามสารเรืองแสงหรือชื่อเป้าหมายได้ ในกรณีการจัดกลุ่มตามสารเรืองแสง จะมีการแสดงการติดตามข้อมูลตามสารเรืองแสงตามที่ระบุไว้ในการตั้งค่าเพลตสำหรับการทดสอบดังกล่าว ข้อมูลสารเรืองแสงแต่ละรายการจะปรากฏในการเพิ่มปริมาณและแผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน (ถ้ามี) หากมีการเลือกช่องทำเครื่องหมายตัวเลือกสารเรืองแสงที่เหมาะสม ซึ่งอยู่ด้านล่างแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ



ในกรณีการจัดกลุ่มตามเป้าหมาย จะมีการแสดงการติดตามข้อมูลตามชื่อเป้าหมายตามที่ป้อนไว้ในการตั้งค่าเพลตสำหรับการทดสอบดังกล่าว

วิธีเลือกโหมดการวิเคราะห์ข้อมูล

▶ โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือก Settings (การตั้งค่า) > Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)
- เลือกโหมดจากเมนูแบบเลื่อนลงของ Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์) ในแถบเครื่องมือ

จำนวนรอบที่จะวิเคราะห์

คุณสามารถจำกัดจำนวนรอบที่จะทำการวิเคราะห์ได้ และคุณยังสามารถวิเคราะห์ข้อมูลจากชุดรอบที่กำหนดได้อีกด้วย จำนวนรอบสูงสุดที่คุณสามารถทำการวิเคราะห์ได้คือ 50 รอบ

หมายเหตุ: การลบรอบออกจากการเริ่มต้นการทดสอบอาจมีผลกระทบเป็นอย่างมากกับการกำหนดค่าพื้นฐาน

วิธีจำกัดการวิเคราะห์ข้อมูลให้อยู่ที่ช่วงของรอบที่กำหนด

1 เลือก Settings (การตั้งค่า) > Cycles to Analyze (จำนวนรอบที่จะวิเคราะห์)

กล่องโต้ตอบ Cycles to Analyze (จำนวนรอบที่จะวิเคราะห์) จะปรากฏขึ้น

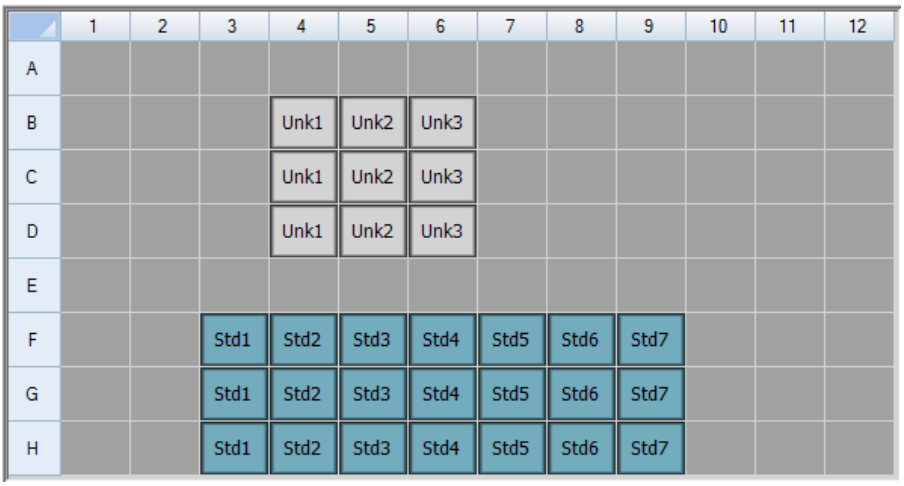
2 ป้อนค่าของรอบเริ่มต้นและรอบสิ้นสุด แล้วคลิก OK (ตกลง)

คลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ Cycles to Analyze (จำนวนรอบที่จะวิเคราะห์) เพื่อส่งกลับข้อมูลรอบที่แต่เดิมนั้นใช้กับการวิเคราะห์

ตัวเลือกหลุม

ใช้ Well Selector (ตัวเลือกหลุม) เพื่อแสดงหรือซ่อนข้อมูลหลุมในแผนภูมิหรือสเปรดชีตตลอดทั้งหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) สามารถเลือกได้เฉพาะหลุมที่มีการโหลดตัวอย่างเท่านั้นในตัวเลือกหลุม ซอฟต์แวร์จะให้สีกับหลุมใน Well Selector (ตัวเลือกหลุม) ดังนี้

- **Blue (สีน้ำเงิน)** — แสดงถึงหลุมที่เลือก ข้อมูลจากหลุมที่เลือกจะปรากฏในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)
- **Light gray (สีเทาอ่อน)** — แสดงถึงหลุมที่ไม่ได้เลือก ข้อมูลจากหลุมที่ไม่ได้เลือกจะปรากฏในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)
- **Dark gray (สีเทาเข้ม)** — แสดงถึงหลุมเปล่า



วิธีแสดงหรือซ่อนข้อมูลหลุม

▶ ในตัวเลือกหลุม ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการซ่อนหลุมหนึ่งหลุม ให้คลิกที่หลุมนั้น หากต้องการแสดงหลุมนั้น ให้คลิกที่หลุมนั้นอีกครั้ง
- หากต้องการซ่อนหลุมหลายหลุม ให้ลากผ่านหลุมที่คุณต้องการเลือก หากต้องการแสดงหลุมเหล่านั้น ให้ลากผ่านหลุมเหล่านั้นอีกครั้ง
- คลิกที่มุมซ้ายบนของเพลตเพื่อซ่อนหลุมทั้งหมด คลิกที่มุมซ้ายบนอีกครั้งเพื่อแสดงหลุมทั้งหมด
- คลิกที่จุดเริ่มต้นของคอลัมน์หรือแถวเพื่อซ่อนหลุม เหล่านั้น คลิกที่คอลัมน์หรือแถวอีกครั้งเพื่อแสดงหลุมเหล่านั้น

รายการเมนูคลิกขวาตัวเลือกหลุม

ตาราง 13 แสดงรายการตัวเลือกคลิกขวาที่มีอยู่ในมุมมองตัวเลือกหลุม

ตาราง 13 รายการเมนูคลิกขวาในตัวเลือกหลุม

รายการ	Function (ฟังก์ชัน)
Well XX (หลุม XX)	แสดงเฉพาะหลุมนี้ นำหลุมนี้ออกจากมุมมอง กำหนดสีสำหรับหลุมนี้ หรือตัดหลุมนี้ออกจากการวิเคราะห์
Selected Wells (หลุมที่เลือก) (คลิกขวาและลาก)	แสดงเฉพาะหลุมเหล่านี้ นำหลุมเหล่านี้ออกจากมุมมอง กำหนดสีสำหรับหลุมเหล่านี้ หรือตัดหลุมเหล่านี้ออกจากการวิเคราะห์
Copy (คัดลอก)	คัดลอกสารในหลุมลงในคลิปบอร์ด ซึ่งรวมถึงประเภทตัวอย่างและการทำซ้ำ # ที่เลือก
Copy as Image (คัดลอกเป็นรูปภาพ)	คัดลอกมุมมองตัวเลือกหลุมเป็นภาพ
Print (พิมพ์)	พิมพ์มุมมองตัวเลือกหลุม
Print Selection (การเลือกการพิมพ์)	พิมพ์การเลือกปัจจุบัน
Export to Excel (ส่งออกไปยัง Excel)	ส่งออกข้อมูลไปยังสเปรดชีต Excel
Export to CSV (ส่งออกไปยัง CSV)	ส่งออกข้อมูลเป็นเอกสาร .csv
Export to Xml (ส่งออกไปยัง Xml)	ส่งออกข้อมูลเป็นเอกสาร .xml
ป้ายกำกับหลุม	เปลี่ยนป้ายกำกับหลุมให้เป็นประเภทตัวอย่าง ชื่อเป้าหมาย หรือชื่อตัวอย่าง

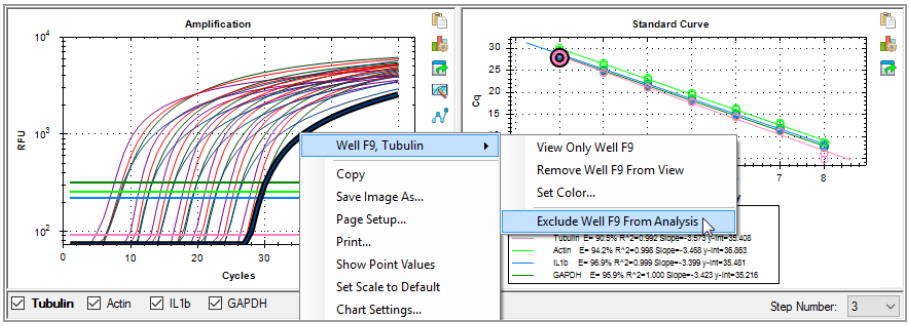
การแยกช่องออกจากการวิเคราะห์ชั่วคราว

วิธีแยกช่องออกจากการวิเคราะห์ข้อมูลชั่วคราว

1 คลิกขวาที่ช่องในตัวเลือกช่องในการติดตามสารเรืองแสง หรือที่จุดที่พล็อตบนเส้นโค้งมาตรฐาน เมื่อต้องการแยกช่องหลายช่อง คลิกขวาและลากเพื่อเน้นหลายช่อง การติดตามหรือจุดต่าง ๆ

2 จากเมนูคลิกขวา เลือกตัวเลือกที่เหมาะสม

- Well (หลุม) > Exclude Well (แยกหลุม)
- Selected Wells (หลุมที่เลือก) > Exclude from Analysis (แยกออกจากการวิเคราะห์)
- Selected Traces (การติดตามที่เลือก) > Exclude these wells from Analysis (แยกหลุมเหล่านี้ออกจากการวิเคราะห์)



หรือเมื่อต้องการแยกหลุมออกจากการวิเคราะห์ถาวร ให้ล้างสารจากหลุมใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) โดยคลิกที่ปุ่ม Clear Wells (ล้างหลุม)

สำคัญ: คุณต้องป้อนสารในหลุมที่ถูกล้างแล้วอีกครั้ง

วิธีรวมหลุมที่แยกออก

▶ คลิกขวาหลุมที่เหมาะสมในตัวเลือกช่อง แล้วเลือก Well (ช่อง) > Include Well in Analysis (รวมหลุมในการวิเคราะห์)

แผนภูมิ

แต่ละแผนภูมิในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แสดงข้อมูลเป็นกราฟในรูปแบบอื่น และมีตัวเลือกสำหรับการปรับแก้และการส่งออกข้อมูลหรือกราฟิกแผนภูมิ

เครื่องมือแผนภูมิ

ตาราง 14 แสดงรายการตัวเลือกคลิกขวาที่มีอยู่ในแผนภูมิส่วนใหญ่

ตาราง 14 รายการเมนูคลิกขวาที่พบได้ทั่วไปในแผนภูมิส่วนใหญ่

รายการ	ฟังก์ชัน
Copy (คัดลอก)	คัดลอกแผนภูมิไปยังคลิปบอร์ด
Save Image As... (บันทึกรูปภาพเป็น...)	บันทึกแผนภูมิเป็นไฟล์รูปภาพ ตั้งค่าความละเอียดและขนาดของรูปภาพ จากนั้นเลือกประเภทไฟล์ (PNG, GIF, JPG, TIF หรือ BMP)
Page Setup... (ตั้งค่าหน้ากระดาษ...)	เลือกการตั้งค่าหน้ากระดาษสำหรับพิมพ์
Print... (พิมพ์...)	พิมพ์แผนภูมิ
Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)	แสดงข้อมูลทั้งหมดในแผนภูมิแท่ง แถบเลื่อนจะปรากฏขึ้นหากมีจุดข้อมูล/ตัวอย่างที่จะแสดงในกรอบแผนภูมิมากเกินไป
การตั้งค่าแผนภูมิ	เปิดกล่องโต้ตอบ Chart Settings (การตั้งค่าแผนภูมิ) ซึ่งคุณสามารถปรับเปลี่ยนตัวเลือกการแสดงผลของแผนภูมิได้ดังนี้ ■ ชื่อของแผนภูมิและแกน ■ แบบอักษรและขนาดของแผนภูมิและแกน ■ มาตราส่วนของแกน ■ ตำแหน่งคำอธิบายสัญลักษณ์

เครื่องมือแผนภูมิจะปรากฏขึ้นมาในแต่ละแผนภูมิในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แผนภูมิจะแสดงเครื่องมือต่อไปนี้:

Copy to Clipboard (คัดลอกไปยังคลิปบอร์ด) — คัดลอกเนื้อหาของมุมมองแผนภูมิไปยังคลิปบอร์ด

Chart Settings (การตั้งค่าแผนภูมิ) — เปิดกล่องโต้ตอบ Chart Settings (การตั้งค่าแผนภูมิ) ซึ่งคุณสามารถปรับเปลี่ยนตัวเลือกการแสดงผลของแผนภูมิได้

Export (ส่งออก) — เปิดกล่องโต้ตอบ Export Options (ตัวเลือกการส่งออก) ซึ่งคุณสามารถปรับเปลี่ยนความละเอียดและขนาดของกราฟ และบันทึกลงในตำแหน่งที่ต้องการให้เป็นไฟล์ประเภทใดประเภทหนึ่งต่อไปนี้

- .bmp

- .jpg
- .png

เครื่องมือแผนภูมิแท่ง

นอกเหนือจากเครื่องมือแผนภูมิ แผนภูมิแท่งยังแสดงเครื่องมือต่อไปนี้ด้วย

Sort (จัดเรียง) — จัดเรียงเป้าหมายและตัวอย่างตามลำดับตัวอักษรก่อนหลังหรือในลำดับอักษรแบบเรียงย้อนกลับ

Color Settings (การตั้งค่าสี) — เปิดกล่องโต้ตอบ Color Settings (การตั้งค่าสี) ที่คุณสามารถเปลี่ยนสีของเป้าหมายและตัวอย่าง

สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับเครื่องมือเหล่านี้ โปรดดูที่
การเปลี่ยนและการทำหมายเหตุประกอบมุมมองแผนภูมิ ในหน้า 254

เครื่องมือแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

นอกเหนือจากรายการที่แสดงข้างต้น แผนภูมิการเพิ่มปริมาณจะแสดงเครื่องมือต่อไปนี้

Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) — จะเปิดกล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ซึ่งคุณสามารถปรับเปลี่ยนลักษณะของการติดตามได้ในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน) — จะเปิดกล่องโต้ตอบ Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน) ที่คุณสามารถปรับเปลี่ยนบรรทัดฐานเริ่มต้นสำหรับหลุมที่เลือกหรือเปลี่ยนขีดจำกัดเส้นโค้งสารเรืองแสงแต่ละเส้นในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

การคัดลอกข้อมูลแผนภูมิไปยังคลิปบอร์ด

คุณสามารถคัดลอกเนื้อหาของมุมมองแผนภูมิแล้ววางในแอปพลิเคชันใด ๆ ที่ยอมรับไฟล์รูปภาพ bitmap

วิธีคัดลอกข้อมูลแผนภูมิลงในคลิปบอร์ด

1 จากเครื่องมือแผนภูมิ ให้เลือกไอคอน Copy to Clipboard (คัดลอกไปยังคลิปบอร์ด)

2 เปิดแอปพลิเคชันที่ยอมรับไฟล์ bitmap เช่น Microsoft Word

3 คลิกขวาแล้วเลือก Paste (วาง) เพื่อวางรูปภาพ bitmap จากคลิปบอร์ดลงในแอปพลิเคชัน

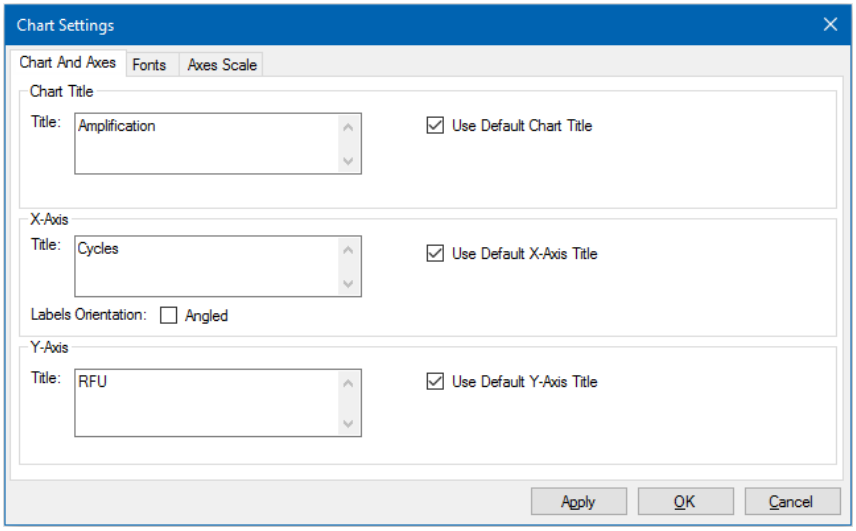
วิธีเปลี่ยนแปลงการตั้งค่าการแสดงแผนภูมิ

ใช้กล่องโต้ตอบ Chart Setting (การตั้งค่าแผนภูมิ) เพื่อเปลี่ยนชื่อ รูปแบบและขนาดอักษร ขนาดแกน และตำแหน่งของคำอธิบายสัญลักษณ์สำหรับแผนภูมิที่แสดง การเปลี่ยนแปลงที่คุณทำมีผลกับแผนภูมิที่แสดงเท่านั้น และจะบันทึกไว้กับแผนภูมิดังกล่าว

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าการแสดงแผนภูมิ

1 จากเครื่องมือแผนภูมิ คลิก Chart Setting (การตั้งค่าแผนภูมิ)

กล่องโต้ตอบ Chart Setting (การตั้งค่าแผนภูมิ) จะปรากฏขึ้นมา



2 เลือกแท็บ Chart And Axes (แผนภูมิและแกน) เพื่อทำสิ่งต่อไปนี้

- พิมพ์ชื่อแผนภูมิ
- พิมพ์ชื่อใหม่สำหรับแกน x และปรับมุมป้ายกำกับ
- พิมพ์ชื่อใหม่สำหรับแกน y

3 เลือกแท็บ Fonts (แบบอักษร) เพื่อเปลี่ยนรูปแบบและขนาดตัวอักษรของแผนภูมิ

เคล็ดลับ: ตามค่าเริ่มต้น ขนาดตัวอักษรจะปรับอัตโนมัติตามการเปลี่ยนแปลงขนาดของแผนภูมิ เลือก Change Font Size (เปลี่ยนแปลงขนาดตัวอักษร) สำหรับป้ายกำกับแต่ละประเภท

4 เลือกแท็บ Axes Scale (ขนาดแกน) เพื่อทำสิ่งต่อไปนี้

- ล้างการปรับขนาดแกน x และ y โดยอัตโนมัติและระบุค่าขนาดต่ำสุดและสูงสุด
- เลือกแสดงเส้นตารางหรือทำเครื่องหมายบนกราฟ

5 เลือกแท็บ Legend (คำอธิบายสัญลักษณ์) เพื่อทำสิ่งต่อไปนี้

- เลือกซ่อนคำอธิบายสัญลักษณ์ของแผนภูมิ
- เปลี่ยนตำแหน่งเริ่มต้นของคำอธิบายสัญลักษณ์ของแผนภูมิ

หมายเหตุ: หากคำอธิบายสัญลักษณ์อยู่ทางด้านซ้ายหรือขวาของแผนภูมิ คำอธิบายสัญลักษณ์จะแสดงเฉพาะสารเรืองแสงสิบรายการแรกในแผนภูมิเท่านั้น

6 คลิก Apply (นำไปใช้) ได้ทุกเมื่อเพื่อดูการเปลี่ยนแปลงการตั้งค่าแผนภูมิโดยไม่ต้องบันทึกไว้

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แผนภูมิ

การส่งออกแผนภูมิ

ใช้กล่องโต้ตอบนี้เพื่อปรับเปลี่ยนความกว้าง ความสูง และความละเอียดของกราฟเพื่อส่งออกกราฟในรูปแบบไฟล์ใดไฟล์หนึ่งต่อไปนี้

- .bmp
- .jpg
- .png

จากนั้นคุณสามารถใช้กราฟที่ส่งออกเพื่อแสดงผลลัพธ์ในเซสชันโปสเตอร์ การนำเสนอผ่าน Microsoft PowerPoint และวารสารวิชาชีพได้

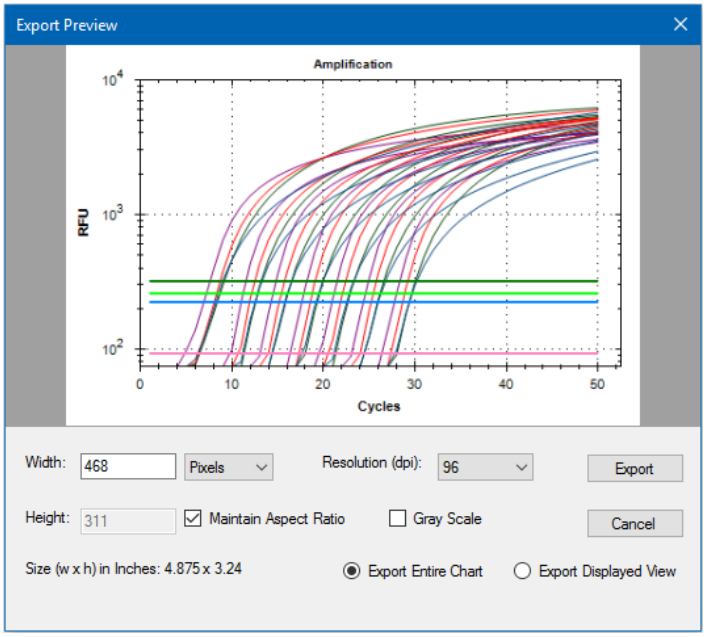
หมายเหตุ: เมื่อทำการปรับเปลี่ยนการตั้งค่า ควรพิจารณาสิ่งต่อไปนี้

- ความกว้างสูงสุดและต่ำสุดและขีดจำกัดความสูง
  - ที่ 72 dpi: 0.1–83 นิ้ว
  - ที่ 96 dpi: 0.1–62 นิ้ว
  - ที่ 150 dpi: 0.1–40 นิ้ว
  - ที่ 300 dpi: 0.1–20 นิ้ว
  - ที่ 600 dpi: 0.1–10 นิ้ว
  - ที่ความละเอียดทั้งหมด: 2–6,000 พิกเซล
- อัตราส่วนภาพขึ้นอยู่กับความกว้าง

วิธีการส่งออกแผนภูมิ

1 จากเครื่องมือแผนภูมิ ให้คลิก Export (ส่งออก)

กล่องโต้ตอบ Export Preview (ภาพตัวอย่างส่งออก) จะปรากฏขึ้นมา



2 ปรับเปลี่ยนการตั้งค่าสำหรับการแสดงผลตามที่ต้องการ

3 คลิก Export (ส่งออก)

4 ในกล่องโต้ตอบ Export (ส่งออก) ให้ทำดังต่อไปนี้

   a (ไม่บังคับ) ไปที่โฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์แผนภูมิ

   b พิมพ์ชื่อไฟล์และเลือกประเภทไฟล์จากรายการแบบเลื่อนลง

5 คลิก Save (บันทึก) เพื่อบันทึกไฟล์แผนภูมิ

การปรับเปลี่ยนการตั้งค่าขีดจำกัดพื้นฐาน

ในโหมด Single Threshold (ขีดจำกัดเดียว) คุณสามารถปรับขีดจำกัดสำหรับสารเรืองแสงได้โดยคลิกที่เส้นขีดจำกัดในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณและเลื่อนตัวชี้เมาส์ในแนวตั้ง อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถระบุขีดจำกัดการข้ามที่แน่นอนสำหรับสารเรืองแสงที่เลือกได้

เคล็ดลับ: คุณสามารถระบุช่วงรอบเพื่อพิจารณาเกณฑ์พื้นฐานสำหรับไฟล์ข้อมูลทั้งหมดได้ในแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ใน User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

วิธีปรับรอบการเริ่มต้นและสิ้นสุดพื้นฐานสำหรับแต่ละหลุม

1 ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ให้เลือกสารเรืองแสงเดี่ยวภายใต้แผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

2 จากเครื่องมือแผนภูมิ ให้เลือก Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน)

   กล่องโต้ตอบ Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน) จะปรากฏขึ้น

3 ในหัวข้อ Baseline Cycles (รอบพื้นฐาน) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการเลือกหนึ่งหลุม ให้คลิกที่หมายเลขแถวของหลุม
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หมายเลขแถวของหลุมแรกและลากคลุมคอลัมน์ไปจนถึงหลุมสุดท้าย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control และคลิกที่หมายเลขแถวของแต่ละหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมทั้งหมด ให้คลิกมุมบนซ้ายบนตาราง

4 ปรับรอบเริ่มต้นพื้นฐานและรอบสิ้นสุดพื้นฐานสำหรับหลุมที่เลือกทั้งหมด หรือเปลี่ยนหมายเลขรอบเริ่มต้นและสิ้นสุดที่ด้านล่างของสเปรดชีต

เคล็ดลับ: หากต้องการคืนการตั้งค่ากลับไปเป็นค่าที่บันทึกไว้ล่าสุด ให้คลิก Reset All User Defined Values (รีเซ็ตค่าที่กำหนดโดยผู้ใช้ทั้งหมด)

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แผนภูมิ

วิธีระบุช่วงรอบสำหรับไฟล์ข้อมูลทั้งหมด

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) หรือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้เลือก User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) และเลือกแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

จัดเรียงข้อมูลเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพ

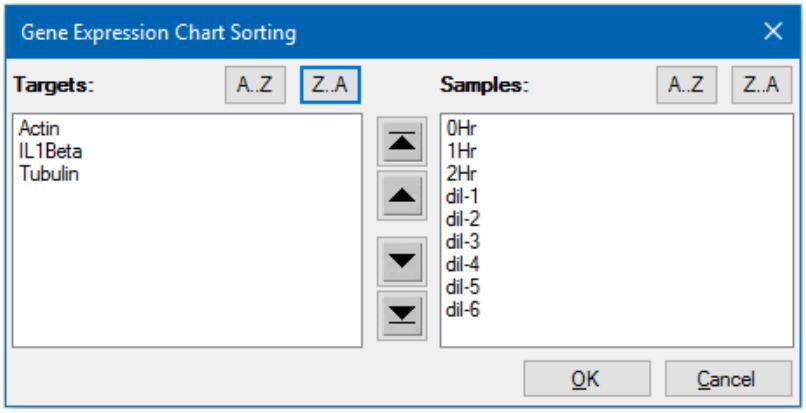
หมายเหตุ: ตัวเลือกนี้มีให้ใช้งานบนแผนภูมิการแสดงออกของยีนเท่านั้น

ตามค่าเริ่มต้น รายการเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มทางชีวภาพจะปรากฏตามลำดับตัวอักษร ใช้กล่องโต้ตอบ Sort (จัดเรียง) เพื่อจัดเรียงหน้าจอตามลำดับอักษรแบบย้อนกลับ หรือเพื่อย้ายคำ ๆ หนึ่งไปยังตำแหน่งอื่นในรายการด้วยตนเอง

วิธีจัดเรียงข้อมูลเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพ

1 จากเครื่องมือแผนภูมิ ให้คลิก Sort (จัดเรียง)

กล่องโต้ตอบการจัดเรียงแผนภูมิการแสดงออกของยีนจะปรากฏขึ้น



2 ในกล่องโต้ตอบ คลิก Z-A เพื่อจัดเรียงรยการตามลำดับตัวอักษร

3 หากต้องการย้ายลำดับคำด้วยตนเอง ให้เลือกคำแล้วคลิกปุ่มที่เหมาะสมระหว่างแผนภูมิดังนี้

- คลิกลูกศร Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งหนึ่ง ๆ
- คลิกลูกศรบนแถบ Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งบนสุดหรือล่างสุดของรายชื่อ

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

การเปลี่ยนแปลงการตั้งค่าเป้าหมายและสีตัวอย่าง

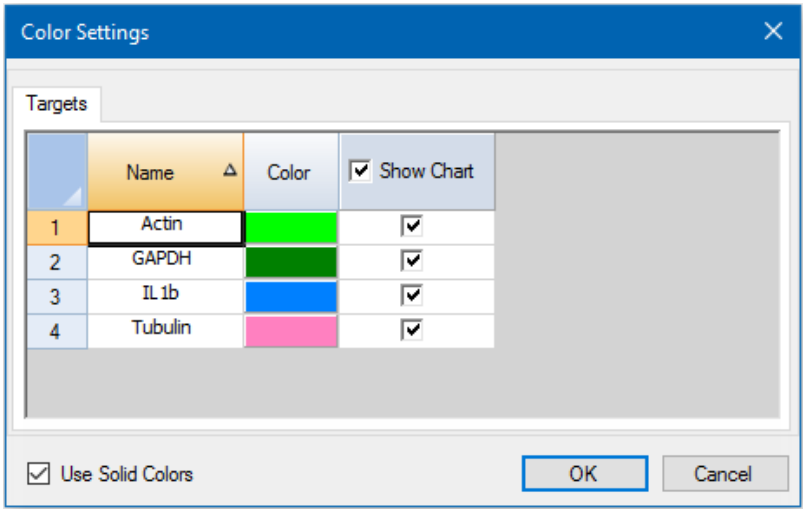
หมายเหตุ: ตัวเลือกนี้มีให้ใช้งานบนแผนภูมิการแสดงออกของยีนเท่านั้น

ใช้กล่องโต้ตอบ Color Setting (การตั้งค่าสี) เพื่อเปลี่ยนสีของเป้าหมายหรือสีของตัวอย่าง หรือเพื่อลบรายการออกจากกราฟ

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าสี

1 จากเครื่องมือแผนภูมิ คลิก Chart Setting (การตั้งค่าแผนภูมิ)

กล่องโต้ตอบ Color Settings (การตั้งค่าสี) จะปรากฏขึ้น



2 วิธีเปลี่ยนสีหน้าจอสำหรับเป้าหมายหรือตัวอย่าง คลิกที่สีของเป้าหมายหรือตัวอย่างในคอลัมน์ Color (สี)

3 ในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น ให้เลือกสีใหม่ แล้วคลิก OK (ตกลง)

4 หากต้องการลบรายการออกจากกราฟการแสดงออกของยีน ให้ล้างช่องทำเครื่องหมายในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

เคล็ดลับ: หากต้องการล้างรายการทั้งหมดออกจากกราฟการแสดงออกของยีน ให้ล้างช่องทำเครื่องหมาย Show Chart (แสดงแผนภูมิ) ในส่วนหัวของคอลัมน์

5 (ไม่บังคับ) โดยค่าเริ่มต้นแล้ว สีแผนภูมิแท่งจะปรากฏในแบบไล่ระดับสี หากต้องการแสดงสีในแบบทึบ ให้เลือก Use Solid Colors (ใช้สีทึบ)

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

การขยายพื้นที่ในแผนภูมิ

วิธีการขยายพื้นที่ในแผนภูมิ

▶ คลิกและลากผ่านแผนภูมิแล้วคลิก Zoom (ซูม) ซอฟต์แวร์จะปรับขนาดแผนภูมิและวางตำแหน่งพื้นที่ที่เลือกไว้ตรงกลาง

หมายเหตุ: สำหรับแผนภูมิแท่ง คุณไม่จำเป็นต้องคลิกที่คำสั่ง Zoom pop-up (ป๊อปอัปซูม)

วิธีรีเซ็ตแผนภูมิเป็นมุมมองแบบเต็ม

▶ คลิกขวาที่แผนภูมิและเลือก Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)

การคัดลอกแผนภูมิลงในไฟล์ Microsoft

คุณสามารถคัดลอกแผนภูมิข้อมูลลงในเอกสาร Microsoft Word, Excel หรือ PowerPoint ความละเอียดของรูปภาพจะเป็นไปตามความละเอียดของหน้าจออันเป็นที่มาของภาพดังกล่าว

วิธีคัดลอกแผนภูมิลงในไฟล์ Microsoft

1 ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้คลิก Copy To Clipboard (คัดลอกไปยังคลิปบอร์ด) ที่มุมขวาบนของบานหน้าต่างแผนภูมิ

2 เปิดไฟล์ Microsoft ที่ยังว่างเปล่า แล้ววางเนื้อหาจากคลิปบอร์ด

รายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ

ตาราง 15 มีรายการเมนูคลิกขวาที่พร้อมให้ใช้งานบนแผนภูมิ บางรายการอาจมีแสดงในแผนภูมิทั้งหมด รวมถึงรายการที่เปลี่ยนวิธีการแสดงข้อมูล หรือส่งออกข้อมูลจากแผนภูมิได้ง่าย

ตาราง 15 รายการเมนูคลิกขวาสำหรับแผนภูมิ

รายการ	ฟังก์ชัน
Copy (คัดลอก)	คัดลอกแผนภูมิลงในคลิปบอร์ด
Save Image As (บันทึกรูปภาพเป็น)	บันทึกรูปภาพตามขนาด ความละเอียด และประเภทไฟล์ที่ระบุ รวมถึงไฟล์ PNG (ค่าเริ่มต้น), JPG และ BMP
Page Setup (ตั้งค่าหน้ากระดาษ)	แสดงตัวเลือกการตั้งค่าการพิมพ์
Print (พิมพ์)	พิมพ์แผนภูมิ

รายการ	ฟังก์ชัน
Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)	กลับสู่แผนภูมิไปยังมุมมองเริ่มต้นหลังจากขยายแผนภูมิ
Chart Options (ตัวเลือกแผนภูมิ)	เปิดหน้าต่าง Chart Options (ตัวเลือกแผนภูมิ) เพื่อเปลี่ยนแผนภูมิ รวมถึงชื่อ เลือกขีดจำกัดสำหรับแกน x และแกน y และแสดงเส้นตารางตลอดจนเครื่องหมายย่อยในแกน

หมายเหตุ: รายการเมนูที่นำไปใช้กับแผนภูมิที่เฉพาะเจาะจงมีรายละเอียดอธิบายอยู่ใน
บทที่ 11, รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล

สเปรดชีต

สเปรดชีตที่แสดงใน Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ประกอบด้วยตัวเลือกสำหรับการเรียงลำดับและการถ่ายโอนข้อมูล จัดเรียงคอลัมน์ด้วยหนึ่งในวิธีต่อไปนี้

- คลิกและลากคอลัมน์ไปยังตำแหน่งใหม่ในตารางที่เลือก
- คลิกที่หัวคอลัมน์เพื่อเรียงลำดับข้อมูลตามลำดับจากน้อยไปมากหรือมากไปน้อย

วิธีการจัดเรียงข้อมูลสูงสุด 3 คอลัมน์ในหน้าต่าง Sort (เรียงลำดับ)

1 คลิกขวาที่สเปรดชีตและเลือก Sort (เรียงลำดับ)

2 ในกล่องโต้ตอบ Sort (เรียงลำดับ) ให้เลือกชื่อคอลัมน์แรกเพื่อทำการเรียงลำดับ เรียงลำดับข้อมูลตามลำดับจากน้อยไปมากหรือมากไปน้อย

3 เลือกคอลัมน์ที่สองหรือสามเพื่อเรียงลำดับ และเลือก Ascending (จากน้อยไปมาก) หรือ Descending (จากมากไปน้อย)

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อเรียงลำดับข้อมูล หรือคลิก Cancel (ยกเลิก) เพื่อหยุดการเรียงลำดับ

เคล็ดลับ: ทำไฮไลต์ข้อมูลในแผนภูมิที่เกี่ยวข้องและตัวเลือกหลุมโดยนำตัวชี้เมาส์ไปไว้บนเซลล์ คลิกในเซลล์เพื่อคัดลอกและวางเนื้อหาลงในโปรแกรมซอฟต์แวร์อื่น

รายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับสเปรดชีต

ตาราง 16 แสดงรายการเมนูคลิกขวาที่มีอยู่ในมุมมองสเปรดชีต

ตาราง 16 รายการเมนูคลิกขวาสำหรับสเปรดชีต

รายการ	ฟังก์ชัน
Copy (คัดลอก)	คัดลอกสารในหลุมที่เลือกไปยังคลิปบอร์ด แล้ววางสารลงในสเปรดชีต เช่น Excel
Copy as Image (คัดลอกเป็นรูปภาพ)	คัดลอกมุมมองสเปรดชีตเป็นไฟล์รูปภาพและวางในไฟล์ที่รับไฟล์รูปภาพ เช่น ไฟล์ข้อความ ไฟล์รูปภาพ หรือไฟล์สเปรดชีต
Print (พิมพ์)	พิมพ์มุมมองปัจจุบัน
Print Selection (การเลือกการพิมพ์)	พิมพ์การเลือกปัจจุบัน
Export to Excel (ส่งออกไปยัง Excel)	ส่งออกข้อมูลไปยังสเปรดชีต Excel

ตาราง 16 รายการเมนูคลิกขวาสำหรับสเปรดชีตต่อ

รายการ	ฟังก์ชัน
Export to Text (ส่งออกไปยังข้อความ)	ส่งออกข้อมูลไปยังโปรแกรมแก้ไขข้อความ
Export to CSV (ส่งออกไปยัง CSV)	ส่งออกข้อมูลไปยังไฟล์ .csv
Export to Xml (ส่งออกไปยัง Xml)	ส่งออกข้อมูลไปยังไฟล์ .xml
Export to Html (ส่งออกเป็น Html)	ส่งออกข้อมูลไปยังไฟล์ .html
Find (ค้นหา)	ค้นหาข้อความ
Sort (เรียงลำดับ)	เรียงข้อมูลสูงสุด 3 คอลัมน์
Select Columns (เลือกคอลัมน์)	เลือกคอลัมน์ที่จะแสดงในสเปรดชีต

