



## CFX Maestro Dx SE Software

Brugervejledning  
Version 2.3

| REF |          |
|-----|----------|
|     | 12014330 |
|     | 12014334 |
|     | 12014335 |
|     | 12014348 |
|     | 12014349 |
|     | 12016659 |
|     | 12016687 |

Revision af vejledning: Maj 2022

Revision af software: 2.3



# **CFX Maestro Dx Software, Security Edition**

**Brugervejledning**

Version 2.3



## **Bio-Rad™ Teknisk support**

Bio-Rad Tech support nordic:

**Telefon:** 1-800-424-6723, valgmulighed 2 / +45 4452 1000

**E-mail:** Techsupport.nordic@bio-rad.com (kun USA/Canada)

Hvis du har brug for teknisk hjælp uden for USA og Canada, skal du kontakte den lokale tekniske support eller klikke på linket Contact us (Kontakt os) på [www.bio-rad.com](http://www.bio-rad.com).

### **Meddelelse**

Ingen dele af denne udgivelse må gengives, kopieres eller sendes i nogen form eller på nogen måde, elektronisk eller mekanisk, herunder fotokopiering, optagelse eller lagring i søge- eller registreringssystemer, uden skriftlig tilladelse fra Bio-Rad Laboratories, Inc..

Bio-Rad forbeholder sig retten til at ændre sine produkter og tjenester når som helst. Denne vejledning kan ændres uden varsel. Selvom den er udarbejdet for at sikre nøjagtig information, påtager Bio-Rad sig intet ansvar for fejl eller udeladelser eller for eventuelle skader, der måtte opstå fra anvendelse eller brug af denne information.

BIO-RAD er et varemærke tilhørende Bio-Rad Laboratories, Inc.

SYBR er et varemærke tilhørende Thermo Fisher Scientific Inc.

EvaGreen er et varemærke tilhørende Biotium, Inc.












Alle her anvendte varemærker tilhører deres respektive ejer.

Copyright © 2022 ved Bio-Rad Laboratories, Inc. Alle rettigheder forbeholdes.

## Tilslgtet anvendelse

CFX Opus Dx Real-Time PCR-system™ med CFX Maestro Dx Software, Security Edition™ er beregnet til udførelse af fluorescensbaseret PCR til detektion og kvantifikation af nukleinsyresekvenser. Systemet og den tilhørende software er beregnet til in vitro-diagnostisk brug af uddannet laboratoriepersonale. Systemerne er beregnet til anvendelse med diagnostiske nukleinsyretest fra tredjeparter, som er produceret og mærket til diagnostiske formål.

## Symbolleksikon

|  |   |
|--|---|
| <br>Fabrikant             | <br>Partinummer                    |
| <br>Udløbsdato           | <br>Til In Vitro-diagnostisk brug |
| <br>Temperaturgrænse    | <br>Katalognummer                |
| <br>Se brugsanvisningen | <br>Antal tests                  |
| <br>Til brug med        | <br>Serienummer                  |
| <b>Rx Only</b><br>Kun receptpligtig brug   | <br>Indeholder latex             |



|   |  |
|---|--|
| <b>CE</b><br>CE-mærkning – Forordning<br>(EU) 2017/746 IVDR |  |
|---|--|

## Oversættelser

Produktdokumenter kan leveres på flere sprog på elektroniske medier.

## Revisionshistorik

| Dokument  | Dato          | Beskrivelse af ændring  |
|---|---------------|---|
| Brugervejledning 2.0 til<br>CFX Maestro Dx Software,<br>Security Editionn<br>(Dok. ID #10000135547) | December 2020 | Ver. A, første udgivelse  |
| Brugervejledning 2.3 til<br>CFX Maestro Dx Software,<br>Security Edition<br>(Dok. ID #10000135547)  | Maj 2022      | <ul style="list-style-type: none"><li>■ Opdateret til at understøtte CFX Opus Deepwell Dx</li><li>■ Opdatering af symbolleksikon</li><li>■ Tilføj cybersikkerhedsnotat til introduktionen</li></ul> |



# Indholdsfortegnelse

|   |           |
|---|-----------|
| Tilsluttet anvendelse .....   | iii       |
| Symbolleksikon .....  | iii       |
| Oversættelser .....   | iv        |
| Revisionshistorik .....   | v         |
| <b>Sikkerhed og overholdelse af lovgivningen .....</b>                            | <b>17</b> |
| Advarselsmærkat om sikkerhed .....  | 17        |
| Sikkerhed og overholdelse af lovgivningen .....                                   | 19        |
| Overholdelse af sikkerhed .....   | 19        |
| Elektromagnetisk kompatibilitet (EMC) .....                                       | 20        |
| FCC-advarsler og -bemærkninger .....  | 20        |
| Miljøkrav .....   | 22        |
| Risikofaktorer .....  | 23        |
| Biologiske risikofaktorer .....   | 23        |
| Kemiske risikofaktorer .....  | 24        |
| Eksplosions- eller brandfare .....  | 24        |
| Elektriske risikofaktorer .....   | 25        |
| Transport .....   | 25        |
| Batteri .....   | 25        |
| Bortskaffelse .....   | 25        |
| Garanti .....   | 25        |
| <b>Kapitel 1 Indledning .....</b>   | <b>27</b> |
| Hovedfunktioner i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....                | 29        |
| Få mere at vide .....   | 29        |
| <b>Kapitel 2 Installation af CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....</b> | <b>31</b> |
| Systemkrav .....  | 32        |
| Installation af CFX Maestro Dx SE softwaren .....                                 | 34        |
| Registrering af tilsluttede instrumenter .....                                    | 35        |
| Softwarefiler .....   | 36        |

|   |    |
|---|----|
| <b>Kapitel 3 Administration af brugerkonti i CFX Maestro Dx Software, Security Edition</b> ..               | 37 |
| Opstart af CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....   | 38 |
| Tilføjelse af Microsoft Windows-brugere til computeren med CFX Maestro Dx Software, Security Editionn ..... | 40 |
| Tilføjelse og fjernelse af brugere i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....                       | 42 |
| Administration af brugerroller i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....                           | 43 |
| Visning af din rolle og rettigheder .....   | 44 |
| <b>Kapitel 4 Sådan bruges CFX Maestro Dx Software, Security Editionn</b> .....                              | 45 |
| Sikre filer .....   | 45 |
| <b>Kapitel 5 Arbejdsområdet</b> .....   | 55 |
| Startvinduet .....  | 56 |
| Startup Wizard (Guiden Opstart) .....   | 57 |
| Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) .....  | 58 |
| Vinduet Plate Editor (Pladeeditor) .....  | 59 |
| Vinduet Data Analysis (Dataanalyse) .....   | 60 |
| <b>Kapitel 6 Startvinduet</b> .....   | 61 |
| Startvinduet .....  | 62 |
| Kommandoer i menuen File (Fil) .....  | 63 |
| Kommandoer i menuen View (Vis) .....  | 63 |
| Kommandoer i menuen User (Bruger) .....   | 64 |
| Kommandoer i menuen Run (Kør) .....   | 64 |
| Kommandoer i menuen Tools (Værktøjer) .....   | 65 |
| Kommandoer i menuen Help (Hjælp) .....  | 66 |
| Kommandoer på værktøjslinjen .....  | 66 |
| Startup Wizard (Guiden Opstart) .....   | 68 |
| Statuslinje .....   | 68 |
| Ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) .....  | 69 |
| Visning af et instruments egenskaber .....  | 72 |
| Inden du starter .....  | 73 |
| Oprettelse af et reaktions-mastermix .....  | 73 |
| Kalibrering af nye farvestoffer .....   | 75 |
| Indstilling af brugerpræferencer .....  | 79 |

|  |     |
|--|-----|
| <b>Kapitel 7 Oprettelse af protokoller</b> .....                                     | 97  |
| Parametre og områder for protokoltrin .....  | 98  |
| Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) .....                                       | 100 |
| Kommandoer i menuen File (Fil) .....   | 100 |
| Kommandoer i menuen Settings (Indstillinger) .....                                   | 101 |
| Kommandoer i menuen Tools (Værktøjer) .....  | 101 |
| Kommandoer på værktøjslinjen .....   | 101 |
| Betjeningslementer for protokolredigering .....                                      | 102 |
| Oprettelse af en protokol i Protocol Editor (Protokoleditor) .....                   | 106 |
| Åbning af en ny protokolfil i Protocol Editor (Protokoleditor) .....                 | 106 |
| Åbning af en eksisterende protokol i Protocol Editor (Protokoleditor) .....          | 107 |
| Opsætning af en ny protokol .....  | 109 |
| Tilføjelse af trin i en protokol .....   | 111 |
| Indsættelse af et gradienttrin .....   | 112 |
| Indsættelse af en forekomst af trinnet GOTO (GÅ TIL) .....                           | 113 |
| Indsættelse af et smeltekurvetrin .....  | 114 |
| Tilføjelse eller fjernelse af trinnet Plate Read (Pladeaflysning) .....              | 116 |
| Ændring af Step Options (Valgmuligheder for trin) .....                              | 116 |
| Sletning af et trin .....  | 117 |
| Kopiering, eksport eller udskrivning af en protokol .....                            | 117 |
| Oprettelse af en protokol med Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) ..... | 118 |
| Brug af Ta Calculator (Ta-beregneren) .....  | 120 |
| Om Ta Calculator (Ta-beregneren) .....   | 120 |
| <b>Kapitel 8 Klargøring af plader</b> .....  | 125 |
| Vinduet Plate Editor (Pladeeditor) .....   | 126 |
| Kommandoer i menuen File (Fil) .....   | 126 |
| Kommandoer i menuen Edit (Rediger) .....   | 127 |
| Kommandoer i menuen Settings (Indstillinger) .....                                   | 127 |
| Kommandoer i menuen Editing Tools (Redigeringsværktøjer) .....                       | 128 |
| Kommandoer på værktøjslinjen .....   | 128 |
| Oprettelse af en pladefil med Plate Editor (Pladeeditor) .....                       | 130 |
| Åbning af en ny pladefil i Plate Editor (Pladeeditor) .....                          | 130 |
| Åbning af en eksisterende pladefil i Plate Editor (Pladeeditor) .....                | 132 |
| Opsætning af en ny pladefil .....  | 133 |

|   |            |
|---|------------|
| Tildeling af valgfri parametre til pladefilen .....                                       | 140        |
| Tildeling af en målsekvens (target) til brønde .....                                      | 140        |
| Tildeling af et prøvenavn til brønde .....  | 142        |
| Tildeling af biologiske grupper til brønde .....  | 144        |
| Tildeling af tekniske replikatnumre til brønde .....                                      | 146        |
| Tildeling af en fortyndingsserie til standardprøvetyper .....                             | 148        |
| Kopiering af brøndindhold til en anden brønd .....  | 149        |
| Tilføjelse af en bemærkning til en brønd .....  | 150        |
| Rydning af brønde for alt indhold .....   | 150        |
| Ændring af eksperimentindstillinger .....   | 152        |
| Oprettelse af brøndgrupper .....  | 155        |
| Ændring af kurvelinjelayout .....   | 157        |
| Visning, eksport og import af pladen i regnearksformat .....                              | 159        |
| Oprettelse af et pladelayout ved brug af Setup Wizard (Guiden Opsætning) for plader ..... | 161        |
| Anvendelse af Setup Wizard (Guiden Opsætning) for plader .....                            | 161        |
| <b>Kapitel 9 Kørsel af eksperimenter .....</b>  | <b>165</b> |
| Vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) .....  | 166        |
| Åbning af vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) .....                                      | 167        |
| Fanen Protocol (Protokol) .....   | 168        |
| Fanen Plate (Plade) .....   | 170        |
| Fanen Start Run (Start kørsel) .....  | 173        |
| Kørsel af et eksperiment .....  | 174        |
| Dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer) .....  | 176        |
| Fanen Run Status (Kørselsstatus) .....  | 176        |
| Fanen Real-time Status (Realtidsstatus) .....   | 179        |
| Fanen Time Status (Tidsstatus) .....  | 182        |
| Udførelse af PrimePCR-eksperimenter .....   | 183        |
| Overførsel af separate data til analyse .....   | 185        |
| Overførsel af data via e-mail .....   | 185        |
| Overførsel af data fra CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemet .....                           | 185        |
| Overførsel af data gennem CFX Maestro Dx Software, Security Edition .....                 | 187        |
| Overførsel af data med et USB-drev .....  | 187        |
| Overførsel af data til et delt netværksdrev vha. CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemer ..... | 188        |
| Oprettelse af en datafil .....  | 188        |

|   |     |
|---|-----|
| <b>Kapitel 10 Oversigt over dataanalyse</b>                         | 189 |
| Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)                                 | 189 |
| Værktøjslinjen Data Analysis (Dataanalyse)                          | 190 |
| Menulinjen Data Analysis (Dataanalyse)                              | 191 |
| Fanen Details (Detaljerede oplysninger)                             | 194 |
| Vælgeren Step Number (Trinnummer)                                   | 194 |
| Visning af Well Groups (Brøndgrupper) i Data Analysis (Dataanalyse) | 195 |
| Ændring af brøndindhold efter en kørsel                             | 195 |
| Indstillinger for dataanalyse                                       | 196 |
| Justering af tærsklen   | 196 |
| Baselineindstillinger   | 196 |
| Analysetilstand   | 197 |
| Cyklusser, der skal analyseres                                      | 198 |
| Brøndvælger   | 199 |
| Genvejsmenupunkter for brøndvælger                                  | 200 |
| Midlertidig udeladelse af brønde fra analyse                        | 201 |
| Diagrammer  | 202 |
| Diagramværktøjer  | 202 |
| Forstørrelse af et område i diagrammet                              | 210 |
| Kopiering af diagrammer til en Microsoft-fil                        | 210 |
| Fælles genvejsmenupunkter for diagrammer                            | 210 |
| Regneark  | 212 |
| Fælles genvejsmenupunkter for regneark                              | 212 |
| Export (Eksportér)  | 214 |
| Eksport af alle dataark   | 214 |
| Eksport af RDML-filer   | 215 |
| Oprettelse af en tilpasset eksportfil                               | 216 |
| Eksport til en LIMS-mappe   | 218 |
| Eksport af Seegene-formaterede data                                 | 218 |
| <b>Kapitel 11 Detaljerede oplysninger om dataanalyse</b>            | 219 |
| Fanen Quantification (Kvantifikation)                               | 220 |
| Valgmuligheder for fluorofor  | 220 |
| Dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout)                        | 221 |
| Funktionen Log Scale (Logaritmisk Skala)                            | 222 |



|  |     |
|--|-----|
| Standardkurvediagram .....   | 223 |
| Menupunkter for Amplification Chart (Amplifikationsdiagram) .....  | 224 |
| Fanen Quantification (Kvantifikation) i regneark .....             | 224 |
| Fanen Quantification Data (Kvantifikationsdata) .....              | 226 |
| Regnearket Results (Resultater) .....                              | 226 |
| Regnearket Standard Curve Results (Standardkurve-resultater) ..... | 228 |
| Regnearket Plate (Plade) .....                                     | 229 |
| Regnearket RFU .....   | 230 |
| Fanen Melt Curve (Smeltekurve) .....                               | 231 |
| Justering af smeltekurvedata .....                                 | 233 |
| Fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata) .....                      | 234 |
| Regnearket Melt Peaks (Smeltekurvetoppe) .....                     | 234 |
| Regnearket Plate (Plade) .....                                     | 235 |
| Regnearket RFU .....   | 236 |
| Regnearket -d(RFU)/dT .....  | 237 |
| Fanen End Point (Endepunkt) .....                                  | 238 |
| Resultatdata .....   | 239 |
| Justering af endepunktsdataanalysen .....                          | 240 |
| RFU-regneark til analyse af endepunkter .....                      | 240 |
| Fanen Allelic Discrimination (Alleldiskrimination) .....           | 241 |
| Justering af data til alleldiskrimination .....                    | 242 |
| Valgmuligheder i diagrammenuen .....                               | 243 |
| Regnearket Allelic Discrimination (Alleldiskrimination) .....      | 243 |
| Fanen Custom Data View (Tilpasset datavisning) .....               | 245 |
| Oprettelse af en tilpasset datavisning .....                       | 246 |
| Fanen QC (Kvalitetskontrol) .....                                  | 247 |
| Ændring af kriterier for kvalitetskontrol .....                    | 248 |
| Udeladelse af brønde, som ikke består QC (Kvalitetskontrol) .....  | 248 |
| Fanen Run Information (Kørselsoplysninger) .....                   | 249 |
| Dataanalyserapporter .....   | 250 |
| Kategorier for dataanalyserapporter .....                          | 251 |
| Oprettelse af en dataanalyserapport .....                          | 254 |
| Oprettelse af Well Group Reports (Brøndgrupperapporter) .....      | 256 |

|   |     |
|---|-----|
| <b>Kapitel 12 Genekspressionsanalyse</b>                  | 257 |
| Opsætning af plader til genekspressionsanalyse            | 257 |
| Vejledt pladeopsætning                                    | 258 |
| Diagrammer for genekspression                             | 259 |
| Grafisk afbildning  | 260 |
| Ændring og anmærkning af diagramvisningen                 | 262 |
| Tilpasning af genekspressionsdata                         | 268 |
| Experiment Settings (Eksperimentindstillinger)            | 270 |
| Genejsmenupunkter   | 272 |
| Dataregneark  | 273 |
| Valgmuligheden Show Details (Vis detaljerede oplysninger) | 275 |
| Klyngeoversigt  | 278 |
| Indstillinger   | 278 |
| Genejsmenupunkter   | 278 |
| Dataregneark  | 278 |
| Punktdiagram  | 279 |
| Indstillinger   | 279 |
| Genejsmenupunkter   | 279 |
| Dataregneark  | 279 |
| Regnearket Results (Resultater)                           | 281 |
| Genstudie   | 282 |
| Kalibrering mellem kørsler                                | 282 |
| Dialogboksen Gene Study (Genstudie)                       | 283 |
| Fanen Study Setup (Studieopsætning)                       | 283 |
| Klargøring af et genstudie                                | 284 |
| Fanen Study Analysis (Studieanalyse)                      | 285 |
| Kategorier af genstudierapporter                          | 286 |
| Oprettelse af en genstudierapport                         | 289 |
| <b>Tillæg A Dataanalyseberegninger</b>                    | 291 |
| Reaktionseffektivitet                                     | 291 |
| Relative Quantity (Relativ mængde)                        | 291 |
| Relativ mængde, når der er valgt en kontrol               | 292 |
| Standardafvigelse for relativ mængde                      | 292 |
| Effektivitetskorrigeret Cq (CqE)                          | 293 |

|  |            |
|--|------------|
| Middelværdi for effektivitetskorrigeret Cq (MCqE) .....                            | 293        |
| Normaliseret ekspression .....   | 294        |
| Ekspression og relativ mængde for biologiske grupper .....                         | 295        |
| Normaliseret ekspression, når en kontrol er valgt .....                            | 295        |
| Standardafvigelse for normaliseret ekspression .....                               | 296        |
| Normaliseret ekspression skaleret til højeste ekspressionsniveau .....             | 297        |
| Normaliseret ekspression skaleret til laveste ekspressionsniveau .....             | 297        |
| Normaliseret ekspression skaleret til gennemsnitligt ekspressionsniveau .....      | 297        |
| Standardafvigelse for skaleret normaliseret ekspression .....                      | 299        |
| Fejllinjer for standardafvigelse (lg) og standardfejl på middelværdien (lg) .....  | 300        |
| Foldændring .....  | 301        |
| Formler for korrigerede værdier .....  | 302        |
| Beregning af konfidensinterval til analyse af biologisk gruppe .....               | 303        |
| Beregninger for bokspot .....  | 303        |
| <b>Tillæg B Revisionsspor .....</b>  | <b>305</b> |
| Visning af revisionsspor .....   | 305        |
| Reviderbare hændelser .....  | 307        |
| <b>Tillæg C LIMS-integration .....</b>   | <b>311</b> |
| Oprettelse af LIMS-kompatible datafiler .....                                      | 311        |
| Opsætning af valgmuligheder for LIMS-mappen og for dataeksport .....               | 311        |
| Oprettelse af en LIMS-protokol .....   | 313        |
| Oprettelse af en LIMS-fil .....  | 313        |
| Start af en LIMS-kørsel .....  | 318        |
| Eksport af data til et LIMS .....  | 319        |
| <b>Tillæg D Fejlfinding i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....</b>     | <b>321</b> |
| Hvidlistning af filer og mapper i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn ..... | 321        |
| Programlogfil .....  | 322        |
| Hentning af program- og firmwarelogfiler .....                                     | 323        |
| Fejlfinding .....  | 323        |
| Strømsvigt .....   | 323        |
| Overførsel af filer til CFX Maestro Dx SE-computeren .....                         | 324        |
| Manuel installation af CFX Maestro Dx Software, Security Editionn .....            | 324        |
| Geninstallation af drivere .....   | 325        |

|   |     |
|---|-----|
| <b>Tillæg E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products</b> ..... | 327 |
| Software Notices .....  | 328 |
| ZedGraph .....  | 328 |
| Standard Open License Text .....  | 328 |
| LGPL-2.1 .....  | 328 |
| <b>Tillæg F Referencer</b> .....  | 341 |

## Indholdsfortegnelse





# Sikkerhed og overholdelse af lovgivningen

Systemerne CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx, og CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR (omtales i denne vejledning som CFX Opus Dx-system) opvarmes og afkøles meget hurtigt under drift. Bio-Rad anbefaler på det kraftigste, at du følger sikkerhedsspecifikationerne, der er anført i dette afsnit og i denne vejledning.




## Advarselsmærkater om sikkerhed

Advarselsmærkater, som er placeret på CFX Opus Dx-system og i denne vejledning, advarer brugeren om kilder til personskade eller fare. [Tabel 1](#) definerer hver advarselsmærkat om sikkerhed.

**Tabel 1. Generelle sikkerhedsadvarsler**

| Ikon   | Betydning   |
|--|---|
|   | Betjening af CFX Opus Dx-system, inden denne vejledning er blevet læst, kan udgøre en risiko for personskade. Brug af dette instrument på en måde, der ikke er specificeret i denne vejledning eller af Bio-Rad, kan resultere i, at instrumentets beskyttelsesfunktioner forringes eller deaktiveres.  |
| <br> | Der er ingen biofarer eller radioaktive farer forbundet med selve CFX Opus Dx-system. Disse farer kan kun blive et problem, når de introduceres i systemet via de prøver, der testes. Ved håndtering af biologisk farlige prøver eller radioaktive prøver skal de anbefalede forsigtighedsregler og retningslinjer, der er specifikke for laboratoriet og stedet, overholdes. Disse retningslinjer skal omfatte rengørings-, overvågnings- og bortskaffelsesmetoder for det eller de farlige stoffer, der arbejdes med. |
|   | Derudover er der som identificeret ovenfor en lille risiko for eksplosion eller for læk af væsker eller dampe fra prøvebeholderen/-beholderne. Når du arbejder med farlige materialer, er risikoen for kvæstelse fra udstødt materiale forstærket med risikoen for, at selve det farlige materiale spredes i og omkring instrumentet. Brugere bør tage passende forholdsregler for en sådan situation.  |

**Tabel 1. Generelle sikkerhedsadvarsler, fortsat**

| Ikon  | Betydning   |
|---|---|
|  | <p>CFX Opus Dx-system fungerer ved temperaturer, der er høje nok til at forårsage alvorlige forbrændinger. Lad altid prøveblokken vende tilbage til stuetemperatur, inden låget åbnes og prøverne tages ud. Selv efter at prøveblokken er afkølet, kan omgivelserne og varmepladen forblive varme i nogen tid. I situationer, hvor der ikke er tilstrækkelig tid til at lade instrumentet køle af, anbefales det at bruge beskyttelsesudstyr såsom termiske handsker eller "ovnhandsker".</p>   |
|  | <p>Det er udelukkende samleren af et system, der indeholder et CFX Opus Dx-system, der har ansvaret for det.</p>  |
|  | <p>CFX Opus Dx-system kan blive varmt nok under normal drift til at få væsker i prøverne til at koge eller fordampe, hvilket vil skabe et tryk i prøvebeholderne. Det er muligt, at der opstår fejl i prøvebeholderen/-beholderne. Det kan føre til lækager, at væske sprøjtes ud eller eksplosive brud og udledning af dampe eller væsker i og omkring instrumentet.</p> <p>Brugere skal, for at undgå personskade, altid betjene instrumentet med lukket låg eller bære beskyttelsesbriller, termiske handsker og andet personligt beskyttelsesudstyr under betjening. Åbning af instrumentet, mens prøverne stadig er varme, såsom efter en afbrudt kørsel, kan medføre, at beholdere under tryk lækker, eller at væske sprøjtes ud. Lad altid prøverne køle af, før låget åbnes.</p> <p>Brugere bør aldrig køre en reaktion med et låg eller en tætning, der er åben, løs, punkteret eller på anden måde beskadiget, da det øger sandsynligheden for lækage eller en eksplosion.</p> <p>Brugere bør aldrig køre en reaktion med flygtige reagenser, der kan øge sandsynligheden for lækage eller en eksplosion.</p> |

## Sikkerhed og overholdelse af lovgivningen

### Overholdelse af sikkerhed

CFX Opus Dx-system er blevet testet og vurderet til at være i overensstemmelse med alle gældende krav i følgende standarder for sikkerhed og elektromagnetisme:

- IEC 61010-1:2010-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 1: Grundlæggende krav
- IEC 61010-2-010:2019-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-010: Særlige krav til laboratorieudstyr til opvarmning af materialer
- IEC 61010-2-081:2019-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-081: Særlige krav til automatisk og halvautomatisk laboratorieudstyr til analyse og andre formål
- IEC 61010-2-101:2018-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-101: Særlige krav til in vitro-diagnostisk (IVD) medicinsk udstyr
  
- CAN / CSA-C22.2 NR. 61010-1-12:2018-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug, Del 1: Grundlæggende krav
- CAN / CSA-C22.2 NR. 61010-2-010:19-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug, Del 2-010: Særlige krav til laboratorieudstyr til opvarmning af materialer
- CAN / CSA-C22.2 NR. 61010-2-081:19-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug, Del 2-081: Særlige krav til automatisk og halvautomatisk laboratorieudstyr til analyse og andre formål
- CSA-C22.2 NO. 61010-2-101:19-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug, Del 2-101: Særlige krav til in vitro-diagnostisk (IVD) medicinsk udstyr
  
- EN 61010-1:2010-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 1: Grundlæggende krav
- EN 61010-2-010:2014-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-010: Særlige krav til laboratorieudstyr til opvarmning af materialer
- EN 61010-2-081:2015-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-081: Særlige krav til automatisk og halvautomatisk laboratorieudstyr til analyse og andre formål
- EN 61010-2-101:2017-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-101: Særlige krav til in vitro-diagnostisk (IVD) medicinsk udstyr



- UL 61010-1:2012-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 1: Grundlæggende krav
- UL 61010-2-010:2019-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-010: Særlige krav til laboratorieudstyr til opvarmning af materialer
- UL 61010-2-081:2019-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-081: Særlige krav til automatisk og halvautomatisk laboratorieudstyr til analyse og andre formål
- UL 61010-2-101:19-sikkerhedskrav til elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - Del 2-101: Særlige krav til in vitro-diagnostisk (IVD) medicinsk udstyr

## Elektromagnetisk kompatibilitet (EMC)

CFX Opus Dx-system er blevet testet og vurderet til at være i overensstemmelse med alle gældende krav i følgende standarder for elektromagnetisk kompatibilitet:

- IEC 61326-1:2012-elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - EMC-krav - Del 1: Grundlæggende krav. Testet som en klasse A-enhed
- IEC 61326-2-6:2012-elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - EMC-krav - Del 2-6: Særlige krav til — In vitro-diagnostisk (IVD) medicinsk udstyr
- EN 61326-1:2013-elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - EMC-krav - Del 1: Grundlæggende krav. Testet som en klasse A-enhed
- EN 61326-2-6:2013-elektrisk udstyr til måling, styring og laboratoriebrug - EMC-krav - Del 2-6: Særlige krav til — In vitro-diagnostisk (IVD) medicinsk udstyr
- FCC afsnit 15, underafsnit B, afsnit 15.107 og 15.109. Testet som en klasse A digital enhed
- CAN ICES-003v6:2019 Standard for interferensfremkaldende udstyr, informationsteknologisk udstyr (inklusive digitale apparater) - Grænser og målemetoder. Testet til klasse A grænser

## FCC-advarsler og -bemærkninger

- **ADVARSEL:** Ændringer eller modifikationer af denne enhed, som ikke udtrykkeligt er godkendt af Bio-Rad, kan annullere brugerens bemyndigelse til at betjene udstyret.
- **Bemærk:** Dette udstyr er blevet testet og vurderet til at overholde grænserne for en digital enhed i klasse A i henhold til del 15 i FCC-reglerne. Disse grænser er beregnet til at give rimelig beskyttelse mod skadelig interferens, når udstyret betjenes i et erhvervsmiljø. Dette udstyr genererer, anvender og kan udstråle radiofrekvent energi, og hvis det ikke installeres og anvendes i overensstemmelse med vejledningen, kan det forårsage skadelig interferens med radiokommunikation. Anvendelse af

dette udstyr i beboelsesområder vil sandsynligvis forårsage skadelig interferens. I sådanne tilfælde vil det være brugerens ansvar at korrigere interferensen for egen regning.

- **Angående FCC-overholdelse:** Selvom dette instrument er blevet testet og fundet at overholde del 15, underdel B i FCC-reglerne for digitalt udstyr i klasse A, skal det bemærkes, at denne overholdelse er frivillig, eftersom instrument er kvalificeret som "fritaget udstyr" i henhold til 47 CFR 15.103(c), for så vidt angår de nævnte FCC-bestemmelser, der var gældende på fremstillingstidspunktet.
- **Bemærkning vedrørende kabler:** Dette instrument blev testet for EMC-overholdelse ved hjælp af specialdesignede USB-kabler, der leveres sammen med instrumentet. Disse kabler, eller af Bio-Rad-godkendte alternativer, skal bruges med dette instrument for at sikre fortsat overholdelse af EMC-emissionsgrænserne.

## Miljøkrav

CFX Opus Dx-systems er designet til at blive betjent sikkert under de miljømæssige forhold anført i følgende tabel.

**Tabel 2. Miljøkrav for CFX Opus Dx Real-Time PCR-system**

| Parameter                           | Specifikation                                |
|-------------------------------------|--|
| Miljøforhold                        | Kun til indendørs brug                       |
| Driftshøjde                         | Op til 2000 meter over havets overflade      |
| Omgivelsesrumtemperatur             | 15-31 °C*                                    |
| Transport- og opbevaringstemperatur | -20° til 60 °C**<br>-4 til 140 °F            |
| Relativ luftfugtighed               | 20 til 80 % (ikke-kondenserende)***          |
| Driftseffekt                        | 100 til 240 VAC ±10 %, 50/60 Hz, 850 W maks. |
| Udsving i netspændingen             | ±10 %  |
| Maks. strømforbrug                  | < 850 watt                                   |
| Sikringer                           | 10 A, 250 V, 5 x 20 mm, flink (antal 2)      |
| Overspændingskategori               | II   |
| Forureningsgrad                     | 2  |

\*Betjening af instrumentet uden for dette temperaturområde opfylder muligvis ikke ydeevnespecifikationerne. En rumtemperatur fra 5-40 °C anses for sikker.

\*\*Opbevar og transporter instrumentet i dets forsendelsesbeholder for at opfylde disse temperaturbetingelser.

\*\*\*Betjening af instrumentet ved 4 °C bør begrænses til 18 timer under disse betingelser. Fastholdelse ved 4 °C kan udføres i op til 72 timer, hvis luftfugtigheden er mindre end 60 % (ikke-kondenserende).

## Risikofaktorer

CFX Opus Dx-system er designet til at fungere sikkert, når det bruges på den måde, som producenten har angivet. Hvis systemet eller en af dets tilknyttede komponenter bruges på en måde, der ikke er specificeret af producenten, kan instrumentets iboende beskyttelse forringes. Bio-Rad er ikke ansvarlig for personskader eller skader forårsaget af brugen af dette udstyr på nogen uspecificeret måde eller ved modifikationer af instrumentet, der ikke udføres af Bio-Rad eller en autoriseret repræsentant. Service på CFX Opus Dx-system bør kun foretages af uddannet Bio-Rad personale.

### Biologiske risikofaktorer

CFX Opus Dx-system er et laboratorieprodukt. Ved tilstedeværelse af biologisk farlige prøver skal nedenstående retningslinjer og eventuelle lokale retningslinjer, der er specifikke for laboratoriet og stedet, imidlertid følges.

**Bemærk:** Der undslipper ikke biologisk farlige stoffer under normal brug af dette instrument.

#### Generelle forholdsregler

- Bær altid en laboratoriekittel, laboratoriehandsker og sikkerhedsbriller med sideskærm eller øjenværn.
- Hold hænderne væk fra øjne, næse og mund.
- Beskyt alle sår og hudafskrabninger fuldstændigt, inden der arbejdes med potentielt smittefarlige materialer.
- Vask hænderne omhyggeligt med sæbe og vand, når du har arbejdet med potentielt smittefarligt materiale, inden du forlader laboratoriet.
- Tag armbåndsure og smykker af, inden du går i gang med arbejdet.
- Opbevar alle smittefarlige eller potentielt smittefarlige materialer i brudsikre, tætte beholdere.
- Tag beskyttelsesudstyr af, inden du forlader laboratoriet.
- Når du er iført handsker, må du ikke skrive, tage telefonen, tænde for lyset eller røre ved noget, som andre personer uden handsker kan komme til at røre ved.
- Skift hyppigt handsker. Fjern handskerne straks, når de er blevet synligt kontamineret.
- Materialer, der ikke kan dekontamineres korrekt, må ikke udsættes for potentielt infektiøse materialer.
- Efter afslutning af en procedure, der involverer biologisk farlige materialer, skal arbejdsområdet dekontamineres med et passende desinficeringsmiddel (for eksempel en 1:10 fortynding af klorblegemiddel til husholdningsbrug).

## Overfladedekontaminering



**ADVARSEL!** For at forhindre elektrisk stød skal instrumenter altid slukkes og frakobles før dekontaminering.

Følgende områder kan rengøres med et hvilket som helst bakteriedræbende, virusdræbende eller svampedræbende desinfektionsmiddel til hospitalsbrug:

- Udvendigt låg og kabinet
- Indre prøveblokoverflade og prøveblokbrønde
- Kontrolpanel og skærm

For yderligere oplysninger om at klargøre og anvende desinfektionsmidlet henvises til producentens anvisninger. Skyl altid prøveblokken og prøveblokbrøndene flere gange med vand efter anvendelse af desinfektionsmiddel. Aftør prøveblokken og prøveblokbrøndene grundigt efter vask.

**Vigtigt:** Undgå at bruge slibe- eller skuremidler eller stærke alkaliske opløsninger. Disse stoffer kan ridse overfladerne og beskadige prøveblokken og dermed medføre reduceret nøjagtighed i forbindelse med termisk kontrol.

## Bortskaffelse af biologisk farlige materialer

Bortskaf følgende potentielt kontaminerede materialer i overensstemmelse med lokale og nationale laboratoriestemmelser:

- Kliniske prøver
- Reagenser
- Brugte reaktionsbeholdere eller andre forbrugsartikler, der kan være kontaminerede

## Kemiske risikofaktorer

CFX Opus Dx-system indeholder ingen potentielt farlige kemiske materialer.

## Eksplodings- eller brandfare

CFX Opus Dx-system udgør ikke nogen særlig fare for så vidt angår brand eller eksplosion, når det anvendes på korrekt vis som anvist af Bio-Rad Laboratories.

## Elektriske risikofaktorer

CFX Opus Dx-system udgør ingen særlig elektrisk fare for operatører, hvis det installeres og anvendes korrekt uden fysiske modifikationer, og hvis det er tilsluttet til en strømkilde med den korrekte angivelse.

## Transport

Inden du flytter eller sender CFX Opus Dx-system, skal der foretages dekontamineringsprocedurer. Flyt eller send altid systemet i en separat beholder i det medfølgende emballeringsmateriale fra Bio-Rad, som beskytter instrumentet mod skader.

Kontakt dit lokale Bio-Rad-kontor for oplysninger om transport af systemet og for at anmode om passende emballeringsmateriale.

## Batteri

CFX Opus Dx-system bruger et 3 V lithium-metal knapcellebatteri til at opretholde tidsindstillinger i tilfælde af vekselstrømstab. Hvis tiden ikke forbliver indstillet, efter der er blevet slukket for enheden, kan det være et tegn på, at batterierne er ved at løbe tør.



**ADVARSEL!** Forsøg ikke selv at skifte batterierne. De kan ikke serviceres af brugeren. Kontakt i stedet Bio-Rads tekniske support for assistance.

## Kun gældende for delstaten Californien i USA

- Perkloratmateriale - Lithiumbatterier indeholder perkloratmateriale. Særlig håndtering kan være påkrævet. Se [www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate](http://www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate).

## Bortskaffelse

CFX Opus Dx-system indeholder elektriske materialer. Disse må ikke bortskaffes som usorteret affald og skal indsamles separat i henhold til EU-direktiv 2012/19/EU om affald af elektrisk og elektronisk udstyr – WEEE-direktivet. Kontakt dit lokale Bio-Rad-kontor vedrørende landespecifikke anvisninger inden bortskaffelse.

## Garanti

CFX Opus Dx-system og dets tilknyttede tilbehør er dækket af en Bio-Rad-standardgaranti. Kontakt dit lokale Bio-Rad-kontor for at få nærmere oplysninger om garantien.

Sikkerhed og overholdelse af lovgivningen

# Kapitel 1 Indledning

Bio-Rads højtydende PCR-amplifikationssystem omfatter de seneste teknologiske fremskridt, hvilket giver større nøjagtighed og reproducerbarhed i forbindelse med nukleinsyreamplifikation ved genomiske forsøg.

Bio-Rads CFX Maestro Dx Software, Security Edition er kompatibel med følgende instrumenter og indeholder optimerede kørselsfiler for Bio-Rads PrimePCR primer- og probeassays.

- CFX Opus 96 Dx Real-Time PCR-systemet (fremover henvist til som CFX Opus 96 Dx i denne vejledning)
- CFX Opus 384 Dx Real-Time PCR-systemet (fremover henvist til som CFX Opus 384 Dx i denne vejledning)
- CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR-system (omtales i denne vejledning som CFX Opus Deepwell Dx)



Ved hjælp af CFX Maestro Dx Software, Security Edition (fremover henviset til som CFX Maestro Dx SE i denne vejledning) er det muligt at fortolke komplekse data og udarbejde effektive studier til genanalyse. Med et par enkelte klik kan du oprette studier og fortolke et genekspressionsstudie med værktøjer som for eksempel t-test, ensidet ANOVA, PrimePCR-kontrolanalyse og værktøjet til valg af referencegen. Derefter kan du klargøre dine resultater til publikationer og andet med CFX Maestro Dx SE's værktøjer til datavisualisering og anmærkning, som kan tilpasses.

**Bemærk:** Visningen for nogle skærbilleder i CFX Maestro kan se anderledes ud end dem, der er vist i denne brugervejledning. Visningen i softwaren er korrekt, og funktionaliteten er den samme.

**Vigtigt:** Cybersikkerhed er beskyttelsen af aktiver i cyberspace mod cyberangreb. Cybersikkerhed er Bio-Rads evne til at sikre sine medarbejdere, informationer, systemer og virksomhedens omdømme i cyberspace. Cyberspace er den altid tilgængelige, teknologisk forbundne verden, som består af mennesker, organisationer, information og teknologi.

Hurtige reaktioner er vigtige i forbindelse med cybersikkerhedsproblemer! Hvis du har en mistanke om, at der kan være et cybersikkerhedsproblem i forbindelse med dit instrument, eller om, at cybersikkerheden er blevet krænket på din lokation, skal du straks kontakte din Bio-Rad-repræsentant for at få teknisk support.

## Hovedfunktioner i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

CFX Maestro Dx SE kan bruges til følgende:

- Analysere data med søjlediagrammer, klyngeoversigter eller punktdiagrammer til hurtig fortolkning og forståelse af dine resultater.
- Tilpasse din datarepræsentation og eksportere grafer med høj opløsning til udgivelse og udarbejdelse af rapporter.
- Undersøge RNA-kvalitet og fejlsøge på eksperimenter med PrimePCR-analysekontroller.
- Vælge det bedst egnede referencegen og analysere dets stabilitet med værktøjet til valg af referencegen.
- Udføre statistisk analyse, herunder ensidet variansanalyse (ANOVA) i genekspressionsanalyse.

Denne brugervejledning forklarer disse funktioner, og hvordan de bruges.

### Få mere at vide

Når du har installeret CFX Maestro Dx SE og har konfigureret det tilknyttede Bio-Rad PCR-instrument, har du adgang til denne vejledning samt detaljerede CFX Maestro Dx SE hjælpemner i menuen Help (Hjælp) i enhver visning.

**Tip:** Klik på Bio-Rad-logoet i øverste højre hjørne af et hvilket som helst CFX Maestro Dx SE-vindue for at gå til Bio-Rads hjemmeside. Denne hjemmeside indeholder links til tekniske notater, manualer, videoer, produktoplysninger og teknisk support. De indeholder desuden et stort antal tekniske ressourcer vedrørende mange forskellige metoder og programmer med relation til PCR, real-time PCR og genekspression.



## Kapitel 2 Installation af CFX Maestro Dx Software, Security Edition

Dette kapitel beskriver, hvordan CFX Maestro Dx Software, Security Edition installeres. For information om opsætning af real-time PCR-instrumenter, der understøttes af Bio-Rad, henvises til den relevante vejledning.

CFX Maestro Dx SE er nødvendig for at kunne analysere real-time PCR-data fra systemerne CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR. Du kan også bruge softwaren til at styre disse systemer i softwarestyret tilstand.

CFX Opus Dx-systemer leveres med et USB-kabel i tilbehørsposen. Brug USB-kablet til at tilslutte computeren, der kører CFX Maestro Dx SE, til CFX Opus Dx-systemet.

Fjern indpakningsmaterialet, og gem det til fremtidig brug. Hvis et element mangler eller er beskadiget, skal det lokale Bio-Rad-kontor kontaktes.

## Systemkrav

**Tabel 3** indeholder en liste med minimums- og anbefalede systemkrav for den computer, der kører CFX Maestro Dx SE.

**Tabel 3. Krav til computeren for CFX Maestro Dx SE**

| System   | Minimum  | Anbefalet   |
|--|--|---|
| Operativsystem   | Microsoft Windows 10 (kun 64-bit), build 1511 eller nyere, med de nyeste sikkerhedsopdateringer. | Microsoft Windows 10 (kun 64-bit), build 1511 eller nyere, med de nyeste sikkerhedsopdateringer.  |
| <b>Bemærk:</b> Windows 11 understøtter også CFX Maestro Dx Software, Security Edition.   |  |   |
| <b>Vigtigt:</b> Secure Boot (Sikker bootstart) skal deaktiveres på computere, der kører CFX Maestro Dx SE. Computere, der kører CFX Maestro Dx SE, skal konfigureres således, at de ikke genstarter automatisk efter en system- eller sikkerhedsopdatering, hvis en kørsel er i gang. Kontakt din systemadministrator for hjælp. |  |   |
| Indgange   | 2 USB 2.0 højhastighedsindgange  | 2 USB 2.0 højhastighedsindgange   |
| Harddiskplads  | 128 GB   | 128 GB  |
| Processorhastighed   | 2,4 GHz, Dual Core   | 2,4 GHz, Quad Core  |
| RAM  | 4 GB RAM   | 8 GB RAM  |
| Skærmopløsning   | 1024 x 768 med true-color-tilstand (ægte farver)   | 1280 x 1024 med true-color-tilstand (ægte farver)   |
| PDF-læser  |  | Adobe PDF Reader eller Windows PDF Reader fra en af de understøttede Microsoft Office-pakker:<br><ul style="list-style-type: none"> <li>■ 2016</li> <li>■ 2019</li> </ul> |
| Lokalisering   | Understøttede Microsoft Windows 64-bit operativsystemer på engelsk, kinesisk og russisk          | Understøttede Microsoft Windows 64-bit operativsystemer på engelsk, kinesisk og russisk   |

**Bemærk:** Hvis du planlægger at køre CFX Automation Control-softwaren på den samme computer som CFX Maestro Dx SE, skal skærmopløsningen indstilles til 1280 x 1024 med true-color-tilstand (ægte farver).

## Installation af CFX Maestro Dx SE softwaren

**Vigtigt:** Du skal frakoble alle tilsluttede instrumenter fra CFX Maestro Dx SE-computeren, før du installerer og opgraderer softwaren. Det er ikke nødvendigt at slukke for instrumentet under installation af softwaren. Kontrollér, at alle kørsler er gemt, og at der ikke kører nogen eksperimenter.

**Bemærk:** Kontrollér, at Secure Boot (Sikker bootstart) er deaktiveret, inden installationen påbegyndes. Sørg for, at computeren er konfigureret således, at den ikke genstarter automatisk efter en system- eller sikkerhedsopdatering, hvis en kørsel er i gang. Kontakt din systemadministrator for hjælp.

### Sådan installeres CFX Maestro Dx SE-softwaren

1. Om nødvendigt frakobles alle tilsluttede instrumenter fra computeren.

Find og frakobl instrumentets USB-kabel fra computeren med CFX Maestro Dx SE installeret. Den ende, der er tilsluttet til CFX Opus Dx-system, behøver ikke at blive frakoblet.

2. Log på computeren med CFX Maestro Dx SE installeret med administratorrettigheder.
3. Tilslut CFX Maestro Dx SE-softwarens USB-drev til computerens USB-indgang.
4. Naviger til og åbn USB-drevet med CFX Maestro Dx SE-softwaren i Windows Stifinder.

USB-drevet indeholder versionsnoter og følgende mapper:

- CFX
- Drivere
- Firmware
- Lynvejledning

CFX-mappen indeholder CFX Maestro Dx SE installationsprogrammet (CFXMaestroDxSetup.exe). sammen med andre filer.

5. Åbn CFX-mappen, og dobbeltklik på CFXMaestroDxSetup.exe for at starte installationsprogrammet.
6. Følg installationsinstruktionerne på skærmen.

Når dette er gennemført, vises ikonet Bio-Rad CFX Maestro Dx Software, Security Edition på computerens skrivebord.

**Tip:** CFX Maestro-installationsprogrammet installerer brugervejledningen til CFX Maestro Dx Software, Security Edition. Du kan finde disse vejledninger ved at navigere til menuen Help (Hjælp) og vælge Open User Guides (Åbn brugervejledninger).

7. USB'en med softwaren kan skubbes ud, når installationen er færdig.

## Registrering af tilsluttede instrumenter

Under installationen installerer installationsprogrammet til CFX Maestro Dx SE automatisk instrumentdrivere på CFX Maestro Dx SE-computeren. CFX Maestro Dx SE registrerer tilsluttede instrumenter, når du starter softwaren.

### Sådan registreres tilsluttede instrumenter

1. Hvis det ikke allerede er gjort, skal den firkantede ende (han) af det medfølgende USB-kabel (type B) sættes i USB-indgangen (type B) bag på instrumentets base.
2. Indsæt den anden ende (port) i en USB-indgang på CFX Maestro Dx SE-computeren.
3. Hvis instrumentet ikke allerede kører, skal du trykke på tænd/sluk-knappen på instrumentet for at tænde det.
4. Start CFX Maestro Dx SE.

Softwaren registrerer automatisk det tilsluttede instrument og viser dets navn i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) i startvinduet.

**Bemærk:** Hvis instrumentet ikke vises i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter), skal du kontrollere, at USB-kablet er isat korrekt. For at geninstallere driverne skal du vælge Tools > Reinstall Instrument Drivers (Værktøjer > Geninstaller instrumentdrivere) i startvinduet i CFX Maestro Dx SE.



## Softwarefiler

Tabel 4 indeholder en liste over filtyperne i CFX Maestro Dx SE.

**Tabel 4. Filtyper i CFX Maestro Dx SE**

| Filtype                                      | Filtypenavn | Detaljer   |
|--|-------------|--|
| Protokol                                     | .prcl       | Indeholder detaljerede oplysninger om protokollens opsætning til udførelse af en PCR-kørsel.   |
| Plade  | .pltd       | Indeholder detaljerede oplysninger om pladens opsætning til udførelse af en PCR-kørsel.  |
| Data   | .pcrd       | Indeholder resultaterne fra kørsel og PCR-analyse.   |
| PrimePCR-kørsel                              | .csv        | Indeholder protokol og pladelayout til PrimePCR-plader.  |
| Genstudie                                    | .mgxd       | Indeholder resultaterne fra flere PCR-kørsler og genekspressionsanalyser.  |
| Stand-Alone (ikke-softwarestyret) prædatafil | .zpcr       | Indeholder fluorescensaflysninger fra stand-alone (ikke-softwarestyret) instrumentdrift, konverteret til en datafil.   |
| LIMS   | .plrn       | Indeholder oplysninger om pladeopsætningen og protokollen, der er nødvendige for at kunne køre en LIMS-kompatibel kørsel.  |
| JSON   | .json       | En skrivebeskyttet fil, der kun genereres af CFX Opus Dx-systemer. Denne fil indeholder de data fra kørselsfilen, der vises i detaljeruden i filbrowseren, når en kørselsfil er valgt. Denne fil genereres, når en kørsel er afsluttet. Den eksporteres sammen med .zpcr-filen og gemmes sammen med datafilerne, hvis Save Location (Placeringen, hvor filen gemmes) enten er et USB-drev eller en delt netværksmappe. |

## Kapitel 3 Administration af brugerkonti i CFX Maestro Dx Software, Security Edition

Brugere logger ind på CFX Maestro Dx Software, Security Edition ved at bruge deres Windows-brugernavn og adgangskode. Den person, der installerede CFX Maestro Dx SE, tildeles automatisk rollen som administrator og kan oprette og administrere brugerkonti og roller. Alle andre brugere skal tildeles en brugerkonto for at kunne logge ind og bruge softwaren.

**Vigtigt:** Hver bruger skal have en Windows-konto og adgangskode på CFX Maestro Dx SE-computeren, før en brugerkonto og rolle kan tildeles brugeren. Brugere kan være medlem af gruppen Windows Users (Windows-brugere) eller gruppen Windows Administrators (Windows-administratorer). Medlemmer af Windows-brugergruppen har kun adgang til deres egne filer og mapper i CFX Maestro Dx SE. Medlemmer af Windows-administratorgruppen har adgang til alle brugeres filer og mapper.

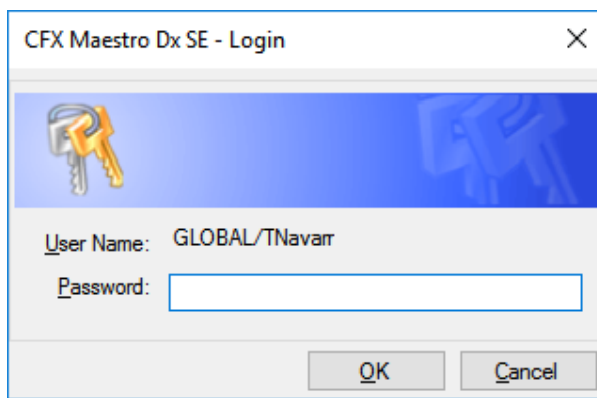
Dette kapitel beskriver, hvordan man opretter Microsoft Windows-brugere for at føje disse brugere til CFX Maestro Dx SE. Dette kapitel beskriver yderligere, hvordan du tilføjer CFX Maestro Dx SE-brugere og administrerer brugerroller og rettigheder.

## Opstart af CFX Maestro Dx Software, Security Edition

**Bemærk:** Hver bruger skal logge ind med deres Windows-brugernavn og adgangskode.

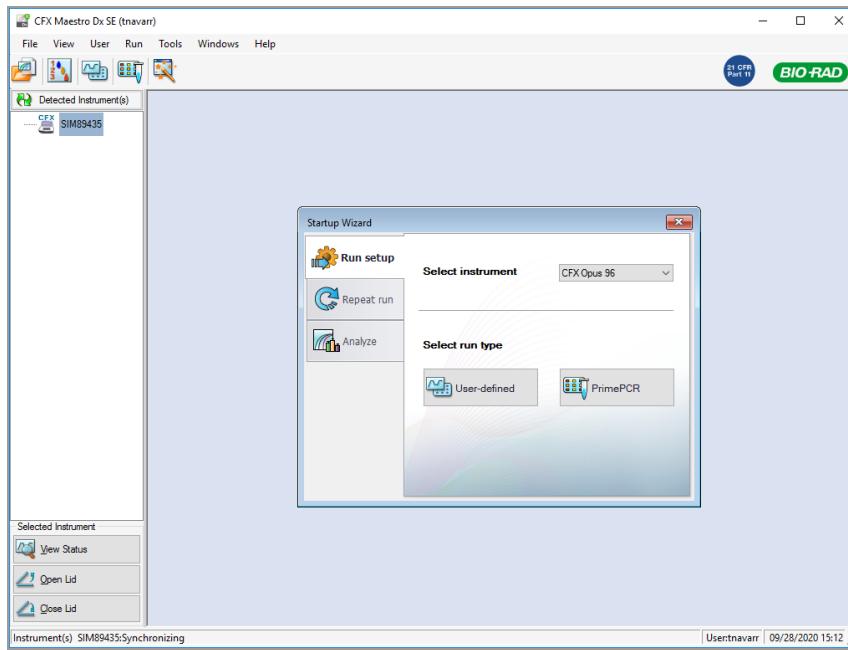
### Sådan startes CFX Maestro Dx SE

1. Dobbeltklik på genvejsikonet til CFX Maestro Dx SE på CFX Maestro Dx SE-computerens skrivebord for at starte programmet.
2. Indtast din Windows-adgangskode i dialogboksen Login, og klik på OK.



CFX Maestro Dx SE åbnes i startvinduet. Titellinjen viser den indloggede brugers Windows-brugernavn, og menulinjen viser en blå mærkat, der angiver, at softwaren er i overensstemmelse med 21 CFR, del 11 (se nedenfor).

## Opstart af CFX Maestro Dx Software, Security Edition



## Tilføjelse af Microsoft Windows-brugere til computeren med CFX Maestro Dx Software, Security Edition

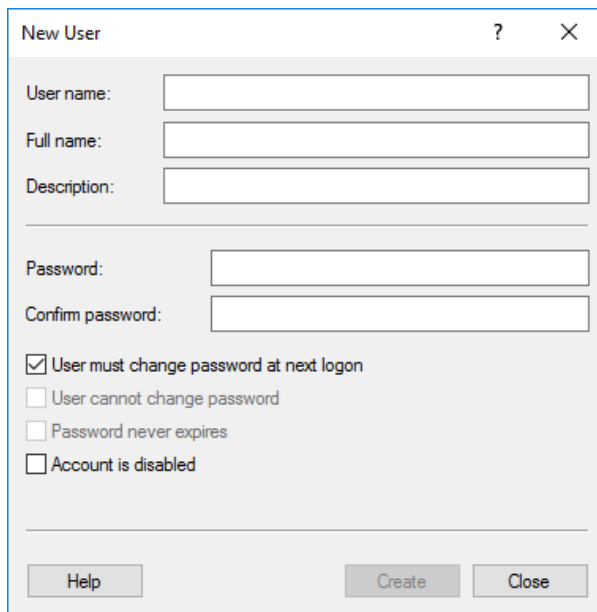
Alle brugere skal logge på CFX Maestro Dx SE med deres Windows-brugernavn og adgangskode. For at kunne foretage nøjagtig revisionssporing kan Windows-brugerkonti ikke tilføjes via dialogboksen Start > Settings > Accounts (Start > Indstillinger > Konti). Windows-brugerkonti **skal** tilføjes via konsollen Computer Management (Computeradministration).

**Vigtigt:** Ændringer i Windows-brugerens egenskaber (herunder User name (Brugernavn) og Full name (Fulde navn)), efter at du har oprettet den tilknyttede CFX Maestro Dx SE-bruger, ugyldiggør CFX Maestro Dx SE-brugeren. Sørg for, at oplysningerne er korrekte, før du gemmer Windows-brugeren og opretter den tilknyttede CFX Maestro Dx SE-bruger.

**Tip:** Gennemlæs dokumentationen Microsoft Windows Administration (Administration af Microsoft Windows), og kontakt din Windows-systemadministrator for yderligere oplysninger, inden du opretter Windows-konti.

### Sådan føjes Windows-brugerkonti til CFX Maestro Dx SE-computeren

1. Log ind på CFX Maestro Dx SE-computeren som medlem af Windows Administrator-gruppen.
2. På skrivebordet skal du højreklikke på My Computer (Denne computer) og vælge Manage (Administrer) for at åbne konsollen Computer Management (Computeradministration).
3. I konsollen Computer Management skal du udvide Local Users and Groups (Lokale brugere og grupper).
4. Højreklik på mappen Users (Brugere), og vælg New User (Ny bruger) for at åbne dialogboksen af samme navn.



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

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

Buttons at the bottom: Help, Create, Close.

5. I dialogboksen New User (Ny bruger) skal du udfylde følgende felter:

- User name (Brugernavn)
- Full name (Fulde navn)
- Password (Adgangskode)
- Confirm password (Gentag adgangskode)

6. Klik på Create (Opret).

## Tilføjelse og fjernelse af brugere i CFX Maestro Dx Software, Security Edition

**Tip:** Kun brugere med rolle som administrator i CFX Maestro Dx SE kan oprette og fjerne CFX Maestro Dx SE-brugerkonti. Den person, der installerede CFX Maestro Dx SE, tildeles automatisk rollen som administrator. Denne person kan så senere tildele administratorrollen til andre brugere.

**Bemærk:** I CFX Maestro Dx SE skal mindst én bruger tildeles rollen som administrator.

### Sådan føjes brugerkonti til CFX Maestro Dx SE

1. Kontrollér, at hver tiltænkt bruger er medlem af enten Windows-brugergruppen eller Windows-administratorgruppen og har en Windows-adgangskode på CFX Maestro Dx SE-computeren.
2. Start CFX Maestro Dx SE, og log ind som administrator.
3. Vælg User > User Administration (Bruger > Brugeradministration) i startvinduet.

Dialogboksen User Administration (Brugeradministration) åbnes.

User Administration

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

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

Restore Default Rights      OK      Cancel

4. I afsnittet Manage Users (Administrer brugere) skal du angive følgende oplysninger for hver bruger:

- **User name** (Brugernavn) — i CFX Maestro Dx SE **skal** dette være brugerens Windows-login-brugernavn.
- **Full name** (Fulde navn) — brugerens fulde navn.

Dette navn vises i feltet Full name (Fulde navn) i revisionssporet. Dette navn skal være identisk med det navn, der er angivet i feltet Full Name (Fulde navn), da Windows-brugeren blev oprettet.

- **Role** (Rolle) — den rolle, der skal tildeles brugeren.

**Bemærk:** Du kan kun vælge én rolle fra rullelisten. Se [Administration af brugerroller i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn](#) for yderligere oplysninger.

- **Domain** (Domæne) — Windows-domænet, hvorfra brugeren åbner softwaren.

Kontakt din Windows-systemadministrator for yderligere oplysninger.

5. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Administration (Brugeradministration).

#### Sådan fjernes en CFX Maestro Dx SE-brugerkonto

1. Start CFX Maestro Dx SE, og log ind som administrator.
2. I startvinduet skal du vælge User > User Administration (Bruger > Brugeradministration) for at åbne dialogboksen User Administration (Brugeradministration).
3. Vælg Remove (Fjern) i ruden Manage Users (Administrer brugere) for hver bruger, som skal fjernes.
4. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Administration (Brugeradministration).

## Administration af brugerroller i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

**Vigtigt:** CFX Maestro Dx SE kræver, at mindst én bruger tildeles rollen som administrator. Du kan dog tildele denne rolle til flere end én bruger.

CFX Maestro Dx SE har fire brugerroller. Hver bruger skal tildeles en rolle for at få adgang til softwaren. Selvom brugere kun kan tildeles én rolle, kan du når som helst ændre en brugers rolle.

Med undtagelse af administratorrollen kan du ændre de rettigheder, der er tildelt hver rolle. Alle brugere, der er tildelt en rolle, overtager kun rettighederne for den rolle.

Som standard er rettighederne for hver rolle som følger:

- **Administrator** — denne rolle har alle rettigheder. Disse rettigheder kan ikke ændres.



- Principal (Hovedbruger) — denne rolle har alle rettigheder undtagen rettigheden til at opsætte e-mail.
- Operator (Operatør) — denne rolle har alle rettigheder undtagen rettigheden til at springe cyklusser over og opsætte e-mail.
- Guest (Gæst) — denne rolle kan kun læse filer.

Når du tildeler roller i CFX Maestro Dx SE, skal du nøje fastlægge kravene til hver bruger. For eksempel kan brugere, der er tildelt rollen som gæst uden rettigheden til at gemme, ikke underskrive en fil. Desuden kan ingen af brugerrollerne modtage en e-mail, når en kørsel er afsluttet, uden rettigheden til at oprette en e-mailkonto.

### Sådan ændres en rolles rettigheder

1. Start CFX Maestro Dx SE, og log ind som administrator.
2. I startvinduet skal du vælge User > User Administration (Bruger > Brugeradministration) for at åbne dialogboksen User Administration (Brugeradministration).
3. I afsnittet Manage Rights (Administrer rettigheder) skal du for hver rolle rydde eller markere afkrydsningsfeltet for de ønskede rettigheder efter behov.
4. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Administration (Brugeradministration).

## Visning af din rolle og rettigheder

**Tip:** Brugere, som er tildelt brugerrollerne Principal (Hovedbruger), Operator (Operatør) eller Guest (Gæst), kan kun se deres egne brugerindstillinger, rettigheder og roller. Brugere, der er tildelt administratorrollen, kan se alle brugertilladelser og roller.