Export (ส่งออก)

CFX Maestro Dx SE มีหลายตัวเลือกการส่งออกจากเมนูแบบเลื่อนลง Export (ส่งออก) ดังนี้

- Export All Data Sheets (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด)
- Export RDML Files (ส่งออกไฟล์ RDML)
- Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง)
- Export to LIMS Folder (ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS)
- Manual Export (การส่งออกด้วยตนเอง)

การส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด

คุณสามารถส่งออกมุมมองแผ่นงานทั้งหมดจากทุกแท็บของ CFX Maestro Dx SE ไปยังแต่ละไฟล์ได้

วิธีส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด

▶ เลือก Export (ส่งออก) > Export All Data Sheets (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด) และเลือกประเภทไฟล์ที่คุณต้องการ

- CSV (*.csv)
- Text (*.txt)
- Excel Workbook (* .xlsx)

  การวิเคราะห์ที่ส่งออกจะถูกบันทึกไว้ในไฟล์ Excel Workbook หลายไฟล์โดยมีแท็บแผ่นงานข้อมูลการวิเคราะห์หนึ่งแท็บต่อไฟล์ เมื่อการวิเคราะห์ประกอบด้วยสารเรืองแสงหลายชนิด ข้อมูลจากสารเรืองแสงแต่ละตัวจะถูกส่งออกไปยังแท็บแผ่นงานแยกกัน

- Excel Workbook - รวมกัน (* .xlsx)

  การวิเคราะห์ที่ส่งออกจะบันทึกลงในไฟล์ Excel Workbook ไฟล์เดียวที่มีแท็บแผ่นงานหลายแท็บ แท็บหนึ่งสำหรับชุดข้อมูลการวิเคราะห์แต่ละชุด

- Excel 97 - 2003 (*.xls)

  สำคัญ: คอมพิวเตอร์ของคุณต้องติดตั้ง Microsoft Excel เอาไว้เพื่อส่งออกข้อมูลไปยังสเปรดชีต Microsoft Excel

- Xml (*.xml)

การส่งออกไฟล์ RDML

RDML เป็นมาตรฐานข้อมูลที่มีโครงสร้างและเป็นสากลสำหรับการแลกเปลี่ยนข้อมูลเชิงปริมาณของ PCR (qPCR) มาตรฐานข้อมูลเป็นไฟล์ข้อความในรูปแบบ Extensible Markup Language (.xml) โปรดดูที่เว็บไซต์ International RDML Consortium (www.rdml.org) สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับรูปแบบการแลกเปลี่ยนข้อมูล RDML

สำคัญ: ไฟล์ RDML ที่ส่งออกจะมีข้อมูลวิเคราะห์พร้อมการตั้งค่าพื้นฐานที่คุณใช้ในหน้าต่างหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการตั้งค่าพื้นฐาน โปรดดูที่
การตั้งค่าพื้นฐาน ในหน้า 190

หมายเหตุ: บันทึกไฟล์ RDML เป็นเวอร์ชัน 1.1 หากคุณใช้ซอฟต์แวร์ qbase+ เวอร์ชัน 2.3 หรือสูงกว่า

วิธีส่งออกไฟล์ RDML

1 เลือก Export (ส่งออก) > Export RDML Files (ส่งออกไฟล์ RDML) และเลือก RDML v1.1 หรือ RDML v1.0 จากรายการที่ปรากฏขึ้น

   กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

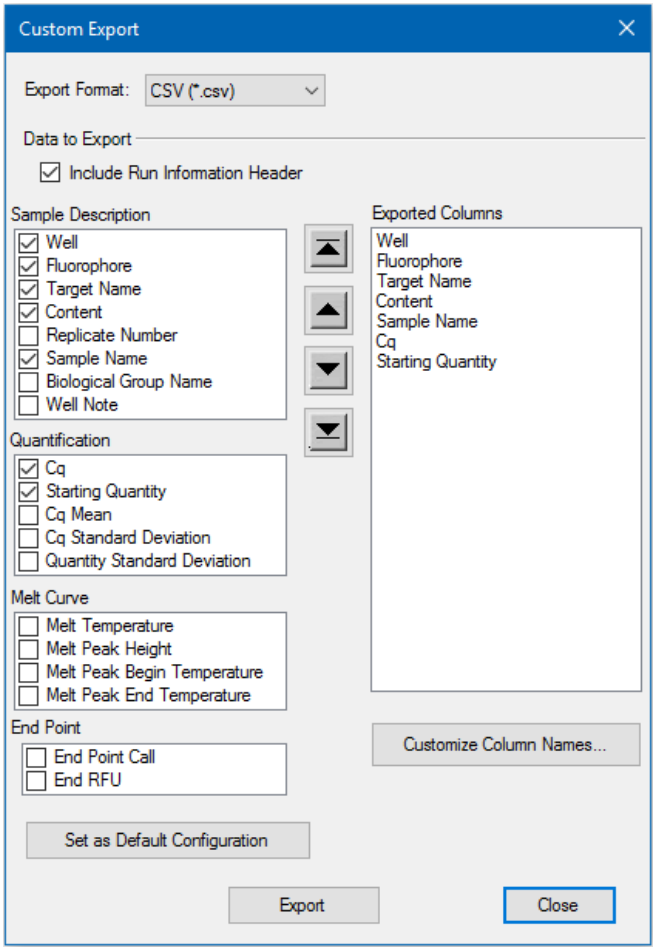
2 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้ระบุชื่อไฟล์และตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ RDML

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

การสร้างไฟล์ส่งออกที่กำหนดเอง

วิธีสร้างไฟล์ส่งออกที่กำหนดเอง

1 เลือก Export (ส่งออก) > Custom Export (ส่งออกแบบกำหนดเอง) กล่องโต้ตอบ Custom Export (ส่งออกแบบกำหนดเอง) จะปรากฏขึ้น



2 เลือกรูปแบบการส่งออกจากรายการแบบเลื่อนลงที่แสดง

3 เลือกช่องทำเครื่องหมายที่รายการที่ต้องการส่งออก

4 (ไม่บังคับ) คลิก Custom Export (ส่งออกแบบกำหนดเอง) เพื่อเปลี่ยนชื่อคอลัมน์

5 คลิก Export (ส่งออก) กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

6 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้ระบุชื่อไฟล์และตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ที่ส่งออก

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS

คุณสามารถส่งออกข้อมูลในรูปแบบไฟล์ที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้ สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการสร้าง การจัดการ และการใช้ไฟล์ LIMS โปรดดูที่ภาคผนวก C, การผสานการทำงานร่วมกับระบบ LIMS

วิธีส่งออกข้อมูลในรูปแบบ LIMS

1 เลือก Export (ส่งออก) > Export to LIMS Folder (ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS)

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

2 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้ระบุชื่อไฟล์และตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ที่ส่งออก

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

การส่งออกข้อมูลที่จัดรูปแบบ Seegene

คุณสามารถส่งออกข้อมูลได้จากมุมมองแผ่นงานทั้งหมดไปยังไฟล์ Excel ที่มีโครงสร้างสำหรับให้ Seegene, Inc. ใช้งานโดยเฉพาะ

เคล็ดลับ: คุณยังสามารถเริ่มเปิด Seegene Viewer โดยอัตโนมัติเมื่อการส่งออกเสร็จสิ้น ดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่คำสั่งเมนูเครื่องมือ ในหน้า 65

วิธีส่งออกสารในรูปแบบเฉพาะของ Seegene

1 เลือก Export > Manual Export

กล่องโต้ตอบ Browse For Folder (เรียกดูโฟลเดอร์) จะปรากฏขึ้น

2 ในกล่องโต้ตอบ Browse For Folder (เรียกดูโฟลเดอร์) ให้ระบุตำแหน่งโฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์ Excel (.xlsx) รูปแบบของ Seegene ที่ส่งออก

การวิเคราะห์จะถูกส่งออกในไฟล์ Excel Workbook หลายไฟล์โดยมีแท็บแผ่นงานข้อมูลการวิเคราะห์หนึ่งแท็บต่อไฟล์

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

บทที่ 11 รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล

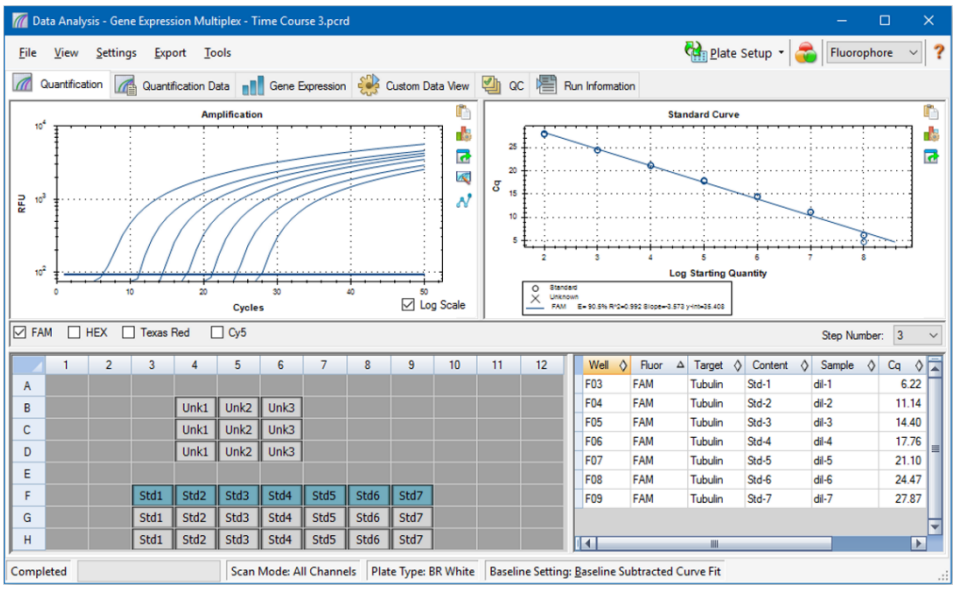
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ของ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ประกอบด้วยแท็บต่าง ๆ เพื่อดูข้อมูล บทนี้อธิบายแท็บเหล่านี้โดยละเอียด

เคล็ดลับ: คุณสามารถเลือกแท็บที่ต้องการดูได้ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) โดยใช้เมนู View (มุมมอง) รูปแบบที่กำหนดเองจะบันทึกไปกับไฟล์ข้อมูล

แท็บ Quantification (การหาปริมาณ)

ใช้ข้อมูลในแท็บการหาปริมาณเพื่อตั้งเงื่อนไขการวิเคราะห์ข้อมูล รวมทั้งการตั้งค่าพื้นฐานสำหรับแต่ละหลุมและการตั้งค่าขีดจำกัด แท็บ Quantification (การหาปริมาณ) จะแสดงข้อมูลในมุมมอง 4 มุมมองต่อไปนี้

- Amplification Chart (แผนภูมิการเพิ่มปริมาณ) — แสดงหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์ (RFU) สำหรับแต่ละหลุมในทุก ๆ รอบ การติดตามแต่ละครั้งในแผนภูมิแสดงข้อมูลจากสารเรืองแสงเดี่ยวในหนึ่งหลุม
- Standard Curve (เส้นโค้งมาตรฐาน) — จะปรากฏขึ้นก็ต่อเมื่อการทดสอบได้รวมหลุมที่กำหนดให้เป็นมาตรฐานประเภทตัวอย่าง (Std) เส้นโค้งมาตรฐานจะแสดงพล็อตรอบขีดจำกัดเทียบกับบันทึกของปริมาณเริ่มต้น คำอธิบายสัญลักษณ์จะแสดงค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา (E) สำหรับสารเรืองแสงแต่ละชนิดในหลุมที่มีประเภทตัวอย่างมาตรฐาน
- Well selector (ตัวเลือกหลุม) — เลือกหลุมที่มีข้อมูลสารเรืองแสงที่คุณต้องการแสดง
- Spreadsheet (สเปรดชีต) — แสดงสเปรดชีตของข้อมูลที่เก็บรวบรวมในหลุมที่เลือก



ตัวเลือกสารเรืองแสง

หากต้องการแสดงข้อมูลสารเรืองแสงในแผนภูมิและสเปรดชีตของแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ให้เลือกสารเรืองแสงเป้าหมายใต้แผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) หากต้องการซ่อนข้อมูลสารเรืองแสงในหน้าต่างการวิเคราะห์ข้อมูล ให้ล้างช่องทำเครื่องหมายนั้น

กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม)

ในการใช้กล่องโต้ตอบลักษณะการติดตาม คุณสามารถปรับลักษณะของการติดตามในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณและ Melt Curve ได้ในแท็บ Quantification (การเพิ่มปริมาณ) และแท็บ Melt Curve จากนั้นคุณสามารถดูตัวอย่างการเปลี่ยนแปลงในตัวเลือกหลุมที่ปรากฏในกล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ได้

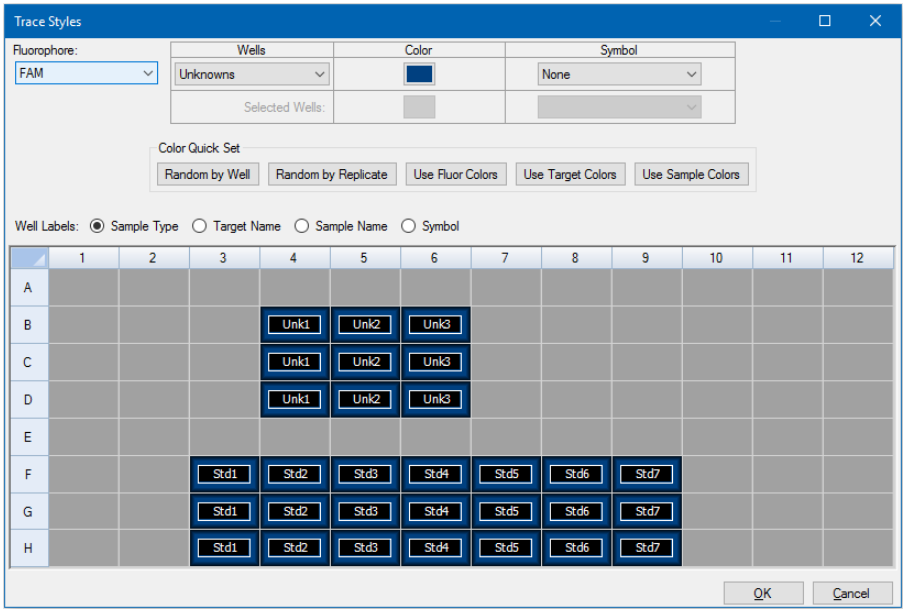
วิธีการปรับลักษณะการติดตาม

1 เลือกสารเรืองแสงเพียงหนึ่งชนิดภายใต้แผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ)

2 หากต้องการเปิดกล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิก Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ในแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ)
- เลือก Settings (การตั้งค่า) > Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ในแถบเมนู Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)
- คลิกขวาที่การติดตามและเลือก Trace Styles (ลักษณะการติดตาม)

กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) จะปรากฏขึ้นมา



3 ในกล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ให้เลือกชุดของหลุมที่เฉพาะเจาะจงในตัวเลือกหลุมในบานหน้าต่างด้านล่าง หรืออีกวิธีหนึ่ง ให้เลือกหลุมที่มีประเภทตัวอย่างหนึ่งประเภทอยู่ในเมนูแบบเลื่อนลงในคอลัมน์ Wells (หลุม)

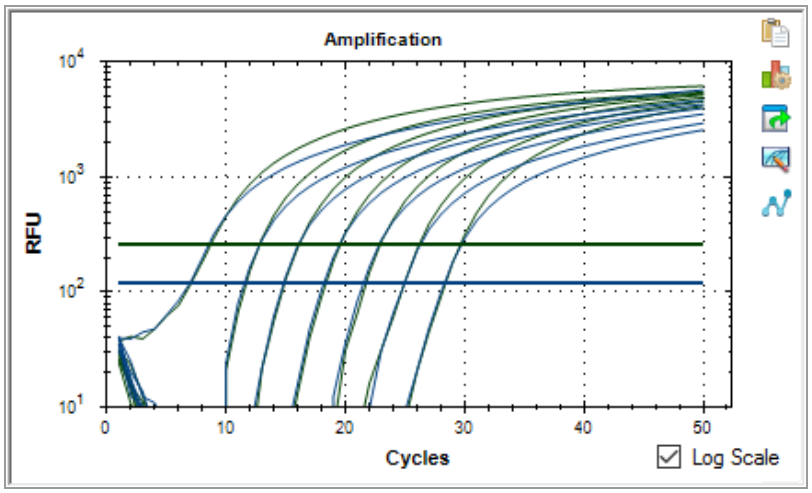
4 ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการเลือกสีสำหรับหลุมที่เลือก ให้คลิกกล่องในคอลัมน์ Color (สี)

- หากต้องการกำหนดสัญลักษณ์ให้กับหลุมที่เลือก ให้เลือกสัญลักษณ์จากรายการแบบเลื่อนลง Symbol (สัญลักษณ์)
- หากต้องการใส่สีให้กับหลุมอย่างรวดเร็วโดยใช้ปุ่มป้ายชื่อ ให้คลิกชุดด่วนที่เหมาะสม
  - สุ่มด้วยหลุม
  - สุ่มด้วยการทำซ้ำ
  - ใช้สีของสารเรืองแสง
  - ใช้สีของเป้าหมาย
  - ใช้สีของตัวอย่าง
- หากต้องการกำหนดป้ายกำกับหลุม ให้เลือกระหว่างประเภทตัวอย่าง ชื่อเป้าหมาย ชื่อตัวอย่าง หรือสัญลักษณ์

ตัวเลือก Log Scale (ขนาดการบันทึก)

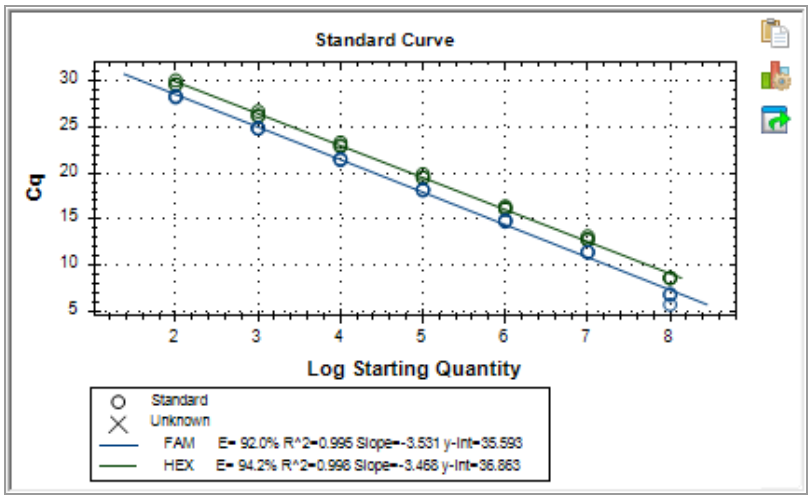
เลือก Log Scale (ขนาดการบันทึก) ใต้แผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) เพื่อดูการติดตามสารเรืองแสงในขนาด semilog



เคล็ดลับ: หากต้องการขยายพื้นที่ใด ๆ ของแผนภูมิ ให้ลากข้ามพื้นที่เป้าหมาย หากต้องการกลับไปยังมุมมองเต็ม ให้คลิกขวาบนแผนภูมิและเลือก Set Scale to Default (ตั้งค่าขนาดเป็นค่าเริ่มต้น)

แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน

ซอฟต์แวร์จะสร้างแผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐานในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) หากข้อมูลมีประเภทตัวอย่างที่กำหนดเป็น Std สำหรับสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิดในการทดสอบ



แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐานแสดงข้อมูลต่อไปนี้

- ชื่อสำหรับเส้นโค้งแต่ละเส้น (สารเรืองแสงหรือเป้าหมาย)
- สีสำหรับสารเรืองแสงหรือเป้าหมายแต่ละตัว
- ค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา (E) ใช้สถิตินี้ในการเพิ่มประสิทธิภาพของปฏิกิริยาเชิงซ้อนและเพื่อทำให้ข้อมูลเส้นโค้งมาตรฐานเท่ากัน

  หมายเหตุ: ประสิทธิภาพของปฏิกิริยาจะอธิบายว่าเป้าหมายของคุณมีการผลิตเท่าใดในแต่ละรอบในโปรโตคอล ประสิทธิภาพ 100% บ่งชี้ว่าคุณจะเพิ่มเป้าหมายเป็นสองเท่าในแต่ละรอบ
- ค่าสัมประสิทธิ์ของการกำหนด R^2 (เขียนเป็น R^2) ใช้สถิตินี้ในการพิจารณาว่าเส้นกราฟอธิบายข้อมูลได้ถูกต้องเพียงใด (ภาวะความพอดี)
- Slope (การไล่ระดับอุณหภูมิ)
- จุดตัดแกน y

ตัวเลือกเมนูแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

นอกเหนือไปจากตัวเลือกเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิแล้ว (โปรดดูรายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ ในหน้า 204) ตาราง 17 จะแสดงตัวเลือกเมนูที่มีอยู่ในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณเท่านั้น

ตาราง 17 รายการเมนูคลิกขวาและซ้ายของแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

ตัวเลือกเมนู	ฟังก์ชัน
Well XX, Fluor Target	จะแสดงเพียงช่องนี้ ลบหลุมนี้ออกจากมุมมอง ตั้งค่าสีสำหรับการติดตามนี้ หรือยกเว้นหลุมนี้จากการวิเคราะห์
Selected Traces (การติดตามที่เลือก)	จะแสดงเพียงช่องเหล่านี้ ลบช่องเหล่านี้ออกจากมุมมอง ตั้งค่าสีสำหรับการติดตามเหล่านี้ หรือแยกช่องเหล่านี้ออกจากการวิเคราะห์
Show Threshold Values (แสดงค่าขีดจำกัด)	แสดงค่าขีดจำกัดสำหรับกราฟเส้นโค้งการเพิ่มปริมาณแต่ละเส้นบนแผนภูมิ
Trace Styles (รูปแบบการติดตาม)	เปิดหน้าต่าง Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) เพื่อเปลี่ยนลักษณะการติดตามที่ปรากฏบนแท็บ Quantification (การเพิ่มปริมาณ) และแท็บ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)
Baseline Thresholds (ขีดจำกัดพื้นฐาน)	จะเปิดหน้าต่าง Baseline Thresholds (ขีดจำกัดพื้นฐาน) เพื่อเปลี่ยนพื้นฐานหรือขีดจำกัดของสารเรืองแสงแต่ละชุด (การเปลี่ยนแปลงจะปรากฏในแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ))

สเปรดชีตแท็บการหาปริมาณ

ตาราง 18 ระบุข้อมูลที่จะแสดงในสเปรดชีตในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ)

ตาราง 18 เนื้อหาสเปรดชีตในแท็บการหาปริมาณ

ข้อมูล	คำอธิบาย
หลุม	ตำแหน่งหลุมในเพลต
สารเรืองแสง	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
เป้าหมาย	ชื่อเป้าหมายที่โหลดในหลุม Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
สารที่บรรจุ	การรวมกันของประเภทตัวอย่าง (จำเป็น) และการทำซ้ำ # (ไม่บังคับ) ที่โหลดไว้ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
ตัวอย่าง	ชื่อตัวอย่างที่บรรจุในหลุม Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
C_q	รอบการหาปริมาณสำหรับแต่ละการติดตาม

การเปลี่ยนเป้าหมาย เนื้อหา หรือข้อมูลตัวอย่าง

คุณสามารถเปลี่ยนข้อมูลในคอลัมน์ Target (เป้าหมาย) Content (เนื้อหา) และ Sample (ตัวอย่าง) ได้โดยแก้ไขไฟล์เพลตโดยใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) แม้ว่าคุณจะเรียกใช้การทดสอบไปแล้วก็ตาม

วิธีเปลี่ยนข้อมูลในคอลัมน์ Content (สาร), Target (เป้าหมาย) และ Sample (ตัวอย่าง)

▶ คลิก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) และเลือก View/Edit Plate (ดู/แก้ไขเพลต) เพื่อเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ)

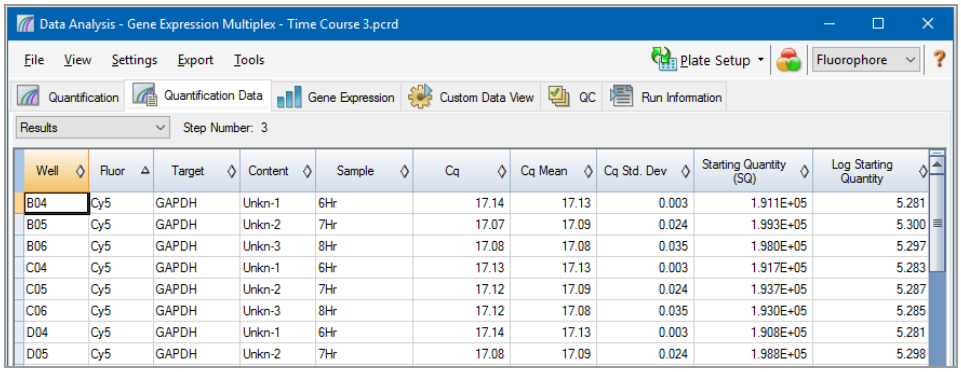
แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ) จะแสดงข้อมูลการหาปริมาณที่รวบรวมได้ในแต่ละหลุม CFX Maestro Dx SE แสดงข้อมูลในมุมมองสเปรดชีตที่แตกต่างกันสี่มุมมอง

- Results (ผลการทดสอบ) — แสดงสเปรดชีตของข้อมูล ซึ่งเป็นมุมมองเริ่มต้น
- Standard Curve Results (ผลลัพธ์เส้นโค้งมาตรฐาน) — แสดงสเปรดชีตของข้อมูลเส้นโค้งมาตรฐาน
- Plate (เพลต) — แสดงข้อมูลในแต่ละหลุมโดยเป็นแผนที่เพลต
- RFU — แสดงปริมาณ RFU ในแต่ละหลุมสำหรับแต่ละรอบ

เลือกแต่ละสเปรดชีตจากรายการแบบเลื่อนลงที่ปรากฏใต้แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ)

สเปรดชีตผลการทดสอบ

สเปรดชีตผลการทดสอบจะแสดงข้อมูลแต่ละหลุมในเพลต



Well	Fluor	Target	Content	Sample	Cq	Cq Mean	Cq Std. Dev	Starting Quantity (SQ)	Log Starting Quantity
B04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.14	17.13	0.003	1.911E+05	5.281
B05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.07	17.09	0.024	1.993E+05	5.300
B06	Cy5	GAPDH	Unkn-3	8Hr	17.08	17.08	0.035	1.980E+05	5.297
C04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.13	17.13	0.003	1.917E+05	5.283
C05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.12	17.09	0.024	1.937E+05	5.287
C06	Cy5	GAPDH	Unkn-3	8Hr	17.12	17.08	0.035	1.930E+05	5.285
D04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.14	17.13	0.003	1.908E+05	5.281
D05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.08	17.09	0.024	1.988E+05	5.298

หมายเหตุ: การคำนวณ Std. Dev (ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน) ทั้งหมดใช้กับกลุ่มการทำซ้ำที่กำหนดในหลุมในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) การคำนวณจะเฉลี่ยค่า C_q สำหรับแต่ละหลุมในกลุ่มการทำซ้ำ

ตาราง 19 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีตผลการทดสอบ

ตาราง 19 เนื้อหาในสเปรดชีตผลการทดสอบ

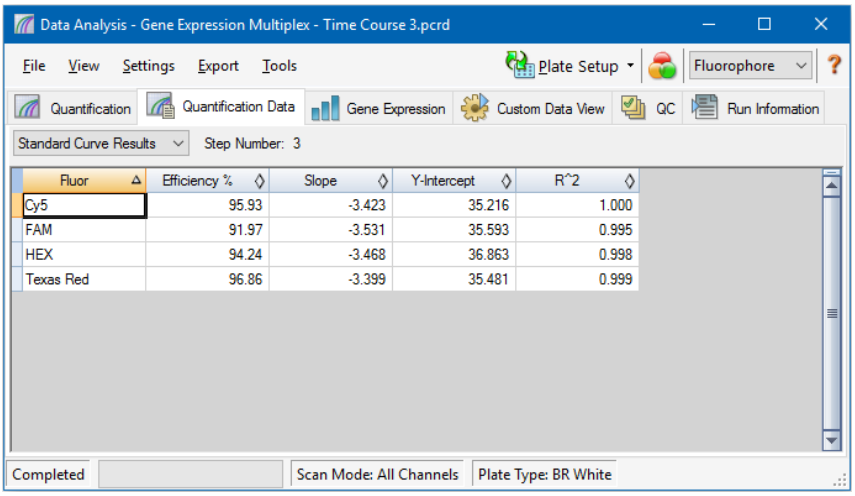
ข้อมูล	คำอธิบาย
หลุม	ตำแหน่งหลุมในเพลต
สารเรืองแสง	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
เป้าหมาย	ชื่อเป้าหมายการเพิ่มปริมาณ (ยีน)

ตาราง 19 เนื้อหาในสเปรดชีตผลการทดสอบต่อ

ข้อมูล	คำอธิบาย
สารที่บรรจุ	ประเภทตัวอย่างและการทำซ้ำ #
ตัวอย่าง	คำอธิบายตัวอย่าง
ชื่อชุดชีวภาพ	ชื่อของชุดชีวภาพ
C_q	รอบการหาปริมาณ
ค่าเฉลี่ย C_q	ค่าเฉลี่ยของรอบการหาปริมาณของกลุ่มการทำซ้ำ
C_q Std. Dev	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของรอบการหาปริมาณสำหรับกลุ่มการทำซ้ำ
ปริมาณเริ่มต้น (SQ)	การปริมาณเริ่มต้นของเป้าหมายโดยประมาณ
บันทึกปริมาณเริ่มต้น	บันทึกของปริมาณเริ่มต้น
ค่าเฉลี่ย SQ	ค่าเฉลี่ยของปริมาณเริ่มต้น
SQ Std. Dev	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณเริ่มต้นในทุกการทำซ้ำ

สเปรดชีตผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

สเปรดชีตผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐานแสดงพารามิเตอร์กราฟเส้นโค้งมาตรฐานที่คำนวณได้



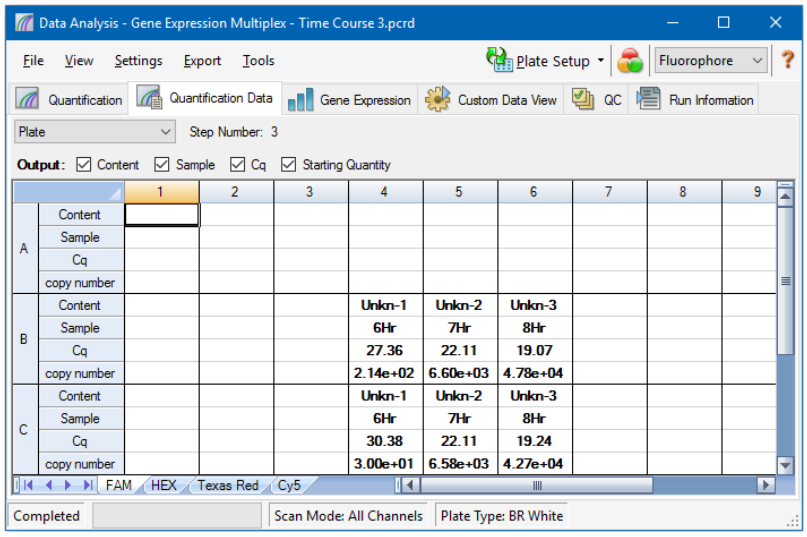
ตาราง 20 แสดงข้อมูลที่ปรากฏในสเปรดชีตผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

ตาราง 20 เนื้อหาสเปรดชีตผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

ข้อมูล	คำอธิบาย
Fluor (หรือ Target)	สารเรืองแสง (หรือเป้าหมาย) ที่ตรวจพบ
Efficiency (%)	ประสิทธิภาพสัมพัทธ์
Slope (การไล่ระดับอุณหภูมิ)	การไล่ระดับอุณหภูมิของกราฟเส้นโค้งมาตรฐาน
Y-intercept	จุดที่กราฟเส้นโค้งตัดกับแกน y
R^2	สัมประสิทธิ์ในการคำนวณ

สเปรดชีตเพลต

สเปรดชีตเพลตจะแสดงแผนที่เพลตของข้อมูลสำหรับสารเรืองแสงหนึ่งชุดในเวลาหนึ่ง



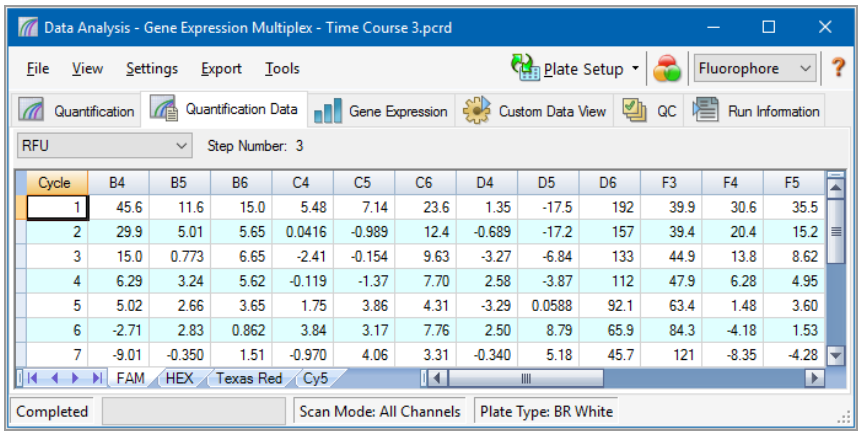
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
A	Content									
	Sample									
	Cq									
	copy number									
B	Content				Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3			
	Sample				6Hr	7Hr	8Hr			
	Cq				27.36	22.11	19.07			
	copy number				2.14e+02	6.60e+03	4.78e+04			
C	Content				Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3			
	Sample				6Hr	7Hr	8Hr			
	Cq				30.38	22.11	19.24			
	copy number				3.00e+01	6.58e+03	4.27e+04			

วิธีดูข้อมูลสารเรืองแสงที่ต้องการ

▶ คลิกที่แท็บของสารเรืองแสงที่ด้านล่างของสเปรดชีต

สเปรดชีต RFU

สเปรดชีต RFU จะแสดงหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์ (RFU) ที่อ่านสำหรับแต่ละช่องที่ได้รับในแต่ละรอบของการทดสอบ หมายเลขช่องจะปรากฏที่ด้านบนของแต่ละคอลัมน์และหมายเลขรอบจะปรากฏที่ด้านซ้ายของแต่ละแถว



แท็บ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)

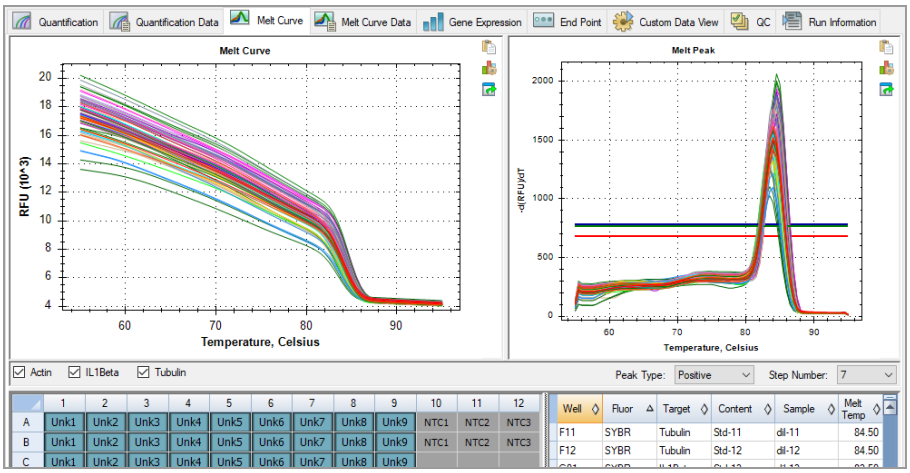
สำหรับสารเรืองแสงชนิดจับกับดีเอ็นสายคู่ และไฮบริไดเซชันโพรบที่ตัดไม่ได้ สารเรืองแสงจะมีความสว่างที่สุดเมื่อดีเอ็นเอสองสายจับกัน ดังนั้น ขณะที่อุณหภูมิเพิ่มขึ้นไปจนถึงอุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่ (T_m) สารเรืองแสงจะลดลงในอัตราคงที่ (ความลาดชันคงที่) ที่ T_m มีการลดลงของสารเรืองแสงอย่างมากพร้อมกับการเปลี่ยนแปลงของความลาดชันที่สังเกตได้ อัตราการเปลี่ยนแปลงนี้จะกำหนดโดยการพล็อตรีเกรสชันแรกของสารเรืองแสงที่มีค่าเป็นลบเทียบกับอุณหภูมิ (-d(RFU)/dT) อัตราการเปลี่ยนแปลงที่มากที่สุดในผลการทดสอบสารเรืองแสงใน Peaks ที่มองเห็นและแสดงถึง T_m ของโครงสร้างเชิงซ้อนของดีเอ็นเอเกลียวคู่

CFX Maestro Dx SE จะพล็อตข้อมูล RFU ที่เก็บรวบรวมระหว่างทำกราฟการสลายดีเอ็นเอในฐานะที่เป็นฟังก์ชันของอุณหภูมิ หากต้องการวิเคราะห์ข้อมูล Melt Peak ซอฟต์แวร์จะกำหนดอุณหภูมิเริ่มต้นและอุณหภูมิสิ้นสุดของจุดสูงสุดแต่ละจุดโดยการเลื่อนแถบขีดจำกัด พื้นของพื้นที่จุดสูงสุดระบุด้วยตำแหน่งของแถบขีดจำกัดอุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่ จุดสูงสุดที่ถูกต้องจะต้องมีความสูงต่ำสุดเมื่อเทียบกับระยะห่างระหว่างแถบขีดจำกัดและความสูงของจุดที่สูงที่สุด

แท็บ Melt Curve จะแสดง T_m (อุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่) ของผลิตภัณฑ์ PCR ที่เพิ่มปริมาณขึ้นใน 4 มุมมอง

- Melt Curve — แสดงข้อมูลแบบเรียลไทม์สำหรับแต่ละสารเรืองแสง เป็น RFU ต่ออุณหภูมิสำหรับแต่ละหลุม
- Melt Peak — แสดงรีเกรสชันที่มีค่าเป็นลบของข้อมูล RFU ต่ออุณหภูมิสำหรับแต่ละหลุม
- Well selector — แสดงหลุมเพื่อแสดงหรือซ่อนข้อมูล
- สเปรดชีต Peak — แสดงข้อมูลที่เก็บรวบรวมในหลุมที่เลือก

  หมายเหตุ: สเปรดชีตนี้แสดงจุดสูงสุดได้มากที่สุด 2 จุดสำหรับแต่ละการติดตาม หากต้องการดูจุดสูงสุดเพิ่มเติม ให้คลิกแท็บ Melt Curve Data (ข้อมูลกราฟการสลายดีเอ็นเอ)



ตาราง 21 จะแสดงข้อมูลที่ปรากฏในสเปรดชีต Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)

ตาราง 21 เนื้อหาในสเปรดชีต Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)

ข้อมูล	คำอธิบาย
หลุม	ตำแหน่งหลุมในเพลต
สารเรืองแสง	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
สาร	การรวมกันของประเภทตัวอย่างและจำนวนการทำซ้ำ
ตัวอย่าง	ชื่อของตัวอย่างที่โหลดลงในตัวแก้ไขเพลต
อุณหภูมิที่แยกสายคู่	อุณหภูมิของ Melt Peak สำหรับแต่ละหลุม **หมายเหตุ:** เฉพาะจุดที่สูงที่สุดเพียง 2 จุดเท่านั้นที่จะปรากฏในสเปรดชีตนี้

การปรับข้อมูล Melt Curve

วิธีปรับข้อมูล Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)

▶ ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- คลิกและลากแถบขีดจำกัดในแผนภูมิ Melt Peak เพื่อรวมหรือไม่รวมค่าจุดสูงสุดในการวิเคราะห์ข้อมูล
- เลือก Positive (ค่าเป็นบวก) ในเมนูแบบเลื่อนลง Peaks (ค่าจุดสูงสุด) เพื่อแสดงข้อมูลสเปรดชีตสำหรับค่าจุดสูงสุดที่อยู่เหนือเส้นขีดจำกัดอุณหภูมิที่แยกสายคู่ หรือเลือก Negative (ค่าเป็นลบ) เพื่อดูข้อมูลสเปรดชีตสำหรับค่าจุดสูงสุดที่อยู่ใต้เส้นขีดจำกัดอุณหภูมิที่แยกสายคู่
- เปิดหน้าต่าง Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) เพื่อเปลี่ยนสีของการติดตามในแผนภูมิ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) และ Melt Peak
- เลือกหมายเลขใน Step Number Selector (ตัวเลือกหมายเลขขั้นตอน) เพื่อดูข้อมูล Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) ที่ขั้นตอนอื่นในโปรโตคอล รายการจะแสดงขั้นตอนมากกว่าหนึ่งขั้นตอน หากโปรโตคอลรวมการอ่านค่าเพลตในขั้นตอน Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) มากกว่าหนึ่งขั้นตอน
- เลือกหลุมในตัวเลือกหลุมเพื่อเน้นดูส่วนย่อยของข้อมูล
- เลือกกลุ่มหลุมเพื่อดูและวิเคราะห์ส่วนย่อยของหลุมในเพลต เลือกกลุ่มหลุมแต่ละกลุ่มด้วยชื่อในเมนูแบบเลื่อนลง Well Group (กลุ่มหลุม) ในแถบเครื่องมือ

แท็บข้อมูล Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)

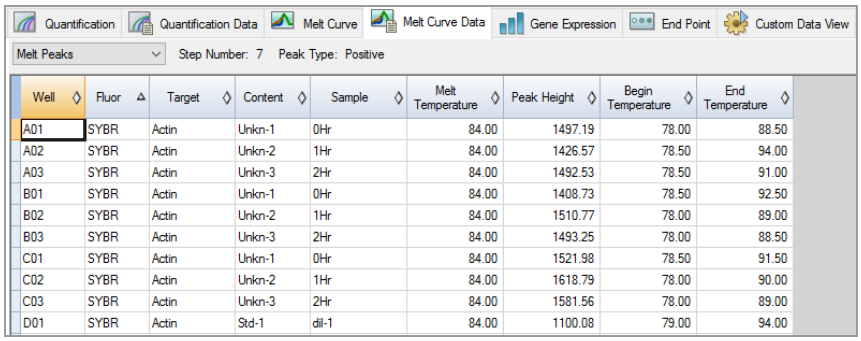
แท็บ Melt Curve Data (ข้อมูลกราฟการสลายดีเอ็นเอ) แสดงข้อมูลจากแท็บ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) ในสเปรดชีตหลายรายการที่รวม Melt Peak ทั้งหมดสำหรับแต่ละการติดตาม CFX Maestro Dx SE มีตัวเลือกสเปรดชีตสี่แบบเพื่อดูข้อมูลกราฟการสลายดีเอ็นเอ

- Melt Peaks — แสดงข้อมูลทั้งหมด รวมถึง Melt Peak ทั้งหมดสำหรับแต่ละการติดตาม ซึ่งเป็นมุมมองเริ่มต้น
- Plate (เพลต) — แสดงมุมมองของข้อมูลและสารของแต่ละหลุมในเพลต
- RFU — แสดงปริมาณ RFU ที่อุณหภูมิแต่ละสำหรับแต่ละหลุม
- -d(RFU)/dT — แสดงอัตราการเปลี่ยนแปลงที่เป็นลบใน RFU เมื่ออุณหภูมิ (T) เปลี่ยนแปลง โดยเป็นพล็อตรีเกรสชันแรกสำหรับแต่ละหลุมในเพลต

เลือกแต่ละสเปรดชีตจากรายการแบบเลื่อนลงที่อยู่ใต้แท็บข้อมูล Melt Curve

สเปรดชีต Melt Peak

สเปรดชีต Melt Peak แสดงข้อมูล Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) ทั้งหมด



Well	Fluor	Target	Content	Sample	Melt Temperature	Peak Height	Begin Temperature	End Temperature
A01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1497.19	78.00	88.50
A02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1426.57	78.50	94.00
A03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1492.53	78.50	91.00
B01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1408.73	78.50	92.50
B02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1510.77	78.00	89.00
B03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1493.25	78.00	88.50
C01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1521.98	78.50	91.50
C02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1618.79	78.00	90.00
C03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1581.56	78.00	89.00
D01	SYBR	Actin	Std-1	dil-1	84.00	1100.08	79.00	94.00

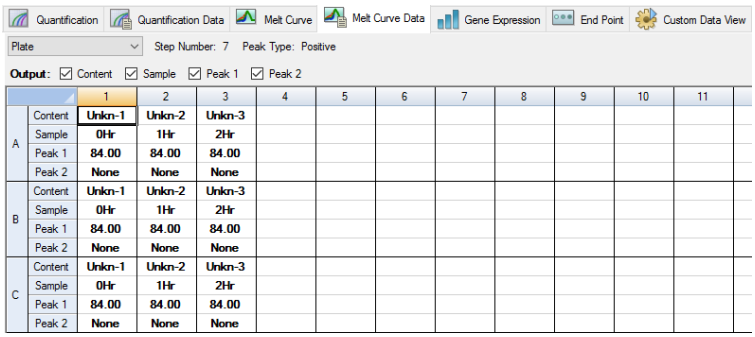
ตาราง 22 ในหน้า 229 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีต Melt Peak

ตาราง 22 เนื้อหาในสเปรดชีต Melt Peak

ข้อมูล	คำอธิบาย
หลุม	ตำแหน่งหลุมในเพลต
สารเรืองแสง	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
สาร	ประเภทสารตัวอย่างได้ทำรายการไว้ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
เป้าหมาย	เป้าหมายในการเพิ่มปริมาณ (ยีน)
ตัวอย่าง	ชื่อสารตัวอย่างได้ทำรายการไว้ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
อุณหภูมิหลอมละลาย	อุณหภูมิหลอมละลายของสารแต่ละประเภท ได้ถูกทำรายการไว้เป็นหนึ่งพีค (สูงสุด) ต่อแถวในสเปรดชีต
ความสูงของพีค (Peak Height)	ความสูงของพีค
อุณหภูมิเริ่มต้น	อุณหภูมิเริ่มต้นของพีค
อุณหภูมิสิ้นสุด	อุณหภูมิสิ้นสุดของพีค

สเปรดชีตชีตเพลต

สเปรดชีตเพลตแสดงข้อมูล Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ) ในรูปแบบเพลต



		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
A	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3								
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr								
	Peak 1	84.00	84.00	84.00								
	Peak 2	None	None	None								
B	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3								
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr								
	Peak 1	84.00	84.00	84.00								
	Peak 2	None	None	None								
C	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3								
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr								
	Peak 1	84.00	84.00	84.00								
	Peak 2	None	None	None								

หมายเหตุ: หากต้องการปรับพีคตามความต้องการของซอฟต์แวร์ ให้ปรับเส้นเกณฑ์ในแผนภูมิ Melt Peak ที่แท็บ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)

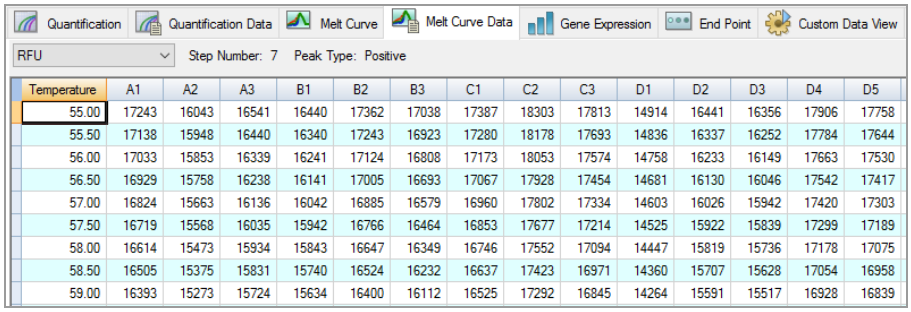
ตาราง 23 ในหน้า 230 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีตเพลต

ตาราง 23 เนื้อหาในสเปรดชีตเพลต

ข้อมูล	คำอธิบาย
สาร	การรวมประเภทตัวอย่าง (จำเป็น) และการทำซ้ำ # (ไม่จำเป็น)
ตัวอย่าง	คำอธิบายตัวอย่าง
Peak 1	Melt Peak อันดับหนึ่ง (สูงสุด)
Peak 2	Melt Peak อันดับสอง (ต่ำกว่า)

สเปรดชีต RFU

สเปรดชีต RFU แสดงการเรืองแสงสำหรับแต่ละหลุมในแต่ละรอบที่ได้รับในช่วงการทำ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)



Temperature	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	D4	D5
55.00	17243	16043	16541	16440	17362	17038	17387	18303	17813	14914	16441	16356	17906	17758
55.50	17138	15948	16440	16340	17243	16923	17280	18178	17693	14836	16337	16252	17784	17644
56.00	17033	15853	16339	16241	17124	16808	17173	18053	17574	14758	16233	16149	17663	17530
56.50	16929	15758	16238	16141	17005	16693	17067	17928	17454	14681	16130	16046	17542	17417
57.00	16824	15663	16136	16042	16885	16579	16960	17802	17334	14603	16026	15942	17420	17303
57.50	16719	15568	16035	15942	16766	16464	16853	17677	17214	14525	15922	15839	17299	17189
58.00	16614	15473	15934	15843	16647	16349	16746	17552	17094	14447	15819	15736	17178	17075
58.50	16505	15375	15831	15740	16524	16232	16637	17423	16971	14360	15707	15628	17054	16958
59.00	16393	15273	15724	15634	16400	16112	16525	17292	16845	14264	15591	15517	16928	16839

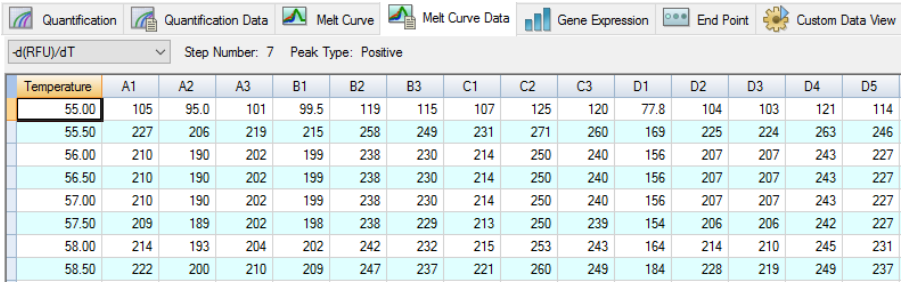
ตาราง 24 กำหนดข้อมูลที่จะแสดงในสเปรดชีต RFU

ตาราง 24 เนื้อหาในสเปรดชีต RFU

ข้อมูล	คำอธิบาย
หมายเลขหลุม (A1, A2, A3, A4, A5)	ตำแหน่งของหลุมในเพลตสำหรับหลุมที่โหลด
อุณหภูมิ	อุณหภูมิหลอมละลายของเป้าหมายที่เพิ่มปริมาณขึ้นโดยพล็อตเป็นหนึ่งหลุมต่อหนึ่งแถว และหลายหลุมสำหรับหลายผลิตภัณฑ์ในหลุมเดียวกัน

สเปรดชีต -d(RFU)/dT

สเปรดชีต -d(RFU)/dT แสดงอัตราการเปลี่ยนแปลงที่เป็นลบใน RFU เมื่ออุณหภูมิ (T) เปลี่ยนแปลง



Temperature	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	D4	D5
55.00	105	95.0	101	99.5	119	115	107	125	120	77.8	104	103	121	114
55.50	227	206	219	215	258	249	231	271	260	169	225	224	263	246
56.00	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
56.50	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
57.00	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
57.50	209	189	202	198	238	229	213	250	239	154	206	206	242	227
58.00	214	193	204	202	242	232	215	253	243	164	214	210	245	231
58.50	222	200	210	209	247	237	221	260	249	184	228	219	249	237

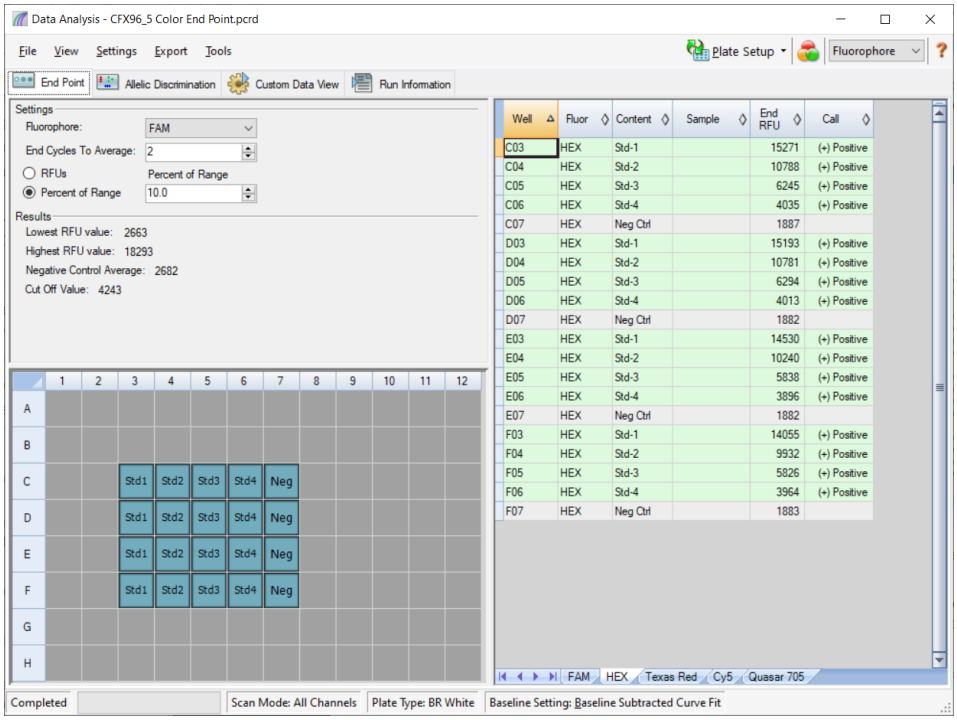
ตาราง 25 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีต -d(RFU)/dT

ตาราง 25 เนื้อหาในสเปรดชีต -d(RFU)/dT

ข้อมูล	คำอธิบาย
หมายเลขหลุม (A1, A2, A3, A4, A5)	ตำแหน่งของหลุมในเพลตสำหรับหลุมที่โหลด
-d(RFU)/dT อุณหภูมิ	อัตราการเปลี่ยนแปลงที่เป็นลบใน RFU เมื่ออุณหภูมิ (T) เปลี่ยนแปลง

แท็บจุดสิ้นสุด

เปิดแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) เพื่อวิเคราะห์หน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์สุดท้าย (RFU) สำหรับหลุมตัวอย่าง ซอฟต์แวร์จะเปรียบเทียบระดับ RFU สำหรับหลุมที่มีตัวอย่างที่ไม่ทราบที่มากับระดับ RFU สำหรับหลุมที่มีตัวอย่างควบคุมผลลบ และ "บอกค่า" ตัวอย่างที่ไม่ทราบที่มาว่าเป็นบวกหรือลบ ตัวอย่างที่เป็นบวกมีค่า RFU ที่มากกว่าค่า RFU เฉลี่ยของตัวอย่างควบคุมผลลบบวกด้วยค่า Cut Off



ในการวิเคราะห์ข้อมูลจุดสิ้นสุด เพลตจะต้องมีตัวอย่างควบคุมผลลบ ไม่เช่นนั้นซอฟต์แวร์จะไม่สามารถบอกค่าได้

- ทดสอบโปรโตคอล Quantification (การหาปริมาณ) — ตั้งค่าโปรโตคอลมาตรฐาน หลังจากเสร็จสิ้นการทดสอบให้เปิดหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ปรับการตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูลในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) แล้วคลิกแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) เพื่อเลือกรอบจุดสิ้นสุด
- เรียกใช้โปรโตคอล End Point Only (จุดสิ้นสุดเท่านั้น) โหลดโปรโตคอล End Point Only (จุดสิ้นสุดเท่านั้น) ในแท็บ Plate (เพลต) ของหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) เลือกหรือสร้างเพลต และเริ่มทำการทดสอบ

แท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) แสดงค่า RFU โดยเฉลี่ยเพื่อประเมินว่าเป้าหมายมีการเพิ่มปริมาณจากรอบล่าสุด (สิ้นสุด) หรือไม่ ใช้ข้อมูลเหล่านี้เพื่อพิจารณาว่ามีลำดับเป้าหมายเฉพาะ (บวก) ในตัวอย่างหรือไม่ เป้าหมายที่เป็นบวกมีค่า RFU สูงกว่าระดับ Cut Off ที่คุณกำหนด

เคล็ดลับ: หากต้องการสร้างโปรโตคอลจุดสิ้นสุด ให้เปิดแท็บ Protocol (โปรโตคอล) (หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ)) แล้วเลือก Run (การทดสอบ) > End Point Only Run (การทดสอบที่จุดสิ้นสุดเท่านั้น)

เมื่อการดำเนินการเสร็จสิ้น ไฟล์ข้อมูลจะเปิดขึ้นที่แท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) ซึ่ง ประกอบด้วยหัวข้อต่าง ๆ ต่อไปนี้

- Settings (การตั้งค่า) — ปรับการตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูล
- Results (ผลลัพธ์) — แสดงผลลัพธ์ทันทีหลังจากที่คุณปรับการตั้งค่า
- Well Selector (ตัวเลือกหลุม) — เลือกหลุมที่มีข้อมูลจุดสิ้นสุดที่คุณต้องการแสดง
- RFU spreadsheet (สเปรดชีต RFU) — แสดง RFU สิ้นสุดที่รวบรวมไว้ในหลุมที่เลือก

Results Data (ข้อมูลผลลัพธ์)

ส่วน Results (ผลลัพธ์) จะแสดงข้อมูลต่อไปนี้

- ค่า Lowest RFU (RFU ต่ำสุด) — ค่า RFU ต่ำสุดในข้อมูล
- ค่า Highest RFU (RFU สูงสุด) — ค่า RFU สูงสุดในข้อมูล
- Negative Control Average (ค่าเฉลี่ยตัวอย่างควบคุมผลลบ) — ค่า RFU เฉลี่ยสำหรับหลุมที่มีตัวอย่างควบคุมผลลบ
- Cut Off Value (ค่า Cut Off) — คำนวณโดยการเพิ่มความคลาดเคลื่อน (ค่า RFU หรือ Percentage of Range (ค่าร้อยละของช่วง) ที่แสดงใน Settings (การตั้งค่า)) และค่าเฉลี่ยของตัวอย่างควบคุมผลลบ ตัวอย่างที่มี RFU ที่มากกว่าค่า Cut Off จะเรียกว่า "Positive" (ผลบวก) หากต้องการปรับค่า Cut Off ให้เปลี่ยน RFU หรือค่าร้อยละของช่วง

ค่า Cut Off จะคำนวณโดยใช้สูตรนี้:

> Cut Off Value (ค่า Cut Off) = Negative Control Average (ค่าเฉลี่ยตัวอย่างควบคุมผลลบ) + Tolerance (ความคลาดเคลื่อน)

เลือกความคลาดเคลื่อนโดยใช้หนึ่งในวิธีการเหล่านี้

- RFUs (ค่าเริ่มต้น) — เลือกวิธีนี้เพื่อใช้ค่า RFU สัมบูรณ์สำหรับความคลาดเคลื่อน ค่าความคลาดเคลื่อนของค่า RFU ต่ำสุด คือ 2 ค่าสูงสุดคือค่าสัมบูรณ์ของค่า RFU สูงสุดที่ลบด้วยค่าสัมบูรณ์ของค่า RFU ต่ำสุด ค่าความคลาดเคลื่อนของค่า RFU เริ่มต้นคือ 10% ของช่วงค่า RFU ทั้งหมด
- Percent of Range (ค่าร้อยละของช่วง) — เลือกวิธีนี้เพื่อใช้ค่าร้อยละของช่วงค่า RFU สำหรับความคลาดเคลื่อน ค่าร้อยละของช่วงต่ำสุด คือ 1% ค่าร้อยละของช่วงสูงสุด คือ 99% ค่าร้อยละของช่วงเริ่มต้น คือ 10%

การปรับการวิเคราะห์ข้อมูลจุดสิ้นสุด

วิธีปรับข้อมูลในแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด)

▶ ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือกสารเรืองแสงจากรายการแบบเลื่อนลง
- เลือกรอบสิ้นสุดเป็นค่าเฉลี่ยเพื่อกำหนดจำนวนรอบที่จะคำนวณ RFU จุดสิ้นสุดเฉลี่ย
- เลือก RFU เพื่อดูข้อมูลในหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์
- เลือก Percentage of Range (เปอร์เซ็นต์ของช่วง) เพื่อดูข้อมูลเป็นเปอร์เซ็นต์ของช่วง RFU
- เลือกหลุมในตัวเลือกหลุมเพื่อเน้นดูส่วนย่อยของข้อมูล
- เลือกกลุ่มหลุมเพื่อดูและวิเคราะห์ส่วนย่อยของหลุมในเพลต เลือกกลุ่มหลุมแต่ละกลุ่มด้วยชื่อในเมนูแบบเลื่อนลง Well Group (กลุ่มหลุม) ในแถบเครื่องมือ

สเปรดชีต RFU สำหรับการวิเคราะห์จุดสิ้นสุด

ตาราง 26 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีต RFU ในแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด)

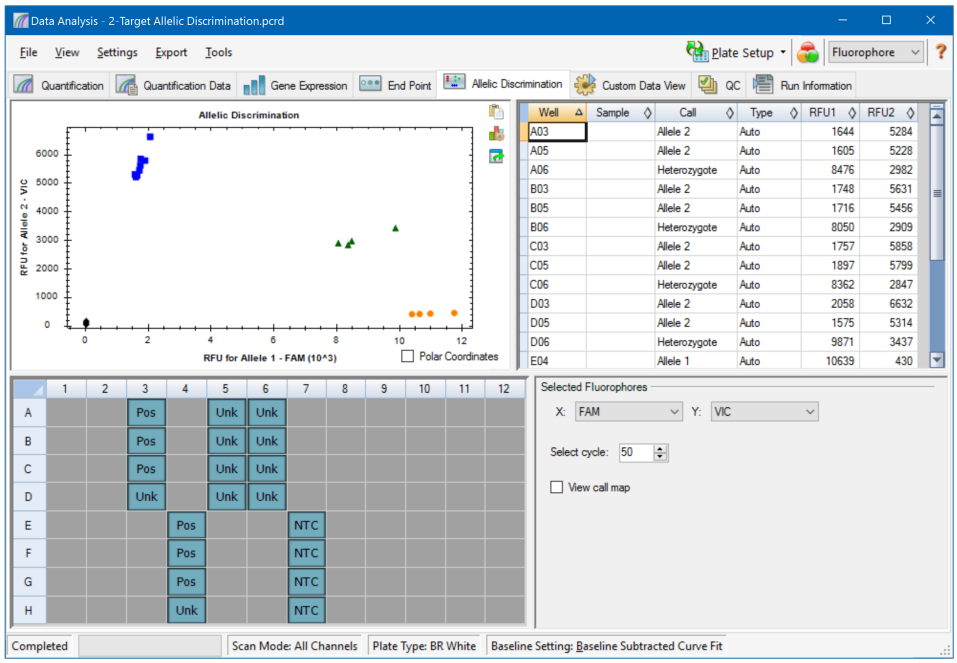
ตาราง 26 เนื้อหาในสเปรดชีต RFU End Point (จุดสิ้นสุดของ RFU)

ข้อมูล	คำอธิบาย
หลุม	ตำแหน่งหลุมในเพลต
สารเรืองแสง	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
สาร	การรวมกันของประเภทตัวอย่างกับ Replicate # (การทำซ้ำ #)
RFU สิ้นสุด	RFU ที่รอบจุดสิ้นสุด
บอก	ค่าบวกหรือค่าลบ โดยตัวอย่างที่เป็นบวกมีค่า RFU ที่มากกว่า RFU เฉลี่ยของตัวอย่างควบคุมผลลบบวกด้วย Cut Off Value (ค่า Cut Off)
ตัวอย่าง	ชื่อตัวอย่างที่โหลดไว้ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล)

แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล) กำหนดจีโนไทป์ลงในหลุมที่มีตัวอย่างที่ไม่ทราบที่มา ใช้ข้อมูลเหล่านี้เพื่อระบุตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ที่แตกต่างกัน ได้แก่ อัลลีล 1, อัลลีล 2, เฮเทอโรไซโกต, No Call (ไม่มีการเพิ่มปริมาณ) หรือระบุไม่ได้

หมายเหตุ: ข้อมูลสำหรับการแยกอัลลีลต้องมาจากการใช้เทคนิคมัลติเพล็กซ์ที่มีสารเรืองแสงอย่างน้อย 2 ชนิด สารเรืองแสงแต่ละชนิดจะเป็นตัวระบุหนึ่งอัลลีลในทุกตัวอย่าง



การวิเคราะห์ด้วยการแยกอัลลีลจำเป็นต้องมีสารในหลุมต่อไปนี้เป็นอย่างน้อย

- สารเรืองแสง 2 ชนิดในแต่ละหลุม
- ตัวอย่าง NTC (การควบคุมไม่มีเทมเพลต) สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลที่ดีที่สุด

CFX Maestro Dx SE มี 4 ตัวเลือกในการที่จะดูข้อมูลการแยกอัลลีลดังนี้

- Allelic Discrimination chart (แผนภูมิการแยกอัลลีล) — แสดงข้อมูลในกราฟ RFU สำหรับอัลลีล 1/อัลลีล 2 แต่ละจุดในกราฟแสดงข้อมูลจากสารเรืองแสงทั้ง 2 ชนิดในหนึ่งหลุม คุณสามารถสลับระหว่างพิกัดคาร์ทีเซียนกับพิกัดเชิงขั้วได้โดยเลือกและเคลียร์ช่องทำเครื่องหมายพิกัดเชิงขั้ว Cartesian Coordinates (พิกัดคาร์ทีเซียน) แสดง RFU สำหรับอัลลีล 1 บนแกน x และ RFU สำหรับอัลลีล 2 บนแกน y Polar Coordinates (พิกัดเชิงขั้ว) แสดงมุมบนแกน x และระยะห่างของ RFU บนแกน y จากต้นกำเนิด (ค่ามัธยฐานของ NTC ทั้งหมด)
- Well spreadsheet (สเปรดชีทของหลุม) — แสดงข้อมูลการแยกอัลลีลที่เก็บรวบรวมไว้ในแต่หลุมของเพลต
- Well selector (ตัวเลือกหลุม) — เลือกหลุมที่มีข้อมูลอัลลีลที่คุณต้องการแสดง

- แผง Selected Fluorophores (สารเรืองแสงที่เลือก) — เปลี่ยนป้ายกำกับแกน x และแกน y ในแผนภูมิการแยกอัลลีล รอบที่จะทำการวิเคราะห์ และกำหนดว่าจะแสดงแผนที่การบอกค่าหรือไม่

การปรับข้อมูลสำหรับการแยกอัลลีล

ซอฟต์แวร์จะกำหนดจีโนไทป์ให้กับหลุมที่มีตัวอย่างที่ไม่ทราบที่มาโดยอัตโนมัติตามตำแหน่งของ NTC และมุมและระยะห่างของจุดข้อมูลที่ไม่ทราบจาก NT

วิธีปรับข้อมูลการแยกอัลลีล

▶ ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการแสดงพิกัดเชิงขั้ว ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายในแผนภูมิการแยกอัลลีล
- หากต้องการดูสารเรืองแสงอื่น ให้เลือกจากรายการแบบเลื่อนลงในแผงควบคุม Selected Fluorophores (สารเรืองแสงที่เลือก)
- หากต้องการเปลี่ยนการเพิ่มปริมาณ ให้ลากผ่านจุดข้อมูลในแผนภูมิการแยกอัลลีล และเลือกตัวเลือกในรายการ Selected Wells (หลุมที่เลือก)
  - ☐ Allele 1 (อัลลีล 1)
  - ☐ Allele 2 (อัลลีล 2)
  - ☐ Heterozygote (เฮเทอโรไซโกต)
  - ☐ Undetermined (ระบุไม่ได้)
  - ☐ No Call (ไม่มีการเพิ่มปริมาณ)
  - ☐ Auto Call (การเพิ่มปริมาณอัตโนมัติ)

  เคล็ดลับ: เลือก Auto Call (การเพิ่มปริมาณอัตโนมัติ) เพื่อกลับไปใช้ค่าการเพิ่มปริมาณเริ่มต้น

ตัวเลือกเมนูแผนภูมิ

นอกเหนือไปจากตัวเลือกเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ (โปรดดูรายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ ในหน้า 204) ตาราง 27 จะแสดงรายการตัวเลือกเมนูที่มีอยู่ในแผนภูมิการแยกอัลลีล

ตาราง 27 ตัวเลือกเมนูแผนภูมิการแยกอัลลีลขวาและซ้าย

ตัวเลือกเมนู	ฟังก์ชัน
ซูม	เน้นมุมมองแผนภูมิไปยังพื้นที่ที่เลือกให้ชัดเจน (โดยคลิกและลากเคอร์เซอร์ในแผนภูมิ) **เคล็ดลับ:** หากต้องการเรียกคืนการซูมเพื่อแสดงจุดข้อมูลทั้งหมด ให้คลิกขวาและเลือก Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)
หลุม	สำหรับหลุมที่เลือก มีตัวเลือกคือ แสดงเฉพาะหลุมนี้ ลบหลุมนี้ออกจากมุมมอง ตั้งค่าสีสำหรับการติดตามนี้ หรือไม่รวมหลุมนี้ในการวิเคราะห์
หลุมที่เลือก	สำหรับหลุมที่เลือก (เลือกโดยคลิกและลากเคอร์เซอร์ในแผนภูมิ) มีตัวเลือกคือ แสดงเฉพาะหลุมเหล่านี้ ลบหลุมเหล่านี้ออกจากมุมมอง ตั้งค่าสีสำหรับการติดตามเหล่านี้ หรือไม่รวมหลุมเหล่านี้ในการวิเคราะห์

สเปรดชีตการแยกอัลลีล

ตาราง 28 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีตการแยกอัลลีล

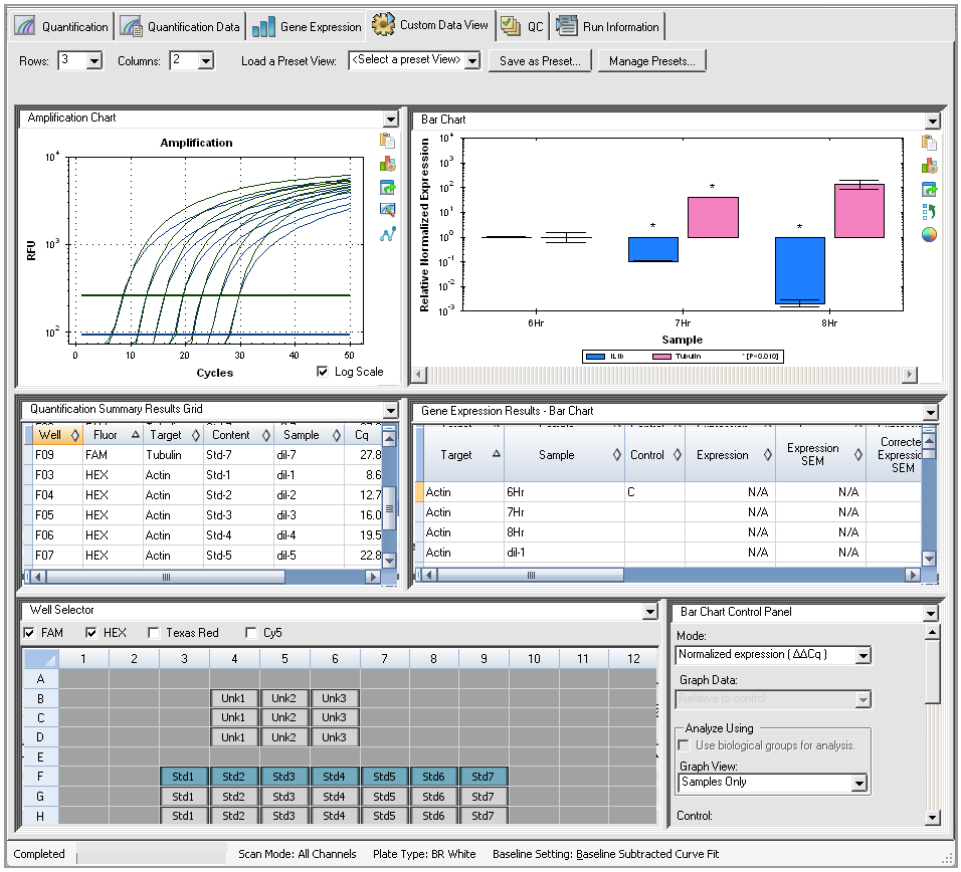
ตาราง 28 เนื้อหาในสเปรดชีตการแยกอัลลีล

ข้อมูล	คำอธิบาย
หลุม	ตำแหน่งของช่องในเพลต
ตัวอย่าง	คำอธิบายชื่อตัวอย่าง
บอก	ลักษณะของอัลลีล รวมถึงอัลลีล1 อัตโนมัติ, อัลลีล 2, เฮเทอโรไซโกต, ไม่มีการบอก หรือระบุไม่ได้
ชนิด	Auto (อัตโนมัติ) หรือ Manual (แมนวล) จะอธิบายถึงวิธีการบอก อัตโนมัติจะหมายถึงว่า ซอฟต์แวร์เลือกการบอก แมนวลจะหมายถึงว่า ผู้ใช้เลือกการบอก
RFU1	RFU สำหรับ Allele1
RFU2	RFU สำหรับ Allele2

แท็บ Custom Data View (มุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง)

แท็บ Custom Data View (มุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง) แสดงบานหน้าต่างหลายบานพร้อมกันในรูปแบบที่ปรับแต่งได้

รายการแบบเลื่อนลง Load a Preset View (โหลดมุมมองที่กำหนดไว้ล่วงหน้า) มีตัวเลือกเทมเพลตรูปแบบการแสดงที่หลากหลาย มุมมองเริ่มต้นที่แสดงจะขึ้นอยู่กับไฟล์ที่กำลังวิเคราะห์ ตัวอย่างเช่น หากมีข้อมูล Melt Curve มุมมองเริ่มต้น Amp+Melt จะปรากฏขึ้น



การสร้างมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง

วิธีสร้างมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง

▶ ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- เลือกมุมมองอื่นที่กำหนดไว้ล่วงหน้าจากรายการแบบเลื่อนลง
- เลือกมุมมองแผนภูมิอื่นจากรายการแบบเลื่อนลงที่อยู่ด้านบนของแต่ละบานหน้าต่าง
- เปลี่ยนจำนวนแถวและคอลัมน์ในแท็บ
- เปลี่ยนขนาดของแต่ละบานหน้าต่าง ลากแถบที่ด้านนอกของแต่ละบานหน้าต่าง