### Sådan vises din aktuelle brugerrolle og rettigheder

- ▶ Vælg User > User Administration (Bruger > Brugeradministration) i startvinduet.

Kontakt CFX Maestro Dx SE-administratoren for at ændre de brugerindstillinger, rettigheder og roller, som er angivet i vinduet User Administration (Brugeradministration).

## Kapitel 4 Sådan bruges CFX Maestro Dx Software, Security Edition

**Vigtigt:** CFX Maestro Dx Software, Security Edition bruger Microsoft Windows-brugergodkendelse til at verificere adgangen til sikre CFX-datafiler. Kontakt din Windows-administrator for at oprette et miljø i overensstemmelse med kravene i 21 CFR, del 11.

Med CFX Maestro Dx SE kan brugerne:

- Underskrive data og genstudiefiler.
- Beskytte datafiler med adgangskode.
- Se og udskrive revisionsspor.

Dette afsnit beskriver i detaljer, hvordan disse funktioner udføres.

### Sikre filer

Som standard gemmer CFX Maestro Dx SE sikre filer i den indloggede brugers personlige mappe, som findes på:

```
C:\Users\\Documents\Bio-Rad\CFX_MDX\My qPCR
```

Du kan gemme og redigere .pcrd-filer i denne mappe. Denne mappe indeholder links til andre mapper (for eksempel mappen Sample Files (Prøvefiler)), som indeholder filer, der er skrivebeskyttede. En administrator kan imidlertid slette denne mappes indhold.

**Tip:** Din Windows-systemadministrator kan også oprette en delt mappe, og din CFX Maestro Dx SE-administrator kan programmere softwaren til at gemme alle filer i den pågældende mappe.

I CFX Maestro Dx SE markeres plade-, protokol-, data- og genstudiefiler som sikre, når de gemmes. Du kan oprette disse filer i CFX Maestro-softwaren eller i CFX Maestro Dx SE. Efter at de er gemt i CFX Maestro Dx SE, kan filerne kun åbnes i CFX Maestro Dx SE.

CFX Maestro Dx SE opretter et revisionsspor for alle sikre data- og genstudiefiler (henholdsvis .pcrd- og .mgxd-filer). Softwaren registrerer al revideret aktivitet i filens revisionsspor. Se [Revisionsspor på side 305](#) for yderligere oplysninger.

## Underskrift af sikre filer

Efter at have gemt en fil i CFX Maestro Dx SE kan brugerne tilføje en elektronisk underskrift. Brugerens rolle skal have rettigheder til at gemme filer for at underskrive en fil. For eksempel har gæsterollen som standard ikke rettigheder til at gemme filer, og derfor kan brugere, der er tildelt denne rolle, ikke underskrive en fil.

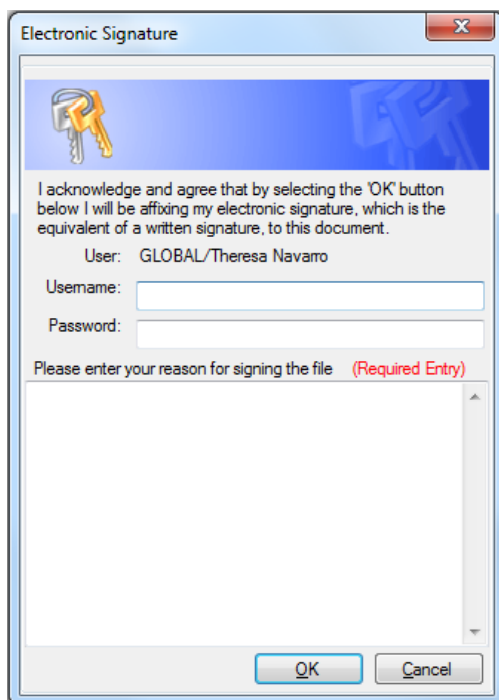
I CFX Maestro Dx SE er underskrevne filer ikke defineret til skrivebeskyttet. De kan læses, ændres og underskrives flere gange. Alle ændringer registreres i filens revisionsspor. Du kan underskrive følgende filtyper:

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

**Bemærk:** Filer skal gemmes, inden de kan underskrives. Hvis du for nylig har udført en kørsel i CFX Maestro Dx SE, skal du først gemme den resulterende datafil.

### Sådan underskrives en fil

1. Log ind på CFX Maestro Dx SE med dine Windows-brugeroplysninger.
2. Åbn den sikre data- eller genstudiefil, der skal underskrives.
3. Vælg File > Sign (Fil > Underskriv). Dialogboksen Electronic Signature (Elektronisk underskrift) vises.



4. Indtast dit Windows-brugernavn og din adgangskode, og angiv en årsag til at underskrive filen.

Brugernavnet og årsagen til underskrivelse registreres i revisionssporet (se [Revisionsspør på side 305](#) for yderligere oplysninger).

5. Klik på OK for at sende underskriften og lukke dialogboksen.

### Ændring af sikre filer

I CFX Maestro Dx SE kan brugerne ændre sikre filer, herunder underskrevne og ikke-underskrevne data- og genstudiefiler. Softwaren beder dig om at angive en årsag til ændringen, når du gemmer en ændret sikker data- eller genstudiefil. Ændringerne registreres i filens revisionsspør.

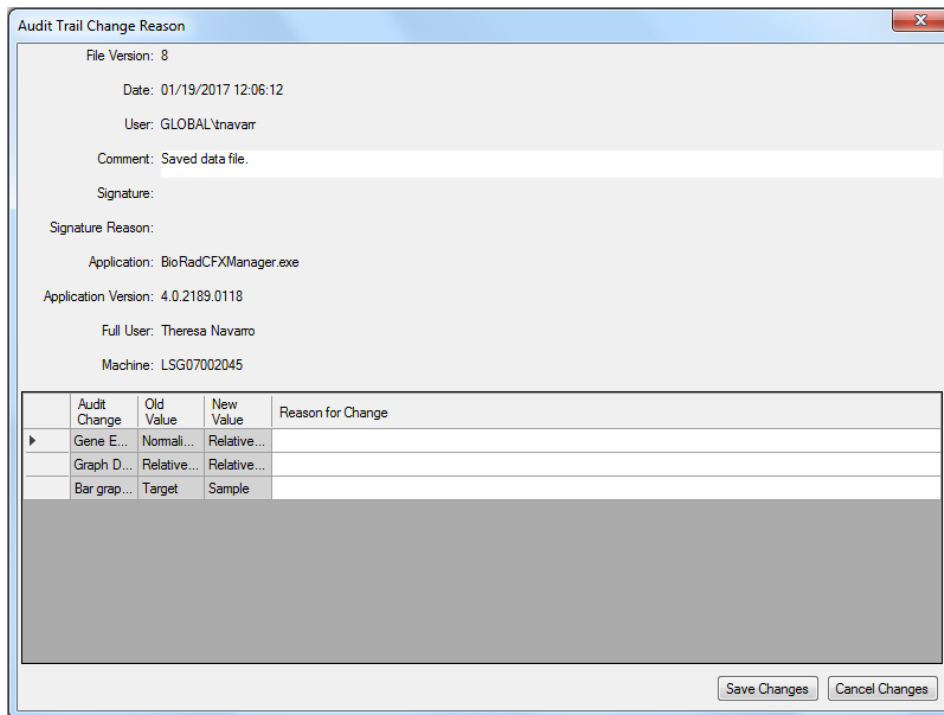
**Tip:** Da softwaren ikke opretter revisionsspør for plade- eller protokolfiler, vil du ikke blive bedt om at angive en årsag, når du gemmer ændringerne i disse filer.

#### Sådan gemmes en ændret data- eller genstudiefil

1. Log ind på CFX Maestro Dx SE med dine Windows-brugeroplysninger.
2. Åbn og rediger en sikker datafil eller genstudiefil.

**Tip:** Se [Reviderbare hændelser på side 307](#) for en liste over reviderbare aktiviteter.

3. Vælg File > Save (Fil > Gem). Dialogboksen Audit Trail Change Reason (Revisionsspor for årsag til ændring) vises.



Denne dialogboks viser følgende oplysninger, der er hentet fra filens revisionsspor-overskrift for hver ændringshændelse:

- **Date** (Dato) — datoen, hvor ændringen fandt sted.
- **User** (Bruger) — Windows-domænet og brugernavnet for den indloggede bruger.
- **Comment** (Kommentar) — den senest gemte kommentar.
- **Signature** (Underskrift) — den elektroniske signatur fra den seneste person, der underskrev filen.
- **Signature reason** (Underskriftårsag) — årsagen til underskriften.
- **Application** (Program) — CFX Maestro Dx SE (vises som BioRadCFXManager.exe, hvilket er korrekt).
- **Application version** (Programversion) — den aktuelle version af CFX Maestro Dx SE.
- **Full user** (Brugernavn) — den indloggede brugers fulde navn.

**Bemærk:** Dette navn vises i revisionssporet.

- **Machine** (Maskine) — den computer, som softwaren er installeret på.

Ændringstabellen viser de reviderbare ændringer, der opstod som et resultat af ændringen. En eventuelt kort beskrivelse af årsagen til ændringen vises også.

**Tip:** Du kan tilføje eller redigere beskrivelser i kolonnen Reason for Change (Årsag til ændring).

4. Gennemgå listen over ændringer. Angiv en detaljeret beskrivelse af årsagerne, hvis det er nødvendigt.
5. Gør et af følgende:
  - Klik på Save Changes (Gem ændringer) for at gemme ændringerne i filen samt de ændringer, du har foretaget i tabellen, og lukke dialogboksen.

Ændringerne i filen og årsagerne til ændringerne vises i filens revisionsspor.
  - Klik på Cancel Changes (Annuller ændringer) for at gendanne filen til dens tidligere tilstand og lukke dialogboksen.

Ændringerne gemmes ikke i filen, og revisionssporet opdateres ikke.

## Adgangskodebeskyttelse af filer

CFX Maestro Dx SE har et ekstra sikkerhedsniveau, som gør det muligt for brugere at beskytte sikre filer med adgangskoder. Når du indstiller adgangskoder til en sikker fil, skal du overveje følgende betingelser:

| Betingelse  | Handling   |
|---|--|
| Der kræves ingen adgangskode.                             | Alle brugere kan åbne, ændre og gemme den sikre fil, baseret på deres tilladelser.   |
| Filen kræver adgangskode for at kunne gemmes.             | Alle brugere kan åbne den sikre fil, og brugere, der kender adgangskoden til at gemme filen, kan ændre og gemme den sikre fil. |
| Filen kræver adgangskode for at kunne åbnes.              | Kun brugere, der kender adgangskoden til at åbne filen, kan åbne, ændre og gemme den sikre fil.                                |
| Filen kræver adgangskode til både at åbne og gemme filen. | Nogle brugere kan åbne den sikre fil, og en undergruppe af disse brugere kan ændre og gemme filen.                             |

Enhver bruger kan - afhængigt af sin rolle - udføre handlingen Save As (Gem som) for at oprette en ny sikker fil med et andet navn eller gemme en fil med samme navn på en anden placering, så længe en af følgende betingelser er gældende:

- Den sikre fil er ikke adgangskodebeskyttet.
- Brugeren har adgangskoden til at åbne filen.

**Tip:** Den nye fil gemmes uden adgangskodebeskyttelse. Den originale fil bevarer sine adgangskoder.

En bruger kan - afhængigt af sin rolle - ændre og gemme den originale fil, så længe en af følgende betingelser er gældende:

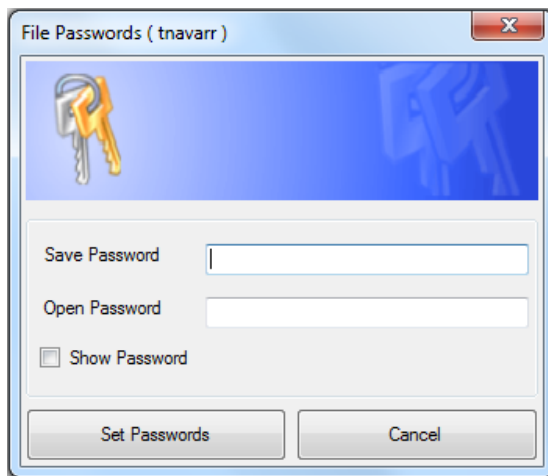
- Filen er ikke adgangskodebeskyttet.
- Brugeren har adgangskoden til at åbne filen og adgangskoden til at gemme filen.

**Bemærk:** Brugers rolle skal omfatte rettigheden til at gemme filer for at kunne beskytte en fil med adgangskode. For eksempel kan brugere med gæsterettigheder ikke gemme filer og kan derfor heller ikke definere adgangskoder for en fil.

**Vigtigt:** Kun CFX Maestro Dx SE-brugere med rolle som administrator kan nulstille eller fjerne adgangskoder.

## Sådan beskyttes en fil med adgangskode

1. Log ind på CFX Maestro Dx SE med dine Windows-brugeroplysninger.
2. Åbn den sikre fil.
3. Vælg File > File Passwords (Fil > Filadgangskoder). Dialogboksen File Passwords (Filadgangskoder) vises.



4. Indtast adgangskoderne i feltet Save Password (Adgangskode for at gemme filen) og Open Password (Adgangskode for at åbne filen).

**Tip:** Som standard vises adgangskoder som stjerner, når de skrives. Vælg Show Password (Vis adgangskode) for at få vist adgangskoden, mens du skriver den.

**Vigtigt:** Når du indtaster adgangskoder, skelnes der mellem store og små bogstaver.

CFX Maestro Dx SE sætter ikke begrænsninger på adgangskoder. Din systemadministrator kan fortælle dig om bedste praksis for krav til adgangskoder på installationsstedet.

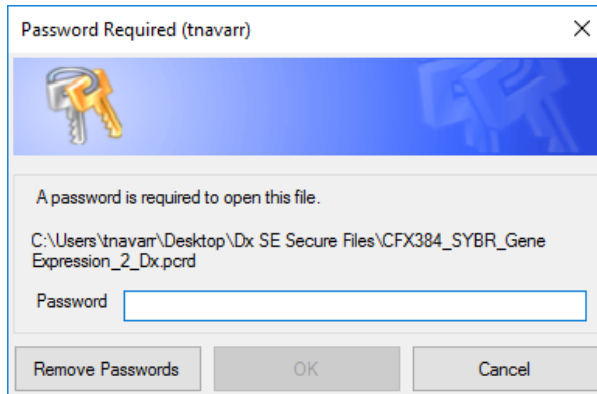
5. Klik på Set Passwords (Indstil adgangskoder) for at definere de ønskede adgangskoder, og luk derefter dialogboksen.
6. Vælg File > Save (Fil > Gem) for at gemme filændringerne.



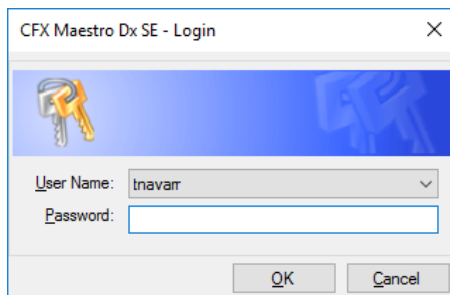
## Sådan fjernes adgangskoder

**Vigtigt:** Du skal være en CFX Maestro Dx SE-bruger med rolle som administrator for at kunne fjerne adgangskoder.

1. Klik på Remove Passwords (Fjern adgangskoder) i dialogboksen Password Required (Adgangskode påkrævet).



Dialogboksen CFX Maestro Dx SE-login vises.



2. Angiv Windows-brugernavn og adgangskode for rollen som CFX Maestro Dx SE-administrator, og klik derefter på OK.

Den originale datafil vises.

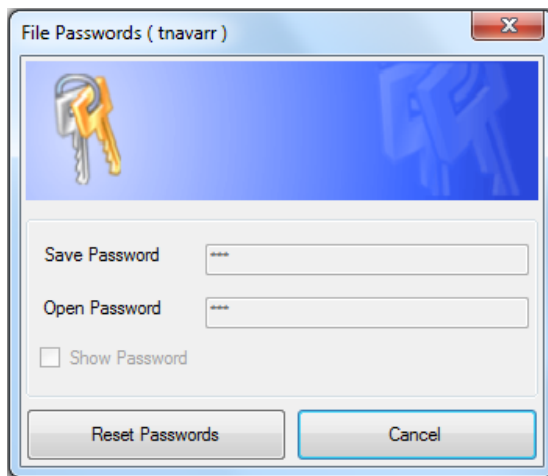
**Vigtigt:** Du skal gemme filen for at fjerne adgangskoderne.

3. Vælg File > Save (Fil > Gem) for at gemme filændringerne.

## Sådan ændres adgangskoder

**Vigtigt:** Kun CFX Maestro Dx SE-brugere med rolle som administrator kan ændre adgangskoder.

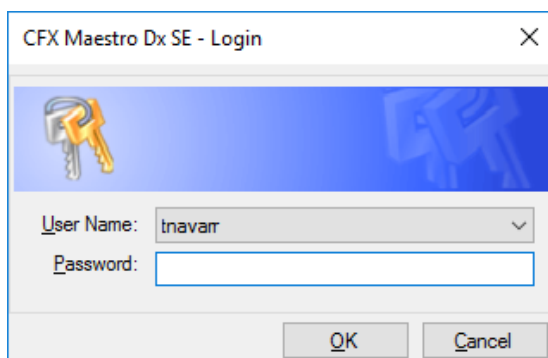
1. Åbn den sikre fil.
2. Vælg File > File Passwords (Fil > Filadgangskoder). Dialogboksen File Passwords (Filadgangskoder) vises.



**Tip:** Adgangskoderne for at gemme og åbne filen samt funktionen Vis adgangskode er deaktiveret.

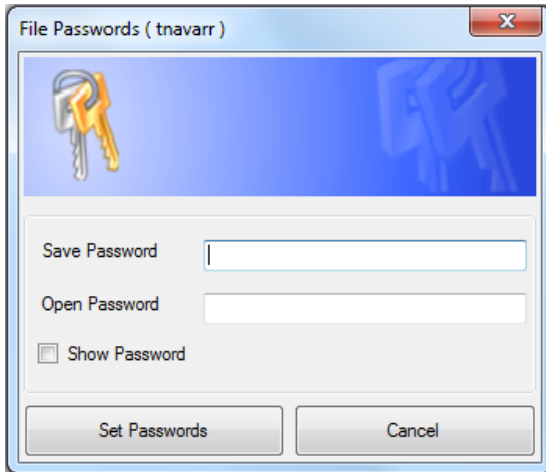
3. Klik på Reset Passwords (Nulstil adgangskoder).

Dialogboksen CFX Maestro Dx SE-login vises.



4. Angiv Windows-brugernavn og adgangskode for rollen som CFX Maestro Dx SE-administrator, og klik derefter på OK.

Dialogboksen File Passwords (Filadgangskoder) vises.



5. Gør et af følgende:
  - For at nulstille adgangskodebeskyttelsen skal du indtaste en ny adgangskode i det relevante felt.
  - For at fjerne adgangskodebeskyttelsen skal du fjerne markeringen i adgangskodefeltene.
6. Klik på Set Passwords (Indstil adgangskoder) for at gemme ændringerne til adgangskoden og lukke dialogboksen.

## Kapitel 5 Arbejdsområdet

CFX Maestro Dx Software, Security Edition indeholder en grænseflade til følgende: opsætning af plader, udvikling af PCR-protokoller, kørsel af disse på CFX Opus Dx Deepwell Dx instrumenter og analyse af data fra PCR-kørsler.

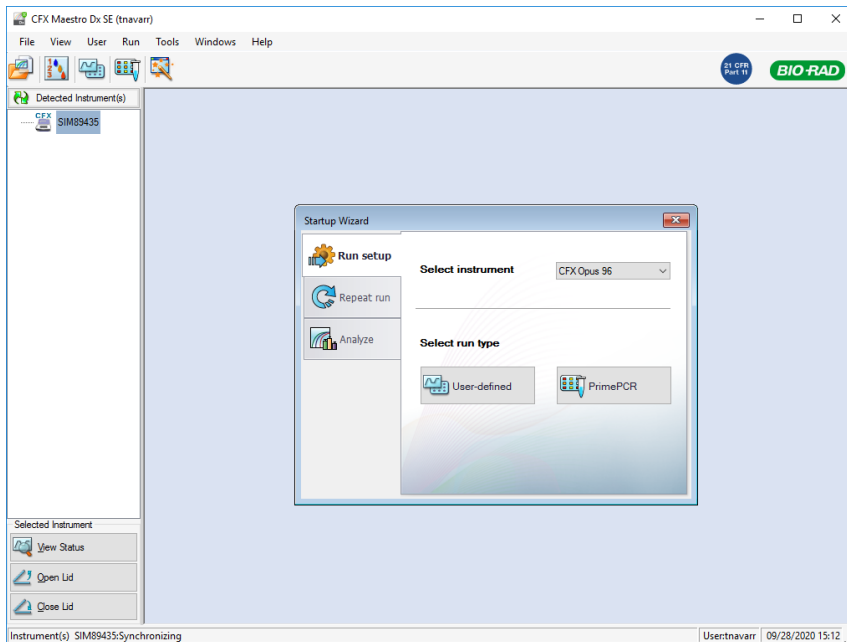
CFX Maestro Dx SE omfatter fem primære arbejdsområder:

- Startvinduet
- Startup Wizard (Guiden Opstart)
- Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor)
- Vinduet Plate Editor (Pladeeditor)
- Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

Dette kapitel indeholder en kort beskrivelse og en visning af hvert arbejdsområde.

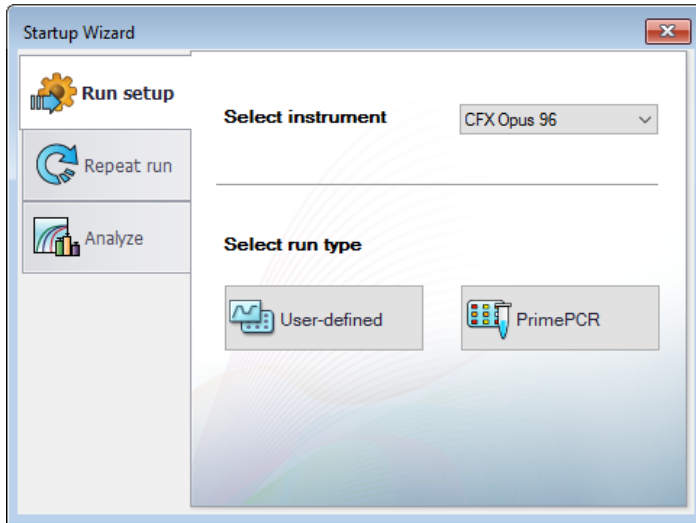
## Startvinduet

CFX Maestro Dx SE åbnes i startvinduet og viser Startup Wizard (Guiden Opstart), og her kan du opsætte et eksperiment, foretage eller gentage en kørsel eller analysere en eksisterende kørsel. I startvinduet kan du desuden se program- og instrumentlogfiler, oprette og administrere brugere samt få adgang til adskillige nyttige redskaber. Der findes flere oplysninger i [Kapitel 6, Startvinduet](#).



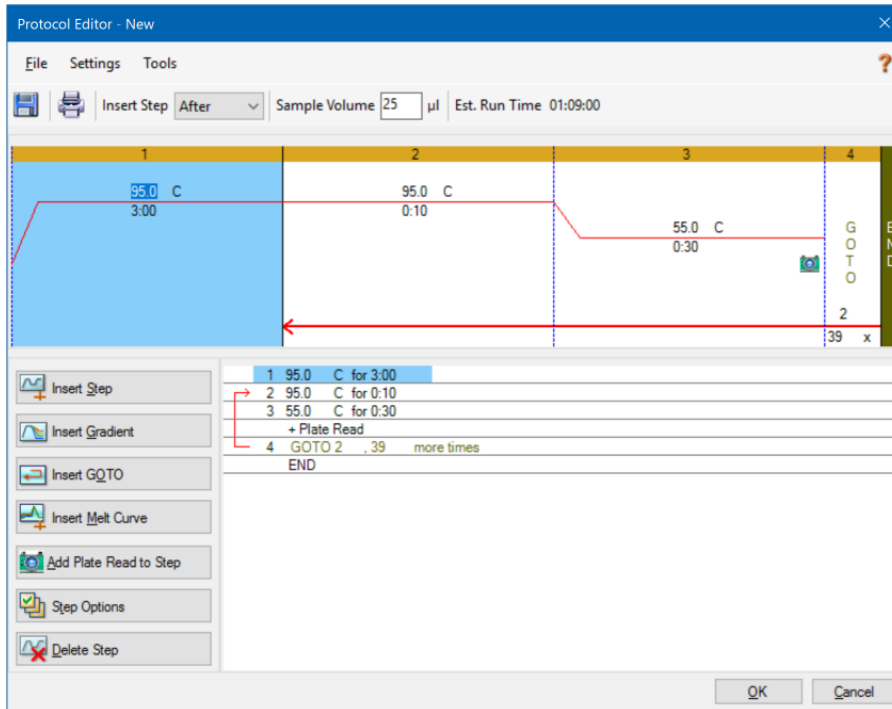
## Startup Wizard (Guiden Opstart)

Brug Startup Wizard (Guiden Opstart) til hurtig opsætning og kørsel af brugerdefinerede eksperimenter, eller vælg og kørsel et PrimePCR-eksperiment. Du kan også bruge denne guide til at gentage en kørsel eller analysere kørselsdata.



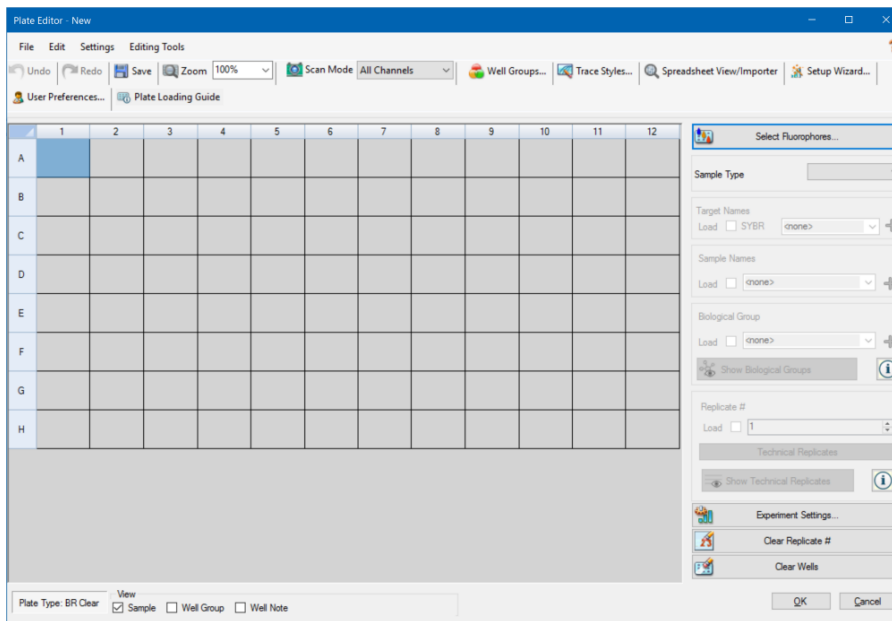
## Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor)

I Protocol Editor (Protokoleditor) kan du oprette, åbne, gennemgå og redigere en protokol. Du kan også ændre lågets temperatur for den åbne protokol. Funktionerne i Protocol Editor (Protokoleditor) er nærmere beskrevet i [Kapitel 7, Oprettelse af protokoller](#).



## Vinduet Plate Editor (Pladeeditor)

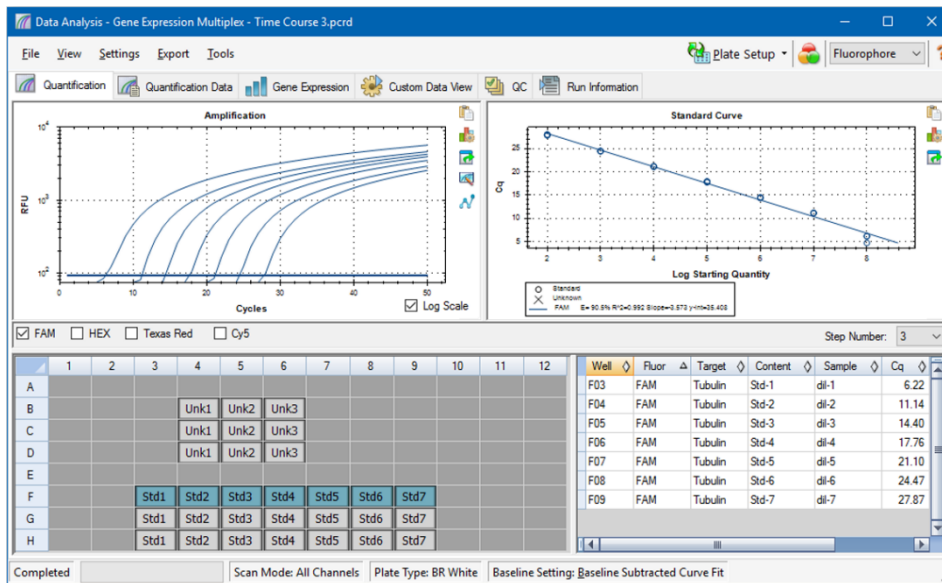
I Plate Editor (Pladeeditor) kan du oprette, åbne, gennemgå og redigere en plade. Funktionerne i Plate Editor (Pladeeditor) er nærmere beskrevet i [Kapitel 8, Klargøring af plader](#).





## Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) er der mulighed for at se og sammenligne kørselsdata, foretage statistiske analyser, eksportere data og oprette rapporter, der er klar til offentliggørelse. Funktionen Data Analysis (Dataanalyse) er nærmere beskrevet i [Kapitel 10, Oversigt over dataanalyse](#) og [Kapitel 11, Detaljerede oplysninger om dataanalyse](#).



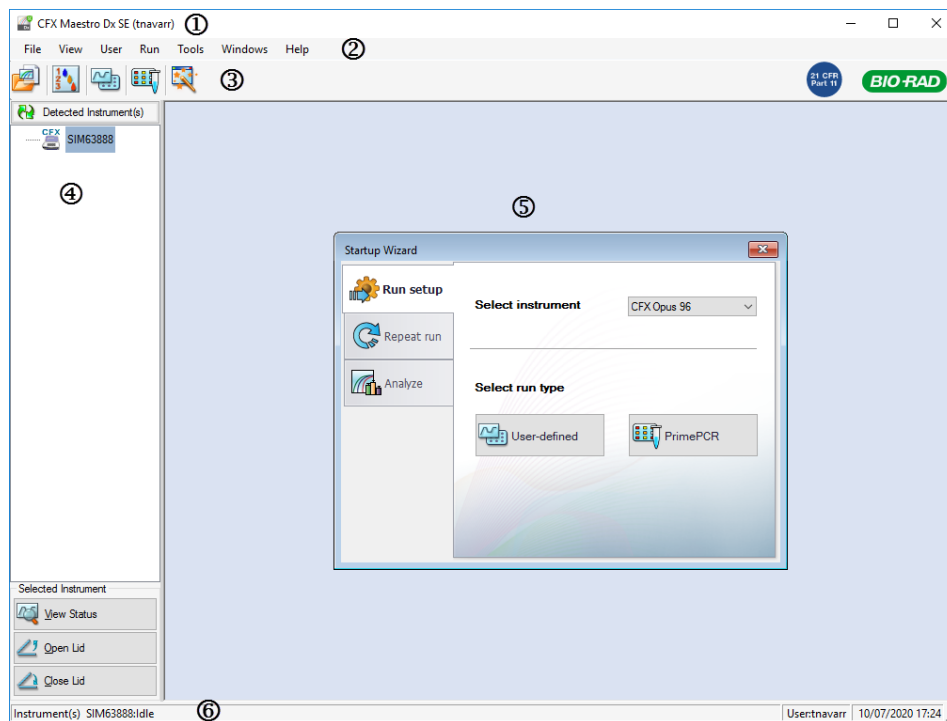
## Kapitel 6 Startvinduet

CFX Maestro Dx Software, Security Edition indeholder en grænseflade til udvikling af PCR-protokoller, kørsel af dem på CFX Dx-systemer og analyse af data fra PCR-kørsler.

Dette kapitel indeholder en introduktion til CFX Maestro Dx SE og en forklaring af de funktioner, som er tilgængelige fra startvinduet.

## Startvinduet

CFX Maestro Dx SE åbnes i startvinduet og viser Startup Wizard (Guiden Opstart), og her kan du opsætte en kørsel, foretage en kørsel, gentage en kørsel eller analysere en eksisterende kørsel. I startvinduet kan du desuden se program- og instrumentlogfiler, oprette og administrere brugere samt få adgang til adskillige nyttige redskaber.



### FORKLARING

1. Softwarens titellinje viser navnet på softwaren og den bruger, der er logget på.
2. Menulinjen giver hurtig adgang til kommandoerne i menuerne File (Fil), View (Vis), User (Bruger), Run (Kørsel), Tools (Værktøjer), Window (Vindue) og Help (Hjælp).
3. Kommandoerne i værktøjslinjen giver hurtig adgang til menupunkterne.
4. Venstre rude viser de instrumenter, der er forbundet til CFX Maestro Dx SE-computeren, og indeholder knapper, som anvendes til betjening af låget og visning af instrumenternes status.
5. Hovedruden viser arbejdsvinduet. Standardarbejdsvinduet på startskærmen er Startup Wizard (Guiden Opstart).

6. Statuslinjen viser navne på de tilsluttede instrumenter og den bruger, der er logget på.

## Kommandoer i menuen File (Fil)

**New (Ny)** – åbner en dialogboks, hvorfra du kan vælge at oprette en ny protokol, en ny plade eller et nyt genstudie.

**Open (Åbn)** – åbner en dialogboks, hvorfra du kan vælge at navigere til og åbne en eksisterende protokol, en eksisterende plade, en eksisterende datafil, et eksisterende genstudie eller en eksisterende LIMS-fil, der køres fra et separat instrument (separat kørsel) eller PrimePCR-kørselsfil.

**Recent Data Files** (Seneste datafiler) – viser en liste over senest åbnede PCR-filer.

**Repeat a Run** (Gentag en kørsel) – åbner Windows Stifinder på placeringen for gemte PCR-filer, hvor du kan finde en kørsel, der skal gentages.

**Exit** (Afslut) – lukker CFX Maestro Dx SE.

## Kommandoer i menuen View (Vis)

**Application Log** (Programlogfil) – viser en logfil over softwarebrug fra den første installation til dags dato.

**Run Reports** (Kørselsrapporter) – viser en liste over rapporter fra tidligere kørsler.

**Startup Wizard** (Guiden Opstart) – viser Startup Wizard (Guiden Opstart) i hovedvinduet.

**Run Setup** (Kørselsopsætning) – viser vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) i hovedvinduet.

**Instrument Summary** (Instrumentoversigt) – viser vinduet Instrument Summary (Instrumentoversigt) i hovedvinduet.

**Detected Instruments** (Registrerede instrumenter) – kan skiftes mellem at vise og skjule tilsluttede instrumenter i venstre rude. Softwaren viser som standard tilsluttede instrumenter i venstre rude.

**Toolbar** (Værktøjslinje) – kan skiftes mellem at vise og skjule værktøjslinjen øverst på skærmen. Softwaren viser som standard værktøjslinjen.

**Statuslinje** – kan skiftes mellem at vise og skjule statuslinjen nederst på skærmen. Softwaren viser som standard statuslinjen.

**Show** (Vis) – åbner en dialogboks, hvorfra du kan:

- se eller blokere statuslogfilen.
- åbne og se CFX Maestro Dx SE-datamappen.
- åbne og se brugerens datamappe.
- åbne og se LIMS-filmappen.

- åbne og se PrimePCR-mappen.
- se kørselshistorikken.
- se egenskaber for alle tilsluttede instrumenter.

## Kommandoer i menuen User (Bruger)

**Select User** (Vælg bruger) – åbner skærmen Login, hvor du kan vælge en bruger fra rullelisten User Name (Brugernavn) og logge på programmet.

**Change Password** (Skift adgangskode) – åbner dialogboksen Change Password (Skift adgangskode), hvor brugerne kan ændre deres adgangskode.

**Bemærk:** Denne indstilling er deaktiveret for CFX Maestro Dx SE. Brugere skal ændre deres Windows-adgangskode for at ændre deres CFX Maestro Dx SE-adgangskode.

**User Preferences** (Brugerpræferencer) – åbner dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer), hvor brugerne kan ændre standardindstillingerne for følgende:

- Afsendelse og modtagelse af e-mailbesked ved afslutningen af kørslen
- Lagring af datafiler
- Oprettelse af protokoller via Protocol Editor (Protokoleditor) eller Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver)
- Oprettelse af plader
- Analyse af data
- Udførelse af genekspressionsanalyse
- Bestemmelse af datakvalitet
- Eksport af CFX instrumentdata

**User Administration** (Brugeradministration) – åbner dialogboksen User Administration (Brugeradministration), hvor administratorene kan oprette brugere, ændre rolletilladelser og tildele roller til brugere.

**Bio-Rad Service Login** – kun til brug for Bio-Rads tekniske servicepersonale. Undlad at bruge denne kommando.

## Kommandoer i menuen Run (Kør)

**User-defined Run** (Brugerdefineret kørsel) – åbner vinduet Run Setup (Kørselsopsætning), i hvilket det er muligt at indstille en brugerdefineret protokol og plade og derefter køre et PCR-eksperiment på det

udvalgte instrument.

**PrimePCR Run** (PrimePCR-kørsel) – åbner fanen Start Run (Start kørsel) i vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) med standard-PrimePCR-protokollen og -pladelayoutet indlæst baseret på det valgte instrument.

**End-Point Only Run** (Kun slutpunktskørsel) – åbner fanen Start Run (Start kørsel) i vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) med standardslutpunktsprotokollen og -pladelayoutet indlæst baseret på det valgte instrument.

**Qualification Run** (Kvalificeringskørsel) – åbner fanen Start Run (Start kørsel) i vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) med standardkvalificeringsprotokollen og -pladelayoutet i Bio-Rad indlæst for det valgte instrument.

## Kommandoer i menuen Tools (Værktøjer)

**Master Mix Calculator** (Mastermix-beregner) – åbner Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren), hvor du kan oprette en reaktionsblanding og udskrive beregningerne.

**Protocol AutoWriter** (Automatisk protokolskriver) – åbner dialogboksen Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver), hvor du nemt kan oprette en ny protokol.

**T<sub>a</sub> Calculator** (T<sub>a</sub>-beregner) – åbner T<sub>a</sub> Calculator (T<sub>a</sub>-beregner), hvor du nemt kan beregne hybridiseringstemperaturen for primerne.

**Dye Calibration Wizard** (Guide til farvestofkalibrering) – åbner Dye Calibration Wizard (Guide til farvestofkalibrering), hvor du kan kalibrere et instrument til en ny fluorofor.

**Reinstall Instrument Drivers** (Geninstaller instrumentdrivere) – geninstallerer de drivere, som kontrollerer kommunikationen med Bio-Rads real-time PCR-systemer.

**Zip Data and Log Files** (Zip data- og logfiler) – åbner en dialogboks, hvor du kan vælge filer, der skal pakkes og gemmes i en zippet fil, som kan gemmes eller sendes via e-mail.

**Batch Analysis** (Batchanalyse) – åbner dialogboksen Batch Analysis (Batchanalyse), hvor du kan indstille parametre til analyse af mere end én datafil ad gangen.

**Options** (Valgmuligheder) – åbner en dialogboks, hvor du kan:

- Konfigurere indstillingerne for e-mailserveren
- Konfigurere eksportindstillinger for LIMS, Seegene og andre datafiler

**Tip:** Du kan også vælge at starte Seegene Viewer automatisk ved eksport, hvis du vælger at eksportere dine data i Seegene-format.

- Vælg det sprog, som brugergrænsefladen viser (engelsk, kinesisk, russisk)

**Vigtigt:** Du skal genstarte CFX Maestro Dx SE for at vise det valgte sprog.

**Vigtigt:** Dit operativsystems sprog skal svare til det sprog, du vil have vist på brugergrænsefladen for CFX Maestro Dx SE.

## Kommandoer i menuen Help (Hjælp)

**Tip:** Menuen Help (Hjælp) er tilgængelig på menulinjen i alle vinduer i CFX Maestro Dx SE.

**Contents** (Indhold) — viser fanen Contents (Indhold) i hjælpssystemet i CFX Maestro Dx SE.

**Index** (Indeks) — viser fanen Index (Indeks) i hjælpssystemet i CFX Maestro Dx SE.

**Search** (Søg) — viser fanen Search (Søg) i hjælpssystemet i CFX Maestro Dx SE.

**Open User Guide** (Åbn brugervejledning) — åbner en PDF med denne vejledning.

**Additional Documentation** (Yderligere dokumentation) — giver adgang til betjeningsvejledningen til CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemerne.

**Release Notes** (Versionsnoter) — åbner dokumentet Release Notes (Versionsnoter) for den installerede version af CFX Maestro Dx SE.

**Video Resources** (Videoressourcer) — åbner et websted med videoressourcer til Bio-Rad som for eksempel instruktionsvideoer.

**qPCR Applications and Technologies Web Site** — åbner Bio-Rads websted for qPCR Applications & Technologies (qPCR-programmer og -teknologier), hvor du kan lære mere om real-time PCR (qPCR).

**PCR Reagents Web Site** — åbner Bio-Rads websted for PCR- og qPCR-reagenser, hvor du kan bestille PCR-reagenser, supermixes, farvestoffer og kits.

**PCR Plastic Consumables Web Site** — åbner Bio-Rads websted for PCR Plastics and Consumables (PCR-plast- og forbrugsvarer), hvor du kan bestille PCR-plader, pladeforseglinger, rør og hætter og andet tilbehør i plast.

**Software Web Site** — åbner Bio-Rads websted for PCR Analysis-softwaren, hvor du kan bestille den opdaterede version af Bio-Rads CFX Maestro Dx SE.

**About** (Om) — viser oplysninger om copyright og version for CFX Maestro Dx SE.

## Kommandoer på værktøjslinjen



— åbner Windows Stifinder, hvor du kan navigere til og åbne en datafil eller en genstudiefil.



— åbner Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren).



– åbner vinduet Run Setup (Kørselsopsætning).



– åbner vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) med standard-PrimePCR-protokollen og -pladelayoutet indlæst baseret på det valgte instrument.



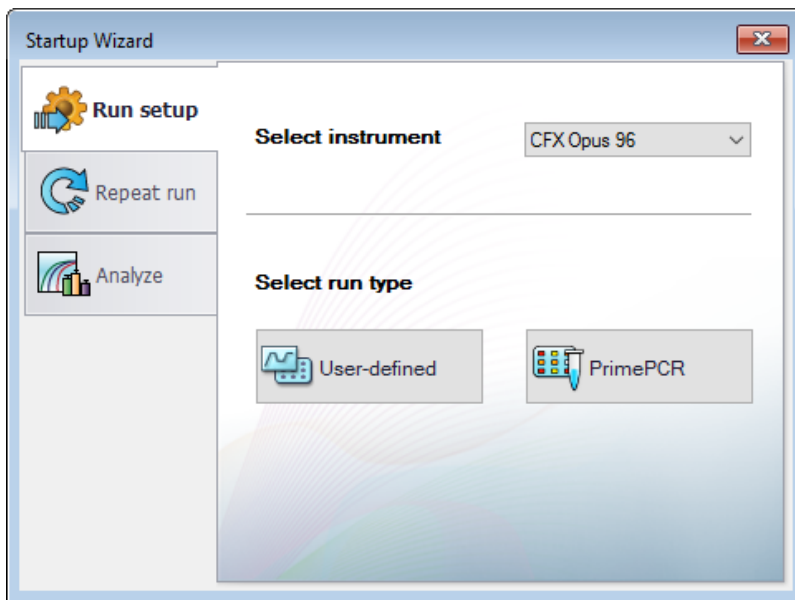
– åbner Startup Wizard (Guiden Opstart).



## Startup Wizard (Guiden Opstart)

Når CFX Maestro Dx SE starter, viser arbejdsruden Startup Wizard (Guiden Opstart). I Startup Wizard (Guiden Opstart) kan du:

- Vælge et instrument fra listen med registrerede instrumenter og opsætte en brugerdefineret eller PrimePCR-kørsel
- Åbne og gentage en kørsel
- Åbne en datafil for at analysere resultater fra en enkelt kørsel eller en genstudiefil med resultater fra flere genekspressionskørsler



Disse opgaver er nærmere beskrevet i de efterfølgende kapitler.

## Statuslinje

I venstre side af statuslinjen nederst i hovedvinduet i softwaren vises aktuel status for registrerede instrumenter. I højre side af statuslinjen vises navnet på den aktuelle bruger samt dato og klokkeslæt.

## Ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter)

I ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) vises alle instrumenter, som er forbundet til CFX Maestro Dx SE computeren. Hvert instrument vises som standard som et ikon og dets serienummer vises som dets navn.

Fra denne rude kan du:

- Se egenskaber og kalibrerede farvestoffer for det valgte instrument.

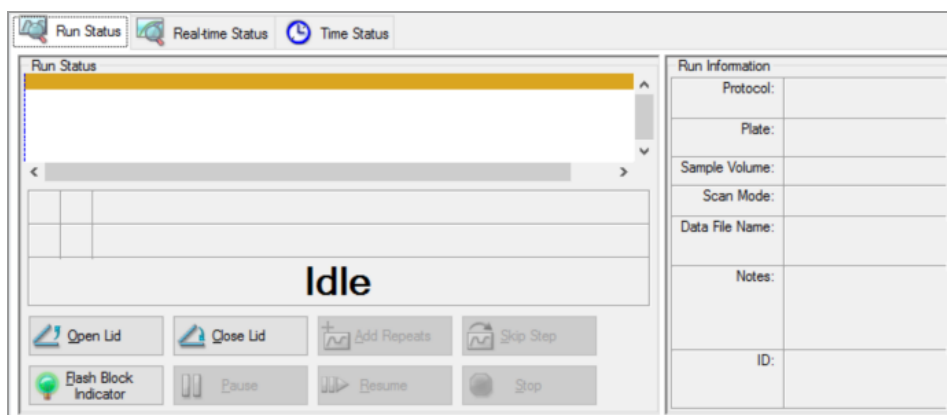
Der findes flere oplysninger om instrumentegenskaberne i [Visning af et instruments egenskaber på side 72](#).

- Se status for et tilsluttet instrument
- Åbne det motoriserede låg på det valgte instrument
- Lukke det motoriserede låg på det valgte instrument
- Se status for alle tilsluttede instrumenter

### Sådan vises status for et tilsluttet instrument

- ▶ Vælg det ønskede instrument i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter), og gør et af følgende:
  - Klik på View Status (Vis status) i afsnittet Selected Instrument (Valgt instrument).
  - Højreklik, og vælg View Status (Vis status) i den menu, som vises.

Dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer) åbnes og viser fanen Run Status (Kørselsstatus). Status for det valgte instrument vises neden for ruden med kørsels status, for eksempel:



### Sådan åbnes eller lukkes låget på et instrument

- ▶ Vælg det ønskede instrument i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter), og gør et af følgende:
  - Klik på Open Lid (Åbn låg) eller Close Lid (Luk låg) i afsnittet Selected Instrument (Valgt instrument).
  - Højreklik, og vælg den relevante handling i den menu, som vises.
  - Åbn dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer), vælg fanen Run Status (Kørselsstatus), og klik på Open Lid (Åbn låg) eller Close Lid (Luk låg).

### Sådan vises statussen for alle registrerede instrumenter

- ▶ Gør et af følgende:
  - Klik på View Summary (Vis oversigt) i afsnittet All Instruments (Alle instrumenter) i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter).
  - Vælg View > Instrument Summary (Vis > Instrumentoversigt) på menulinjen.

Dialogboksen Instrument Summary (Instrumentoversigt) vises.

**Tip:** Hvis systemet kun registrerer ét tilsluttet instrument, vises afsnittet All Instruments (Alle instrumenter) ikke i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter). Vælg View > Instrument Summary (Vis > Instrumentoversigt) for at se instrumentoversigten for et enkelt instrument.

## Betjeningselementer i værktøjslinjen Instrument Summary (Instrumentoversigt)

Tabel 5 indeholder en liste over betjeningselementer og funktioner i værktøjslinjen Instrument Summary (Instrumentoversigt).

**Tabel 5. Betjeningselementer i værktøjslinjen Instrument Summary (Instrumentoversigt)**

| Knap  | Knapnavn   | Funktion  |
|---|--|---|
|    | Create a new Run (Opret en ny kørsel)            | Opretter en kørsel på den valgte blok ved at åbne vinduet Run Setup (Kørselsopsætning).   |
|    | Stop   | Stopper den igangværende kørsel på valgte blokke.   |
|    | Pause  | Sætter den igangværende kørsel på valgte blokke på pause.   |
|   | Resume (Genoptag)                                | Genoptager kørslen på valgte blokke.  |
|  | Flash Block Indicator (Lad blokindikator blinke) | Blinker med LED-indikatoren på låget af de valgte blokke.   |
|  | Open Lid (Åbn låg)                               | Åbner den valgte bloks motoriserede låg.  |
|  | Close Lid (Luk låg)                              | Lukker den valgte bloks motoriserede låg.   |
|  | Hide Selected Blocks (Skjul valgte blokke)       | Skjuler de valgte blokke på listen Instrument Summary (Instrumentoversigt).   |
|  | Show All Blocks (Vis alle blokke)                | Viser de valgte blokke på listen Instrument Summary (Instrumentoversigt).   |
|  | Show (Vis)                                       | Vælger, hvilke blokke der skal vises på listen. Vælg en af mulighederne for at vise alle registrerede blokke, alle inaktive blokke, blokke der kører med den aktuelle bruger, eller alle igangværende blokke. |

## Visning af et instruments egenskaber

I ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) kan du se detaljerede oplysninger om et valgt instrument, herunder dets egenskaber, status for forsendelseskruen (kun CFX Connect- og CFX Touch-instrumenter) og en liste over kalibrerede farvestoffer (fluoroforer).

### Sådan vises instrumentegenskaber

- ▶ Højreklik på det ønskede instrument i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter), og vælg Properties (Egenskaber) i den viste menu.

### Fanen Properties (Egenskaber)

Fanen Properties (Egenskaber) viser tekniske oplysninger om det valgte instrument, herunder model, serienumre på komponenter og firmwareversioner. Instrumentets standardnavn (serienummeret) vises mange steder, herunder i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) og i overskriftslinjen i dialogboksen Instrument Properties (Instrumentegenskaber). Du kan omdøbe instrumentet for lettere at identificere det.

**Bemærk:** Du kan ikke ændre CFX Opus-instrumentets navn ved hjælp af CFX Maestro.

### Fanen Calibrated Dyes (Kalibrerede farvestoffer)

Fanen Calibrated Dyes (Kalibrerede farvestoffer) viser de kalibrerede fluoroforer og plader for det valgte instrument.

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

For at se detaljerede oplysninger om en kalibrering skal du klikke på Info-knappen i kolonnen Details (Detaljerede oplysninger).

## Inden du starter

Dette afsnit beskriver opgaver, du muligvis skal udføre, før du bruger CFX Maestro Dx SE. Disse omfatter:

- Oprettelse af et reaktions-mastermix
- Kalibrering af nye farvestoffer

### Oprettelse af et reaktions-mastermix

Brug CFX Maestro Dx SE's Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren) til nemt at beregne det påkrævede volumen af hver komponent i mastermixet. Du kan udskrive beregningstabellen for mastermix på standardprinterens og gemme beregningerne for hver målsekvens (target) til senere brug.

#### Sådan oprettes et reaktions-mastermix ved brug af Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren)

1. For at åbne Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren) skal du gøre et af følgende:
  - Vælg Tools > Master Mix Calculator (Værktøjer > Mastermix-beregner).
  - Klik på Master Mix Calculator (Mastermix-beregner) i værktøjslinjen.

Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren) vises.

2. Vælg en detektionsmetode i afsnittet Reaction (Reaktion):
  - SYBR® Green/EvaGreen®
  - Probes (Prober)
3. Klik på Create New (Opret ny) i afsnittet Target (Målsekvens) for at oprette en ny målsekvens (target). Der vises et nyt navn på målsekvensen (target) på rullelisten med målsekvenser.
4. (Valgfrit) Sådan ændres navnet på standardmålsekvensen (target):
  - a. Fremhæv navnet på målsekvensen (target) på rullelisten med målsekvenser.
  - b. Angiv et nyt navn i feltet Target (Målsekvens).
  - c. Tryk på Enter-tasten.
5. Juster start- og slutkoncentrationerne for forward primer og revers primer samt eventuelle prober.
6. I afsnittet Master Mix Setup (Opsætning af mastermix) justeres værdierne for følgende:
  - Number of reactions (Antal reaktioner), der skal køres

- Reaction volume per well (Reaktionsvolumen pr. brønd)
  - Template volume (Volumen af prøve) pr. brønd
  - Supermix concentration (Supermix-koncentration) pr. brønd
  - Excess reaction volume (Overskydende reaktionsvolumen) pr. brønd
7. (Valgfrit) Udfør trin 2-6 for så mange målsekvenser (targets), som der er behov for.
  8. Vælg den målsekvens (target), der skal beregnes, i afsnittet Choose Target to Calculate (Vælg målsekvens, der skal beregnes).

**Tip:** Du kan beregne én, flere eller alle målsekvenser (targets) på én gang.

De beregnede volumener af de påkrævede komponenter for hver valgt målsekvens (target) vises i mastermix-tabellen.

9. Klik på Set as Default (Angiv som standard) for at indstille de mængder, der blev angivet i afsnittet Target (Målsekvens) og Master Mix Setup (Opsætning af mastermix), som nye standardværdier.
10. Klik på OK for at gemme indholdet af dialogboksen Master Mix Calculator (Mastermix-beregner).

### Sådan udskrives tabellen over mastermix-beregninger

- ▶ For at udskrive en tabel over mastermix-beregninger skal du klikke på Print (Udskriv).

Beregningstabellen udskrives på standardprinterens.

### Sådan gemmes tabellen over mastermix-beregninger som en PDF

- ▶ Skift standardprinterens ud med en PDF-driver, og klik på Print (Udskriv) på Master Mix Calculator (Mastermix-beregneren).

### Sådan slettes målsekvenser (targets)

- ▶ Vælg målsekvensen (target) i rullelisten med målsekvenser, og klik på Remove (Fjern).

**Vigtigt:** Hvis en målsekvens (target) fjernes fra listen med målsekvenser, fjernes den også fra de mastermix-beregninger, den anvendes i. Vær forsigtig, når du sletter en målsekvens.

## Kalibrering af nye farvestoffer

Systemerne CFX Opus 96 Dx og CFX Opus Deepwell Dx er kalibreret fra fabrikken til arbejde med almindeligt anvendte fluoroforer i plader med hvide og klare plader. CFX Opus 384 Dx er kalibreret fra fabrikken til arbejde med almindeligt anvendte fluoroforer i udelukkende hvide plader. [Tabel 6](#) indeholder en liste over de fluoroforer og kanaler, som hvert enkelt instrument er kalibreret til.



**Bemærk:** Systemerne CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx og CFX Opus Deepwell Dx indeholder desuden en kanal beregnet til FRET-kemi. Denne kanal kræver ikke kalibrering til specifikke farvestoffer.

**Vigtigt:** Hvis du foretager en brugerdefineret kalibrering af et farvestof, der i forvejen er kalibreret fra fabrikken, bruger instrumentet den brugerdefinerede kalibrering i stedet for fabrikskalibreringen.

**Tabel 6. Fabrikskalibrerede fluoroforer, kanaler og instrumenter**

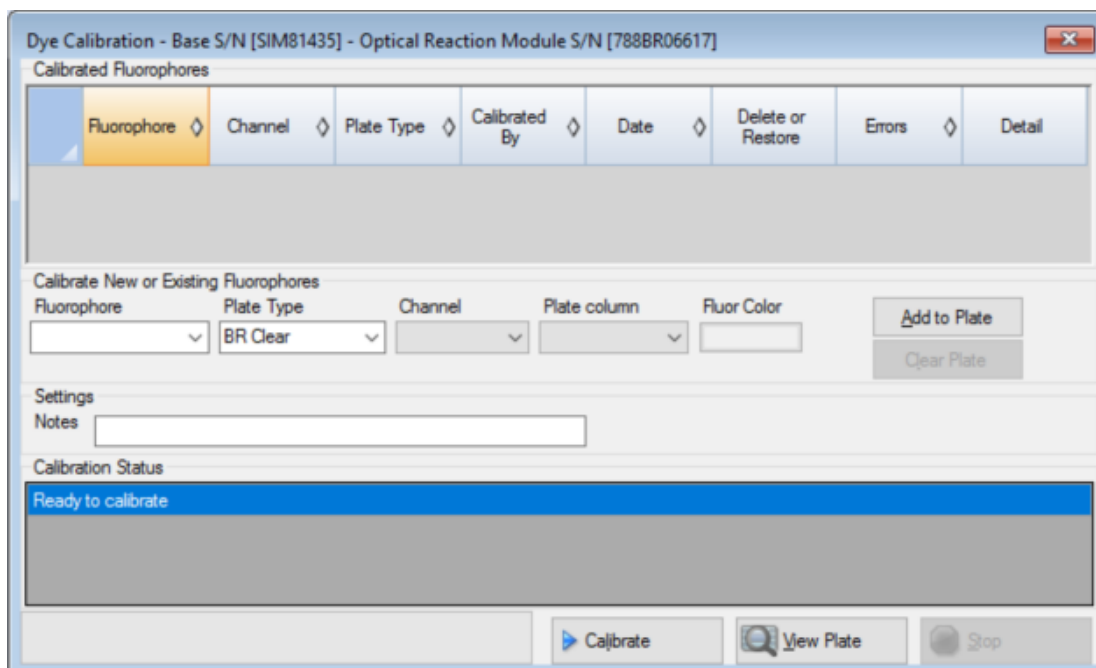
| Fluoroforer  | Kanal | Excitering, nm | Detektion, nm | Instrument   |
|--|-------|----------------|---------------|--|
| FAM, SYBR®<br>Green I                                    | 1     | 450-490        | 515-530       | CFX Opus 96<br>Dx-, CFX Opus<br>384 Dx- og<br>CFX Opus<br>Deepwell Dx-<br>systemer |
| VIC, HEX, CAL<br>Fluor Gold 540, Cal<br>Fluor Orange 560 | 2     | 515-535        | 560-580       | CFX Opus 96<br>Dx-, CFX Opus<br>384 Dx- og<br>CFX Opus<br>Deepwell Dx-<br>systemer |
| ROX, Texas Red,<br>CAL Fluor Red 610,<br>TEX 615         | 3     | 560-590        | 610-650       | CFX Opus 96<br>Dx-, CFX Opus<br>384 Dx- og<br>CFX Opus<br>Deepwell Dx-<br>systemer |
| CY5, Quasar 670  | 4     | 620-650        | 675-690       | CFX Opus 96<br>Dx-, CFX Opus<br>384 Dx- og<br>CFX Opus<br>Deepwell Dx-<br>systemer |
| Quasar 705, Cy5.5  | 5     | 672-684        | 705-730       | Kun CFX Opus<br>96 Dx-systemer   |

**FRET-kemi (ikke-fabrikskalibreret)**

| Fluoroforer                  | Kanal | Excitering, nm | Detektion, nm | Instrument   |
|------------------------------|-------|----------------|---------------|--|
| Ikke-fabrikskalibreret farve | FRET  | 450-490        | 560-580       | CFX Opus 96 Dx-, CFX Opus 384 Dx- og CFX Opus Deepwell Dx-systemer |

### Sådan kalibreres nye farvestoffer på CFX-systemer

1. Vælg det ønskede instrument i startvinduet i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter).
2. Vælg Tools > Calibration Wizard (Værktøjer > Guiden Kalibrering) for at åbne guiden Dye Calibration (Farvestofkalibrering).



Fluoroforer, der allerede er kalibreret på det ønskede instrument, vises i tabellen Calibrated Fluorophores (Kalibrerede fluoroforer).

3. Vælg den fluorofor, der skal kalibreres, fra rullelisten i afsnittet Calibrate New or Existing Fluorophores (Kalibrer ny eller Eksisterende fluoroforer).

Hvis navnet på fluoroforen ikke findes på listen, kan du indtaste navnet i tekstfeltet for at føje det til listen.

**Vigtigt:** Vær forsigtig, når du navngiver brugerdefinerede kalibrerede fluoroforer. Hvis du opretter en brugerdefineret kalibrering af farvestoffer til en fluorofor med samme navn som en fabrikskalibreret fluorofor, bruges den brugerdefinerede fluorofor (og ikke den fabrikskalibrerede fluorofor) af instrumentet under kørslen.

4. Vælg en Plate type (Pladetype) for fluoroforen.

Hvis pladetyper ikke findes på listen, skal du indtaste navnet i tekstfeltet for at tilføje det til listen.

5. Vælg en Channel (Kanal) for fluoroforen.
6. Vælg en Plate column (Pladekolonne) for fluoroforen.
7. (Valgfrit) Indtast en farve, der skal knyttes til fluoroforen.
8. Klik på Add to Plate (Føj til plade) for at tilføje fluoroforen.
9. (Valgfrit) Gentag trin 3-8 for at tilføje alle de fluoroforer, du planlægger at kalibrere for pladen.
10. Klik på View Plate (Vis plade), når du er færdig med at tilføje fluoroforer, for at åbne vinduet Pure Dye Plate Display (Pladevisning til rent farvestof).

Brug dette vindue som guide i forbindelse med pipettering af farvestoffer i pladen.