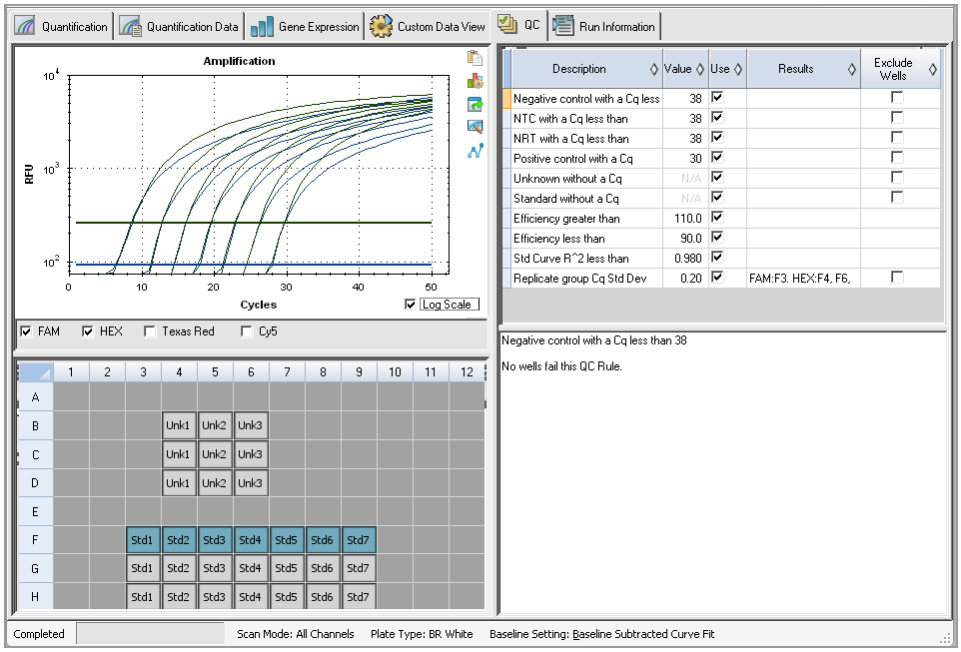
คลิก "บันทึกเป็นค่าที่กำหนดไว้ล่วงหน้า" เพื่อบันทึกมุมมองที่ปรับแต่งเป็นเทมเพลตที่กำหนดไว้ล่วงหน้า คลิก "จัดการค่าที่กำหนดไว้ล่วงหน้า" เพื่อลบ เปลี่ยนชื่อ หรือคืนค่ามุมมองที่กำหนดไว้ล่วงหน้าที่มีอยู่

แท็บ QC (การควบคุมคุณภาพ)

ใช้แท็บ QC (การควบคุมคุณภาพ) เพื่อเข้าถึงคุณภาพของข้อมูลการทดสอบโดยขึ้นกับกฎที่ระบุไว้ในแท็บ QC ในตารางกฎ

CFX Maestro Dx SE ให้ตัวเลือกสี่แบบสำหรับการดูข้อมูล QC (การควบคุมคุณภาพ) ดังนี้

- **แผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ)** — แสดง RFU สำหรับแต่ละหลุมในทุกรอบ การติดตามแต่ละครั้งในแผนภูมิแสดงข้อมูลจากสารเรืองแสงเดี่ยวในหนึ่งหลุม
- **ตารางกฎ QC** — จะแสดงกฎ QC ที่มีและการตั้งค่าที่ระบุกฎแต่ละข้อ กฎ QC ที่ใช้จะแสดงเป็นเครื่องหมายถูก
- **Well selector (ตัวเลือกหลุม)** — จะเลือกหลุมที่มีข้อมูลสารเรืองแสงที่คุณต้องการแสดง
- **บานหน้าต่างสรุปกฎ QC** — แสดงกฎ QC ที่เลือกและเน้นให้เห็นหลุมที่ไม่เป็นไปตามกฎ



การเปลี่ยนเกณฑ์การควบคุมคุณภาพ

วิธีเปลี่ยนเกณฑ์การควบคุมคุณภาพ

▶ เลือกหรือล้างช่องทำเครื่องหมาย Use (ใช้) เพื่อบังคับใช้หรือยกเว้นกฎในการควบคุมคุณภาพ

การแยกหลุมที่ไม่ผ่านการควบคุมคุณภาพออก

CFX Maestro Dx SE แสดงหลุมที่ไม่ผ่านเกณฑ์การควบคุมคุณภาพในคอลัมน์ Results (ผลลัพธ์) ในตารางกฎการควบคุมคุณภาพและในบานหน้าต่างสรุป

วิธีแยกหลุมที่ไม่ผ่านเกณฑ์การควบคุมคุณภาพออก

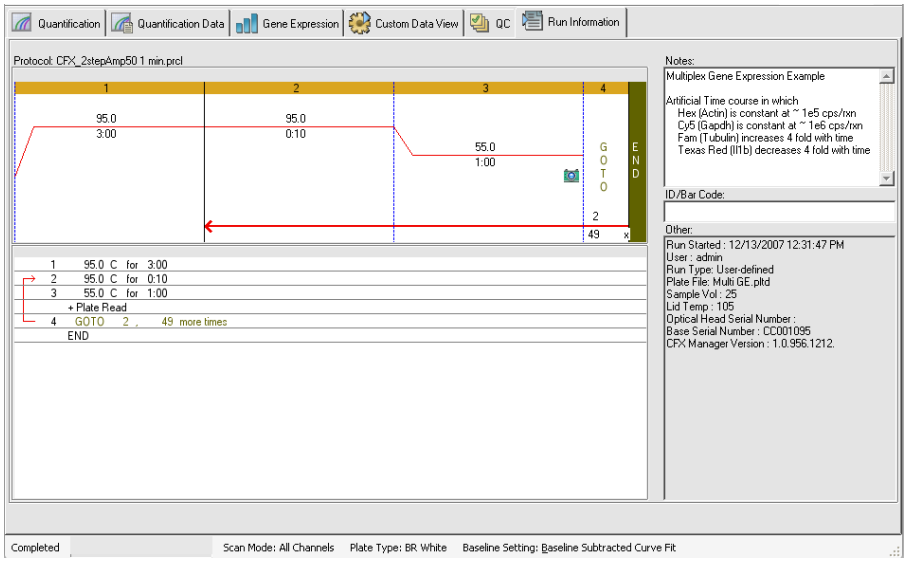
▶ เลือก Exclude Wells (แยกหลุมออก) สำหรับแต่ละหลุมที่ต้องการคัดออก

แท็บ Run Information (ข้อมูลการทดสอบ)

แท็บ Run Information (ข้อมูลการทดสอบ) จะแสดงโปรโตคอลและข้อมูลอื่น ๆ เกี่ยวกับแต่ละการทดสอบ ใช้แท็บนี้เพื่อดำเนินการดังต่อไปนี้

- ดูโปรโตคอล
- ป้อนหรือแก้ไขบันทึกเกี่ยวกับการทดสอบ
- ป้อนหรือแก้ไข ID หรือบาร์โค้ดสำหรับการทดสอบ
- ดูเหตุการณ์ที่อาจเกิดขึ้นระหว่างทำการทดสอบ ใช้ข้อความเหล่านี้เพื่อช่วยแก้ไขปัญหาการทดสอบ

เคล็ดลับ: คลิกขวาที่โปรโตคอบเพื่อคัดลอก ส่งออก หรือพิมพ์ คลิกขวาที่ Notes (บันทึก), ID/Bar Code (ID/บาร์โค้ด) หรือบานหน้าต่างอื่น ๆ เพื่อเลิกทำ ตัด คัดลอก วาง ลบ หรือเลือกข้อความ

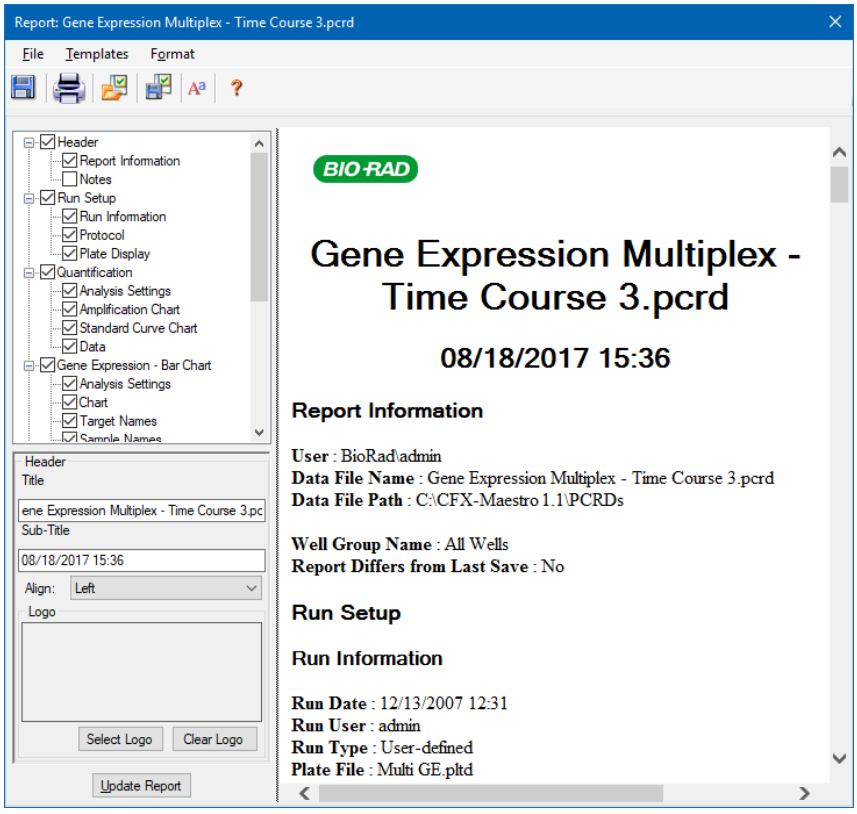


รายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

กล่องโต้ตอบการรายงานแสดงผลข้อมูลเกี่ยวกับไฟล์ข้อมูลปัจจุบันในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) หากต้องการเปิดรายงาน ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reports (รายงาน) หรือคลิก Reports (รายงาน) บนแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ Report (รายงาน) ประกอบด้วยส่วนต่าง ๆ ดังต่อไปนี้

- เมนูและแถบเครื่องมือ — ให้ตัวเลือกในการกำหนดรูปแบบ บันทึก และพิมพ์รายงานหรือเทมเพลต
- รายการตัวเลือก (ด้านซ้ายบนของกล่องโต้ตอบ) — ให้ตัวเลือกในการแสดงผลรายงาน
- บานหน้าต่างตัวเลือก (ด้านซ้ายล่างของกล่องโต้ตอบ) — แสดงกล่องข้อความซึ่งคุณสามารถใส่ข้อมูลเกี่ยวกับตัวเลือกที่เลือก
- บานหน้าต่างแสดงตัวอย่าง (ด้านขวาของกล่องโต้ตอบ) — แสดงตัวอย่างของรายงานปัจจุบัน



ประเภทรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

ตาราง 29 แสดงรายการตัวเลือกทั้งหมดที่พร้อมใช้งานสำหรับรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล โดยขึ้นอยู่กับประเภทของข้อมูลในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ตาราง 29 ประเภทรายงานรายงานการวิเคราะห์ข้อมูลในรายการตัวเลือก

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
หัวข้อ		
		ชื่อเรื่อง คำบรรยาย และโลโก้สำหรับรายงาน
	ข้อมูลรายงาน	วันที่ทำการทดสอบ ชื่อผู้ใช้ ชื่อไฟล์ข้อมูล เส้นทางไฟล์ข้อมูล และกลุ่มของหลุมที่เลือก
	ข้อมูลการตรวจสอบ	ข้อมูลเสริมที่จำเป็นสำหรับการตรวจสอบ ซึ่งรวมถึงลายเซ็น
	บันทึก	บันทึกเกี่ยวกับรายงานข้อมูล
การตั้งค่าการทดสอบ		
	ข้อมูลการทดสอบ	วันที่ทำการทดสอบ ชื่อผู้ใช้ ชื่อไฟล์ข้อมูล เส้นทางไฟล์ข้อมูล และกลุ่มของหลุมที่เลือก
	โปรโตคอล	มุมมองข้อความของขั้นตอนและตัวเลือกโปรโตคอล
	การแสดงเพลต	มุมมองเพลตของข้อมูลในแต่ละหลุมของเพลต
การหาปริมาณ		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	หมายเลขขั้นตอนการเก็บข้อมูล โหมดการวิเคราะห์ และวิธีการลบพื้นฐาน
	แผนภูมิการเพิ่มปริมาณ	แผนภูมิการเพิ่มปริมาณสำหรับบำการทดสอบที่มีข้อมูลการหาปริมาณ
	แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน	แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
การแสดงออกของยีน — แผนภูมิแท่ง		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	โหมดการวิเคราะห์ ข้อมูลแผนภูมิ ตัวเลือกการปรับขนาด และข้อผิดพลาดของแผนภูมิ

ตาราง 29 ประเภทรายงานรายงานการวิเคราะห์ข้อมูลในรายการตัวเลือกต่อ

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
	แผนภูมิ	สำเนาแผนภูมิแท่ง
	ชื่อเป้าหมาย	แผนภูมิของชื่อเป้าหมาย
	ชื่อตัวอย่าง	แผนภูมิของชื่อตัวอย่าง
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
	ความคงตัวของเป้าหมาย	แผนภูมิแสดงค่าความคงตัวของเป้าหมาย
	แผนภูมิ Box-and-Whisker	แผนภูมิ Box-and-Whisker
	แผนภูมิจุด	แผนภูมิจุด
การแสดงออกของยีน — คลัสเตอร์แกรม และพล็อตการกระจาย		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	การตั้งค่าสำหรับแผนภูมิแต่ละประเภท
	แผนภูมิ	สำเนาแผนภูมิ
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
การแสดงออกของยีน — ข้อมูล ANOVA		
	การตั้งค่า ANOVA	ขีดจำกัด P-value ที่ใช้ในการวิเคราะห์
	ผลลัพธ์ ANOVA	ตารางผลลัพธ์จากการวิเคราะห์ ANOVA และ Tukey's HSD post-hoc
เส้นโค้งอุณหภูมิที่แยกสายคู่		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	การตั้งค่าหมายเลขขั้นตอนอุณหภูมิที่แยกสายคู่และแถบขีดจำกัด
	แผนภูมิ Melt Curve	แผนภูมิ Melt curve
	แผนภูมิ Melt Peak	แผนภูมิ Melt peak
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
การแยกอัลลีล		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	สารเรืองแสง รอบ และดูแผนที่การบอกค่า

ตาราง 29 ประเภทรายงานรายงานการวิเคราะห์ข้อมูลในรายการตัวเลือกต่อ

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
	แผนภูมิการแยกอัลลีล	สำเนาแผนภูมิการแยกอัลลีล
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
จุดสิ้นสุด		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	สารเรืองแสง หยุดวงรอบไปที่ค่าเฉลี่ย โหมด ค่า RFU ต่ำสุด ค่า RFU สูงสุด และค่า Cut Off
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
พารามิเตอร์การควบคุมคุณภาพ		
	ข้อมูล	สเปรดชีตที่แสดงรายการพารามิเตอร์สำหรับกฎการควบคุมคุณภาพแต่ละกฎ

การสร้างรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

คุณสามารถบันทึกเค้าโครงของรายงานให้เป็นเทมเพลต ซึ่งคุณสามารถนำกลับมาใช้งานกับรายงานที่คล้ายคลึงกันได้

วิธีสร้างรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

1 ทำการปรับสารที่อยู่ในหลุมครั้งสุดท้าย หลุมที่เลือก แผนภูมิ และแผ่นงานในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ก่อนที่จะจัดทำรายงาน

2 เลือกเครื่องมือ > รายงานในแถบเมนู Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Report (รายงาน)

3 เลือกตัวเลือกที่คุณต้องการใส่ไว้ในรายงาน รายงานจะเปิดขึ้นโดยตัวเลือกเริ่มต้นที่เลือกไว้ เลือกหรือล้างช่องทำเครื่องหมายเพื่อเปลี่ยนทั้งหมวดหมู่หรือตัวเลือกแต่ละรายการภายในหมวดหมู่

ตาราง 29 ในหน้า 244 แสดงรายการตัวเลือกที่พร้อมในการแสดงผล

หมายเหตุ: ข้อมูลที่ปรากฏในรายงานจะขึ้นอยู่กับการเลือกปัจจุบันภายในแท็บของหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ตัวอย่างเช่น การทดสอบเชิงปริมาณอาจไม่มีเส้นโค้งมาตรฐาน ฉะนั้นข้อมูลเหล่านี้จึงไม่ปรากฏในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) หรือในรายงานข้อมูล

4 เปลี่ยนลำดับของหมวดหมู่และรายการในรายงาน ลากตัวเลือกไปยังตำแหน่งสัมพัทธ์ สามารถจัดเรียงรายการใหม่ภายในหมวดหมู่ที่รายการนั้นอยู่เท่านั้น

5 (ไม่บังคับ) ในบานหน้าต่าง Report Options (ตัวเลือกรายงาน) ให้ป้อนข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับตัวเลือกที่เลือก

- เลือกส่วนย่อยของข้อมูลที่จะแสดงในรายงาน
- เลือกการตั้งค่าเฉพาะสำหรับตัวเลือกที่เลือก
- เปลี่ยนข้อความเพื่อแสดงตัวเลือกที่เลือก

6 คลิก Update Report (อัปเดตรายงาน) เพื่ออัปเดต Report Preview (การดูตัวอย่างรายงาน) เมื่อมีการเปลี่ยนแปลงใด ๆ

7 พิมพ์หรือบันทึกรายงาน

a คลิกปุ่ม Print Report (พิมพ์รายงาน) ในแถบเครื่องมือเพื่อพิมพ์รายงานปัจจุบัน

b เลือก File (ไฟล์) > Save (บันทึก) เพื่อบันทึกรายงานในรูปแบบ PDF (ไฟล์ Adobe Acrobat Reader), MHT (เอกสาร Microsoft) หรือรูปแบบไฟล์ MHTML (เอกสาร Microsoft)

c เลือกตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์

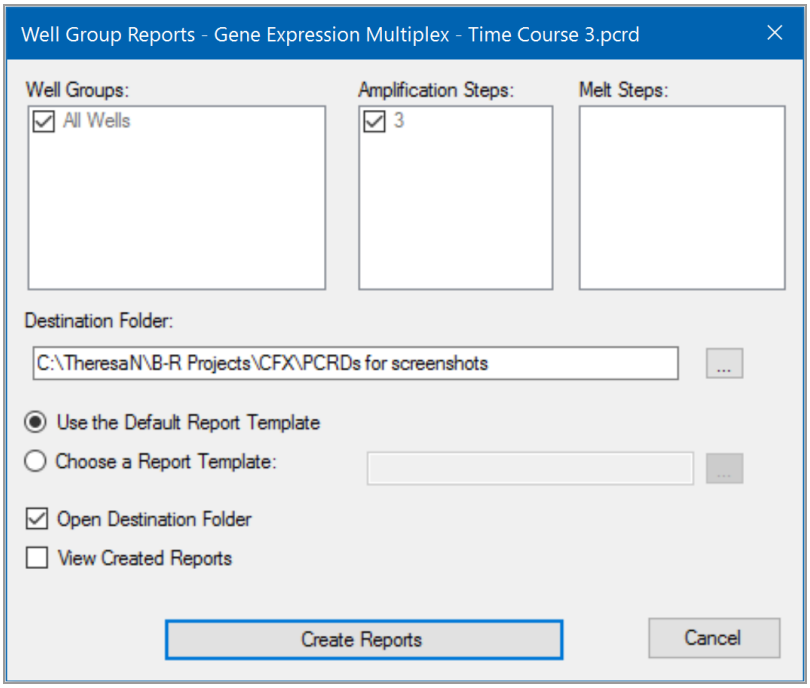
d เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) เพื่อบันทึกรายงานด้วยชื่อใหม่หรือในตำแหน่งใหม่

8 (ไม่บังคับ) สร้างเทมเพลตรายงานที่มีข้อมูลที่คุณต้องการ หากต้องการบันทึกการตั้งค่ารายงานปัจจุบันในเทมเพลต ให้เลือก Template (เทมเพลต) > Save (บันทึก) หรือ Save As (บันทึกเป็น) จากนั้นให้โหลดเทมเพลตรายงานเมื่อคุณต้องการสร้างรายงานใหม่ในครั้งต่อไป

การสร้างรายงานกลุ่มช่อง

วิธีสร้างรายงานกลุ่มช่อง

1 เลือก Tools (เครื่องมือ) > Well Group Reports (รายงานกลุ่มช่อง) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)



2 ในกล่องโต้ตอบ Well Group Reports (รายงานกลุ่มช่อง) ให้เลือกกลุ่มช่อง ขั้นตอนการเพิ่มปริมาณ และขั้นตอนการสลายที่ต้องการเพิ่มลงในรายงาน

3 ป้อนพาธหรือไปที่โฟลเดอร์ปลายทางที่ต้องการให้บันทึกรายงานไว้

4 (ไม่บังคับ) เลือก Choose a Report Template (เลือกเทมเพลตรายงาน) และไปที่โฟลเดอร์ไฟล์เทมเพลต

5 (ไม่บังคับ) เลือก Open Destination Folder (เปิดโฟลเดอร์ปลายทาง) เพื่อเปิดโฟลเดอร์ และดูรายงานหลังจากที่สร้างรายงานแล้ว

6 คลิก Create Reports (สร้างรายงาน)

บทที่ 12 การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

คุณสามารถใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition เพื่อทำการทดสอบการแสดงออกของยีนเพื่อปรับความแตกต่างสัมพัทธ์ในความเข้มข้นเป้าหมายของตัวอย่างให้เป็นบรรทัดฐานโดยใช้การควบคุมที่มีคุณภาพอย่างเข้มงวดในปฏิกิริยาของคุณได้ โดยปกติแล้ว จะใช้ระดับการแสดงออกสำหรับยีนอ้างอิงอย่างน้อยหนึ่งยีนในการปรับระดับการแสดงออกของยีนที่สนใจให้เป็นบรรทัดฐาน ยีนอ้างอิงจะคำนึงถึงความแตกต่างในการโหลดหรือตัวแปรอื่น ๆ ที่แสดงในแต่ละตัวอย่าง และระดับการแสดงออกของตัวอย่างเหล่านั้นไม่ควรได้รับผลกระทบในระบบชีวภาพที่กำลังศึกษาอยู่

เลือกแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เพื่อประเมินความแตกต่างสัมพัทธ์ระหว่างปฏิกิริยา PCR ในหลุมสองหลุมขึ้นไป ตัวอย่างเช่น คุณสามารถประเมินจำนวนสัมพัทธ์ของจีโนมไวรัสหรือจำนวนสัมพัทธ์ของลำดับพันธุกรรมที่มีการถ่ายโอนในปฏิกิริยา PCR ได้ การศึกษาการแสดงออกของยีนที่นิยมใช้มากที่สุด คือการเปรียบเทียบความเข้มข้นของ cDNA ในปฏิกิริยามากกว่าหนึ่งปฏิกิริยา เพื่อประมาณระดับภาวะปกติของ messenger RNA

ซอฟต์แวร์จะคำนวณระดับการแสดงออกสัมพัทธ์ของเป้าหมายด้วยสถานการณ์ใดสถานการณ์หนึ่งต่อไปนี้

- ระดับการแสดงออกสัมพัทธ์ของลำดับพันธุกรรมเป้าหมาย (เป้าหมาย 1) เทียบกับเป้าหมายอื่น (เป้าหมาย 2) ตัวอย่างเช่น จำนวนยีนหนึ่งยีนที่สัมพันธ์กับยีนอีกหนึ่งยีนภายใต้การควบคุมตัวแปรสำหรับตัวอย่างแบบเดียวกัน
- ระดับการแสดงออกสัมพัทธ์ของลำดับพันธุกรรมเป้าหมายในตัวอย่างหนึ่งเทียบกับอีกเป้าหมายเดียวกันภายใต้การควบคุมตัวแปรสำหรับตัวอย่างที่ต่างกัน ตัวอย่างเช่น ปริมาณสัมพัทธ์ของยีนหนึ่งตัวที่สัมพันธ์กับตัวมันเองภายใต้สภาวะเวลา ภูมิศาสตร์ หรือการพัฒนาที่แตกต่างกัน

การตั้งค่าเพลตสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

วิธีดำเนินการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน สารในหลุมต้องมีดังต่อไปนี้

- อย่างน้อยสองเป้าหมาย — สองเป้าหมายที่แสดงถึงยีนที่เพิ่มปริมาณขึ้นที่แตกต่างกันหรือลำดับในตัวอย่างของคุณ
- อย่างน้อยหนึ่งเป้าหมายอ้างอิง — อย่างน้อยหนึ่งเป้าหมายต้องเป็นเป้าหมายอ้างอิงสำหรับการปรับระดับการแสดงออกของยีน กำหนดเป้าหมายอ้างอิงทั้งหมดในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลในโหมด Normalized Expression (การปรับระดับการแสดงออกของยีน) ($\Delta\Delta C_q$) การทดสอบที่ไม่มีการอ้างอิงต้องวิเคราะห์โดยใช้โหมด Relative Expression (การปรับระดับการแสดงออกของยีนสัมพัทธ์) (ΔC_q)
- ตัวอย่างทั่วไป — ปฏิกิริยาของคุณต้องมีตัวอย่างทั่วไป (ต้องมีอย่างน้อยสองตัวอย่าง) เพื่อดูข้อมูลที่พล็อตไว้ในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ตัวอย่างเหล่านี้ควรแสดงการควบคุมหรือเงื่อนไขที่แตกต่างกัน

สำหรับแต่ละลำดับเป้าหมายของคุณ กำหนดตัวอย่างควบคุม (ไม่บังคับ) ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) หากไม่เลือกตัวควบคุม ซอฟต์แวร์จะใช้ C_q ต่ำสุดเป็นตัวควบคุม

ข้อกำหนดสำหรับการตั้งค่า Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะขึ้นอยู่กับว่าสารในปฏิกิริยาเป็น singleplex PCR ที่มีสารเรืองแสงหนึ่งชนิดในปฏิกิริยา หรือ multiplex PCR ที่มีสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดในปฏิกิริยา

การตั้งค่าเพลตที่แนะนำ

หากการตั้งค่าเพลตของข้อมูลไฟล์ไม่ประกอบด้วยข้อมูลที่จำเป็นสำหรับการวิเคราะห์และมีการเลือกแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ช่องว่างที่มักมีแผนภูมิแท่งแสดงอยู่จะมีด้วยคำแนะนำในการป้อนข้อมูลนี้ สำหรับการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน ให้ดำเนินการขั้นตอนต่อไปนี้:

1 กำหนดชื่อ Target (เป้าหมาย) และ Sample (ตัวอย่าง) โดยใช้หนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) — เปิดหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
- Replace Plate File (แทนที่ไฟล์เพลต) — เปิดเบราว์เซอร์ Select Plate (เลือกเพลต) ซึ่งคุณสามารถไปยังไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้เพื่อแทนที่ด้วยรูปแบบเพลตปัจจุบัน
- Replace PrimePCR File (แทนที่ไฟล์ PrimePCR) — เปิดกล่องโต้ตอบ Select PrimePCR File (เลือกไฟล์ PrimePCR) ซึ่งคุณสามารถค้นหาไฟล์การทดสอบ PrimePCR และนำไปใช้กับรูปแบบเพลตได้

2 เลือกอย่างน้อยหนึ่งเป้าหมายอ้างอิงรายและตัวอย่างควบคุมโดยใช้กล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

หากเค้าโครงเพลตมีข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่างแล้ว จำเป็นต้องใช้เฉพาะขั้นตอนที่สองเท่านั้นและจะเน้นเป็นสีส้ม ขั้นตอนนี้ต้องเสร็จสิ้นก่อนที่การวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานจะเกิดขึ้นได้

หมายเหตุ: ข้อมูลสำหรับแผนภาพกระจาย และคลัสเตอร์แกรม จะปรากฏเฉพาะเมื่อเป็นไปตามข้อกำหนดทั้งหมดสำหรับการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานภายใต้ Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) สำหรับ Gene Expression Analysis (การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน)

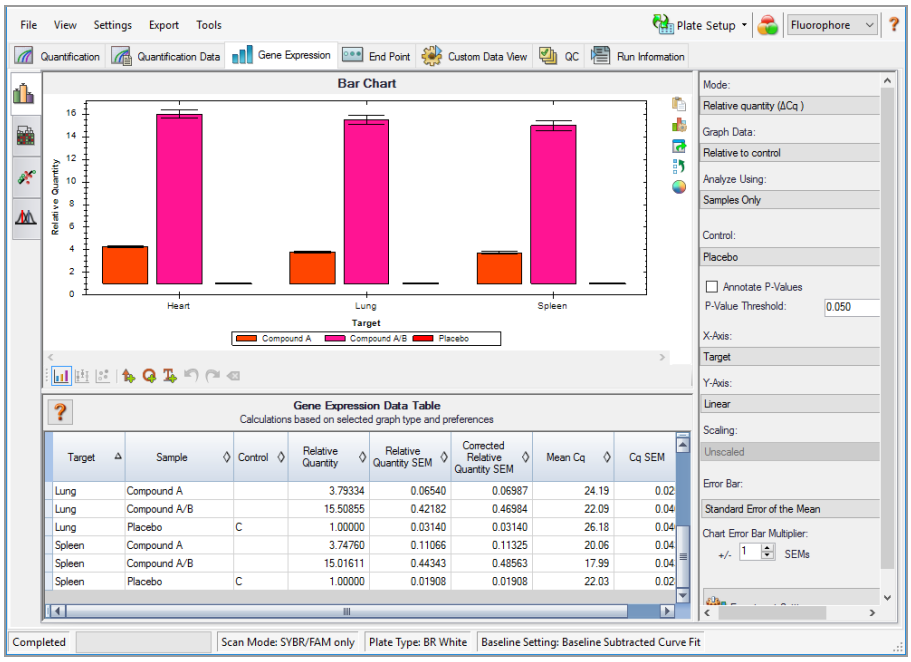
แผนภูมิการแสดงออกของยีน

CFX Maestro Dx SE แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนในหลายมุมมอง ตาราง 30 แสดงรายการตัวเลือกที่มีอยู่ในซอฟต์แวร์

ตาราง 30 ตัวเลือกแผนภูมิการแสดงออกของยีน

ปุ่ม	Name (ชื่อ)	Function (ฟังก์ชัน)
	Graphing (การเขียนกราฟ)	แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานในมุมมองใดมุมมองหนึ่งต่อไปนี้ ■ แผนภูมิแท่ง (ค่าเริ่มต้น) ■ แผนภูมิ Box and whisker ■ แผนภูมิจุด
	คลัสเตอร์แกรม	แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานในลำดับชั้นตามระดับความคล้ายคลึงกันของการแสดงออกสำหรับเป้าหมายและตัวอย่างต่างๆ
	Scatter Plot (แผนภาพกระจาย)	แสดงการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานของเป้าหมายสำหรับตัวอย่างควบคุมเทียบกับตัวอย่างทดสอบ
	ANOVA (การวิเคราะห์ความแปรปรวน)	แสดงผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางเดียวของข้อมูลการแสดงออกของยีนโดยใช้แพ็กเกจ R ต่อไปนี้เพื่อทำการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) และหาผล Tukey ■ Companion to Applied Regression (car) ■ Least-square means (lsmeans)
	Reference Gene Selection Tool (เครื่องมือการเลือกยีนอ้างอิง)	(มีอยู่ในแท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) ในหน้าต่าง Gene Study (การศึกษายีน)) ระบุยีนอ้างอิงที่ผ่านการทดสอบและจัดหมวดหมู่เป็นดีเลิศ ยอมรับได้ หรือไม่เสถียร ตามความเสถียรของข้อมูล
	PrimePCR Controls Analysis (การวิเคราะห์ควบคุม PrimePCR)	(มีอยู่ในแท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) ในหน้าต่าง Gene Study (การศึกษายีน)) แสดงผลลัพธ์ของตัวอย่างที่ทดสอบ

Graphing (การเขียนกราฟ)



การแสดงออกสัมพัทธ์ของเป้าหมายจะแสดงในมุมมองสองแบบดังนี้

- แผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — จะแสดงข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์ในรูปแบบใดรูปแบบหนึ่ง
  ดังต่อไปนี้
  - $\Delta\Delta C_q$ — การปรับระดับการแสดงออกของยีนสัมพัทธ์ที่คำนวณโดยใช้ตัวอย่างควบคุมและเป้าหมายอ้างอิง
  - ΔC_q — ปริมาณสัมพัทธ์ของยีนเป้าหมายในตัวอย่างที่สัมพันธ์กับตัวอย่างควบคุม

  โปรดดูการเปลี่ยนและการทำหมายเหตุประกอบมุมมองแผนภูมิ ในหน้า 254 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการดูข้อมูล
- สเปรดชีต — แสดงสเปรดชีตของข้อมูลการแสดงออกของยีน

  เคล็ดลับ: คลิกขวาที่แผนภูมิหรือสเปรดชีตใด ๆ เพื่อดูตัวเลือก เลือก View/Edit Plate (ดู/แก้ไขเพลต) จากเมนูเลื่อนลง Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) เพื่อเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) แล้วเปลี่ยนเนื้อหาช่องในเพลตดังกล่าว

  เคล็ดลับ: เลือก Sort (จัดเรียง) จากเมนูคลิกขวาเพื่อจัดเรียงลำดับชื่อเป้าหมายและตัวอย่างในแผนภูมิ

การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน

ในการทำข้อมูลให้เป็นบรรทัดฐาน ให้ใช้ระดับการแสดงออกที่วัดได้ของยีนอ้างอิงอย่างน้อยหนึ่งรายการเป็นตัวคูณปรับบรรทัดฐาน ยีนอ้างอิงคือเป้าหมายที่ไม่ได้รับการควบคุมในระบบชีวภาพที่กำลังศึกษา เช่น *actin*, *GAPDH* หรือ *tubulin*

วิธีตั้งค่าการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน ($\Delta\Delta C_q$)

1 เปิดไฟล์ข้อมูล (นามสกุล .pcrd)

2 ตรวจสอบข้อมูลในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ของหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ทำการปรับข้อมูล เช่น การเปลี่ยนขีดจำกัดและโหมดการวิเคราะห์

3 เลือกแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีนส์)

4 ในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้คลิก Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

5 ในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ให้ทำดังต่อไปนี้

   a เลือกแท็บ Samples (ตัวอย่าง) และเลือกตัวควบคุม เมื่อมีการกำหนดตัวควบคุมแล้ว CFX Maestro Dx SE จะปรับให้ปริมาณสัมพัทธ์ของยีนทั้งหมดเป็นบรรทัดฐานต่อปริมาณการควบคุม ซึ่งตั้งไว้ที่ 1

   b เลือกแท็บ Target (เป้าหมาย) และเลือกยีนอ้างอิง การวิเคราะห์การแสดงออกของยีนจำเป็นต้องใช้การอ้างอิงหนึ่งรายการในบรรดาเป้าหมายภายในตัวอย่างของคุณ

6 เลือกการปรับระดับการแสดงออกของยีน ($\Delta\Delta C_q$) หากยังไม่ได้เลือก แล้วดูระดับการแสดงออกในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

   หมายเหตุ: นอกจากนี้ คุณยังสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) เพื่อตั้งค่าแผนผังเพลตเพื่อวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานได้อีกด้วย

Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์)

ตามคำนิยามแล้ว ข้อมูลปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) ยังไม่ได้กำหนดเป็นบรรทัดฐาน วิธีการนี้จะใช้เพื่อหาปริมาณตัวอย่างที่ไม่มียีนอ้างอิง (เป้าหมาย) โดยทั่วไปแล้ว ผู้วิจัยจะมั่นใจเกี่ยวกับหนึ่งในข้อพิจารณาดังต่อไปนี้เมื่อตั้งค่าการทดสอบ

- แต่ละตัวอย่างมีปริมาณ RNA หรือ cDNA เท่ากันในแต่ละหลุม
- ค่าความแปรปรวนในปริมาณตัวอย่างชีวภาพที่บรรจุจะถูกกำหนดเป็นบรรทัดฐานหลังการทดสอบด้วยวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลภายนอกซอฟต์แวร์ ตัวอย่างเช่น ผู้วิจัยอาจเลือกที่จะแบ่งค่าปริมาณสัมพัทธ์ด้วยตัวคูณปรับบรรทัดฐาน อาจเป็นมวลของกรดนิวคลีอิกสำหรับแต่ละตัวอย่าง หรือเป็นจำนวนเซลล์จากแหล่งที่แยกกรดนิวคลีอิกออกมา

วิธีทำการวิเคราะห์ Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) (ΔC_q)

▶ ในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้เลือก Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) (ΔC_q) จากรายการแบบเลื่อนลงของ Mode (โหมด) ในบานหน้าต่างด้านขวา

   เคล็ดลับ: หากต้องการเปรียบเทียบผลลัพธ์กับข้อมูลจากการทดสอบการแสดงออกของยีนอื่น ๆ ให้เปิดการศึกษายีนอื่นหรือเพิ่มไฟล์ข้อมูลไปยังการศึกษายีนที่มีอยู่แล้ว

การเปลี่ยนและการทำหมายเหตุประกอบมุมมองแผนภูมิ

การใช้คำสั่งเมนูในแถบเครื่องมือของแผนภูมิและเครื่องมือแผนภูมิการวิเคราะห์ข้อมูล คุณสามารถเปลี่ยนมุมมองแผนภูมิ ทำหมายเหตุประกอบแต่ละแผนภูมิ และเปลี่ยนการแสดงแผนภูมิ แถบเครื่องมือของแผนภูมิจะปรากฏขึ้นระหว่างสเปรดชีตแผนภูมิและการวิเคราะห์ข้อมูลที่ด้านล่างของหน้าจอ

เครื่องมือในแถบเครื่องมือแผนภูมิ

เคล็ดลับ: ดูข้อมูลเกี่ยวกับเครื่องมือแผนภูมิที่ปรากฏที่ด้านขวาของแผนภูมิการวิเคราะห์ข้อมูลได้จากแผนภูมิ ในหน้า 196

แถบเครื่องมือด้านล่างแผนภูมิจะให้ทางลัดในการเข้าถึงเครื่องมือทำหมายเหตุประกอบ

ตาราง 31 ระบุรายการฟังก์ชันของปุ่มในแถบเครื่องมือแผนภูมิ

ตาราง 31 แถบเครื่องมือแผนภูมิ

ปุ่ม	Name (ชื่อ)	ฟังก์ชัน
	แผนภูมิแท่ง	แสดงการแสดงออกสัมพัทธ์ของเป้าหมาย
	แผนภูมิ Box and whisker	แสดงข้อมูลเป็นช่วงควอร์ไทล์ (ดูรายละเอียดการคำนวณจากการคำนวณแผนภูมิ Box and Whisker ในหน้า 290 **หมายเหตุ:** ใช้ได้เฉพาะเมื่อมีการตั้งค่า Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Biological Groups Only (กลุ่มชีวภาพเท่านั้น)
	แผนภูมิจุด	แสดงจุดข้อมูลตัวอย่างแต่ละชุดสำหรับแต่ละเป้าหมาย **หมายเหตุ:** ใช้ได้เฉพาะเมื่อมีการตั้งค่า Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Biological Groups Only (กลุ่มชีวภาพเท่านั้น)
	Add Arrow (เพิ่มลูกศร)	ลากลูกศรบนแผนภูมิที่กำลังใช้งาน
	Add Circle (เพิ่มวงกลม)	ลากวงกลมบนแผนภูมิที่กำลังใช้งาน
	Add Text (เพิ่มข้อความ)	แทรกกล่องข้อความบนแผนภูมิที่กำลังใช้งาน ซึ่งคุณสามารถเพิ่มข้อความเพื่อระบุรายการที่สนใจในแผนภูมิได้

ตาราง 31 แถบเครื่องมือแผนภูมิต่อ

ปุ่ม	Name (ชื่อ)	ฟังก์ชัน
	Undo (เลิกทำ)	ลบหรือย้อนกลับหมายเหตุประกอบที่ดำเนินการบนแผนภูมิที่กำลังใช้งาน
	Redo (ทำอีกครั้ง)	ย้อนกลับไปที่การดำเนินการ “เลิกทำ” ก่อนหน้าบนแผนภูมิที่กำลังใช้งาน
	Clear All (ล้างทั้งหมด)	ล้างหมายเหตุประกอบบนแผนภูมิที่กำลังใช้งาน

จัดเรียงข้อมูลเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพ

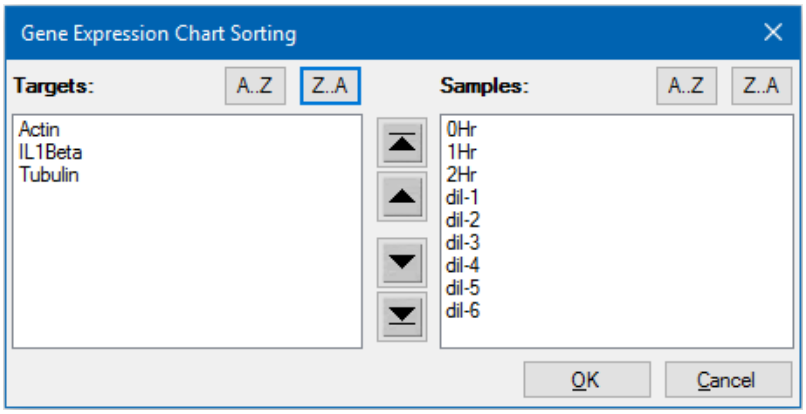
หมายเหตุ: ตัวเลือกนี้มีให้ใช้งานบนแผนภูมิการแสดงออกของยีนเท่านั้น

ตามค่าเริ่มต้น รายการเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มทางชีวภาพจะปรากฏตามลำดับตัวอักษร ใช้กล่องโต้ตอบ Sort (จัดเรียง) เพื่อจัดเรียงหน้าจอตามลำดับอักษรแบบย้อนกลับ หรือเพื่อย้ายคำ ๆ หนึ่งไปยังตำแหน่งอื่นในรายการด้วยตนเอง

วิธีจัดเรียงข้อมูลเป้าหมาย ตัวอย่าง และกลุ่มชีวภาพ

1 จากเครื่องมือแผนภูมิ ให้คลิก Sort (จัดเรียง)

กล่องโต้ตอบการจัดเรียงแผนภูมิการแสดงออกของยีนจะปรากฏขึ้น



2 ในกล่องโต้ตอบ คลิก Z-A เพื่อจัดเรียงรยการตามลำดับตัวอักษร

3 หากต้องการย้ายลำดับคำด้วยตนเอง ให้เลือกคำแล้วคลิกปุ่มที่เหมาะสมระหว่างแผนภูมิดังนี้

- คลิกลูกศร Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งหนึ่ง ๆ
- คลิกลูกศรบนแถบ Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งบนสุดหรือล่างสุดของรายชื่อ

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

การเปลี่ยนการตั้งค่าเป้าหมาย ตัวอย่าง และสีของกลุ่มชีวภาพ

ใช้กล่องโต้ตอบ Color Settings (การตั้งค่าสี) เพื่อเปลี่ยนสีของเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพ หรือลบรายการออกจากกราฟ

วิธีการเปลี่ยนการตั้งค่าสีเป้าหมาย

1 ในบานหน้าต่างด้านขวาในกล่องโต้ตอบ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้ตรวจสอบว่า Sample (ตัวอย่าง) ปรากฏในรายการแบบเลื่อนลง X-Axis (แกน X)

2 ใน Chart Tools (เครื่องมือแผนภูมิ) ให้เลือก Color Settings (การตั้งค่าสี)

กล่องโต้ตอบ Color Settings (การตั้งค่าสี) จะปรากฏขึ้น

3 หากต้องการเปลี่ยนสีที่แสดงสำหรับเป้าหมาย ให้คลิกสีนั้นในคอลัมน์ Color (สี)

4 ในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น ให้เลือกสีใหม่ แล้วคลิก OK (ตกลง)

5 หากต้องการลบเป้าหมายออกจากกราฟการแสดงออกของยีน ให้ล้างช่องทำเครื่องหมายในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

เคล็ดลับ: หากต้องการล้างเป้าหมายทั้งหมด ให้ล้าง Show Chart (แสดงแผนภูมิ) ในส่วนหัวคอลัมน์

6 (ไม่บังคับ) โดยค่าเริ่มต้น แถบจะปรากฏเป็นสีทึบ หากต้องการแสดงแถบเป็นสีไล่ระดับ ให้เคลียร์ Use Solid Colors (ใช้สีทึบ)

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

วิธีการเปลี่ยนการตั้งค่าสีของตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพ

1 ในบานหน้าต่างด้านขวา ในกล่องโต้ตอบ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้ตรวจสอบว่าเป้าหมายปรากฏขึ้นในรายการแบบเลื่อนลง X-Axis (แกน X)

2 ทำตามขั้นตอนในวิธีการเปลี่ยนการตั้งค่าสีเป้าหมาย ในหน้า 256

การเปลี่ยนมุมมองแผนภูมิ

วิธีเปลี่ยนมุมมองแผนภูมิปัจจุบัน

▶ เลือกคำสั่งเมนูแถบเครื่องมือสำหรับมุมมองเป้าหมาย

หมายเหตุ: แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) จะเปิดอยู่เสมอ โดยจะแสดงข้อมูลในมุมมอง Bar Chart (แผนภูมิแท่ง) เริ่มต้น

การแยกจุดข้อมูลที่ผิดปกติออก

ในแผนภูมิจุด คุณสามารถดูและแยกข้อมูลที่ผิดปกติออกจากการวิเคราะห์ได้

วิธีแยกจุดข้อมูลที่ผิดปกติออก

▶ ในแผนภูมิแบบจุด ให้คลิกขวาที่ข้อมูลผิดปกติที่คุณต้องการ แล้วเลือก Exclude Well from Analysis (แยกหลุมออกจากการวิเคราะห์)

จุดข้อมูลจะถูกลบออกจากแผนภูมิ Dot Plot และหลุมจะเปลี่ยนเป็นสีเทาใน Well Selector (ตัวเลือกหลุม) ในแท็บ Quantification (การตรวจหาปริมาณ)

วิธีรวมจุดข้อมูลที่ผิดปกติ

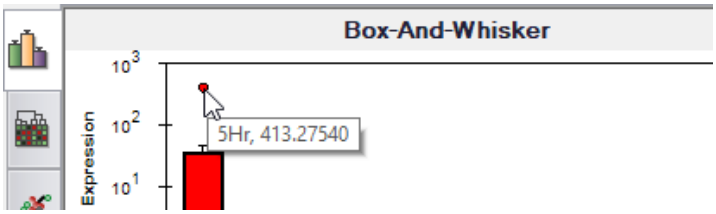
▶ ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ให้คลิกขวาที่หลุมใน Well Selector (ตัวเลือกหลุม) แล้วเลือก Well (หลุม) > Include in Analysis (รวมในการวิเคราะห์)

การดูรายละเอียดจุดข้อมูล

วิธีดูรายละเอียดจุดข้อมูล

▶ ในแผนภาพ Box and Whisker Plot หรือ Dot Plot ให้จ่อเคอร์เซอร์ไปที่จุดข้อมูลแต่ละจุด

เคล็ดลับการใช้เครื่องมือจะแสดงขึ้นมา โดยแสดงชื่อตัวอย่างและการแสดงออกของตัวอย่าง (ปริมาณสัมพัทธ์หรือการปรับระดับการแสดงออกของยีน โดยขึ้นอยู่กับโหมดที่เลือก)



การทำหมายเหตุประกอบแผนภูมิ

คุณสามารถเพิ่มลูกศร วงกลม และข้อความไปยังมุมมองแผนภูมิแท่งแต่ละรายการเพื่อแสดงข้อมูลให้ชัดเจนได้ หมายเหตุประกอบจะบันทึกไว้ด้วยกันกับแผนภูมิแท่ง และจะปรากฏในไฟล์ที่ส่งออกและสั่งพิมพ์ อย่างไรก็ตาม หมายเหตุประกอบที่ทำกับมุมมองแผนภูมิหนึ่งรายการจะไม่ถูกเพิ่มไปยังมุมมองแผนภูมิอื่น

วิธีวาดลูกศรหรือวงกลมบนแผนภูมิ

1 ในแถบเครื่องมือแผนภูมิแท่ง ให้คลิกเครื่องมือที่ต้องการ

2 คลิกที่แผนภูมิแท่งแล้วลากเคอร์เซอร์ไปตามแผนภูมิตามต้องการ

วิธีเพิ่มข้อความในแผนภูมิ

1 ในแถบเครื่องมือแผนภูมิ ให้คลิก Add Text (เพิ่มข้อความ)

2 คลิกที่แผนภูมิแท่ง กล่องข้อความจะปรากฏขึ้นที่ตำแหน่งที่คลิก

3 พิมพ์ข้อความในกล่องข้อความ

4 คลิกตำแหน่งใดก็ได้บนแผนภูมิเพื่อปิดกล่องข้อความ

เคล็ดลับ: กด Enter เพื่อเพิ่มเส้นในกล่องข้อความเพิ่มเติม

วิธีย้ายหมายเหตุประกอบ

1 เลื่อนเคอร์เซอร์ไปที่หมายเหตุประกอบ ไอคอนจะเปลี่ยนเป็นรูปนิ้วชี้และจะเน้นที่กรอบหมายเหตุประกอบ

2 คลิกที่หมายเหตุประกอบแล้วลากไปที่ตำแหน่งอื่น

3 ปล่อยหมายเหตุประกอบเพื่อวางตำแหน่ง

วิธีเลิกทำหมายเหตุประกอบ

▶ คลิก Undo (เลิกทำ)

หมายเหตุประกอบที่เพิ่มล่าสุดจะถูกลบออก

เคล็ดลับ: คุณสามารถเลิกทำหมายเหตุประกอบล่าสุดได้พร้อมกันครั้งละสิบรายการ

วิธีทำหมายเหตุประกอบอีกครั้ง

▶ คลิก Redo (ทำอีกครั้ง)

หมายเหตุประกอบที่ลบออกล่าสุดจะกลับมา

เคล็ดลับ: คุณสามารถทำหมายเหตุประกอบล่าสุดอีกครั้งได้พร้อมกันครั้งละสิบรายการ

วิธีลบหมายเหตุประกอบ

▶ คลิกขวาที่หมายเหตุประกอบแล้วเลือก Delete (ลบ)

การปรับข้อมูลการแสดงออกของยีน

หลังจากเลือกโหมดวิเคราะห์สำหรับการปรับระดับการแสดงออกของยีน (ΔΔCq) หรือปริมาณสัมพัทธ์ (ΔCq) แล้ว ให้ปรับข้อมูลที่คุณดูในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) โดยเปลี่ยนตัวเลือกการตั้งค่าที่ด้านขวาของแผนภูมิ

เคล็ดลับ: คุณสามารถตั้งค่าตัวเลือกข้อมูล Gene Expression (การแสดงออกของยีน) เริ่มต้นในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) (ดูการตั้งค่าพารามิเตอร์ไฟล์ข้อมูลการแสดงออกของยีนเริ่มต้น ในหน้า 90)

Graph Data (ข้อมูลกราฟ)

ตั้งค่าแกน y เป็นระยะเชิงเส้นเพื่อเปิดใช้ตัวเลือกข้อมูลกราฟ ตัวเลือกข้อมูลกราฟช่วยให้คุณสามารถนำเสนอข้อมูลในกราฟโดยใช้ตัวเลือกใดตัวเลือกหนึ่งต่อไปนี้

- Relative to control (เปรียบเทียบกับตัวควบคุม) — ทำกราฟข้อมูลที่แกนมีระยะจาก 0 ถึง 1 หากคุณกำหนดตัวควบคุมในการทดสอบของคุณ ให้เลือกตัวเลือกนี้เพื่อแสดงภาพการเพิ่มปริมาณมากขึ้นและการลดปริมาณลงของเป้าหมายได้อย่างรวดเร็ว
- Relative to zero (เปรียบเทียบกับค่าศูนย์) — ทำกราฟข้อมูลที่มีจุดเริ่มต้นที่ศูนย์

Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้)

ใช้เมนูแบบเลื่อนลงเพื่อเลือกว่าจะวิเคราะห์และพล็อตข้อมูลอย่างไร ตัวเลือกต่าง ๆ มีดังนี้

- Samples Only (ตัวอย่างเท่านั้น) — ข้อมูลจะได้รับการวิเคราะห์และพล็อตแบบทีละตัวอย่าง
- Biological Groups Only (กลุ่มชีวภาพเท่านั้น) — ข้อมูลจะได้รับการวิเคราะห์และพล็อตสำหรับกลุ่มชีวภาพ การแสดงออกของกลุ่มชีวภาพคือค่าเฉลี่ยทางเรขาคณิตของตัวอย่างในกลุ่มดังกล่าว
- Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) — ข้อมูลจะได้รับการวิเคราะห์และพล็อตแบบทีละตัวอย่าง โดยมีกลุ่มชีวภาพต่อท้ายชื่อตัวอย่าง ค่า P-value ที่แสดงคำนวณโดยอิงตามกลุ่มชีวภาพ
- Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ) — ข้อมูลจะได้รับการวิเคราะห์และพล็อตแบบทีละตัวอย่าง โดยมีกลุ่มชีวภาพอยู่หน้าชื่อตัวอย่าง ค่า P-value ที่แสดงจะคำนวณโดยอิงตามกลุ่มชีวภาพ

ใช้เมนูแบบเลื่อนลง เพื่อเลือกตัวอย่างที่จะใช้เพื่อทำให้ Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) เป็นมาตรฐาน

Annotate P-Values (อธิบายค่า P-Values) และ P-Value Threshold (ขีดจำกัดค่า P-Value)

เมื่อเลือก Annotate P-Values (อธิบายค่า P-Values) ซอฟต์แวร์จะแสดงเครื่องหมายดอกจัน (*) ในแผนภูมิแท่งเหนือเป้าหมายหากค่า P-Value ต่ำกว่าขีดจำกัดที่เลือก ซอฟต์แวร์จะคำนวณค่า P-Value โดยอัตโนมัติโดยเปรียบเทียบระดับการแสดงออกของตัวอย่างกับระดับการแสดงออกของตัวอย่างควบคุมที่เลือกโดยใช้การทดสอบ t-test มาตรฐาน ช่วงขีดจำกัดค่า P-value มีค่าอยู่ระหว่าง 0.000—1.000

ตัวเลือกแกน X

ตัวเลือกแกน x ช่วยให้คุณสามารถเลือกข้อมูลแกน x ของแผนภูมิการแสดงออกของยีนได้

- Target (เป้าหมาย) — เขียนกราฟชื่อเป้าหมายบนแกน x
- Sample (ตัวอย่าง) — เขียนกราฟชื่อตัวอย่างบนแกน x

ตัวเลือกแกน Y

ตัวเลือกแกน Y ทำให้คุณสามารถแสดงแผนภูมิการแสดงออกของยีนได้ในสามระดับดังนี้

- เส้นตรง — เลือกตัวเลือกนี้เพื่อแสดงระยะเชิงเส้น

  เคล็ดลับ: การกำหนดให้แกน Y เป็นเส้นตรงจะเปิดใช้งานรายการ Graph Data (ข้อมูลกราฟ) แบบเลื่อนลง ซึ่งคุณสามารถเลือกข้อมูลกราฟที่สัมพันธ์กับตัวควบคุมหรือสัมพันธ์กับค่าศูนย์ได้

- Log 2 — เลือกตัวเลือกนี้เพื่อประเมินตัวอย่างในช่วงไดนามิกที่กว้าง
- Log 10 — เลือกตัวเลือกนี้เพื่อประเมินตัวอย่างในช่วงไดนามิกที่กว้างมาก

ตัวเลือกการปรับขนาด

เลือก Normalized Gene Expression (การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน) ($\Delta\Delta C_q$) และตั้ง (ตัวอย่างควบคุม) เป็น None (ไม่มี) เพื่อเปิดใช้งานตัวเลือกการปรับขนาดในแผนภูมิการแสดงออกของยีน เลือกหนึ่งในตัวเลือกการปรับขนาดเหล่านี้เพื่อคำนวณและนำเสนอข้อมูลของคุณในลักษณะที่เหมาะสมกับรูปแบบในการทดสอบของคุณที่สุด

- Unscaled (ไม่ปรับขนาด) — นำเสนอการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานที่ไม่มีการปรับขนาด
- Highest (สูงสุด) — ปรับขนาดการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับแต่ละเป้าหมายโดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างด้วยระดับการแสดงออกสูงสุดในทุกตัวอย่าง

  ตัวเลือกการปรับขนาดนี้ใช้สูตรการปรับขนาดให้สูงที่สุด

- Lowest (ต่ำสุด) — ปรับขนาดการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับแต่ละเป้าหมายโดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างด้วยระดับการแสดงออกต่ำสุดในทุกตัวอย่าง

  ตัวเลือกการปรับขนาดนี้ใช้สูตรการปรับขนาดให้ต่ำที่สุด

- Average (เฉลี่ย) — ปรับขนาดการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับแต่ละเป้าหมายโดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างด้วยค่าเฉลี่ยเรขาคณิตของระดับการแสดงออกสำหรับทุกตัวอย่าง

  ตัวเลือกการปรับขนาดนี้ใช้สูตรการปรับขนาดเป็นค่าเฉลี่ย

เลือกตัวเลือกสำหรับประเภทของการคำนวณข้อผิดพลาด (แถบข้อผิดพลาด) ในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

Chart Error Bar Multiplier (ตัวคูณแถบข้อผิดพลาดของแผนภูมิ)

เลือกตัวคูณสำหรับแถบข้อผิดพลาดของแผนภูมิใน Gene Expression (การแสดงออกของยีน) เลือกหนึ่งในจำนวนเต็มเหล่านี้:

- +/- 1 (ค่าเริ่มต้น)

- 2
- 3

ชนิดของตัวคูณจะเปลี่ยนแปลงไปเมื่อคุณเลือกแถบข้อผิดพลาด

- SEM สำหรับข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย
- Std Dev สำหรับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

การตั้งค่าการทดสอบ

เคล็ดลับ: กล่องโต้ตอบนี้มีอยู่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ด้วยเช่นกัน โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ ในหน้า 146

ในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) คุณสามารถดูหรือเปลี่ยนแปลงรายการเป้าหมาย ตัวอย่าง หรือกลุ่มชีวภาพ เลือกยีนอ้างอิง เลือกตัวควบคุม หรือตั้งค่ากลุ่มการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่จะทำการวิเคราะห์หากมีการเพิ่มกลุ่มชีวภาพลงในหลุม

วิธีเปิดกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

▶ ในแท็บ Graphing (การเขียนกราฟ) ให้คลิก Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่ด้านล่างของบานหน้าต่างด้านขวา

กล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Targets (เป้าหมาย)

วิธีปรับการตั้งค่า Targets (เป้าหมาย)

▶ ในแท็บ Targets (เป้าหมาย) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการเลือกให้เป้าหมายเป็นข้อมูลอ้างอิงสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ให้เลือกชื่อนั้นในคอลัมน์ Reference (อ้างอิง)
- หากต้องการเปลี่ยนสีของเป้าหมาย ให้คลิกที่ช่องนั้นในคอลัมน์ Color (สี) และเปลี่ยนสีในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น

  การเปลี่ยนสีจะปรากฏขึ้นในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)
- หากต้องการใช้ค่าประสิทธิภาพที่กำหนดก่อนหน้านี้ ให้ล้างช่องทำเครื่องหมายของเป้าหมายในคอลัมน์ Auto Efficiency (ประสิทธิภาพอัตโนมัติ) และป้อนตัวเลขสำหรับเปอร์เซ็นต์ประสิทธิภาพของเป้าหมาย

  ซอฟต์แวร์จะคำนวณประสิทธิภาพเชิงเปรียบเทียบของเป้าหมายโดยใช้ Auto Efficiency (ประสิทธิภาพอัตโนมัติ) หากข้อมูลสำหรับเป้าหมายมีเส้นโค้งมาตรฐาน

วิธีปรับการตั้งค่า Sample (ตัวอย่าง)

▶ ในแท็บ Samples (ตัวอย่างและกลุ่มชีวภาพ) ให้ทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการเลือกให้ตัวอย่างเป็นตัวควบคุมสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ให้เลือกชื่อนั้นในคอลัมน์ Control (ควบคุม)
- หากต้องการเปลี่ยนสีของตัวอย่าง ให้คลิกที่ช่องนั้นในคอลัมน์ Color (สี) และเปลี่ยนสีในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น

  การเปลี่ยนสีจะปรากฏขึ้นในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)
- หากต้องการแสดงตัวอย่างในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้เลือกในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)
- หากต้องการลบตัวอย่างออกจากแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้ล้างในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

  เคล็ดลับ: ข้อมูลตัวอย่างจะยังคงอยู่ในตาราง Results (ผลลัพธ์)

วิธีแยกประเภทตัวอย่างออกจากการคำนวณการวิเคราะห์

▶ เลือกช่องทำเครื่องหมายของประเภทตัวอย่างนั้นที่ด้านล่างของกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

หมายเหตุ: การดำเนินการนี้จะแยกตัวควบคุมและ/หรือมาตรฐานออกจากการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

ตัวเลือกเมนูคลิกขวา

คลิกขวาที่แผนภูมิการแสดงออกของยีนเพื่อเลือกรายการที่แสดงในตาราง 32

ตาราง 32 รายการเมนูคลิกขวาของการแสดงออกของยีน

รายการ	ฟังก์ชัน
Copy (คัดลอก)	คัดลอกแผนภูมิไปยังคลิปบอร์ด
Save Image As (บันทึกรูปภาพเป็น)	บันทึกแผนภูมิเป็นไฟล์รูปภาพ ตั้งค่าความละเอียดและขนาดของรูปภาพ จากนั้นเลือกประเภทไฟล์ (PNG, JPG, หรือ BMP)
Page Setup (ตั้งค่าหน้ากระดาษ)	เลือกการตั้งค่าหน้ากระดาษสำหรับพิมพ์
Print (พิมพ์)	พิมพ์แผนภูมิ
Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)	Show All (แสดงทั้งหมด) จะแสดงข้อมูลทั้งหมดในแผนภูมิแท่ง Scroll Bar (แถบเลื่อนหน้าจอ) จะแสดงแถบเลื่อนหน้าจอหากมีตัวอย่างที่จะแสดงมากเกินไปในกรอบแผนภูมิ โดยความกว้างของแผนภูมิแท่งจะยังคงเท่าเดิม
การตั้งค่าแผนภูมิ	เปิดหน้าต่างตัวเลือกเพื่อปรับแผนภูมิ

ตาราง 32 รายการเมนูคลิกขวาของการแสดงออกของยีนต่อ

รายการ	ฟังก์ชัน
Sort (จัดเรียง)	จัดเรียงลำดับของตัวอย่างหรือเป้าหมายที่ปรากฏบนแกน X ของแผนภูมิ
ใช้ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แก้ไข	คำนวณแถบข้อผิดพลาดโดยใช้สูตรค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แก้ไข
ใช้แถบสีทึบ	แสดงแถบสีทึบในแผนภูมิ
ป้ายแกน X	แสดงป้ายแกน X แนวนอนหรือทำมุม

สเปรดชีตข้อมูล

ตาราง 33 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในตารางข้อมูลการแสดงออกของยีน

หมายเหตุ: ค่าในตารางจะคำนวณตามประเภทกราฟและการตั้งค่าที่เลือกในบานหน้าต่างขวามือ

ตาราง 33 คำอธิบายสารในสเปรดชีตในแท็บ

ข้อมูล	คำอธิบาย
เป้าหมาย	ชื่อเป้าหมาย (ยีนที่เพิ่มขึ้น) ที่เลือกไว้ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
Biological Group (กลุ่มชีวภาพ) Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ)	ชื่อตัวอย่างและ/หรือกลุ่มชีวภาพที่เลือกไว้ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
ควบคุม	ชื่อการควบคุมที่เลือกไว้ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เมื่อมีการตั้งค่า Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Samples Only (ตัวอย่างเท่านั้น) การควบคุมจะเป็นตัวอย่างที่เลือกในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เมื่อเลือก Biological Groups Only (กลุ่มชีวภาพเท่านั้น) Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) หรือ Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ) การควบคุมจะเป็นกลุ่มชีวภาพที่เลือกในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
ปริมาณสัมพัทธ์หรือ SEM หรือการแสดงออก	ปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) หรือการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน ($\Delta\Delta C_q$) ขึ้นอยู่กับโหมดที่เลือก

ข้อมูล	คำอธิบาย
ปริมาณสัมพัทธ์หรือ SEM การแสดงออก (หรือ SD)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย (SEM) หรือค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของปริมาณสัมพัทธ์หรือการปรับระดับการแสดงออกของยีน ขึ้นอยู่กับตัวเลือกที่เลือก ใช้ได้เฉพาะเมื่อเมื่อมีการตั้งค่า Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Samples Only (ตัวอย่างเท่านั้น) Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) หรือ Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ)
Corrected Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์ที่แก้ไข) หรือ SEM การแสดงออก (หรือ SD)	การคำนวณแก้ไขค่า SEM หรือ SD ของปริมาณสัมพัทธ์หรือการปรับระดับการแสดงออกของยีน ขึ้นอยู่กับตัวเลือกที่เลือก ใช้ได้เฉพาะเมื่อมีการตั้งค่า Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Samples Only (ตัวอย่างเท่านั้น) Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) หรือ Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ)
ค่าเฉลี่ย C_q	ค่าเฉลี่ยของวงจรการหาปริมาณ (ไม่แสดงหากกำหนด Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็นกลุ่มชีวภาพเท่านั้น)
C_q SEM (หรือ SD)	SEM หรือ SD ของวงจรการหาปริมาณ ขึ้นอยู่กับตัวเลือกที่เลือก (จะไม่แสดงเมื่อกำหนด Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็นกลุ่มชีวภาพเท่านั้น)

ตัวเลือกการแสดงรายละเอียด

ตาราง 34 ระบุข้อมูลที่แสดงขึ้นเมื่อเลือก “Show Details” (แสดงรายละเอียด) จากเมนูคลิกขวาของสเปรดชีตแผนภูมิแท่ง

ตาราง 34 ข้อมูลในสเปรดชีตแผนภูมิแท่งที่เลือก Show Details (แสดงรายละเอียด) ไว้

ข้อมูล	คำอธิบาย
Data Set (ชุดข้อมูล)	ข้อมูลการเรืองแสงจากสารเรืองแสงหนึ่งในไฟล์ข้อมูล
Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์)	ปริมาณสัมพัทธ์ที่คำนวณของตัวอย่าง
Relative Quantity SD (SD ปริมาณสัมพัทธ์)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของการคำนวณปริมาณสัมพัทธ์
Corrected Relative Quantity SD (SD ปริมาณสัมพัทธ์ที่แก้ไข)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณของปริมาณสัมพัทธ์ที่แก้ไข
Relative Quantity SEM (SEM ปริมาณสัมพัทธ์)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการคำนวณปริมาณสัมพัทธ์
Corrected Relative Quantity SEM (SEM ปริมาณสัมพัทธ์ที่แก้ไข)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของปริมาณสัมพัทธ์ที่แก้ไข
Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) (lg)	Log_2 ของปริมาณสัมพัทธ์ที่ใช้เพื่อการวิเคราะห์เชิงสถิติ
SD RQ(lg)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์ (log_2)
SEM Expression (lg) (SEM การแสดงออก (lg))	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออก (Log_2)
Unscaled Expression (การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด)	Calculated unscaled expression (การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่คำนวณ)
Unscaled Expression SD (SD การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด
Corrected Unscaled Expression SD (SD การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่แก้ไข)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่แก้ไข

ตาราง 34 ข้อมูลในสเปรดชีตแผนภูมิแท่งที่เลือก Show Details (แสดงรายละเอียด) ไว้ต่อ

ข้อมูล	คำอธิบาย
Unscaled Expression SEM (SEM การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานที่คำนวณของค่าเฉลี่ยของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด
Corrected Unscaled Expression SEM (SEM การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่แก้ไข)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่คำนวณ
Unscaled Expression (การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (lg))	Log_2 ของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด
SD Unscaled Expression (SD การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (lg))	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (log_2)
SEM Unscaled Expression (SEM การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (lg))	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (Log_2)
การแสดงออก	การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน
Corrected Expression SD (SD การแสดงออกที่แก้ไข)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณของการแสดงออกที่แก้ไข
Expression SEM (SEM การแสดงออก)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออก
Corrected Expression SEM (SEM การแสดงออกที่แก้ไข)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานที่คำนวณจากค่าเฉลี่ยของการแสดงออกที่แก้ไข
Expression (lg)	Log_2 ของการแสดงออก (การปรับระดับการแสดงออกของยีน) ซึ่งใช้สำหรับการวิเคราะห์เชิงสถิติ
SD Expression (lg) (SD การแสดงออก (lg))	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของการแสดงออก (log_2)
SEM Expression (lg) (SEM การแสดงออก (lg))	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออก (Log_2)
ค่าเฉลี่ย C_q	ค่าเฉลี่ยของรอบการหาปริมาณ
C_q SD	ค่าเบี่ยนเบนมาตรฐานของรอบการหาปริมาณ

ตาราง 34 ข้อมูลในสเปรดชีตแผนภูมิแท่งที่เลือก Show Details (แสดงรายละเอียด) ไว้ต่อ

ข้อมูล	คำอธิบาย
C_q SEM	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของรอบการหาปริมาณ

Clustergram (คลัสเตอร์แกรม)

คลัสเตอร์แกรมแสดงข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่างในลำดับขั้นที่อิงตามปริมาณความเหมือนของการแสดงออก

หมายเหตุ: คุณต้องเลือกเป้าหมายอ้างอิงเพื่อนำข้อมูลที่ไม่ใช่นิพจน์สัมพัทธ์มาพล็อตเป็นแผนภูมิแท่ง

รูปภาพคลัสเตอร์แกรมอธิบายนิพจน์สัมพัทธ์ของตัวอย่างหรือเป้าหมายดังนี้

- Upregulation (การเพิ่มขึ้น) (สีแดง) — การแสดงออกที่สูงกว่า
- Downregulation (การลดลง) (สีเขียวหรือสีน้ำเงิน) — การแสดงออกที่ต่ำกว่า
- ไม่มีกฎ (สีดำ)
- ไม่มีค่าที่คำนวณ (สีดำที่มี X สีขาว)

ยิ่งเฉดสีอ่อนมากเท่าไร การแสดงออกสัมพัทธ์ก็ต่างกันมากขึ้นเท่านั้น หากสามารถคำนวณค่า C_q มาตรฐานได้ รูปสี่เหลี่ยมจัตุรัสจะเป็นสีดำและมีตัว X สีขาว

ที่ขอบด้านนอกของการพล็อตข้อมูลคือเดนโดรแกรม ซึ่งจะระบุลำดับขั้นของการคลัสเตอร์ เป้าหมายหรือตัวอย่างที่มีรูปแบบการแสดงออกใกล้เคียงกัน จะมีกิ่ง (branch) อยู่ใกล้กัน แต่หากมีรูปแบบการแสดงออกต่างกัน กิ่งก็จะอยู่ห่างกันมากขึ้น

การตั้งค่า

คุณสามารถตั้งค่าตัวเลือกต่อไปนี้

- Cluster By (รวมกลุ่มโดย) — เลือกจากเป้าหมาย ตัวอย่าง ทั้งสอง หรือไม่เลือกเลย
- Size (ขนาด) — ปรับขนาดภาพและเปลี่ยนระดับการขยายแผนภูมิ
- Split Out Replicates (แยกการทำซ้ำ) — แสดงค่าสำหรับแต่ละการทำซ้ำ

เคล็ดลับ: คุณสามารถเปลี่ยนแบบแผนชุดสีสำหรับจากค่าเริ่มต้นสีแดง/เขียวเป็นแดง/น้ำเงินได้โดยเลือกตัวเลือกนี้จากเมนูคลิกขวาที่จุดของแผนภูมิ

ตัวเลือกเมนูคลิกขวา

ตัวเลือกเมนูคลิกขวาสำหรับคลัสเตอร์แกรมมีลักษณะเหมือนกับตัวเลือกของกราฟแท่ง โปรดดูตัวเลือกที่พร้อมใช้งานได้ที่ตาราง 32 ในหน้า 262 นอกจากนี้ ให้เลือก Color Scheme (แบบแผนชุดสี) เพื่อเปลี่ยนการแสดงออกที่ลดลงจากค่าเริ่มต้นสีแดง/เขียวเป็นสีแดง/น้ำเงินในแผนภูมิ

สเปรดชีตข้อมูล

สเปรดชีตข้อมูลจะแสดงค่าสำหรับเป้าหมาย ตัวอย่าง และการปรับระดับการแสดงออกของยีน

แผนภาพกระจาย

แผนภาพกระจายจะแสดงการปรับระดับการแสดงออกของยีนของเป้าหมายสำหรับตัวอย่างควบคุมกับตัวอย่างทดสอบ เส้นในแผนภาพแสดงถึงขีดจำกัดสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง จุดข้อมูลระหว่างเส้นแสดงว่าความแตกต่างในการแสดงออกของเป้าหมาย (ยีน) นั้นไม่สำคัญระหว่างตัวอย่างทั้งสอง จุดข้อมูลที่อยู่นอกเส้นจะเกินขีดจำกัดการควบคุมสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง และอาจเป็นจุดที่น่าสนใจ

ภาพของแผนภาพแสดงการเปลี่ยนแปลงต่อไปนี้ในการแสดงออกของเป้าหมายตามขีดจำกัดการควบคุมสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง

- Upregulation (การเพิ่มขึ้น) (วงกลมสีแดง) — การแสดงออกที่ค่อนข้างสูงกว่า
- Downregulation (การลดลง) (วงกลมสีเขียวหรือสีน้ำเงิน) — การแสดงออกที่ค่อนข้างต่ำกว่า
- No change (ไม่มีการเปลี่ยนแปลง) (วงกลมสีดำ)

คลิกและลากเส้นขีดจำกัดเพื่อปรับค่าขีดจำกัดสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง

การตั้งค่า

คุณสามารถตั้งค่าตัวเลือกต่อไปนี้

- ตัวอย่างควบคุม
- Experimental Sample (ตัวอย่างทดสอบ)
- Fold Change Threshold (ค่าขีดจำกัดสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง) เมื่อคุณเพิ่มหรือลดค่าการควบคุมสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง เส้นขีดจำกัดในแผนภาพจะย้ายไปตามการ
  เปลี่ยนแปลง

ตัวเลือกเมนูคลิกขวา

ตัวเลือกเมนูคลิกขาสำหรับแผนภาพกระจายจะเหมือนกับตัวเลือกของแผนภูมิแท่ง โปรดดูตัวเลือกที่พร้อมใช้งานได้ที่ ตาราง 32 ในหน้า 262 นอกจากนี้ สามารถเลือก Symbol (สัญลักษณ์) เพื่อเปลี่ยนสัญลักษณ์ที่จะใช้ในแผนภาพจากวงกลมเริ่มต้นให้เป็นแบบใดแบบหนึ่งต่อไปนี้