11. Klargør en 96-, 384- eller deep well-brønd til kalibrering af farvestof:
  - a. Pipetter farvestofopløsningen ned i hver af brønderne i henhold til det mønster, der vises i Pure Dye Plate Display (Pladevisning til rent farvestof).
  - b. For hver fluorofor fyldes fire brønde med 50 µl (plade med 96 brønde eller deep well-plads) eller 30 µl (plade med 384 brønde) 300 nM farvestofopløsning. Bemærk, at mindst halvdelen af pladen indeholder blindbrønde.
  - c. Forsegl pladen med den forseglingsmetode, du vil anvende til analysen.
12. Placer kalibreringspladen i blokken, og luk låget.
13. Klik på Calibrate (Kalibrer) i guiden Dye Calibration (Farvestofkalibrering), og klik derefter på OK for at bekræfte, at pladen befinder sig i blokken.
14. Når CFX Maestro Dx Software, Security Edition afslutter kalibreringskørslen, vises der en dialogboks. Klik på Yes (Ja) for at afslutte kalibreringen og åbne Dye Calibration Viewer (Farvestofkalibreringsfremviseren).
15. Klik på OK for at lukke vinduet.

## Indstilling af brugerpræferencer

**Tip:** Det er ikke nødvendigt at udføre disse trin for at kunne bruge CFX Maestro Dx SE. Det er ikke et problem at springe dette afsnit over eller udføre disse opgaver på et andet tidspunkt.

I CFX Maestro Dx SE kan hver bruger tilpasse sit arbejdsmiljø. For eksempel kan du gøre følgende i menuen Users > User Preferences (Brugere > Brugerpræferencer):

- Opsætte e-mailbeskeder ved afslutning af kørslen.
 

**Bemærk:** Denne funktion er kun tilgængelig for brugere, hvis rolle har fået tildelt denne rettighed. Se [Administration af brugerroller i CFX Maestro Dx Software, Security Edition](#) på side 43 for yderligere oplysninger.
- Ændre standardindstillingerne for
  - Den placering, hvor filer gemmes
  - Kørselsopsætningsfiler
  - Præfiks til filnavn
- Indstille de standardparametre, der skal bruges ved oprettelse af en ny protokol og plade.
- Indstille standardparametre for dataanalyse og genekspression.
- Tilpasse standardkvalitetskontrolparametrene.
- Tilpasse parametre for dataeksport.

I menuen Tools (Værktøjer) kan du gøre følgende:

- Oprette en mastermix.
- Kalibrere farvestoffer til et specifikt instrument.

**Bemærk:** Mastermix og farvestofkalibrering er tilgængelige for enhver, som logger på softwaren.

Dette afsnit forklarer, hvordan disse opgaver udføres.

## Opsætning af e-mailbeskeder

Du kan oprette forbindelse mellem CFX Maestro Dx SE og en udgående e-mailserver for at sende e-mailbeskeder ved kørslens afslutning til en liste med brugere. Du kan også vedhæfte en datafil og en analyserapport til listen over brugere. For yderligere oplysninger om forbindelsen mellem CFX Maestro Dx SE og din SMTP-server henvises til [Tilslutning af Security Edition til en SMTP-server](#) på side 81.

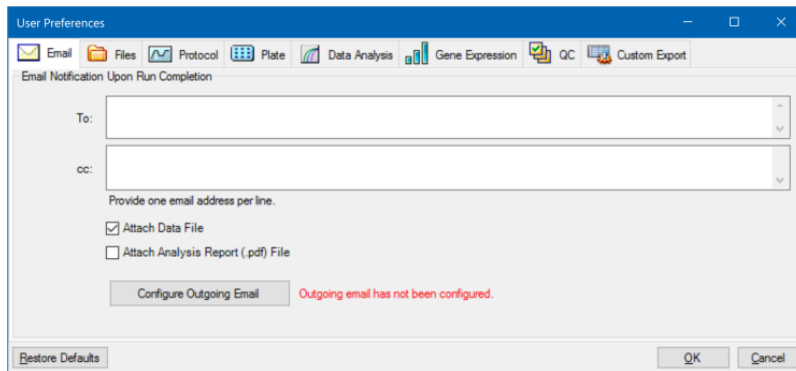
**Bemærk:** En brugers mulighed for at få adgang til e-mailopsætningsfunktionen afhænger af brugerens rolle og de rettigheder, brugeren har fået tildelt af administratoren. Se [Administration af](#)

[brugerroller i CFX Maestro Dx Software, Security Edition](#) på side 43 for nærmere oplysninger om administration af brugere og disses roller.

### Sådan opsættes e-mailbeskeder

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).

Dialogen User Preferences (Brugerpræferencer) vises med fanen Email (E-mail).



**Bemærk:** Systemet giver besked, hvis det registrerer, at der ikke er konfigureret en gyldig SMTP-server for CFX Maestro Dx SE. Klik på Configure Outgoing Email (Konfigurer udgående e-mail) for at åbne dialogboksen Options (Valgmuligheder) og konfigurere SMTP-serveren til e-mail. Se [Tilslutning af Security Edition til en SMTP-server på side 81](#) for yderligere oplysninger.

2. Indtast e-mailadressen for hver af de personer, der skal have besked, når kørslen er gennemført, i tekstfeltet To (Til). Alle modtagerne får en e-mail, så snart kørslen er gennemført.

**Bemærk:** Du skal angive hver enkelt e-mailadresse på en separat linje. Tryk på Enter eller Return efter hver adresse.

3. (Valgfrit) Indtast e-mailadressen for hver af de personer, der skal have en kopi af e-mailbeskederne, når kørslen er gennemført, i tekstfeltet cc.
4. (Valgfrit) Alle modtagere får som standard en kopi af datafilen som vedhæftet fil. Fjern markeringen af dette afkrydsningsfelt, hvis der ikke skal vedhæftes en kopi af datafilen.
5. (Valgfrit) Vælg Attach Analysis Report (Vedhæft analyserapport) for at vedhæfte en PDF med analyserapporten til e-mailen.
6. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).

**Bemærk:** Du kan muligvis konfigurere systemet til at sende en e-mail-meddelelse til din mobiltelefon afhængigt af din tjenesteudbyder. Kontakt din mobiltelefon-tjenesteudbyder for at få specifikke

oplysninger om e-mailadressen for din mobiltelefon. Indtast din telefons e-mailadresse (for eksempel 5552221234@din\_tjenesteudbyder\_EmailDomæne.net) i tekstfeltet på skærmen User Preferences (Brugerpræferencer).

### Sådan redigeres en modtagers e-mailadresse

- ▶ Rediger e-mailadressen efter behov, og klik på OK.

### Sådan fjernes en e-mailmodtager

1. Vælg e-mailmodtageren, og tryk på tasten Delete (Slet).
2. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesendes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.

### Tilslutning af Security Edition til en SMTP-server

**Vigtigt:** Visse kommercielle webmail-tjenesteudbydere har øget sikkerheden for e-mails. Hvis du bruger disse konti, skal du aktivere indstillingen **Allow less secure apps** (Tillad mindre sikre apps) i kontoindstillingerne for den relevante konto for at aktivere afsendelse af e-mail i CFX Maestro Dx SE. Se sikkerhedsoplysningerne for din webmail-tjenesteudbyder for yderligere oplysninger.

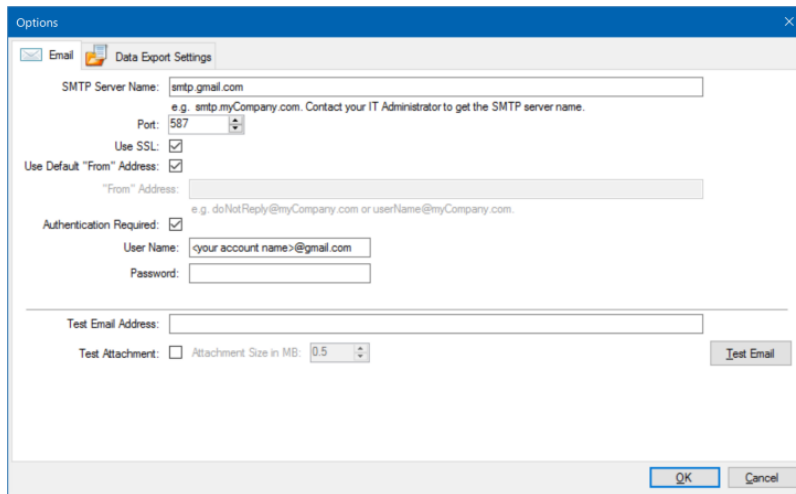
Hvis du bruger Google Gmail eller Microsoft Office 365 SMTP-server til at sende e-mails, skal du aktivere en 2-faktorgodkendelse og generere en "app-adgangskode" i dine Gmail- eller Office 365-kontoindstillinger. For godkendelse i dialogboksen Maestro Email Setup (Maestro e-mailopsætning) skal du kopiere og indsætte "app-adgangskoden" i feltet Password (Adgangskode) i stedet for den almindelige e-mailadgangskode.

Du skal oprette forbindelse mellem CFX Maestro Dx SE og din e-mailserver, før softwaren kan sende en e-mailbesked.

### Sådan oprettes der forbindelse mellem CFX Maestro Dx SE og en e-mailserver

1. Gør et af følgende:
  - Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer), og klik på Configure Outgoing Email (Konfigurer udgående e-mail) på fanen Email (E-mail).
  - Vælg Tools > Options (Værktøjer > Valgmuligheder).

Dialogboksen Options (Valgmuligheder) vises med fanen Email (E-mail).



2. Angiv følgende oplysninger for din virksomhed:

- **SMTP Server Name** (SMTP-servernavn) – navnet på den udgående e-mailserver i din virksomhed.
- **Port** – din SMTP-servers portnummer. Dette er normalt 25.
- **Use SSL** (Brug SSL) – mulighed for anvendelse af Secure Sockets Layer (SSL). Visse SMTP-servere kræver denne indstilling. Fjern markeringen i afkrydsningsfeltet, hvis det ikke kræves af din virksomhed.
- **Use Default "From" Address** (Brug standard "Fra"-adresse) – navnet på e-mailserveren i din virksomhed. Visse SMTP-servere kræver, at alle sendte e-mails har en "fra"-adresse, som er fra et bestemt domæne, f.eks. navn@dinvirksomhed.com. Hvis dette er tilfældet, skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet og angive en gyldig e-mailadresse.
- **Authentication Required** (Godkendelse kræves) – hvis websitet kræver kontogodkendelse, skal dette afkrydsningsfelt være markeret.
- **User Name** (Brugernavn) – navnet på den godkendte konto. Dette kræves kun, hvis Authentication Required (Godkendelse kræves) er valgt.

- **Password** (Adgangskode) – adgangskoden til den godkendte konto. Dette kræves kun, hvis Authentication Required (Godkendelse kræves) er valgt.

**Vigtigt:** Hvis du bruger Google Gmail eller Microsoft Office 365 SMTP-server til at sende e-mails, skal du aktivere en 2-faktorgodkendelse og derefter generere en "app-adgangskode" i dine Gmail- eller Office 365-kontoindstillinger. For godkendelse i dialogboksen Maestro Email Setup (Maestro e-mailopsætning) skal du kopiere og indsætte "app-adgangskoden" i feltet Password (Adgangskode) i CFX Maestro Dx SE i stedet for den almindelige e-mailadgangskode.

For at verificere at indstillingerne for SMTP-serveren er korrekte, skal du angive en gyldig e-mailadresse i tekstfeltet Test Email Address (Test e-mailadresse) og klikke på Test Email (Test e-mail).

**Bemærk:** Visse SMTP-servere tillader ikke vedhæftede filer, og andre tillader vedhæftede filer op til en bestemt størrelse. Hvis du vil sende datafiler og/eller rapporter via e-mail ved hjælp af CFX Maestro Dx SE, skal du vælge Test Attachment (Test vedhæftet fil) og indstille Attachment Size in MB (Størrelse på vedhæftet fil i MB) til 5 megabyte (MB) eller mere.

3. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

## Ændring af standardindstillinger for filer

På fanen Files (Filer) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer) kan du ændre følgende:

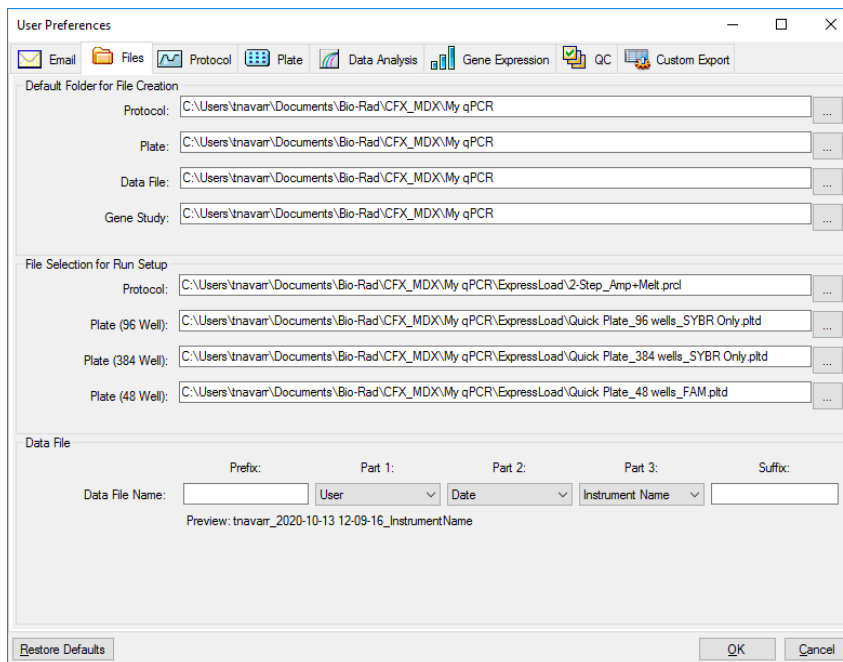
- Standardplaceringen, hvor filer gemmes i CFX Maestro Dx SE
- Standardfiler til kørselsopsætning
- Standardparametre for filnavngivning

### Sådan ændres standardindstillingerne for filer

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen Files (Filer) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).



## Kapitel 6 Startvinduet



3. Naviger til og vælg en standardmappe, hvor nye filer skal gemmes, i afsnittet Default Folder for File Creation (Standardmappe til filoprettelse). Du kan vælge en forskellig placering for hver filtype:
  - Protocol (Protokol)
  - Plate (Plade)
  - Data File (Datafil)
  - Gene Study (Genstudie)
4. I afsnittet File Selection for Run Setup (Filvalg til kørselsopsætning) skal du navigere til og vælge de protokol- og pladefiler for targets (målskvensner), som skal vises, når vinduet Experiment Setup (Eksperimentopsætning) åbnes.
5. Definer præfiks og/eller suffiks for datafiler i afsnittet Data File (Datafil). Vælg en ny værdi fra rullelisten for hver enkelt del. Det er desuden muligt at angive tilpassede præfiks- og suffiksværdier i tekstfelterne Prefix (Præfiks) og Suffix (Suffix).

CFX Maestro Dx SE viser en forhåndsvisning af filnavnet neden for valgfelterne.

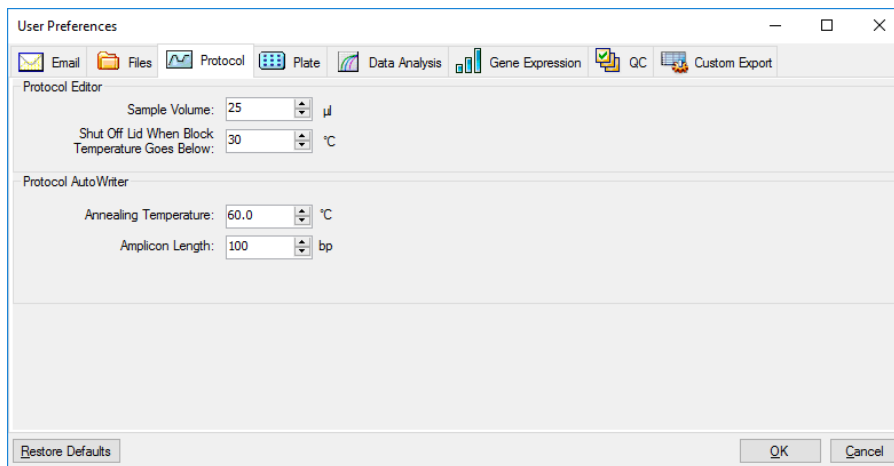
6. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesendes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.

## Indstilling af standardparametre for protokoller

### Sådan indstilles standardparametre for protokoller for Protocol Editor (Protokoleditor) og Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver)

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen Protocol (Protokol) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).



3. Angiv værdierne for følgende indstillinger, som vises i Protocol Editor (Protokoleditor), i afsnittet Protocol Editor (Protokoleditor):
  - **Sample volume** (Prøvevolumen) – volumenet for hver af prøverne i brøndene (i µl).
  - **Lid Shutoff temperature** (Lågets slukketemperatur) – den temperatur i °C ved hvilken varmelegemet i låget slukker under en kørsel.
4. Angiv værdierne for følgende indstillinger, som vises i Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver), i afsnittet Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver):
  - **Annealing temperature** (Hybridiseringstemperatur) – temperaturen i °C til eksperimenter, der bruger iProof DNA-polymerase, iTaq DNA-polymerase eller andre polymeraser.
  - **Amplicon length** (Amplikonlængde) – længden af amplikonet i bp.
5. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesendes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.

## Indstilling af standardparametre for plader

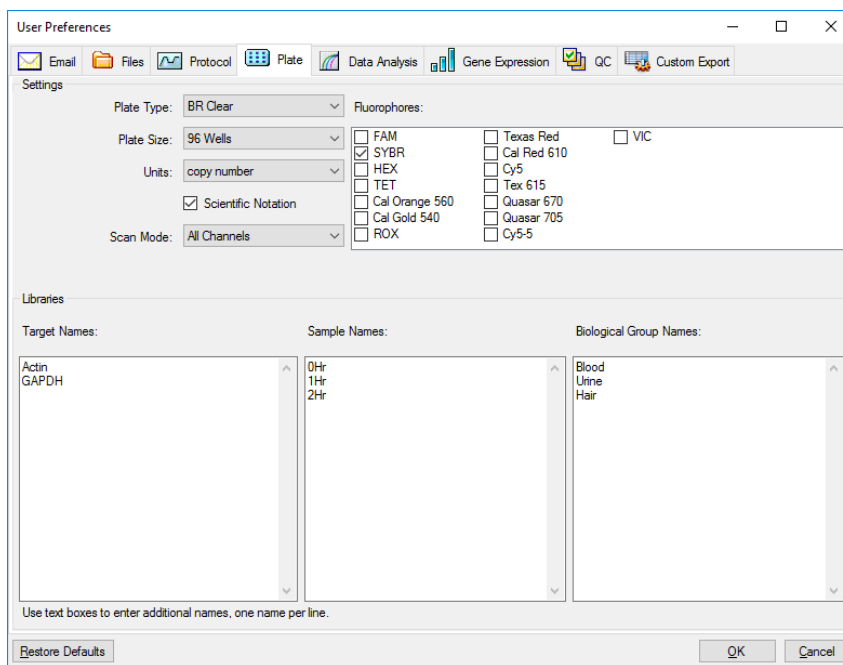
Ændringer, der foretages på fanen Plate (Plade), er tilgængelige for alle brugere af softwaren. Ændringer, der foretages under opsætningen af pladen, bliver tilgængelige for brugerne, når de er blevet gemt og pladefilen lukket.

I dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer) kan du gøre følgende:

- Indstille standardparametre for plader.
- Tilføje nye navne på målsekvenser (targets), prøver og biologiske grupper i de respektive biblioteker.
- Slette navne på målsekvenser (targets), prøver og biologiske grupper fra de respektive biblioteker.

### Sådan indstilles standardparametre for plader

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen Plate (Plade) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).



3. Angiv værdierne for følgende indstillinger for en ny pladefil. Disse værdier vises i vinduet Plate Editor (Pladeeditor):

- **Pladetype**

- **Pladestørrelse**

- **Units** (Enheder) – startkoncentrationen af target (målesekvensen) for brønde, som indeholder standarder.

CFX Maestro Dx SE bruger disse enheder til at oprette en standardkurve under Quantification (Kvantifikation) på fanen Data Analysis (Dataanalyse).

- **Scientific notation** (Videnskabelig notation) – når dette er valgt, viser CFX Maestro Dx SE koncentrationenhederne i videnskabelig notation.
- **Scan mode** (Scanningstilstand) – antallet eller typen af kanaler, der skal scannes under en kørsel.
- **Fluorophores** (Fluoroforer) – de standardfluoroforer, der vises i betjeningslementerne for brøndisætning i Plate Editor (Pladeeditor).
- **Libraries** (Biblioteker) – navnene på målesekvenser (targets), prøver og biologiske grupper, der typisk anvendes i eksperimenterne:
  - **Target names** (Navne på målesekvenser) – navnene på målgener og -sekvenser.
  - **Sample names** (Prøvenavne) – navnene på eksperimentprøver eller identificerende kendetegn for prøverne (f.eks. Mouse1, Mouse2, Mouse3).
  - **Biological group names** (Navne på biologiske grupper) – navnene på grupper af ensartede prøver, der har samme behandlingsstatus eller -betingelser (f.eks., 0Hr, 1Hr, 2Hr).

4. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

#### Sådan føjes et nyt navn til en målesekvens (target), prøve eller biologisk gruppe

- ▶ Indtast navnet på målesekvensen (target), prøven eller den biologiske gruppe i det relevante felt under Libraries (Biblioteker), og klik på OK.

#### Sådan slettes et navn på en målesekvens (target), prøve eller biologisk gruppe

- ▶ Vælg navnet i det relevante felt under Libraries (Biblioteker), og tryk på tasten Delete (Slet) og derefter på OK.

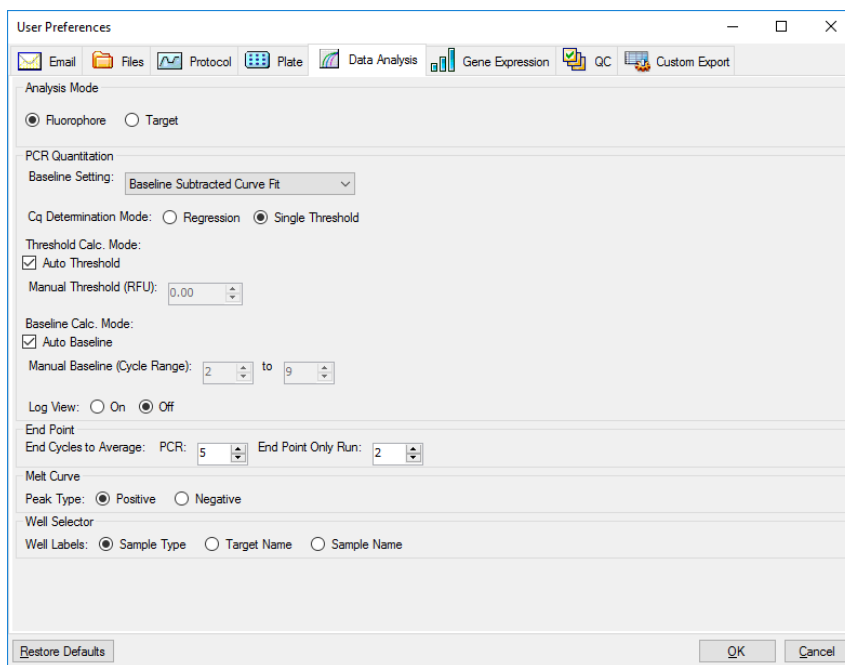
**Vigtigt:** Navne, du fjerner fra biblioteket, fjernes fra softwaren og er ikke længere tilgængelige for brugerne. For at gendanne standardnavnene i CFX Maestro Dx SE skal du klikke på Restore Defaults (Gendan standardindstillinger). Alle præferencer for alle faner kan tilbagesendes til de

oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du sletter standardnavne i CFX Maestro Dx SE, og når du klikker på denne knap.

## Indstilling af standardparametre for dataanalyse

### Sådan indstilles standardparametre for dataanalyse

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen Data Analysis (Dataanalyse) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).



3. Vælg den tilstand, der skal bruges til at analysere data (enten Fluorophore (Fluorofor) eller Target (Måsekvens)), i afsnittet Analysis Mode (Analysetilstand).
4. Indstil standardparametrene for de nedenstående valgmuligheder i afsnittet PCR Quantitation (PCR-kvantifikation):

- **Baseline Setting** (Baselineindstilling) – den baselinemetode, der skal anvendes i analysetilstand.
- **Cq Determination Mode** (Cq-bestemmelsestilstand) – den tilstand i hvilken C<sub>q</sub>-værdierne beregnes for hver enkel fluorescenskurvelinje (enten Regression (Regression) eller Single Threshold (Enkel tærskel)).
- **Threshold Calc. Mode** (Tærskelberegningstilstand) – slutpunktsmålmængden.

Standard er Auto (Automatisk). Det betyder, at softwaren automatisk beregner slutpunktsmålet. For at indstille en specifik tærskel skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Auto

(Automatisk) og indtaste den ønskede slutpunktsmængde beregnet i relative fluorescenseenheder (RFU). Maksimumværdien er 65.000,00 RFU'er. Datafilerne for efterfølgende kørsler vil anvende denne tærskelindstilling.

- **Baseline Calc. Mode** (Baselineberegningstilstand) – baselineværdien for alle kurvelinjer.

Standard er Auto (Automatisk). Det betyder, at softwaren automatisk beregner baseline for alle kurvelinjer. For at indstille en specifik baselineværdi skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Auto (Automatisk) og indtaste minimum- og maksimumværdier for cyklusområdet (1 til 9999). Datafilerne for efterfølgende kørsler vil anvende dette cyklusområde.

- **Log View** (Logvisning) – bestemmer, hvordan softwaren viser amplifikationsdataene:

- On** (Til) – amplifikationsdataene vises i en semilogaritmisk graf.
- Off** (Fra) (standardindstilling) – amplifikationsdataene vises i en lineær graf.

5. Vælg antallet af slutcyklusser til gennemsnitsberegning under udførelse af slutpunktsberegningerne i afsnittet End Point (Slutpunkt):

- **PCR** – antallet af slutcyklusser til gennemsnitsberegning af kvantifikationsdata (standard er 5).

- **End Point Only run** (Kun slutcyklusserpunktskørsel) – antallet af slutcyklusser til gennemsnitsberegning af slutpunktsdata (standard er 2).

6. Vælg den Peak Type (Kurvetoptype), der skal detekteres, i afsnittet Melt Curve (Smeltekurve) (enten Positive (Positiv) eller Negative (Negativ)).

7. Vælg, hvordan brøndbetegnelserne skal vises, i afsnittet Well Selector (Brøndvælger) (efter Sample Type (Prøvetype), Target Name (Navn på målsekvens) eller Sample Name (Prøvenavn)).

8. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesendes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.

## Indstilling af standardparametre for genekspressionsdatafiler

### Sådan indstilles standardparametrene for en ny genekspressionsdatafil

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen Gene Expression (Genekspression) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
3. Angiv værdierne for følgende indstillinger:
  - **Relative to** (I forhold til) – indtegner genekspressionsdataene i forhold til en kontrol (startende ved 1) eller i forhold til nul:
    - Zero** (Nul) – softwaren ignorerer kontrollen. Dette er standard, hvis der ikke er tildelt en kontrolprøve i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger).
    - Control** (Kontrol) – softwaren beregner dataene i forhold til den kontrolprøve, som er tildelt i vinduet Experiment Setup (Eksperimentopsætning).
  - **X-axis** (X-akse) – indtegner prøven eller måsekvensen (target) på x-aksen.
  - **Y-axis** (Y-akse) – indtegner lineær skala, log<sub>2</sub>- eller log<sub>10</sub>-skala på y-aksen.
  - **Scaling** (Skalering) – skaleringsindstillingen for grafen (standardindstillingen er Unscaled (Ikke skaleret)):
    - Highest** (Højeste) – softwaren skalerer grafen efter det højeste datapunkt.
    - Lowest** (Laveste) – softwaren skalerer grafen efter det laveste datapunkt.
    - Unscaled** (Ikke skaleret) – softwaren viser dataene uden skalering i grafen.
  - **Mode** (Tilstand) – analysetilstanden, enten relativ mængde ( $\Delta C_q$ ) eller normaliseret ekspression ( $\Delta\Delta C_q$ ).
  - **Error Bar** (Fejllinje) – datavariabilitet vist som enten standardafvigelse (Std. Dev.) eller middelfejlen på middelværdien (Std. Error Mean).
  - **Error Bar Multiplier** (Multiplikator for fejllinjer) – standardafvigelsesmultiplikator, der bruges til at indtegne fejllinjerne (standarden er 1).  
Du kan øge multiplikatoren til 2 eller 3.
  - **Sample Types to Exclude** (Prøvetyper, der skal udelades) – de prøvetyper, der skal udelades fra analysen.

Du kan vælge at udelade to eller flere prøver fra analysen. For at udelade alle prøvetyper skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfelterne for alle markerede prøvetyper.



4. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesættes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.

### Tilpasning af regler for kvalitetskontrol

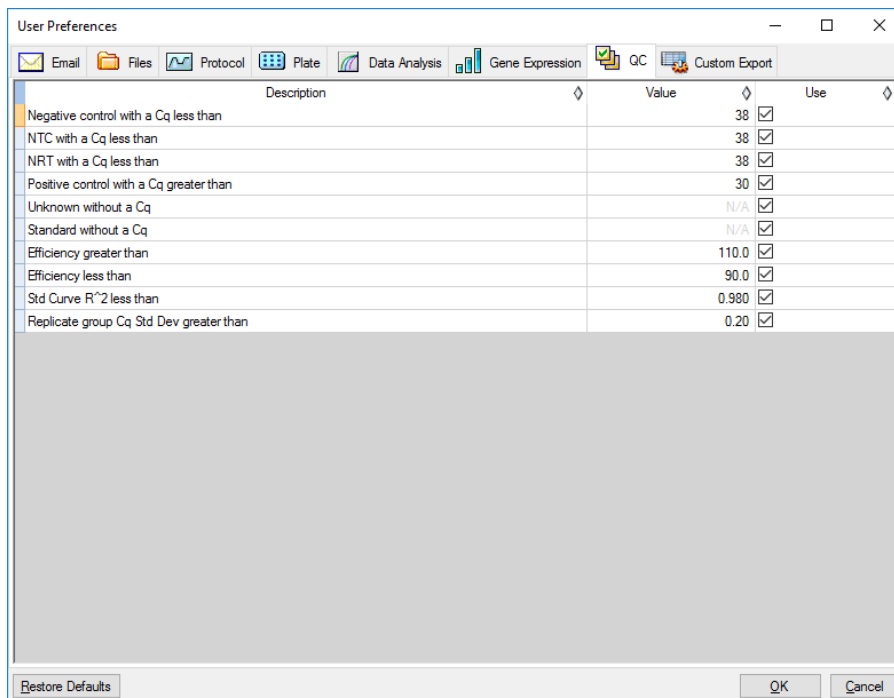
I CFX Maestro Dx SE er det muligt at indstille regler for kvalitetskontrol, der anvendes på data i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Softwaren validerer dataene iht. de indstillede regler.

**Bemærk:** Som standard er alle regler for kvalitetskontrol aktiveret.

**Tip:** Du kan nemt udelade brønde, der ikke består en kvalitetskontrolparameter, fra analysen i kvalitetskontrolmodulet i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

### Sådan tilpasses regler for kvalitetskontrol

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen QC (Kvalitetskontrol) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).



Hvor:

- **NTC** – ingen skabelonkontrol
  - **NRT** – ingen revers transkriptasekontrol
  - **Efficiency** (Effektivitet) – reaktionseffektivitet
  - **Std Curve R<sup>2</sup>** (Standardkurve R<sup>2</sup>) – R-kvadratværdi for standardkurven
  - **Replicate group Cq Std Dev** (Replikatgruppe Cq standardafvigelse) – standardafvigelse beregnet for hver replikatgruppe
3. Gør et af følgende for hver kvalitetskontrolregel:
- Hvis du vil bruge standardværdien, skal du ikke gøre noget.
  - Hvis du vil ændre værdien, skal du klikke på det tilhørende tekstfelt Value (Værdi), indtaste en ny værdi og trykke på tasten Enter.
  - Hvis du vil deaktivere reglen, skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Use (Brug).
4. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesættes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.

### Tilpasning af parametre for dataeksport

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

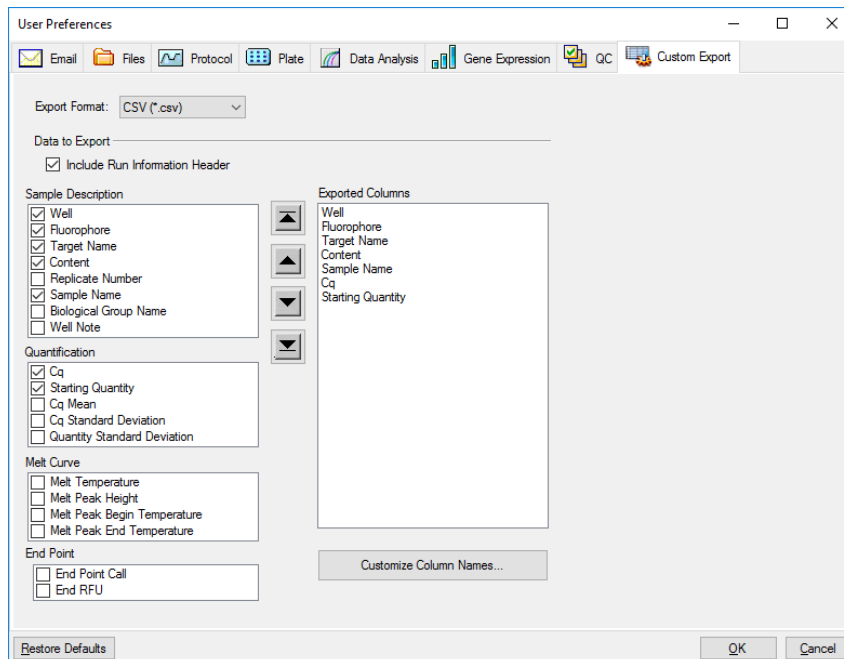
- Tekst (.txt)
- CSV (.csv)
- Excel (.xls, .xlsx)
- XML (.xml)
- HTML (.html)

**Vigtigt:** Din computer skal have Microsoft Excel installeret, for at du kan eksportere data til et Microsoft Excel-regneark.

Du kan angive typen af data, som skal eksporteres, og tilpasse det eksporterede data-output.

## Sådan tilpasses parametre for dataeksport

1. Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) for at åbne dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).
2. Vælg fanen Custom Export (Tilpasset eksport) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).



3. Vælg et format, som dataene skal eksporteres i, på rullelisten Export Format (Eksportformat).
4. Markér eller fjern markeringen i afkrydsningsfelterne for den type af data, der skal eksporteres, i afsnittet Data to Export (Data som skal eksporteres). De valgte elementer vises i listefeltet Exported Columns (Eksporterede kolonner).

**Bemærk:** Kørselsoplysningerne er som standard inkluderet i overskriften. Fjern markeringen i dette afkrydsningsfelt, hvis kørselsoplysningerne ikke skal medtages.

5. Du kan ændre outputvisningsrækkefølge for de valgte elementer.

Fremhæv elementet i listefeltet Exported Columns (Eksporterede kolonner), og klik på pileknapperne til venstre for listen for at flytte det op eller ned.

6. Kolonnenavnene for outputtet af de valgte elementer kan eventuelt ændres:

- a. Klik på Customize Column Names (Tilpas kolonnenavn).

Dialogboksen Column Name Customizer (Tilpasning af kolonnenavne) vises.

- b. Skriv et nyt navn i feltet Custom Name (Tilpasset navn) for hvert standardkolonnenavn, som skal ændres.
  - c. Gør et af følgende:
    - Klik på OK for at gemme ændringerne og vende tilbage til fanen Custom Export (Tilpasset eksport). Det nye navn vises i parentes ved siden af standardkolonnenavnet i listefeltet Exported Columns (Eksporterede kolonner).
    - Klik på Cancel (Annuller) for at rydde ændringerne og vende tilbage til fanen Custom Export (Tilpasset eksport).
7. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen.

**Vigtigt:** Alle præferencer for alle faner kan tilbagesendes til de oprindelige fabriksindstillinger ved at klikke på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Vær forsigtig, når du klikker på denne knap.



## Kapitel 7 Oprettelse af protokoller

En protokol er et sæt af trin, der udføres i en specifik rækkefølge. I CFX Maestro Dx Software, Security Edition er alle trinnene forbundet med valgmuligheder på instrumentet. For eksempel instruerer trinnene instrumentet i at kontrollere blokkens og lågets temperatur, anvende en temperaturforskel hen over blokken, tage en pladeaflysning eller udføre en smeltekurveanalyse. Hver valgmulighed er angivet for forskellige plade- og kørselstyper.

CFX Maestro Dx SE tilbyder to muligheder for oprettelse af protokoller: Protokol Editor (Protokoleditor) og Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver).

Protocol Editor (Protokoleditor) indeholder følgende funktioner:

- Standardbetjeningslementer for protokoller til hurtig oprettelse af protokoller
- Mulighed for hurtigt at beregne en gradient for det valgte antal rækker
- Mulighed for hurtigt at beregne kørselstid for den valgte pladetype
- Mulighed for at redigere protokoltrin
- Mulighed for at gemme protokoller med henblik på genanvendelse
- Mulighed for at udskrive protokollen til en standardprinter

Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) genererer automatisk en tilpasset PCR-protokol med hot-start, første denaturering, hybridisering og forlængelsestrin ved brug af de angivne parametre. Du kan derefter se en grafisk repræsentation af den foreslåede protokol og redigere, køre eller gemme protokollen.

## Parametre og områder for protokoltrin

Brug oplysningerne i [Tabel 7](#) til at ændre standardindstillingerne for trinene i din protokol.

### Temperaturtrin

Måltemperaturen er en værdi på mellem 4,0 og 100,0 °C, indstillet i tiendedele af en grad. Systemet varmer op til denne temperatur og holder denne temperatur i en bestemt tid (holdetiden).

### Gradienttrin

Gradientområdet er forskellen mellem de nedre og øvre temperaturer i et gradienttrin. Det maksimalt tilladte interval er 24 °C. Den laveste temperatur i en gradient kan have en værdi mellem 30,0 og 99,0 °C, indstillet i tiendedele af en grad. Den maksimale øvre temperatur er 100 °C. Reaktionsblokken varmes op til den ønskede temperaturgradient hen over blokken og holder temperaturen i en bestemt holdetid.

**Vigtigt:** Instrumentet beregner gradientværdien. Når du indtaster en værdi i gradientberegnerens øverste og nederste felt, beregner og tildeler softwaren automatisk temperaturerne for de resterende felter. Når du indtaster en temperatur i et hvilket som helst felt mellem det øverste og nederste felt, beregner instrumentet automatisk de resterende felter. Du kan ikke manuelt indtaste en temperaturværdi i hvert felt.

**Tabel 7. Parametre og -områder for protokoltrin**

| Parameter                     | Område  | Beskrivelse   |
|-------------------------------|---|---|
| Ramp rate<br>(Rampehastighed) | <ul style="list-style-type: none"> <li>■ For CFX Opus 96 Dx-systemer:<br/>0,1-5 °C pr. sek.</li> <li>■ For CFX Opus 384 Dx-systemer:<br/>0,1–2,5 °C pr. sek.</li> <li>■ For CFX Opus Deepwell Dx-systemer:<br/>0,1–2,5 °C pr. sek.</li> </ul> | <p>Indstiller hastigheden, hvorved reaktionsblokken varmes op til den ønskede temperatur.</p> <p>Vises kun som mulighed ved temperaturtrin.</p>   |
| Increment (Forøgelse)         | Et tal fra –10,0 til 10,0 °C pr. cyklus i tiendedele af en grad   | <p>Indstiller en given ændring i måltemperaturen for et temperaturtrin ved hver cyklus, hvor et positivt tal øger temperaturen, og et negativt tal sænker temperaturen.</p> <p>Vises kun som mulighed ved temperaturtrin.</p> |

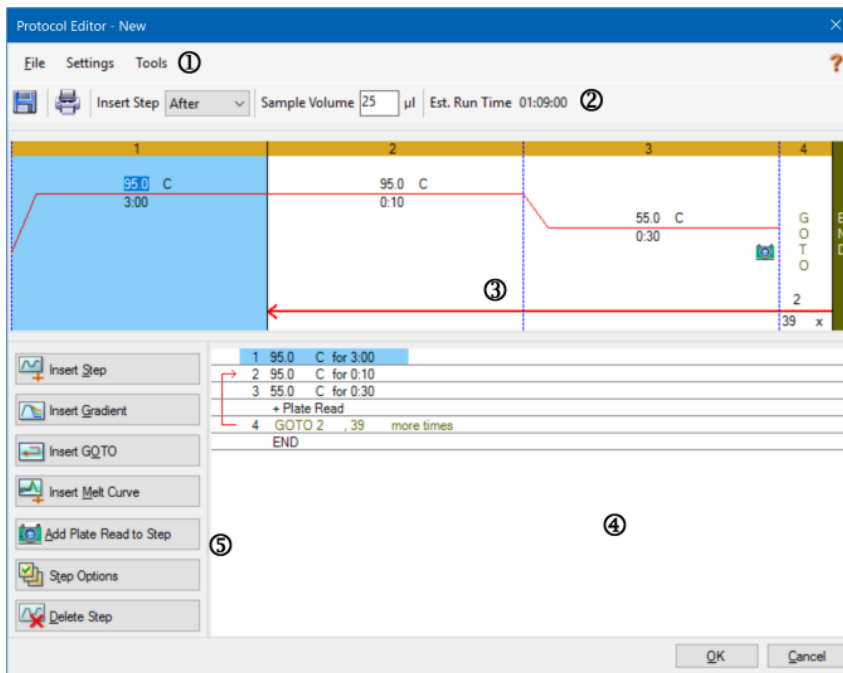
Tabel 7. Parametre og -områder for protokoltrin, fortsat

| Parameter                 | Område   | Beskrivelse   |
|---------------------------|--|---|
| Extend (Forlæng)          | En tid fra –60 til 60 sek. pr. cyklus          | Instruerer termocykleren om at forlænge holdetiden med hver cyklus. Et positivt tal øger holdetiden, og et negativt tal reducerer holdetiden.<br><br>Muligt ved både temperatur- og gradienttrin. |
| Beep (Bip)                | QC Parameters (Parametre for kvalitetskontrol) | Indstiller en bippelyd for at signalere, at reaktionsblokken har nået måltemperaturen.<br><br>Vises kun som mulighed ved temperaturtrin.  |
| Plate read (Plade aflæst) | QC Parameters (Parametre for kvalitetskontrol) | Tilføjer en pladeaflysning til det valgte trin.<br><br>Muligt ved både temperatur- og gradienttrin.   |



## Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor)

Brug Protocol Editor (Protokoleditor) til at oprette, gennemgå og redigere en protokol. Som standard viser Protocol Editor (Protokoleditor) en generisk totrins real-time-protokol for en plade med 96 brønde.



### FORKLARING

1. Menulinjen giver hurtig adgang til menuerne File (Fil), Settings (Indstillinger) og Tools (Værktøjer).
2. Værktøjslinjen giver hurtig adgang til at gemme og udskrive protokoller, bestemme hvor et trin skal indsættes, angive prøvolumen og se estimeret protokolkørselstid.
3. Hovedvinduet viser en grafisk gengivelse af protokollen.
4. Den nederste rude viser protokoloversigten.
5. Den venstre rude viser betjeningselementerne for protokollen, som du kan tilføje for at tilpasse protokollen.

## Kommandoer i menuen File (Fil)

**Save (Gem)** – gemmer den aktuelle protokol.

**Save As** (Gem som) – gemmer den aktuelle protokol med et nyt navn og på en ny placering.

**File Passwords** (Filadgangskoder) giver brugere mulighed for at indstille deres adgangskoder for lagring og åbning af filer.

**Tip:** Se [Adgangskodebeskyttelse af filer på side 50](#) for yderligere oplysninger.

**Close (Luk)** – lukker Protocol Editor (Protokoleditor).

## Kommandoer i menuen Settings (Indstillinger)

**Lid Settings** (Lågindstillinger) – åbner dialogboksen Lid Setting, hvor du kan ændre eller indstille lågets temperatur.

## Kommandoer i menuen Tools (Værktøjer)

**Gradient Calculator** (Gradientberegner) – åbner en dialogboks, hvor du kan vælge bloktypen til et gradienttrin. Standard er 96 brønde.

**Run time Calculator** (Kørselstidsberegner) – åbner en dialogboks, hvor du kan vælge pladetypen og scanningstilstand med henblik på at beregne den estimerede kørselstid i vinduet Run Setup (Kørselsopsætning). Standard er 96 brønde, alle kanaler.

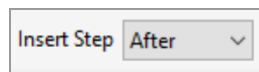
## Kommandoer på værktøjslinjen



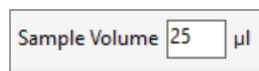
– gemmer den aktuelle protokolfil.



– udskriver det valgte vindue.

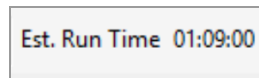


– brug denne kommando til at vælge, hvor du vil indsætte trin i forhold til det aktuelt valgte trin.



– brug denne kommando til at angive et prøvevolumen i µl. Prøvevolumenerne er forskellige afhængigt af bloktypen:

- For en blok med 96 brønde er området 0-50 µl.
- For en blok med 384 brønde er området 0-30 µl.
- For en blok med 96 dybe brønde er området 0-125 µl.



– viser den estimerede kørselstid baseret på protokoltrin, rampehastighed og den valgte bloktype.

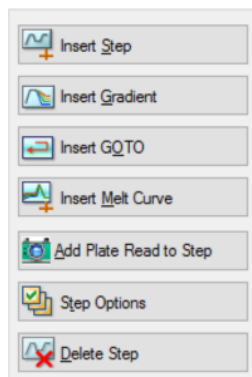


– viser Hjælp-oplysninger om protokoller.

## Betjeningselementer for protokolredigering

Venstre rude i vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) indeholder betjeningselementer, som du kan bruge til at oprette protokoller.

Hvert af disse betjeningselementer består af et sæt af parametre, som repræsenterer et trin i protokollen. Du kan redigere de enkelte parametre og tilføje eller fjerne dem for at tilpasse protokollen. Dette afsnit beskriver valgmulighederne for de enkelte betjeningselementer.



- **Insert Step** (Indsæt trin) – indsætter et trin før eller efter det valgte trin. Du kan redigere værdierne for temperatur og holdetid enten i den grafiske visning af protokollen eller i protokoloversigten.
- **Insert Gradient** (Indsæt gradient) – indsætter et gradienttrin baseret på typen af den brøndblok, der blev valgt i gradientberegneren. Du kan redigere gradientområdet i ruden Gradient, som vises, når der indsættes et gradienttrin.
- **Insert GOTO** (Indsæt GÅ TIL) – indsætter et cyklustrin (et loop), som giver besked til softwaren om at gentage specifikke trin i rækkefølge et angivet antal gange. Gentagelserne begynder, så snart den første cyklus er gennemført. For eksempel kan du bede softwaren om at udføre 39 repetitioner af trin 2-4. Efter den sidste repetition vil softwaren således have gennemført trin 2-4 i alt 40 gange. Du kan redigere retur til-trinnet (GOTO – GÅ TIL) og antallet af cyklusser enten i den grafiske visning eller i protokoloversigten.
- **Insert Melt Curve** (Indsæt smeltekurve) – indsætter et smeltekurveaflysningstrin.
- **Insert Plate Read to Step** (Indsæt pladeaflysning i trinnet) – tilføjer en pladeaflysningskommando til det valgte trin. En pladeaflysning måler mængden af fluorescens ved afslutningen af en cyklus. Pladeaflysningstrinnet er normalt det sidste trin i et GOTO-loop.

**Tip:** Når du tilføjer en pladeaflysningskommando til et trin, ændres knappen til Remove Plate Read (Fjern pladeaflysning), når trinnet vælges.

- **Remove Plate Read** (Fjern pladeaflysning) – fjerner en pladeaflysningskommando fra det valgte trin.

**Tip:** Når der fjernes en pladeaflysningskommando fra et trin, ændres knappen til Add Plate Read (Tilføj pladeaflysning), når trinnet vælges.

- **Step Options** (Valgmuligheder for trin) – åbner dialogboksen Step Options (Valgmuligheder for trin) og viser de tilgængelige valgmuligheder for det valgte trin. Se [Step Options \(Valgmuligheder for trin\) på side 104](#) for nærmere oplysninger om valgmulighederne for trin.

**Tip:** Du kan også åbne Step Options (Valgmuligheder for trin) ved at højreklikke på trinnet i den grafiske visning.

- **Delete Step** (Slet trin) – sletter det valgte trin fra protokollen.

## Step Options (Valgmuligheder for trin)

Åbn dialogboksen Step Options (Valgmuligheder for trin) for at vise de valgmuligheder, der kan tilføjes, ændres eller slettes fra et trin.

The screenshot shows the 'Step Options' dialog box for 'Step 1'. It includes the following controls:

- Plate Read
- Temperature: 95.0 °C
- Gradient: [ ] °C
- Increment: [ ] °C/cycle
- Ramp Rate: [ ] °C/sec
- Time: 3:00 sec/cycle
- Extend: [ ] sec/cycle
- Beep

On the right side, under the heading 'Gradient', there is a vertical column of eight empty input fields labeled A, B, C, D, E, F, G, and H.

- **Plate Read** (Pladeaflysning) – når feltet er markeret, tilføjes der en pladeaflysning til trinnet.
- **Temperature** (Temperatur) – indstiller måltemperaturen for det valgte trin.
- **Gradient** – indstiller gradientområdet for trinnet. Området er 1-24 °C.

**Bemærk:** En gradient kører med den laveste temperatur forrest på blokken (række H på billedet) og den højeste temperatur bagest på blokken (række A på billedet).

- **Increment** (Forøgelse) – antallet af grader, som temperaturen på det valgte trin skal øges (eller reduceres) med. Dette gradtal lægges til måltemperaturen med hver cyklus. Området er  $\pm 0, 1-10$  °C.

**Bemærk:** For at reducere temperaturen skal du sættes et minustegn (-) foran den numeriske værdi (for eksempel -5 °C).

- **Ramp Rate** (Rampehastighed) – rampehastigheden for det valgte trin. Området afhænger af blokkens størrelse.
- **Time** (Tid) – holdetiden for det valgte trin.

- **Extend** (Forlængelse) – den tid (i sekunder), som det valgte trin skal forlænges eller forkortes med. Denne valgmulighed lægges til holdetiden i hver cyklus. Området er  $\pm 1-60$  sek.
- **Beep** (Bip) — når dette er valgt, lyder der et bip under trinnet.

**Tip:** Hvis du indtaster en værdi, der ligger uden for det tilladte område, ændrer softwaren denne værdi til den, der ligger tættest på inden for området.

## Oprettelse af en protokol i Protocol Editor (Protokoleditor)

Du kan oprette brugerdefinerede protokolfiler med Protocol Editor (Protokoleditor). Du kan også redigere og gemme tidligere gemte protokolfiler eller eksempler på protokolfiler, der leveres sammen med CFX Maestro Dx SE.

For at oprette en ny protokolfil skal du gøre følgende:

- Åbn en protokolfil i Protocol Editor (Protokoleditor).

**Tip:** Du kan åbne en ny eller eksisterende protokol i Protocol Editor (Protokoleditor).

- Opsæt den nye protokol.
- Tilføj trin til protokollen fra ruden med protokollens kontroller.
- Rediger trinnenes egenskaber.
- Gem protokollen.

**Tip:** For oplysninger om oprettelse af en ny protokol ud fra en tidligere gemt protokolfil eller et eksempel på en protokolfil henvises til [Åbning af en eksisterende protokol i Protocol Editor \(Protokoleditor\)](#) på side 107.

## Åbning af en ny protokolfil i Protocol Editor (Protokoleditor)

I CFX Maestro Dx SE kan du åbne en ny protokolfil på forskellige måder:

- Fra menuen File (Fil) i startvinduet
- Fra dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning) i startvinduet
- Fra dialogboksen Startup Wizard (Guiden Opstart) i startvinduet

### Sådan åbnes en ny protokolfil fra menuen File (Fil)

- ▶ Fra startvinduet vælges File > New > Protocol (Fil > Ny > Protokol).

Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) åbnes med standardprotokolfilen.

**Tip:** For information om indstilling af standardprotokollen henvises til [Ændring af standardindstillinger for filer](#) på side 83.

### Sådan åbnes en ny protokol fra dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning)

1. Gør et af følgende i startvinduet for at åbne dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning):
  - Vælg Run > User-defined Run (Kør > Brugerdefineret kørsel).
  - Klik på User-defined Run (Brugerdefineret kørsel) på værktøjslinjen.

Dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning) åbnes med fanen Protocol (Protokol) og viser standardprotokolfilen.

2. Klik på Create New (Opret ny).

Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) åbnes og viser standard-real-time-protokollen.

### Sådan åbnes en ny protokolfil fra Startup Wizard (Guiden Opstart)

1. Gør et af følgende i startvinduet for at åbne Startup Wizard (Guiden Opstart), hvis den ikke allerede er åben:

- Vælg View > Startup Wizard (Vis > Guiden Opstart).
- Klik på Startup Wizard (Guiden Opstart) på værktøjslinjen.

2. Om nødvendigt vælges instrumenttypen på rullelisten.

3. Klik på User-defined (Brugerdefineret) som kørselstype.

Dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning) åbnes med fanen Protocol (Protokol) og viser standardprotokolfilen.

4. Klik på Create New (Opret ny).

Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) åbnes og viser standard-real-time-protokollen.

### Sådan åbnes en ny protokol fra menuen Run (Kør)

1. Gør et af følgende i startvinduet for at åbne dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning):

- Vælg Run > User-defined Run (Kør > Brugerdefineret kørsel).
- Klik på User-defined Run (Brugerdefineret kørsel) på værktøjslinjen.

Dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning) åbnes med fanen Protocol (Protokol) og viser standardprotokolfilen.

2. Klik på Create New (Opret ny).

Vinduet Protocol Editor (Protokoleditor) åbnes og viser standard-real-time-protokollen.

## Åbning af en eksisterende protokol i Protocol Editor (Protokoleditor)

CFX Maestro Dx SE leveres med eksempler på protokolfiler, som du kan redigere og gemme som brugerdefinerede nye protokoller. Du kan også oprette en ny protokol fra en eksisterende brugerdefineret protokol.



### Sådan åbnes et eksempel på en protokolfil

1. Vælg File > Open > Protocol (Fil > Åbn > Protokol) i startvinduet.  
Windows Stifinder åbnes som standard på placeringen for mappen med eksempler på filer i CFX Maestro Dx SE.
2. Åbn mappen med eksempler på filer. Følgende mapper vises:
  - **ConventionalProtocols** (Konventionelle protokoller) – indeholder eksempler på protokolfiler til traditionel PCR-analyse.
  - **DataFiles** (Datafiler) – indeholder eksempler på datafiler, som du kan bruge til at udforske funktionerne i CFX Maestro Dx SE.
  - **MeltCalibration** (Smeltekalibrering) – indeholder eksempler på protokolfiler, som du kan bruge med softwaren til præcisionssmelteanalyse i Bio-Rad.
  - **Plates** (Plader) – indeholder eksempler på pladefiler.
  - **RealTimeProtocols** (Real-Time-protokoller) – indeholder eksempler på protokolfiler til real-time PCR-analyse.
3. Åbn protokolmappen for den type kørsel, du vil udføre, enten ConventionalProtocols (Konventionelle protokoller) eller RealTimeProtocols (Real-Time-protokoller).
4. Vælg den ønskede protokol, og klik på Open (Åbn).  
Eksemplet på protokollen åbnes i vinduet Protocol Editor (Protokoleditor).
5. Vælg File > Save As (Fil > Gem som), og gem protokollen med et nyt navn eller i en ny mappe.

### Sådan åbnes en eksisterende protokol

1. Gør et af følgende i startvinduet:
  - Vælg File > Open > Protocol (Fil > Åbn > Protokol), naviger til og vælg den ønskede protokol, og klik derefter på Open (Åbn).
  - Åbn Startup Wizard (Guiden Opstart), og gør et af følgende:
    - For at redigere den viste protokol skal du klikke på Edit Selected (Rediger valgte).
    - For at redigere en anden eksisterende protokol skal du klikke på Select Existing (Vælg eksisterende) og navigere til den ønskede fil.

Protokollen åbnes i vinduet Protocol Editor (Protokoleditor).
2. Vælg File > Save As (Fil > Gem som), og gem protokollen med et nyt navn eller i en ny mappe.

## Opsætning af en ny protokol

**Tip:** Hvis protokolfilen allerede indeholder de påkrævede parametre (hvis du for eksempel redigerer en eksisterende pladefil), kan du springe dette afsnit over. Gå videre til [Tilføjelse af trin i en protokol på side 111](#).

Nye protokolfiler skal indeholde følgende parametre:

- Block type (Bloktipe)
- Scan mode (Scanningstilstand) for den valgte bloktype
- Lid temperature (Lågets temperatur)
- Sample Volume (Prøvevolumen)

## Opsætning af bloktypen

CFX Maestro Dx SE beregner automatisk temperaturstigninger for gradienttrin baseret på bloktypen.

**Bemærk:** Den pladetype, der er angivet i Protocol Editor (Protokoleditor), skal være den samme som pladen i reaktionsmodulet.

### Sådan angives bloktypen

- ▶ Vælg Tools (Værktøjer) > Gradient Calculator (Gradientberegner) i vinduet Protocol Editor (Protokoleditor), og vælg den relevante pladetype på den rulleliste, som vises.

## Valg af Scan Mode (Scanningstilstand) for den valgte Block Type (Bloktype)

For at bestemme protokollens kørselstid skal du vælge den ønskede bloktype og scanningstilstand.

### Sådan vælges bloktype og scanningstilstand

- ▶ Vælg Tools > Run time Calculator (Værktøjer > Beregner af kørselstid) i vinduet Protocol Editor (Protokoleditor), og vælg den relevante pladetype og scanningstilstand på den viste rulleliste.

## Tilpasning af lågets temperatur

CFX Maestro Dx SE indstiller lågets standardtemperaturer som følger:

- 96-brønds- og dybbrøndsinstrumenter - 105,0 °C
- 384-brønds-instrumenter – 95,0 °C

Du kan ændre standardindstillingerne eller slukke lågvarmeren, afhængigt af hvad der er behov for til protokollen.

### Sådan tilpasses lågets temperatur

1. Vælg Settings > Lid Settings (Indstillinger > Lågingstillinger) i vinduet Plate Editor (Pladeeditor). Dialogboksen Lid Settings (Lågingstillinger) åbnes.
2. Gør et af følgende:
  - Vælg User Defined (Brugerdefineret), og indtast en temperaturværdi i tekstfeltet.
  - Vælg Turn Off Lid Heater (Sluk lågvarmer).
3. Klik på OK for at acceptere ændringerne og lukke dialogboksen

## Indstilling af prøvevolumen

CFX Maestro Dx SE indstiller som standard prøvevolumen for hver brønd til 25 µl. Prøvevolumenerne er forskellige afhængigt af bloktypen, for eksempel:

- 0-50 µl for en blok med 96 brønde
- 0-30 µl for en blok med 384 brønde

Instrumentet anvender én af to temperaturkontroltilstande til at fastlægge, hvornår prøven når målttemperaturen i en protokol:

- **Calculated mode** (Beregnet tilstand) – når prøvevolumenet er indstillet til et volumen, der ikke er tom og er korrekt for blokken, beregner instrumentet prøvetemperaturen baseret på prøvevolumenet. Dette er standardtilstanden.
- **Block mode** (Bloktilstand) – når prøvevolumenet er indstillet til nul (0) µl, registrerer instrumentet prøvetemperaturen som den samme som den målte bloktemperatur.

### Sådan indstilles prøvevolumenet for en specifik blok

- ▶ Skriv den korrekte værdi i tekstfeltet Sample Volume (Prøvevolumen) på værktøjslinjen i vinduet Plate Editor (Pladeeditor).

**Tip:** Standardprøvevolumenet kan ændres i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).  
Se [Ændring af standardindstillinger for filer på side 83](#).

## Tilføjelse af trin i en protokol

### Sådan tilføjes et trin i en protokol

1. Åbn protokollen i vinduet Protocol Editor (Protokoleditor).
2. Find det sted, hvor det nye trin skal indsættes. Vælg Before (Før) eller After (Efter) fra rullelisten Step (Trin) på værktøjslinjen.
3. På grafen skal du vælge det trin, som du vil indsætte det nye trin før eller efter.
4. Klik på Insert Step (Indsæt trin) i venstre rude.
5. Hvis du vil ændre temperaturen eller holdetiden, skal du klikke på standardværdien i grafen eller protokoloversigten og indtaste en ny værdi.
6. (Valgfrit) I venstre rude kan du klikke på Step Options (Valgmuligheder for trin) for at få vist dialogboksen Step Options (Valgmuligheder for trin) og redigere de tilgængelige indstillinger for det valgte trin.