- Triangle (สามเหลี่ยม)
- Cross (กากบาท)
- Square (สี่เหลี่ยม)
- Diamond (ข้าวหลามตัด)

สเปรดชีตข้อมูล

สเปรดชีตจะแสดงค่าสำหรับเป้าหมายและการปรับระดับการแสดงออกของยีนสำหรับตัวอย่างควบคุมและตัวอย่างทดสอบ นอกจากนี้ ยังระบุว่าเป้าหมายมีการเพิ่มขึ้นหรือลดลงเมื่อเทียบกับการควบคุมเป้าหมาย

สเปรดชีตผลการทดสอบ

สเปรดชีตผลการทดสอบจะสรุปข้อมูลจากแผนภูมิทั้งหมด ตาราง 35 ระบุข้อมูลที่จะแสดงในสเปรดชีต Results (ผลการทดสอบ)

ตาราง 35 ข้อมูลในแท็บ Results (ผลการทดสอบ)

ข้อมูล	คำอธิบาย
เป้าหมาย	ชื่อเป้าหมาย (ยีนที่เพิ่มปริมาณขึ้น)
ตัวอย่าง	ชื่อตัวอย่าง
ค่าเฉลี่ย C_q	ค่าเฉลี่ยของรอบการเพิ่มปริมาณ
ค่าเฉลี่ยประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q	ค่าเฉลี่ยของรอบการเพิ่มปริมาณหลังจากปรับค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา
การปรับระดับการแสดงออกของยีน	นิพจน์เป้าหมายปรับให้เป็นบรรทัดฐานกับเป้าหมายอ้างอิง ($\Delta\Delta C_q$)
Relative Normalized Expression (การปรับระดับการแสดงออกของยีนสัมพัทธ์)	การแสดงออกบรรทัดฐานที่สัมพันธ์กับตัวอย่างควบคุม เรียกอีกอย่างว่า Fold Change (สัดส่วนการเปลี่ยนแปลง)
การควบคุม	การเปลี่ยนแปลงการแสดงออกที่สัมพันธ์กับตัวอย่างควบคุม
เมื่อเทียบกับ Regulation Threshold (ขีดจำกัดการควบคุม)	การแสดงออกที่มากขึ้นหรือลดลงของตัวอย่างทดสอบขึ้นอยู่กับการตั้งค่าขีดจำกัด

หมายเหตุ: ข้อมูลสำหรับการทำซ้ำจะพบได้เฉพาะในสเปรดชีตของแท็บการวิเคราะห์ข้อมูลซึ่งมีการเลือก Split Out Replicates (แยกการทำซ้ำ) (กล่าวคือ คลัสเตอร์แกรม) อาจมีข้อแตกต่างระหว่างข้อมูลการแสดงออกในสเปรดชีตการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนหากคุณเลือก “ไม่มี” เป็นตัวอย่างควบคุมบนแผนภูมิแท่ง

การศึกษายีน

สร้างการศึกษายีนเพื่อเปรียบเทียบข้อมูลการแสดงออกของยีนจากการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์อย่างน้อยหนึ่งการทดสอบโดยใช้สารสอบเทียบระหว่างการทดสอบเพื่อให้เป็นบรรทัดฐานระหว่างการทดสอบ สร้างการศึกษายีนโดยการเพิ่มข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลอย่างน้อยหนึ่งไฟล์ (นามสกุล. pcrd) ไปยังการศึกษายีน ซอฟต์แวร์จะแบ่งกลุ่มไฟล์ข้อมูลให้อยู่ในไฟล์เดียว (นามสกุล .mgxd)

หมายเหตุ: จำนวนตัวอย่างสูงสุดที่คุณสามารถวิเคราะห์ในการศึกษายีนจำกัดไว้ด้วยขนาดของแรมและหน่วยความจำเสมือนของคอมพิวเตอร์

การสอบเทียบระหว่างการทดสอบ

การสอบเทียบระหว่างการทดสอบจะดำเนินการโดยอัตโนมัติในการศึกษายีนทั้งหมดสำหรับแต่ละเป้าหมายเพื่อปรับความแตกต่างระหว่างการทดสอบระหว่างเป้าหมายต่าง ๆ ที่ทำการวิเคราะห์ในการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์ที่แยกกัน (กล่าวคือ ไฟล์ .pcrd ที่สร้างขึ้นจากเพลตต่าง ๆ)

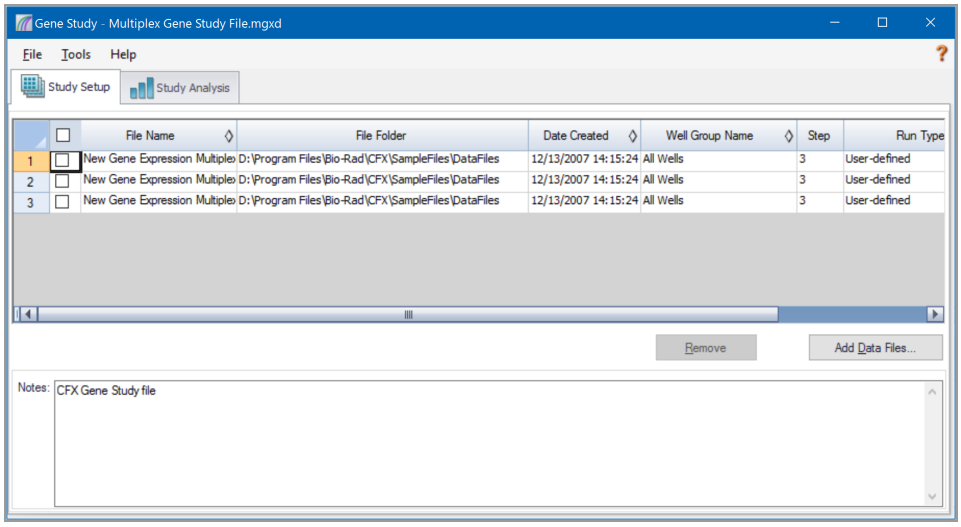
สำหรับซอฟต์แวร์ที่จะจดจำตัวอย่างเป็นสารสอบเทียบระหว่างการทดสอบ ต้องร่วมใช้ชื่อเป้าหมาย ชื่อตัวอย่างเดียวกัน และหากมีการใช้ ต้องใช้ชื่อชุดชีวภาพในทุกเพลตที่เปรียบเทียบ

หมายเหตุ: ต้องมีตัวอย่างสารสอบเทียบระหว่างการทดสอบอย่างน้อยหนึ่งตัวในการศึกษายีนสำหรับการสอบเทียบระหว่างการทดสอบที่เกิดขึ้น เป้าหมายที่ไม่มีตัวอย่างสารสอบเทียบระหว่างการทดสอบที่เหมาะสมจะได้รับการประมวลผลโดยไม่มีการแก้ไขในการศึกษายีน (ไม่แนะนำ)

สารสอบเทียบระหว่างการทดสอบสามารถใช้งานได้สองวิธี

- ต่อเป้าหมาย — ไพรเมอร์ PCR ที่แตกต่างกันอาจมีประสิทธิภาพที่แตกต่างกัน โดยค่าเริ่มต้น สารสอบเทียบระหว่างการทดสอบจะนำไปใช้กับหลุมทั้งหมดบนเพลตเดียวกันที่มีชื่อเป้าหมายเดียวกัน เช่น C_q สร้างขึ้นด้วยการตรวจวิเคราะห์เดียวกัน
- การศึกษาทั้งหมด — ผู้ใช้เลือกสารสอบเทียบระหว่างการทดสอบและนำไปใช้กับการศึกษายีนทั้งหมด

กล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน)



กล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน) ประกอบด้วย 2 แท็บ

- แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) — จัดการการทดสอบในการศึกษายีน

  สำคัญ: การเพิ่มหรือลบไฟล์ข้อมูลในการศึกษายีนจะไม่มีการเปลี่ยนแปลงข้อมูลในไฟล์ต้นฉบับ

- แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) — แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนสำหรับการทดสอบร่วมกัน

แท็บการตั้งค่าการศึกษา

ตาราง 36 แสดงข้อมูลที่ปรากฏในแท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา)

ตาราง 36 แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) ในกล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน)

Column Title (ชื่อคอลัมน์)	คำอธิบาย
File Name (ชื่อไฟล์)	ชื่อของไฟล์ข้อมูลการทดสอบ (นามสกุล .pcrd)
File Folder (โฟลเดอร์ไฟล์)	ไดเรกทอรีที่จัดเก็บไฟล์ข้อมูลสำหรับแต่ละการทดสอบในการศึกษายีน
Date Created (วันที่สร้าง)	วันที่รวบรวมข้อมูลการทดสอบ
Well Group Name (ชื่อกลุ่มหลุม)	ชื่อกลุ่มหลุมที่เลือกเมื่อมีการเพิ่มไฟล์ลงในการศึกษายีน **เคล็ดลับ:** หากต้องการวิเคราะห์กลุ่มหลุมหนึ่งกลุ่มในการศึกษายีน คุณต้องเลือกกลุ่มหลุมในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ก่อนที่จะนำเข้าไฟล์ข้อมูลไปในการศึกษายีน

ตาราง 36 แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) ในกล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน)ต่อ

Column Title (ชื่อคอลัมน์)	คำอธิบาย
ขั้นตอน	ขั้นตอนโปรโตคอลที่รวมถึงการอ่านเพลตเพื่อเก็บข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์
Run Type (ประเภทการทดสอบ)	การทดสอบที่ผู้ใช้กำหนดหรือ PrimePCR™
Protocol Edited (โปรโตคอลที่แก้ไขแล้ว)	หากเลือก แสดงว่าโปรโตคอลที่ใช้สำหรับการทดสอบ PrimePCR ได้รับการแก้ไขแล้ว
View Plate (ดูเพลต)	เปิดแผนที่เพลตของเพลตที่มีข้อมูลในแต่ละการทดสอบที่รวมอยู่ใน Gene Study (การศึกษายีน)

การเตรียมการศึกษายีน

วิธีการเตรียมการศึกษายีน

1 ก่อนนำเข้าข้อมูลลงในการศึกษายีน ให้ทำดังต่อไปนี้ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

- ตรวจสอบว่าตัวอย่างที่บรรจุสารเดียวกันมีชื่อเดียวกัน ในการศึกษายีน ซอฟต์แวร์จะถือว่าหลุมที่มีชื่อเป้าหมายหรือชื่อตัวอย่างเดียวกันมีตัวอย่างเดียวกัน
- ปรับค่าพื้นฐานและค่าขีดจำกัด (C_q) ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพข้อมูลในแต่ละการทดสอบ
- เลือกกลุ่มหลุมที่คุณต้องการจะรวมไว้ในการศึกษายีน

  ในการแสดงข้อมูลจากกลุ่มหลุมกลุ่มหนึ่งในการศึกษายีน จะต้องเลือกกลุ่มดังกล่าวก่อนที่จะนำเข้าไฟล์ข้อมูล

แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) จะแสดงรายการการทดสอบทั้งหมดในการศึกษายีน

2 ในกล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน) ให้เลือกแท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา)

3 คลิก Add Data Files (เพิ่มไฟล์ข้อมูล) เพื่อเลือกไฟล์จากหน้าต่างเบราว์เซอร์

เคล็ดลับ: หากต้องการเพิ่มการทดสอบลงในการศึกษายีนอย่างรวดเร็ว ให้ลากไฟล์ข้อมูล (นามสกุล .pcrd) ลงในกล่องโต้ตอบ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา)

4 CFX Maestro Dx SE จะทำการวิเคราะห์เพื่อศึกษายีนโดยอัตโนมัติเมื่อคุณเพิ่มไฟล์ข้อมูล เลือกแท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) เพื่อดูผลลัพธ์

วิธีลบการทดสอบออกจากการศึกษายีน

▶ เลือกไฟล์อย่างน้อยหนึ่งไฟล์ในรายการและคลิก Remove (ลบ)

วิธีเพิ่มบันทึกเกี่ยวกับการศึกษายีน

▶ ป้อนบันทึกเกี่ยวกับไฟล์และการวิเคราะห์ในกล่องข้อความ Notes (บันทึก)

แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา)

แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) จะแสดงข้อมูลจากการทดสอบทั้งหมดในการศึกษายีน ตัวเลือกการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีนจะเหมือนกับไฟล์ข้อมูลเดี่ยว โดยมีข้อยกเว้นดังต่อไปนี้

- สำหรับแผนภูมิแท่ง ค่าการสอบเทียบระหว่างการทดสอบ (หากคำนวณ) จะปรากฏขึ้นเมื่อคุณคลิกการสอบเทียบระหว่างการทดสอบ

  หมายเหตุ: เฉพาะประเภทตัวอย่างต่อไปนี้ที่สามารถใช้เป็นสารสอบเทียบระหว่างการทดสอบได้

  - Unknown (ไม่ทราบ)
  - Standard (มาตรฐาน)
  - Positive Control (การควบคุมค่าบวก)

  Negative control (ตัวอย่างควบคุมค่าลบ) การควบคุมไม่มีเทมเพลต (NTC) และไม่มีตัวอย่างการควบคุมรีเวิร์สแทรนสคริปเทส (NRT) ไม่สามารถใช้เป็นสารสอบเทียบระหว่างการทดสอบได้

- เครื่องมือ Reference Gene Selection (การเลือกยีนอ้างอิง) จะระบุยีนอ้างอิงที่ผ่านการทดสอบและจัดหมวดหมู่เป็น ดีเลิศ ยอมรับได้ หรือไม่เสถียร ตามความเสถียรของข้อมูล
  - ยีนอ้างอิงที่ดีเลิศจะมีความเสถียรและแสดงถึงความแตกต่างที่น้อยที่สุดในตัวอย่างที่ผ่านการทดสอบ
  - ยีนอ้างอิงที่ยอมรับได้จะไม่มีความเสถียรตามหลักการและแสดงถึงความแตกต่างปานกลางในตัวอย่างที่ผ่านการทดสอบ ใช้ยีนอ้างอิงเหล่านี้ในการวิเคราะห์หากไม่มียีนอ้างอิงที่ดีเลิศ
  - ยีนอ้างอิงที่ไม่มีเสถียรจะแสดงถึงความแตกต่างที่มากเกินไปในตัวอย่างที่ผ่านการทดสอบ ขอแนะนำให้ตัดยีนเหล่านี้ออกจากการวิเคราะห์
- เครื่องมือ PrimePCR Controls (ควบคุม PrimePCR) จะแสดงผลลัพธ์ของตัวอย่างที่ผ่านการทดสอบในตาราง
  - แท็บ Summary (สรุป) จะแสดงสรุปของตัวอย่างที่ผ่านการทดสอบทั้งหมด ตัวอย่างที่ผ่านการวิเคราะห์การควบคุมทั้งหมดจะปรากฏเป็นสีเขียว ตัวอย่างที่ไม่ผ่านการวิเคราะห์การควบคุมอย่างน้อยหนึ่งครั้งจะปรากฏเป็นสีเหลือง
  - แท็บ PCR จะแสดงผลลัพธ์ของการวิเคราะห์การควบคุม PCR ที่เป็นผลบวก การวิเคราะห์นี้จะตรวจจับการยับยั้งหรือปัญหาการทดสอบที่ส่งผลต่อการแสดงออกของยีน
  - แท็บ RT จะแสดงผลลัพธ์ของการวิเคราะห์การควบคุมการถอดรหัสแบบย้อนกลับ การวิเคราะห์นี้จะประเมินประสิทธิภาพของ RT ในเชิงคุณภาพและระบุตัวอย่างที่ประสิทธิภาพของ RT มีแนวโน้มที่จะทำให้เกิดการแสดงออกของยีน

- แท็บ gDNA จะแสดงผลลัพธ์ของการวิเคราะห์การควบคุมการปนเปื้อน DNA การวิเคราะห์นี้จะกำหนดว่า DNA ในจีโนม (gDNA) มีอยู่ในตัวอย่างในระดับที่อาจส่งผลต่อผลลัพธ์ qPCR หรือไม่
- แท็บ RQ จะแสดงผลลัพธ์ของการวิเคราะห์คุณภาพ RNA (RQ1 และ RQ2) การวิเคราะห์เหล่านี้จะประเมินในเชิงคุณภาพว่าความสมบูรณ์ของ RNA อาจส่งผลต่อการแสดงออกของยีนหรือไม่

ประเภทรายงานการศึกษายีน

ใช้กล่องโต้ตอบ Gene Study Report (รายงานการศึกษายีน) เพื่อจัดเตรียมข้อมูลการศึกษายีนไว้ในรายงาน ตาราง 37 แสดงรายการตัวเลือกทั้งหมดที่พร้อมใช้งานสำหรับรายงานการศึกษายีน

ตาราง 37 ประเภทรายงานการศึกษายีน

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
หัวข้อ		
		ชื่อเรื่อง คำบรรยาย และโลโก้สำหรับรายงาน
	ข้อมูลรายงาน	วันที่ ชื่อผู้ใช้ ชื่อไฟล์ข้อมูล เส้นทางไฟล์ข้อมูล และกลุ่มของหลุมที่เลือก
	Gene Study File List (รายการไฟล์การศึกษายีน)	รายการไฟล์ข้อมูลทั้งหมดใน Gene Study (การศึกษายีน)
	บันทึก	บันทึกเกี่ยวกับรายงานข้อมูล
การวิเคราะห์การศึกษา: แผนภูมิแท่ง		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	รายการพารามิเตอร์การวิเคราะห์ที่เลือก
	แผนภูมิ	แผนภูมิแท่ง Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ที่แสดงข้อมูล
	ชื่อเป้าหมาย	รายการเป้าหมายใน Gene Study (การศึกษายีน)
	ชื่อตัวอย่าง	รายการตัวอย่างใน Gene Study (การศึกษายีน)
	ข้อมูล	แผ่นงานที่แสดงข้อมูล
	ความคงตัวของเป้าหมาย	ข้อมูลความคงตัวของเป้าหมาย
	Inter-run Calibration (การสอบเทียบระหว่างการทดสอบ)	ข้อมูลการสอบเทียบระหว่างการทดสอบ
	แผนภูมิ Box-and-Whisker	แผนภูมิ Box-and-Whisker ของ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

ตาราง 37 ประเภทรายงานการศึกษายีนต่อ

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
	แผนภูมิจุด	แผนภูมิจุดของ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)
การวิเคราะห์การศึกษา: คลัสเตอร์แกรมและแผนภาพกระจาย		
	การตั้งค่าการวิเคราะห์	การตั้งค่าสำหรับแผนภูมิแต่ละประเภท
	แผนภูมิ	แผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ที่แสดงข้อมูล
	ข้อมูล	แผ่นงานที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละเป้าหมาย
การวิเคราะห์การศึกษา: ข้อมูล ANOVA		
	การตั้งค่า ANOVA	ขีดจำกัดค่า P ที่ใช้ในการวิเคราะห์
	ผลลัพธ์ ANOVA	ตารางผลลัพธ์จากการวิเคราะห์ ANOVA และ Tukey's HSD post-hoc
	การทดสอบ Shapiro-Wilk Normality	กลุ่มชีวภาพ จำนวน ค่า P และข้อผิดพลาดที่เกิดขึ้นกับแต่ละเป้าหมายในการวิเคราะห์
	ข้อผิดพลาด ANOVA	ข้อผิดพลาดที่พบระหว่างการคำนวณ ANOVA

การสร้างรายงานการศึกษายีน

วิธีการสร้างรายงานการศึกษายีน

1 ปรับข้อมูลรายการการศึกษายีนและแผนภูมิตามต้องการก่อนสร้างรายงาน

2 เลือก Tools (เครื่องมือ) > รายงานในเมนู Gene Study (การศึกษายีน) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Report (รายงาน)

3 เลือกตัวเลือกที่คุณต้องการใส่ไว้ในรายงาน รายงานจะเปิดขึ้นโดยตัวเลือกเริ่มต้นที่เลือกไว้ เลือกหรือล้างช่องทำเครื่องหมายเพื่อเปลี่ยนทั้งหมวดหมู่หรือตัวเลือกแต่ละรายการภายในหมวดหมู่

ประเภทรายงานการศึกษายีน ในหน้า 276 แสดงตัวเลือกที่พร้อมใช้งานในการแสดงผล

4 เปลี่ยนลำดับของหมวดหมู่และรายการในรายงาน ลากตัวเลือกไปยังตำแหน่งที่ต้องการ สามารถจัดเรียงรายการใหม่ภายในหมวดหมู่ที่รายการนั้นอยู่เท่านั้น

5 คลิก Update Report (อัปเดตรายงาน) เพื่ออัปเดต Report Preview (รายงานตัวอย่าง) เมื่อมีการเปลี่ยนแปลงใด ๆ

6 พิมพ์หรือบันทึกรายงาน คลิกปุ่ม Print Report (พิมพ์รายงาน) ในแถบเครื่องมือเพื่อพิมพ์รายงานปัจจุบัน เลือก File (ไฟล์) > Save (บันทึก) เพื่อบันทึกรายงานในรูปแบบไฟล์ PDF (ไฟล์ Adobe Acrobat Reader) และเลือกตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) เพื่อบันทึกรายงานด้วยชื่อใหม่หรือในตำแหน่งใหม่

7 (ไม่บังคับ) สร้างเทมเพลตรายงานที่มีข้อมูลที่คุณต้องการ หากต้องการบันทึกการตั้งค่ารายงานปัจจุบันในเทมเพลต ให้เลือก Template (เทมเพลต) > Save (บันทึก) หรือ Save As (บันทึกเป็น) จากนั้นให้โหลดเทมเพลตรายงานเมื่อคุณต้องการสร้างรายงานใหม่ในครั้งต่อไป

ภาคผนวก A การคำนวณการวิเคราะห์ข้อมูล

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition จะคำนวณสูตรโดยอัตโนมัติและแสดงผลลัพธ์ในแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ภาคผนวกนี้อธิบายวิธีการที่ CFX Maestro Dx SE คำนวณสูตรโดยละเอียด

ค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา

หลักฐานแสดงให้เห็นว่าการใช้การวัดประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบแต่ละชุดอย่างแม่นยำจะทำให้คุณได้ผลลัพธ์ที่แม่นยำมากขึ้นเมื่อวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ค่าประสิทธิภาพเริ่มต้นที่ใช้ในการคำนวณการแสดงออกของยีนคือ 100% หากต้องการประเมินค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา ให้สร้างเส้นโค้งมาตรฐานโดยใช้การเจือจางตัวอย่างที่เป็นตัวแทนอย่างต่อเนื่องในช่วงไดนามิกที่เกี่ยวข้อง และบันทึกประสิทธิภาพในการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนต่อไป หากการทดสอบของคุณมีการทำเส้นโค้งมาตรฐาน ซอฟต์แวร์จะคำนวณประสิทธิภาพโดยอัตโนมัติและแสดงผลดังกล่าวใน Standard Curve (เส้นโค้งมาตรฐาน) บนแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) เมื่อทำเครื่องหมายเลือก Auto Efficiency (ประสิทธิภาพโดยอัตโนมัติ) ในแท็บ Targets (เป้าหมาย) ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

ประสิทธิภาพ (E) ในสูตรคำนวณประสิทธิภาพ หมายถึง "ประสิทธิภาพ" ตามที่อธิบายโดย Pfaffl (2001) และ Vandesompele et al. (2002) ในบทความเหล่านี้ ประสิทธิภาพของ 2 (การเพิ่มขึ้นเป็นสองเท่าที่สมบูรณ์ในทุกรอบ) จะเท่ากับประสิทธิภาพ 100% ในซอฟต์แวร์นี้ คุณมีตัวเลือกในการแปลงการคำนวณประสิทธิภาพของคุณเป็นการคำนวณที่ใช้ในซอฟต์แวร์โดยใช้ความสัมพันธ์ทางคณิตศาสตร์ต่อไปนี้

- E = (%ประสิทธิภาพ * 0.01) + 1
- % ประสิทธิภาพ = (E – 1) * 100

Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์)

สูตรสำหรับปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) สำหรับตัวอย่างใด ๆ (GOI) คือ

$$\text{ปริมาณ สัมพัทธ์}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{\left(C_{q\,(\text{min})} - C_{q\,(\text{ตัวอย่าง})}\right)}$$

หมายเหตุ: สูตรนี้ใช้ในการคำนวณปริมาณสัมพัทธ์เมื่อไม่มีการกำหนดตัวอย่างควบคุม

โดย

- E = ประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบ ประสิทธิภาพนี้คำนวณด้วยสูตร (% ประสิทธิภาพ * 0.01) + 1 โดยที่ประสิทธิภาพ 100% = 2
- $C_{q\,(min)}$ = Cq เฉลี่ยสำหรับตัวอย่างที่มีค่าเฉลี่ย C_q ต่ำสุดสำหรับ GOI

- $C_{q\ (sample)}$ = C_q เฉลี่ยสำหรับตัวอย่าง
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ปริมาณสัมพัทธ์เมื่อมีการเลือกตัวควบคุม

เมื่อมีการกำหนดตัวอย่างควบคุมหรือกลุ่มชีวภาพ จะมีการคำนวณปริมาณสัมพัทธ์ (RQ) สำหรับตัวอย่างที่มียีนที่สนใจ (GOI) โดยใช้สูตรดังต่อไปนี้

$$\text{ปริมาณ สัมพัทธ์}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{\left(C_{q\ (\text{ควบคุม})} - C_{q\ (\text{ตัวอย่าง})}\right)}$$

โดย

- E = ประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบ ประสิทธิภาพนี้คำนวณด้วยสูตร (% ประสิทธิภาพ * 0.01) + 1 โดยที่ประสิทธิภาพ 100% = 2
- $C_{q\ (\text{ควบคุม})}$ = ค่าเฉลี่ย C_q สำหรับตัวอย่างควบคุม
- $C_{q\ (\text{ตัวอย่าง})}$ = ค่าเฉลี่ย C_q สำหรับตัวอย่างใด ๆ ที่มี GOI
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์

สำคัญ: การคำนวณนี้ใช้ได้เฉพาะเมื่อมีการตั้ง Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Samples Only (ตัวอย่างเท่านั้น) Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) หรือ Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ)

สูตรสำหรับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์คือ

$$\text{SD ปริมาณ สัมพัทธ์} = \text{SD } \text{Cq}_{\text{GOI}} \times \text{ปริมาณ สัมพัทธ์}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} \times \text{Ln } (\text{E}_{\text{GOI}})$$

โดย

- SD Relative Quantity = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์
- SD C_{qGOI} ตัวอย่าง = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของ C_q สำหรับตัวอย่าง (GOI)
- ปริมาณสัมพัทธ์ = ปริมาณสัมพัทธ์สำหรับตัวอย่าง
- E = ประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบ ประสิทธิภาพนี้คำนวณด้วยสูตร (% ประสิทธิภาพ * 0.01) + 1 โดยที่ประสิทธิภาพ 100% = 2
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q (C_{qE})

สูตรคำนวณสำหรับประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q คือ

$$Cq_E = Cq \times (\log(E)/\log(2))$$

โดย

- E = ประสิทธิภาพ

ค่าเฉลี่ยประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q (MC_{qE})

สูตรคำนวณสำหรับค่าเฉลี่ยประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q คือ

$$MCq_E = \frac{Cq_{E\ (Rep\ 1)} + Cq_{E\ (Rep\ 2)} + \ldots + Cq_{E\ (Rep\ n)}}{n}$$

โดย

- C_{qE} = ประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q
- n = จำนวนการทำซ้ำ

การปรับระดับการแสดงออกของยีน

Normalized expression (การแสดงออกบรรทัดฐาน) ($\Delta\Delta C_q$) เป็นปริมาณสัมพัทธ์ของเป้าหมายของคุณ (ยีน) ที่ปรับให้เป็นบรรทัดฐานกับปริมาณเป้าหมายอ้างอิง (ยีนหรือลำดับ) ในระบบชีวภาพของคุณ หากต้องการเลือกเป้าหมายอ้างอิง ให้เปิดหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) และคลิกคอลัมน์อ้างอิงสำหรับแต่ละเป้าหมายที่ทำหน้าที่เป็นยีนอ้างอิง

สูตรสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐาน ซึ่งใช้การคำนวณปริมาณสัมพัทธ์ (RQ) ที่คำนวณได้ คือ

$$\text{การแสดงออกบรรทัดฐานที่เป็น}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = \frac{RQ_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}{\left(RQ_{\text{ตัวอย่าง (Ref 1)}} \times RQ_{\text{ตัวอย่าง (Ref 2)}} \times \ldots \times RQ_{\text{ตัวอย่าง (Ref n)}}\right)^{\frac{1}{n}}}$$

โดย

- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์ของตัวอย่าง
- Ref = เป้าหมายอ้างอิงในการทดสอบที่มีเป้าหมายการอ้างอิงอย่างน้อยหนึ่งรายการในแต่ละตัวอย่าง
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

โดยมีเงื่อนไขว่า เป้าหมายอ้างอิงจะไม่เปลี่ยนแปลงระดับการแสดงออกในระบบชีวภาพของคุณ การคำนวณการแสดงออกบรรทัดฐานจะพิจารณาถึงความแตกต่างในการโหลดหรือความแตกต่างของจำนวนเซลล์ที่เป็นตัวแทนในแต่ละตัวอย่างของคุณ

การแสดงออกของยีนเชิงปริมาณสำหรับกลุ่มตัวอย่างชีวภาพ

เมื่อตั้งค่า Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Biological Groups Only (กลุ่มชีวภาพเท่านั้น) ซอฟต์แวร์จะแสดงผลการแสดงออกเฉลี่ย (นิพจน์บรรทัดฐานหรือปริมาณสัมพัทธ์ ตามการเลือกโหมด) ของตัวอย่างต่าง ๆ ภายในกลุ่มชีวภาพ เนื่องจากนิพจน์มีการกระจายแบบปกติที่มีการบันทึกทั่วไป จึงมีการเฉลี่ยการแสดงออกโดยใช้ค่าเฉลี่ยเรขาคณิต

$$\text{Expression biological group} = \sqrt[n]{Exp_1 \bullet Exp_2 \bullet \ldots \bullet Exp_n}$$

โดย

- Exp_1, Exp_2, Exp_n = ปริมาณสัมพัทธ์หรือนิพจน์ที่เป็นบรรทัดฐานของตัวอย่างต่าง ๆ ในกลุ่มชีวภาพ
- n = จำนวนตัวอย่างในกลุ่มชีวภาพ

การปรับระดับการแสดงออกของยีนเมื่อมีการเลือกตัวควบคุม

เมื่อคุณเลือกตัวอย่างควบคุมในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ซอฟต์แวร์จะกำหนดระดับการแสดงออกของตัวอย่างการควบคุมเป็น 1 ในสถานการณ์เช่นนี้ ซอฟต์แวร์จะทำการปรับบรรทัดฐานปริมาณสัมพัทธ์ของการแสดงออกเป้าหมายทั้งหมด (ยีน) เป็นปริมาณการควบคุม (ค่าเท่ากับ 1) การปรับระดับการแสดงออกของยีนนี้เทียบเท่ากับการวิเคราะห์การแสดงออกบรรทัดฐานที่ไม่มีการปรับขนาดเมื่อเลือกตัวควบคุม

หมายเหตุ: ยังเป็นที่รู้จักกันในชื่อการแสดงออกสัมพัทธ์บรรทัดฐาน (RNE) และสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง

ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการปรับระดับการแสดงออกของยีน

การปรับค่าการปรับระดับการแสดงออกของยีน (NE) ทำได้โดยการหารค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของการปรับระดับการแสดงออกของยีนด้วยค่าการปรับระดับการแสดงออกของยีนสำหรับระดับการแสดงออกสูงสุดหรือต่ำสุด โดยขึ้นอยู่กับตัวเลือกการปรับที่คุณเลือก สูตรสำหรับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของตัวคูณปรับบรรทัดฐานคือ

$$\mathrm{SD\ NF}_n = \mathrm{NF}_n \times \sqrt{\left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 1)}}}{n \times \mathrm{RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 1)}}}\right)^2 + \left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 2)}}}{n \times \mathrm{RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 2)}}}\right)^2 + \ldots + \left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref n)}}}{n \times \mathrm{RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref n)}}}\right)^2}$$

โดย

- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์ของตัวอย่าง
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
- NF = ตัวคูณปรับบรรทัดฐาน
- Ref = เป้าหมายอ้างอิง
- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง

เมื่อมีการกำหนดตัวอย่างควบคุม คุณไม่จำเป็นต้องใช้ฟังก์ชันการปรับขนาดนี้กับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ตามที่แสดงในสูตรดังต่อไปนี้

$$\mathrm{SD\ NE}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = \mathrm{NE}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} \times \sqrt{\left(\frac{\mathrm{SD\ NF}_{\text{ตัวอย่าง}}}{\mathrm{NF}_{\text{ตัวอย่าง}}}\right)^2 + \left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}{\mathrm{RQ}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}\right)^2}$$

โดย

- NE = การปรับระดับการแสดงออกของยีน
- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์ของตัวอย่าง
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ปรับนิพจน์บรรทัดฐานเป็นระดับการแสดงออกเฉลี่ย

เมื่อการดำเนินการไม่รวมตัวควบคุม ให้ปรับการปรับระดับการแสดงออกของยีน (NE) สำหรับแต่ละเป้าหมาย (ยีน) โดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างโดยใช้การแสดงออกระดับสูงสุดในตัวอย่างทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะกำหนดการแสดงออกระดับสูงสุดให้เป็นค่าเท่ากับ 1 และจะปรับระดับการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมดอีกครั้ง สูตรสำหรับการปรับขนาดสูงสุดคือ

$$\text{การแสดงออก ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = \frac{\text{ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}{\text{ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{สูงสุด ตัวอย่าง (GOI)}}}$$

โดย

- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)

ปรับการปรับระดับการแสดงออกของยีนเป็นระดับการแสดงออกต่ำสุด

เมื่อการดำเนินการไม่รวมตัวควบคุม ให้ปรับการแสดงออกบรรทัดฐาน (NE) สำหรับแต่ละเป้าหมาย (ยีน) โดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างโดยใช้การแสดงออกระดับต่ำสุดในตัวอย่างทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะกำหนดการแสดงออกระดับต่ำสุดให้เป็นค่าเท่ากับ 1 และจะปรับระดับการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมดอีกครั้ง สูตรสำหรับการปรับขนาดต่ำสุดคือ

$$\text{การแสดงออก ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = \frac{\text{ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}{\text{ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ต่ำสุด ตัวอย่าง (GOI)}}}$$

โดย

- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)

ปรับขนาดการแสดงออกบรรทัดฐานเป็นระดับการแสดงออกเฉลี่ย

เมื่อการดำเนินการไม่รวมตัวควบคุม ให้ปรับขนาดการแสดงออกบรรทัดฐาน (NE) สำหรับแต่ละเป้าหมาย (ยีน) โดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างโดยใช้ค่าเฉลี่ยเรขาคณิตของการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะกำหนดระดับเฉลี่ยของการแสดงออกเป็นค่าเท่ากับ 1 และจะปรับขนาดระดับการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมด สูตรคำนวณการปรับขนาดเฉลี่ยคือ

$$\text{การแสดงออก ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = \frac{\text{ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}{\text{ที่เป็นบรรทัดฐาน การแสดงออก}_{\text{GM (GOI)}}}$$

โดย

- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)
- GM = ค่าเฉลี่ยเรขาคณิตของการปรับระดับการแสดงออกของยีนสำหรับตัวอย่างทั้งหมด

ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐานที่มีการปรับขนาด

การปรับขนาดค่าการแสดงออกบรรทัดฐาน (NE) ที่มีการปรับขนาด จะทำได้โดยการหารค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของการแสดงออกบรรทัดฐานด้วยค่าการแสดงออกบรรทัดฐานสำหรับระดับการแสดงออกสูงสุด (MAX) หรือต่ำสุด (MIN) โดยขึ้นอยู่กับตัวเลือกการปรับขนาดที่คุณเลือก

หมายเหตุ: เมื่อมีการกำหนดตัวอย่างควบคุม คุณไม่จำเป็นต้องใช้ฟังก์ชันการปรับขนาดกับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

การคำนวณสูตรนี้คือ

$$\mathbf{SD}\ \text{การแสดงออก}\ \mathbf{NE}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}} = \frac{\mathbf{SD}\ \mathbf{NE}_{\text{ตัวอย่าง (GOI)}}}{\mathbf{NE}_{\mathbf{MAX}\ \text{หรือ}\ \mathbf{MIN}\ \mathbf{(GOI)}}}$$

โดย

- NE = การปรับระดับการแสดงออกของยีน
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)
- MAX = ระดับการแสดงออกสูงสุด
- MIN = ระดับการแสดงออกต่ำสุด

แถบแสดงข้อผิดพลาดสำหรับค่าการเบี่ยงเบนมาตรฐาน (lg) และข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย (lg)

นอกเหนือจากการใช้ช่วงความเชื่อมั่นแล้ว แถบแสดงข้อผิดพลาดอาจปรากฏขึ้นสำหรับกลุ่มชีวภาพตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานหรือข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของ Log_2 ของนิพจน์ แถบข้อผิดพลาดคำนวณดังนี้

RQ Lower Error Bar = $2^{RQ(lg)-SD\ RQ(lg)}$ หรือ $2^{RQ(lg)-SEM\ RQ(lg)}$

RQ Upper Error Bar = $2^{RQ(lg)+SD\ RQ(lg)}$ หรือ $2^{RQ(lg)+SEM\ RQ(lg)}$

โดย

- RQ(lg) = log_2 ของปริมาณสัมพัทธ์ของกลุ่มชีวภาพ
- SD RQ(lg) = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์ (log_2)
- SEM RQ(lg) = ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของปริมาณสัมพัทธ์ (log_2)