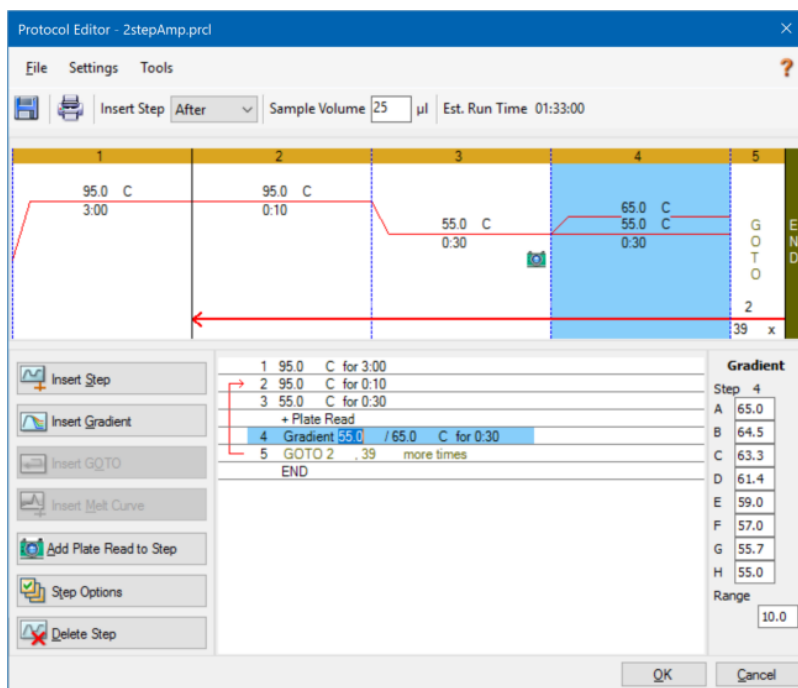
**Tip:** Du kan åbne dialogboksen Step Options (Valgmuligheder for trin) i genvejsmenuen i enten grafruden eller i ruden med protokoloversigten.

7. Klik på OK, og klik derefter på Yes (Ja) for at gemme protokolændringerne.  
Dialogboksen Save As (Gem som) vises.
8. Skriv navnet på den nye protokolfil i dialogboksen Save As (Gem som), og klik på Save (Gem).

## Indsættelse af et gradienttrin

### Sådan indsættes et gradienttrin

1. Kontrollér, at pladestørrelsen for gradienten er den samme som bloktypen for instrumentet: 96-brønds, 384-brønds eller dybbrønd.
2. Vælg pladestørrelsen for gradienten, hvis det ikke allerede er gjort:  
Vælg Tools > Gradient Calculator (Værktøjer > Gradientberegner), og vælg den relevante brøndtype på rullelisten.
3. På Værktøjslinjen vælges enten Before (Før) eller After (Efter) på rullelisten Insert Step (Indsæt trin).
4. I grafen eller oversigtsruden skal du vælge det trin, som gradienttrinnet skal indsættes før eller efter.
5. Klik på Insert Gradient (Indsæt gradient) i venstre rude. Det nye gradienttrin fremhæves i grafen og oversigtsruden, for eksempel:



Hver rækkes temperatur i gradienten vises i tabellen Gradient i højre rude.

6. For at redigere gradientens temperaturområde skal du gøre et af følgende:
  - Klik på standardtemperaturen i grafen eller oversigtsruden, og indtast en ny temperatur.
  - Klik på Step Options (Valgmuligheder for trin) for at indtaste gradientområdet i vinduet Step Options (Valgmuligheder for trin).
  - Rediger værdien Range (Område) i tabellen Gradient.
7. For at redigere holdetiden skal du klikke på standardtiden i grafik- eller tekstvisningen og indtaste en ny tid.
8. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne.

## Indsættelse af en forekomst af trinnet GOTO (GÅ TIL)

**Bemærk:** Du kan ikke indsætte en forekomst af trinnet GOTO (GÅ TIL) i et GOTO-sæt. Du kan ikke oprette indlejrede GOTO-loops.

### Sådan indsættes en forekomst af trinnet GOTO (GÅ TIL)

1. Vælg Before (Før) eller After (Efter) fra rullelisten Insert Step (Indsæt trin) på værktøjslinjen.
2. På grafen skal du vælge det trin, som du vil indsætte det nye trin GOTO (GÅ TIL) før eller efter.

3. Klik på Insert GOTO (Indsæt GÅ TIL) i venstre rude.
4. For at redigere nummeret for trinnet GOTO (GÅ TIL) eller antallet af gentagelse af GOTO (GÅ TIL) skal du vælge standardnummeret i grafen eller oversigtsruden og indtaste en ny værdi.
5. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne.

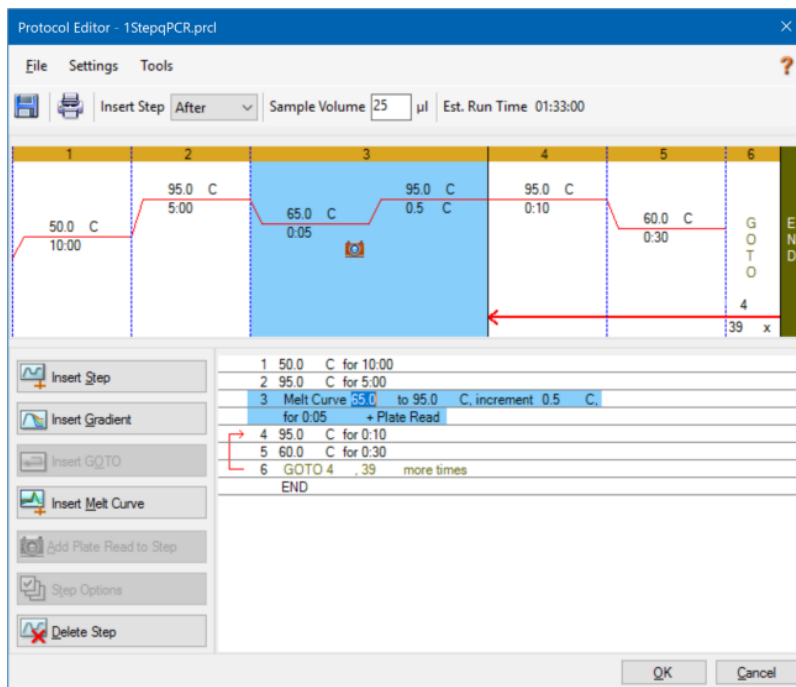
## Indsættelse af et smeltekurvetrin

**Tip:** Du kan ikke indsætte et smeltekurvetrin i et GOTO-loop.

**Bemærk:** Smeltekurvetrinnet omfatter en 30-sekunders pause i begyndelsen af trinnet, som ikke er vist i protokollen.

### Sådan indsættes et smeltekurvetrin

1. Vælg Before (Før) eller After (Efter) fra rullelisten Insert Step (Indsæt trin) på værktøjslinjen.
2. På grafen skal du vælge det trin, som du vil indsætte smeltekurvetrinnet før eller efter.
3. Klik på Insert Melt Curve (Indsæt smeltekurve) i venstre rude. Det nye smeltekurvetrin fremhæves i grafen og oversigtsruden, for eksempel:



4. For at redigere smeltetemperaturområde eller stigningstid skal du vælge standardtallet i grafen eller oversigtsruden og indtaste en ny værdi.

5. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne.



## Tilføjelse eller fjernelse af trinnet Plate Read (Pladeaflysning)

**Tip:** Når du tilføjer en pladeaflysningskommando til et trin, ændres knappen til Remove Plate Read (Fjern pladeaflysning), når trinnet vælges.

### Sådan tilføjes en pladeaflysning til et trin

1. Vælg Before (Før) eller After (Efter) fra rullelisten Insert Step (Indsæt trin) på værktøjslinjen.
2. På grafen skal du vælge det trin, som pladeaflysningstrinnet skal indsættes før eller efter.
3. Klik på Add Plate Read (Tilføj pladeaflysning) i venstre rude for at tilføje en pladeaflysning til det valgte trin.
4. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme ændringerne.

### Sådan fjernes en pladeaflysning fra et trin

- ▶ På grafen skal du vælge det trin, som indeholder pladeaflysningen, og klikke på Remove Plate Read (Fjern pladeaflysning) i venstre rude.

## Ændring af Step Options (Valgmuligheder for trin)

### Sådan ændres valgmuligheder for trin for et valgt trin

1. Vælg det ønskede trin i grafen eller oversigtsruden.
2. I den venstre rude skal du klikke på Step Options (Valgmuligheder for trin) for at åbne dialogboksen Step Options (Valgmuligheder for trin).  
  
Alternativt kan du højreklikke på det ønskede trin i en af ruderne. Vælg derefter Step Options (Valgmuligheder for trin) i den viste menu.
3. Sådan tilføjes, ændres eller fjernes valgmuligheder:
  - Indtast en værdi i det relevante tekstfelt.
  - Rediger en værdi i det specifikke tekstfelt.
  - Markér eller fjern markeringen i et afkrydsningsfelt.
4. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen Step Options (Valgmuligheder for trin).
5. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme protokollen.

## Sletning af et trin

**Vigtigt:** Du kan ikke fortryde denne handling. Vær forsigtig, når du sletter trin.

### Sådan slettes et trin i protokollen

1. Vælg trinnet i grafen eller oversigtsruden.
2. Klik på Delete Step (Slet trin) i venstre rude for at slette det valgte trin.
3. Klik på OK og derefter på Yes (Ja) for at gemme protokollen.

## Kopiering, eksport eller udskrivning af en protokol

### Sådan kopieres en protokol

- ▶ Højreklik på protokoloversigten, og vælg Copy Protocol (Kopier protokol).  
Protokoloversigten kan indsættes i en .txt-, .xls-, .doc- eller .ppt-fil.

### Sådan eksporteres en protokol

1. Højreklik på protokoloversigten, og vælg Export Protocol (Eksportér protokol).  
Dialogboksen Save As (Gem som) vises.
2. (Valgfrit) Naviger til en mappe i Windows Stifinder, hvor protokolfilen skal gemmes.
3. Skriv et navn til den eksporterede protokolfil i File Name (Filnavn).
4. Klik på Save (Gem).

### Sådan udskrives en protokol

- ▶ Højreklik på protokoloversigten, og vælg Print (Udskriv).  
Protokoloversigten kan udskrives på standardprinterens.

## Oprettelse af en protokol med Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver)

**Vigtigt:** Bio-Rad giver ingen garanti for, at kørsel af en protokol, som er oprettet med Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver), altid vil resultere i et PCR-produkt.

Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) i CFX Maestro Dx SE genererer cyklusprotokoller automatisk baseret på følgende inputparametre:

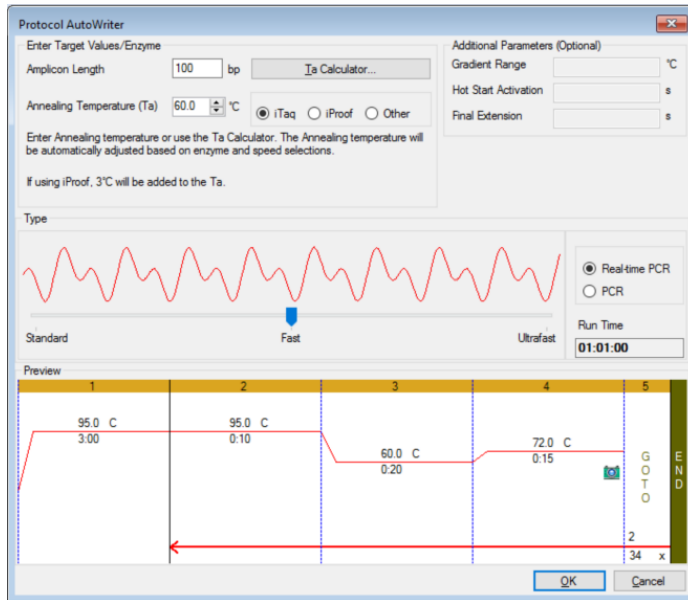
- **Amplicon length** (Amplikonlængde) – PCR-produktets forventede længde
- **Annealing temperature** (Hybridiseringstemperatur) – reaktionens  $T_a$  for de anvendte primere  
  
Hvis  $T_a$  er ukendt, kan du bruge  $T_a$  calculator ( $T_a$ -beregneren) til at beregne det automatisk baseret på primersekvenserne.  
  
**Bemærk:**  $T_a$  tilpasses fra oplysningerne om primersmeltetemperaturen ( $T_m$ ), som er baseret på det valgte enzym og protokolhastigheden.
- **Enzyme type** (Enzymtype) – DNA-polymeraseenzymet (iTag, iProof DNA-polymerase eller Other (Andet))  
  
Hvis du bruger et andet enzym end iTag eller iProof DNA-polymerase, kan du angive yderligere oplysninger, herunder gradientområde, hot-start-aktiveringstid (i sek.) og endelig forlængelsestid (i sek.).
- **Run speed** (Kørselshastighed) – reaktionshastigheden (standard, hurtig eller ultrahurtig)  
  
Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) optimerer protokollen afhængigt af den valgte hastighedsindstilling. Den samlede kørselstid bestemmes af antallet af trin og cyklusser, inkubationstiden for hvert trin og den tid, det tager at nå ensartethed ved måltemperaturen.

På baggrund af de indtastede parametre og standard-PCR-retningslinjer genererer Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) automatisk en tilpasset PCR-protokol med hot-start, første denaturering, hybridisering og yderligere trin. Du kan derefter se en grafisk repræsentation af den foreslåede protokol og redigere, køre eller gemme protokollen.

## Sådan oprettes en ny protokol med Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) i CFX Maestro Dx SE

1. Vælg Tools > Protocol AutoWriter (Værktøjer > Automatisk protokolskriver) i startvinduet.

Dialogboksen Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) åbnes.



2. Gør følgende i afsnittet Enter Target Values/Enzyme (Angiv målværdier/enzym):

- Indtast hybridiseringstemperaturen ( $T_a$ ) for primerne, hvis den kendes.

**Tip:** Se [Brug af Ta Calculator \(Ta-beregneren\)](#) på side 120 for yderligere oplysninger.

**Bemærk:** For oplysninger om de beregninger, der anvendes i  $T_a$  calculator (Ta-beregneren), henvises til Breslauer et al. 1986.

- Angiv ampliconlængden i basepar (bp).
- Vælg en enzymtype på listen over muligheder (iTaq DNA polymerase, iProof DNA polymerase eller Other (Andet)).

**Tip:** Hvis du vælger Other (Andet) som enzymtype, aktiveres parametrene i afsnittet Additional Parameters (Optional) (Yderligere parametre (valgfrit)).

3. Hvis du vælger Other (Andet) som enzymtype, kan du tilføje et eller alle af de følgende parametre i protokollen:
  - Gradient range (Gradientområde)
  - Hot start activation temperature (Hot-start-aktiveringstemperatur)
  - Final extension time (Endelig forlængelsestid)
4. I afsnittet Type kan du flytte skyderen for at vælge en protokolhastighed (Standard, Fast (Hurtig) eller Ultrafast (Ultrahurtig)). CFX Maestro Dx SE tilpasser den totale kørselstid.
5. Vælg den PCR-type, der skal udføres (Real-time PCR er standard).

Med Real-time PCR tilføjer CFX Maestro Dx SE et plade aflæsningstrin til indsamling af fluorescensdata.
6. Gennemgå protokollen i afsnittet Preview (Forhåndsvisning). Du kan foretage ændringer efter behov.
7. Gør et af følgende:
  - Klik på OK for at gemme den nye protokol. Efter lagring åbnes protokollen i Startup Wizard (Guiden Opstart). Klik på Edit Selected (Rediger valgte) for at foretage ændringer i protokollen. Det kan for eksempel være nødvendigt at ændre lågets temperatur og prøvevolumenet.
  - Klik på Cancel (Annuller) for at lukke vinduet uden at gemme protokollen.

## Brug af $T_a$ Calculator (Ta-beregneren)

Hvis hybridiseringstemperaturen for primeren er ukendt, kan du bruge  $T_a$  Calculator (Ta-beregneren) til at beregne værdien. Du kan bruge værdien i Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) eller i Protocol Editor (Protokoleditor) til at oprette din protokol.

### Om $T_a$ Calculator (Ta-beregneren)

$T_a$  Calculator (Ta-beregneren) beregner  $T_m$ -værdien for hver primer såvel som  $T_a$ -værdien for protokollen ved standardhastighed.

$T_a$  for protokollen er baseret på de gennemsnitlige primer  $T_m$ -værdier, hvor følgende regler er anvendt:

- Hvis differencen mellem primer  $T_m$ -værdierne er  $> 4$  °C, er  $T_a = (\text{den mindste af de to primer } T_m\text{-værdier} + 2) - 4$  °C
- Hvis forskellen mellem  $T_m$ -værdierne er  $\leq 4$  °C, er  $T_a = (\text{gennemsnit af primer } T_m\text{-værdierne}) - 4$  °C

## Basepar-tællemetode

For hver primer bruger  $T_a$ -beregneren basepar-tællemetoden for sekvenser på 14 eller færre basepar (bp).

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

hvor w, x, y og z er tallene for disse baser for henholdsvis A, T, G og C i sekvensen.

## Nærmeste nabo-metode

For sekvenser, der er længere end 14 bp, bruges nærmeste nabo-metoden. I nærmeste nabo-metoden er beregningerne af smeltetemperaturen baseret på termodynamiske forhold mellem entropi (orden eller et mål for tilfældighed i oligonukleotidet), entalpi (varme afgivet eller absorberet af oligonukleotidet), fri energi og temperatur.

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

Hvor:

- $\Delta H$  = entalpiværdi, cal/mol\*K
- T = temperatur, Kelvin
- $\Delta S$  = entropiværdi, cal/mol\*K
- $\Delta G$  = Gibbs frie energi i cal/mol\*K

Ændringen i entropi og entalpi beregnes direkte ved at addere værdierne for nukleotidpar vist i [Tabel 8](#) (Breslauer et al. 1986).

Forholdet mellem den frie energi og koncentrationen af reaktanter og produkter i ligevægt er givet ved:

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

hvor R er gaskonstanten (1,986 cal/mol\*K).

Udskiftning af G i de to ligninger og løsning med hensyn til T giver

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

når det antages, at koncentrationen af DNA og DNA-primerkomplekset er lig med hinanden.

Det er blevet bestemt empirisk, at der er en ændring på 5 kcal fri energi (3,4 kcal) (Sugimoto et al. 1996) under transitionen fra enkeltstrenget til B-formet DNA. Dette er antageligt helix-initieringsenergi. Endelig giver tilføjelse af en justering for salt den ligning, som bruges af  $T_a$ -beregneren:

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

Der er ikke behov for en justeringskonstant for saltkoncentrationen, da de forskellige parametre blev bestemt ved for 1 M NaCl, og  $\log_{10}$  af 1 er nul.

De termodynamiske beregninger antager, at hybridisering sker ved pH 7,0.  $T_m$ -beregningerne antager, at sekvenserne ikke er symmetriske og indeholder mindst et G eller C.

Den oligonukleotide sekvens skal være mindst 14 baser lang for at kunne give rimelige  $T_m$ -værdier. Mindre end 14 baser bruger basepar-tællemetoden (se [Tabel 8](#) nedenfor).

**Tabel 8. Breslauer-interaktionskonstanter**

| Interaktion |    | $\Delta H$ | $\Delta S$ | $\Delta G$ |
|-------------|----|------------|------------|------------|
| AA          | TT | 9,1        | 24         | 1,5        |
| AT          | TA | 8,6        | 23,9       | 1,5        |
| AC          | TG | 6,5        | 17,3       | 1,3        |
| AG          | TC | 7,8        | 20,8       | 1,6        |
| TA          | AT | 6          | 16,9       | 0,9        |
| TT          | AA | 9,1        | 24         | 1,9        |
| TC          | AG | 5,6        | 13,5       | 1,6        |
| TG          | AC | 5,8        | 12,9       | 1,9        |
| CA          | GT | 5,8        | 12,9       | 1,9        |
| CT          | GA | 7,8        | 20,8       | 1,6        |
| CC          | GG | 11         | 26,6       | 3,1        |
| CG          | GC | 11,9       | 27,8       | 3,6        |
| GA          | CT | 5,6        | 13,5       | 1,6        |
| GT          | CA | 6,5        | 17,3       | 1,3        |
| GC          | CG | 11,1       | 26,7       | 3,1        |
| GG          | CC | 11         | 26,6       | 3,1        |

## Brug af T<sub>a</sub>-beregneren

### Sådan anvendes T<sub>a</sub> Calculator (Ta-beregneren)

- For at åbne T<sub>a</sub> Calculator (Ta-beregneren) skal du gøre et af følgende:
  - Klik på T<sub>a</sub> Calculator (Ta-beregneren) i Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver).
  - Vælg Tools > T<sub>a</sub> Calculator (Værktøjer > Ta-beregner) i startvinduet.

Dialogboksen T<sub>a</sub> Calculator (Ta-beregner) vises.

- Skriv eller indsæt forward primer-sekvensen i tekstfeltet Forward Primer.
 

**Tip:** Du kan desuden bruge knapperne A, T, G og C i venstre side af dialogboksen til at indtaste sekvensen.
- Skriv eller indsæt reverse primer-sekvensen i tekstfeltet Reverse Primer.
- Klik på Calculate (Beregn).



T<sub>a</sub> Calculator (T<sub>a</sub>-beregneren) beregner og viser T<sub>m</sub> for hver primer og de gennemsnitlige T<sub>m</sub>- og T<sub>a</sub>-værdier, for eksempel:

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

Hvis primer-T<sub>m</sub>-værdierne er mere end 4 °C fra hinanden, anvender Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver) den laveste primer-T<sub>m</sub>-værdi + 2 °C som udgangspunkt for beregning af T<sub>a</sub>-værdien, hvilket kan ændres yderligere ved at modificere enzym- og reaktionshastighed.

T<sub>a</sub> Calculator (T<sub>a</sub>-beregneren) genererer en hybridiseringstemperatur for standardhastighed med iTaq DNA-polymerase. Når der bruges et andet enzym, justerer hastighedsindstillingerne automatisk T<sub>a</sub>.

5. Gør et af følgende:

- Klik på OK, hvis T<sub>a</sub> Calculator (T<sub>a</sub>-beregneren) blev åbnet fra Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver). Du vender tilbage til Protocol AutoWriter (Automatisk protokolskriver). Hybridiseringstemperaturen modificeres automatisk.
- Hvis T<sub>a</sub> Calculator (T<sub>a</sub>-beregneren) blev åbnet fra menuen Tools (Værktøjer), skal du registrere beregningerne og klikke på Cancel (Annuller) for at lukke beregneren.

## Kapitel 8 Klargøring af plader

En pladefil indeholder oplysninger om kørselsparametre som for eksempel scanningstilstand, fluoroforer og brøndenes indhold. Efter kørslen sammenkæder CFX Maestro Dx Software, Security Edition brøndens indhold med de fluorescensdata, der blev indsamlet under kørslen, og udfører den relevante analyse i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). For eksempel anvendes brønde, der indeholder standardprøvetype, til at generere en standardkurve.

CFX Maestro Dx SE tilbyder to muligheder for oprettelse af plader: Plate Editor (Pladeeditor) til real-time PCR-kørsler og Setup Wizard (Guiden Opsætning) til normaliseret genekspressionsanalyse.

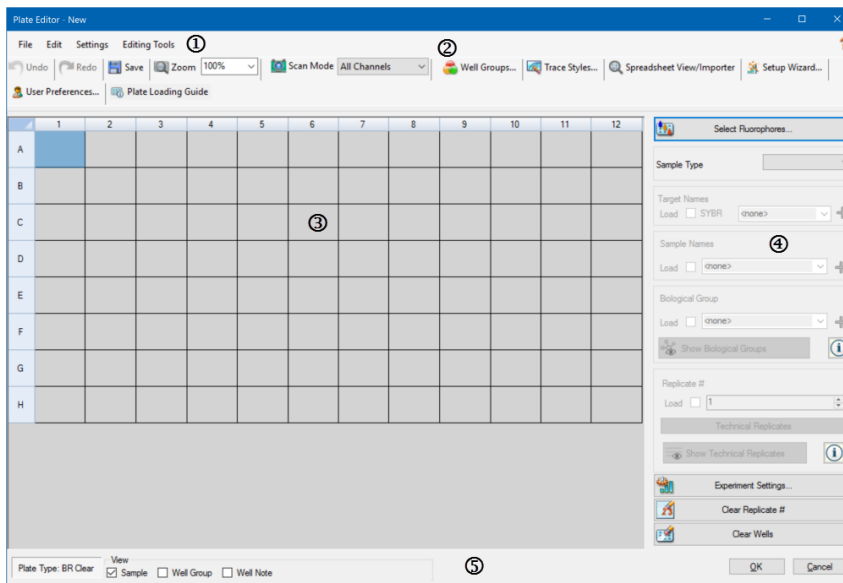
Plate Editor (Pladeeditor) indeholder følgende funktioner:

- Standardfluoroforer og prøvetyper til tildeling til pladebrønde
- Mulighed for at indstille referencemåsekvens (target) og kontrolprøve til genekspressionsanalyse
- Mulighed for at redigere pladens opsætning før, under og efter en kørsel
- Mulighed for at gemme pladefilen til genanvendelse
- Mulighed for at udskrive pladefilen på en standardprinter

Setup Wizard (Guiden Opsætning) fører brugeren gennem de trin, der skal til for at oprette et pladelayout til normaliseret genekspressionsanalyse. Setup Wizard (Guiden Opsætning) kan bruges før, under og efter en kørsel.

## Vinduet Plate Editor (Pladeeditor)

Du kan bruge Plate Editor (Pladeeditor) til at oprette brugerdefinerede plader eller til at redigere eksisterende plader.



### FORKLARING

1. Menulinjen giver hurtig adgang til menuen File (Fil) og Settings (Indstillinger) samt til valgmuligheder i værktøjerne til pladeredigering.
2. Værktøjslinjen giver hurtig adgang til vigtige pladeopsætningsfunktioner.
3. Hovedvinduet viser oversigt og valgmuligheder for plader, efterhånden som de anvendes.
4. Den højre rude viser valgmuligheder, som du kan bruge til at tilpasse pladen.
5. Den nederste rude viser pladetype og giver hurtig adgang til visningsindstillinger.

## Kommandoer i menuen File (Fil)

**Save (Gem)** – gemmer pladedatafilen på den placering, der er angivet på fanen File (Fil) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Se [Ændring af standardindstillinger for filer på side 83](#) for yderligere oplysninger. Dette menupunkt er kun tilgængeligt, når der oprettes en ny pladefil.

**Save As (Gem som)** – gemmer den aktuelle pladedatafil med et nyt navn, du angiver. Dette menupunkt er kun tilgængeligt, når der oprettes en ny pladefil.

**File Passwords** (Filadgangskoder) giver brugere mulighed for at indstille deres adgangskoder for lagring og åbning af filer.

**Extract Plate** (Ekstraher plade) – åbner en dialogboks, hvor du kan ekstrahere/gemme pladefilen (.pltd). Dette menupunkt er kun tilgængeligt, når der vises eller redigeres en eksisterende pladefil.

**Print** (Udskriv) – udskriver den åbne pladedatafil.

**Close (Luk)** – lukker Plate Editor (Pladeeditor).

## Kommandoer i menuen Edit (Rediger)

**Undo** (Fortryd) – tilbagefører en ændring af en pladefil, indtil pladen gemmes.

**Redo** (Annuller Fortryd) – tilbagefører den seneste Fortryd-handling, medmindre pladefilen er blevet gemt.

## Kommandoer i menuen Settings (Indstillinger)

**Plate Size** (Pladestørrelse) – åbner en dialogboks, hvor du kan vælge pladestørrelse til kørslen.

**Bemærk:** Pladestørrelsen skal være den samme som blokstørrelsen på det instrument, hvor kørslen udføres.

**Vælg 96-brønd for:**

- CFX Opus 96 Dx
- CFX Opus Deepwell Dx

**Vælg 384-brønd for:**

- CFX Opus 384Dx

**Plate Type** (Pladetype) – giver dig mulighed for at vælge den type brønde i pladen, som indeholder dine prøver, enten BR White (BR Hvid) eller BR Clear (BR Klar). For at opnå en nøjagtig dataanalyse skal den valgte pladetype være den samme som den pladetype, der anvendes i kørslen.

**Bemærk:** Du skal kalibrere nye pladetyper. Se [Kalibrering af nye farvestoffer på side 75](#) for yderligere oplysninger.

**Number Convention** (Nummerkonvention) – giver dig mulighed for at vælge eller fravælge visning af enheder i videnskabelig notation. Standarden er visning af enheder i videnskabelig notation.

**Units** (Enheder) – giver dig mulighed for at vælge de enheder, der skal vises i regnearkene ved udførelse af kvantifikation af ubekendte kontra en standardkurve.

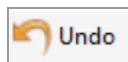
## Kommandoer i menuen Editing Tools (Redigeringsværktøjer)

**Setup Wizard** (Guiden Opsætning) – åbner Setup Wizard (Guiden Opsætning), hvor der kan defineres layout- og analyseparametre for den aktuelle plade. Du kan bruge Setup Wizard (Guiden Opsætning) før, under og efter en kørsel.

**Spreadsheet View/Importer** (Visning/import af regneark) – åbner dialogboksen View (Vis), der viser pladens layout som en skabelon i regnearksformat. Du kan bruge denne dialogboks til at eksportere eller importere pladeskabelondata i .csv-format.

**Flip Plate** (Vend plade) – vender pladens indhold 180°.

## Kommandoer på værktøjslinjen



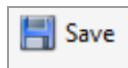
Undo

Tilbagefører en ændring af en plade. CFX Maestro Dx SE understøtter op til ti fortrydelseshandlinger



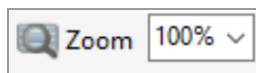
Redo

Tilbagefører den seneste Fortryd-handling. CFX Maestro Dx SE understøtter op til ti gentagelseshandlinger.



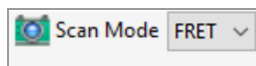
Save

Gemmer den aktuelle pladefil.



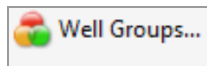
Zoom 100% ▾

Viser en rulleliste, hvor du kan forøge eller formindske forstørrelsen af pladevisningen.



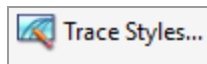
Scan Mode FRET ▾

Viser en rulleliste, hvor du kan vælge en scanningstilstand, som instruerer instrumentet i, hvilke kanaler det skal indsamle fluorescensdata fra under en kørsel.



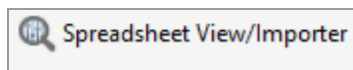
Well Groups...

Åbner Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator), som kan bruges til at oprette brøndgrupper for den aktuelle plade.



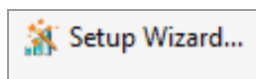
Trace Styles...

Viser en dialogboks, hvor du kan vælge farver og symboler for amplifikationskurvelinjerne.



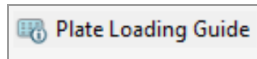
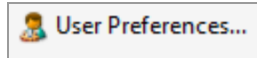
Spreadsheet View/Importer

Åbner dialogboksen View (Vis), der viser pladens layout som en skabelon i regnearksformat. Du kan bruge denne dialogboks til at eksportere eller importere pladeskabelondata i .csv-format.



Setup Wizard...

Åbner Setup Wizard (Guiden Opsætning), hvor der kan defineres layout- og analyseparametre for den aktuelle plade. Setup Wizard (Guiden Opsætning) kan bruges før, under og efter en kørsel.



Åbner fanen Plate (Plade) i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer), hvor du kan definere parametre for pladelayout og oprette eller slette navne på målsekvenser (targets), prøver og biologiske grupper. Ændringer, du foretager på fanen Plate (Plade), er tilgængelige, næste gang du åbner Plate Editor (Pladeeditor).

Viser de nødvendige trin til opsætning af en plade og fyldning af brøndene.

## Oprettelse af en pladefil med Plate Editor (Pladeeditor)

Der kan oprettes brugerdefinerede pladefiler med Plate Editor (Pladeeditor). Du kan også redigere og gemme tidligere gemte pladefiler eller eksempler på pladefiler, der leveres sammen med CFX Opus Dx-systemet.

For at oprette en ny pladefil skal du gøre følgende:

- Åbn en pladefil i Plate Editor (Pladeeditor).
- Vælg pladetypen.

**Bemærk:** Pladetypen for pladefilen skal være den samme som pladen i reaktionsmodulet.

- Vælg den scanningstilstand, der skal bruges i protokollen.
- Vælg den fluorofor, der skal bruges i pladen.
- Vælg prøvetype, målsekvenser (targets) og prøver.
- Vælg tekniske replikater, hvis relevant.
- Gem pladens layout.

**Tip:** For oplysninger om at oprette en ny plade fra tidligere gemte eller eksempler på pladefiler henvises til [Åbning af en eksisterende pladefil i Plate Editor \(Pladeeditor\) på side 132](#).

## Åbning af en ny pladefil i Plate Editor (Pladeeditor)

I CFX Maestro Dx SE kan du åbne en ny pladefil på forskellige måder:

- Fra startvinduet
- Fra dialogboksen Startup Wizard (Guiden Opstart)
- Fra dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning)

### Sådan åbnes en ny pladefil fra startvinduet

- ▶ Vælg File > New > Plate (Fil > Ny > Plade).

Vinduet Plate Editor (Pladeeditor) åbnes og viser standardpladefilen for det valgte instrument.

**Tip:** For information om indstilling af standardpladefilen henvises til [Ændring af standardindstillinger for filer på side 83](#).

### Sådan åbnes en ny pladefil fra Startup Wizard (Guiden Opstart)

1. Gør et af følgende i startvinduet for at åbne Startup Wizard (Guiden Opstart), hvis den ikke allerede er åben:
  - Vælg View > Startup Wizard (Vis > Guiden Opstart).
  - Klik på Startup Wizard (Guiden Opstart) på værktøjslinjen.
2. Om nødvendigt vælges instrumenttypen på rullelisten.
3. For at oprette en ny plade skal du klikke på User-defined (Brugerdefineret) som kørselstype.  
Dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning) åbnes med fanen Protocol (Protokol).
4. Klik på fanen Plate (Plade) og klik på Create New (Opret ny).  
Vinduet Plate Editor (Pladeeditor) åbnes og viser standardpladelayoutet for det valgte instrument.

### Sådan åbnes en ny pladefil fra dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning)

1. Gør et af følgende i startvinduet for at åbne dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning):
  - Vælg Run > User-defined Run (Kør > Brugerdefineret kørsel).
  - Klik på User-defined Run (Brugerdefineret kørsel) på værktøjslinjen.Dialogboksen Run Setup (Kørselsopsætning) åbnes med fanen Protocol (Protokol).
2. For at oprette en ny plade skal du klikke på fanen Plate (Plade) og klikke på Create New (Opret ny).  
Vinduet Plate Editor (Pladeeditor) åbnes og viser standardpladelayoutet for det valgte instrument.



## Åbning af en eksisterende pladefil i Plate Editor (Pladeeditor)

CFX Maestro Dx SE leveres med eksempler på pladefiler, som du kan redigere og gemme som en ny plade. Du kan også oprette en ny pladefil fra en tidligere gemt pladefil.

### Sådan åbnes et eksempel på en pladefil

1. Vælg File > Open > Plate (Fil > Åbn > Plade).

Windows Stifinder åbnes med placeringen af mappen med CFX Opus Dx-systemets prøvefiler.

2. Åbn mappen Sample (Prøver), og åbn derefter mappen Plates (Plader).
3. Vælg en pladefil, og klik på Open (Åbn).

Eksemplet på pladefilen åbnes i vinduet Plate Editor (Pladeeditor).

4. Vælg File > Save As (Fil > Gem som), og gem pladefilen med et nyt navn eller i en ny mappe.

### Sådan åbnes en tidligere gemt pladefil

1. Gør et af følgende i startvinduet:

- Vælg File > Open > Plate (Fil > Åbn > Plade), naviger til og vælg den ønskede plade, og klik på Open (Åbn).
- Åbn Startup Wizard (Guiden Opstart), og gør et af følgende:
  - For at redigere en eksisterende pladefil skal du klikke på Select Existing (Vælg eksisterende) og navigere til den ønskede fil.
  - For at redigere den viste pladefil skal du klikke på Edit Selected (Rediger valgte).

Den ønskede plade åbnes i vinduet Plate Editor (Pladeeditor).

2. Vælg File > Save As (Fil > Gem som), og gem pladefilen med et nyt navn eller i en ny mappe.

## Opsætning af en ny pladefil

**Tip:** Hvis pladefilen allerede indeholder de påkrævede parametre (hvis du for eksempel redigerer en prøve eller en eksisterende pladefil), kan du springe dette afsnit over. Fortsæt til [Tildeling af valgfri parametre til pladefilen på side 140](#).

Nye pladefiler kræver følgende parametre:

- Pladestørrelse
- Pladetype
- Scanningstilstand
- En fluorofor (farve)
- En prøvetype

### Valg af pladestørrelse og -type

**Vigtigt:** Der skal vælges en pladestørrelse under pladeopsætningen. Pladestørrelsen kan ikke ændres under eller efter en kørsel.

Software anvender pladestørrelsen og -typen på alle brønde under kørslen. Kontrollér, at den valgte pladestørrelse er den samme som den plade, der vil blive brugt i kørslen.

Bio-Rads CFX Opus Dx systemer er fabrikskalibrerede til mange kombinationer af fluorescerende farvestof og plader. Kalibreringen er specifik for instrumentet, farvestoffet og pladetyper. Kontrollér, at den fluorofor, som skal anvendes, er kalibreret til den valgte pladetype.

**Tip:** Vælg Tools > Dye Calibration Wizard (Værktøjer > Guiden Farvekalibrering) for at kalibrere en ny kombination af farvestof og pladetype på et instrument. Der findes oplysninger om kalibrering af farvestoffer og pladetyper i [Kalibrering af nye farvestoffer på side 75](#).

### Valg af scanningstilstand

CFX Opus 96 Dx- og CFX Opus Deepwell Dx-systemerne exciterer og detekterer fluoroforer i fem kanaler (plus FRET). CCFX Opus 384 Dx-systemet exciterer og detekterer fluoroforer i fire kanaler (plus FRET). Alle systemerne bruger flere scanningstilstande for dataoptagelse til at indsamle fluorescensdata under en kørsel.

CFX Maestro Dx SE har tre scanningstilstande:

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

- SYBR®/FAM
  - Scanner kun kanal 1
  - Udfører en hurtig scanning
- FRET
  - Scanner kun FRET-kanalen
  - Udfører en hurtig scanning

### Valg af fluoroforer

**Vigtigt:** Før kørslen påbegyndes, verificerer CFX-systemer, at de fluoroforer, der blev specificeret på pladen, er kalibreret på det pågældende instrument. Du kan ikke køre plader, hvis de indeholder fluoroforer, der ikke er blevet kalibreret på instrumentet.

Du skal indlæse mindst én fluorofor i pladelayoutet før kørslen. Du kan tilføje så mange fluoroforer, som der er behov for på dette tidspunkt, men pladen skal indeholde mindst én fluorofor. De valgte fluoroforer vises som valgmuligheder for målsekvenser (targets) under Target Names (Navne på målsekvenser).

Du kan bruge dialogboksen Select Fluorophores (Vælg fluoroforer) til at indlæse fluoroforer (eller pladefarvestoffer) i betjeningselementerne for brøndisætning i Plate Editor (Pladeeditor). De fluoroforer, der vises i dialogboksen Select Fluorophores (Vælg fluoroforer), afhænger af den valgte scanningstilstand:

- All Channels (Alle kanaler)

Alle tilgængelig fluoroforer vises.

**Tip:** Du kan tilføje så mange fluoroforer, som der er behov for, men du kan kun anvende én fluorofor pr. kanal i hver brønd.

- SYBR®/FAM

Kun fluoroforerne i kanal 1 vises.

- FRET

Kun fluoroforen i kanal 6 vises.

**Tip:** FRET-fluoroforen i kanal 6 vises kun, når FRET er den valgte scanningstilstand. Den er ikke tilgængelig i scanningstilstanden All Channels (Alle kanaler).

**Bemærk:** Du kan ikke tilføje eller fjerne fluoroforer direkte i dialogboksen Select Fluorophore (Vælg fluorofor). Du skal kalibrere nye fluoroforer på instrumentet ved hjælp af Dye Calibration Wizard (Guiden Farvestofkalibrering). Efter kalibrering tilføjes den nye fluorofor automatisk til denne liste. Se [Kalibrering af nye farvestoffer på side 75](#) for yderligere oplysninger.

## Valg af prøvetyper

**Vigtigt:** Du skal vælge mindst én prøvetype, der skal tildeles til brøndene på pladen før kørslen.

CFX Maestro Dx SE giver mulighed for at vælge mellem fem prøvetyper:

- Unknown (Ukendt)
- Standard
- NTC (Template-fri kontrol)
- Positive Control (Positiv kontrol)
- Negative Control (Negativ kontrol)
- NRT (Revers transkriptase-fri kontrol)

Du tildeler prøvetyperne til pladebrøndene.

## Opsætning af en ny plade

### Sådan opsættes en ny plade

1. Åbn en ny plade i vinduet Plate Editor (Pladeeditor).
2. For at indstille pladestørrelsen skal du vælge Settings > Plate Size (Indstillinger > Pladestørrelse) og vælge den ønskede pladestørrelse i rullemenuen.
3. For at indstille pladetypen skal du vælge Settings > Plate Type (Indstillinger > Pladetype) og vælge enten BR White (BR Hvid) eller BR Clear (BR Klar) i rullemenuen.
4. Du kan også ændre nummerkonventionen og de viste enheder i menuen Settings (Indstillinger):
  - For at ændre talkonventionen skal du vælge Settings > Nummer Convention (Indstillinger > Talkonvention) og vælge Scientific Notation (Videnskabelig notation).

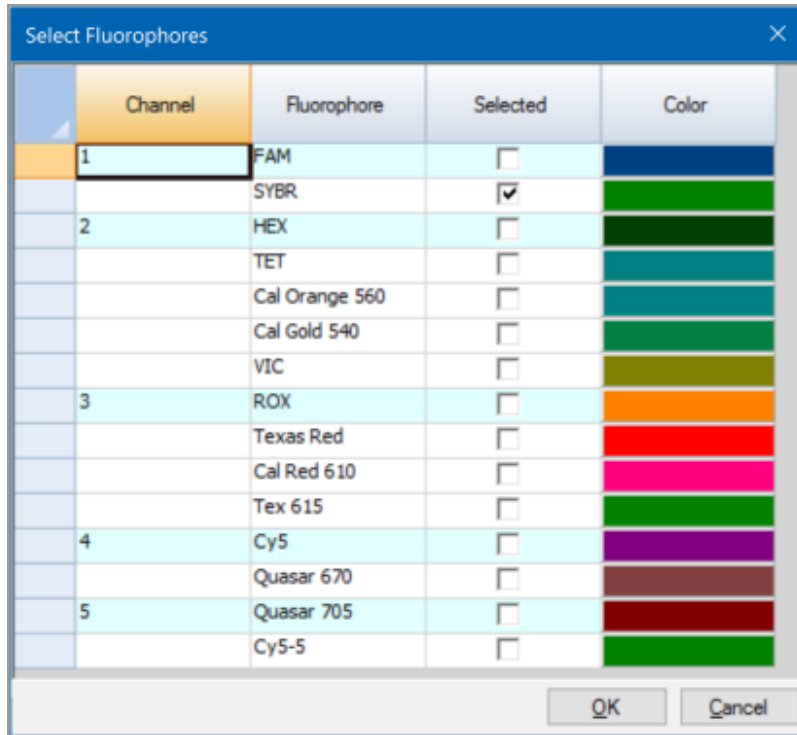
**Tip:** Scientific Notation (Videnskabelig notation) er valgt som standard. I dette tilfælde vil valg af Scientific Notation (Videnskabelig notation) rydde standarden og indstille nummerkonventionen til standardformat.

  - For at ændre visningsenhederne skal du vælge Settings > Units (Indstillinger > Enheder) og vælge en ny enhedsværdi.
5. For at indstille scanningstilstand skal du vælge den ønskede scanningstilstand på rullelisten Scan Mode (Scanningstilstand) i værktøjslinjen i vinduet Plate Editor (Pladeeditor).

6. Vælg de nødvendige fluoroforer til pladen:

- a. I højre rude klikkes på Select Fluorophores (Vælg fluoroforer).

Dialogboksen Select Fluorophores (Vælg fluoroforer) åbnes. Her vises de fluoroforer, der er tilgængelige for den scanningstilstand, du valgte i [Trin 5](#), for eksempel:



- b. For at vælge en fluorofor skal du klikke på dens afkrydsningsfelt Selected (Valgt).

**Tip:** For at fjerne en fluorofor fra listen skal du fjerne markeringen i det relevante afkrydsningsfelt Selected (Valgt).

- c. For at ændre visningsfarven for fluoroforen skal du klikke i dens felt Color (Farve).

**Bemærk:** Den valgte farve repræsenterer fluoroforen i vinduet Plate Editor (Pladeeditor) såvel som i diagrammerne for Data Analysis (Dataanalyse).

- d. Vælg den ønskede farve i dialogboksen Color (Farve), eller klik på Define Custom Colors (Definer brugerdefinerede farver) og opret en ny farve, der skal repræsentere fluoroforen.

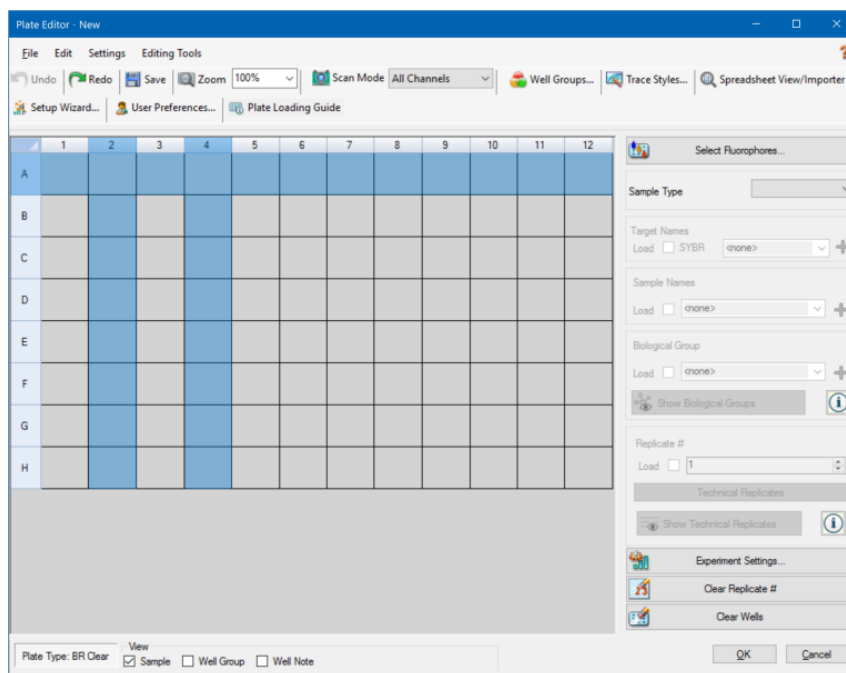
- e. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen Select Fluorophores (Vælg fluoroforer).

7. Du skal vælge mindst en brønd, der kan sættes en prøvetype i. Brønd A1 er valgt som standard.

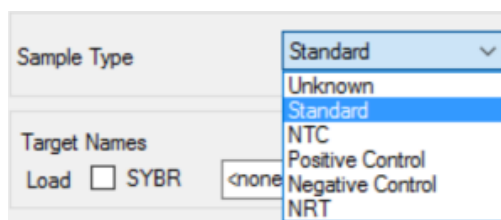
I ruden Plate (Plade) gøres et af følgende:

- For at indlæse flere brønde, der støder op til hinanden, skal du klikke på en brønd og trække til den sidste brønd.
- For at indlæse flere brønde, der ikke støder op til hinanden, skal du holde Ctrl-tasten nede og klikke på de enkelte brønde.
- For at isætte en hel kolonne med samme prøvetype skal du klikke på kolonnens nummer.
- For at isætte en hel række skal du klikke på rækkens nummer.
- For at isætte hele pladen skal du klikke i øverste venstre hjørne af pladen.

For eksempel:



8. Tildel en prøvetype til den eller de valgte brønde i rullemenuen Sample Type (Prøvetype).

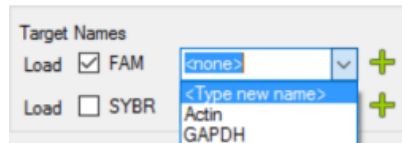


9. Tildel mindst en fluorofor til alle brønde, der indeholder en prøvetype. Du kan tildele mere end én fluorofor til en brønd eller gruppe af brønde.

**Bemærk:** Du kan kun tildele én fluorofor pr. kanal. Du kan ikke tildele mere end én fluorofor fra samme kanal til den samme brønd.

**Tip:** Du kan knytte en målsekvens (target) til fluoroforen, eller du kan tildele fluoroforen alene til brønden på dette tidspunkt og knytte en målsekvens (target) til fluoroforen, når du har kørt eksperimentet.

- Hvis du kun vil tildele en fluorofor til de valgte brønde, skal du markere afkrydsningsfeltet Load (Indlæs) i afsnittet Target Names (Navne på målsekvenser) i højre rude for den specifikke fluorofor.
- For at knytte en målsekvens (target) til en fluorofor skal du vælge et navn på en målsekvens (target) fra rullelisten for den specifikke fluorofor i afsnittet Target Names (Navne på målsekvenser). Softwaren markerer automatisk afkrydsningsfeltet Load (Indlæs).



10. For brønde, der indeholder prøvetypen Standard, skal der indlæses en koncentration. Hver brønd kan have forskellige koncentrationsværdier. Som standard indlæses CFX Maestro Dx SE en koncentration på 1,00E+06 for alle brønde med prøvetypen Standard. Du kan ændre værdien, hvis det er nødvendigt.
- I ruden Plate (Plade) vælges en standardbrønd eller gruppe af brønde.
  - I afsnittet Concentration (Koncentration) skal du klikke på Load (Indlæs) for at indlæse værdien i den eller de valgte brønde.
  - (Valgfrit) Du kan indlæse en anden koncentration ved at indtaste den nye værdi i tekstfeltet Concentration (Koncentration) og trykke på Enter.
  - Udfør dette trin for alle brønde med prøvetypen standard.

**Tip:** For at isætte den samme koncentration i alle standardbrønde skal du sikre, at <All> (Alle) vises på rullelisten under værdien Concentration (Koncentration). For at isætte den samme koncentrationsværdi i alle brønde med en specifik fluorofor skal du klikke på rullelisten og vælge fluoroforen.

11. Klik på OK for at gemme den nye plade.

## Højreklikmenupunkter for værktøjet Plate Editor (Pladeeditor)

Table 9 indeholder en liste over de menupunkter, der er tilgængelige i værktøjet Plate Editor (Pladeeditor), når du højreklikker på en vilkårlig brønd i værktøjet. Denne menu vises også i Spreadsheet View/Importer (Visning/import af regneark).

**Table 9. Genvejsmenupunkter i værktøjet Spreadsheet View/Importer (Visning/import af regneark) for plader**

| Element                               | Funktion  |
|---------------------------------------|---|
| Copy (Kopier)                         | Kopierer hele regnearket.   |
| Copy as Image (Kopier som billede)    | Kopierer regnearket som en billedfil.   |
| Print (Udskriv)                       | Udskriver regnearket.   |
| Print Selection (Udskriv valgte)      | Udskriver kun de valgte celler.   |
| Export to Excel (Eksportér til Excel) | Eksporterer filen til et Excel-regneark.  |
| Export to CSV (Eksportér til CSV)     | Eksporterer filen som en .csv-fil.  |
| Export to Xml (Eksportér til Xml)     | Eksporterer filen som en .xml-fil.  |
| Export to Html (Eksportér til Html)   | Eksporterer filen som en .html-fil.   |
| Find                                  | Søger efter den angivne tekst.  |
| Sort (Sortér)                         | Sorterer regnearket ved at vælge op til tre datakolonner i vinduet Sort (Sortér). |



## Tildeling af valgfri parametre til pladefilen

En pladefil indeholder oplysninger om indholdet i hver af de brønde, der isættes med prøve til en kørsel. Efter kørslen sammenkæder CFX Maestro Dx SE brøndens indhold med de fluorescensdata, der blev indsamlet under protokollen, og udfører den relevante analyse i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

I CFX Maestro Dx SE kan du tildele parametre til hver brønd på pladen før, under og selv efter kørslen af eksperimenter. Parametrene kan tildeles til en eksisterende pladefil eller til en ny pladefil. Disse parametre omfatter:

- **Target names** (Navne på målsekvenser) – interessenålet/-målene (gener eller sekvenser) i hver af de indlæste brønde.
- **Sample names** (Prøvenavne) – den identifikator eller betingelse, der svarer til prøven i hver af de indlæste brønde, som for eksempel mouse1, mouse2 eller mouse3.
- **Biological groups** (Biologiske grupper) – den identifikator eller betingelse, der svarer til en gruppe af brønde, som f.eks. 0Hr, 1Hr eller 2Hr.

**Tip:** Navne på målsekvenser (targets), prøvenavne og biologiske grupper skal være de samme på tværs af brøndene for at kunne sammenligne data på fanen Gene Expression (Genekspression) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Hvert af disse navne skal skrives med den samme anvendelse af store bogstaver, tegnsætning og mellemrum. For eksempel er "Actin" ikke det samme som "actin", "2t" er ikke det samme som "2 timer", og "Mus 1" er ikke det samme som "mus1". For at sikre ensartethed i navngivningen skal du indtaste navnene i afsnittet Libraries (Biblioteker) i User > User Preferences > Plate, available (Bruger > Brugerindstillinger > Plade, der er tilgængelig) i startvinduet.

- **Technical replicates (Tekniske replikater)** – hver brønd som anvendes til at analysere den samme kombination af prøve og målsekvens (target), med andre ord replikerede qPCR-reaktioner.
- **Dilution series** (Fortyndingsserier) – den mængde der skal til for at ændre koncentrationen af standardprøvetypen i en replikatgruppe for at oprette standardkurve-data til analyse.

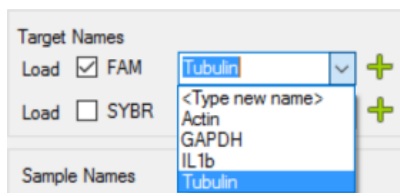
## Tildeling af en målsekvens (target) til brønde

**Tip:** Du kan tildele det samme målsekvensnavn (target name) til en enkelt brønd eller til flere brønde. Du kan også tildele flere målsekvenser (targets) til den samme brønd.

**Vigtigt:** Hvis du klikker på OK efter tildeling af en målsekvens (target) gemmes ændringerne, og Undo (Fortryd) deaktiveres på værktøjslinjen Plate Editor (Pladeeditor). Vær forsigtig, når du klikker på OK.

### Sådan tildeles en målsekvens (target) til en brønd eller en gruppe brønde

1. Kontrollér i Plate Editor (Pladeeditor), at brønden eller gruppen af brønde er tildelt en prøvetype.  
Se [Valg af prøvetyper på side 135](#) for oplysninger om tildeling af prøvetyper til brønde.
2. Vælg brønden eller brøndgruppen i ruden med pladen:
  - Vælg en enkelt brønd ved at klikke på brønden.
  - For at vælge flere brønde, der støder op til hinanden, skal du klikke på en brønd og trække den til målsekvensbrønden.
  - For at vælge flere brønde, der ikke støder op til hinanden, skal du holde Ctrl-tasten nede og klikke på de enkelte brønde.
  - For at vælge en hel kolonne med samme prøvetype skal du klikke på kolonnens nummer.
  - For at vælge en hel række skal du klikke på rækkens nummer.
3. Vælg et navn på rullelisten Target Name (Navn på målsekvens) i højre rude for hver valgt fluorofor.



4. Gentag [Trin 3](#) for hver brønd eller brøndgruppe, der skal tildeles en målsekvens (target).  
**Tip:** Du kan tildele det samme eller et andet navn på en målsekvens (target) til hver valgt fluorofor.
5. Klik på OK for at acceptere ændringerne og gemme pladen.

**Bemærk:** Hvis pladen blev ændret ved en fejl, skal du klikke på Undo (Fortryd) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor), inden du klikker på OK for at acceptere ændringerne.

### Sådan fjernes et navn på en målsekvens (target)

- ▶ Et navn på en målsekvens (target) kan fjernes fra den valgte brønd eller brøndgruppe ved at fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Load (Indlæs).

**Vigtigt:** Hvis du fjerner et navn på en målsekvens (target) fra en brønd, fjerner du også dens tilknyttede fluorofor. Vær forsigtig, når du fjerner et navn på en målsekvens (target) fra en brønd.

### Sådan føjes et navn på en målsekvens (target) til listen

- ▶ Et navn på en målsekvens (target) kan føjes til rullelisten på én af følgende måder:

- Indtast et navn på rullelisten Target Name (Navn på målsekvens), og tryk på Enter.  
**Tip:** De navne på målsekvenser (targets), du føjer til én liste, vises på alle andre lister over målsekvenser (targets).
- Klik på det grønne +-symbol til højre for rullelisten, indtast et navn på en målsekvens (target), og tryk på Enter.
- Klik på User Preferences (Brugerpræferencer) på værktøjslinjen, og fjern navnet til biblioteket Target Names (Navne på målsekvenser) på fanen Plate (Plade).

**Vigtigt:** Navne på målsekvenser (targets), du føjer til rullelisten, er kun tilgængelige for den aktuelle plade, og kun hvis du tildeler navnet til en brønd og gemmer pladelayoutet. Hvis du ikke tildeler navnet til en brønd og gemmer pladelayoutet, gemmes navnet ikke og er ikke tilgængeligt til fremtidig brug. For at tilføje et navn på en målsekvens (target) permanent skal det også tilføjes til biblioteket Target Names (Navne på målsekvenser) vha. dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Navne, du føjer til biblioteket, er tilgængelige, når Plate Editor (Pladeeditor) åbnes igen. Se [Indstilling af standardparametre for plader på side 86](#) for yderligere oplysninger.

### Sådan slettes et navn på en målsekvens (target) fra listen

1. Klik på User Preferences (Brugerpræferencer) på værktøjslinjen.  
Dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer) vises med fanen Plate (Plade) åben.
2. Vælg det navn, der skal slettes, i biblioteket Target Names (Navne på målsekvenser) på fanen Plate (Plade), og tryk på tasten Delete.
3. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).

**Vigtigt:** Du kan ikke slette navne på målsekvenser (targets), som du har gemt med en pladefil. Tilpassede navne, som du tilføjer på rullelisten Target Names (Navne på målsekvenser) og ikke bruger og gemmer med pladen, fjernes automatisk fra listen. Navne, som slettes fra biblioteket Target Names (Navne på målsekvenser), fjernes permanent fra softwaren og er ikke længere tilgængelige for brugerne. Vær forsigtig, når du sletter navne på målsekvenser (targets).

## Tildeling af et prøvenavn til brønde

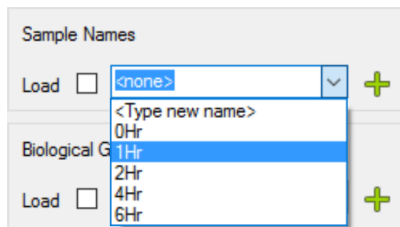
**Bemærk:** For at kunne tildele prøvenavn skal der tildeles mindst én fluorofor til de valgte brønde. Hvis de valgte brønde ikke har fået tildelt en fluorofor, deaktiveres rullelisten Sample Names (Prøvenavne). Se [Tildeling af en målsekvens \(target\) til brønde på side 140](#) for at få oplysninger om tildeling af fluoroforer.

**Tip:** Du kan kun tildele ét prøvenavn til hver brønd eller gruppe af brønde.

### Sådan tildeles et prøvenavn til en brønd eller en gruppe af brønde

1. Sørg for, at brønden eller gruppen af brønde har fået tildelt en fluorofor i Plate Editor (Pladeeditor).
2. Vælg brønden eller gruppen af brønde i pladeruden.
3. Vælg et navn på rullelisten Sample Names (Prøvenavne) i højre rude.

Softwareen markerer automatisk afkrydsningsfeltet Load (Indlæs).



4. Gentag [Trin 3](#) for hver brønd eller gruppe af brønde, der skal tildeles et prøvenavn til.
5. Klik på OK for at acceptere ændringerne og gemme pladen.

**Bemærk:** Hvis pladen blev ændret ved en fejl, skal du klikke på Undo (Fortryd) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor), inden du klikker på OK for at acceptere ændringerne.

### Sådan fjernes et prøvenavn

- For at fjerne et prøvenavn fra en valgt brønd eller gruppe af brønde skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Load (Indlæs).

### Sådan føjes et prøvenavn til listen

- For at føje et prøvenavn til rullelisten skal du gøre et af følgende:
  - Indtast et navn på rullelisten Sample Names (Prøvenavne), og tryk på Enter.
  - Klik på det grønne +-symbol til højre for rullelisten, og indtast et navn til prøven.
  - Klik på User Preferences (Brugerpræferencer) på værktøjslinjen, og føj navnet til biblioteket Sample Names (Prøvenavne) på fanen Plate (Plade).

**Vigtigt:** Prøvenavne, som du føjer til rullelisten, er kun tilgængelige for den aktuelle plade, og kun hvis du tildeler navnet til en brønd og gemmer pladens layout. Hvis du ikke tildeler navnet til en brønd og gemmer pladelayoutet, gemmes navnet ikke og er ikke tilgængeligt til fremtidig brug. For at tilføje et prøvenavn permanent skal det også tilføjes til biblioteket Sample Names (Prøvenavne) ved hjælp af dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Navne, du føjer til biblioteket, er tilgængelige, når Plate Editor (Pladeeditor) åbnes igen. Se [Indstilling af standardparametre for plader på side 86](#) for yderligere oplysninger.

### Sådan slettes et prøvenavn fra listen

1. Klik på User Preferences (Brugerpræferencer) på værktøjslinjen.  
Dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer) vises med fanen Plate (Plade) åben.
2. Vælg det navn, der skal slettes, i biblioteket Sample Names (Prøvenavne) på fanen Plate (Plade), og tryk på tasten Delete (Slet).
3. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).

**Vigtigt:** Du kan ikke slette prøvenavne, der blev gemt med en pladefil. Brugerdefinerede navne, du tilføjer på rullelisten Sample Names (Prøvenavne) og som du ikke bruger og gemmer med pladen, fjernes automatisk fra rullelisten. Navne, du sletter fra biblioteket Sample Names (Prøvenavne), fjernes fra softwaren og er ikke længere tilgængelige for brugerne. Vær forsigtig, når du sletter prøvenavne.

### Tildeling af biologiske grupper til brønde

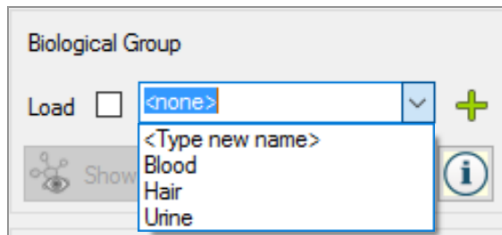
**Bemærk:** For at kunne tildele en biologisk gruppe skal der tildeles mindst én fluorofor til de valgte brønde. Tildeling af en fluorofor aktiverer rullelisten Biological Groups (Biologiske grupper). Se [Tildeling af en målsekvens \(target\) til brønde på side 140](#) for at få oplysninger om tildeling af fluoroforer.

**Tip:** Du kan tildele én biologisk gruppe til hver brønd eller gruppe af brønde.

### Sådan tildeles en biologisk gruppe til en brønd eller gruppe af brønde

1. Sørg for, at brønden eller gruppen af brønde har fået tildelt en fluorofor i Plate Editor (Pladeeditor).
2. Vælg brønden eller gruppen af brønde i pladeruden.
3. Vælg et navn på rullelisten Biological Group (Biologisk gruppe).

CFX Maestro Dx SE markerer automatisk afkrydsningsfeltet Load (Indlæs).



4. Gentag [Trin 3](#) for hver brønd eller gruppe af brønde, til hvilke der skal tildeles en biologisk gruppe.
5. Klik på OK for at acceptere ændringerne og gemme pladen.

**Bemærk:** Hvis pladen blev ændret ved en fejl, skal du klikke på Undo (Fortryd) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor), inden du klikker på OK for at acceptere ændringerne.

### Sådan fjernes en biologisk gruppe

- ▶ For at fjerne en biologisk gruppe fra den valgte brønd eller gruppe af brønde skal markeringen i afkrydsningsfeltet Load (Indlæs) fjernes.

### Sådan føjes en biologisk gruppe til listen

- ▶ For at føje en biologisk gruppe til rullelisten skal du gøre et af følgende:
  - Indtast et navn i rullefeltet Biological Group (Biologisk gruppe), og tryk på Enter.
  - Klik på det grønne +-symbol til højre for rullelisten, og indtast et navn til den biologiske gruppe.
  - Klik på User Preferences (Brugerpræferencer) på værktøjslinjen, og fjør navnet til biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavne) på fanen Plate (Plade).

**Vigtigt:** Navne på biologiske grupper, som føjes til rullelisten, er kun tilgængelige for den aktuelle plade, og kun hvis navnet tildeles til en brønd, og pladernes layout gemmes. Hvis du ikke tildeler navnet til en brønd og gemmer pladelayoutet, gemmes navnet ikke og er ikke tilgængeligt til fremtidig brug. For at tilføje et navn permanent til en biologisk gruppe skal det også tilføjes til biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavne) ved hjælp af dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Navne, du fjører til biblioteket, er tilgængelige, når Plate Editor (Pladeeditor) åbnes igen. Se [Indstilling af standardparametre for plader på side 86](#) for yderligere oplysninger.

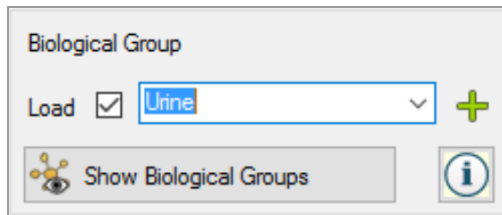
### Sådan slettes navnet på en biologisk gruppe fra listen

1. Klik på User Preferences (Brugerpræferencer) på værktøjslinjen.  
Dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer) vises med fanen Plate (Plade) åben.
2. Vælg det navn, der skal slettes, i biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavne) på fanen Plate (Plade), og tryk på Delete (Slet).
3. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer).

**Vigtigt:** Du kan ikke slette navne på biologiske grupper, der blev gemt med en pladefil. Tilpassede navne, som føjes til rullelisten Biological Group Names (Navne på biologiske grupper), og som ikke anvendes og gemmes med pladen, fjernes automatisk fra listen. Navne, som slettes fra biblioteket Biological Group Names (Biologiske gruppenavne), fjernes permanent fra softwaren og er ikke længere tilgængelige for brugerne. Vær forsigtig, når du sletter biologiske navne.

### Sådan vises alle biologiske grupper på pladen

- ▶ Klik på Show Biological Groups (Vis biologiske grupper) for at vise alle biologiske grupper på pladen.



Hver gruppe identificeres med en specifik farve, og knappen Show Biological Groups (Vis biologiske grupper) ændres til Hide Biological Groups (Skjul biologiske grupper).

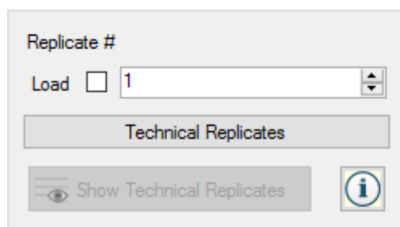
Klik på Hide Biological Groups (Skjul biologiske grupper) for at rydde farven i brøndene. Du kan også klikke på en hvilken som helst brønd på pladen for at skjule de biologiske grupper.

### Tildeling af tekniske replikatnumre til brønde

**Vigtigt:** Hvis der skal tildeles tekniske replikatnumre, skal de valgte brønde have identisk brøndindhold. Det vil sige, at de valgte brønde skal have samme prøvetype og fluorofor. Hvis relevant, skal de desuden tildeles samme navne på målsekvenser og prøver og samme biologiske gruppe. Hvis de ikke er identiske, aktiveres denne valgmulighed ikke i CFX Maestro Dx SE.

#### Sådan tildeles tekniske replikatnumre til en gruppe af brønde

1. Kontrollér, at indholdet af gruppen af brønde er identisk i Plate Editor (Pladeeditor).
2. Vælg målgruppen af brønde i pladeruden.
3. For at tildele det samme replikatnummer til alle valgte brønde skal du indtaste replikatnummeret i feltet under Replicate # (Replikatnummer) i højre rude og vælge Load (Indlæs).



4. (Valgfrit) Sådan anvendes en replikatserie på et sæt valgte brønde:

- a. Klik på Technical Replicates (Tekniske replikater) Afsnittet Replicate # (Replikatnummer) ændres til at vise følgende valgmuligheder:

- **Replicate size** (Replikatstørrelse) – et tal, der repræsenterer antallet af brønde i hver gruppe af replikater
- **Starting Replicate #** (Startreplikatnummer) – det første tal i replikatserien for den valgte gruppe af replikater

**Bemærk:** CFX Maestro Dx SE viser som standard startreplikatnummeret som et tal, der er større end det sidste tekniske replikatnummer, som er tildelt i pladen. Hvis det seneste tekniske replikatnummer, der er tildelt i pladen, for eksempel er fem, vil det næste startnummer være seks. Du kan ændre startnummeret til et andet nummer, som ikke allerede er tildelt.

- Indlæsningsretning (Horizontal (Vandret) eller Vertical (Lodret))

- b. Klik på Apply (Anvend) for at anvende parametrene på serierne og vende tilbage til skærmen Replicate # (Replikatnummer).
5. Klik på OK for at acceptere ændringerne og gemme pladen.

**Bemærk:** Hvis pladen blev ændret ved en fejl, skal du klikke på Undo (Fortryd) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor), inden du klikker på OK for at acceptere ændringerne.

### Sådan fjernes en brønd fra en replikatserie

- ▶ Vælg den brønd eller den gruppe af brønde, som skal fjernes, og fjern markeringen i afkrydsningsfeltet Replicate # Load (Indlæs replikatnummer).

Du kan også klikke på Clear Replicate # (Ryd replikatnummer) for at fjerne replikatnummeret fra en valgt brønd eller gruppe af brønde.



### Sådan vises alle tekniske replikater på pladen

- ▶ Klik på Show Technical Replicates (Vis tekniske replikater) for at få vist alle tekniske replikater på pladen.

Hver gruppe identificeres med en specifik farve, og knappen Show Technical Replicates (Vis tekniske replikater) ændres til Hide Technical Replicates (Skjul tekniske replikater).

Klik på Hide Technical Replicates (Skjul tekniske replikater) for at fjerne farven i brøndene. Du kan også klikke på en vilkårlig brønd på pladen for at skjule tekniske replikater.

## Tildeling af en fortyndingsserie til standardprøvetyper

Som tidligere nævnt skal alle brønde med prøvetyper Standard tildeles en koncentrationseværdi. Du kan tildele en fortyndingsserie til flere brønde med prøvetyper Standard.

**Bemærk:** For at tildele en fortyndingsserie til en gruppe af brønde skal brøndene være medtaget i en teknisk replikatserie. Se [Tildeling af tekniske replikatnumre til brønde på side 146](#) for at få oplysninger om tilføjelse af brønde til en replikatserie.

### Sådan tildeles en fortyndingsserie til en gruppe af standardprøvebrønde

1. Kontrollér i Plate Editor (Pladeeditor), at følgende krav er opfyldt:

- Prøvetyper for gruppen af brønde er Standard.
- Alle brønde i gruppen er tildelt mindst én fluorofor, og de indeholder allesammen de samme fluoroforer.
- Alle brønde i gruppen er medtaget i den samme tekniske replikatserie.

**Bemærk:** CFX Maestro Dx SE aktiverer først funktionen Dilution Series (Fortyndingsserie), når alle valgte brønde opfylder disse kriterier.

2. Vælg målgruppen af brønde i pladeruden.
3. Klik på Dilution Series (Fortyndingsserie) i afsnittet Concentration (Koncentration) i højre røde. Afsnittet Concentration (Koncentration) skifter til visning af følgende valgmuligheder:

Starting Concentration: 1.00E+06  
Replicates from: 9  
to: 16  
Dilution Factor: 10.000  
 Increasing  Decreasing  
<All>  
Cancel Apply

- **Starting concentration** (Startkoncentration) – den koncentrationsværdi, serien starter fra
  - **Replicates from and to** (Replikater fra og til) – de replikater i serien, som fortyndingsfaktoren vil blive anvendt på
  - **Dilution factor** (Fortyndingsfaktor) – den mængde, som koncentrationen skal ændres med inden for hver replikatgruppe
4. Indstil værdierne for valgmulighederne, eller accepter standardindstillingerne.
  5. Fortyndingsserien formindskes som standard med fortyndingsfaktoren. Vælg Increasing (Stigende) for at forøge fortyndingsserien.
  6. (Valgfrit) Fortyndingsfaktoren gælder som standard for alle fluoroforer i replikatserien. Hvis serien indeholder mere end én fluorofor, og du vil anvende fortyndingen på en enkelt fluorofor, skal du vælge den på rullelisten.
  7. Klik på Apply (Anvend) for at anvende fortyndingsserien på gruppen af brønde og vende tilbage til visningen Concentration (Koncentration).
  8. Klik på OK for at acceptere ændringerne og gemme pladen.

## Kopiering af brøndindhold til en anden brønd

Du kan kopiere indholdet i en brønd og indsætte det i en enkelt brønd eller flere brønde. Du kan dog kun kopiere indhold fra en enkelt brønd. Du kan ikke vælge flere brønde og kopiere deres indhold.

### Sådan kopieres brøndindhold til en anden brønd

1. Vælg den brønd, der skal kopieres, i pladeruden.
  2. Højreklik på brønden, og vælg Copy Well (Kopier brønd).
  3. Vælg den eller de brønde, som indholdet skal indsættes i:
    - For at vælge en enkelt brønd skal du klikke på brønden.
    - For at vælge flere brønde, der støder op til hinanden, skal du klikke på en brønd og trække den til målsekvensbrønden.
    - For at vælge flere brønde, der ikke støder op til hinanden, skal du holde Ctrl-tasten nede og klikke på de enkelte brønde.
  4. Højreklik, når de ønskede brønde er valgt, og vælg Paste Well (Indsæt brønd).
- CFX Maestro Dx SE indsætter indholdet af den første brønd i de valgte brønde.

## Tilføjelse af en bemærkning til en brønd

Du kan tilføje en beskrivende bemærkning til en brønd. Du kan se bemærkningerne for en brønd på fanen Quantification (Kvantifikation) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

### Sådan tilføjes en bemærkning til en brønd

1. Vælg den eller de brønde, der skal tilføjes en bemærkning til, i ruden med pladen.
2. I afsnittet View (Vis) nederst i ruden skal du vælge Well Note (Brøndbemærkning).

Well Note (Brøndbemærkning) vises i højre rude.



3. Indtast bemærkningen i tekstfeltet, og tryk på Enter.

Teksten vises nederst i de valgte brønde.

**Tip:** Hvis du tidligere har oprettet en brøndbemærkning, kan du vælge den på rullelisten og anvende den i de valgte brønde.

## Rydning af brønde for alt indhold

Du kan rydde en individuel brønd, en gruppe af brønde eller hele pladen for alt indhold. Rydning af brønde fjerner ikke de fluorescensdata, som blev indsamlet under plade aflæsningen.

**Vigtigt:** Hvis en brønd ryddes, fjernes indholdet permanent fra brønden. Rydningshandlingen kan ikke fortrydes, hvis du klikker på OK og gemmer pladen efter rydning af en brønd. Vær forsigtig, når du rydder brønde.

### Sådan ryddes brønde for alle indstillinger

1. Vælg brønden eller gruppen af brønde i pladeruden i Plate Editor (Pladeeditor):
  - For at vælge en enkelt brønd skal du klikke på brønden.
  - For at vælge flere brønde, der støder op til hinanden, skal du klikke på en brønd og trække den til målsekvensbrønden.
  - For at vælge flere brønde, der ikke støder op til hinanden, skal du holde Ctrl-tasten nede og klikke på de enkelte brønde.
  - For at vælge en hel kolonne med samme prøvetype skal du klikke på kolonnens nummer.
  - For at vælge en hel række skal du klikke på rækkens nummer.
2. Klik på Clear Wells (Ryd brønde) i den højre rude.

CFX Maestro Dx SE rydder de valgte brønde for alle indstillinger.

3. Gør et af følgende:

- Hvis brøndene blev ryddet ved en fejl, skal du klikke på Undo (Fortryd) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor), inden du klikker på OK for at acceptere ændringerne.

**Vigtigt:** Hvis du klikker på OK, inden du klikker på Undo (Fortryd), gemmes ændringerne, og Undo (Fortryd) deaktiveres på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor).

- Klik på OK for at acceptere ændringerne og gemme pladen.

## Ændring af eksperimentindstillinger

Brug dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) til at vise eller ændre listen med målskvenser (targets), prøver eller biologiske grupper eller til at indstille den prøvegruppe for genekspressionsanalyse, der skal analyseres, hvis du tildelte biologiske grupper til brønde i pladen.

I dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) viser fanen Targets (Målskvenser) en liste med navne på målskvenser for hver PCR-reaktion som f.eks. målskvensgenet eller interessegenekvenserne.

Fanen Samples (Prøver) og fanen Biological Groups (Biologiske grupper) viser en liste med navne på prøver og biologiske grupper, der angiver kilden til målskvensen (target), som f.eks. en prøve indsamlet efter 1 time (1Hr) eller fra et bestemt individ (mouse1).

### Sådan ændres pladeindstillinger vha. dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger)

1. For at åbne dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) skal du gøre et af følgende:
  - Klik på Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) i den højre rude i Plate Editor (Pladeeditor)
  - Klik på Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) på fanen Gene Expression (Genekspression) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) vises med indholdet fra fanen Targets (Målskvenser).

The screenshot shows the 'Experiment Settings' dialog box with the 'Targets' tab selected. The table below lists the targets:

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

Below the table, there is a 'New:' text box with an 'Add' button and a 'Remove checked item(s)' button. There is also a checkbox for 'Show Analysis Settings'. Underneath, it says 'Exclude the following sample types from Gene Expression analysis:' followed by checkboxes for NTC (checked), NRT, Negative Control, Positive Control, and Standard.

2. Et nyt navn på en målekvens (target), en prøve eller en biologisk gruppe kan tilføjes ved at indtaste navnet i tekstfeltet New (Ny) på den relevante fane og derefter klikke på Add (Tilføj).
3. For at fjerne et eller flere navne på målekvenser (targets), prøver eller biologiske grupper fra listen skal du markere elementets afkrydsningsfelt i kolonnen Select to Remove (Markér til fjernelse) på den relevante fane og klikke på Remove checked item(s) (Fjern valgte elementer).
4. CFX Maestro Dx SE udelader prøvetypen NTC (template-fri kontrol) fra genekspressionsanalyse.

For at medtage NTC-prøvetyper skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Exclude the following sample types (Udelad følgende prøvetyper). Du kan vælge at udelade følgende prøvetyper ved at markere det relevante afkrydsningsfelt:

- NRT (Revers transkriptase-fri kontrol)
- Negative Control (Negativ kontrol)
- Positive Control (Positiv kontrol)
- Standard

5. På fanen Targets (Målekvenser):
  - a. For at vælge en målekvens (target) som reference for analyse af genekspressionsdata skal du vælge den i kolonnen Reference.
  - b. For at skjule analyseindstillinger, der anvendes på fanen Gene Expression (Genekspression) i vinduet Analysis Settings (Analyseindstillinger), skal du fjerne markeringen i Show Analysis Settings (Vis analyseindstillinger).

Software skjuler følgende kolonner:

- Color (Farve)
  - Show Chart (Vis diagram)
  - Auto Efficiency (Automatisk effektivitet)
  - Efficiency (%) (Effektivitet (%))
- c. For at ændre farven på målekvensen (target), som den gengives i diagrammet Gene Expression (Genekspression), skal du klikke på dens celle i kolonnen Color (Farve), vælge en ny farve i dialogboksen Color (Farve) og klikke på OK.
  - d. For at vise målekvensen (target) med den valgte farve i diagrammet Gene Expression (Genekspression) skal du markere afkrydsningsfeltet i kolonnen Show Chart (Vis diagram).
  - e. Som standard beregner CFX Maestro Dx SE automatisk den relative effektivitet for en målekvens (target), hvis dets data omfatter en standardkurve.

For at bruge en tidligere fastlagt effektivitetsværdi skal du indtaste værdien i cellen i kolonnen Efficiency (%) (Effektivitet (%)) og trykke på tasten Enter. CFX Maestro Dx SE fjerner markeringen i feltet Auto Efficiency (Automatisk effektivitet).

6. På fanen Samples (Prøver) og Biological Groups (Biologiske grupper):
  - a. For at vælge en prøve eller biologisk gruppe som kontrolprøve for analysen af genekspressionsdata skal du vælge dens afkrydsningsfelt i kolonnen Control (Kontrol).
  - b. For at tildele en kontrolbetingelse til en prøve eller biologisk gruppe for en kørsel skal du klikke i dens afkrydsningsfelt i kolonnen Control (Kontrol).
  - c. Hvis det ikke allerede er valgt, kan du klikke på Show Analysis Settings (Vis analyseindstillinger) for at vise eller ændre de analyseparametre, der bruges på fanen Gene Expression (Genekspression). Softwaren skjuler kolonnerne Color (Farve) og Show Chart (Vis diagram).
7. Klik på OK for at gemme parametrene i dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) og vende tilbage til vinduet Plate Editor (Pladeeditor).

## Oprettelse af brøndgrupper

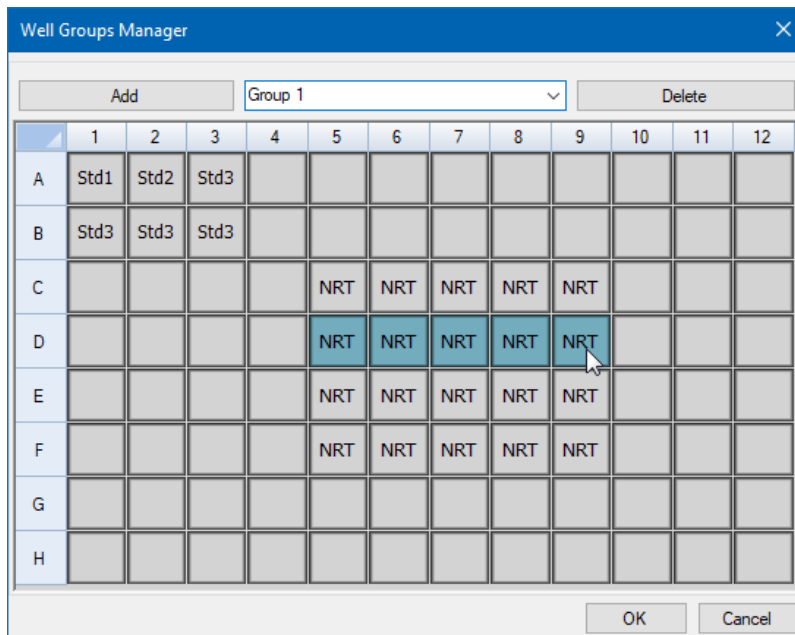
Brøndgrupper opdeler en enkelt plade i undersæt, der kan analyseres hver for sig i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Når brøndgrupperne er opsat, kan du vælge en i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) for at analysere dataene som en uafhængig gruppe. Der kan for eksempel opsættes brøndgrupper for at analysere flere eksperimenter, der køres i én plade, eller for at analysere hver brøndgruppe med en forskellig standardkurve.

**Bemærk:** Standardbrøndgruppen er All Wells (Alle brønde).

### Sådan oprettes brøndgrupper

- For at åbne Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator) skal du gøre et af følgende:
  - Klik på Well Groups (Brøndgrupper) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor).
  - I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) skal du klikke på Manage Well Groups (Administrer brøndgrupper).

Dialogboksen Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator) åbnes.



- Klik på Add (Tilføj) for at oprette en ny gruppe. Rullemenuen viser gruppenavnet som Group 1 (Gruppe 1) for den første gruppe.
- Vælg brøndene til brøndgruppen i pladevisningen ved at klikke og trække på tværs af gruppen af brønde. Valgte brønde vises med blå i administratoren.



4. (Valgfrit) Navnet på en gruppe kan ændres ved at vælge navnet i rullemenuen og indtaste et nyt navn.
5. (Valgfrit) En brøndgruppe kan slettes ved at vælge navnet på rullelisten og klikke på Delete (Slet).
6. Klik på OK for at afslutte og lukke vinduet, eller klik på Cancel (Annuller) for at lukke vinduet uden at gemme ændringerne.

### Genvejsmenupunkter for dialogboksen Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator)

Tabel 10 indeholder en liste over de menupunkter, der er tilgængelige i dialogboksen Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator), når du højreklikker på en vilkårlig brønd.

**Tabel 10. Genvejsmenupunkter i dialogboksen Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator) i Plate Editor (Pladeeditor)**

| Element                               | Funktion  |
|---------------------------------------|---|
| Copy (Kopier)                         | Kopierer brøndindholdet, som derefter kan sættes ind i en anden brønd eller andre brønde. |
| Copy as Image (Kopier som billede)    | Kopierer brøndvælgervisningen som et billede.   |
| Print (Udskriv)                       | Udskriver brøndvælgervisningen.   |
| Print Selection (Udskriv valgte)      | Udskriver kun de valgte celler.   |
| Export to Excel (Eksportér til Excel) | Eksporterer data til et Excel-regneark.   |
| Export to CSV (Eksportér til CSV)     | Eksporterer data som et kommasepareret dokument.  |
| Export to Xml (Eksportér til Xml)     | Eksporterer data som et .xml-dokument.  |
| Export to Html (Eksportér til Html)   | Eksporterer data som et .html-dokument.   |

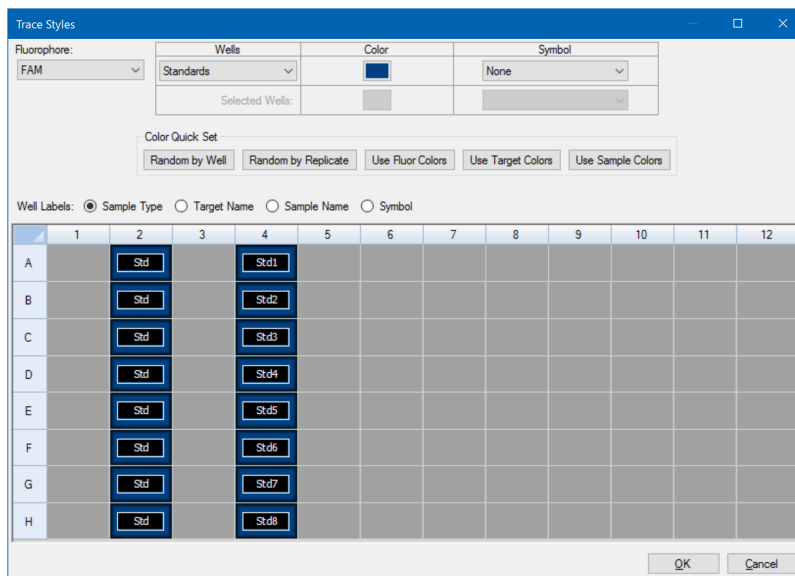
## Ændring af kurvelinjelayout

Du kan ændre amplifikationskurvelinjernes farve og layout under pladeopsætning og mens en kørsel er i gang. Derefter er det nemt at se kurvelinjerne i statusvinduet i realtid, efterhånden som dataene indsamles.

### Sådan ændres kurvelinjelayout

1. Klik på Trace Styles (Kurvelinjelayout) på værktøjslinjen Plate Editor (Pladeeditor).

Dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout) vises for den åbne plade, for eksempel:



2. For at vise kurvelinjelayout efter en specifik fluorofor skal du vælge den i rullemenuen Fluorophores (Fluoroforer).
3. Sådan ændres kurvelinjevisningen:
  - a. Vælg kurvelinjetypen på rullelisten Wells (Brønde).
  - b. Klik på dens farve i kolonnen Color (Farve).
  - c. Vælg en anden farve for kurvelinjen i dialogboksen Color (Farve), der åbnes, og klik på OK.  
CFX Maestro Dx SE viser farveændringen for brøndtypen i gitteret.
  - d. (Valgfrit) Vælg et symbol for kurvelinjen på rullelisten Symbols (Symboler).
4. For at ændre den indstillede farve hurtigt skal du klikke på det relevante valg i afsnittet Color Quick Set (Hurtig indstilling af farve).

5. For at se brøndbetegnelserne i gitteret skal du vælge betegnelsestypen i afsnittet Well Labels (Brøndbetegnelser).
6. Klik på OK for at gemme ændringerne, eller klik på Cancel (Annuller) for at annullere ændringerne.

## Visning, eksport og import af pladen i regnearksformat

Værktøjet Spreadsheet View/Importer (Visning/import af regneark) viser indholdet af en plade i regnearksformat. Fremviseren giver mulighed for at vise, importere og eksportere brøndata som beskrevet nedenfor.

### Brug af regnearkfremviseren til at eksportere og importere pladedata

Fra regnearkfremviseren kan du eksportere målnavnet, prøvenavnet, det biologiske gruppenavn og brøndnoter som en skabelon i et tabulatorsepareret format til et program som f.eks. Microsoft Excel. Du kan også importere disse data fra et tabulatorsepareret program til en foruddefineret plade fra en eksperimentinformationsfil.

### Sådan bruges værktøjet Spreadsheet View/Importer (Visning/import af regneark)

1. Opret og gem en pladefil (se [Oprettelse af en pladefil med Plate Editor \(Pladeeditor\)](#)).
2. Klik på fanen Spreadsheet View/Importer (Visning/import af regneark) på værktøjslinjen Plate Editor (Pladeeditor) for at åbne dialogboksen Plate Spreadsheet View (Visning af pladeregneark).

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

3. (Valgfrit) Klik på felterne Show Biological Set Name (Vis navn på biologisk sæt) og Show Well Note (Vis brøndbemærkning) for at vise disse kolonner i regnearkvisningen og i den eksporterede fil.
4. Klik på knappen Export Template (Eksportér skabelon) for at oprette en tom skabelon i en Excel-fil (.csv-format). Den eksporterede fil vil have det samme layout som din plade.

**Tip:** Brug pladefilnavnet, når du gemmer dine pladefiler, så du nemt kan identificere filen.

5. Udfyld Excel-filens celler med dit brøndindhold.

**Bemærk:** Du kan kun redigere indholdet i en hvilken som helst celle i en kolonne, der har en stjerne (\*) ved siden af kolonnenavnet (\*Target Name, \*Sample Name, \*Biological Group Name, \*Well Note).

**Bemærk:** Du kan ikke føje værdier til kolonnerne Standard Curve (Standardkurve) og Quantity (Mængde) i den eksporterede Excel-fil. Hvis du vil ændre disse data, skal du gå tilbage til pladeeditoren og vælge Settings (Indstillinger) > Units (Enheder) på menulinjen. Når pladekørslen er fuldført, vises data fra disse standarder i diagrammet Standard Curve (Standardkurve) på fanen Quantification (Kvantifikation) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) med de valgte enheder.

6. Importér den udfyldte Excel-fil tilbage til pladeeditoren ved at klikke på knappen Import (Importér). De importerede pladedata vises i vinduet Plate Spreadsheet View (Pladeregnearkvisning).

**Vigtigt:** Hvis du har flere fluoroforer, skal du udføre trin 3-5 for hver fluorofor ved hjælp af rullemenuen Flours List (Flouoroforliste) i Plate Spreadsheet View (Pladeregnearkvisning).

7. Klik på knappen OK. De nye pladedata vises nu i vinduet Plate Editor (Pladeeditor).

**Tip:** Du kan få vist menupunkter, som er tilgængelige i værktøjet Spreadsheet View/Importer (Visning/import af regneark), når du højreklikker på en vilkårlig brønd i værktøjet eller på en af tabeloverskrifterne i pladeregnearkvisningen.

## Oprettelse af et pladelayout ved brug af Setup Wizard (Guiden Opsætning) for plader

Du kan bruge Setup Wizard (Guiden Opsætning) til at angive de oplysninger om pladelayout, som er nødvendige for normaliseret genekspressionsanalyse, herunder:

- Navne på målsekvenser (targets)
- Prøvenavne
- Placering af målsekvenser (targets) og prøve på pladen
- Referencegen(er)
- Kontrolprøve

Setup Wizard (Guiden Opsætning) kan bruges før, under og efter en kørsel.

### Anvendelse af Setup Wizard (Guiden Opsætning) for plader

Dette afsnit forklarer, hvordan et pladelayout oprettes ved hjælp af Setup Wizard (Guiden Opsætning) for plader. For lettere at kunne se indholdet i de enkelte brønde på pladen skal du klikke på Zoom plate (Zoom ind på pladen) øverst i Setup Wizard (Guiden Opsætning).

**Vigtigt:** Hvis du vender tilbage til fanen Auto layout (Automatisk layout) fra en hvilken som helst anden fane i Setup Wizard (Guiden Opsætning), nulstilles pladelayoutet. Vær forsigtig, når du vælger denne fane.

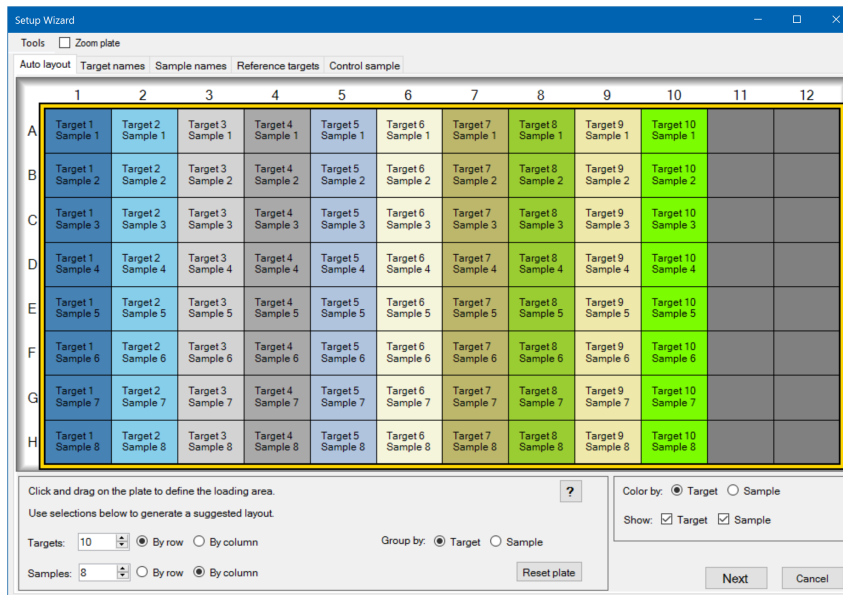
**Tip:** Du kan nulstille layoutet ved at vælge Tools > Clear Plate (Værktøjer > Ryd plade) i Setup Wizard (Guiden Opsætning).

### Sådan anvendes Setup Wizard (Guiden Opsætning) for plader

1. Åbn Plate Editor (Pladeeditor).
2. For at åbne Setup Wizard (Guiden Opsætning) skal du gøre et af følgende:
  - Vælg Editing Tools > Setup Wizard (Redigeringsværktøjer > Guiden Opsætning).
  - Klik på Setup Wizard (Guiden Opsætning) på værktøjslinjen i Plate Editor (Pladeeditor).

Setup Wizard (Guiden Opsætning) åbnes og viser fanen Auto layout (Automatisk layout).

## Kapitel 8 Klargøring af plader



### 3. Gør følgende på fanen Auto layout (Automatisk layout):

- Klik på en brønd i gitteret, og træk på tværs og ned for at angive det område på pladen, hvor du planlægger at placere prøven.
- Indtast antallet af målsekvenser (targets) og prøver, der skal placeres.

**Tip:** Antallet af målsekvenser (targets) og prøver skal være det samme som antallet af valgte celler. Hvis det indtastede antal ikke passer til det valgte område, skal antallet eller det valgte område på pladen ændres. Orienteringen af elementerne på pladen og grupperingen af disse kan specificeres.

- (Valgfrit) Rediger pladernes orientering. For eksempel kan du indstille målsekvenser (targets) i kolonner og prøver i rækker eller grupper efter prøver.
- Klik på Next (Næste) for at gå videre til fanen Target names (Navne på målsekvenser).

**Bemærk:** Hvis pladelayoutet ikke har et regelmæssigt mønster, kan du bruge fanen Target names (Navne på målsekvenser) til manuelt at placere målsekvenserne (targets) eller fanen Sample Names (Prøvenavne) til manuelt at placere prøverne på pladen. Klik og træk for at vælge flere brønde.

4. Definer navnene på målsækvenserne (targets) for målsækvensgrupperne på fanen Target Names (Navne på målsækvenser):
  - a. Gør et af følgende:
    - For at omdøbe målsækvenser (targets) efter gruppe skal du indstille Select by (Vælg efter) til Target (Målsækvens).
    - For at omdøbe målsækvenser (targets) efter brønd skal du indstille Select by (Vælg efter) til Well (Brønd).
  - b. Vælg en målsækvensgruppe eller -brønd i gitteret, og indtast et navn på rullelisten Target Name (Navn på målsækvens).

**Tip:** Tryk på Tab for at vælge den næste gruppe eller brønd til højre, eller tryk på Enter for at vælge den næste brønd eller gruppe nedenfor. Alternativt kan du holde Ctrl-tasten nede og klikke på en brønd på fanerne Target name (Navn på målsækvens) og Sample name (Prøvenavn) for at vælge flere brønde, der ikke støder op til hinanden.
  - c. Klik på Next (Næste) for at gå videre til fanen Sample Names (Prøvenavne).
5. På fanen Sample Names (Prøvenavne) defineres prøvenavnene for prøvegrupperne.
6. Klik på Next (Næste) for at gå videre til fanen Reference targets (Referencemålsækvenser).
7. Vælg en eller flere målsækvenser (targets) på fanen Reference targets (Referencemålsækvenser) til brug som referencer for normaliseret genekspression, og klik på Next (Næste) for at gå videre til fanen Control sample (Kontrolprøve).
8. Vælg en eller to prøver på fanen Control sample (Kontrolprøve) til brug som kontrol i forbindelse med beregning af genekspression.
9. Klik på OK for at gemme pladelayoutet og gå tilbage til Plate Editor (Pladeeditor), hvor pladeparametrene kan defineres yderligere. Se [Tildeling af valgfri parametre til pladefilen på side 140](#) for yderligere oplysninger.

Du kan også klikke på Previous (Forrige) for at gå tilbage til en foregående fane for at foretage ændringer.

**Bemærk:** Når du vender tilbage til fanen Auto layout (Automatisk layout), nulstilles pladelayoutet. Vær forsigtig, når du klikker på Previous (Forrige).





## Kapitel 9 Kørsel af eksperimenter

Dette kapitel beskriver, hvordan du kører brugerdefinerede analyseeksperimenter eller PrimePCR™-analyseeksperimenter ved brug af CFX Maestro Dx Software, Security Editionn.

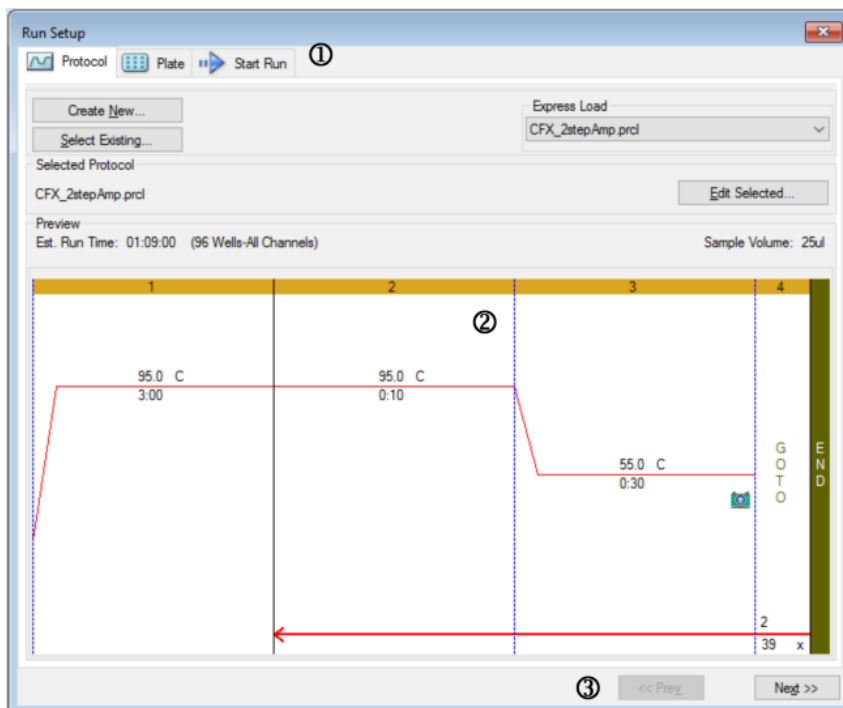
En kørselsdatafil indeholder protokol- og pladeoplysninger for kørslen. Filen indeholder også dataene fra de analyser, som CFX Maestro Dx SE udfører, efter at kørslen er udført.

CFX Maestro Dx SE gør det nemt at opsætte og køre brugerdefinerede eksperimenter eller PrimePCR-eksperimenter. Vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) fører dig gennem de almindelige trin til opsætning af et eksperiment og ender i dialogboksen Start Run (Start kørsel), hvor du kan starte kørslen.

## Vinduet Run Setup (Kørselsopsætning)

Vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) giver hurtig adgang til de filer og indstillinger, der er nødvendige for at kunne sætte et eksperiment op og køre det. Hvis der skal køres et brugerdefineret eksperiment, åbnes vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) med fanen Protocol (Protokol). Hvis der skal køres et PrimePCR-eksperiment, åbnes vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) med Fanen Start Run (Start kørsel).

**Tip:** Se [Udførelse af PrimePCR-eksperimenter på side 183](#) for oplysninger om PrimePCR. Se [Fanen Start Run \(Start kørsel\) på side 173](#) for oplysninger om fanen Start Run (Start kørsel).



## FORKLARING

1. Fanerne guider brugeren gennem klargøring og kørsel af et eksperiment:
  - Fanen Protocol (Protokol) – vælg en eksisterende protokol, der skal køres eller redigeres, eller opret en ny protokol i Protocol Editor (Protokoleditor).
  - Fanen Plate (Plade) – vælg en eksisterende plade, der skal køres eller redigeres, eller opret en ny plade i Plate Editor (Pladeeditor).
  - Fanen Start Run (Start kørsel) – vis eksperimentindstillingerne, vælg en eller flere instrumentblokke, og påbegynd kørslen.

---

2. Hovedvinduet viser valgmulighederne for de enkelte faner, efterhånden som de anvendes.

---

3. Navigationsknapperne bruges til gå til fanen Start Run (Start kørsel).

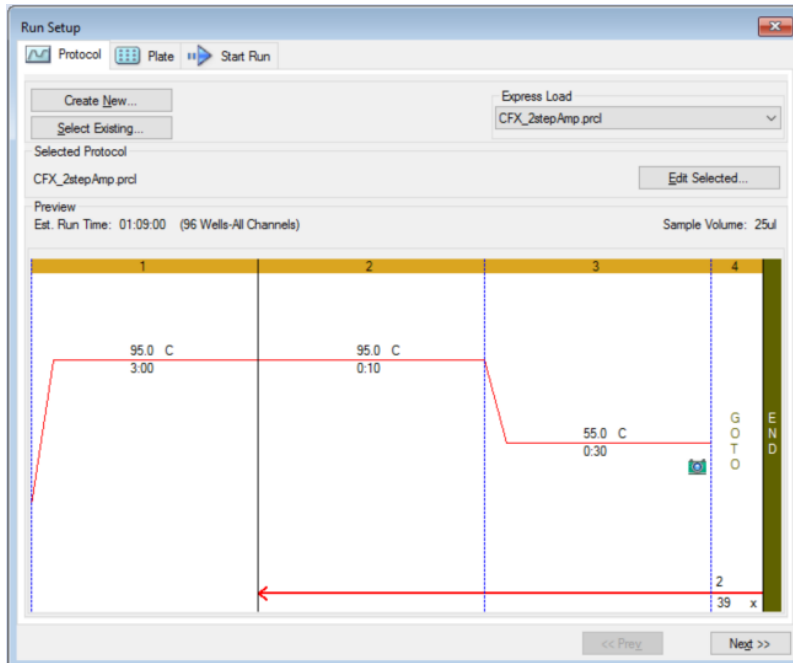
## Åbning af vinduet Run Setup (Kørselsopsætning)

### Sådan åbnes vinduet Run Setup (Kørselsopsætning)

- ▶ Gør et af følgende:
  - Klik enten på User-defined (Brugerdefineret) eller PrimePCR på fanen Run Setup (Kørselsopsætning) i Startup Wizard (Guiden Opstart).
  - Klik enten på User-defined Run Setup (Brugerdefineret kørselsopsætning) eller PrimePCR Run Setup (PrimePCR kørselsopsætning) på værktøjslinjen i startvinduet.
  - Vælg enten Run > User-defined Run (Kørsel > Brugerdefineret kørsel) eller Run > PrimePCR Run (Kørsel > PrimePCR-kørsel) i startvinduet.

## Fanen Protocol (Protokol)

Fanen Protocol (Protokol) viser en forhåndsvisning af den protokolfil, du planlægger at køre. En protokolfil indeholder instruktionerne til instrumentets temperaturtrin samt de instrumentindstillinger, der styrer rampehastigheden, prøvevolumenet og lågets temperatur.



Som standard viser softwaren den protokol, der er defineret i afsnittet File Selection for Run Setup (Filvalg til kørselsopsætning) på fanen Files (Filer) i dialogboksen User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer). Du kan ændre standardprotokollen i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Se [Ændring af standardindstillinger for filer på side 83](#) for yderligere oplysninger.

På fanen Protocol (Protokol) kan du:

- Oprette en ny protokol til kørsel
- Vælge en eksisterende protokol for at køre eller redigere den

Se [Kapitel 7, Oprettelse af protokoller](#) for yderligere oplysninger om oprettelse og redigering af protokoller.

### Sådan oprettes en ny protokol

1. Klik på Create New (Opret ny) på fanen Protocol (Protokol).  
Protocol Editor (Protokeleeditor) vises.

2. Brug Protocol Editor (Protokoleditor) til at oprette den nye protokol.
3. Klik på OK for at gemme protokollen og gå tilbage til fanen Protocol (Protokol) under Run Setup (Kørselsopsætning).
4. Gennemse de detaljerede oplysninger om protokollen, og gør et af følgende:
  - Klik på Next (Næste), hvis oplysningerne er korrekte, for at gå videre til fanen Plate (Plade).
  - Klik på Edit Selected (Rediger valgte), hvis de detaljerede oplysninger ikke er korrekte, for at vende tilbage til vinduet Protocol Editor (Protokoleditor). Gennemgå protokollen, gem ændringerne, og klik derefter på Next (Næste) på fanen Protocol (Protokol) for at gå videre til fanen Plate (Plade).

### Sådan vælges en eksisterende protokol

1. Gør et af følgende på fanen Protocol (Protokol):
  - Klik på Select Existing (Vælg eksisterende), og naviger til en eksisterende protokol.
  - Klik på Express Load (Hurtig-udfyldelse) og vælg en protokol fra rullelisten med protokoller.  
**Tip:** Du kan tilføje eller fjerne protokoller fra rullelisten Express Load (Hurtig-udfyldelse). Se [Tilføjelse og fjernelse af protokoller til hurtig-udfyldelse](#) nedenfor for yderligere oplysninger.
2. Gennemse de detaljerede oplysninger om protokollen, og gør et af følgende:
  - Klik på Next (Næste), hvis oplysningerne er korrekte, for at gå videre til fanen Plate (Plade).
  - Klik på Edit Selected (Rediger valgte), hvis de detaljerede oplysninger ikke er korrekte, for at åbne Protocol Editor (Protokoleditor). Gennemgå protokollen, gem ændringerne, og klik derefter på Next (Næste) på fanen Protocol (Protokol) for at gå videre til fanen Plate (Plade).

### Tilføjelse og fjernelse af protokoller til hurtig-udfyldelse

Du kan redigere indholdet af rullelisten Express Load (Hurtig-udfyldelse), som vises i Protocol Editor (Protokoleditor). Protokollerne på listen gemmes i følgende mappe:

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

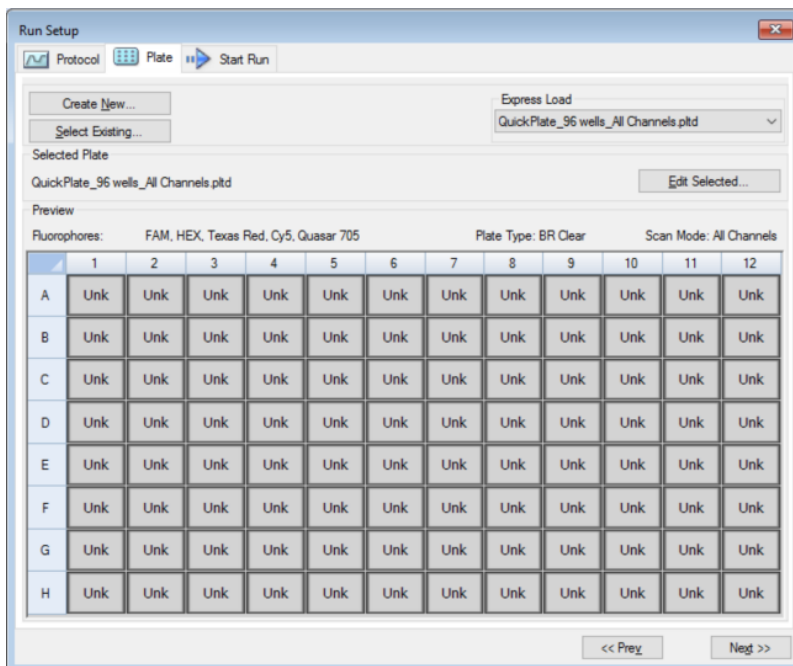
### Sådan redigeres listen med protokoller til Express Load (Hurtig-udfyldelse)

1. Naviger til og åbn mappen ExpressLoad (Hurtig-udfyldelse).
2. Gennemgå protokolfilerne (.pcri) i mappen.
3. Gør et af følgende:
  - Slet protokoller fra mappen for at fjerne dem fra rullelisten.
  - Kopiér protokoller til mappen for at tilføje dem på rullelisten.

## Fanen Plate (Plade)

**Bemærk:** Hvis den protokol, der vælges på fanen Protocol (Protokol), ikke indeholder et pladeaflysningstrin til real-time PCR-analyse, er fanen Plate (Plade) skjult. For at se fanen Plate (Plade) skal du tilføje mindst én pladeaflysning til protokollen.

Fanen Plate (Plade) viser en forhåndsvisning af den pladefil, du planlægger at indlæse. I en real-time PCR-kørsel indeholder pladefilen en beskrivelse af indholdet i hver brønd, herunder dens fluoroforer, scanningstilstanden og pladetypen. CFX Maestro Dx SE bruger disse beskrivelser til dataindsamling og analyse.



Softwaren viser som standard den plade, der er defineret i afsnittet File Selection for Run Setup (Filvalg til kørselsopsætning) på fanen Files (Filer) i dialogboksen User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer). Standardpladen kan ændres i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer). Se [Ændring af standardindstillinger for filer på side 83](#) for yderligere oplysninger.

På fanen Plate (Plade) kan du

- Oprette en ny plade, som skal indsættes.
- Vælge en eksisterende plade, som skal indsættes eller redigeres.

Der findes flere oplysninger om oprettelse og ændring af plader i [Kapitel 8, Klargøring af plader](#).

### Sådan oprettes en ny plade

1. Klik på Create New (Opret ny) på fanen Plate (Plade).  
Plate Editor (Pladeeditor) vises.
2. Brug Plate Editor (Pladeeditor) til at oprette en ny plade.
3. Klik på OK for at gemme pladen og gå tilbage til fanen Plate (Plade) under Run Setup (Kørselsopsætning).
4. Gennemse de detaljerede oplysninger om pladen, og gør et af følgende:
  - Klik på Next (Næste), hvis de detaljerede oplysninger er korrekte, for at gå videre til fanen Start Run (Start kørsel).
  - Klik på Edit Selected (Rediger valgte), hvis de detaljerede oplysninger ikke er korrekte, for at vende tilbage til Plate Editor (Pladeeditor). Gennemgå pladefilen, gem ændringerne, og klik derefter på Next (Næste) på fanen Plate (Plade) for at gå videre til fanen Start Run (Start kørsel).

### Sådan vælges en eksisterende pladefil

1. Gør et af følgende på fanen Plate (Plade):
  - Klik på Select Existing (Vælg eksisterende), og naviger til en eksisterende pladefil.
  - Klik på Express Load (Hurtig-udfyldelse) og vælg en pladefil på rullelisten.

**Tip:** Du kan tilføje plader til eller fjerne dem fra rullelisten Express Load (Hurtig-udfyldelse). Der findes flere oplysninger i [Tilføjelse og fjernelse af pladefiler til hurtig-udfyldelse](#) nedenfor.
2. Gennemse de detaljerede oplysninger om pladen, og gør et af følgende:
  - Klik på Next (Næste), hvis de detaljerede oplysninger er korrekte, for at gå videre til fanen Start Run (Start kørsel).
  - Klik på Edit Selected (Rediger valgte), hvis de detaljerede oplysninger ikke er korrekte, for at åbne vinduet Plate Editor (Pladeeditor). Gennemgå pladefilen, gem ændringerne, og klik derefter på Next (Næste) for at gå videre til fanen Start Run (Start kørsel).

### Tilføjelse og fjernelse af pladefiler til hurtig-udfyldelse

Du kan redigere indholdet af rullelisten Express Load (Hurtig-udfyldelse), som vises i Plate Editor (Pladeeditor). De plader, der vises på listen, er gemt i følgende mappe:

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

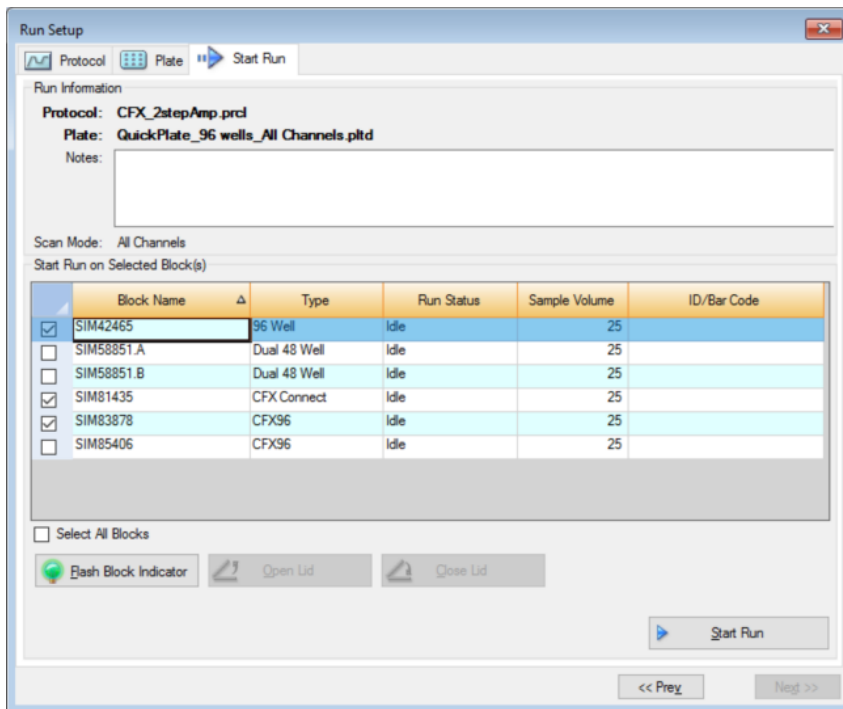


### **Sådan redigeres listen med pladefiler til Express Load (Hurtig-udfyldelse)**

1. Naviger til og åbn mappen ExpressLoad (Hurtig-udfyldelse).
2. Gennemgå pladefilerne (.pltd) i mappen.
3. Gør et af følgende:
  - Slet pladefiler fra mappen for at fjerne dem fra rullelisten.
  - Kopiér pladefiler til mappen for at tilføje dem på rullelisten.

## Fanen Start Run (Start kørsel)

Fanen Start Run (Start kørsel) viser oplysninger om eksperimentet, der skal køres. Den viser også den eller de tilsluttede instrumentblokke, som eksperimentet kan køres på.



Fanen Start Run (Start kørsel) kan bruges til følgende:

- Vise detaljerede kørselsoplysninger, herunder den valgte protokolfil, pladefil og scanningstilstand.
- Tilføje bemærkninger om kørslen.
- Vise detaljerede oplysninger om alle tilsluttede instrumenter, herunder deres kørselsstatus (kører eller inaktiv), prøvevolumen i µl, lågets temperatur, emuleringstilstand og id eller stregkode, hvis de er tilgængelige.

**Bemærk:** Du kan ændre kolonnerne, der vises i tabellen Start Run on Selected Blocks (Start kørsel på valgte blokke). Se [Redigering af detaljerede oplysninger i tabellen Selected blocks \(Valgte blokke\)](#) på side 174 for yderligere oplysninger.

- Vælge den eller de blokke, som kørslen skal udføres på.
- Åbne eller lukke låget med fjernbetjening for hvert valgt instrument.
- Starte kørslen.

## Redigering af detaljerede oplysninger i tabellen Selected blocks (Valgte blokke)

Du kan ændre kolonnerne, der vises i tabellen Start Run on Selected Block(s) (Start kørsel på valgte blokke). Desuden kan du ændre værdierne for standardprøvevolumenet og lågets temperatur i tabellen. Ændringerne af indstillingerne anvendes i den kørsel, der skal udføres.

### Sådan tilføjes kolonner i tabellen Start Run on Selected Block(s) (Start kørsel på valgte blokke)

- ▶ Højreklik i tabellen, og markér et element i den menu, der vises.

### Sådan fjernes kolonner i tabellen Start Run on Selected Block(s) (Start kørsel på valgte blokke)

- ▶ Højreklik i tabellen, og fjern markeringen for et element i den menu, der vises.

### Sådan redigeres værdier for prøvevolumenet eller lågets temperatur for en blok

- ▶ Vælg cellen med prøvevolumenet eller lågets temperatur for den ønskede blok, og skriv en ny værdi i cellen.

### Sådan tilføjes et kørsels-ID eller en strejkode for en blok

- ▶ Vælg cellen ID/Bar Code (ID/stregkode) for den ønskede blok, og skriv et ID eller scan blokken med en strejkodelæser.

## Kørsel af et eksperiment

**Vigtigt:** Inden du kører et eksperiment, skal du sikre, at computerens antivirussoftware ikke starter en scanning under kørslen. Se [Installation af CFX Maestro Dx SE softwaren på side 34](#), eller kontakt din systemadministrator for at få yderligere oplysninger.

### Sådan køres et eksperiment

1. Verificer de detaljerede oplysninger om plade og protokol i afsnittet Run Information (Kørselsoplysninger) på fanen Start Run (Start kørsel).
2. (Valgfrit) Tilføj bemærkninger om kørslen eller eksperimentet i tekstboksen Notes (Bemærkninger).
3. Markér afkrydsningsfeltet for en eller flere blokke, som kørslen skal udføres på.

**Tip:** For at køre eksperimentet på alle blokke skal du vælge Select All Blocks (Vælg alle blokke) under tabellen Selected Blocks (Valgte blokke).

4. (Valgfrit) Klik på Flash Block Indicator (Lad blokindikator blinke) for at lade LED-indikatoren blinke på de valgte instrumentblokke.
5. Sæt eksperimentpladerne ind i blokken:

- a. Klik på Open Lid (Åbn låg). Det motoriserede låg på hver valgt blok åbnes.
- b. Sæt en eksperimentplade ind i hver valgt blok.
- c. Klik på Close Lid (Luk låg).

**Tip:** På CFX Opus Dx-systemet trykkes på Open Lid (Åbn låg) eller Close Lid (Luk låg) på startskærmen.

6. Klik på Open Lid (Åbn låg) og Close Lid (Luk låg) for at åbne og lukke det motoriserede låg på hver valgt instrumentblok.
7. Gennemse de detaljerede oplysninger om kørslen, og gør et af følgende:
  - Klik på Start Run (Start kørsel), hvis de detaljerede oplysninger er korrekte.
  - Hvis de detaljerede oplysninger er forkerte:
    - Ret de detaljerede oplysninger i tabellen Selected Blocks (Valgte blokke), og klik på Start Run (Start kørsel).
    - Vend tilbage til den relevante fane og foretag de relevante ændringer, gem ændringerne, og klik derefter på Next (Næste) for at vende tilbage til fanen Start Run (Start kørsel) og starte kørslen.

### Sådan startes en kørsel fra en tidligere kørsel

- ▶ Gør et af følgende:
    - Vælg File > Repeat a Run (Fil > Gentag en kørsel) i softwarens hovedmenulinje. Naviger til og dobbeltklik på den kørselsdatafil, som skal gentages.
    - Vælg fanen Repeat Run (Gentag kørslen) i Startup Wizard (Guiden Opstart), og dobbeltklik på datafilen for den kørsel, som skal gentages.
- Du kan også klikke på Browse (Gennemse) på fanen Repeat Run (Gentag kørslen) for at navigere til og dobbeltklikke på den kørselsdatafil, som skal gentages.

## Dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer)

Når du klikker på Start Run (Start kørsel), beder CFX Maestro Dx SE dig om at gemme datafilen (.pcrd), starter kørslen og åbner dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer). Dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer) består af tre statusfaner:

- **Run Status** (Kørselsstatus) – brug denne fane til at se protokollens aktuelle status, åbne eller lukke låget, sætte en kørsel på pause, tilføje gentagelser, springe over trin eller stoppe kørslen.
- **Real-time Status** (Realtidsstatus) – brug denne fane til at se PCR-fluorescensdata i realtid, mens de indsamles.
- **Time Status** (Tidsstatus) – brug denne fane til at få vist en fuldskræmsnedtælling for protokollen.

Fanerne er beskrevet i detaljer i de følgende afsnit.

### Fanen Run Status (Kørselsstatus)

Fanen Run Status (Kørselsstatus) viser den aktuelle status for en igangværende kørsel. I denne visning er det også muligt at kontrollere låget og ændre den igangværende kørsel.

## FORKLARING

1. Ruden Run Status (Kørselsstatus) – viser status for den igangværende protokol.

---

2. Betjeningselementer for Run Status (Kørselsstatus) – giver mulighed for at betjene instrumentet eller afbryde den igangværende protokol.

---

3. Ruden Run Information (Kørselsoplysninger) – viser kørselsdetaljer.

### Kommandoer for Run Status (Kørselsstatus)

Kommandoerne på fanen Run Status (Kørselsstatus) kan bruges enten til at betjene instrumentet fra softwaren eller til at ændre en igangværende kørsel.

**Bemærk:** Ændringer, der foretages på protokoller under kørslen, som for eksempel tilføjelsen af gentagelser, ændrer ikke den protokolfil, der er tilknyttet til kørslen. Disse handlinger registreres i Run Log (Kørselsloggen).



– åbner det motoriserede låg på valgte instrumenter.

**Vigtigt:** Hvis låget åbnes under en kørsel, sættes kørslen på pause på det igangværende trin, hvilket kan påvirke data. [Kommandoer for Run Status \(Kørselsstatus\) på side 177](#).



– lukker det motoriserede låg på valgte instrumenter.



– tilføjer yderligere gentagelser til det igangværende trin af typen GOTO (GÅ TIL) i protokollen.

Denne valgmulighed er kun tilgængelig, når en forekomst af trinnet GOTO (GÅ TIL) kører.

**Bemærk:** Du kan tilføje yderligere gentagelser under en GOTO-cyklus, når protokollen er i gang. CFX Maestro Dx SE anerkender den seneste ændring i antallet af gentagelser. Hvis du for eksempel tilføjer 10 yderligere gentagelser i en GOTO-cyklus, ændrer softwaren det samlede antal til  $n + 10$ . Hvis du derefter tilføjer yderligere fem (5) gentagelser i samme cyklus, ændrer CFX Maestro det samlede antal gentagelser til  $n + 5$ . Den første ændring (10 gentagelser) ignoreres. For at sikre, at softwaren udfører det målsatte antal gentagelser, skal du indtaste det samlede antal (i dette tilfælde i alt 15 gentagelser).