Exp. Lower Error Bar = $2^{Exp.(lg)-SD\ Exp.(lg)}$ หรือ $2^{Exp.(lg)-SEM\ Exp.(lg)}$

Exp. Upper Error Bar = $2^{Exp.(lg)+SD\ Exp.(lg)}$ หรือ $2^{Exp.(lg)+SEM\ Exp.(lg)}$

โดย

- Exp.(lg) = log_2 ของนิพจน์ (นิพจน์บรรทัดฐาน) สำหรับกลุ่มชีวภาพ
- SD RQ(lg) = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของนิพจน์ (log_2)
- SEM RQ(lg) = ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของนิพจน์ (log_2)

สัดส่วนการเปลี่ยนแปลง

Fold change (สัดส่วนการเปลี่ยนแปลง) เป็นการวัดการเพิ่มหรือลดการแสดงออกของเป้าหมายสำหรับตัวอย่างทดลองเทียบกับตัวอย่างควบคุมหรือกลุ่มชีวภาพ และประเมินดังนี้

หากการแสดงออก (ทดสอบ) > การแสดงออก (ควบคุม)

$$\text{สัดส่วน การเปลี่ยนแปลง} = \frac{\text{การแสดงออก (ทดลอง)}}{\text{การแสดงออก (ควบคุม)}}$$

หากการแสดงออก (ทดสอบ) < การแสดงออก (ควบคุม)

$$\text{สัดส่วน การเปลี่ยนแปลง} = -1 / \left(\frac{\text{การแสดงออก (ทดลอง)}}{\text{การแสดงออก (ควบคุม)}} \right)$$

หมายเหตุ: สำหรับการเขียนกราฟ *การแสดงออก*จะเปลี่ยนไปตามปริมาณสัมพัทธ์หรือการแสดงออกบรรทัดฐานที่ขึ้นอยู่กับโหมดที่เลือก (โปรดดูGraphing (การเขียนกราฟ) ในหน้า 252) อย่างไรก็ตาม สำหรับสัดส่วนการเปลี่ยนแปลงของแผนภาพกระจาย และคลัสเตอร์แกรม จะคำนวณจากการปรับระดับการแสดงออกของยีนเสมอ

สูตรการคำนวณค่าที่ถูกต้อง

สำคัญ: การคำนวณเหล่านี้ใช้ได้เฉพาะเมื่อมีการตั้ง Analyze Using (วิเคราะห์โดยใช้) เป็น Samples Only (ตัวอย่างเท่านั้น) Sample Biological Group (กลุ่มชีวภาพตัวอย่าง) หรือ Biological Group Sample (ตัวอย่างกลุ่มชีวภาพ)

โดยจะเห็นความแตกต่างระหว่างค่าที่มีการแก้ไขเฉพาะเมื่อสร้างเส้นโค้งมาตรฐานเป็นส่วนหนึ่งของการทำ PCR แบบเรียลไทม์ ซอฟต์แวร์ใช้สมการสามแบบเพื่อกำหนดการแพร่กระจายที่ผิดพลาดคือ

- ข้อผิดพลาดมาตรฐาน
- ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับนิพจน์บรรทัดฐาน
- ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับยีนที่สนใจ (เป้าหมาย) ที่เป็นบรรทัดฐาน

สูตรสำหรับข้อผิดพลาดมาตรฐานคือ

$$\textbf{Standard (มาตรฐาน) Error (ข้อผิดพลาดมาตรฐาน)} = \frac{\text{SD}}{\sqrt{n}}$$

โดย

- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง (ยีน)
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับตัวคูณปรับบรรทัดฐานในสูตรนิพจน์บรรทัดฐานคือ

$$\text{SE NF}_n = \text{NF}_n \times \sqrt{\left(\frac{\text{SE RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 1)}}}{n \times \text{SE RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 1)}}}\right)^2 + \left(\frac{\text{SE RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 2)}}}{n \times \text{SE RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref 2)}}}\right)^2 + \ldots + \left(\frac{\text{SE RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref n)}}}{n \times \text{SE RQ}_{\text{ตัวอย่าง (Ref n)}}}\right)^2}$$

โดย

- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง
- SE = ข้อผิดพลาดมาตรฐาน
- NF = ตัวคูณปรับบรรทัดฐาน
- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์

ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับสูตรยีนที่สนใจ (GOI) ที่เป็นบรรทัดฐานคือ

$$\text{SE GOI}_n = \text{GOI}_n \times \sqrt{\left(\frac{\text{SE NF}_n}{\text{NF}_n}\right)^2 + \left(\frac{\text{SE GOI}}{\text{GOI}}\right)^2}$$

โดย

- SE = ข้อผิดพลาดมาตรฐาน
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

- NF = ตัวคูณปรับบรรทัดฐาน
- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง

การคำนวณช่วงความเชื่อมั่นสำหรับการวิเคราะห์กลุ่มชีวภาพ

เมื่อดำเนินการวิเคราะห์กลุ่มชีวภาพ (วิเคราะห์โดยใช้เฉพาะชุดกลุ่มชีวภาพเท่านั้น) จะมีการคำนวณช่วงความเชื่อมั่นสำหรับปริมาณสัมพัทธ์และการปรับระดับการแสดงออกของยีนสัมพัทธ์

โดยมีการคำนวณช่วงความเชื่อมั่นในกราฟแบบล็อกสเกลบนการกระจายค่าแบบ T โดยใช้สูตรดังต่อไปนี้

$$CI = \overline{X} \pm t\frac{SD}{\sqrt{n}}$$

โดย

- $\overline{X}$ = นิพจน์ค่าเฉลี่ยของระดับการแสดงออกแบบล็อกสเกลของตัวอย่างในกลุ่มชีวภาพ
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของระดับการแสดงออกแบบล็อกสเกลของตัวอย่างในกลุ่มชีวภาพ
- n = จำนวนตัวอย่างในกลุ่มชีวภาพ
- t = ได้จากการกระจายค่าแบบ T ตามองศาอิสระและระดับอัลฟา

  หมายเหตุ: สามารถตั้งค่าระดับอัลฟาได้โดยใช้ช่องขีดจำกัดค่า P ในแท็บ Graphing (การเขียนกราฟ)

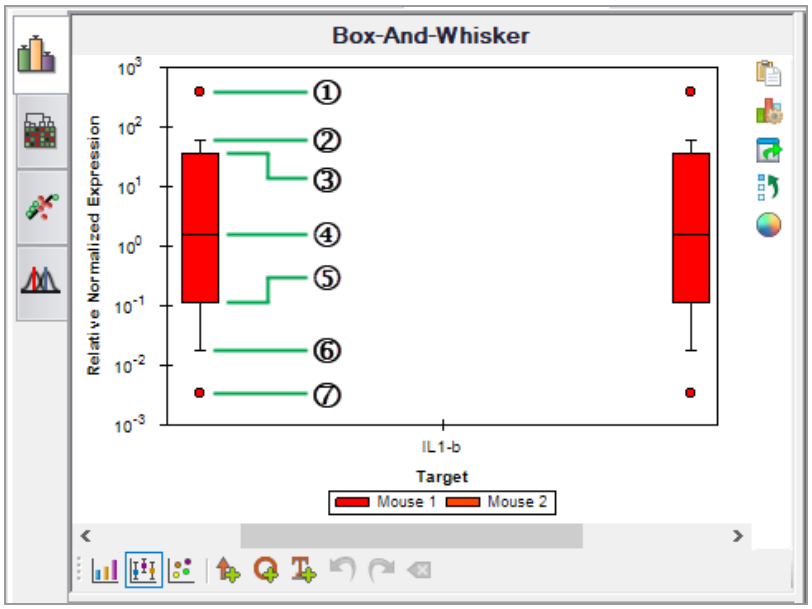
หลังจากคำนวณช่วงความเชื่อมั่นแล้ว จะแปลเป็นระยะเชิงเส้นและแสดงใน Gene Expression Data Table (ตารางการแสดงออกของยีน) และแท็บ Graphing (การเขียนกราฟ)

การคำนวณแผนภูมิ Box and Whisker

แผนภูมิ Box and Whisker แสดงการกระจายค่าการแสดงออกภายในกลุ่มชีวภาพโดยการพล็อตข้อมูลเป็นสี่ส่วน ส่วนที่ 1 และส่วนที่ 3 แสดงด้วยเส้นขอบบนและขอบล่างของกล่องตามลำดับ ค่ามัธยฐานแสดงด้วยเส้นทึบตามขวางของกล่อง จำนวนเพียงเล็กน้อยแสดงค่าผิดปกติต่ำสุดและสูงสุดในชุดข้อมูล ค่าผิดปกติคือค่าที่เกินกว่าส่วนที่ 1 และส่วนที่ 3 ไป 1.5 เท่าของพิสัยระหว่างส่วนที่หนึ่งกับส่วนที่สามจากสี่ส่วน

หมายเหตุ: หากมีเพียงตัวอย่างเดียวในกลุ่มชีวภาพ จะแสดงเป็นวงกลมเดียวซึ่งระบุจุดข้อมูลเดียว

แผนภูมิ Box and Whisker ต่อไปนี้แสดงให้เห็นวิธีการแสดงข้อมูลเหล่านี้



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	ค่าผิดปกติ ค่าผิดปกตินี้คือ > Q3 + (1.5 x [Q3 - Q1]) **หมายเหตุ:** วางเคอร์เซอร์บนวงกลมเพื่อดูปลายเครื่องมือที่แสดงชื่อตัวอย่างและปริมาณสัมพัทธ์หรือข้อมูลการปรับระดับการแสดงออกของยีนตามโหมดที่เลือก
2	เส้นแบ่งค่าไม่ผิดปกติสูงสุด
3	ส่วนบน/ส่วนที่ 3 (Q3) 75% ของค่าการแสดงออกน้อยกว่า Q3
4	ค่ามัธยฐานหรือค่าปานกลางของค่าการแสดงออกตามลำดับขั้น
5	ส่วนล่าง/ส่วนที่ 1 (Q1) 25% ของค่าการแสดงออกน้อยกว่า Q1
6	เส้นแบ่งค่าไม่ผิดปกติต่ำสุด
7	ค่าผิดปกติ ค่าผิดปกตินี้เท่ากับ < Q1 - (1.5 x [Q3 - Q1])

ภาคผนวก B เส้นทางการตรวจสอบ

ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition สร้างเส้นทางการตรวจสอบสำหรับข้อมูลและไฟล์การศึกษายีน (ไฟล์ .prcd และ .mgxd ตามลำดับ) การเปลี่ยนแปลงหรือการดำเนินการใด ๆ กับข้อมูลที่ปลอดภัยและไฟล์การศึกษายีนจะบันทึกไว้ในเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์เมื่อบันทึกไฟล์ CFX Maestro Dx SE จะสร้างเส้นทางการตรวจสอบแยกกันสำหรับแต่ละไฟล์

คุณสามารถเลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) และบันทึกข้อมูลที่ลงนามหรือไม่ได้ลงนามที่ปลอดภัยและไฟล์การศึกษายีนลงในโฟลเดอร์อื่นหรือด้วยชื่ออื่น ไฟล์ใหม่จะสืบทอดเส้นทางการตรวจสอบจากไฟล์ต้นฉบับ เส้นทางการตรวจสอบสำหรับไฟล์ใหม่ยังรวมถึงกิจกรรม Save As (บันทึกเป็น) ด้วย การเปลี่ยนแปลงหรือการดำเนินการในไฟล์ใหม่จะถูกบันทึกในเส้นทางการตรวจสอบของไฟล์ใหม่นั้น ไฟล์ต้นฉบับยังคงมีเส้นทางการตรวจสอบซึ่งจะบันทึกกิจกรรมเพิ่มเติมในอนาคตได้อีก

กิจกรรมที่ตรวจสอบได้ ในหน้า 295 จะแสดงรายการกิจกรรมที่สามารถตรวจสอบได้ที่ซอฟต์แวร์บันทึกไว้

การดูเส้นทางการตรวจสอบ

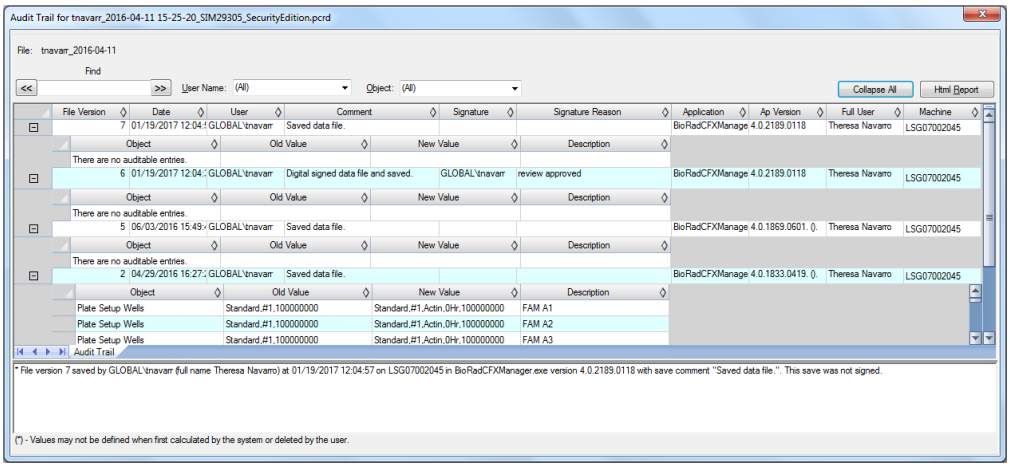
แต่ละเส้นทางการตรวจสอบจะแสดงข้อมูลต่อไปนี้

- รายละเอียดส่วนหัวของการตรวจสอบ
  - เวอร์ชันไฟล์ — เวอร์ชันของไฟล์ที่บันทึก
  - วันที่ — วันที่ของกิจกรรมที่ตรวจสอบได้ในปัจจุบัน
  - ผู้ใช้ — โดเมน Windows และชื่อผู้ใช้ของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบ
  - ความคิดเห็น — ความคิดเห็นที่บันทึกไว้ล่าสุด
  - ลายเซ็น — ลายเซ็นอิเล็กทรอนิกส์ของบุคคลสุดท้ายที่เซ็นชื่อในไฟล์
  - เหตุผลที่ลงลายเซ็น — เหตุผลสำหรับการลงลายเซ็น
  - แอปพลิเคชัน — CFX Maestro Dx SE
  - เวอร์ชันแอปพลิเคชัน — เวอร์ชันปัจจุบันของ CFX Maestro Dx SE
  - ชื่อ-สกุลของผู้ใช้ — ชื่อ-สกุลของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบ
  - เครื่อง — คอมพิวเตอร์ที่ติดตั้ง CFX Maestro Dx SE
- รายละเอียดการเปลี่ยนแปลงการตรวจสอบ
  - รายการ — รายการที่เปลี่ยนแปลง (รายการที่ตรวจสอบ)

- ค่าเก่า — ค่าก่อนหน้า
- ค่าใหม่ — ค่าใหม่
- คำอธิบาย — คำอธิบายที่ทำการเปลี่ยนแปลง

วิธีดูเส้นทางการตรวจสอบ

▶ ในไฟล์ข้อมูลหรือไฟล์การศึกษายีนที่เปิดอยู่ ให้เลือก View (ดู) > Audit Trail (เส้นทางการตรวจสอบ) เส้นทางการตรวจสอบของไฟล์จะปรากฏขึ้น



ตามค่าเริ่มต้น ข้อมูลจะถูกจัดเรียงตามวันที่และเวลา และกิจกรรมทั้งหมดจะปรากฏในมุมมองแบบขยาย คุณสามารถกรองมุมมองตามชื่อผู้ใช้และรายการ และยุบมุมมองแบบขยายเพื่อจัดเรียงตามช่องข้อมูลส่วนหัวได้อย่างง่ายดาย คุณยังสามารถดูเส้นทางการตรวจสอบเป็นรายงาน html ได้ด้วย

วิธีจัดเรียงตามชื่อผู้ใช้

▶ เลือกผู้ใช้เป้าหมายจากชื่อผู้ใช้ในรายการแบบเลื่อนลง

วิธีจัดเรียงตามรายการ

▶ เลือกเป้าหมายจากรายการที่อยู่ในรายการแบบเลื่อนลง

วิธีซ่อนคำอธิบายทั้งหมดของกิจกรรม

▶ คลิก Collapse All (ยุบทั้งหมด)

วิธีจัดเรียงข้อมูลในตารางรายละเอียดการเปลี่ยนแปลง

▶ คลิกสัญลักษณ์รูปเพชรในส่วนหัวของคอลัมน์ข้อมูลเพื่อเรียงลำดับจากน้อยไปมาก (A ถึง Z, จำนวนน้อยที่สุดไปหามากที่สุด หรือก่อนสุดไปหาล่าสุด)

วิธีพิมพ์เส้นทางการตรวจสอบ

1 คลิก HTML Report (รายงาน HTML) เพื่อแสดงเส้นทางการตรวจสอบในเว็บเบราว์เซอร์

2 ในหน้าต่างเบราว์เซอร์ของคุณ ให้ดำเนินการสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- เลือก File (ไฟล์) > Print (พิมพ์)
- คลิกขวาที่รายงานแล้วเลือก Print (พิมพ์)

กิจกรรมที่ตรวจสอบได้

CFX Maestro Dx SE จะบันทึกกิจกรรมที่ตรวจสอบได้ดังต่อไปนี้ในไฟล์ข้อมูลและไฟล์การศึกษายีน

กิจกรรมที่ตรวจสอบได้ระหว่างการทดสอบ

- เวลาเริ่มต้นการทดสอบ
- การแก้ไขเพลตในเวลาทดสอบ
- การแก้ไขโปรโตคอลในเวลาทดสอบ
- เวลาสิ้นสุดการทดสอบ

กิจกรรมที่ตรวจสอบได้เมื่อสร้างไฟล์ข้อมูลแล้ว

- ไฟล์ข้อมูลที่สร้างแล้ว
- การอ่านค่าเพลตแทรกที่เพิ่มโดยระบบ

กิจกรรมที่ตรวจสอบได้เมื่อบันทึกไฟล์ข้อมูลแล้ว

- ทั่วไป
  - ชื่อ
  - การลงนาม
  - การตั้งค่าเพลต
  - แสดงหลุมปฏิกิริยา
  - สารเรืองแสงที่วิเคราะห์แล้ว
  - การแก้ไขเพลต
  - โหมดการวิเคราะห์
  - กลุ่มหลุมปฏิกิริยา PCR ที่ทำงานอยู่

- แท็บ Quantification (การหาปริมาณ)
  - ขั้นตอนที่ใช้งานอยู่
  - การตั้งค่า — โหมดการกำหนด C_q
  - การตั้งค่า — การตั้งค่าพื้นฐาน
  - การแก้ไขแนวที่ใช้
  - การตั้งค่า — รอบที่จะวิเคราะห์
  - การตั้งค่า — โหมดการวิเคราะห์
  - การตั้งค่า — เกณฑ์พื้นฐาน
- แท็บ Melt Curve (กราฟการสลายดีเอ็นเอ)
  - ขั้นตอนที่ใช้งานอยู่
  - ประเภทสูงสุดที่แสดง
  - เกณฑ์การวิเคราะห์สูงสุด
- แท็บ End Point (จุดสิ้นสุด)
  - สารเรืองแสง/เป้าหมายที่ใช้งานอยู่
  - สิ้นสุดรอบเป็นค่าเฉลี่ย
  - วิธีการคำนวณความคลาดเคลื่อน
  - เปอร์เซ็นต์ของช่วง
- แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล)
  - สารเรืองแสงแกน X และ Y
  - เลือกหมายเลขรอบ
  - ดูแผนที่การเรียกใช้
- แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — เค้าโครงทั้งหมด
  - การตั้งค่าการทดสอบ — การอ้างอิงเป้าหมาย
  - การตั้งค่าการทดสอบ — การควบคุมตัวอย่าง
  - การตั้งค่าการทดสอบ — ประสิทธิภาพอัตโนมัติ
  - การตั้งค่าการทดสอบ — ประสิทธิภาพ

- แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — การสร้างกราฟ
  - โหมดการวิเคราะห์
  - ข้อมูลกราฟ
  - แกน X
  - แกน Y
  - ตัวเลือกการปรับขนาด
  - แถบข้อผิดพลาด
  - ตัวคูณแถบข้อผิดพลาด
  - ขีดจำกัดค่า P
- แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — คลัสเตอร์แกรม
  - คลัสเตอร์โดย
  - แยกข้อมูลซ้ำออก
- แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — เค้าโครงแบบกระจาย
  - Control Biological Group (กลุ่มชีวภาพควบคุม)
  - Experimental Biological Group (กลุ่มชีวภาพการทดสอบ)
  - Fold Change Threshold (ค่าขีดจำกัดสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง)
- แท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — ANOVA (การวิเคราะห์ความแปรปรวน)
  - ขีดจำกัดค่า P
- การตั้งค่าเพลต — ดู/แก้ไขเพลต
  - การตั้งค่า - PlateType (ประเภทเพลต)
  - การตั้งค่า — Units (หน่วย)
  - เครื่องมือการแก้ไข — พลิกเพลต
  - กลุ่มหลุมปฏิกิริยา
  - สารเรืองแสงเพลต
- การตั้งค่าเพลต — เปลี่ยนเพลตและใช้ไฟล์ PrimePCR
  - การนำเข้าการตั้งค่าเพลต

การเปลี่ยนแปลงการตรวจสอบสำหรับไฟล์การศึกษายีน

ทั่วไป

- Name (ชื่อ)
- แท็บ Study Setup (การตั้งต่าการศึกษา)
  - เพิ่ม/ลบไฟล์ข้อมูล
- แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา)

ภาคผนวก C การผสานการทำงานร่วมกับระบบ LIMS

คุณสามารถกำหนดค่า ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition สำหรับใช้กับระบบการจัดการสารสนเทศห้องปฏิบัติการ (LIMS) สำหรับการผสานการทำงานร่วมกับระบบ LIMS CFX Maestro Dx SE ต้องการข้อมูลการตั้งค่าเพลตที่สร้างขึ้นโดยแพลตฟอร์ม LIMS (ไฟล์ LIMS, *.plrn) ไฟล์โปรโตคอลที่สร้างขึ้นโดยใช้ CFX Maestro Dx SE (*.prcl) CFX Maestro Dx SEตำแหน่งการส่งออกข้อมูลที่กำหนดไว้ และรูปแบบการส่งออกที่กำหนดไว้

หลังเสร็จสิ้นการทดสอบ CFX Maestro Dx SE จะสร้างไฟล์ข้อมูล (.pcrd) และบันทึกลงในตำแหน่งโฟลเดอร์ส่งออกข้อมูลที่กำหนด CFX Maestro Dx SE ยังสามารถสร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานได้กับ LIMS ในรูปแบบ .csv และบันทึกลงในตำแหน่งเดียวกัน

การสร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้

ภาคผนวกนี้จะอธิบายวิธีการตั้งค่า CFX Maestro Dx SE เพื่อสร้าง บันทึก และส่งออกไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้

การตั้งค่าโฟลเดอร์ LIMS และตัวเลือกการส่งออกข้อมูล

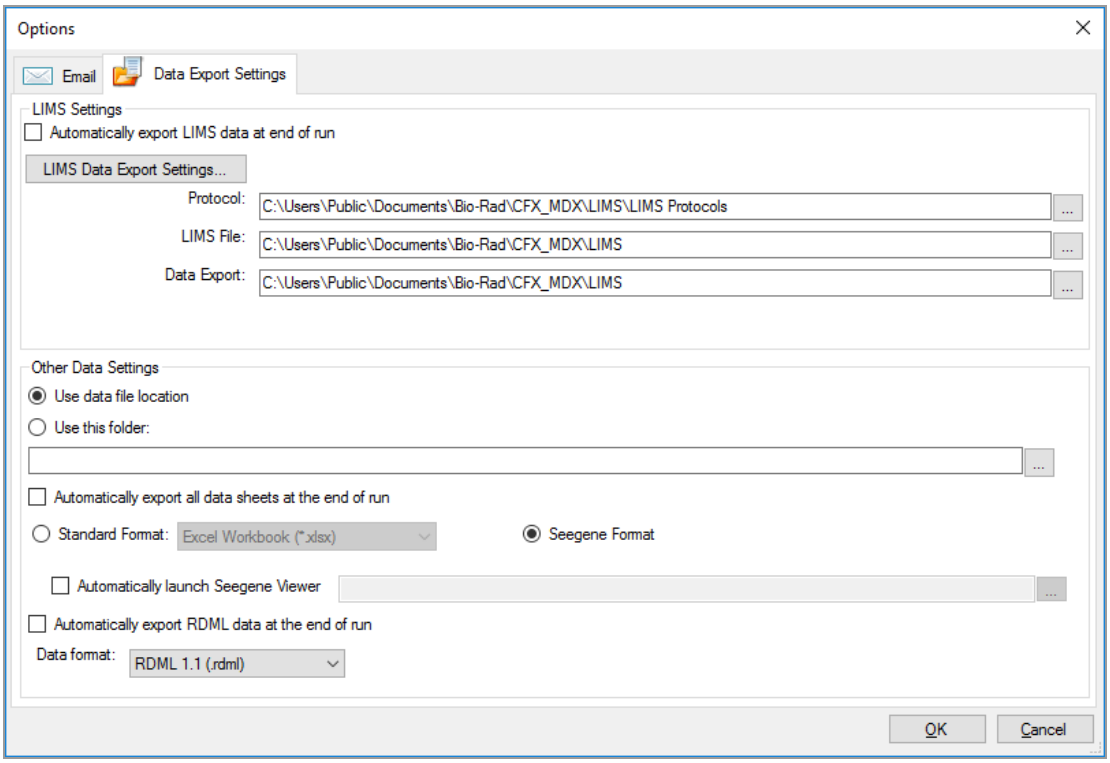
ตามค่าเริ่มต้นแล้ว CFX Maestro Dx SE บันทึกโปรโตคอล LIMS ไฟล์ และไฟล์การส่งออกข้อมูลไปยังโฟลเดอร์นี้: C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_Dx\LIMS

คุณสามารถกำหนดค่า CFX Maestro Dx SE ให้บันทึกไฟล์ลงในโฟลเดอร์อื่น และสามารถเปลี่ยนตัวเลือกการส่งออกข้อมูล LIMS ได้

วิธีตั้งค่าโฟลเดอร์ LIMS และตัวเลือกการส่งออกข้อมูล

1 บนหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Options (ตัวเลือก)

2 ในกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก) ให้เลือก Data Export Settings (การตั้งค่าการส่งออกข้อมูล)



3 (ไม่บังคับ) เลือกส่งออกข้อมูล LIMS โดยอัตโนมัติเมื่อสิ้นสุดการทดสอบ

ซอฟต์แวร์จะส่งออกข้อมูล LIMS หลังจากการทดสอบแต่ละครั้งและบันทึกลงในตำแหน่งที่ระบุโดยอัตโนมัติ

4 หากต้องการเปลี่ยนตัวเลือกการส่งออกข้อมูล LIMS ค่าเริ่มต้น ให้คลิก LIMS Data Export Settings (การตั้งค่าการส่งออกข้อมูล LIMS)

สำคัญ: เฉพาะข้อมูล LIMS ที่ส่งออกเป็นไฟล์ .csv เท่านั้นที่จะสามารถนำกลับเข้ามาใน CFX Maestro Dx SE ได้

5 ในกล่องโต้ตอบ LIMS Data Export Format Settings (การตั้งค่ารูปแบบการส่งออกข้อมูล LIMS) ให้เลือกตัวเลือกการส่งออกที่ต้องการและคลิก OK (ตกลง)

6 ในกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก) ให้ค้นหาและเลือกโฟลเดอร์เริ่มต้นที่คุณต้องการบันทึกไฟล์ข้อมูล LIMS คุณสามารถเลือกตำแหน่งที่แตกต่างกันสำหรับไฟล์แต่ละประเภทได้

- Protocol (โปรโตคอล)
- LIMS File (ไฟล์ LIMS)
- Data export (การส่งออกข้อมูล)

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก)

การสร้างโปรโตคอลระบบ LIMS

หากต้องการเริ่มดำเนินการ LIMS ให้สร้างไฟล์โปรโตคอลสำหรับ CFX Maestro Dx SE (*.prcl) และบันทึกลงในโฟลเดอร์โปรโตคอล LIMS ที่กำหนด

ดูข้อมูลเพิ่มเติมในบทที่ 7, การสร้างโปรโตคอล

การสร้างไฟล์ LIMS

ไฟล์ LIMS (*.plrn) ประกอบด้วยรายละเอียดการตั้งค่าเพลตและชื่อไฟล์โปรโตคอล ไฟล์นี้สร้างโดยระยย LIMS ภายในของคุณ CFX Maestro Dx SE จะใช้ไฟล์ LIMS เพื่อสร้างไฟล์เพลตเพื่อใช้กับไฟล์โปรโตคอล

CFX Maestro Dx SE มีไฟล์เทมเพลตการนำเข้าเพลตที่คุณสามารถแก้ไขเพื่อสร้างไฟล์เพลต LIMS แบบกำหนดเองได้

เคล็ดลับ: ผู้เชี่ยวชาญ LIMS ต้องเป็นผู้ดำเนินการนี้

วิธีสร้างไฟล์ LIMS

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก View (ดู) > Show (แสดง) > LIMS File Folder (โฟลเดอร์ไฟล์ LIMS)

2 เปิดโฟลเดอร์ LIMS Templates (เทมเพลต LIMS) แล้วเลือกไฟล์ .csv เพื่อนำเข้าไฟล์เข้ามาใน LIMS ภายในของคุณ

3 แก้ไขไฟล์เทมเพลตโดยการกรอกข้อมูลลงในช่องที่กำหนดที่ระบุไว้ในตาราง 38

4 โปรดทำหนึ่งในสิ่งต่อไปนี้

- หากต้องการบันทึกการเปลี่ยนแปลงของคุณเพื่อใช้ในอนาคต ให้บันทึกไฟล์เป็นไฟล์. csv
- หากต้องการบันทึกการเปลี่ยนแปลงของคุณและใช้ไฟล์ทันที ให้บันทึกไฟล์ด้วยนามสกุล .plrn
- บันทึกเทมเพลตให้เป็นไฟล์นามสกุล .plrn ไปยังโฟลเดอร์ LIMS File (ไฟล์ LIMS)

สำคัญ: CFX Maestro Dx SE เปิดได้เฉพาะไฟล์ .plrn เท่านั้น คุณต้องบันทึกไฟล์ .csv เป็น .plrn เพื่อเริ่มดำเนินการ LIMS

ตาราง 38 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMS

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	เนื้อหา	วัตถุประสงค
A	1	ส่วนหัวของเพลต	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
A,B,C	2	ช่อง/ข้อมูล/คำแนะนำ	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B	3	เวอร์ชัน	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B	4	ขนาดเพลต	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B	5	Plate Type (ประเภทเพลต)	ป้อน BR White (BR ขาว) BR Clear (BR ใส) หรือประเภทเพลตที่สอบเทียบค่าแล้วอื่น ๆ	ต้องระบุ
B	6	Scan Mode (โหมดสแกน)	ป้อน “SYBR/FAM Only:” “All Channels” หรือ “FRET”	ต้องระบุ
B	7	Units (หน่วย)	ป้อนข้อมูลใดข้อมูลหนึ่งต่อไปนี้ “copy number” “fold dilution” “micromoles” “nanomoles” “picomoles” “femtomoles” “attomoles” “milligrams” “micrograms” “nanograms” “picograms” “femtograms” “attograms” หรือ “percent”	ต้องระบุ
B	8	Run ID (ID การดำเนินการ)	ป้อนคำอธิบายสั้น ๆ หรือบาร์โค้ดที่ระบุการดำเนินการนี้ (ความยาวไม่เกิน 30 อักขระ ต้องไม่มีเครื่องหมายจุลภาค)	ตัวเลือก

ตาราง 38 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMSต่อ

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	เนื้อหา	วัตถุประสงค
B	9	Run Note (หมายเหตุการดำเนินการ)	ป้อนคำอธิบายการดำเนินการ	ตัวเลือก
B	10	Run Protocol (โปรโตคอลการดำเนินการ)	ป้อนชื่อไฟล์โปรโตคอลตามที่แสดงในรายชื่อ	ต้องระบุ
A	11	Data File (ไฟล์ข้อมูล)	ป้อนชื่อไฟล์ข้อมูล	ตัวเลือก
A	12-15	TBD/ว่าง	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
A	16	Plate Data (ข้อมูลเพลต)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
A	17-113	Well Position (ตำแหน่งหลุม)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B-G		Ch1 Dye, Ch2 Dye, Ch3 Dye, Ch4 Dye, Ch5 Dye, FRET	ป้อนชื่อสีย้อมที่สอบเทียบค่าแล้วหนึ่งชื่อ (เช่น “FAM”) สำหรับแต่ละช่องที่ใช้	ต้องระบุ
H		Sample Type (ประเภทตัวอย่าง)	ป้อนประเภทตัวอย่างต่อไปนี้หนึ่งประเภท “Unknown,” “Standard” “Positive Control” “Negative Control” “NTC” หรือ “NRT”	ต้องระบุ

ตาราง 38 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMSต่อ

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	เนื้อหา	วัตถุประสงค
I		Sample Name (ชื่อตัวอย่าง)	ป้อนชื่อตัวอย่าง	ตัวเลือก
J-O		CH1 Target, CH2 Target, CH3 Target, CH4 Target, CH5 Target, FRET Target	ป้อนชื่อเป้าหมายสำหรับแต่ละช่องที่ใช้	ตัวเลือก
P		ชื่อชุด	ป้อนชื่อชุดทางชีวภาพ	ตัวเลือก
Q		Replicate (ทำซ้ำ)	ป้อนจำนวนเต็มบวกสำหรับแต่ละชุดของการทำซ้ำ ค่าต้องไม่เป็นศูนย์	ตัวเลือก
R-W		CH1 Quantity, CH2 Quantity, CH3 Quantity, CH4 Quantity, CH5 Quantity, FRET Quantity	ป้อนค่าคุณภาพสำหรับมาตรฐานใด ๆ ป้อนค่าความเข้มข้นในรูปแบบทศนิยม	ต้องระบุสำหรับทุกมาตรฐาน

ตาราง 38 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMSต่อ

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	เนื้อหา	วัตถุประสงค
X		Well Note (หมายเหตุของหลุม)	ป้อนหมายเหตุของหลุม (ไม่เกิน 20 อักขระ) **หมายเหตุ:** แม้ว่า CFX Maestro Dx SE จำกัดจำนวนอักขระสูงสุด 20 ตัวสำหรับการป้อนหมายเหตุใน Well Note (หมายเหตุของหลุม) ผ่านซอฟต์แวร์ แต่ช่อง Well Note (หมายเหตุของหลุม) สามารถมีอักขระได้สูงสุด 500 ตัวหากรวมอยู่ในไฟล์ .plrn ที่นำเข้า อย่างไรก็ตาม CFX Maestro Dx SE จะแสดงเฉพาะอักขระ 20 ตัวแรก ไฟล์ .pcrd ที่ส่งออกจะมีอักขระทั้งหมดในช่อง Well Note (หมายเหตุของหลุม) โดยไม่มีข้อมูลใดสูญหาย	ตัวเลือก
Y-AD		Ch1 Well Color, Ch2 Well Color, Ch3 Well Color, Ch4 Well Color, Ch5 Well Color, FRET Well Color	ป้อนสีลอกรูปแบบที่ผู้ใช้กำหนดเองเป็นจำนวนเต็มแบบ 32 บิท (argb) ในรูปแบบจุดทศนิยม	ตัวเลือก

การเริ่มการทดสอบ LIMS

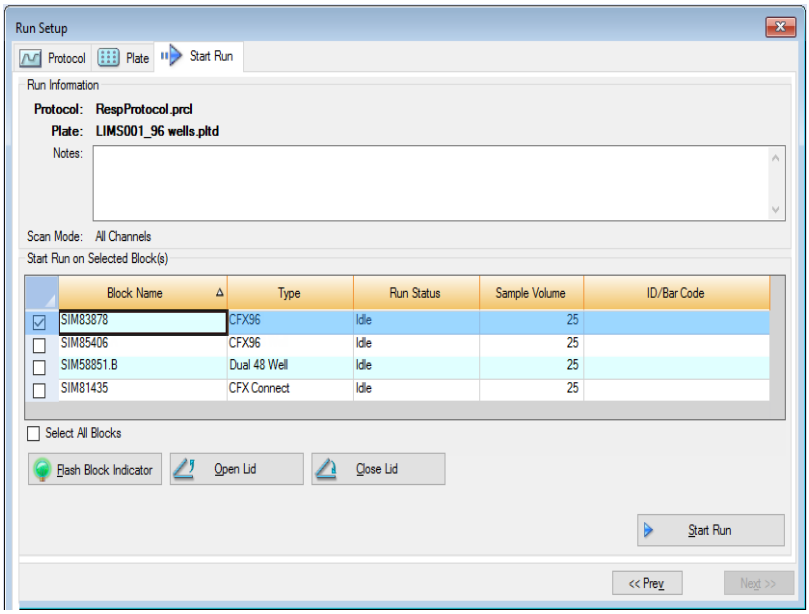
วิธีเริ่มการทดสอบ LIMS

1 ทำตามหนึ่งในข้อต่อไปนี้เพื่อเปิดไฟล์ LIMS .plrn:

- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก View (ดู) > Show (แสดง) > LIMS File Folder (โฟลเดอร์ไฟล์ LIMS) และเปิดไฟล์ .plrn ที่ต้องการ
- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > LIMS File (ไฟล์ LIMS) และเปิดไฟล์ .plrn ที่ต้องการ