– springer det igangværende trin i protokollen over.

**Bemærk:** Hvis du springer over under et GOTO-trin, springer systemet til næste cyklus i GOTO-loopet. Hvis GOTO-trinnets sidste cyklus var i gang på tidspunktet, hvor der blev sprunget over, springer systemet til næste trin.



– får LED'en på visse instrumenter til at blinke for at identificere de valgte blokke.



– sætter protokollen på pause.

**Bemærk:** Denne handling registreres i Run Log (Kørselsloggen).



– genoptager en protokol, der er sat på pause.

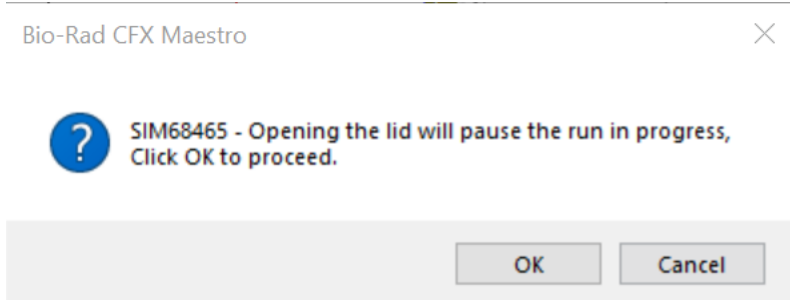


– stopper kørslen før afslutningen af protokollen.

**Bemærk:** Hvis kørslen stoppes før afslutningen af protokollen, kan data blive påvirket.

### Åbning af instrumentets låg under en PCR-kørsel

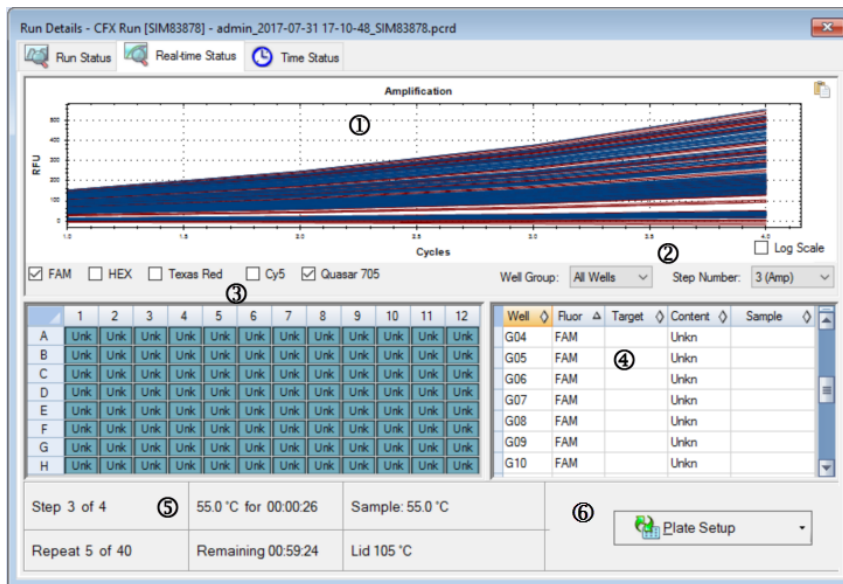
Hvis låget på et instrument åbnes under en PCR-kørsel, viser CFX Maestro Dx SE følgende bekræftelsesdialogboks:



Mens dialogboksen vises, fortsætter instrumenterne med at køre protokollen. Knappen OK sætter kørslen på pause, og instrumentets låg låses op og åbnes. Knappen Annuller lukker dialogboksen og fortsætter kørslen.

## Fanen Real-time Status (Realtidsstatus)

Fanen Real-time Status (Realtidsstatus) viser real-time PCR-data indsamlet i hver cyklus under kørslen efter de første to pladeaflysninger.



### FORKLARING

1. Kurvelinjeruden Amplification (Amplifikation) – viser amplifikationsdata i realtid under kørslen.
2. Identifikator for Well group (Brøndgruppe) – hvis der blev identificeret brøndgrupper i pladeopsætningen, kan brugeren vælge en specifik brøndgruppe for at se dens kurvelinjer, brønde og tabeloplysninger.  
Identifikator for Step number (Trinnummer) – hvis protokollen indsamler data på mere end ét trin (for eksempel under amplifikation og smeltekurve), kan brugeren vælge et specifikt trin og se de kurvelinjer, der blev indsamlet på det pågældende trin.
3. Ruden Well selector (Brøndvælger) – viser de aktive, inaktive og tomme brønde i pladen.
4. Tabelruden Plate Setup (Pladeopsætning) – viser pladeopsætningen i tabelformat.



5. Rude med kørselsdetaljer – viser realtidsstatus for kørslen, herunder:
  - Nuværende trin
  - Nuværende gentagelse
  - Nuværende temperatur
  - Resterende tid
  - Prøvetemperatur
  - Lågets temperatur

---

6. Plate Setup (Pladeopsætning) – åbner dialogboksen Plate Setup (Pladeopsætning), hvor brugeren kan ændre den aktuelle pladeopsætning under en kørsel.

På fanen Real-time Status (Realtidsstatus) kan du:

- Vise eller skjule kurvelinjer i realtid ved at vælge dem i brøndvælgerruden eller tabellen til pladeopsætning
- Vise kurvelinjer enkelt- eller gruppevis ved at vælge dem i rullemenuen med brøndgrupper
- Redigere pladen eller udskifte pladefilen
- Anvende en PrimePCR-fil på kørslen.

### Vise eller skjule realtidskurvelinjer

Som standard er alle fyldte brønde aktive og vises i pladeopsætningstabellen. Aktive brønde vises med blå i brøndvælgerruden. Skjulte brønde vises med lysegråt, og eventuelle ubrugte brønde vises med mørkegråt i brøndvælgerruden.

Du kan skjule kurvelinjer fra aktive brønde under kørslen. CFX Maestro Dx SE bliver ved med at indsamle data for alle brønde, men når du skjuler brøndene, vises deres data ikke i pladeopsætningstabellen.

#### Sådan skjules realtidskurvelinjer

- ▶ Klik på den aktive (blå) brønd, der skal skjules, i brøndvælgerruden.

#### Sådan vises realtidskurvelinjer

- ▶ Klik på den skjulte (lysegrå) brønd, der skal vises, i brøndvælgerruden.

Se [Brøndvælger på side 199](#) for yderligere oplysninger om brøndvælgeren.

## Redigering af en pladeopsætning

### Sådan redigeres en pladeopsætning

- ▶ Klik på Plate Setup (Pladeopsætning), og vælg View/Edit Plate (Vis/rediger plade).

Vinduet Plate Editor (Pladeeditor) vises og giver mulighed for at redigere pladen, mens kørslen er i gang. Der findes flere oplysninger om redigering af plader i [Kapitel 8, Klargøring af plader](#).

**Bemærk:** Du kan også redigere kurvelinjelayout i vinduet Plate Editor (Pladeeditor). Ændringer vises i amplifikationskurvelinjeplottet på fanen Real-time Status (Realtidsstatus).

## Udskiftning af en pladefil

**Tip:** Udskiftning af en pladefil er særligt nyttigt, hvis du starter en kørsel med en Quick Plate-fil i ExpressLoad-mappen.

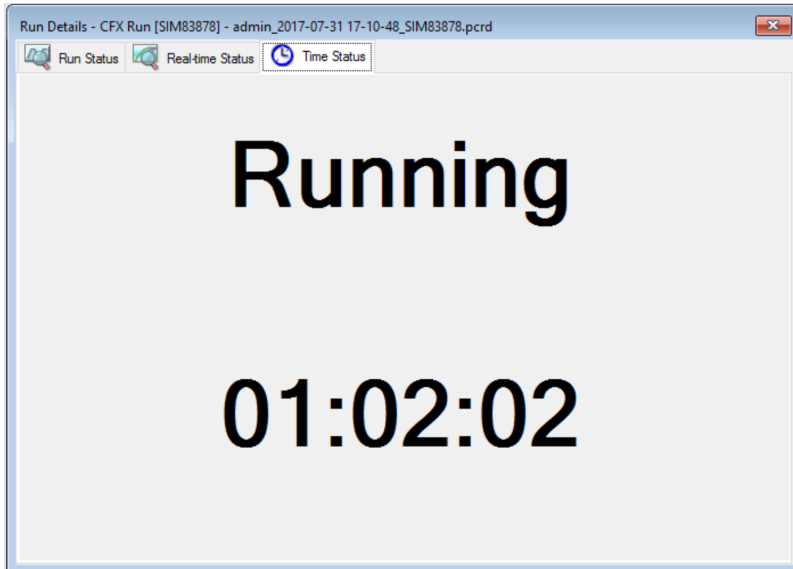
### Sådan udskiftes en pladefil

- ▶ Klik på Plate Setup (Pladeopsætning), og vælg et af følgende:
  - Replace Plate file (Udskift pladefil) – vælg den nye pladefil på listen i browservinduet
  - Apply PrimePCR file (Anvend PrimePCR-fil) – søg efter en kørselsfil, som pladelayoutet skal hentes fra, med Smart-søgning eller ved at klikke på Browse (Gennemse) for at finde en fil, der blev downloadet fra Bio-Rads websted, og som ikke findes i PrimePCR-mappen

**Bemærk:** CFX Maestro Dx SE kontrollerer scanningstilstand og pladestørrelse for pladefilen. Disse skal være de samme som de kørselsindstillinger, kørslen blev startet med.

## Fanen Time Status (Tidsstatus)

Fanen Time Status (Tidsstatus) viser, hvor lang tid der er tilbage, før den aktuelle kørsel er færdig.



## Udførelse af PrimePCR-eksperimenter

PrimePCR-eksperimenter bruger signalvejs- eller sygdomsspecifikke analyser, som Bio-Rad har valideret og optimeret i laboratoriet, og som er tilgængelige i følgende formater:

- Paneler med foruddefinerede plader – plader med analyser, der er specifikke for en biologisk signalvej eller sygdom. De omfatter PrimePCR-kontroller og referencegener.
- Brugerkonfigurerede plader – plader, der kan opsættes i et brugerdefineret layout, hvor der kan vælges analyser for interessenålssekvenser (targets), kontroller og referencer.
- Individuelle analyser – rør, der indeholder individuelle primersæt til brug i real-time-reaktioner.

For at reducere den samlede kørselstid kan du fjerne smeltetrinnet i protokollen. Bio-Rad anbefaler på det kraftigste, at der ikke udføres andre ændringer af en PrimePCR-kørselsprotokol. Standardprotokollen er den, der blev brugt til analysevalidering. Enhver afvigelse fra dette kan påvirke resultaterne. Ændringer i protokollen angives på fanen Run Information (Kørselsoplysninger) i den resulterende datafil og i eventuelle rapporter, der oprettes.

### Sådan startes en PrimePCR-kørsel

- ▶ For at starte en PrimePCR-kørsel skal du gøre et af følgende:
  - I Startup Wizard (Guiden Opstart) skal du vælge PrimePCR på fanen Run setup (Kørselsopsætning) og derefter vælge den relevante kemi (SYBR<sup>®</sup> eller Probe).
  - Vælg en PrimePCR-kørsel på listen Recent Runs (Seneste kørsler) på fanen Repeat run (Gentag kørslen) i Startup Wizard (Guiden Opstart).
  - Vælg File > Open > PrimePCR Run File (Fil > Åbn > PrimePCR-kørselsfil) i startvinduet.
  - Træk og slip en PrimePCR-kørselsfil i startvinduet.

Når du har valgt en PrimePCR-kørsel, åbnes vinduet Run Setup (Kørselsopsætning) på fanen Start Run (Start kørsel) med standard-PrimePCR-pladelayoutet indlæst, baseret på det valgte instrument.

### Sådan fjernes smeltetrinnet i protokollen

- ▶ Fjern markeringen i feltet ved siden af Include Melt Step (Medtag smeltetrin) på fanen Protocol (Protokol).

### **Sådan importeres oplysninger om målsekvenser (targets) for PrimePCR-plader til et pladelayout**

1. Gør et af følgende:
  - På fanen Real-time Status (Realtidsstatus) i dialogboksen Run Details (Kørselsdetaljer) vælges Plate Setup > Apply PrimePCR File (Pladeopsætning > Anvend PrimePCR-fil).
  - I vinduet Data Analysis (Dataanalyse) vælges Plate Setup > Apply PrimePCR File (Pladeopsætning > Anvend PrimePCR-fil).
2. Klik på Browse (Gennemse) i dialogboksen PrimePCR run file (PrimePCR-kørselsfil) for at navigere til den relevante PrimePCR-fil (.csv).
3. Vælg den ønskede PrimePCR-fil, og klik på Open (Åbn).

CFX Opus Dx-systemet importerer de ønskede oplysninger til pladelayoutet.

## Overførsel af separate data til analyse

**Vigtigt:** Når der overføres datafiler fra CFX Opus Dx-systemet til CFX Maestro Dx SE, overføres alle filer, der er gemt på systemet. Kontrollér, at der er tilstrækkelig plads på disken til dataene, inden de overføres.

Når kørslen er færdig, analyserer CFX Maestro Dx SE fluorescensdataene. Hvis kørslen udføres i separat tilstand og gemmes på selve CFX Opus Dx-systemet, skal dataene overføres til computeren med CFX Maestro Dx SE installeret med henblik på analyse.

CFX Opus Dx-systemet kan gemme op til 100 PCR-kørsler i realtid. Når kørslen er færdig, kan separate datafiler overføres til CFX Maestro Dx SE-computeren via e-mail, USB-drev eller ved brug af selve softwaren.

Dette afsnit forklarer, hvordan separate datafiler kan overføres til CFX Maestro Dx SE-computeren.

### Overførsel af data via e-mail

#### Sådan sendes en datafil via e-mail ved slutningen af en kørsel

1. Opsæt e-mailbeskeder for instrumentet.

Se [Opsætning af e-mailbeskeder på side 79](#) eller betjeningsvejledningen til CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemet.

2. Sørg for, at Attach Data File (Vedhæft datafil) er valgt, når e-mailbeskeder sættes op.

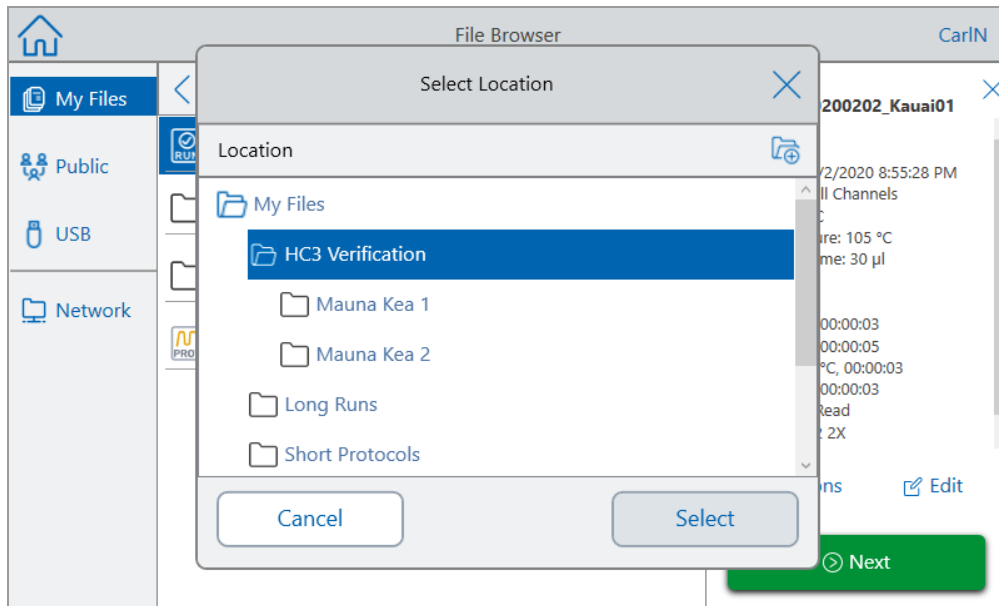
De kørte data sendes pr. e-mail som en .pcrd-fil.

### Overførsel af data fra CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemet

Ved at bruge filbrowser-funktionen på CFX Opus Dx-systemet kan du overføre datafiler til et tilsluttet USB-drev eller til en delt netværksmappe. Du kan også overføre CFX Maestro Dx SE-protokolfiler fra et USB-drev eller et delt netværksdrev til din mappe eller fællesmappen på CFX Opus Dx-systemet og køre dem på CFX Opus Dx-systemet.

**Tip:** Dette afsnit beskriver, hvordan man overfører data. For oplysninger om opsætning af Ethernet henvises til betjeningsvejledningen for CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemet, der kan tilgås i CFX Maestro Dx SE menuen Help (Hjælp).

1. På startskærmen for CFX Opus Dx-systemet skal du trykke på Files (Filer) for at se skærbilledet File Browser (Filbrowser).
2. På skærmen File Browser (Filbrowser) skal du navigere til den fil, du vil kopiere, og derefter trykke på filen for at se ruden med filoplysninger.
3. Tryk på Settings (Indstillinger) i ruden med filoplysninger, og tryk derefter på Copy (Kopier).



Dialogboksen Select Location (Vælg placering) vises.

4. Gør et af følgende i dialogboksen Select Location (Vælg placering):
  - Naviger til en eksisterende mappe.
  - Naviger til placeringen for at oprette en mappe, hvor filen skal gemmes, og tryk derefter på Opret mappe (ikon) for at oprette en ny mappe på det sted.
5. Tryk på Select (Vælg) for at kopiere filen til den valgte placering, eller tryk på Cancel (Annuller) for at vende tilbage til skærbilledet File Browser (Filbrowser).

**Bemærk:** Hvis der findes en fil med samme navn på den valgte placering, vises en meddelelsesboks. Tryk på Yes (Ja) for at overskrive den eksisterende fil eller No (Nej) for at vende tilbage til skærbilledet File Browser (Filbrowser).

CFX Opus Dx-systemet viser en bekræftelsesmeddelelse, når filen er kopieret.

## Overførsel af data gennem CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

### Sådan overføres data gennem CFX Maestro Dx SE

1. Højreklik på det ønskede instrument i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) i startvinduet, og vælg Retrieve Data Files (Hent datafiler).

CFX Maestro Dx SE viser dialogboksen Browse For Folder (Gennemse for mappe).

2. I dialogboksen Browse For Folder (Browse for mappe) skal du navigere til den placering, hvor datafilerne skal gemmes, og klikke på OK.

Overførselsprocessen opretter en mappe kaldet Real-Time Data (Realtidsdata) på den valgte placering. Kørselsdataene er gemt i mappen Real-Time Data (Realtidsdata) som separate .zpcr-filer.

### Overførsel af data med et USB-drev

Hvis du sætter et USB-drev i USB-indgangen på instrumentet, gemmes datafilen automatisk i USB-drevets rodmappe, når kørslen er gennemført. Du kan også finde tidligere gemte datafiler og gemme dem på et tilsluttet USB-drev.

### Sådan overføres datafiler til et USB-drev på CFX Opus Dx-systemer

- ▶ I dialogboksen Select Location (Vælg placering) skal du trykke på USB og gå til den mappe, hvor filen skal kopieres til, eller trykke på Cancel (Annuller) for at vende tilbage til filbrowserskærmen.

**Bemærk:** Hvis der findes en fil med samme navn på det valgte sted, vises en dialogboks. Tryk på Yes (Ja) for at overskrive den eksisterende fil eller No (Nej) for at vende tilbage til skærbilledet File Browser (Filbrowser).

CFX Opus Dx-systemet viser en bekræftelsesmeddelelse, når filen er kopieret.



## Overførsel af data til et delt netværksdrev vha. CFX Opus Dx Real-Time PCR-systemer

**Tip:** Du kan kun overføre data til og fra et delt netværksdrev via CFX Opus Dx-systemer.

CFX Opus Dx-systemer giver mulighed for at oprette forbindelse til et delt netværksdrev ved hjælp af Ethernet. Med forbindelse kan du overføre datafiler til og fra en mappe på det delte netværksdrev.

### Sådan overføres data til og fra et delt netværksdrev

- ▶ I dialogboksen Select Location (Vælg placering) skal du trykke på Network (Netværk) og gå til den mappe, hvor filen skal kopieres til, eller tryk på Cancel (Annuller) for at vende tilbage til filbrowserskærmen.

**Bemærk:** Hvis der findes en fil med samme navn på det valgte sted, vises en dialogboks. Tryk på Yes (Ja) for at overskrive den eksisterende fil eller No (Nej) for at vende tilbage til skærmbilledet File Browser (Filbrowser).

CFX Opus Dx-systemet viser en bekræftelsesmeddelelse, når filen er kopieret.

## Oprettelse af en datafil

For at kunne analysere data, der overføres fra instrumentet til CFX Maestro Dx SE-computeren, skal den komprimerede datafil (.zpcr-fil) konverteres til en datafil (.pcrd-fil). CFX Maestro Dx SE konverterer .zpcr-filen til en .pcrd-fil og vælger derefter en pladefil, der har den samme scanningstilstand og pladestørrelse, og anvender den på .pcrd-filen.

### Sådan oprettes en datafil fra en separat datafil

1. Gør et af følgende i CFX Maestro Dx SE:
  - Find den ønskede .zpcr-fil, og træk den over i startvinduet i CFX Maestro Dx SE.
  - Vælg File > Open > Stand-alone Run (Fil > Åbn > Separat kørsel), og naviger til og vælg den ønskede fil.

CFX Maestro Dx SE viser dialogboksen Save As (Gem som).

2. Naviger til den mappe, hvor .pcrd-filen skal gemmes, og klik på Save (Gem).

Når .pcrd-filen er blevet gemt, åbnes CFX Maestro Dx SE vinduet Data Analysis (Dataanalyse) og viser de resulterende data.

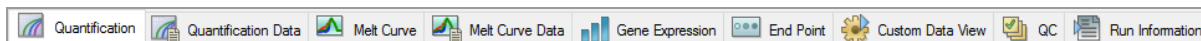
## Kapitel 10 Oversigt over dataanalyse

CFX Maestro Dx Software, Security Edition behandler automatisk real-time PCR-data ved afslutningen af hver kørsel og åbner vinduet Data Analysis (Dataanalyse) for at vise dataene (.pcrd-filen).

- Trække en datafil (med filtypenavnet .pcrd) til startvinduet og slippe den
- Vælge File > Open > Data File (Fil > Åbn > Datafil) i startvinduet og navigere til den ønskede .pcrd-fil
- Vælge File > Recent Data Files (Fil > Seneste datafiler) i startvinduet for at vælge fra en liste over de ti senest åbnede datafiler
- Vælge fanen Analyze i Startup Wizard (Guiden Opstart), og vælg enten Recent Files (Seneste filer) eller klik på Browse (Gennemse) for at finde datafilen

### Vinduet Data Analysis (Dataanalyse)

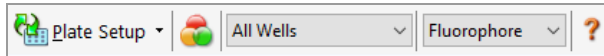
Vinduet Data Analysis (Dataanalyse) indeholder flere faner, som hver viser de analyserede data for en specifik analysemetode eller kørselsspecifikke oplysninger. Fanerne vises kun, hvis de data, som blev indsamlet i kørslen, er tilgængelige for den pågældende type analyse.



**Tip:** For at vælge de faner, som skal vises, skal de vælges i rullemenuen View (Vis) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). For at vende tilbage til det oprindelige fanelayout skal du vælge Settings (Indstillinger) > Restore Default Window Layout (Gendan standard-vindueslayout).

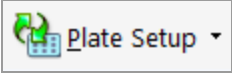

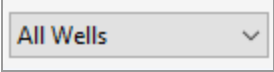
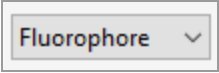

## Værktøjslinjen Data Analysis (Dataanalyse)

Værktøjslinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) giver hurtig adgang til vigtige dataanalysefunktioner.



Tabel 11 viser funktionerne af knapperne på værktøjslinjen.

**Tabel 11. Værktøjslinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse)**

| Knap  | Navn   | Funktion  |
|---|--|---|
|    | Plate Setup<br>(Pladeopsætning)                  | View/Edit Plate (Vis/rediger plade) - Åbner Plate Editor (Pladeeditor) til visning og redigering af indholdet af brønde.<br>Replace Plate File (Udskift pladefil) - Vælger en pladefil, som skal erstatte pladelayoutet.<br>Apply PrimePCR file (Anvend PrimePCR-fil) - vælger en kørselsfil, der skal erstatte pladelayoutet for en PrimePCR-kørsel. |
|  | Manage Well Groups<br>(Administrer brøndgrupper) | Åbner vinduet Well Groups Manager (Brøndgruppeadministrator) med henblik på oprettelse, redigering og sletning af brøndgrupper.   |
|  | Well Group<br>(Brøndgruppe)                      | Vælg navnet på en eksisterende brøndgruppe på rullelisten. Standardvalget er All Wells (Alle brønde). Denne knap vises kun, hvis der er oprettet brøndgrupper.  |
|  | Analysetilstand                                  | Analyserer dataene i enten fluorofor-tilstand eller målsekvenstilstand (target).  |
|  | Help (Hjælp)                                     | Åbner softwarehjælpen, hvorfra du kan få onlinehjælp og finde en digital kopi af denne vejledning i Acrobat PDF-format.   |

## Menulinjen Data Analysis (Dataanalyse)

Tabel 12 viser menulinjepunkter i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

**Tabel 12. Punkter på menulinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse)**

| Menupunkt  | Kommando  | Funktion  |
|------------|---|---|
| File (Fil) | Save (Gem)  | Gemmer filen.   |
|            | Save As (Gem som)   | Gemmer filen under et nyt navn.   |
|            | Filadgangskoder   | Giver brugere mulighed for at indstille adgangskoder til at åbne og gemme filer.                                |
|            | Underskriv  | Giver brugere mulighed for at underskrive datafilen.  |
|            | Gentag kørsel   | Ekstraherer protokollen og pladefilen fra den aktuelle kørsel med henblik på genkørsel.                         |
|            | Close (Luk)   | Lukker vinduet Data Analysis (Dataanalyse).   |
| View (Vis) | Run Log (Kørselslog)  | Åbner vinduet Run Log (Kørselslog) for at vise kørselsloggen for den aktuelle datafil.                          |
|            | Revisionsspor   | Åbner filens revisionsspor.   |
|            | Quantification (Kvantifikation), Melt Curve (Smeltekurve), Gene Expression (Genekspression), End Point (Endepunkt), Custom Data View (Tilpasset datavisning), QC (Kvalitetskontrol), Run Information (Kørselsoplysninger) | Viser de analyserede data på de valgte faner i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Mindst én fane skal vælges. |

**Tabel 12. Punkter på menulinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), fortsat**

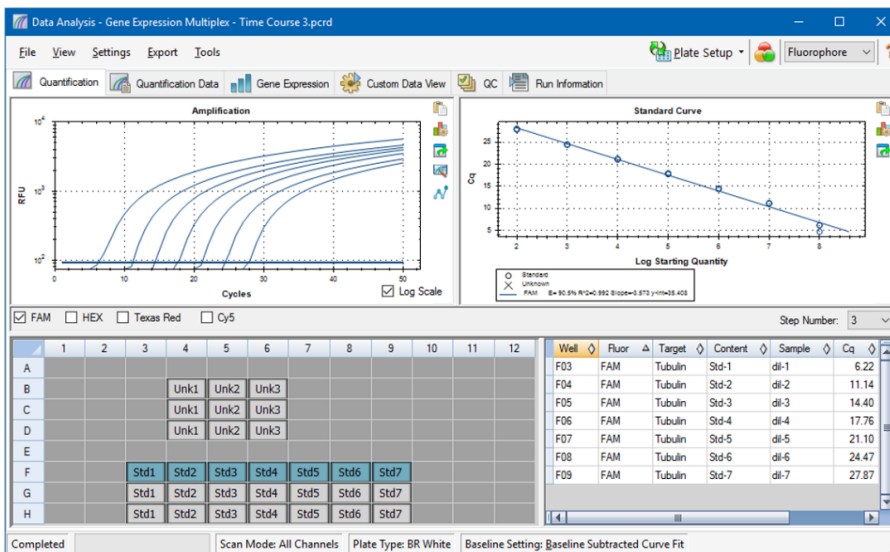
| Menupunkt     | Kommando   | Funktion  |
|---------------|--|---|
| Indstillinger | C <sub>q</sub> Determination Mode (C <sub>q</sub> -bestemmelsestilstand) | Giver dig mulighed for at vælge enten tilstanden Regression eller Single Threshold (Enkelt tærskel) for at bestemme, hvordan C <sub>q</sub> -værdier beregnes for hver kurvelinje.  |
|               | Baseline Setting (Baselineindstilling)                                   | Giver dig mulighed for at vælge baseline-subtraktionsmetoden for de valgte brøndgrupper.  |
|               | Analysetilstand  | Giver dig mulighed for at analysere data efter Fluorophore (Fluorofor) eller efter Target (Målsekvens).   |
|               | Cycles to Analyze (Cyklusser, der skal analyseres)                       | Giver dig mulighed for at vælge de cyklusser, der skal analyseres.  |
|               | Baseline Threshold (Baselinetærskel)                                     | Åbner vinduet Baseline Threshold (Baselinetærskel) for at justere baseline eller tærskel.   |
|               | Trace Styles (Kurvelinjelayout)  | Åbner vinduet Trace Styles (Kurvelinjelayout).  |
|               | Plate Setup (Pladeopsætning)   | Åbner Plate Editor (Pladeeditor) for at vise og redigere pladen eller udskifte den aktuelle plade med en fra en brugerdefineret pladefil eller en PrimePCR-kørselsfil.  |
|               | Include All Excluded Wells (Medtag alle udeladte brønde)                 | Medtager alle udeladte brønde i analysen.   |
|               | Mouse Highlighting (Musefremhævning)                                     | Aktiverer eller deaktiverer den samtidige fremhævning af data med musemarkøren.<br><b>Tip:</b> Hvis Mouse Highlighting (Musefremhævning) er slået fra, kan du trykke på tasten Control for at slå fremhævning midlertidigt til. |
|               | Restore Default Window Layout (Gendan standard-vindueslayout)            | Gendanner opstillingen af vinduer til standardindstillingen.  |

**Tabel 12. Punkter på menulinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), fortsat**

| Menupunkt             | Kommando   | Funktion  |
|-----------------------|--|---|
| Export<br>(Eksportér) | Export All Data Sheets (Eksporter alle dataark)                | Giver dig mulighed for at vælge, om alle regneark-visningerne skal eksporteres fra hver fane til en .csv-, .txt-fil. Excel- eller .xml-fil.   |
|                       | Export RDML File (Eksportér RDML-fil)                          | Giver dig mulighed for at vælge enten version 1.1 eller 1.0 af RDML, hvortil filen skal eksporteres.  |
|                       | Custom Export (Tilpasset eksport)                              | Åbner vinduet Custom Export (Tilpasset eksport), hvor du kan angive de felter, der skal eksporteres, samt filformatet.  |
|                       | Export to LIMS Folder (Eksportér til LIMS-mappe)               | Åbner et vindue til lagring af data i et forudangivet format i LIMS-mappen.   |
|                       | Manual Export (Manuel eksport)                                 | Åbner et vindue til identifikation af placeringen til lagring af data fra alle regnearksvisninger til Excel-filer, struktureret specifikt til brug af Seegene, Inc. og Bio-Rad Laboratories.<br><b>Tip:</b> Du kan også automatisk starte Seegene Viewer ved eksport. Se <a href="#">Kommandoer i menuen Tools (Værktøjer) på side 65</a> for yderligere oplysninger. |
| Tools (Værktøjer)     | Reports (Rapporter)  | Åbner vinduet Report (Rapport) for denne datafil.   |
|                       | Well Group Reports (Rapporter for brøndgruppe)                 | Åbner vinduet Well Group Report (Rapport for brøndgruppe) til oprettelse af rapporter for angivne brøndgrupper.   |
|                       | Import Fluorophore Calibration (Importér fluoroforkalibrering) | Vælg en kalibreringsfil, der skal anvendes på den aktuelle datafil.   |
|                       | qbase+   | Starter qbase+ version 2.5 direkte fra den aktuelle .pcrd-fil, hvis installeret.  |
|                       | Generer LIMS PLRN-fil  | Gemmer datafilen som en LIMS-formateret .plrn-fil.  |

## Fanen Details (Detaljerede oplysninger)

Hver fane i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) viser data i diagrammer og regneark for en specifik analysemetode og indeholder en brøndvælger, der bruges til at vælge de data, der skal vises. Når Data Analysis (Dataanalyse) åbnes, vises fanen Quantification (Kvantifikation) som standard. Du kan bruge amplifikationsdiagramdataene på fanen Quantification (Kvantifikation) til at bestemme de optimale analyseindstillinger for kørslen.

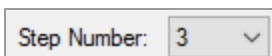


**Bemærk:** Softwaren linker dataene i ruderne i hver af fanerne i Data Analysis (Dataanalyse). For eksempel vil fremhævelse af en brønd ved at placere musemarkøren over brønden i brøndvælgervisningen fremhæve dataene i alle de andre ruder.

## Vælgeren Step Number (Trinnummer)

CFX Opus Dx-systemerne kan indsamle fluorescensdata á flere protokoltrin. Softwaren beholder de data, der er indsamlet på hvert trin, uafhængigt. CFX Maestro Dx SE viser trinnummeret under standardkurvediagrammet på fanen Quantification (Kvantifikation). Hvis en protokol indeholder mindst ét dataindsamlingstrin, viser CFX Maestro Dx SE-data fra det første indsamlingstrin.

Hvis protokollen indeholder flere end ét indsamlingstrin, kan du vælge et andet trin fra rullelisten. For eksempel:



Hvis du vælger et trin, anvender softwaren valget på alle data, som vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

## Visning af Well Groups (Brøndgrupper) i Data Analysis (Dataanalyse)

Brøndene på en plade kan grupperes i undersæt med henblik på individuel analyse ved hjælp af brøndgrupper. Når der oprettes brøndgrupper, vises navnene på disse i rullelisten Well Groups (Brøndgrupper) på værktøjslinjen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

Hvis der er oprettet brøndgrupper, viser softwaren standardbrøndgruppen All Wells (Alle brønde), når vinduet Data Analysis (Dataanalyse) åbnes, med data for samtlige brønde med indhold vist i diagrammer og regneark. Det er kun de brønde i brøndgruppen, som har indhold, der vises i brøndvælgeren, og det er kun data for disse brønde, der medtages i dataanalyseberegningerne.

**Tip:** For at oprette, redigere eller slette brøndgrupper skal du klikke på Manage Well Groups (Administrer brøndgrupper) på værktøjslinjen.

**Bemærk:** Hvis der ikke er oprettet nogen brøndgrupper, vises rullelisten Well Groups (Brøndgrupper) ikke på værktøjslinjen.

## Ændring af brøndindhold efter en kørsel

Under dataanalyse vil en ændring af den måde, som data vises på via ændring af indholdet af brønde i Plate Editor (Pladeeditor), aldrig ændre de fluorescensdata, som blev indsamlet fra hver brønd i løbet af kørslen. Efter at modulet har indsamlet fluorescensdata, kan disse data ikke slettes, men du kan vælge at fjerne dem fra visning og analyser.

### Sådan ændres indholdet af brønde efter en kørsel

- ▶ Klik på Plate Setup (Pladeopsætning) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), og vælg én af følgende valgmuligheder:
  - **Edit/View Plate** (Rediger/vis plade) – åbner Plate Editor (Pladeeditor), hvor du kan foretage manuelle ændringer i layoutet.
  - **Replace Plate File** (Udskift pladefil) – åbner browseren Select Plate (Vælg plade), hvor du kan navigere til en tidligere gemt pladefil, som det aktuelle pladelayout skal erstattes med.
  - **Apply PrimePCR file** (Anvend PrimePCR-fil) – åbner dialogboksen Select PrimePCR file (Vælg PrimePCR-fil), hvor du kan navigere til en PrimePCR-kørselsfil og anvende den på pladelayoutet.

**Tip:** Du kan tilføje eller redigere oplysninger om brøndens indhold før en kørsel, under en kørsel eller efter fuldførelse af en PCR-kørsel. Du skal tildele scanningstilstand og pladestørrelse før kørslen. Disse parametre kan ikke ændres efter kørslen.



## Indstillinger for dataanalyse

Data i diagrammet Amplification (Amplifikation) på fanen Quantification (Kvantifikation) viser den relative fluorescens (RFU) for hver af brøndene i hver cyklus. Hver kurvelinje på diagrammet repræsenterer data fra en enkelt fluorofor i én brønd. Disse data bruges til at bestemme  $C_q$ -værdierne for hver enkelt brønd på basis af hver enkelt fluorofor. Softwaren anvender én af to måder til at bestemme  $C_q$ -værdierne:

- **Regression** – anvender en nonlinear regression model med flere variabler på de individuelle brøndkurvelinjer og bruger derefter denne model til at beregne en optimal  $C_q$ -værdi.
- **Single Threshold** (Enkelt tærskel) – anvender en enkelt tærskelværdi til at beregne  $C_q$ -værdien baseret på det punkt, hvor tærsklerne for de individuelle fluorescenskurvelinjer krydser hinanden.

Vælg Settings >  $C_q$  Determination Mode (Indstillinger >  $C_q$ -bestemmelsestilstand) for at vælge  $C_q$ -bestemmelsestilstand.

## Justering af tærsklen

I tilstanden Single Threshold (Enkelt tærskel) kan du justere tærsklen for en fluorofor ved at klikke på tærskellinjen i diagrammet Amplification (Amplifikation) og bevæge museemarkøren lodret. Alternativt kan du specificere en præcis tærskel for den valgte fluorofor.

## Baselineindstillinger

Softwaren indstiller automatisk baseline individuelt for hver brønd. Baselineindstillingen fastlægger metoden til subtraktion af baseline for alle fluorescenskurvelinjer. Softwaren indeholder tre muligheder for subtraktion af baseline:

- **No Baseline Subtraction** (Ingen subtraktion af baseline) – viser data som relative fluorescenskurvelinjer. Visse analyser er ikke mulige i denne analysetilstand og softwaren viser derfor ikke fanerne Gene Expression (Genekspression), End Point (Endepunkt) og Allelic Discrimination (Alleldiskrimination).
- **Baseline Subtracted** (Baseline subtraheret) – viser data som kurvelinjer med subtraheret baseline for hver fluorofor i en brønd. Softwaren skal subtrahere baseline fra dataene for at fastlægge kvantifikationscyklusser, konstruere standardkurver og fastlægge koncentrationen af ukendte prøver. For at generere en baseline-subtraheret kurvelinje indpasser softwaren den bedste lige linje gennem den registrerede fluorescens for hver brønd under baseline-cyklusserne og subtraherer derefter de bedst tilpassede data fra de baggrunds-subtraherede data i hver cyklus.
- **Baseline Subtracted Curve Fit** (Baseline-subtraheret kurvetilpasning) – viser data som baseline-subtraherede kurvelinjer, og softwaren udjævner den baseline-subtraherede kurve ved brug af et centreret middelværdifilter. Denne proces udføres således, at hver  $C_q$  forbliver invariant.

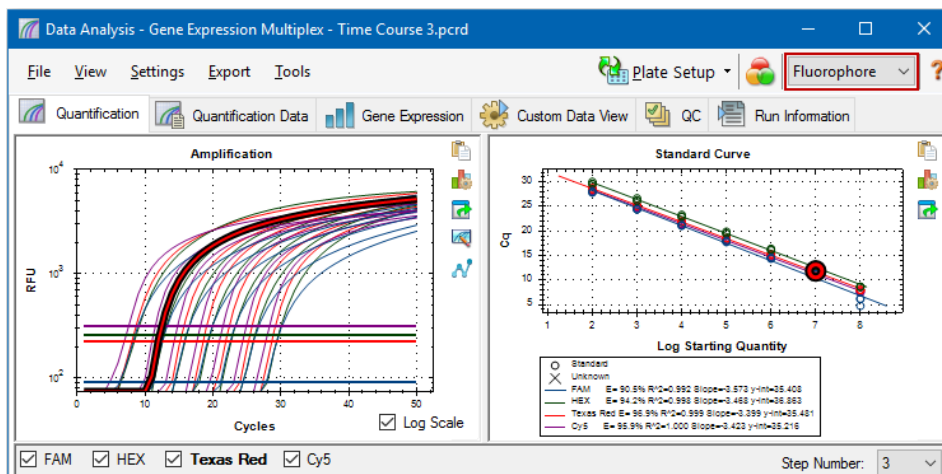
Foruden disse muligheder kan du også vælge Apply Fluorescent Drift Correction (Anvend korrektion for fluorescensafvigelse). For brønde, som har unormalt afvigende RFU-værdier under de første få cyklusser af en kørsel, udleder softwaren en anslået baseline fra tilstødende brønde, der blev genereret en horisontal baseline for uden fejl.

### Sådan ændres indstillingen for baseline-subtraktion

- Vælg Settings (Indstillinger) > Baseline Setting (Baselineindstilling).

## Analysetilstand

Data kan grupperes og analyseres enten efter fluorofor eller navn på målsekvens (target). Ved gruppering efter fluorofor vises datakurvelinjerne efter fluorofor som angivet i pladeopsætningen for den pågældende kørsel. Data for de individuelle fluoroforer vises i amplifikations- og standardkurvediagrammerne (hvis tilgængelige), når afkrydsningsfelterne for de relevante fluoroforer er markeret.



Ved gruppering efter målsekvens (target) vises datakurvelinjerne efter navn på målsekvens som angivet i pladeopsætningen for den pågældende kørsel.

### Sådan vælges en dataanalysetilstand

- Gør et af følgende:
  - Vælg Settings > Analysis Mode (Indstillinger > Analysetilstand).
  - Vælg en tilstand i rullemenuen Analysis Mode (Analysetilstand) på værktøjslinjen.

## Cyklusser, der skal analyseres

Du kan begrænse antallet af cyklusser, som skal analyseres. Du kan desuden analysere data fra et specifikt sæt cyklusser. Det maksimale antal cyklusser, som kan analyseres, er 50.

**Bemærk:** Hvis cyklusser fjernes fra begyndelsen af en kørsel, kan det have en væsentlig indflydelse på beregning af baseline.

### Sådan begrænses dataanalyse til et specifikt cyklusområde

1. Vælg Settings > Cycles to Analyze (Indstillinger > Cyklusser, der skal analyseres).  
Dialogboksen Cycles to Analyze (Cyklusser, der skal analyseres) vises.
2. Indtast værdier for start- og slutcyklus, og klik på OK.

Klik på Restore Defaults (Gendan standarder) i dialogboksen Cycles to Analyze (Cyklusser, der skal analyseres) for at vende tilbage til de cyklusser, som oprindeligt blev anvendt til analyse.

## Brøndvælger

Brug Well Selector (Brøndvælger) til at vise eller skjule data i diagrammerne eller regnearkene overalt i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Der kan kun vælges brønde med prøve i brøndvælgeren. Softwaren farver brøndene i Well Selector (Brøndvælger):

- **Blå** – angiver valgte brønde. Dataene fra de valgte brønde vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).
- **Lysegrå** – angiver ikke-valgte brønde. Data fra ikke-valgte brønde vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).
- **Mørkegrå** – angiver tomme brønde.

|   | 1 | 2 | 3    | 4    | 5    | 6    | 7    | 8    | 9    | 10 | 11 | 12 |
|---|---|---|------|------|------|------|------|------|------|----|----|----|
| A |   |   |      |      |      |      |      |      |      |    |    |    |
| B |   |   |      | Unk1 | Unk2 | Unk3 |      |      |      |    |    |    |
| C |   |   |      | Unk1 | Unk2 | Unk3 |      |      |      |    |    |    |
| D |   |   |      | Unk1 | Unk2 | Unk3 |      |      |      |    |    |    |
| E |   |   |      |      |      |      |      |      |      |    |    |    |
| F |   |   | Std1 | Std2 | Std3 | Std4 | Std5 | Std6 | Std7 |    |    |    |
| G |   |   | Std1 | Std2 | Std3 | Std4 | Std5 | Std6 | Std7 |    |    |    |
| H |   |   | Std1 | Std2 | Std3 | Std4 | Std5 | Std6 | Std7 |    |    |    |

### Sådan vises eller skjules brøndata

- ▶ I brøndvælgeren skal du gøre et af følgende:
  - For at skjule en enkelt brønd skal du klikke på den. For at vise den pågældende brønd skal du klikke på den igen.
  - For at skjule flere brønde skal du trække på tværs af de brønde, der skal skjules. For at vise disse brønde skal du trække musen på tværs af brøndene igen.
  - Klik i øverste venstre hjørne af pladen for at skjule alle brønde. Klik i øverste venstre hjørne igen for at vise alle brøndene.
  - Klik på begyndelsen af en kolonne eller række for at skjule disse brønde. Klik på kolonnen eller rækken igen for at vise brøndene.

## Genvejsmenupunkter for brøndvælger

Tabel 13 indeholder en liste over de genvejsmenupunkter, der er tilgængelige i brøndvælgervisningen.

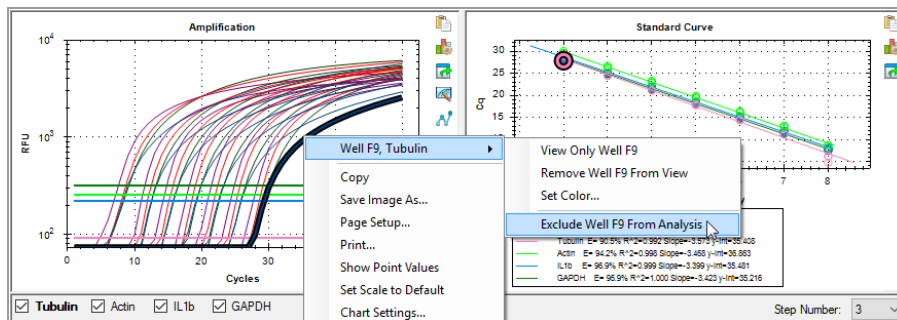
**Tabel 13. Genvejsmenupunkter for brøndvælger**

| Element  | Funktion   |
|--|--|
| Well XX (Brønd XX)                                 | Viser kun denne brønd, fjerner denne brønd fra visningen, indstiller farve for denne brønd eller udelader denne brønd fra analyse.     |
| Selected Wells (Valgte brønde) (højreklik og træk) | Viser kun disse brønde, fjerner disse brønde fra visningen, indstiller farve for disse brønde eller udelader disse brønde fra analyse. |
| Copy (Kopier)                                      | Kopierer indholdet af brønden til udklipsholderen, herunder Sample Type (Prøvetype) og valgfrit Replicate # (Replikatnummer).          |
| Copy as Image (Kopier som billede)                 | Kopierer brøndvælgervisningen som et billede.  |
| Print (Udskriv)                                    | Udskriver brøndvælgervisningen.  |
| Print Selection (Udskriv valgte)                   | Udskriver det aktuelt markerede.   |
| Export to Excel (Eksportér til Excel)              | Eksporterer data til et Excel-regneark.  |
| Export to CSV (Eksportér til CSV)                  | Eksporterer data som et .csv-dokument.   |
| Export to Xml (Eksportér til Xml)                  | Eksporterer data som et .xml-dokument.   |
| Well Labels (Brøndbetegnelser)                     | Ændrer brøndbetegnelser til Sample Type (Prøvetype), Target Name (Navn på måsekvens) eller Sample Name (Prøvenavn).                    |

## Midlertidig udeladelse af brønde fra analyse

### Sådan udelades brønde midlertidigt fra dataanalyse

1. Højreklik på brønden i brøndvælgeren, på en fluorescenskurvelinje eller på et punkt, der er registreret på standardkurven. For at udelade flere brønde skal du højreklikke og trække for at fremhæve flere brønde, kurvelinjer eller punkter.
2. Vælg det relevante genvejsmenupunkt:
  - Well > Exclude Well (Brønd > Udelad brønd)
  - Selected Wells > Exclude from Analysis (Valgte brønde > Udelad fra analyse)
  - Selected Traces > Exclude these wells from Analysis (Valgte kurvelinjer > Udelad disse brønde fra analyse)



Alternativt kan du rydde indholdet fra brøndene i Plate Editor (Pladeeditor) ved at klikke på knappen Clear Wells (Ryd brønde) for at fjerne brønde permanent fra analyse.

**Vigtigt:** Du skal indtaste alt brøndindhold igen, hvis det ryddes.

### Sådan medtages en udeladt brønd

- ▶ Højreklik på den relevante brønd i brøndvælgeren, og vælg Well (Brønd) > Include Well in Analysis (Medtag brønd i analyse).

## Diagrammer

Hvert diagram i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) viser dataene i en forskellig graf og indeholder valgmuligheder til justering og eksport af dataene og diagrammets grafik.

### Diagramværktøjer

Tabel 14 indeholder en liste over de genvejsmenuer, der er tilgængelige i de fleste diagrammer.

**Tabel 14. Genvejsmenuer, der er fælles for de fleste diagrammer**

| Element   | Funktion  |
|---|---|
| Copy (Kopier)                                     | Kopierer diagrammet til udklipsholderen.  |
| Save Image As... (Gem billede som...)             | Gemmer diagrammet som en billedfil. Indstil billedets opløsning og dimensioner, og vælg derefter filtypen (PNG, GIF, JPG, TIF eller BMP).   |
| Page Setup... (Sideopsætning...)                  | Vælger en sideopsætning til udskrift.   |
| Print... (Udskriv...)                             | Udskriver diagrammet.   |
| Set Scale to Default (Indstil skala til standard) | Viser alle data i søjlediagrammet. Der vises rullepaneler, hvis der er flere datapunkter/prøver, end der kan vises i diagramrammen.   |
| Diagramindstillinger                              | <p>Åbner dialogboksen Chart Settings (Diagramindstillinger), hvor du kan ændre diagrammets visningsindstillinger, herunder:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Chart and axis titles (Titler på diagram og akser)</li> <li>■ Chart and axis font and size (Skrifttype og -størrelse for diagram og akser)</li> <li>■ Axis scale (Akseskala)</li> <li>■ Legend position (Tekstposition)</li> </ul> |

Der vises diagramværktøjer i hvert diagram i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Alle diagrammer viser disse værktøjer:

**Copy to Clipboard** (Kopier til udklipsholder) – kopierer indholdet af diagramvisningen til udklipsholderen.

**Chart Settings** (Diagramindstillinger) — åbner dialogboksen Chart Settings (Diagramindstillinger), hvor du kan ændre diagrammets visningsindstillinger.

**Export** (Eksportér) – åbner dialogboksen Export Options (Eksportindstillinger), hvor du kan redigere opløsningen og størrelsen på grafen og gemme den på en angiven placering som en af følgende filtyper:

- .bmp
- .jpg
- .png

### Værktøjer i søjlediagrammet

Ud over diagramværktøjerne indeholder søjlediagrammet følgende værktøjer:

**Sort** (Sortér) – sorterer målsekvenser (targets) og prøver alfabetisk eller i omvendt alfabetisk rækkefølge.

**Color Settings** (Farveindstillinger) – åbner dialogboksen Color Settings (Farveindstillinger), hvor du kan ændre farve på målsekvenser (targets) og prøver.

Du kan finde flere oplysninger om disse værktøjer i [Ændring og anmærkning af diagramvisningen på side 262](#).

### Værktøjer i amplifikationsdiagrammet

Ud over dem, der er nævnt ovenfor, indeholder amplifikationsdiagrammet følgende værktøjer:

**Trace Styles** (Kurvelinjelayout) – åbner dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout), hvor kurvelinjernes udseende i amplifikationsdiagrammet kan ændres.

**Baseline Threshold** (Baselinetærskel) – åbner dialogboksen Baseline Threshold (Baselinetærskel), hvor du kan ændre standardbaseline for valgte brønde eller ændre tærsklen for hver fluorescenskurve i amplifikationsdiagrammet.

### Kopiering af diagramdata til udklipsholderen

Du kan kopiere indholdet af diagramvisningen og indsætte det i et hvilket som helst program, der kan bruge bitmap-billedfiler.

#### Sådan kopieres diagramdata til udklipsholderen

1. Vælg ikonet Copy to Clipboard (Kopier til udklipsholder) fra diagramværktøjerne.
2. Åbn et program, der kan bruge bitmap-billeder, f.eks. Microsoft Word.
3. Højreklik og vælg Paste (Sæt ind) for at indsætte bitmap-billedet fra udklipsholderen i applikationen.

### Ændring af indstillingerne for diagramvisning

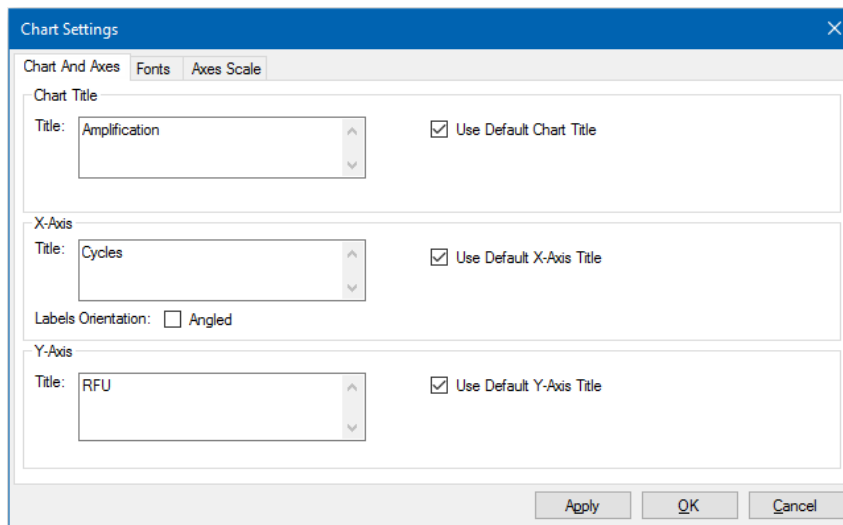
Brug dialogboksen Chart Settings (Diagramindstillinger) til at ændre titler, skrifttyper og -størrelser, aksekalering og placering af beskrivelsen for det viste diagram. Eventuelle ændringer anvendes kun på det viste diagram, og gemmes sammen med diagrammet.



## Sådan ændres indstillingerne for diagramvisning

1. Klik på Chart Settings (Diagramindstillinger) i diagramværktøjerne.

Dialogboksen Chart Settings (Diagramindstillinger) åbnes.



2. Vælg fanen Chart And Axes (Diagram og akser) for at:
  - Indtaste en titel for diagrammet.
  - Indtaste en ny titel for x-aksen og ændre vinklen på betegnelserne.
  - Indtaste en ny titel for y-aksen.
3. Vælg fanen Fonts (Skrifttyper) for at ændre diagrammets skrifttype og skrifttypestørrelse.

**Tip:** Som standard skaleres skrifttypestørrelsen automatisk, når diagrammets størrelse ændres. Vælg Change Font Size (Ændr skrifttypestørrelse) for at indstille en statisk skrifttypestørrelse for hver betegnelsestype.

4. Vælg fanen Axes Scale (Akseskalering) for at:
  - Rydde automatisk skalering for x- og y-aksen og specificere minimums- og maksimumsværdierne for skalering.
  - Vælg at vise gitterlinjer eller inddelinger på grafen.
5. Vælg fanen Legend (Beskrivelse) for at:
  - Vælg at skjule diagrambeskrivelsen.
  - Ændre standardposition for diagrambeskrivelsen.

**Bemærk:** Når beskrivelsen er placeret til venstre eller højre for diagrammet, viser den kun de første ti fluoroforer i diagrammet.

6. Klik på Apply (Anvend) når som helst for at vise ændringerne i diagramindstillingerne uden at gemme ændringerne.
7. Klik på OK for at gemme ændringerne og vende tilbage til diagrammet.

### Eksport af diagrammet

Brug denne dialogboks til at ændre grafens bredde, højde og opløsning for at eksportere den i et af følgende filformater:

- .bmp
- .jpg
- .png

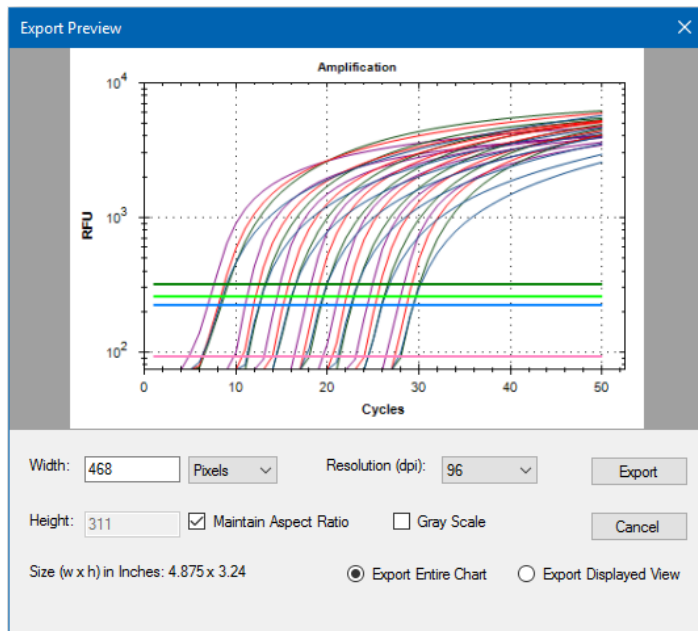
Den eksporterede graf kan derefter anvendes til at vise resultater i postersessioner, Microsoft PowerPoint-præsentationer og fagskrifter.

**Bemærk:** Overvej følgende, når indstillingerne ændres:

- Grænser for største og mindste bredde og højde
  - Ved 72 dpi: 0,1-83 tommer
  - Ved 96 dpi: 0,1-62 tommer
  - Ved 150 dpi: 0,1-40 tommer
  - Ved 300 dpi: 0,1-20 tommer
  - Ved 600 dpi: 0,1-10 tommer
  - Ved alle opløsninger: 2–6.000 pixels
- Formatforhold er baseret på bredde.

### Sådan eksporteres diagrammet

1. Klik på Export (Eksportér) fra diagramværktøjerne.  
Dialogboksen Export Preview (Vis eksport) vises.



2. Modificer visningsindstillingerne efter behov.
3. Klik på Export (Eksportér).
4. Gør følgende i dialogboksen Export (Eksportér):
  - a. (Valgfrit) Naviger til en mappe, hvor diagramfilen skal gemmes.
  - b. Skriv et navn til filen, og vælg en filtype på rullelisten.
5. Klik på Save (Gem) for at gemme diagramfilen.

### Ændring af indstillingerne for Baseline Threshold (Baselinetærskel)

I tilstanden Single Threshold (Enkelt tærskel) kan du justere tærsklen for en fluorofor ved at klikke på tærskellinjen i diagrammet Amplification (Amplifikation) og bevæge musemarkøren lodret. Alternativt kan du specificere en præcis tærskel for den valgte fluorofor.

**Tip:** Du kan angive et cyklusområde for at fastlægge baseline for alle datafiler på fanen Data Analysis (Dataanalyse) i User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer).

### Sådan justeres start og slut for en baselinecyklus for hver brønd

1. Vælg en enkelt fluorofor på fanen Quantification (Kvantifikation) under amplifikationsdiagrammet.
2. Vælg Baseline Threshold (Baselinetærskel) fra diagramværktøjerne.  
Dialogboksen Baseline Threshold (Baselinetærskel) vises.

3. Gør et af følgende i afsnittet Baseline Cycles (Baselinecyklusser):
  - For at vælge en brønd skal du klikke på dens rækkefølge.
  - For at vælge flere brønde, der støder op til hinanden, skal du klikke på rækkefølge for den første brønd og trække ned over kolonnen til den sidste brønd.
  - For at vælge flere brønde, der ikke støder op til hinanden, skal du holde Ctrl-tasten nede og klikke på rækkefølge for de enkelte brønde, der skal medtages.
  - For at vælge alle brønde skal du klikke i øverste venstre hjørne af tabellen.
4. Juster cyklus for Baseline Begin (Baseline start) og Baseline End (Baseline slut) for alle valgte brønde, eller rediger cyklustallet under Begin (Start) og End (Slut) nederst på regnearket.

**Tip:** For at vende tilbage til de sidst gemte værdier skal du klikke på Reset All User Defined Values (Nulstil alle brugerdefinerede værdier).
5. Klik på OK for at gemme ændringerne og vende tilbage til diagrammet.

#### Sådan specificeres et cyklusområde for alle datafiler

- ▶ Vælg User > User Preferences (Bruger > Brugerpræferencer) i startvinduet eller vinduet Plate Editor (Pladeeditor), og vælg fanen Data Analysis (Dataanalyse).

#### Sortering af data for målsekvens (target), prøve og biologisk gruppe

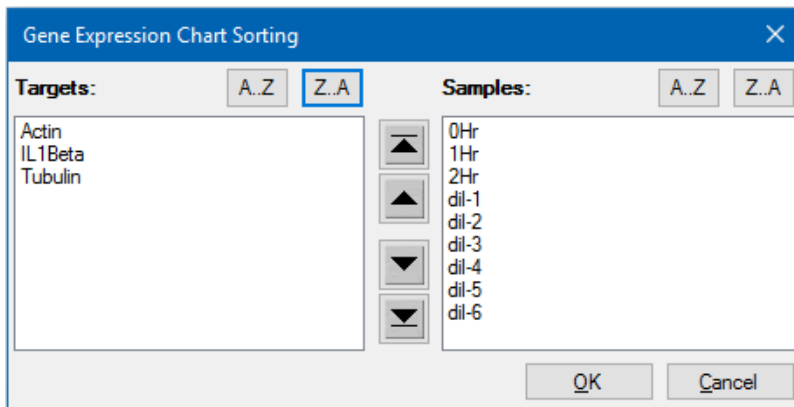
**Bemærk:** Denne valgmulighed er kun tilgængelig på diagrammer for genekspression.

Som standard vises listerne Targets (Målsekvenser), Samples (Prøver) og Biological Groups (Biologiske grupper) i alfabetisk rækkefølge. Brug dialogboksen Sort (Sortér) til at sortere visningen i omvendt alfabetisk rækkefølge eller til manuelt at flytte en term til en anden placering på listen.

#### Sådan sorteres data for målsekvens (target), prøve og biologisk gruppe

1. Klik på Sort (Sortér) fra diagramværktøjerne.

Dialogboksen Gene Expression Chart Sorting (Sortering af diagrammet Genekspression) åbnes.



2. Klik på Z-A i dialogboksen for at sortere listen i omvendt alfabetisk rækkefølge.
3. For at flytte en term manuelt skal du vælge den og klikke på den relevante knap mellem diagrammerne:
  - Klik på pil op eller pil ned for at flytte den valgte term én position.
  - Klik på pil op med slutstreg eller pil ned med slutstreg for at flytte den valgte term til toppen eller bunden af listen.
4. Klik på OK for at gemme ændringerne og gå tilbage til fanen Gene Expression (Genekspression).

## Ændring af indstillingerne for farver på målsekvenser (targets) og prøver

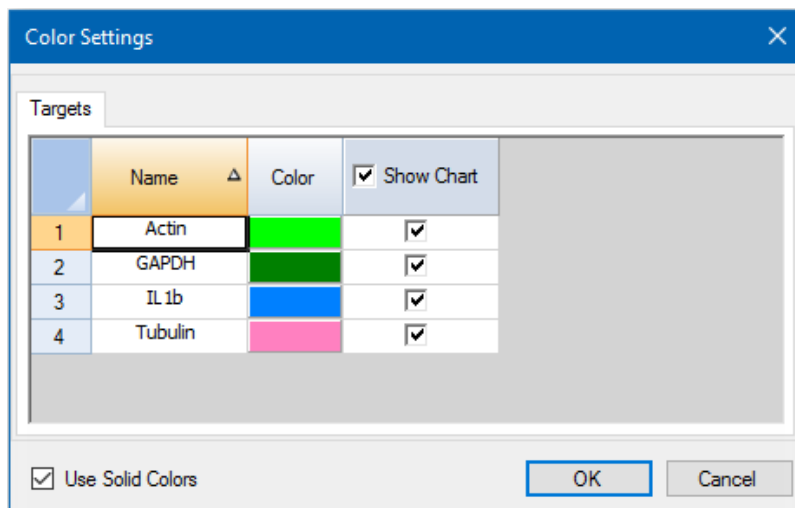
**Bemærk:** Denne valgmulighed er kun tilgængelig på diagrammer for genekspression.

Brug dialogboksen Color Settings (Farveindstillinger) til at ændre farven på en målsekvens (target) eller en prøve eller til at fjerne elementet fra grafen.

### Sådan ændres farveindstillingerne

1. Vælg Color Settings (Farveindstillinger) i diagramværktøjerne.

Dialogboksen Color Settings (Farveindstillinger) åbnes.



2. For at ændre visningsfarven for en målsekvens (target) eller en prøve skal du klikke på farven i kolonnen Color (Farve).
3. Vælg en ny farve i dialogboksen Color (Farve), der vises, og klik på OK.
4. For at fjerne elementet fra genekspressionsgrafens skal du fjerne markeringen i det relevante afkrydsningsfelt i kolonnen Show Chart (Vis diagram).

**Tip:** For at rydde alle elementer fra genekspressionsgrafens skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Show Chart (Vis diagram) i kolonneoverskriften.

5. (Valgfrit) Som standard vises søjlediagrammets farve i gradientformat. For at vise farven som dækkende skal du markere Use Solid Colors (Brug dækkende farver).
6. Klik på OK for at gemme ændringerne og gå tilbage til fanen Gene Expression (Genekspression).

## Forstørrelse af et område i diagrammet

### Sådan forstørres et område i diagrammet

- ▶ Klik og træk på tværs af diagrammet, og klik derefter på Zoom. Softwaren tilpasser størrelsen på diagrammet og centrerer det på det valgte område.

**Bemærk:** Det er ikke nødvendigt at klikke på pop op-kommandoen Zoom i søjlediagrammer.

### Sådan nulstilles diagrammet til fuld visning

- ▶ Højreklik i diagrammet, og vælg Set Scale to Default (Indstil skala til standard).

## Kopiering af diagrammer til en Microsoft-fil

Du kan kopiere datadiagrammer til Microsoft Word, Excel eller PowerPoint. Billedets opløsning svarer til den, der gælder for den skærm, som billedet blev hentet fra.

### Sådan kopieres diagrammer til en Microsoft-fil

1. Klik på Copy To Clipboard (Kopier til udklipsholder) i øverste højre hjørne af diagramruden i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).
2. Åbn en tom Microsoft-fil, og indsæt indholdet fra udklipsholderen.

## Fælles genvejsmenupunkter for diagrammer

Tabel 15 indeholder en liste over de genvejsmenupunkter, der er tilgængelige for diagrammer. Visse af menupunkterne findes for alle diagrammer, herunder menupunkter til at ændre, hvordan data vises, eller til nemt at eksportere data fra et diagram.

**Tabel 15. Genvejsmenupunkter for diagrammer**

| Element                         | Funktion   |
|---------------------------------|--|
| Copy (Kopier)                   | Kopierer diagrammet til udklipsholderen.   |
| Save Image As (Gem billede som) | Gemmer billedet i den specificerede størrelse, opløsning og filtype, herunder formaterne PNG (standard), JPG og BMP. |
| Page Setup (Sideopsætning)      | Viser indstillingerne for udskrivningsopsætning.   |
| Print (Udskriv)                 | Udskriver diagrammet.  |

| Element  | Funktion   |
|--|--|
| Set Scale to Default<br>(Indstil skala til standard) | Stiller diagrammet tilbage til dets standardvisning efter at have forstørret det.  |
| Chart Options<br>(Valgmuligheder for diagrammer)     | Åbner vinduet Chart Options (Valgmuligheder for diagrammer), hvor det er muligt at ændre diagrammet, herunder dets titel, vælge grænser for x- og y-akserne og vise gitterlinjer og underinddelinger på akserne. |

**Bemærk:** Menupunkter, som kun gælder for specifikke diagrammer, er beskrevet i [Kapitel 11](#), [Detaljerede oplysninger om dataanalyse](#).



## Regneark

De regneark, der vises i Data Analysis (Dataanalyse), indeholder indstillinger til sortering og overførsel af data. Sortér kolonnerne ved at bruge en af disse metoder:

- Klik på og træk en kolonne til en ny placering i den valgte tabel.
- Klik på kolonneoverskriften for at sortere dataene i stigende eller faldende rækkefølge.

### Sådan sorteres op til tre kolonner med data i vinduet Sort (Sortér)

1. Højreklik i regnearket, og vælg Sort (Sortér).
2. Vælg den første kolonnetitel, der skal sorteres, i dialogboksen Sort (Sortér). Sortér dataene i stigende eller faldende rækkefølge.
3. Vælg en anden eller tredje kolonne, der skal sorteres, og vælg Ascending (Stigende) eller Descending (Faldende).
4. Klik på OK for at sortere dataene, eller klik på Cancel (Annuller) for at stoppe sorteringen.

**Tip:** Fremhæv dataene i de tilknyttede diagrammer og brøndvælgeren ved at holde musemarkøren hen over en celle. Klik i en celle for at kopiere og indsætte indholdet i et andet softwareprogram.

## Fælles genvejsmenupunkter for regneark

Tabel 16 indeholder en liste over genvejsmenupunkterne i alle regnearksvisninger.

**Tabel 16. Genvejsmenupunkter for regneark**

| Element                               | Funktion   |
|---------------------------------------|--|
| Copy (Kopier)                         | Kopierer indholdet af de valgte brønde til en udklipsholder. Herfra kan indholdet indsættes i et regneark som for eksempel Excel.                                    |
| Copy as Image (Kopier som billede)    | Kopierer regnearksvisningen som en billedfil, som derefter kan indsættes i en fil, der kan bruge billedfiler, som for eksempel tekst-, billed- eller regnearksfiler. |
| Print (Udskriv)                       | Udskriver den aktuelle visning.  |
| Print Selection (Udskriv valgte)      | Udskriver det aktuelt markerede.   |
| Export to Excel (Eksportér til Excel) | Eksporterer data til et Excel-regneark.  |

**Tabel 16. Genvejsmenupunkter for regneark, fortsat**

| <b>Element</b>                       | <b>Funktion</b>                                      |
|--------------------------------------|--|
| Export to Text (Eksportér til tekst) | Eksporterer data til en teksteditor.                 |
| Export to CSV (Eksportér til CSV)    | Eksporterer data til en .csv-fil.                    |
| Export to Xml (Eksportér til Xml)    | Eksporterer data til en Xml-fil.                     |
| Export to Html (Eksportér til Html)  | Eksporterer data til en Html-fil.                    |
| Find                                 | Søger efter tekst.                                   |
| Sort (Sortér)                        | Sorterer data i op til tre kolonner.                 |
| Select Columns (Vælg kolonner)       | Vælger de kolonner, der vil blive vist i regnearket. |

## Export (Eksportér)

CFX Maestro Dx SE har flere valgmuligheder for eksport i rullemenuen Export (Eksporter):

- Export All Data Sheets (Eksporter alle dataark)
- Eksporter RDML-filer
- Custom Export (Tilpasset eksport)
- Export to LIMS Folder (Eksportér til LIMS-mappe)
- Manual Export (Manuel eksport)

### Eksport af alle dataark

Du kan eksportere alle regnearksvisninger fra samtlige faner på CFX Maestro Dx SE til individuelle filer.

#### Sådan eksporteres alle dataark

- ▶ Vælg Export > Export All Data Sheets (Eksporter > Eksportér alle dataark), og vælg derefter den ønskede filtype:

- CSV (\*.csv)
- Tekst (\*.txt)
- Excel-projektmappe (\*.xlsx)

Eksporterede analyser gemmes i flere Excel-projektmappefiler med en regnearkfane for analysedata pr. fil. Hvis en analyse indeholder flere fluoroforer, eksporteres dataene fra hver fluorofor til en separat regnearksfane.

- Excel-projektmappe - kombineret (\*.xlsx)

Eksporterede analyser gemmes i en enkelt Excel-projektmappefil, der indeholder flere regnearksfaner - en for hvert analysedatasæt.

- Excel 97 - 2003 (\*.xls)

**Vigtigt:** Din computer skal have Microsoft Excel installeret, for at du kan eksportere data til et Microsoft Excel-regneark.

- Xml (\*.xml)

## Eksport af RDML-filer

RDML er en struktureret og universel datastandard til udveksling af kvantitative PCR-data (qPCR-data). Datastandarden er en tekstfil i .xml-formatet (Extensible Markup Language). Der findes yderligere oplysninger om RDML-data på International RDML Consortiums websted ([www.rdml.org](http://www.rdml.org)).

**Vigtigt:** Eksporterede RDML-filer indeholder analysedata med de baselineindstillinger, som du anvender i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Du kan finde flere oplysninger om baselineindstillinger under [Baselineindstillinger på side 196](#).

**Bemærk:** Gem RDML-filen som version 1.1, hvis den anvendte version af qbase+ softwaren er version 2.3 eller senere.

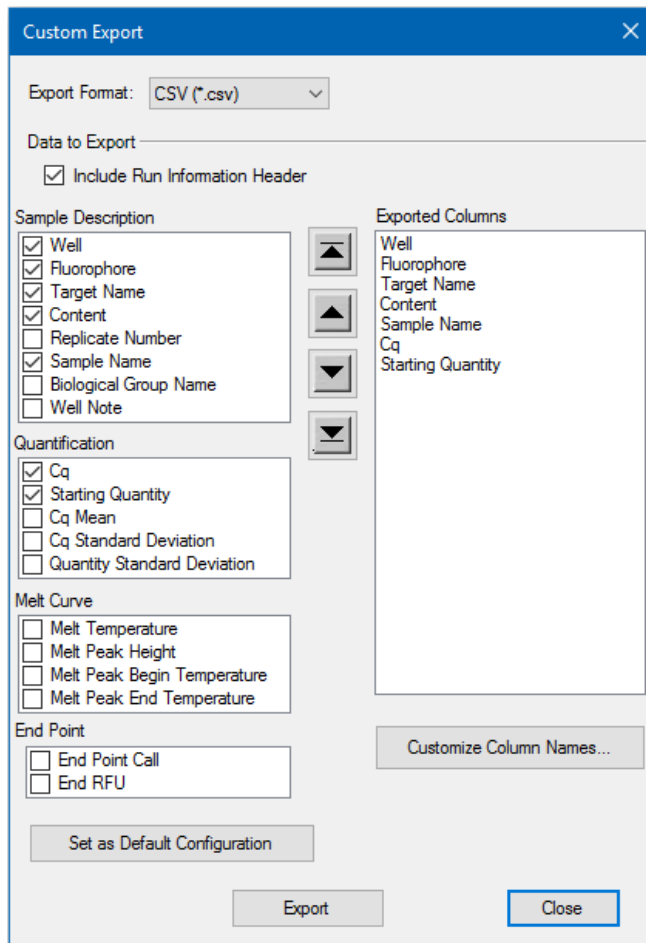
### Sådan eksporteres en RDML-fil

1. Vælg Export > Export RDML Files (Eksportér > Eksportér RDML-filer), og vælg RDML v1.1 eller RDML v1.0 på den liste, der vises.  
Dialogboksen Save As (Gem som) vises.
2. Angiv et filnavn og en placering, hvor RDML-filen skal gemmes, i dialogboksen Save As (Gem som).
3. Klik på OK for at gemme den eksporterede fil.

## Oprettelse af en tilpasset eksportfil

### Sådan oprettes en tilpasset eksportfil

1. Vælg Export > Custom Export (Eksport > Tilpasset eksport). Dialogboksen Custom Export (Tilpasset eksport) vises.



2. Vælg eksportformatet på den rulleliste, der vises.
3. Vælg afkrydsningsfelterne for de elementer, som skal eksporteres.
4. (Valgfrit) Klik på Customize Column Names (Tilpas kolonnenavne) for at ændre kolonnenavne.
5. Klik på Export (Eksportér). Dialogboksen Save As (Gem som) vises.
6. Angiv et filnavn og en placering, hvor den eksporterede fil skal gemmes, i dialogboksen Save As (Gem som).

7. Klik på OK for at gemme den eksporterede fil.

## Eksport til en LIMS-mappe

Du kan eksportere data til et LIMS-kompatibelt filformat. Se [Tillæg C, LIMS-integration](#) for yderligere oplysninger om oprettelse, administration og anvendelse af LIMS-filer.

### Sådan eksporteres data i LIMS-format

1. Vælg Export > Export to LIMS Folder (Eksportér > Eksportér til LIMS-mappe).  
Dialogboksen Save As (Gem som) vises.
2. Angiv et filnavn og en placering, hvor den eksporterede fil skal gemmes, i dialogboksen Save As (Gem som).
3. Klik på OK for at gemme den eksporterede fil.

## Eksport af Seegene-formaterede data

Du kan eksportere data alle regnearksvisninger til Excel-filer, struktureret specifikt til brug af Seegene, Inc.

**Tip:** Du kan også automatisk starte Seegene Viewer, når eksporten er afsluttet. Se [Kommandoer i menuen Tools \(Værktøjer\) på side 65](#) for yderligere oplysninger.

### Sådan eksporteres data i et Seegene-specifikt format

1. Vælg Export (Eksportér) > Manual Export (Manuel eksport).  
Dialogboksen Browse For Folder (Gennemse for mappe) vises.
2. I dialogboksen Browse For Folder (Gennemse for mappe) angives en mappeplacering, hvor de eksporterede Seegene-formaterede Excel (.xlsx)-filer skal gemmes.  
Analyser eksporteres i flere Excel-projektmappefiler med en regnearkfane for analysedata pr. fil.
3. Klik på OK for at gemme de eksporterede filer.

## Kapitel 11 Detaljerede oplysninger om dataanalyse

Vinduet Data Analysis (Dataanalyse) i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn indeholder flere faner til visning af data. Dette kapitel beskriver disse faner i detaljer.

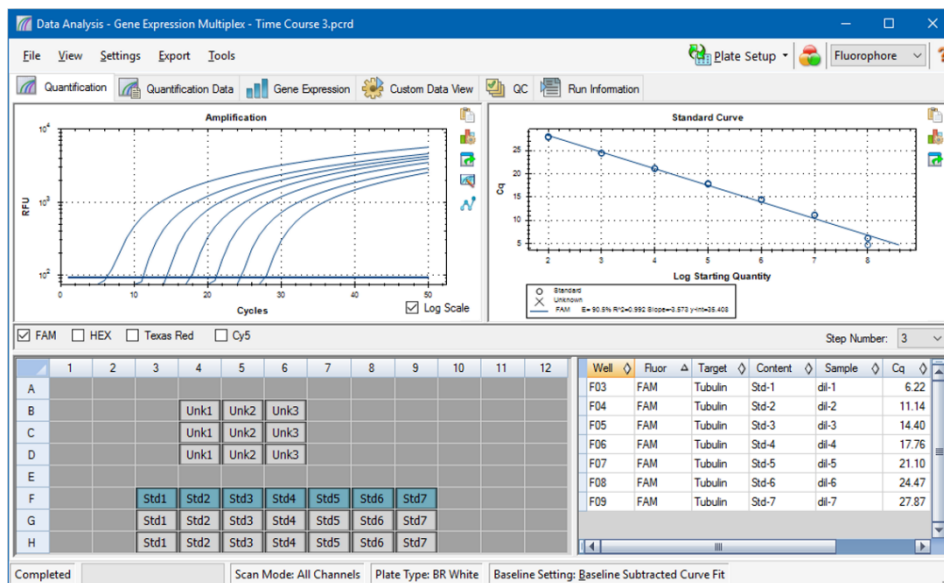
**Tip:** Du kan vælge, hvilke faner der skal vises i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), i menuen View (Vis). Det tilpassede layout gemmes med datafilen.



## Fanen Quantification (Kvantifikation)

Brug dataene på fanen Quantification (Kvantifikation) til at indstille betingelserne for dataanalysen, herunder baselineindstillinger for individuelle brønde og tærskelindstillinger. Fanen Quantification (Kvantifikation) viser data i fire visninger:

- Diagrammet Amplification (Amplifikation) – viser relative fluorescensenheder (RFU'er) for hver brønd ved hver cyklus. Hver kurvelinje på diagrammet repræsenterer data fra en enkelt fluorofor i én brønd.
- Standard curve (Standardkurve) – vises kun, hvis kørslen omfatter brønde, der er angivet som prøvetype standard (Std). Standardkurven viser tærskelcyklussen plottet mod log af startmængden. Beskrivelsen viser reaktionseffektivitet (E) for hver fluorofor i brøndene med en standardprøvetype.
- Well selector (Brøndvælger) – vælger brøndene med de fluorescensdata, der skal vises.
- Regneark – viser et regneark med data, der er indsamlet i de valgte brønde.



## Valgmuligheder for fluorofor

For at vise fluorofordata i diagrammer og regneark på fanen Quantification (Kvantifikation) skal du vælge fluoroforen/fluoroforerne under diagrammet Amplification (Amplifikation). For at skjule fluorofordataene i dataanalysevinduet skal du fjerne markeringen i det tilhørende afkrydsningsfelt.

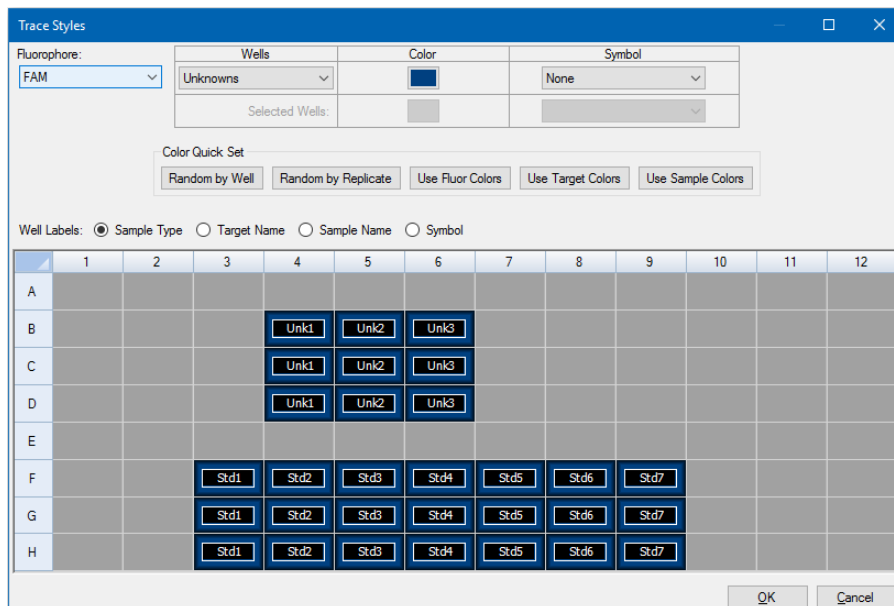
## Dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout)

Du kan bruge dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout) til at tilpasse visningen af kurvelinjer i amplifikations- og smeltekurvediagrammer på fanerne Quantification (Kvantifikation) og Melt Curve (Smeltekurve). Du kan derefter gennemgå ændringerne i brøndvælgeren, som vises i dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout).

### Sådan justeres kurvelinjelayout

1. Vælg kun én fluorofor under diagrammet Amplification (Amplifikation).
2. For at åbne dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout) skal du gøre et af følgende:
  - Klik på Trace Styles (Kurvelinjelayout) i diagrammet Amplification (Amplifikation).
  - Vælg Settings > Trace Styles (Indstillinger > Kurvelinjelayout) på menulinjen Data Analysis (Dataanalyse).
  - Højreklik på en kurvelinje, og vælg Trace Styles (Kurvelinjelayout).

Dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout) åbnes.

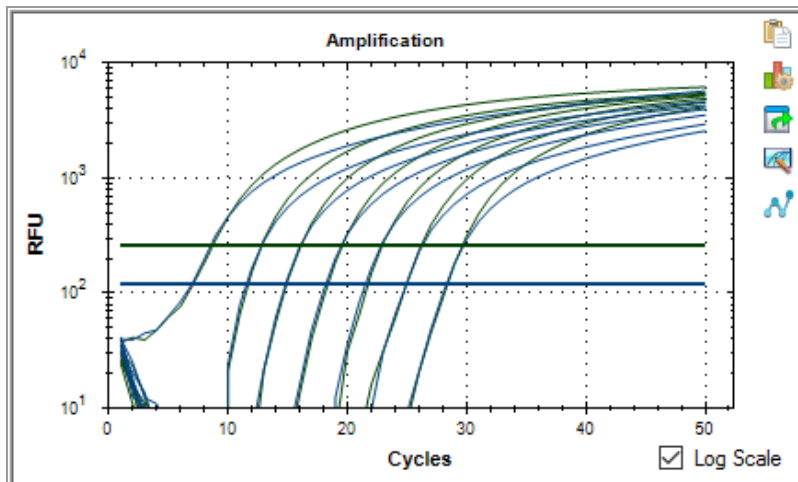


3. I dialogboksen Trace Styles (Kurvelinjelayout) skal du vælge et specifikt sæt brønde i brøndvælgeren i den nederste rude. Alternativt kan du vælge brønde, som indeholder én prøvetype, i rullemenuen i kolonnen Wells (Brønde).
4. Gør et af følgende:

- For at vælge en farve til de valgte brønde skal du klikke på feltet i kolonnen Color (Farve).
- For at tildele et symbol til de valgte brønde skal du vælge et symbol på rullelisten Symbol.
- For at farve brøndene hurtigt efter knapbetegnelsen skal du klikke på den relevante hurtigindstilling:
  - Random by Well (Vilkårlig efter brønd)
  - Random by Replicate (Vilkårlig efter replikat)
  - Use Fluor Colors (Anvend fluorfarver)
  - Use Target Colors (Anvend måsekvensfarver)
  - Use Sample Colors (Anvend prøvefarver)
- For at tildele nye brøndbetegnelser skal du vælge enten Sample Type (Prøvetype), Target Name (Navn på måsekvens), Sample Name (Prøvenavn) eller Symbol.

## Funktionen Log Scale (Logaritmisk Skala)

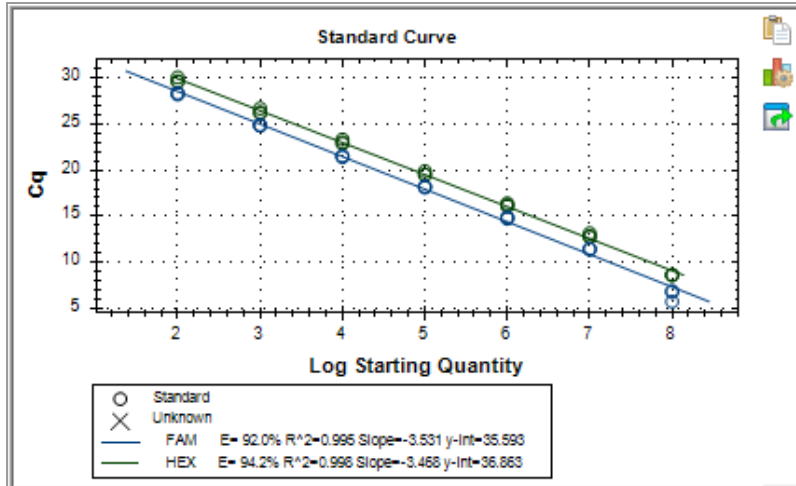
Vælg Log Scale (Logaritmisk skala) under diagrammet Amplification (Amplifikation) for at vise fluorescenskurvelinjerne på en semilogaritmisk skala:



**Tip:** For at forstørre et vilkårligt område i diagrammet skal du trække på tværs af det ønskede område. For at vende tilbage til fuld visning skal du højreklikke på diagrammet og vælge Set Scale to Default (Indstil skala til standard).

## Standardkurvediagram

Softwaren opretter et Standard Curve-diagram (Standardkurvediagram) på fanen Quantification (Kvantifikation), hvis dataene omfatter prøvetyper defineret som Std (Standard) for mindst én fluorofor i kørslen.



Diagrammet Standard Curve (Standardkurve) indeholder følgende oplysninger:

- Navnet på hver af kurverne (fluoroforen eller målsekvensen (target)).
- Farven på hver fluorofor eller hver målsekvens (target).
- Reaktionseffektivitet (E). Disse statistiske oplysninger kan anvendes til at optimere en multiplexreaktion og udligne data til standardkurven.

**Bemærk:** Reaktionseffektiviteten beskriver, hvor meget der bliver produceret af målsekvensen (target) i hver af protokollens cyklusser. En effektivitet på 100 % angiver, at målsekvensen (target) fordobles med hver cyklus.

- Bestemmelseskoefficient,  $R^2$  (anført som  $R^2$ ). Disse statistiske oplysninger kan anvendes til at bestemme, hvor korrekt linjen beskriver dataene (tilpasningsgrad).
- Slope (Hældning)
- y-skæringspunkt

## Menupunkter for Amplification Chart (Amplifikationsdiagram)

Ud over de fælles genvejsmenupunkter (se [Fælles genvejsmenupunkter for diagrammer på side 210](#)) er der andre genvejsmenupunkter, der kun er tilgængelige i diagrammet Amplification (Amplifikation). De vises i [Tabel 17](#).

**Tabel 17. Menupunkter for Amplification (Amplifikation) ved højre- og venstreklik**

| Menupunkt   | Funktion  |
|---|---|
| Well XX (Brønd XX), Fluor Target (fluormåsekvens) | Viser kun denne brønd, fjerner denne brønd fra visningen, indstiller farve for denne kurvelinje eller udelader brønden fra analyse.   |
| Selected Traces (Valgte kurvelinjer)              | Viser kun disse brønde, fjerner disse brønde fra visningen, indstiller farve for disse kurvelinjer eller udelader disse brønde fra analyse.   |
| Show Threshold Values (Vis tærskelværdier)        | Viser tærskelværdien for hver amplifikationskurve på diagrammet.  |
| Trace Styles (Kurvelinjelayout)                   | Åbner vinduet Trace Styles (Kurvelinjelayout), hvor kurvelinjelayoutet, der vises på fanerne Quantification (Kvantifikation) og Melt Curve (Smeltekurve), kan ændres.   |
| Baseline Thresholds (Baselinetærskler)            | Åbner vinduet Baseline Thresholds (Baselinetærskler), hvor du kan ændre baseline eller tærskler for hver fluorofofor (ændringerne kan ses i diagrammet Amplification (Amplifikation) på fanen Quantification (Kvantifikation)). |

## Fanen Quantification (Kvantifikation) i regneark

[Tabel 18](#) definerer de data, der vises i regnearket på fanen Quantification (Kvantifikation).

**Tabel 18. Indholdet på fanen Quantification (Kvantifikation) i regnearket**

| Oplysninger        | Beskrivelse   |
|--------------------|---|
| Well (Brønd)       | Brøndens position på pladen   |
| Fluor              | Detekteret fluorofofor  |
| Target (Måsekvens) | Navn på den måsekvens (target), der er indlæst i brøndene i Plate Editor (Pladeeditor)  |
| Content (Indhold)  | En kombination af Sample Type (Prøvetyp) (påkrævet) og Replicate # (Replikatnummer) (valgfrit) indlæst i Plate Editor (Pladeeditor) |

| Oplysninger    | Beskrivelse   |
|----------------|---|
| Sample (Prøve) | Sample Name (Prøvenavn) indlæst i brøndene i Plate Editor (Pladeeditor) |
| $C_q$          | Kvantifikationscyklus for hver kurvelinje                               |

### Ændring af data for målsekvens (target), indhold eller prøver

Du kan ændre dataene i kolonnerne Target (Målsekvens), Content (Indhold) og Sample (Prøve) ved at redigere pladefilen med Plate Editor (Pladeeditor) – også selv om eksperimentet er blevet kørt.

#### Sådan ændres dataene i kolonnerne Target (Målsekvens), Content (Indhold) og Sample (Prøve)

- Klik på Plate Setup (Pladeopsætning), og vælg View/Edit Plate (Vis/rediger plade) for at åbne Plate Editor (Pladeeditor).

## Fanen Quantification Data (Kvantifikationsdata)

Fanen Quantification Data (Kvantificeringsdata) viser kvantificeringsdataene, der er indsamlet i hver brønd. CFX Maestro Dx SE viser dataene i fire forskellige regnearkvisninger:

- Results (Resultater) – viser et regneark med dataene. Dette er standardvisningen.
- Standard Curve Results (Standardkurve-resultater) – viser et regneark med standardkurve-dataene.
- Plate (Plade) – viser dataene i hver brønd som et pladeformat.
- RFU – viser RFU-mængder i hver brønd for hver cyklus.

Vælg hvert regneark på rullelisten, som vises neden for fanen Quantification Data (Kvantifikationsdata).

## Regnearket Results (Resultater)

Regnearket Results (Resultater) viser data for hver brønd i en plade.

| 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                 |

**Bemærk:** Alle Std. Dev (standardafvigelse)-beregninger gælder for de replikatgrupper, der er tildelt i brøndene i vinduet Plate Editor (Pladeeditor). Beregningerne udregner gennemsnittet af  $C_q$ -værdien for hver brønd i replikatgruppen.

Tabel 19 definerer de data, der vises i regnearket Results (Resultater).

**Tabel 19. Indhold i regnearket Results (Resultater)**

| Oplysninger  | Beskrivelse                 |
|--------------|-----------------------------|
| Well (Brønd) | Brøndens position på pladen |
| Fluor        | Detekteret fluorofor        |

Tabel 19. Indhold i regnearket Results (Resultater), fortsat

| Oplysninger                                  | Beskrivelse  |
|--|--|
| Target (Måsekvens)                           | Navn på amplifikationsmåsekvensen (target) (gen)                   |
| Content (Indhold)                            | Prøvetype og replikatnummer  |
| Sample (Prøve)                               | Beskrivelse af prøven  |
| Biological Set Name (Navn på biologisk sæt)  | Navnet på det biologiske sæt                                       |
| $C_q$  | Kvantifikationscyklus  |
| $C_q$ Mean ( $C_q$ -middelværdi)             | Middelværdien for kvantifikationscyklussen for replikatgruppen     |
| $C_q$ Std. Dev ( $C_q$ -standardafvigelse)   | Standardafvigelse for kvantifikationscyklussen for replikatgruppen |
| Starting Quantity (SQ)<br>(Startmængde (SQ)) | Anslået startmængde for måsekvensen (target)                       |
| Log Starting Quantity (Log af startmængde)   | Log af startmængden  |
| SQ Mean (SQ-middelværdi)                     | Middelværdi for startmængden                                       |
| SQ Std. Dev ( $C_q$ -standardafvigelse)      | Standardafvigelse for startmængden på tværs af replikater          |



## Regnearket Standard Curve Results (Standardkurve-resultater)

Regnearket Standard Curve Results (Standardkurve-resultater) viser de beregnede standardkurve-parametre.

| Fluor     | Efficiency % | Slope  | Y-Intercept | R <sup>2</sup> |
|-----------|--------------|--------|-------------|----------------|
| Cy5       | 95.93        | -3.423 | 35.216      | 1.000          |
| FAM       | 91.97        | -3.531 | 35.593      | 0.995          |
| HEX       | 94.24        | -3.468 | 36.863      | 0.998          |
| Texas Red | 96.86        | -3.399 | 35.481      | 0.999          |

Tabel 20 definer de data, der vises i regnearket Standard Curve Results (Standardkurve-resultater).

**Tabel 20. Indhold i regnearket Standard Curve Results (Standardkurve-resultater)**

| Oplysninger                      | Beskrivelse                                     |
|----------------------------------|---|
| Fluor (eller Target (Måsekvens)) | Detekteret fluorofor (eller måsekvens (target)) |
| Efficiency % (Effektivitet %)    | Reaktionseffektivitet                           |
| Slope (Hældning)                 | Standardkurvens hældning                        |
| Y-intercept (Y-skæringspunkt)    | Punkt, hvor kurven skærer y-aksen               |
| R <sup>2</sup>                   | Bestemmelseskoeficient                          |

## Regnearket Plate (Plade)

Regnearket Plate (Plade) viser et pladekort med data for én fluorofor ad gangen.

The screenshot shows the 'Quantification Data' tab in the software. The plate layout is as follows:

| Plate | Step Number: 3 | 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 |   |   |   |

### Sådan vises data for en specifik fluorofor

- Klik på dens fane nederst i regnearket.

## Regnearket RFU

Regnearket RFU viser aflæsningerne af relative fluorescenseenheder (RFU) for hver brønd indhentet under hver af kørsels cyklusser. Brøndens nummer vises øverst i hver kolonne, og cyklusnummeret vises til venstre for hver række.

The screenshot shows a software window titled "Data Analysis - Gene Expression Multiplex - Time Course 3.pcrd". The interface includes a menu bar (File, View, Settings, Export, Tools), a toolbar with icons for Plate Setup, Fluorophore, and a help icon, and a ribbon with tabs for Quantification, Quantification Data, Gene Expression, Custom Data View, QC, and Run Information. The main area displays a table of RFU values for Step Number: 3. The table has columns for Cycle (1-7) and wells B4, B5, B6, C4, C5, C6, D4, D5, D6, F3, F4, F5. The bottom status bar shows "Completed", "Scan Mode: All Channels", and "Plate Type: BR White".

| Cycle | B4    | B5     | B6    | C4     | C5     | C6   | D4     | D5     | D6   | F3   | F4    | F5    |
|-------|-------|--------|-------|--------|--------|------|--------|--------|------|------|-------|-------|
| 1     | 45.6  | 11.6   | 15.0  | 5.48   | 7.14   | 23.6 | 1.35   | -17.5  | 192  | 39.9 | 30.6  | 35.5  |
| 2     | 29.9  | 5.01   | 5.65  | 0.0416 | -0.989 | 12.4 | -0.689 | -17.2  | 157  | 39.4 | 20.4  | 15.2  |
| 3     | 15.0  | 0.773  | 6.65  | -2.41  | -0.154 | 9.63 | -3.27  | -6.84  | 133  | 44.9 | 13.8  | 8.62  |
| 4     | 6.29  | 3.24   | 5.62  | -0.119 | -1.37  | 7.70 | 2.58   | -3.87  | 112  | 47.9 | 6.28  | 4.95  |
| 5     | 5.02  | 2.66   | 3.65  | 1.75   | 3.86   | 4.31 | -3.29  | 0.0588 | 92.1 | 63.4 | 1.48  | 3.60  |
| 6     | -2.71 | 2.83   | 0.862 | 3.84   | 3.17   | 7.76 | 2.50   | 8.79   | 65.9 | 84.3 | -4.18 | 1.53  |
| 7     | -9.01 | -0.350 | 1.51  | -0.970 | 4.06   | 3.31 | -0.340 | 5.18   | 45.7 | 121  | -8.35 | -4.28 |

## Fanen Melt Curve (Smeltekurve)

I forbindelse med DNA-bindende farvestoffer og ikke-spaltbare hybridiseringsprober er fluorescensen klarest, når de to DNA-strengene hybridiseres. Derfor vil fluorescensen, når temperaturen stiger mod smeltetemperatur ( $T_m$ ), falde ved en konstant hastighed (konstant hældning). Ved  $T_m$  sker der en dramatisk reduktion i fluorescens med en mærkbar hældningsændring. Hastigheden af denne ændring fastlægges ved at plote negativ først-regression af fluorescens kontra temperatur ( $-d(\text{RFU})/dT$ ). Den største ændringshastighed i fluorescens medfører synlige kurvetoppe og repræsenterer  $T_m$  for de dobbeltstrengede DNA-komplekser.

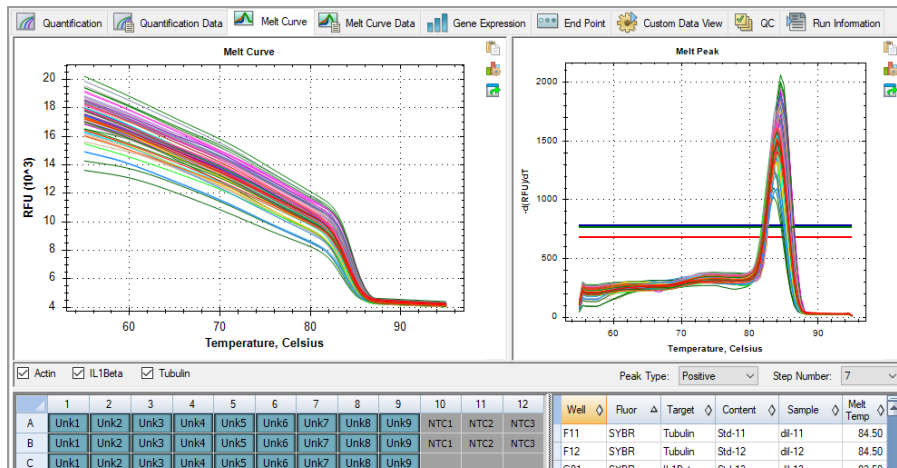
CFX Maestro Dx SE indtegner de RFU-data, der indsamles under en smeltekurve, som en funktion af temperaturen. Med henblik på analyse af smeltekurvetopdata tildeler softwaren en start- og sluttemperatur til hver kurvetop ved at flytte tærskellinjen. Bunden af kurvetopområdet er specificeret af smeltetærskellinjens placering. En valid kurvetop skal have en minimumhøjde i forhold til afstanden mellem tærskellinjen og højden på den højeste kurvetop.

Fanen Melt Curve (Smeltekurve) viser  $T_m$  (smeltetemperaturen) for amplificerede PCR-produkter i fire visninger:

- Melt Curve (Smeltekurve) – viser realtidsdata for hver fluorofor som RFU'er pr. temperatur for hver brønd.
- Melt Peak (Smeltekurvetop) – viser den negative regression for RFU-data pr. temperatur for hver brønd.
- Well selector (Brøndvælger) – viser brønde for at vise eller skjule dataene.
- Regneark med kurvetoppe – viser data indsamlet i den valgte brønd.

**Bemærk:** Dette regneark viser op til to kurvetoppe for hver kurvelinje. For at se flere kurvetoppe skal du klikke på fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata).

## Kapitel 11 Detaljerede oplysninger om dataanalyse



Tabel 21 definerer de data, der vises i regnearket Melt Curve (Smeltekurve).

**Tabel 21. Indhold af regnearket Melt Curve (Smeltekurve)**

| Oplysninger                  | Beskrivelse   |
|------------------------------|---|
| Well (Brønd)                 | Brøndens position på pladen   |
| Fluor                        | Detekteret fluorofor  |
| Content (Indhold)            | En kombination af prøvetype og replikatnummer   |
| Sample (Prøve)               | Navn på den prøve, der er indlæst i Plate Editor (Pladeeditor)  |
| Melt Temp (Smeltetemperatur) | Temperaturen på smeltekurvetoppen for hver brønd<br><b>Bemærk:</b> Kun de to højeste kurvetoppe vises i regnearket. |

## Justering af smeltekurvedata

### Sådan justeres smeltekurvedata

- ▶ Gør et af følgende:
  - Klik og træk i tærskelbjælken i diagrammet Melt Peak (Smeltekurvetop) for at medtage eller udelade kurvetoppe i dataanalysen.
  - Vælg Positive i rullemenuen Peaks (Kurvetoppe) for at vise regnearksdata for toppene over smeltetærskellinjen, eller vælg Negative for at vise regnearksdata for kurvetoppene under smeltetærskellinjen.
  - Åbn vinduet Trace Styles (Kurvelinjelayout) for at ændre farven på kurvelinjerne i diagrammerne Melt Curve (Smeltekurve) og Melt Peak (Smeltekurvetop).
  - Vælg et nummer i vælgeren Step Number (Trinnummer) for at vise data for Melt Curve (Smeltekurve) i et andet trin i protokollen. Listen viser mere end ét trin, hvis pladen indeholder pladeaflysninger i mere end ét smeltekurvetrin.
  - Vælg brønde i brøndvælgeren for at fokusere på undersæt af dataene.
  - Vælg en brøndgruppe for at vise og analysere et undersæt af brønde på pladen. Vælg hver enkelt brøndgruppe efter navn i rullemenuen Well Group (Brøndgruppe) på værktøjslinjen.

## Fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata)

Fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata) viser data fra fanen Melt Curve (Smeltekurve) i flere regneark, der omfatter alle smeltekurvetoppene for hver kurvelinje. CFX Maestro Dx SE har fire valgmuligheder for regneark til visning af smeltekurvedata:

- Melt Peaks (Smeltekurvetoppe) – viser alle dataene, herunder alle smeltekurvetoppene, for hver kurvelinje. Dette er standardvisningen.
- Plate (Plade) – viser en visning af dataene og indholdet af hver brønd i pladen.
- RFU – viser RFU-mængderne ved hver temperatur for hver brønd.
- $-d(\text{RFU})/dT$  – viser den negative ændringshastighed for RFU, efterhånden som temperaturen (T) ændres. Dette er et første regressionsplot for hver brønd i pladen.

Vælg de enkelte regneark på rullelisten, der vises på fanen Melt Curve Data (Smeltekurvedata).

## Regnearket Melt Peaks (Smeltekurvetoppe)

Regnearket Melt Peaks (Smeltekurvetoppe) viser alle smeltekurvedata.

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

Tabel 22 på side 235 definerer de data, der vises i regnearket Melt Peaks (Smeltekurvetoppe).

Tabel 22. Indhold i Regnearket Melt Peaks (Smeltekurvetoppe)

| Oplysninger                               | Beskrivelse   |
|---|---|
| Well (Brønd)                              | Brøndens position på pladen   |
| Fluor                                     | Detekteret fluorofor  |
| Content (Indhold)                         | Prøvetype angivet i vinduet Plate Editor (Pladeeditor)  |
| Target (Måsekvens)                        | Amplifikationsmåsekvens (target) (gen)  |
| Sample (Prøve)                            | Prøvenavn angivet i vinduet Plate Editor (Pladeeditor)  |
| Melt Temperature (Smeltetemperatur)       | Smeltetemperaturen for hvert produkt angivet som én kurvetop (højeste) pr. række i regnearket |
| Peak Height (Kurvetophøjde)               | Kurvetoppens højde  |
| Begin Temperature (Begyndelsestemperatur) | Temperatur ved kurvetoppens begyndelse  |
| End Temperature (Sluttemperatur)          | Temperatur ved kurvetoppens slutning  |

## Regnearket Plate (Plade)

Regnearket Plate (Plade) viser smeltekurvedata i et pladeformat.

|   | 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   |   |   |   |   |   |    |    |

**Bemærk:** Den kurvetop, som softwaren bedømmer, kan justeres ved at justere tærskellinjen i diagrammet Melt Peak (Smeltekurvetop) på fanen Melt Curve (Smeltekurve).

Tabel 23 på side 236 definerer de data, der vises i regnearket Plate (Plade).



**Tabel 23. Indhold i regnearket Plate (Plade)**

| Oplysninger              | Beskrivelse   |
|--------------------------|---|
| Indhold                  | En kombination af Sample Type (Prøvetype) (påkrævet) og Replicate # (Replikatnummer) (valgfrit) |
| Prøve                    | Beskrivelse af prøven   |
| Peak 1 (Kurve-<br>top 1) | Første smeltekurvetop (højeste)   |
| Peak 2 (Kurve-<br>top 2) | Anden smeltetop (lavere)  |

## Regnearket RFU

Regnearket RFU viser fluorescens for hver brønd i hver cyklus indsamlet under smeltekurven.

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

Tabel 24 definerer de data, der vises i regnearket RFU.

**Tabel 24. Indhold i regnearket RFU**

| Oplysninger                      | Beskrivelse   |
|----------------------------------|---|
| Brøndnummer (A1, A2, A3, A4, A5) | Brøndposition i pladen for de isatte brønde   |
| Temperature (Temperatur)         | Den amplificerede målsækvens' (target) smeltetemperatur, indtegnet som én brønd pr. række og flere brønde for flere produkter i samme brønd |

## Regnearket -d(RFU)/dT

Regnearket -d(RFU)/dT viser den negative ændringshastighed for RFU, efterhånden som temperaturen (T) ændres.

| 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 |

Tabel 25 definerer de data, der vises i regnearket -d(RFU)/dT.

**Tabel 25. Indhold i regnearket -d(RFU)/dT i**

| Oplysninger                      | Beskrivelse  |
|----------------------------------|--|
| Brøndnummer (A1, A2, A3, A4, A5) | Brøndposition i pladen for de isatte brønde                              |
| Temperatur -d(RFU)/dT            | Negativ ændringshastighed i RFU, efterhånden som temperaturen (T) ændres |

## Fanen End Point (Endepunkt)

Åbn fanen End Point (Endepunkt) for at analysere endelige relative fluorescenseenheder (RFU'er) for prøvebrønde. Softwaren sammenligner RFU-niveauer i brønde med ukendte prøver med RFU-niveauer i brønde med negative kontroller og bedømmer de ukendte som positive eller negative. Positive prøver har en RFU-værdi, der er større end den gennemsnitlige RFU-værdi i de negative kontroller plus cut-off-værdien.

| Well | Fluor | Content  | Sample | End RFU | Call         |
|------|-------|----------|--------|---------|--------------|
| C03  | HEX   | Std-1    |        | 15271   | (+) Positive |
| C04  | HEX   | Std-2    |        | 10788   | (+) Positive |
| C05  | HEX   | Std-3    |        | 6245    | (+) Positive |
| C06  | HEX   | Std-4    |        | 4035    | (+) Positive |
| C07  | HEX   | Neg Ctrl |        | 1887    |              |
| D03  | HEX   | Std-1    |        | 15193   | (+) Positive |
| D04  | HEX   | Std-2    |        | 10781   | (+) Positive |
| D05  | HEX   | Std-3    |        | 6294    | (+) Positive |
| D06  | HEX   | Std-4    |        | 4013    | (+) Positive |
| D07  | HEX   | Neg Ctrl |        | 1882    |              |
| E03  | HEX   | Std-1    |        | 14530   | (+) Positive |
| E04  | HEX   | Std-2    |        | 10240   | (+) Positive |
| E05  | HEX   | Std-3    |        | 5838    | (+) Positive |
| E06  | HEX   | Std-4    |        | 3896    | (+) Positive |
| E07  | HEX   | Neg Ctrl |        | 1882    |              |
| F03  | HEX   | Std-1    |        | 14055   | (+) Positive |
| F04  | HEX   | Std-2    |        | 9932    | (+) Positive |
| F05  | HEX   | Std-3    |        | 5826    | (+) Positive |
| F06  | HEX   | Std-4    |        | 3964    | (+) Positive |
| F07  | HEX   | Neg Ctrl |        | 1883    |              |

For at kunne analysere endepunktsdata skal pladen indeholde negative kontroller; ellers kan softwaren ikke foretage en bedømmelse.

- Kør protokollen Quantification (Kvantifikation) – opsæt en standardprotokol. Når kørslen er færdig, skal du åbne vinduet Data Analysis (Dataanalyse), justere indstillingerne for dataanalyse på fanen Quantification (Kvantifikation) og derefter klikke på fanen End Point (Endepunkt) for at vælge en endepunktscyklus.
- Kør protokollen End Point Only (Kun endepunkt) – indlæs protokollen End Point Only (Kun endepunkt) på fanen Plate (Plade) i vinduet Run Setup (Kørselsopsætning), vælg og opret en plade, og start kørslen

Fanen End Point (Endepunkt) viser de gennemsnitlige RFU-værdier for at bestemme, om målsekvensen (target) blev amplificeret af den sidste (ende-) cyklus. Brug dataene til at bestemme, om der er en specifik målsekvens (target) tilstede (positiv) i en prøve. Positive målsekvenser (targets) har højere RFU-værdier end det cut off-niveau, der blev defineret.

**Tip:** For at oprette en endepunktsprotokol skal du åbne fanen Protocol (Protokol) (vinduet Run Setup (Kørselsopsætning)) og vælge Run > End Point Only Run (Kør > Kør kun endepunkt).

Når kørslen er færdig, åbnes datafilen på fanen End Point (Endepunkt), som har følgende afsnit:

- Settings (Indstillinger) - justerer indstillingerne for dataanalyse.
- Results (Resultater) - viser resultaterne straks efter indstillingerne er justeret.
- Well Selector (Brøndvælger) - vælger brøndene med de endepunktsdata, der skal vises.
- RFU-regneark - viser ende-RFU indsamlet i de valgte brønde.

## Resultatdata

Afsnittet Results (Resultater) viser følgende data:

- Lowest RFU value (Laveste RFU-værdi) – laveste RFU-værdi i dataene
- Highest RFU value (Højeste RFU-værdi) – højeste RFU-værdi i dataene
- Negative Control Average (Gennemsnit for negative kontroller) – gennemsnitlig RFU for de brønde, som indeholder negative kontroller
- Cut Off Value (Cut-off-værdi) – beregnes ved at tilføje tolerancen (RFU eller procentdel af område angivet under Settings (Indstillinger)) og gennemsnit for de negative kontroller. Prøver med RFU'er, der er større end cutoff-værdien, kaldes "Positive". Du kan justere afskæringsværdien ved at ændre RFU eller Percentage of Range (Procentdel af område)

Cut Off Value (Cut-off-værdi) beregnes ved brug af følgende formel:

$$\text{Cut-off-værdi} = \text{gennemsnit for negative kontroller} + \text{tolerance}$$

Vælg en tolerance ved brug af en af disse metoder:

- RFUs (RFU'er) (standard) – vælg denne metode for at anvende en absolut RFU-værdi for tolerancen. Minimumværdien for RFU-tolerance er 2. Maksimum er den absolutte værdi af den højeste RFU-værdi minus den absolutte værdi af den laveste RFU-værdi. Standardværdien for RFU-tolerance er 10 % af det samlede RFU-område.
- Percent of Range (Procentdel af område) – vælg denne metode for at bruge en procentdel af RFU-området som tolerance. Minimumsprocentdelen af området er 1 %. Maksimumsprocentdelen af området er 99 %. Standardprocentdelen af området er 10 %.

## Justering af endepunktsdataanalysen

### Sådan justeres data på fanen End Point (Endepunkt)

- ▶ Gør et af følgende:
  - Vælg en fluorofor fra rullelisten.
  - Vælg en værdi for End Cycle to Average (Slutcyklus til gennemsnitsberegning) for at indstille antallet af cyklusser, der skal bruges til at beregne det gennemsnitlige endepunkts-RFU.
  - Vælg RFU'er for at vise data i relative fluorescenseenheder.
  - Vælg Percentage of Range (Procentdel af område) for at vise data som en procentdel af RFU-område.
  - Vælg brønde i brøndvælgeren for at fokusere på undersæt af dataene.
  - Vælg en brøndgruppe for at vise og analysere et undersæt af brønde på pladen. Vælg hver enkelt brøndgruppe efter navn i rullemenuen Well Group (Brøndgruppe) på værktøjslinjen.

## RFU-regneark til analyse af endepunkter

Tabel 26 indeholder definitioner af de data, der vises i RFU-regnearket på fanen End Point (Endepunkt).

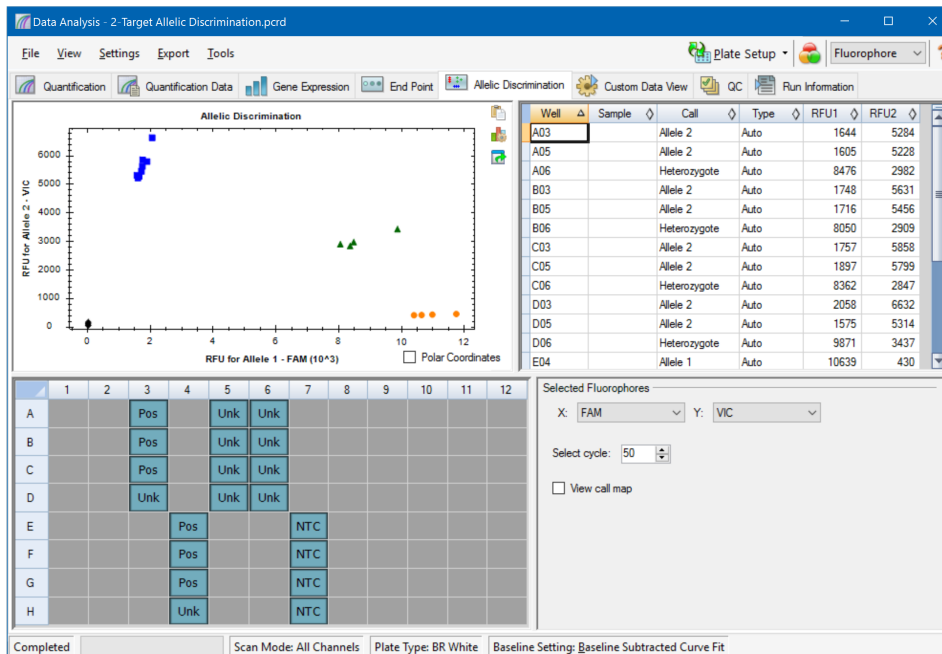
**Tabel 26. RFU-indhold af regneark for endepunkt**

| Oplysninger        | Beskrivelse  |
|--------------------|--|
| Well (Brønd)       | Brøndens position på pladen  |
| Fluor              | Detekteret fluorofor   |
| Content (Indhold)  | Kombination af prøvetype og replikatnummer   |
| End RFU (Ende-RFU) | RFU ved endepunktscyklus   |
| Call (Bedømmelse)  | Positive (Positiv) eller Negative (Negativ), hvor positive prøver har en RFU-værdi, der er større end den gennemsnitlige RFU-værdi for de negative kontroller plus Cut Off Value (Cut-off-værdi) |
| Sample (Prøve)     | Sample Name (Prøvenavn) isat i Plate Editor (Pladeeditor)  |

## Fanen Allelic Discrimination (Alleldiskrimination)

Fanen Allelic Discrimination (Alleldiskrimination) tildeler genotyper til brønde med ukendte prøver. Disse data anvendes til at identificere prøver med forskellige genotyper, herunder Allele 1 (Allel 1), Allele 2 (Allel 2), Heterozygote (Heterozygot), No Call (Ingen bedømmelse) eller Undetermined (Ikke fastslået).

**Bemærk:** Dataene for alleldiskrimination skal komme fra multiplexkørsler med mindst to fluoroforer. Hver fluorofor identificerer én allel i hver af prøverne.



Alleldiskriminationsanalysen kræver som minimum følgende indhold i brøndene:

- To fluoroforer i hver brønd
- NTC-prøver (ingen skabelonkontrol) til optimeret dataanalyse

CFX Maestro Dx SE indeholder fire valgmuligheder for visning af alleldiskriminationsdata:

- Alleldiskriminationsdiagram – viser data på en graf med RFU for allel 1/allel 2. Hvert af punkterne på grafen repræsenterer data fra begge fluoroforer i én brønd. Du kan skifte mellem kartesiske og polære koordinater ved at markere eller fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet Polar Coordinates (Polære koordinater). Cartesian Coordinates (Kartesiske koordinater) repræsenterer RFU for allel 1 på x-aksen og RFU for allel 2 på y-aksen. Polære koordinater repræsenterer vinklen på x-aksen og afstanden mellem den oprindelige og RFU på y-aksen (median for alle NTC).
- Regneark med brønde - viser alleldiskriminationsdata indsamlet fra hver enkelt brønd på pladen.

- Brøndvælger - vælger brøndene med de alleldata, der skal vises.
- Panelet Selected Fluorophores (Valgte fluoroforer) - ændrer betegnelserne for x- og y-aksen i alleldiskriminationsdiagrammet, den cyklus, der skal analyseres, og hvorvidt bedømmelseskortet skal vises.

## Justering af data til alleldiskrimination

Softwareen tildeler automatisk en genotype til brønde med ukendte prøver baseret på NTC-positioner og de ukendte datapunkters vinkel og afstand fra NTC'erne.

### Sådan justeres data til alleldiskrimination

- ▶ Gør et af følgende:
  - Markér afkrydsningsfeltet i diagrammet Allelic Discrimination (Alleldiskrimination) for at få vist polære koordinater.
  - For at se en anden fluorofor skal du vælge den på rullelisten i panelet Selected Fluorophores (Valgte fluoroforer).
  - For at redigere en bedømmelse skal du trække på tværs af datapunkterne i diagrammet Allelic Discrimination (Alleldiskrimination) og vælge en mulighed på listen Selected Wells (Valgte brønde):
    - Allele 1
    - Allele 2
    - Heterozygote (Heterozygot)
    - Undetermined (Ikke fastslået)
    - No Call (Ingen bedømmelse)
    - Auto Call (Automatisk bedømmelse)

**Tip:** Vælg Auto Call (Automatisk bedømmelse) for at vende tilbage til standardbedømmelsen.

## Valgmuligheder i diagrammenuen

Ud over de fælles genvejsmenupunkter (se [Fælles genvejsmenupunkter for diagrammer på side 210](#)), er der andre genvejsmenupunkter i diagrammet Allelic Discrimination (Alleldiskrimination). De vises i [Tabel 27](#).

**Tabel 27. Valgmuligheder i genvejsmenuerne (højre- og venstreklik) i diagrammet Allelic Discrimination (Alleldiskrimination)**

| Menupunkt                      | Funktion  |
|--------------------------------|---|
| Zoom                           | Fokuserer diagramvisningen på det valgte område (ved at klikke og trække markøren i diagrammet).<br><b>Tip:</b> Højreklik og vælg Set Scale to Default (Indstil skala til standard) for at nulstille zoomniveauet, så alle datapunkter vises.   |
| Well (Brønd)                   | Valgmulighederne for den valgte brønd er: display only this well (vis kun denne brønd), remove this well from view (fjern denne brønd fra visningen), set color for this trace (indstil farve for denne kurvelinje) eller exclude this well from analysis (udelad denne brønd fra analyse).   |
| Selected Wells (Valgte brønde) | Valgmulighederne for de valgte brønde (valgt ved at klikke og trække markøren i diagrammet) er: display only these wells (vis kun disse brønde), remove these wells from view (fjern disse brønde fra visningen), set color for these traces (indstil farve for disse kurvelinjer) eller exclude these wells from analysis (udelad disse brønde fra analyse). |

## Regnearket Allelic Discrimination (Alleldiskrimination)

[Tabel 28](#) definerer de data, der vises i regnearket Allelic Discrimination (Alleldiskrimination).