ไฟล์จะเปิดในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในตัวช่วยสร้าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) แสดงข้อมูลเกี่ยวกับการทดลองที่จะดำเนินการ นอกจากนี้ยังแสดงบล็อกเครื่องมือที่เชื่อมต่อที่คุณสามารถทำการทดลองได้

2 ในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) เลือกเครื่องมือและคลิก Start Run (เริ่มการทดสอบ)



การส่งออกข้อมูลไปยังระบบ LIMS

เมื่อดำเนินการเสร็จสิ้น CFX Maestro Dx SE จะสร้างไฟล์ข้อมูล (.pcrd) และบันทึกไว้ในตำแหน่งโฟลเดอร์ส่งออกข้อมูลที่กำหนดไว้

วิธีส่งออกข้อมูลไประบบ LIMS

▶ เปิดไฟล์ .pcrd และเลือก Export (ส่งออก) > Export to LIMS Folder (ส่งออกไปโฟลเดอร์ LIMS)

เคล็ดลับ: หากคุณเลือก Automatically Export Data (ส่งออกข้อมูลอัตโนมัติ) หลัง Run in LIMS Options (ดำเนินการในตัวเลือกระบบ LIMS) CFX Maestro Dx SE จะสร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้ในรูปแบบ .csv และบันทึกไว้ในโฟลเดอร์เดิม

ภาคผนวก D การแก้ไขปัญหา ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

ภาคผนวกนี้ให้คำแนะนำในการแก้ไขปัญหาที่คุณอาจพบขณะอัปเกรดหรือใช้งาน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition

ทำรายการไฟล์และโฟลเดอร์ของ ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ที่ปลอดภัย

แผนกไอทีของคุณอาจใช้มาตรการรักษาความปลอดภัยซอฟต์แวร์ที่เข้มงวดมากเพื่อป้องกันไวรัสและมัลแวร์ มาตรการเหล่านี้อาจส่งผลต่อเวลาในการอัปเกรดหรือใช้งาน CFX Maestro Dx SE

เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพของCFX Maestro Dx SE Bio-Rad ขอแนะนำให้แผนกไอทีของคุณลงรายการอนุญาตไฟล์และโฟลเดอร์ที่ปลอดภัยต่อไปนี้ในการตั้งค่าไฟร์วอลล์ในซอฟต์แวร์ป้องกันไวรัสของคุณที่ติดตั้งในคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE

โฟลเดอร์

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx
- C:\ProgramData\Bio-Rad\CFX_MDx
- C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_MDx

ไฟล์

- ไฟล์ .exe ทั้งหมดที่อยู่ในโฟลเดอร์ C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx
- R.exe และ Rscript.exe (ที่อยู่ในโฟลเดอร์ C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx\ R\ R-3.3.1\bin)

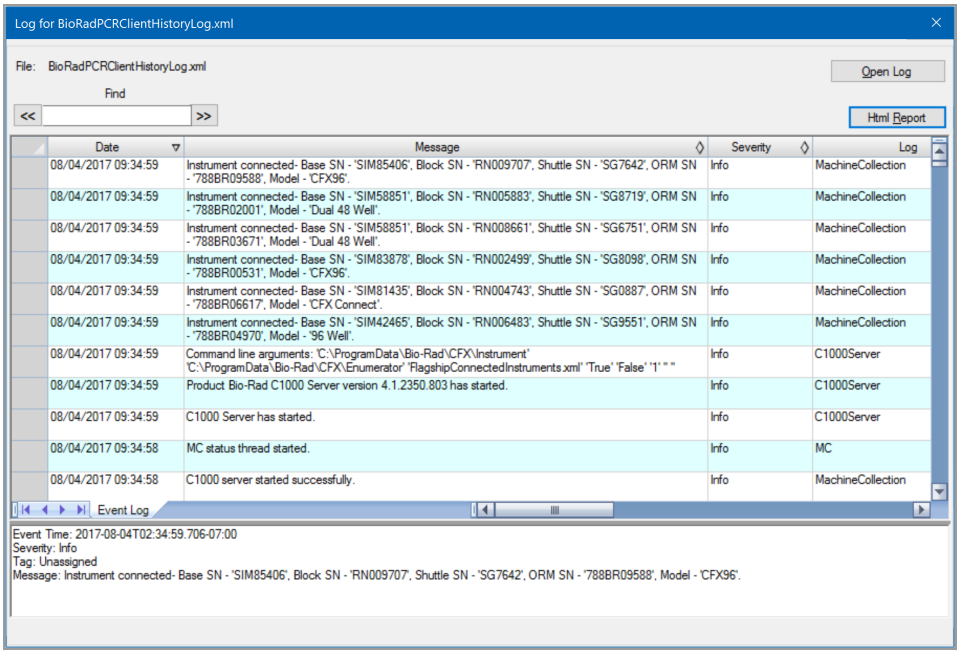
บันทึกการใช้งาน

ก่อนที่จะเริ่มการทดสอบใหม่ เครื่อง CFX Opus Dx system จะเริ่มการทดสอบวิเคราะห์ตัวเองเพื่อตรวจสอบว่ากำลังทำงานตามข้อกำหนดอยู่หรือไม่ ซอฟต์แวร์จะบันทึกผลการทดสอบนี้ในไฟล์ Run Log (บันทึกการทดสอบ) และไฟล์ Application Log (บันทึกการใช้งาน) หากคุณสังเกตเห็นปัญหาในการทดลองอย่างใดอย่างหนึ่งหรือหลายการทดลอง เปิดบันทึกการทดสอบและบันทึกการใช้งานเพื่อค้นหาว่าปัญหาเริ่มต้นขึ้นเมื่อใด

CFX Maestro Dx SE Dx จะติดตามข้อมูลสถานะเครื่องมือระหว่างการทดสอบใน Application Log (บันทึกการใช้งาน) ใช้บันทึกเหล่านี้ติดตามกิจกรรมที่เกิดขึ้นกับเครื่องมือและในซอฟต์แวร์และเพื่อการแก้ไขปัญหา

วิธีเปิด Application log (บันทึกการใช้งาน)

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก View (ดู) > Application Log (บันทึกการใช้งาน)



หากต้องการดูบันทึกแอปพลิเคชันเป็นไฟล์ HTML ให้คลิกปุ่ม HTML Report (รายงาน HTML)

การเรียกไฟล์บันทึกแอปพลิเคชันและเฟิร์มแวร์

บันทึกของแอปพลิเคชันและเฟิร์มแวร์ประกอบด้วยรายละเอียดการดำเนินการระหว่างที่ใช้งานซอฟต์แวร์และประสิทธิภาพของการทำงาน บันทึกเหล่านี้จะบันทึกข้อผิดพลาดของซอฟต์แวร์และเฟิร์มแวร์ที่เกิดขึ้นในระหว่างการใช้งานซอฟต์แวร์หรือเครื่องมือด้วยเช่นกัน

วิธีการเข้าถึงไฟล์บันทึกแอปพลิเคชันและเฟิร์มแวร์มีดังนี้:

1 ในแผง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้คลิกขวาที่เครื่องมือ

2 เลือก Retrieve Log Files (เรียกไฟล์บันทึก)

3 ในกล่องโต้ตอบ Browse for Folder (เรียกดูโฟลเดอร์) ให้เลือกโฟลเดอร์ปลายทางบนเครือข่ายของคุณหรือไดรฟ์ในเครื่อง ที่คุณต้องการใช้บันทึกไฟล์บันทึก

หมายเหตุ: โฟลเดอร์จะมีชื่อว่า "Logs"

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์

สำคัญ: การบันทึกไฟล์บันทึกที่มีชื่อไฟล์เหมือนกับไฟล์บันทึกที่มี จะเป็นการเขียนทับไฟล์บันทึกที่มี

การแก้ไขปัญหา

โดยทั่วไป ปัญหาซอฟต์แวร์และการสื่อสารกับเครื่องมือสามารถแก้ไขได้โดยการรีสตาร์ทคอมพิวเตอร์และระบบของคุณ ตรวจสอบให้แน่ใจว่าได้บันทึกงานใด ๆ ที่กำลังทำอยู่ก่อนทำการรีสตาร์ท

หมายเหตุ: ตรวจสอบว่าคอมพิวเตอร์ของคุณมี RAM เพียงพอและมีพื้นที่ดิสก์ว่าง RAM ขั้นต่ำคือ 4 GB และพื้นที่ฮาร์ดดิสก์ขั้นต่ำคือ 128 GB

ไฟฟ้าขัดข้อง

เมื่อไฟฟ้าขัดข้อง เครื่องมือและคอมพิวเตอร์จะปิดลง หากไฟฟ้าดับเพียงครู่เดียว เครื่องมือจะกลับมาใช้งานโปรโตคอลอีกครั้ง แต่ Application Log (บันทึกการทำงาน) จะบันทึกว่าเกิดไฟฟ้าขัดข้อง เครื่องมือและซอฟต์แวร์จะพยายามทำงานต่อไปตามการตั้งค่าคอมพิวเตอร์และระยะเวลาที่เครื่องมือปิดไป โดยจะขึ้นอยู่กับขั้นตอนของโปรโตคอล

- หากโปรโตคอลอยู่ในขั้นตอนที่ไม่มีการอ่านค่าเพลต โปรโตคอลจะทำงานต่อโดยเร็วที่สุดเมื่อเครื่องมือกลับมาใช้พลังงานไฟฟ้าได้
- หากโปรโตคอลอยู่ในขั้นตอนที่มีการอ่านค่าเพลต เครื่องมือจะรอให้ซอฟต์แวร์รีสตาร์ทและกลับมาทำการประมวลผลเพื่อเก็บรวบรวมข้อมูล ในสถานการณ์เช่นนี้ โปรโตคอลจะดำเนินต่อไปก็ต่อเมื่อคอมพิวเตอร์ไม่ได้ปิดซอฟต์แวร์ด้วย เมื่อคอมพิวเตอร์และซอฟต์แวร์เริ่มทำงานอีกครั้ง โปรโตคอลจะดำเนินต่อไป

การโอนไฟล์ไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE

คุณสามารถถ่ายโอนไฟล์ข้อมูลและไฟล์บันทึกที่อยู่บนเครื่องมือไปยังฮาร์ดไดรฟ์ของคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE ที่เชื่อมต่ออยู่

เคล็ดลับ: ไฟล์ทั้งหมดในโฟลเดอร์ข้อมูลเรียลไทม์บนตัวเครื่องมือจะถูกถ่ายโอนไปยังคอมพิวเตอร์

หมายเหตุ: จากเครื่อง CFX Opus Dx คุณสามารถถ่ายโอนไฟล์บันทึกได้เท่านั้น ไฟล์บันทึกทั้งหมดบนเครื่องมือจะถูกโอนไปยังคอมพิวเตอร์

วิธีการเรียกไฟล์จากเครื่องมือ

1 ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) คลิกขวาที่เครื่องมือเป้าหมายและเลือก Retrieve Log Files (เรียกไฟล์บันทึก)

2 เลือกตำแหน่งของโฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์ที่เรียก

3 คลิก OK (ตกลง)

การติดตั้ง ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ด้วยตนเอง

วิธีการติดตั้ง CFX Maestro Dx SE ด้วยตนเอง

1 หากจำเป็น ให้ถอดเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่ออกจากคอมพิวเตอร์

ค้นหาตำแหน่งและถอดสาย USB ของอุปกรณ์ออกจากคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE สามารถเสียบปลายด้านอีกข้างอยู่ในเครื่องได้

2 เข้าสู่ระบบคอมพิวเตอร์ CFX Maestro Dx SE ด้วยสิทธิ์ระดับผู้ดูแลระบบ

3 เสียบไดรฟ์ USB ของ CFX Maestro Dx SE เข้ากับพอร์ต USB ของคอมพิวเตอร์

4 ใน Windows Explorer ให้ค้นหาและเปิดไดรฟ์ USB ของ CFX Maestro Dx SE

5 เปิดโฟลเดอร์ของ CFX แล้วคลิกสองครั้งที่ CFXMaestroDxSetup.exe เพื่อติดตั้ง CFX Maestro Dx SE

6 ทำตามคำแนะนำบนหน้าจอเพื่อติดตั้งซอฟต์แวร์

เมื่อเสร็จสิ้น หน้าจอเริ่มต้น ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ของ Bio-Rad จะปรากฏขึ้นบนหน้าจอคอมพิวเตอร์ และไอคอน ซอฟต์แวร์ CFX Maestro Dx, Security Edition ของ Bio-Rad จะปรากฏขึ้นบนเดสก์ท็อป

7 อย่างปลอดภัยและเริ่มใช้งาน CFX Maestro Dx SE

การติดตั้งไดรเวอร์อีกครั้ง

วิธีการติดตั้งไดรเวอร์ของเครื่องมืออีกครั้ง

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดรเวอร์ของเครื่องมืออีกครั้ง)

หมายเหตุ: หากคุณมีปัญหาเกี่ยวกับการสื่อสารของซอฟต์แวร์กับระบบเรียลไทม์หลังจากที่คุณติดตั้งไดรเวอร์อีกครั้งและตรวจสอบการเชื่อมต่อ USB แล้ว โปรดติดต่อฝ่ายสนับสนุนด้านเทคนิคของ Bio-Rad

ภาคผนวก E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products

This document includes licensing information relating to free, open-source, and public-source software and data (together, the “MATERIALS”) included with or used to develop Bio-Rad products and services. The terms of the applicable free, open-source, and public-source licenses (each an “OPEN LICENSE”) govern Bio-Rad’s distribution and your use of the MATERIALS. Bio-Rad and the third-party authors, licensors, and distributors of the MATERIALS disclaim all warranties and liability arising from all use and distribution of the MATERIALS. To the extent the OSS is provided under an agreement with Bio-Rad that differs from the applicable OSS LICENSE, those terms are offered by Bio-Rad alone.

Bio-Rad has reproduced below copyright and other licensing notices appearing within the MATERIALS. While Bio-Rad seeks to provide complete and accurate copyright and licensing information for all MATERIALS, Bio-Rad does not represent or warrant that the following information is complete, correct, or error-free. MATERIALS recipients are encouraged to (a) investigate the identified MATERIALS to confirm the accuracy of the licensing information provided and (b) notify Bio-Rad of any inaccuracies or errors found in this document so that Bio-Rad may update this document accordingly.

Certain OPEN LICENSES (such as the Affero General Public Licenses, Common Development and Distribution Licenses, Common Public License, Creative Commons Share-Alike License, Eclipse Public License, Mozilla Public Licenses, GNU General Public Licenses, GNU Library/Lesser General Public Licenses, and Open Data Commons Open Database License) require that the source materials be made available to recipients or other requestors under the terms of the same OPEN LICENSE.

The corresponding open source software is available for download from the links in the section that follows.

Software Notices

ZedGraph

Project homepage/download site:

https://sourceforge.net/projects/zedgraph/

Bio-Rad source code site:

https://github.com/bio-rad-lsg-open-source/ZedGraph-5.0.1

External source code site:

https://github.com/ZedGraph/ZedGraph

Project licensing notices:

/LICENSE-LGPL.txt:

See **LGPL-2.1** in the **Standard OSS License Text** appendix to this document.

/sources/ZedGraph/LICENSE-LGPL.txt:

See **LGPL-2.1** in the **Standard OSS License Text** appendix to this document.

Standard Open License Text

LGPL-2.1

GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE

Version 2.1, February 1999

Copyright (C) 1991, 1999 Free Software Foundation, Inc. 59 Temple Place, Suite 330, Boston, MA 02111-1307 USA Everyone is permitted to copy and distribute verbatim copies of this license document, but changing it is not allowed.

[This is the first released version of the Lesser GPL. It also counts as the successor of the GNU Library Public License, version 2, hence the version number 2.1.]

Preamble

The licenses for most software are designed to take away your freedom to share and change it. By contrast, the GNU General Public Licenses are intended to guarantee your freedom to share and change free software--to make sure the software is free for all its users.

This license, the Lesser General Public License, applies to some specially designated software packages--typically libraries--of the Free Software Foundation and other authors who decide to use it. You can use it too, but we suggest you first think carefully about whether this license or the ordinary General Public License is the better strategy to use in any particular case, based on the explanations below.

When we speak of free software, we are referring to freedom of use, not price. Our General Public Licenses are designed to make sure that you have the freedom to distribute copies of free software (and charge for this service if you wish); that you receive source code or can get it if you want it; that you can change the software and use pieces of it in new free programs; and that you are informed that you can do these things.

To protect your rights, we need to make restrictions that forbid distributors to deny you these rights or to ask you to surrender these rights. These restrictions translate to certain responsibilities for you if you distribute copies of the library or if you modify it.

For example, if you distribute copies of the library, whether gratis or for a fee, you must give the recipients all the rights that we gave you. You must make sure that they, too, receive or can get the source code. If you link other code with the library, you must provide complete object files to the recipients, so that they can relink them with the library after making changes to the library and recompiling it. And you must show them these terms so they know their rights.

We protect your rights with a two-step method: (1) we copyright the library, and (2) we offer you this license, which gives you legal permission to copy, distribute and/or modify the library.

To protect each distributor, we want to make it very clear that there is no warranty for the free library. Also, if the library is modified by someone else and passed on, the recipients should know that what they have is not the original version, so that the original author's

reputation will not be affected by problems that might be introduced by others.

Finally, software patents pose a constant threat to the existence of any free program. We wish to make sure that a company cannot effectively restrict the users of a free program by obtaining a restrictive license from a patent holder. Therefore, we insist that any patent license obtained for a version of the library must be consistent with the full freedom of use specified in this license.

Most GNU software, including some libraries, is covered by the ordinary GNU General Public License. This license, the GNU Lesser General Public License, applies to certain designated libraries, and is quite different from the ordinary General Public License. We use this license for certain libraries in order to permit linking those libraries into non-free programs.

When a program is linked with a library, whether statically or using a shared library, the combination of the two is legally speaking a combined work, a derivative of the original library. The ordinary General Public License therefore permits such linking only if the entire combination fits its criteria of freedom. The Lesser General Public License permits more lax criteria for linking other code with the library.

We call this license the "Lesser" General Public License because it does Less to protect the user's freedom than the ordinary General Public License. It also provides other free software developers Less of an advantage over competing non-free programs. These disadvantages are the reason we use the ordinary General Public License for many libraries. However, the Lesser license provides advantages in certain special circumstances.

For example, on rare occasions, there may be a special need to encourage the widest possible use of a certain library, so that it becomes a de-facto standard. To achieve this, non-free programs must be allowed to use the library. A more frequent case is that a free library does the same job as widely used non-free libraries. In this case, there is little to gain by limiting the free library to free software only, so we use the Lesser General Public License.

In other cases, permission to use a particular library in non-free programs enables a greater number of people to use a large body of free software. For example, permission to use the GNU C Library in non-free programs enables many more people to use the whole GNU

operating system, as well as its variant, the GNU/Linux operating system.

Although the Lesser General Public License is Less protective of the users' freedom, it does ensure that the user of a program that is linked with the Library has the freedom and the wherewithal to run that program using a modified version of the Library.

The precise terms and conditions for copying, distribution and modification follow. Pay close attention to the difference between a "work based on the library" and a "work that uses the library". The former contains code derived from the library, whereas the latter must be combined with the library in order to run.

GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE

TERMS AND CONDITIONS FOR COPYING, DISTRIBUTION AND MODIFICATION

0. This License Agreement applies to any software library or other program which contains a notice placed by the copyright holder or other authorized party saying it may be distributed under the terms of this Lesser General Public License (also called "this License"). Each licensee is addressed as "you".

A "library" means a collection of software functions and/or data prepared so as to be conveniently linked with application programs (which use some of those functions and data) to form executables.

The "Library", below, refers to any such software library or work which has been distributed under these terms. A "work based on the Library" means either the Library or any derivative work under copyright law: that is to say, a work containing the Library or a portion of it, either verbatim or with modifications and/or translated straightforwardly into another language. (Hereinafter, translation is included without limitation in the term "modification".)

"Source code" for a work means the preferred form of the work for making modifications to it. For a library, complete source code means all the source code for all modules it contains, plus any associated interface definition files, plus the scripts used to control compilation and installation of the library.

Activities other than copying, distribution and modification are not covered by this License; they are outside its scope. The act of running a program using the Library is not restricted, and output

from such a program is covered only if its contents constitute a work based on the Library (independent of the use of the Library in a tool for writing it). Whether that is true depends on what the Library does and what the program that uses the Library does.

1. You may copy and distribute verbatim copies of the Library's complete source code as you receive it, in any medium, provided that you conspicuously and appropriately publish on each copy an appropriate copyright notice and disclaimer of warranty; keep intact all the notices that refer to this License and to the absence of any warranty; and distribute a copy of this License along with the Library. You may charge a fee for the physical act of transferring a copy, and you may at your option offer warranty protection in exchange for a fee.

2. You may modify your copy or copies of the Library or any portion of it, thus forming a work based on the Library, and copy and distribute such modifications or work under the terms of Section 1 above, provided that you also meet all of these conditions:

a) The modified work must itself be a software library.

b) You must cause the files modified to carry prominent notices stating that you changed the files and the date of any change.

c) You must cause the whole of the work to be licensed at no charge to all third parties under the terms of this License.

d) If a facility in the modified Library refers to a function or a table of data to be supplied by an application program that uses the facility, other than as an argument passed when the facility is invoked, then you must make a good faith effort to ensure that, in the event an application does not supply such function or table, the facility still operates, and performs whatever part of its purpose remains meaningful. (For example, a function in a library to compute square roots has a purpose that is entirely well-defined independent of the application. Therefore, Subsection 2d requires that any application-supplied function or table used by this function must be optional: if the application does not supply it, the squareroot function must still compute square roots.)

These requirements apply to the modified work as a whole. If identifiable sections of that work are not derived from the Library, and can be reasonably considered independent and separate works in themselves, then this License, and its terms, do not apply to those sections when you distribute them as separate works. But when you

distribute the same sections as part of a whole which is a work based on the Library, the distribution of the whole must be on the terms of this License, whose permissions for other licensees extend to the entire whole, and thus to each and every part regardless of who wrote it.

Thus, it is not the intent of this section to claim rights or contest your rights to work written entirely by you; rather, the intent is to exercise the right to control the distribution of derivative or collective works based on the Library.

In addition, mere aggregation of another work not based on the Library with the Library (or with a work based on the Library) on a volume of a storage or distribution medium does not bring the other work under the scope of this License.

3. You may opt to apply the terms of the ordinary GNU General Public License instead of this License to a given copy of the Library. To do this, you must alter all the notices that refer to this License, so that they refer to the ordinary GNU General Public License, version 2, instead of to this License. (If a newer version than version 2 of the ordinary GNU General Public License has appeared, then you can specify that version instead if you wish.) Do not make any other change in these notices. Once this change is made in a given copy, it is irreversible for that copy, so the ordinary GNU General Public License applies to all subsequent copies and derivative works made from that copy. This option is useful when you wish to copy part of the code of the Library into a program that is not a library.

4. You may copy and distribute the Library (or a portion or derivative of it, under Section 2) in object code or executable form under the terms of Sections 1 and 2 above provided that you accompany it with the complete corresponding machine-readable source code, which must be distributed under the terms of Sections 1 and 2 above on a medium customarily used for software interchange. If distribution of object code is made by offering access to copy from a designated place, then offering equivalent access to copy the source code from the same place satisfies the requirement to distribute the source code, even though third parties are not compelled to copy the source along with the object code.

5. A program that contains no derivative of any portion of the Library, but is designed to work with the Library by being compiled or linked with it, is called a "work that uses the Library". Such a work, in isolation, is not a derivative work of the Library, and

therefore falls outside the scope of this License. However, linking a "work that uses the Library" with the Library creates an executable that is a derivative of the Library (because it contains portions of the Library), rather than a "work that uses the library". The executable is therefore covered by this License. Section 6 states terms for distribution of such executables. When a "work that uses the Library" uses material from a header file that is part of the Library, the object code for the work may be a derivative work of the Library even though the source code is not. Whether this is true is especially significant if the work can be linked without the Library, or if the work is itself a library. The threshold for this to be true is not precisely defined by law. If such an object file uses only numerical parameters, data structure layouts and accessors, and small macros and small inline functions (ten lines or less in length), then the use of the object file is unrestricted, regardless of whether it is legally a derivative work. (Executables containing this object code plus portions of the Library will still fall under Section 6.) Otherwise, if the work is a derivative of the Library, you may distribute the object code for the work under the terms of Section 6. Any executables containing that work also fall under Section 6, whether or not they are linked directly with the Library itself.

6. As an exception to the Sections above, you may also combine or link a "work that uses the Library" with the Library to produce a work containing portions of the Library, and distribute that work under terms of your choice, provided that the terms permit modification of the work for the customer's own use and reverse engineering for debugging such modifications. You must give prominent notice with each copy of the work that the Library is used in it and that the Library and its use are covered by this License. You must supply a copy of this License. If the work during execution displays copyright notices, you must include the copyright notice for the Library among them, as well as a reference directing the user to the copy of this License. Also, you must do one of these things:

a) Accompany the work with the complete corresponding machine-readable source code for the Library including whatever changes were used in the work (which must be distributed under Sections 1 and 2 above); and, if the work is an executable linked with the Library, with the complete machine-readable "work that uses the Library", as object code and/or source code, so that the user can modify the Library and then relink to produce a modified executable containing the modified Library. (It is understood that the user who changes the

contents of definitions files in the Library will not necessarily be able to recompile the application to use the modified definitions.)

b) Use a suitable shared library mechanism for linking with the Library. A suitable mechanism is one that (1) uses at run time a copy of the library already present on the user's computer system, rather than copying library functions into the executable, and (2) will operate properly with a modified version of the library, if the user installs one, as long as the modified version is interface-compatible with the version that the work was made with.

c) Accompany the work with a written offer, valid for at least three years, to give the same user the materials specified in Subsection 6a, above, for a charge no more than the cost of performing this distribution.

d) If distribution of the work is made by offering access to copy from a designated place, offer equivalent access to copy the above specified materials from the same place.

e) Verify that the user has already received a copy of these materials or that you have already sent this user a copy.

For an executable, the required form of the "work that uses the Library" must include any data and utility programs needed for reproducing the executable from it. However, as a special exception, the materials to be distributed need not include anything that is normally distributed (in either source or binary form) with the major components (compiler, kernel, and so on) of the operating system on which the executable runs, unless that component itself accompanies the executable.

It may happen that this requirement contradicts the license restrictions of other proprietary libraries that do not normally accompany the operating system. Such a contradiction means you cannot use both them and the Library together in an executable that you distribute.

7. You may place library facilities that are a work based on the Library side-by-side in a single library together with other library facilities not covered by this License, and distribute such a combined library, provided that the separate distribution of the work based on the Library and of the other library facilities is otherwise permitted, and provided that you do these two things:

a) Accompany the combined library with a copy of the same work based on the Library, uncombined with any other library facilities. This must be distributed under the terms of the Sections above.

b) Give prominent notice with the combined library of the fact that part of it is a work based on the Library, and explaining where to find the accompanying uncombined form of the same work.

8. You may not copy, modify, sublicense, link with, or distribute the Library except as expressly provided under this License. Any attempt otherwise to copy, modify, sublicense, link with, or distribute the Library is void, and will automatically terminate your rights under this License. However, parties who have received copies, or rights, from you under this License will not have their licenses terminated so long as such parties remain in full compliance.

9. You are not required to accept this License, since you have not signed it. However, nothing else grants you permission to modify or distribute the Library or its derivative works. These actions are

prohibited by law if you do not accept this License. Therefore, by modifying or distributing the Library (or any work based on the Library), you indicate your acceptance of this License to do so, and all its terms and conditions for copying, distributing or modifying the Library or works based on it.

10. Each time you redistribute the Library (or any work based on the Library), the recipient automatically receives a license from the original licensor to copy, distribute, link with or modify the Library subject to these terms and conditions. You may not impose any further restrictions on the recipients' exercise of the rights granted herein. You are not responsible for enforcing compliance by third parties with this License.

11. If, as a consequence of a court judgment or allegation of patent infringement or for any other reason (not limited to patent issues), conditions are imposed on you (whether by court order, agreement or otherwise) that contradict the conditions of this License, they do not excuse you from the conditions of this License. If you cannot distribute so as to satisfy simultaneously your obligations under this License and any other pertinent obligations, then as a consequence you may not distribute the Library at all. For example, if a patent license would not permit royalty-free redistribution of the Library by all those who receive copies directly or indirectly through you, then the only way you could satisfy both it and this

License would be to refrain entirely from distribution of the Library.

If any portion of this section is held invalid or unenforceable under any particular circumstance, the balance of the section is intended to apply, and the section as a whole is intended to apply in other circumstances.

It is not the purpose of this section to induce you to infringe any patents or other property right claims or to contest validity of any such claims; this section has the sole purpose of protecting the integrity of the free software distribution system which is implemented by public license practices. Many people have made generous contributions to the wide range of software distributed through that system in reliance on consistent application of that system; it is up to the author/donor to decide if he or she is willing to distribute software through any other system and a licensee cannot impose that choice. This section is intended to make thoroughly clear what is believed to be a consequence of the rest of this License.

12. If the distribution and/or use of the Library is restricted in certain countries either by patents or by copyrighted interfaces, the original copyright holder who places the Library under this License may add an explicit geographical distribution limitation excluding those countries, so that distribution is permitted only in or among countries not thus excluded. In such case, this License incorporates the limitation as if written in the body of this License.

13. The Free Software Foundation may publish revised and/or new versions of the Lesser General Public License from time to time. Such new versions will be similar in spirit to the present version, but may differ in detail to address new problems or concerns.

Each version is given a distinguishing version number. If the Library specifies a version number of this License which applies to it and "any later version", you have the option of following the terms and conditions either of that version or of any later version published by the Free Software Foundation. If the Library does not specify a license version number, you may choose any version ever published by the Free Software Foundation.

14. If you wish to incorporate parts of the Library into other free programs whose distribution conditions are incompatible with these, write to the author to ask for permission. For software which is

copyrighted by the Free Software Foundation, write to the Free Software Foundation; we sometimes make exceptions for this. Our decision will be guided by the two goals of preserving the free status of all derivatives of our free software and of promoting the sharing and reuse of software generally.

NO WARRANTY

15. BECAUSE THE LIBRARY IS LICENSED FREE OF CHARGE, THERE IS NO WARRANTY FOR THE LIBRARY, TO THE EXTENT PERMITTED BY APPLICABLE LAW. EXCEPT WHEN OTHERWISE STATED IN WRITING THE COPYRIGHT HOLDERS AND/OR OTHER PARTIES PROVIDE THE LIBRARY "AS IS" WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EITHER EXPRESSED OR IMPLIED, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR

PURPOSE. THE ENTIRE RISK AS TO THE QUALITY AND PERFORMANCE OF THE LIBRARY IS WITH YOU. SHOULD THE LIBRARY PROVE DEFECTIVE, YOU ASSUME THE COST OF ALL NECESSARY SERVICING, REPAIR OR CORRECTION.

16. IN NO EVENT UNLESS REQUIRED BY APPLICABLE LAW OR AGREED TO IN WRITING WILL ANY COPYRIGHT HOLDER, OR ANY OTHER PARTY WHO MAY MODIFY AND/OR REDISTRIBUTE THE LIBRARY AS PERMITTED ABOVE, BE LIABLE TO YOU FOR DAMAGES, INCLUDING ANY GENERAL, SPECIAL, INCIDENTAL OR CONSEQUENTIAL DAMAGES ARISING OUT OF THE USE OR INABILITY TO USE THE LIBRARY (INCLUDING BUT NOT LIMITED TO LOSS OF DATA OR DATA BEING RENDERED INACCURATE OR LOSSES SUSTAINED BY YOU OR THIRD PARTIES OR A FAILURE OF THE LIBRARY TO OPERATE WITH ANY OTHER MATERIALS), EVEN IF SUCH HOLDER OR OTHER PARTY HAS BEEN ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGES.

END OF TERMS AND CONDITIONS

How to Apply These Terms to Your New Libraries

If you develop a new library, and you want it to be of the greatest possible use to the public, we recommend making it free software that everyone can redistribute and change. You can do so by permitting redistribution under these terms (or, alternatively, under the terms of the ordinary General Public License).

To apply these terms, attach the following notices to the library. It is safest to attach them to the start of each source file to most effectively convey the exclusion of warranty; and each file should have at least the "copyright" line and a pointer to where the full notice is found.

<one line to give the library's name and a brief idea of what it does.>

Copyright (C) <year> <name of author>

This library is free software; you can redistribute it and/or modify it under the terms of the GNU Lesser General Public License as published by the Free Software Foundation; either version 2.1 of the License, or (at your option) any later version. This library is distributed in the hope that it will be useful, but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the implied warranty of MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. See the GNU Lesser General Public License for more details.

You should have received a copy of the GNU Lesser General Public License along with this library; if not, write to the Free Software Foundation, Inc., 59 Temple Place, Suite 330, Boston, MA 02111-1307 USA

Also add information on how to contact you by electronic and paper mail. You should also get your employer (if you work as a programmer) or your school, if any, to sign a "copyright disclaimer" for the library, if necessary. Here is a sample; alter the names:

Yoyodyne, Inc., hereby disclaims all copyright interest in the library `Frob' (a library for tweaking knobs) written by James Random Hacker.

<signature of Ty Coon>, 1 April 1990

Ty Coon, President of Vice

That's all there is to it!

ภาคผนวก F เอกสารอ้างอิง

1 Sugimoto et al. (1996). Improved thermodynamic parameters and helix initiation factor to predict stability of DNA duplexes. Nucleic Acids Research 24, 4,501–4,505.

2 Breslauer KJ et al. (1986). Predicting DNA duplex stability from the base sequence. Proc Nat Acad Sci 83, 3,746–3,750.

3 Hellemans J et al. (2007). qBase relative quantification framework and software for management and automated analysis of real-time quantitative PCR data. Genome Biol 8, R19.

4 Livak JL et al. (1995). Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. Nature Genetics 9, 341–342.

5 Pfaffl MW (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. Nucleic Acids Research 29, 2,002–2,007.

6 Vandesompele J et al. (2002) Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. Genome Biology 3, 1–12.

7 Fox J (2008). Applied Regression Analysis and Generalized Linear Models. 2nd ed (New York: SAGE Publications, Inc.).

คำชี้แจงเกี่ยวกับลิขสิทธิ์ Minpack (1999) University of Chicago สงวนสิทธิ์ทุกประการ

การเผยแพร่ซ้ำและการใช้งานแหล่งข้อมูลและรูปแบบทวิบท โดยมีหรือไม่มีการดัดแปลง จะได้รับอนุญาตโดยมีเงื่อนไขดังต่อไปนี้

1 การเผยแพร่ซ้ำซึ่งรหัสต้นฉบับต้องคงคำประกาศเกี่ยวกับลิขสิทธิ์ข้างต้น รายการเงื่อนไขนี้ และข้อจำกัดความรับผิดชอบต่อไปนี้

2 การเผยแพร่ซ้ำในรูปแบบทวิบทต้องทำซ้ำคำประกาศเกี่ยวกับลิขสิทธิ์ข้างต้นรายการเงื่อนไขนี้ และข้อจำกัดความรับผิดชอบต่อไปนี้ในเอกสารและ/หรือสื่ออื่น ๆ ที่ให้มาพร้อมกับการเผยแพร่

3 เอกสารสำหรับผู้ใช้ปลายทางที่มาพร้อมกับการเผยแพร่ซ้ำ (ถ้ามี) จะต้องมีการรับทราบต่อไปนี้

"ผลิตภัณฑ์นี้มีซอฟต์แวร์ที่พัฒนาโดยมหาวิทยาลัยชิคาโกในฐานะผู้ดำเนินการห้องปฏิบัติการแห่งชาติอาร์กอน"

Bio-Rad Laboratories, Inc.
4000 Alfred Nobel Drive
Hercules, CA 94547

EC REP

Bio-Rad
3, boulevard Raymond Poincaré
92430 Marnes-la-Coquette, France
โทร: +33 (0)1 47 95 60 00
แฟกซ์: +33 (0)1 47 41 91 33
bio-rad.com

Bio-Rad Laboratories, Inc.

Life Science Group

Website *bio-rad.com* ***USA*** *1 800 424 6723* ***Australia*** *61 2 9914 2800* ***Austria*** *00 800 00 24 67 23* ***Belgium*** *00 800 00 24 67 23* ***Brazil*** *4003 0399*
Canada *1 905 364 3435* ***China*** *86 21 6169 8500* ***Czech Republic*** *00 800 00 24 67 23* ***Denmark*** *00 800 00 24 67 23* ***Finland*** *00 800 00 24 67 23*
France *00 800 00 24 67 23* ***Germany*** *00 800 00 24 67 23* ***Hong Kong*** *852 2789 3300* ***Hungary*** *00 800 00 24 67 23* ***India*** *91 124 4029300* ***Israel*** *0 3 9636050*
Italy *00 800 00 24 67 23* ***Japan*** *81 3 6361 7000* ***Korea*** *82 2 3473 4460* ***Luxembourg*** *00 800 00 24 67 23* ***Mexico*** *52 555 488 7670*
The Netherlands *00 800 00 24 67 23* ***New Zealand*** *64 9 415 2280* ***Norway*** *00 800 00 24 67 23* ***Poland*** *00 800 00 24 67 23* ***Portugal*** *00 800 00 24 67 23*
Russian Federation *00 800 00 24 67 23* ***Singapore*** *65 6415 3188* ***South Africa*** *00 800 00 24 67 23* ***Spain*** *00 800 00 24 67 23* ***Sweden*** *00 800 00 24 67 23*
Switzerland *00 800 00 24 67 23* ***Taiwan*** *886 2 2578 7189* ***Thailand*** *66 2 651 8311* ***United Arab Emirates*** *36 1 459 6150* ***United Kingdom*** *00 800 00 24 67 23*

10000135651 Ver D US/EG *22-0239 0422 Sig 0122*