**Tabel 28. Indhold i regnearket Allelic Discrimination (Alleldiskrimination)**

| Oplysninger    | Beskrivelse                 |
|----------------|-----------------------------|
| Well (Brønd)   | Brøndens position på pladen |
| Sample (Prøve) | Beskrivelse af prøvens navn |



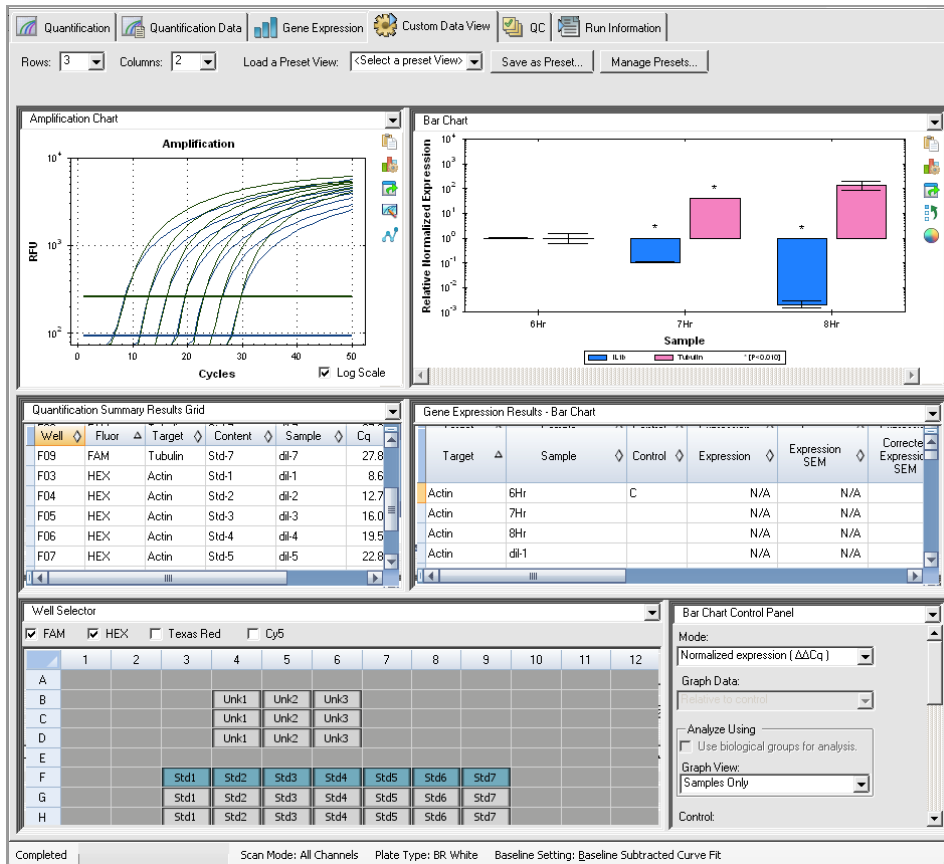
**Tabel 28. Indhold i regnearket Allelic Discrimination (Alleldiskrimination), fortsat**

| Oplysninger       | Beskrivelse   |
|-------------------|---|
| Call (Bedømmelse) | Identifikation af allelen, herunder automatisk Allele 1 (allel 1), Allele 2 (Allel 2), Heterozygote (Heterozygot), No Call (Ingen bedømmelse) eller Undetermined (Ikke fastslået)             |
| Type              | Auto (Automatisk) eller Manual (Manuel); beskriver, hvordan bedømmelsen blev foretaget. Automatisk betyder, at softwaren foretog bedømmelsen; Manuel betyder, at brugeren foretog bedømmelsen |
| RFU1              | RFU for Allele1 (Allel 1)   |
| RFU2              | RFU for Allele2 (Allel 2)   |

## Fanen Custom Data View (Tilpasset datavisning)

Fanen Custom Data View (Tilpasset datavisning) viser flere faner samtidig i et format, der kan tilpasses.

Rullelisten Load a Preset View (Indlæs en forudindstillet visning) indeholder flere skabeloner for visningsformat. Den visning, der vises som standard, er afhængig af den fil, der analyseres. Hvis dataene for eksempel er for en Melt Curve (Smeltekurve), vises standardvisningen Amp+Melt.



## Oprettelse af en tilpasset datavisning

### Sådan oprettes en tilpasset datavisning

- ▶ Gør et af følgende:
  - Vælg en alternativ forudindstillet visning på rullelisten.
  - Vælg en anden diagramvisning på rullelisten, der findes øverst i hver individuel rude.
  - Rediger antallet af rækker og kolonner på fanen.
  - Rediger individuelle rudedimensioner. Træk stregerne i yderkanten i hver rude.

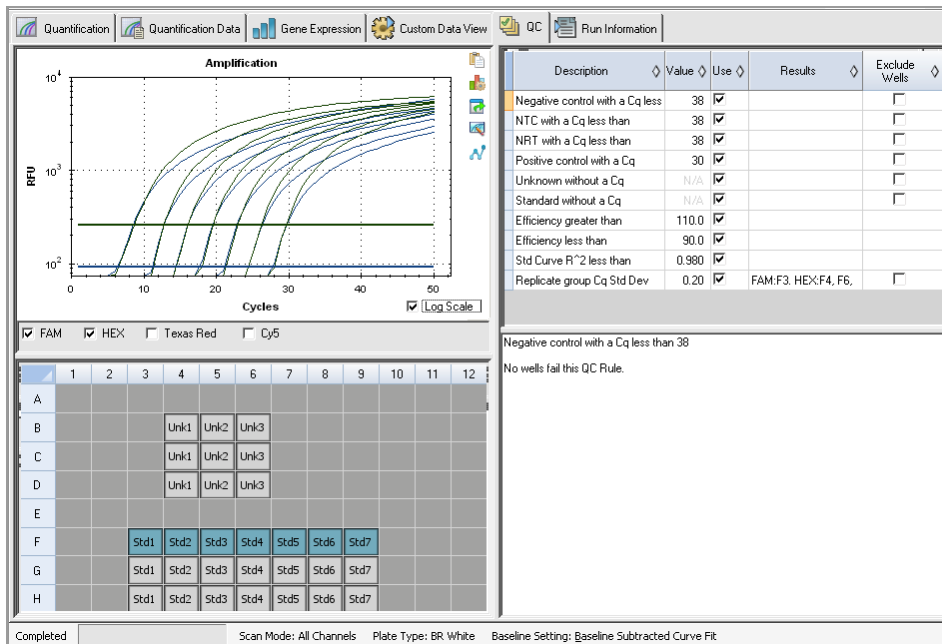
Klik på **Save as Preset** (Gem som forudindstilling) for at gemme tilpasningen som en forudindstillet skabelon. Klik på **Manage Presets** (Administrer forudindstillinger) for at slette, omdøbe eller gendanne eksisterende forudindstillede visninger.

## Fanen QC (Kvalitetskontrol)

Brug fanen QC (Kvalitetskontrol) til hurtigt at vurdere kvaliteten af de kørte data baseret på de regler, som er defineret på fanen QC (Kvalitetskontrol) i vinduet User Preferences (Brugerpræferencer).

CFX Maestro Dx SE indeholder fire valgmuligheder for visning af kvalitetskontrolldata:

- **Diagrammet Amplification** (Amplifikation) – viser RFU for hver brønd ved hver cyklus. Hver kurvelinje på diagrammet repræsenterer data fra en enkelt fluorofor i én brønd.
- **Tabellen QC rules** (Regler for kvalitetskontrol) – viser de tilgængelige regler for kvalitetskontrol og de indstillinger, der definerer hver regel. Anvendte regler for kvalitetskontrol er indikeret med en markering.
- **Well selector** (Brøndvælger) – vælger brøndene med de fluorescensdata, der skal vises.
- **Oversigtsside for kvalitetskontrolregel** – viser den valgte regel for kvalitetskontrol og fremhæver brønde, der ikke opfylder reglen.



## Ændring af kriterier for kvalitetskontrol

### Sådan ændres kriterier for QC (Kvalitetskontrol)

- ▶ Markér eller fjern markeringen i afkrydsningsfeltet Use (Brug) for at medtage eller udelade reglen i kvalitetskontrollen.

## Udeladelse af brønde, som ikke består QC (Kvalitetskontrol)

CFX Maestro Dx SE viser brønde, som ikke består kriterierne for QC (Kvalitetskontrol), i kolonnen Results (Resultater) i tabellen med QC-regler og i oversigtsruden.

### Sådan udelades brønde, som ikke opfylder kriterierne for QC (Kvalitetskontrol)

- ▶ Vælg Exclude Wells (Udelad brønde) for hver af de brønde, der skal udelades.

## Fanen Run Information (Kørselsoplysninger)

Fanen Run Information (Kørselsoplysninger) viser protokollen og andre oplysninger om hver kørsel. Denne fane kan bruges til følgende:

- Vise protokollen.
- Indtaste eller redigere bemærkninger om kørslen.
- Indtaste eller redigere id eller stregkode for kørslen.
- Vise hændelser, der måtte være opstået under kørslen. Brug disse meddelelser til at fejlfinde en kørsel.

**Tip:** Højreklik på protokollen for at kopiere, eksportere eller udskrive den. Højreklik på Notes (Bemærkninger), ID/Bar Code (Id/stregkode) eller Other panes (Andre ruder) for at fortryde, klippe, kopiere, indsætte, slette eller vælge teksten.

The screenshot displays the 'Run Information' window for a protocol named 'CFX\_2stepAmp50 1 min.prl'. The interface includes a graph showing temperature changes over time and a table of protocol steps.

**Protocol Graph Data:**

| Step | Temperature (°C) | Duration (min) |
|------|------------------|----------------|
| 1    | 95.0             | 3:00           |
| 2    | 95.0             | 0:10           |
| 3    | 55.0             | 1:00           |
| 4    | GOTO 2           | 49 more times  |

**Table of Steps:**

| Step | Temp (°C)             | Mode | Duration |
|------|-----------------------|------|----------|
| 1    | 95.0                  | C    | for 3:00 |
| 2    | 95.0                  | C    | for 0:10 |
| 3    | 55.0                  | C    | for 1:00 |
| 4    | + Plate Read          |      |          |
| 4    | GOTO 2, 49 more times |      |          |
| END  |                       |      |          |

**Notes Panel:**

Notes: Multiplex Gene Expression Example  
 Artificial Time course in which  
 Hex (Actin) is constant at ~ 1e5 cps/run  
 Cy5 (Gadd45) is constant at ~ 1e6 cps/run  
 Fam (Tubulin) increases 4 fold with time  
 Texas Red (Httb) decreases 4 fold with time

**Other Panel:**

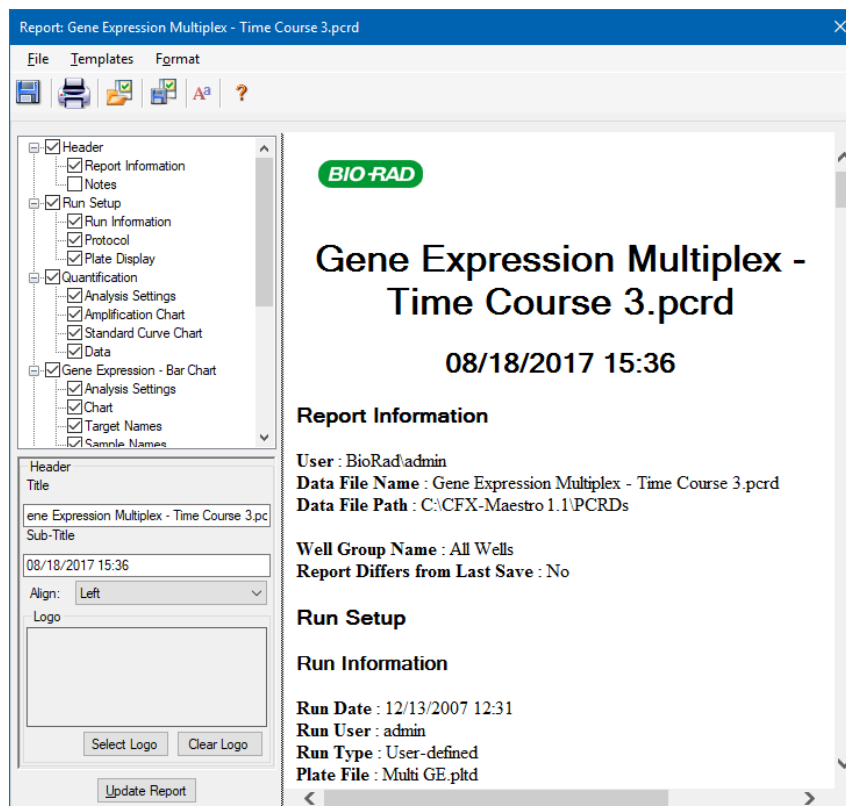
Run Started : 12/13/2007 12:31:47 PM  
 User : admin  
 Run Type: User-defined  
 Plate File: Multi GE.pltd  
 Sample Vol : 25  
 Lid Temp : 105  
 Optical Head Serial Number :  
 Base Serial Number : CC001095  
 CFX Manager Version : 1.0.956.1212.

## Dataanalyserapporter

Rapportdialogboksen viser oplysninger om den aktuelle datafil i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). For at åbne en rapport skal du vælge Tools > Reports (Værktøjer > Rapporter) eller klikke på Reports (Rapporter) på værktøjslinjen.

Dialogboksen Report (Rapport) består af følgende afsnit:

- Menu og værktøjslinje – indeholder valgmuligheder til at formatere, gemme og udskrive rapporten eller skabelonen.
- Liste med valgmuligheder (øverst til venstre i dialogboksen) – indeholder valgmuligheder for, hvad der skal vises i rapporten.
- Rude med valgmuligheder (nederst til venstre i dialogboksen) – indeholder tekstfelter, i hvilke der kan angives oplysninger om en given valgmulighed.
- Rude med forhåndsvisning (til højre i dialogboksen) – viser en forhåndsvisning af den aktuelle rapport.



## Kategorier for dataanalyserapporter

Tabel 29 indeholder alle de valgmuligheder, der er tilgængelige i forbindelse med en dataanalyserapport, afhængigt af datatypen i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).

**Tabel 29. Kategorier for dataanalyserapporter på listen med valgmuligheder**

| Kategori                               | Valgmulighed                                   | Beskrivelse   |
|--|--|---|
| <b>Sidehoved</b>                       |  |   |
|  |  | Rapportens titel, undertitel og logo  |
|  | Report Information<br>(Rapportoplysninger)     | Kørselsdato, brugernavn, datafilens navn, sti til datafilen og den valgte brøndgruppe     |
|  | Audit Information<br>(Revisionsoplysninger)    | Yderligere oplysninger, som er nødvendige i forbindelse med revision, herunder signaturer |
|  | Notes (Bemærkninger)                           | Bemærkninger til datarapporten  |
| <b>Run Setup (Kørselsopsætning)</b>    |  |   |
|  | Run Information<br>(Kørselsoplysninger)        | Kørselsdato, brugernavn, datafilens navn, sti til datafilen og den valgte brøndgruppe     |
|  | Protocol (Protokol)                            | Tekstvisning af protokoltrin og valgmuligheder  |
|  | Plate Display (Pladevisning)                   | Pladevisning af oplysningerne i hver enkelt brønd i pladen                                |
| <b>Quantification (Kvantifikation)</b> |  |   |
|  | Analysis Settings<br>(Analyseindstillinger)    | Dataindsamlingens trinnummer, analysetilstand og baseline-subtraktionsmetode              |
|  | Amplification Chart<br>(Amplifikationsdiagram) | Amplifikationsdiagram til kørsler, der omfatter kvantifikationsdata                       |
|  | Standard Curve Chart<br>(Standardkurvediagram) | Standardkurvediagram  |



**Tabel 29. Kategorier for dataanalyserapporter på listen med valgmuligheder, fortsat**

| Kategori  | Valgmulighed                                | Beskrivelse   |
|---|---|---|
|   | Data  | Regneark, der oplister dataene i hver brønd                             |
| <b>Gene Expression (Genekspression) – søjlediagram</b>  |   |   |
|   | Analysis Settings (Analyseindstillinger)    | Analysetilstand, diagramdata, valgmulighed for skalering og diagramfejl |
|   | Chart (Diagram)                             | Kopi af søjlediagrammet   |
|   | Target Names (Navne på målsækvenser)        | Diagram over navne på målsækvenser                                      |
|   | Sample Names (Prøvenavne)                   | Diagram over prøvenavne   |
|   | Data  | Regneark, der oplister dataene i hver brønd                             |
|   | Target Stability (Målsækvensens stabilitet) | Diagram over stabilitetsværdier for målsækvensen (target)               |
|   | Box-and-Whisker Chart (Boksplot)            | Boksplot  |
|   | Dot Plot Chart (Punktdiagram)               | Punktdiagram  |
| <b>Gene Expression (Genekspression) - Clustergram (Klyngeoversigt) og Scatter Plot (Punktdiagram)</b> |   |   |
|   | Analysis Settings (Analyseindstillinger)    | Indstillinger for hver diagramtype                                      |
|   | Chart (Diagram)                             | Kopi af diagrammet  |
|   | Data  | Regneark, der oplister data i hver målsækvens (target)                  |
| <b>Genekspression – ANOVA-data</b>  |   |   |
|   | ANOVA Settings (ANOVA-indstillinger)        | P-værditærskel anvendt til analysen                                     |

Tabel 29. Kategorier for dataanalyserapporter på listen med valgmuligheder, fortsat

| Kategori  | Valgmulighed  | Beskrivelse  |
|---|---|--|
|   | ANOVA Results (ANOVA-resultater)                        | Tabel med resultaterne fra ANOVA og Tukeys HSD post-hoc analyse  |
| <b>Melt Curve (Smeltekurve)</b>                       |   |  |
|   | Analysis Settings (Analyseindstillinger)                | Smeltetrinnummer og tærskellinjeindstilling  |
|   | Melt Curve Chart (Smeltekurvediagram)                   | Smeltekurvediagram   |
|   | Melt Peak Chart (Smeltekurvetopdiagram)                 | Smeltekurvetopdiagram  |
|   | Data  | Regneark, der oplister dataene i hver brønd  |
| <b>Allelic Discrimination (Alleldiskrimination)</b>   |   |  |
|   | Analysis Settings (Analyseindstillinger)                | Fluoroforer, cyklusser og viser bedømmelseskort  |
|   | Diagrammet Allelic Discrimination (Alleldiskrimination) | Kopi af diagrammet over alleldiskrimination  |
|   | Data  | Regneark, der oplister dataene i hver brønd  |
| <b>End Point (Endepunkt)</b>                          |   |  |
|   | Analysis Settings (Analyseindstillinger)                | Fluorofor, endecyklusser til gennemsnit, tilstand, laveste RFU-værdi, højeste RFU-værdi og cut-off-værdi |
|   | Data  | Regneark, der oplister dataene i hver brønd  |
| <b>QC Parameters (Parametre for kvalitetskontrol)</b> |   |  |
|   | Data  | Regneark, der oplister parametrene for hver enkelt QC-regel  |

## Oprettelse af en dataanalyserapport

Du kan gemme rapportens layout som en skabelon, der kan bruges igen til lignende rapporter.

### Sådan oprettes en dataanalyserapport

1. Udfør de endelige justeringer af brøndindholdet, valgte brønde, diagrammer og regneark i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), inden rapporten oprettes.
2. Vælg Tools > Reports (Værktøjer > Rapporter) i menuen Data Analysis (Dataanalyse) for at åbne dialogboksen Report (Rapport).
3. Vælg, hvad der skal medtages i rapporten. Rapporten åbnes med standardvalgmulighederne valgt. Markér eller fjern markeringen i afkrydsningsfelterne for at ændre hele kategorier eller individuelle valgmuligheder i en kategori.

[Tabel 29 på side 251](#) angiver de tilgængelige valgmuligheder, der kan vælges til visning.

**Bemærk:** De data, der vises i rapporten, afhænger af de aktuelle valg på fanerne i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). For eksempel indeholder en kvantifikationskørsel muligvis ikke en standardkurve, og disse data vises derfor ikke i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) eller i datarapporten.

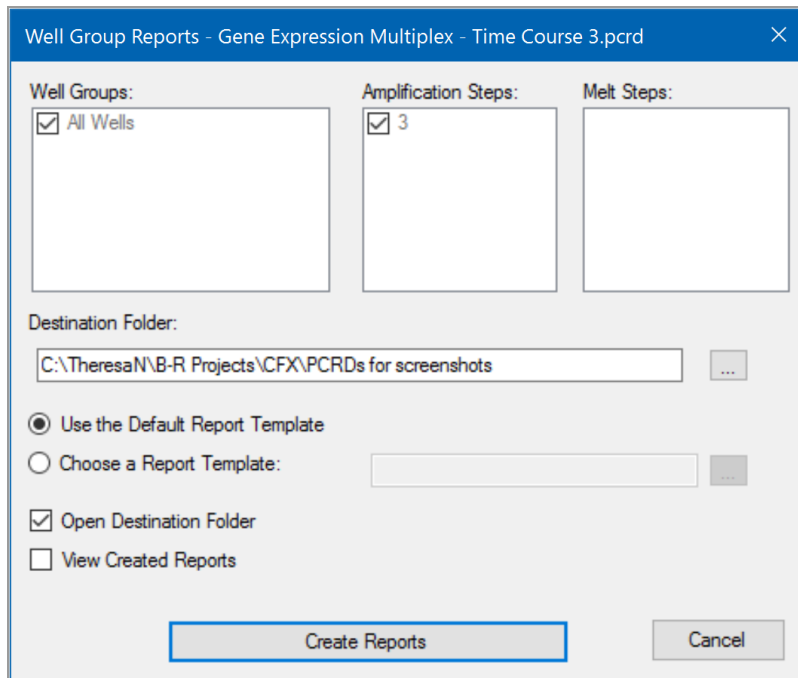
4. Ændring af rækkefølgen af kategorier og elementer i en rapport. Træk valgmulighederne til den relative position. Elementers rækkefølge kan kun ændres i den kategori, de tilhører.
5. (Valgfrit) I ruden Report Options (Valgmuligheder for rapport) indtastes information, der er relevant for den valgte valgmulighed:
  - Vælg et undersæt af oplysninger, der skal vises i rapporten.
  - Vælg specifikke indstillinger for den valgte valgmulighed.
  - Rediger teksten, der skal vises for den valgte valgmulighed.
6. Klik på Update Report (Opdater rapport) for at opdatere Report Preview (Vis rapport) med eventuelle ændringer.
7. Udskriv eller gem rapporten:
  - a. Klik på knappen Print Report (Udskriv rapport) i værktøjslinjen for at udskrive den aktuelle rapport.
  - b. Vælg File > Save (Fil > Gem) for at gemme rapporten i formatet PDF (Adobe Acrobat Reader), MHT (Microsoft-dokument) eller MHTML (Microsoft-dokument).
  - c. Vælg en placering, hvor filen skal gemmes.

- d. Vælg File > Save As (Fil > Gem som) for at gemme rapporten med et nyt navn eller på en ny placering.
8. (Valgfrit) Opret en skabelonrapport med den information, du ønsker. For at gemme de aktuelle rapportindstillinger i en skabelon skal du vælge Template > Save (Skabelon > Gem) eller Save As (Gem som). Indlæs rapportskabelonen, næste gang der skal oprettes en ny rapport.

## Oprettelse af Well Group Reports (Brøndgrupperapporter)

### Sådan oprettes en brøndgrupperapport

1. Vælg Tools > Well Group Reports (Værktøjer > Brøndgrupperapporter) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse).



2. Vælg de brøndgrupper, amplifikationstrin og smeltetrin, som skal medtages i rapporten, i dialogboksen Well Groups Reports (Brøndgrupperapporter).
3. Indtast stien eller naviger til destinationsmappen, hvor rapporten skal gemmes.
4. (Valgfrit) Vælg Choose a Report Template (Vælg en rapportskabelon), og naviger til skabelonfilmappen.
5. (Valgfrit) Vælg Open Destination Folder (Åbn destinationsmappe) for at åbne mappen og se rapporterne, når de er blevet genereret.
6. Klik på Create Reports (Opret rapporter).

## Kapitel 12 Genekspressionsanalyse

Ved at bruge strengt kvalificerede kontroller i reaktionerne kan du anvende CFX Maestro Dx Software, Security Edition til at udføre en genekspressionskørsel med henblik på at normalisere de relative differencer i en målkonzentration blandt prøver. Typisk anvendes ekspressionsniveauer for ét eller flere referencegener til normalisering af ekspressionsniveauerne for et interessegen. Referencegener tager højde for isætningsforskelle (loading-forskelle) eller andre variationer i hver enkelt prøve, og deres ekspressionsniveauer bør ikke ændres i det biologiske system, der undersøges.

Vælg fanen Gene Expression (Genekspression) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse) for at evaluere de relative differencer mellem PCR-reaktioner i to eller flere brønde. Du kan for eksempel evaluere det relative antal virale genomer eller det relative antal transfekterede sekvenser i en PCR-reaktion. Den mest almindelige anvendelse af et genekspressionsstudie er til at sammenligne cDNA-konzentrationen i mere end én reaktion for at estimere niveauerne af steady state-mRNA.

Softwaren beregner det relative ekspressionsniveau for en målsekvns (target) med et af følgende scenarier:

- Relativt ekspressionsniveau for en målsekvns (target 1) i forhold til en anden målsekvns (target 2). Det kan for eksempel være mængden af ét gen i forhold til et andet gen i samme prøvebehandling.
- Relativt ekspressionsniveau for en målsekvns i en prøve sammenlignet med den samme målsekvns under en alternativ prøvebehandling; for eksempel den relative mængde af ét gen i forhold til sig selv under forskellige tidsmæssige, geografiske eller udviklingsmæssige forhold.

### Opsætning af plader til genekspressionsanalyse

For at kunne udføre genekspressionsanalyse skal brøndenes indhold omfatte følgende:

- To eller flere målsekvns (targets) – de to målsekvns (targets), som repræsenterer forskellige amplificerede gener eller sekvenser i prøverne.
- En eller flere referencemålsekvns (targets) – mindst én målsekvns (target) skal være en referencemålsekvns (target) for normaliseret ekspression. Tildel alle referencemålsekvns (targets) i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) for at analysere data i tilstanden Normalized Expression (Normaliseret ekspression) ( $\Delta\Delta C_q$ ). Kørsler, som ikke indeholder en reference, skal analyseres ved hjælp af tilstanden Relative Expression (Relativ ekspression) ( $\Delta C_q$ ).

- Almindelige prøver – reaktionerne skal omfatte almindelige prøver (der kræves mindst to) for at vise dataene plottet på fanen Gene Expression (Genekspression). Disse prøver skal repræsentere forskellige behandlinger eller tilstande for hver af målsekvenserne (targets). Tildel en kontrolprøve (valgfrit) i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger). Hvis der ikke vælges en kontrol, anvender softwaren den laveste  $C_q$  som kontrol.

Kravene i forbindelse med opsætning af Gene Expression (Genekspression) i Plate Editor (Pladeeditor) afhænger af, hvorvidt reaktionsindholdet er singleplex PCR, med én fluorofor i reaktionerne, eller multiplex PCR, med mere end én fluorofor i reaktionerne.

## Vejledt pladeopsætning

Hvis pladeopsætningen af en datafil ikke indeholder informationen, der er nødvendig til analysen, og hvis fanen Gene Expression (Genekspression) er valgt, er det område, der normalt bruges for at vise søjlediagrammet, i stedet udfyldt med vejledninger til, hvordan denne information udfyldes. For normaliseret genekspression udfyldes følgende trin:

1. Definer navne for Target (Målsekvens) og Sample (Prøve) ved brug af en af følgende:
  - Plate Setup (Pladeopsætning) – åbner vinduet Plate Editor (Pladeeditor).
  - Replace Plate File (Udskift pladefil) – åbner browseren Select Plate (Vælg plade), hvor du kan navigere til en tidligere gemt pladefil, som det aktuelle pladelayout skal erstattes med.
  - Replace PrimePCR File (Erstat PrimePCR-filen) – åbner dialogboksen Select PrimePCR file (Vælg PrimePCR-fil), hvor du kan navigere til en PrimePCR-kørselsfil, der kan anvendes på pladelayoutet.
2. Vælg en eller flere referencemålsekvenser (targets) og en kontrolprøve i dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger).







Hvis pladelayoutet allerede indeholder information om målsekvens (target) og prøve, er det kun nødvendigt at udføre det andet trin, der vil være fremhævet med orange. Dette trin skal udføres inden der kan udføres normaliseret genekspressionsanalyse.

**Bemærk:** Data for punktdiagram og klyngeoversigt vises kun, hvis alle kravene til normaliseret genekspression, der anført under Plate Setup (Pladeopsætning) for Gene Expression Analysis (Genekspressionsanalyse), er opfyldt.

## Diagrammer for genekspression

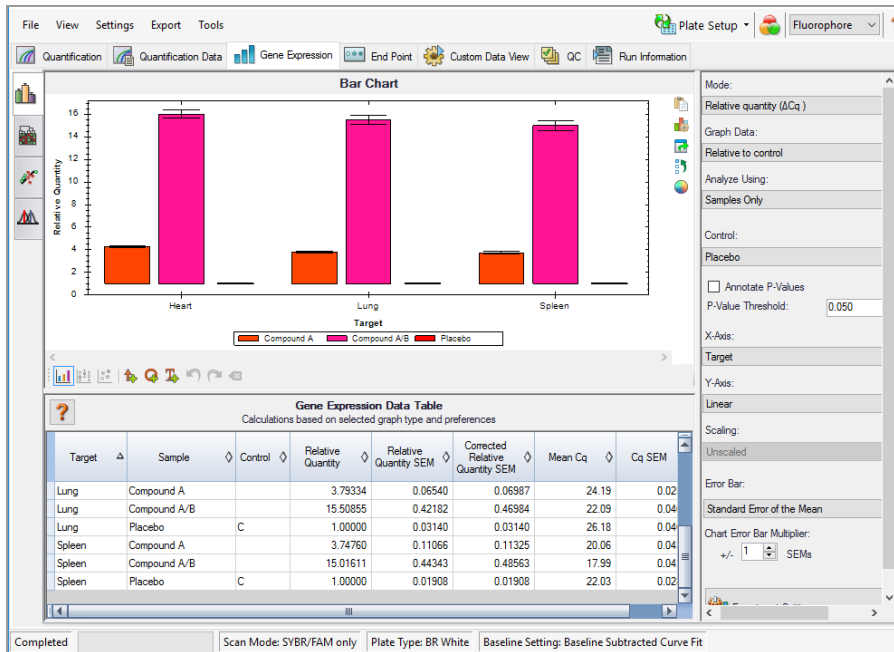
CFX Maestro Dx SE-softwaren viser genekspressionsdata i flere forskellige visninger. [Tabel 30](#) indeholder en liste over de diagramvisninger, der kan vælges i softwaren.

**Tabel 30. Valgmuligheder for genekspressionsdiagrammer**

| Knap  | Navn                               | Funktion   |
|---|------------------------------------|--|
|    | Grafisk afbildning                 | Viser normaliserede genekspressionsdata i en af følgende visninger: <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Søjlediagram (standard)</li> <li>■ Boksplot</li> <li>■ Punktdiagram</li> </ul>  |
|    | Klyngeoversigt                     | Viser de normaliserede genekspressionsdata i et hierarki baseret på graden af lighed for ekspressionen af forskellige målekvenser (targets) og prøver.   |
|   | Scatter Plot (Punktdiagram)        | Viser den normaliserede ekspression af målekvenser (targets) for en kontrol kontra en eksperimentel prøve.   |
|  | ANOVA                              | Viser resultaterne af ensidet ANOVA på genekspressionsdataene ved hjælp af følgende R-pakker for at udføre ANOVA og bestemme Tukey-resultater: <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Companion to Applied Regression (car)</li> <li>■ Least-square means (lsmeans)</li> </ul> |
|  | Værktøj til valg af referencegener | (Tilgængeligt på fanen Study Analysis (Studieanalyse) i vinduet Gene Study (Genstudie)) Identificerer de testede referencegener og kategoriserer dem som Ideal (Ideelle), Acceptable (Acceptable) eller Unstable (Ustabile) baseret på disses stabilitet.                        |
|  | PrimePCR kontrolanalyse            | (Tilgængelig på fanen Study Analysis (Studieanalyse) i vinduet Gene Study (Genstudie)) Viser resultaterne for de testede prøver.   |



## Grafisk afbildning



Den relative ekspression af målskvenser (targets) præsenteres i disse to visninger:

- Diagrammet Gene Expression (Genekspression) – viser real-time PCR-data som et af følgende:
  - $\Delta\Delta C_q$  – relativ normaliseret ekspression beregnet ved brug af kontrolprøver og referencemålskvenser (targets).
  - $\Delta C_q$  – relativ mængde af målskvensgenet (targetgenet) i en prøve relativt til en kontrolprøve.

Se [Ændring og anmærkning af diagramvisningen på side 262](#) for at få yderligere oplysninger om visning af data.

- Regneark – viser et regneark med genekspressionsdata.

**Tip:** Højreklik på et diagram eller regneark for at se valgmulighederne. Vælg View/Edit Plate (Vis/rediger plade) i rullemenuen Plate Setup (Pladeopsætning) for at åbne Plate Editor (Pladeeditor) og ændre brøndindholdet i pladen.

**Tip:** Vælg Sort (Sortér) i genvejsmenuen for at ændre rækkefølgen af navnene på målskvenser (targets) og prøver i diagrammet.

## Normaliseret genekspression

For at normalisere data skal du bruge det målte ekspressionsniveau for et eller flere referencegener som normaliseringsfaktor. Referencegener er målsekvenser (targets), som ikke er reguleret i det biologiske system i studiet, f.eks. *actin*, *GAPDH* eller *tubulin*.

### Sådan opsættes normaliseret genekspressionsanalyse ( $\Delta\Delta C_q$ )

1. Åbn en datafil (med filtypenavn .pcrd).
2. Gennemgå dataene under Quantification (Kvantifikation) i vinduet Data Analysis (Dataanalyse). Juster dataene, f.eks. ved at ændre tærsklen og analysetilstanden.
3. Vælg fanen Gene Expression (Genekspression).
4. Klik på Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) på fanen Gene Expression (Genekspression).
5. Gør følgende i dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger):
  - a. Vælg fanen Samples (Prøver), og vælg en kontrol. Når en kontrol er tildelt, normaliserer CFX Maestro Dx SE de relative mængder for alle gener efter kontrolmængden, som er indstillet til 1.
  - b. Vælg fanen Target (Målsekvens), og vælg referencegener. Genekspressionsanalyse kræver én reference blandt målsekvenserne (targets) i prøverne.
6. Vælg Normalized Expression (Normaliseret ekspression) ( $\Delta\Delta C_q$ ), hvis det ikke allerede er valgt, og se derefter ekspressionsniveauerne på fanen Gene Expression (Genekspression).

**Bemærk:** Du kan også bruge Setup Wizard (Guiden Opsætning) til at opsætte pladelayoutet til normaliseret genekspressionsanalyse.

## Relative Quantity (Relativ mængde)

Pr. definition er data for relativ mængde ( $\Delta C_q$ ) ikke normaliserede. Denne metode anvendes til kvantifikation af prøver, som ikke indeholder referencegener (målsekvenser (targets)). Normalt vil forskere tage udgangspunkt i følgende ved opsætning af kørsler:

- Hver prøve indeholder den samme mængde RNA eller cDNA i hver brønd.
- Enhver varians i mængden af tilsat biologisk prøve vil blive normaliseret efter kørslen ved hjælp af en metode i dataanalysen, som foregår uden for softwaren. En forsker kan f.eks. vælge at dividere værdien for relativ mængde med normaliseringsfaktoren, som kan være massen af nukleinsyre tilført for hver prøve eller antallet af celler, hvorfra nukleinsyren er isoleret.

### Sådan køres en analyse af relativ mængde ( $\Delta C_q$ )

- ▶ Vælg Relative Quantity (Relativ mængde) ( $\Delta C_q$ ) på rullelisten Mode (Tilstand) i højre rude på fanen Gene Expression (Genekspression).

**Tip:** For at sammenligne resultaterne fra andre genekspressionskørsler skal du åbne et nyt genstudie eller tilføje en datafil til et eksisterende genstudie.

## Ændring og anmærkning af diagramvisningen

Du kan bruge kommandoerne i diagrammets genvejsmenu og diagramværktøjerne til dataanalyse til at ændre diagramvisning, kommentere diagrammer og ændre diagramskærmen. Diagramværktøjslinjen vises mellem diagrammet og dataanalyseregnearket nederst på skærmen.

### Værktøjer på diagramværktøjslinjen

**Tip:** Se [Diagrammer på side 202](#) for at få oplysninger om de diagramværktøjer, der vises i højre side af dataanalyseprogrammet.

Værktøjslinjen under diagrammerne giver hurtig adgang til anmærkningsværktøjer.








[Tabel 31](#) viser funktionerne for knapperne på diagramværktøjslinjen.

**Tabel 31. Diagramværktøjslinje**

| Knap  | Navn         | Funktion   |
|---|--------------|--|
|  | Søjlediagram | Viser den relative ekspresion af målsekvenserne (targets).   |
|  | Boksplo      | Viser data som kvartilområder (se <a href="#">Beregninger for boksplo på side 303</a> for at få nærmere oplysninger om beregninger).<br><b>Bemærk:</b> Kun tilgængelig, hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper). |
|  | Punktdiagram | Viser de individuelle prøvedatapunkter for hver målsekvens (target).<br><b>Bemærk:</b> Kun tilgængelig, hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper).   |
|  | Tilføj pil   | Tegner en pil på det aktive diagram.   |

Tabel 31. Diagramværktøjslinje, fortsat

| Knap  | Navn            | Funktion   |
|---|-----------------|--|
|  | Tilføj cirkel   | Tegner en cirkel på det aktive diagram   |
|  | Tilføj tekst    | Indsætter et tekstfelt på det aktive diagram, hvor du kan tilføje tekst til identifikation af interesseelementer i diagrammet. |
|  | Fortryd         | Fjerner eller tilbagefører den seneste anmærkning på det aktive diagram.   |
|  | Annuler Fortryd | Tilbagefører den seneste fortryd-handling, der er udført på det aktive diagram.  |
|  | Ryd alt         | Sletter alle anmærkninger på det aktive diagram.   |

### Sortering af data for målsekvens (target), prøve og biologisk gruppe

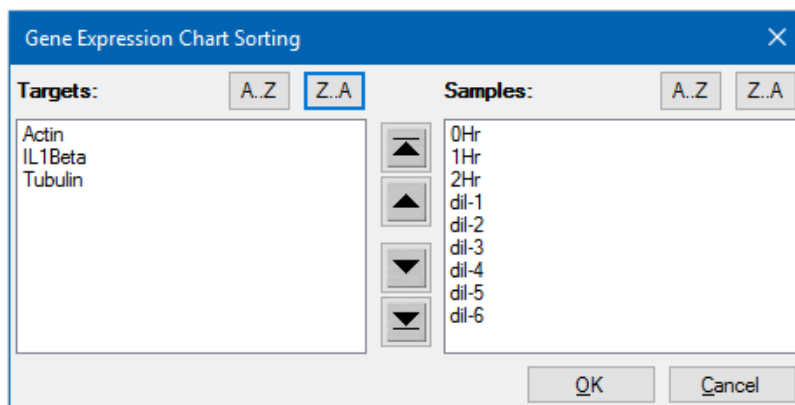
**Bemærk:** Denne valgmulighed er kun tilgængelig på diagrammer for genekspression.

Som standard vises listerne Targets (Målsekvenser), Samples (Prøver) og Biological Groups (Biologiske grupper) i alfabetisk rækkefølge. Brug dialogboksen Sort (Sortér) til at sortere visningen i omvendt alfabetisk rækkefølge eller til manuelt at flytte en term til en anden placering på listen.

#### Sådan sorteres data for målsekvens (target), prøve og biologisk gruppe

1. Klik på Sort (Sortér) fra diagramværktøjerne.

Dialogboksen Gene Expression Chart Sorting (Sortering af diagrammet Genekspression) åbnes.



2. Klik på Z-A i dialogboksen for at sortere listen i omvendt alfabetisk rækkefølge.

3. For at flytte en term manuelt skal du vælge den og klikke på den relevante knap mellem diagrammerne:
  - Klik på pil op eller pil ned for at flytte den valgte term én position.
  - Klik på pil op med slutstreg eller pil ned med slutstreg for at flytte den valgte term til toppen eller bunden af listen.
4. Klik på OK for at gemme ændringerne og gå tilbage til fanen Gene Expression (Genekspression).

## Ændring af farveindstillinger for måsekvens (target), prøve og biologisk gruppe

Brug dialogboksen Color Settings (Farveindstillinger) til at ændre farven på en måsekvens (target), en prøve eller en biologisk gruppe eller til at fjerne elementet fra grafen.

### Sådan ændres farveindstillingerne for en måsekvens (target)

1. Kontrollér, at Sample (Prøve) vises på rullelisten X-Axis (X-akse) i højre rude i dialogboksen Gene Expression (Genekspression).
2. Vælg Color Settings (Farveindstillinger) i diagramværktøjerne.  
Dialogboksen Color Settings (Farveindstillinger) åbnes.
3. For at ændre visningsfarven for en måsekvens (target) skal du klikke på dens farve i kolonnen Color (Farve).
4. Vælg en ny farve i dialogboksen Color (Farve), der vises, og klik på OK.
5. For at fjerne en måsekvens (target) fra genekspressionsgrafens skal du fjerne markeringen i det relevante afkrydsningsfelt i kolonnen Show Chart (Vis diagram).  
**Tip:** For at rydde alle måsekvenser (targets) skal du rydde Show Chart (Vis diagram) i kolonneoverskriften.
6. (Valgfrit) Søjlerne vises som standard med dækkende farver. For at vise søjlerne i gradientfarver skal du fjerne markeringen i Use Solid Colors (Brug dækkende farver).
7. Klik på OK for at gemme ændringerne og gå tilbage til fanen Gene Expression (Genekspression).

### Sådan ændres farveindstillingerne for prøven eller den biologiske gruppe

1. Kontrollér, at Target (Måsekvens) vises på rullelisten X-Axis (X-akse) i højre rude i dialogboksen Gene Expression (Genekspression).
2. Udfør trinene i [Sådan ændres farveindstillingerne for en måsekvens \(target\) på side 265](#).

## Ændring af diagramvisningen

### Sådan ændres den aktuelle diagramvisning

- Vælg værktøjslinjekommandoen for måsekvensvisningen (targetvisningen).

**Bemærk:** Fanen Gene Expression (Genekspression) åbnes altid med dataene i standardsøjlediagramvisningen.

## Udeladelse af ekstreme datapunkter

I punktdiagrammet kan du nemt se ekstreme datapunkter og udelade dem fra analysen.

### Sådan udelades ekstreme datapunkter

- ▶ Højreklik på det relevante ekstreme datapunkt i punktdiagrammet, og vælg Exclude Well from Analysis (Udelad brønd fra analyse).

Datapunktet fjernes fra punktdiagrammet, og brønden bliver grå i Well Selector (Brøndvælger) under Quantification (Kvantifikation).

### Sådan medtages et udeladt ekstremt datapunkt

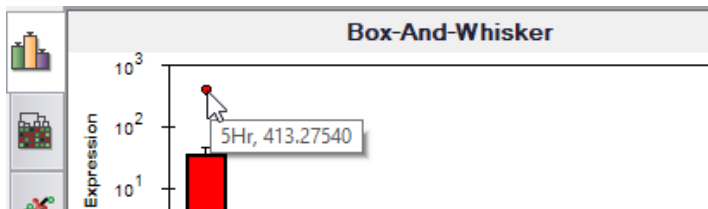
- ▶ Højreklik på brønden i Well Selector (Brøndvælger) under Quantification (Kvantifikation), og vælg Well > Include in Analysis (Brønd > Medtag i analyse).

## Visning af detaljerede oplysninger om datapunkter

### Sådan vises detaljerede oplysninger om datapunkter

- ▶ I boksplottet og punktvisningsdiagrammet skal du placere markøren på et individuelt datapunkt.

Der vises et værktøjstip, som viser prøvens navn og ekspresion (relativ mængde eller normaliseret ekspresion, afhængigt af den valgte tilstand).



## Anmærkning af diagrammer

Du kan tilføje pile, cirkler og tekst til de enkelte søjlediagramvisninger, så data kan kommunikeres tydeligt. Anmærkningerne gemmes sammen med søjlediagrammet og vises i den eksporterede og udskrevne fil. Anmærkninger, der tilføjes på én diagramvisning, tilføjes dog ikke på de andre diagramvisninger.

### Sådan tegnes en pil eller en cirkel på diagrammet

1. Klik på det ønskede værktøj i søjlediagrammets værktøjslinje.
2. Klik på søjlediagrammet, og træk markøren på tværs af diagrammet efter behov.

### Sådan tilføjes tekst til diagrammet

1. Klik på Add Text (Tilføj tekst) i søjlediagrammets værktøjslinje.
2. Klik på søjlediagrammet. Der åbnes et tekstfelt der, hvor du kikkede.
3. Tilføj tekst i tekstfeltet.
4. Klik hvor som helst i diagrammet for at forlade tekstfeltet.

**Tip:** Tryk på Enter for at tilføje flere linjer i tekstfeltet.

### Sådan flyttes en anmærkning

1. Hold markøren over anmærkningen. Ikonet ændres til en pegende finger, og anmærkningens kanter fremhæves.
2. Klik på anmærkningen, og træk den til en anden placering.
3. Slip anmærkningen for at placere den på den nye placering.

### Sådan fortrydes en anmærkning

- ▶ Klik på Undo (Fortryd).

Den senest tilføjede anmærkning fjernes.

**Tip:** Du kan fortryde de ti seneste anmærkninger, en ad gangen.

### Sådan annulleres fortryd for en anmærkning

- ▶ Klik på Redo (Annuller fortryd).

Den senest fjernede anmærkning gendannes.

**Tip:** Du kan annullere fortryd for de seneste ti anmærkninger, en ad gangen.

### Sådan slettes en anmærkning

- ▶ Højreklik på anmærkningen, og vælg Delete (Slet).



## Tilpasning af genekspressionsdata

Efter at have valgt analysetilstand, normaliseret ekspression ( $\Delta\Delta Cq$ ) eller relativ mængde ( $\Delta Cq$ ) skal du tilpasse de data, der vises på fanen Gene Expression (Genekspression), ved at ændre valgmulighederne til højre for diagrammet.

**Tip:** Standardindstillingerne for genekspressionsdata i dialogboksen User Preferences (Brugerpræferencer) (se [Indstilling af standardparametre for genekspressionsdatafiler på side 91](#)).

### Grafdata

Indstil værdien på y-aksen til skalaen Linear (Lineær) for at aktivere valgmulighederne for grafdata. Valgmulighederne for grafdata gør det muligt at præsentere data i grafen med en af disse valgmuligheder:

- Relative to control (I forhold til kontrol) – grafisk afbildning af data med aksens skaleret fra 0 til 1. Aktivér denne valgmulighed, hvis du tildeler en kontrol i kørslen, for hurtigt at kunne visualisere op- og nedregulering af målsekvensen (target).
- Relative to zero (I forhold til nul) – grafisk afbildning af data med startpunkt ved nul.

### Analyze Using (Analysér med)

Brug rullemenuen til at vælge, hvordan data skal analyseres og indtegnes. Der er følgende muligheder:

- Samples Only (Kun prøver) – data analyseres og indtegnes for hver enkelt prøve.
- Biological Groups Only (Kun biologiske grupper) – data analyseres og indtegnes for biologiske grupper. Den ekspression, der vises for den biologiske gruppe, er den geometriske middelværdi for prøverne i den pågældende gruppe.
- Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) – data analyseres og indtegnes for hver prøve med den biologiske gruppe angivet efter prøvenavnet. De viste P-værdier beregnes på baggrund af den biologiske gruppe.
- Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve) – data analyseres og indtegnes for hver prøve med den biologiske gruppe angivet før prøvenavnet. De viste P-værdier beregnes på baggrund af den biologiske gruppe.

Brug rullemenuen til at vælge en prøve, der skal bruges til at normalisere Relative Quantity (Relativ mængde):

### Annotate P-Values (Anmærk P-værdier) og P-Value Threshold (Tærskel for P-værdi)

Hvis Annotate P-Values (Anmærk P-værdier) er valgt, viser softwaren en stjerne (\*) i søjlediagrammet over en målsekvens (target), hvis den tilhørende P-værdi er under den valgte tærskel. Softwaren

beregner automatisk P-værdien ved at sammenligne prøvens ekspressionsniveau med den valgte kontrolprøves ekspressionsniveau ved hjælp af en standard-t-test. Området for tærsklen for P-værdi er 0,000-1,000.

### Valgmuligheder for x-aksen

Valgmuligheden X-axis (X-akse) giver mulighed for at vælge x-aksedata i diagrammet Gene Expression (Genekspression):

- Target (Målsekvens) – indtegner navnene på målsekvenserne (targets) på x-aksen.
- Sample (Prøve) – indtegner prøvenavnene på x-aksen.

### Valgmuligheder for y-aksen

Valgmuligheden Y-axis (Y-akse) giver mulighed for at få vist diagrammet Gene Expression (Genekspression) i en af disse tre skaleringer:

- Linear (Lineær) – vælg denne valgmulighed for at få vist en lineær graf.  
**Tip:** Hvis y-aksen indstilles til Linear (Lineær), aktiveres rullelisten Graph Data (Grafdata), hvor du kan vælge indtegnning af data i forhold til kontrol eller i forhold til nul.
- Log 2 – vælg denne valgmulighed for at evaluere prøver på tværs af et stort dynamisk område.
- Log 10 – vælg denne valgmulighed for at evaluere prøver på tværs af et meget stort dynamisk område.

### Valgmuligheder for skalering

Vælg Normalized Gene Expression (Normaliseret genekspression) ( $\Delta\Delta C_q$ ), og indstil til None (Ingen) for at aktivere valgmulighederne for skalering i diagrammet Gene Expression (Genekspression). Vælg en af disse valgmuligheder for skalering for at beregne og præsentere data på den måde, som passer bedst til dit kørselsdesign:

- Unscaled (Ikke-skaleret) – viser ikke-skaleret normaliseret genekspression.
- Highest (Højest) – skalerer den normaliserede genekspression for hver målsekvens (target) ved at dividere ekspressionsniveauet for hver prøve med det højeste ekspressionsniveau i alle prøverne.

Denne valgmulighed for skalering anvender formlen for skaleret-til-højest.

- Lowest (Lavest) – skalerer den normaliserede genekspression for hver målsekvens (target) ved at dividere ekspressionsniveauet for hver prøve med det laveste ekspressionsniveau i alle prøverne.

Denne valgmulighed for skalering anvender formlen for skaleret-til-lavest.

- Average (Gennemsnit) – skalerer den normaliserede genekspression for hver målsekvens (target) ved at dividere ekspressionsniveauet for hver prøve med den geometriske middelværdi for ekspressionsniveauerne for alle prøverne.

Denne valgmulighed for skalering anvender formlen for skaleret-til-gennemsnit.

Vælg en mulighed for typen af fejlberegninger (fejllinjer) i diagrammet Gene Expression (Genekspression):

### Multiplikator for fejllinjer i diagrammet

Vælg en multiplikator for fejllinjerne i diagrammet Gene Expression (Genekspression). Vælg et af disse heltal:

- +/- 1 (standard)
- 2
- 3

Multiplikator typen ændres, når du vælger fejllinjen:

- SEMs for middelfejlen på middelværdien
- Std Devs for standardafvigelse

## Experiment Settings (Eksperimentindstillinger)

**Tip:** Denne dialogboks er også tilgængelig i Plate Editor (Pladeeditor). Se [Ændring af eksperimentindstillinger på side 152](#) for yderligere oplysninger.

I dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) kan du se eller ændre listen over målsekvenser (targets), prøver eller biologiske grupper, vælge referencegener, vælge kontroller eller indstille den genekspressionsanalysegruppe, der skal analyseres, hvis der er tilføjet biologiske grupper til brøndene.

### Sådan åbnes dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger)

- ▶ Klik på Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) nederst i højre rude på fanen Graphing (Grafisk afbildning).  
Dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) åbnes og viser fanen Targets (Målsekvenser).

### Sådan justeres indstillinger for Targets (Målsekvenser)

- ▶ På fanen Targets (Målsekvenser) skal du gøre et af følgende:
  - For at vælge en målsekvens (target) som reference for analyse af genekspressionsdata skal du vælge dens navn i kolonnen Reference.
  - For at ændre farven på målsekvensen (target) skal du klikke på dens celle i kolonnen Color (Farve) og ændre farven i dialogboksen Color (Farve), der vises.  
  
Farveændringen vises i diagrammerne for Gene Expression (Genekspression).
  - For at bruge en tidligere fastlagt effektivitetsværdi skal du fjerne markeringen i afkrydsningsfeltet for målsekvensen (target) i kolonnen Auto Efficiency (Automatisk effektivitet) og indtaste et tal for målsekvensens (target) effektivitetsprocent.  
  
Softwareen beregner den relative effektivitet for en målsekvens (target) ved hjælp af Auto Efficiency (Automatisk effektivitet), hvis dataene for målsekvensen omfatter en standardkurve.

### Sådan justeres indstillingerne for Sample (Prøve)

- ▶ På fanen Samples (Prøver) skal du gøre et af følgende:
  - For at vælge en prøve som kontrol for analyse af genekspressionsdata skal du vælge dens navn i kolonnen Control (Kontrol).
  - For at ændre farven på prøven skal du klikke på den relevante celle i kolonnen Color (Farve) og ændre farven i dialogboksen Color (Farve), der vises.  
  
Farveændringen vises i diagrammerne for Gene Expression (Genekspression).
  - For at vise prøven i diagrammerne for Gene Expression (Genekspression) skal du vælge dette i kolonnen Show Chart (Vis diagram).
  - For at fjerne prøven fra diagrammerne for Gene Expression (Genekspression) skal du fjerne markeringen i kolonnen Show Chart (Vis diagram).  
  
**Tip:** Prøvens data forbliver i tabellen Results (Resultater).

### Sådan udelades en prøvetype fra analyseberegninger

- ▶ Markér det relevante afkrydsningsfelt nederst i dialogboksen Experiment Settings (Eksperimentindstillinger).

**Bemærk:** Dette udelader kontroller og/eller standarder fra genekspressionsanalyse.

## Genvejsmenupunkter

Højreklik på genekspressionsdiagrammet for at vælge de elementer, der er vist i [Tabel 32](#).

**Tabel 32. Genvejsmenupunkter for genekspression**

| Element  | Funktion   |
|--|--|
| Copy (Kopier)  | Kopierer diagrammet til udklipsholderen.   |
| Save Image As (Gem billede som)                                | Gemmer diagrammet som en billedfil. Indstil billedets opløsning og dimensioner, og vælg derefter filtypen (PNG, JPG, eller BMP).   |
| Page Setup (Sideopsætning)                                     | Vælger en sideopsætning til udskrift.  |
| Print (Udskriv)  | Udskriver diagrammet.  |
| Set Scale to Default (Indstil skala til standard)              | Show All (Vis alle) viser samtlige data i søjlediagrammet. Scroll Bar (Rullepanel) viser et rullepanel, hvis der er for mange prøver til, at de kan vises i rammen med grafen, men opretholder en minimumsbredde for søjlerne. |
| Diagramindstillinger   | Åbner vinduet Chart Settings (Diagramindstillinger) til justering af grafen.   |
| Sort (Sortér)  | Sorterer rækkefølgen af prøver og målsekvenser (targets), som vises på diagrammets x-akse.   |
| Use Corrected Std Devs (Anvend korrigerede standardafvigelser) | Beregner fejllinjerne ved hjælp af formlen for korrigeret standardafvigelse.   |
| Use Solid Bar Colors (Brug dækkende farver)                    | Viser søjlerne i diagrammet med dækkende farver.   |
| X-Axis Labels (X-aksens betegnelser)                           | Viser x-aksens betegnelser vandret eller skråt.  |

## Dataregneark

**Tabel 33** definerer de data, der vises i tabellen Gene Expression Data (Genekspressionsdata).

**Bemærk:** Værdierne i tabellen beregnes ud fra graftype og præferencer, som er valgt i højre rude.

**Tabel 33. Beskrivelse af oplysninger i regnearket på fanen**

| Oplysninger   | Beskrivelse  |
|---|--|
| Target (Måsekvens)  | Navn på måsekvens (target) (amplificeret gen), som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger).  |
| Biological Group (Biologisk gruppe)<br>Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe)<br>Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve) | Navn på prøven og/eller den biologiske gruppe, som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger).  |
| Kontrol   | Navn på kontrollen, som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger). Hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Samples Only (Kun prøver), er Control (Kontrol) den prøve, som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger). Hvis Biological Groups Only (Kun biologiske grupper), Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve) er valgt, er kontrollen den biologiske gruppe, som er valgt i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger). |
| Relative Quantity (Relativ mængde) eller Expression (Ekspression)   | Relativ mængde ( $\Delta C_q$ ) eller normaliseret genekspression ( $\Delta\Delta C_q$ ), afhængigt af den valgte tilstand.  |
| Relative Quantity (Relativ mængde) eller Expression SEM (Ekspression SEM) (eller SD)  | Middelfejlen på middeltallet (SEM) eller standardafvigelse (SD) for den relative mængde eller normaliseret ekspression, afhængigt af den valgte valgmulighed. Kun tilgængelig, hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve).   |

| Oplysninger   | Beskrivelse   |
|---|---|
| Corrected Relative Quantity (Korrigeret relativ mængde) eller Expression SEM (Ekspression SEM) (eller SD) | Korrigeret værdiberegning for SEM eller SD af relativ mængde eller normaliseret ekspression, afhængigt af den valgte valgmulighed. Kun tilgængelig, hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve). |
| Mean C <sub>q</sub> (Middelværdi for C <sub>q</sub> )   | Middelværdien for kvantifikationscyklussen (vises ikke, hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper)).   |
| C <sub>q</sub> SEM (eller SD)   | SEM eller SD af kvantifikationscyklussen afhængigt af den valgte valgmulighed (vises ikke, hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper)).  |

## Valgmuligheden Show Details (Vis detaljerede oplysninger)

Tabel 34 definerer, hvilke data der vises, når du vælger Show Details (Vis detaljerede oplysninger) fra genvejsmenuen i søjlediagrammets regneark.

**Tabel 34. Information i søjlediagrammets regneark, hvor der er valgt Show Details (Vis detaljerede oplysninger)**

| Oplysninger  | Beskrivelse   |
|--|---|
| Data Set (Datasæt)   | Fluorescensdata fra en enkelt fluorofor i datafilen                         |
| Relative Quantity (Relativ mængde)   | Beregnet relativ mængde af prøver   |
| Relative Quantity SD (SD for relativ mængde)                                   | Standardafvigelse for beregning af relativ mængde                           |
| Corrected Relative Quantity SD (SD for korrigeret relativ mængde)              | Beregnet standardafvigelse for den korrigerede relative mængde              |
| Relative Quantity SEM (SEM for relativ mængde)                                 | Middelfejlen på middelværdien for beregning af relativ mængde               |
| Corrected Relative Quantity SEM (SEM for korrigeret relativ mængde)            | Beregnet middelfejl på middelværdien for den korrigerede relative mængde    |
| Relative Quantity(lg) (Relativ mængde (lg))                                    | Log <sub>2</sub> for den relative mængde, der bruges til statistisk analyse |
| SD RQ(lg)  | Standardafvigelse for den relative mængde (log <sub>2</sub> )               |
| SEM Expression(lg) (SEM for ekspression (lg))                                  | Middelfejlen på middelværdien for ekspressionen (log <sub>2</sub> )         |
| Unscaled Expression (Ikke-skaleret ekspression)                                | Beregnet ikke-skaleret ekspression  |
| Unscaled Expression SD (SD for ikke-skaleret ekspression)                      | Beregnet standardafvigelse for den ikke-skalerede ekspression               |
| Corrected Unscaled Expression SD (SD for korrigeret ikke-skaleret ekspression) | Beregnet standardafvigelse for den korrigerede ikke-skalerede ekspression   |



**Tabel 34. Information i søjlediagrammets regneark, hvor der er valgt Show Details (Vis detaljerede oplysninger), fortsat**

| Oplysninger  | Beskrivelse  |
|--|--|
| Unscaled Expression SEM (SEM for ikke-skaleret ekspression)                      | Beregnet middelfejl på middelværdien for den ikke-skalerede ekspression                  |
| Corrected Unscaled Expression SEM (SEM for korrigeret ikke-skaleret ekspression) | Beregnet middelfejl på middelværdien for den korrigerede ikke-skalerede ekspression      |
| Unscaled Expression(lg) (Ikke-skaleret ekspression (lg))                         | $\log_2$ for den ikke-skalerede ekspression  |
| SD Unscaled Expression(lg) (SD for ikke-skaleret ekspression (lg))               | Standardafvigelse for den ikke-skalerede ekspression ( $\log_2$ )                        |
| SEM Unscaled Expression(lg) (SEM for ikke-skaleret ekspression (lg))             | Middelfejlen på middelværdien for den ikke-skalerede ekspression ( $\log_2$ )            |
| Expression (Ekspression)   | Normaliseret genekspression  |
| Corrected Expression SD (SD for korrigeret ekspression)                          | Beregnet standardafvigelse for den korrigerede ekspression                               |
| Expression SEM (SEM for ekspression)   | Middelfejlen på middelværdien for ekspressionen  |
| Corrected Expression SEM (SEM for korrigeret ekspression)                        | Beregnet middelfejl på middelværdien for den korrigerede ekspression                     |
| Expression(lg) (Ekspression (lg))  | $\log_2$ for ekspressionen (normaliseret ekspression), der bruges til statistisk analyse |
| SD Expression(lg) (SD ekspression (lg))  | Standardafvigelse for ekspressionen ( $\log_2$ )   |
| SEM Expression(lg) (SEM for ekspression (lg))                                    | Middelfejlen på middelværdien for ekspressionen ( $\log_2$ )                             |
| Mean $C_q$ (Middelværdi for $C_q$ )  | Middelværdien for kvantifikationscyklussen   |

**Tabel 34. Information i søjlediagrammets regneark, hvor der er valgt Show Details (Vis detaljerede oplysninger), fortsat**

| Oplysninger | Beskrivelse  |
|-------------|--|
| $C_q$ SD    | Standardafvigelse for kvantifikationscyklussen             |
| $C_q$ SEM   | Middelfejlen på middelværdien for kvantifikationscyklussen |

## Klyngeoversigt

Klyngeoversigten viser dataene i et hierarki, baseret på graden af lighed i ekspression for forskellige målsekvenser (targets) og prøver.

**Bemærk:** Du skal vælge en reference målsekvens (target) for at kunne vise andre dataplots end relativ ekspression for søjlediagrammer.

Klyngeoversigtsbilledet viser relativ ekspression for en prøve eller en målsekvens (target) som følger:

- Opregulering (rød) – højere ekspression
- Nedregulering (grøn eller blå) – lavere ekspression
- Ingen regulering (sort)
- Ingen værdi beregnet (sort med et hvidt X)

Jo lysere farven er, desto større er forskellen i relativ ekspression. Hvis der ikke kan beregnes en normaliseret  $C_q$ -værdi, vil firkanten være sort med et hvidt X.

Der findes et dendrogram på yderkanten af dataplotningen, der angiver klyngehierarkiet. Målsekvenser (targets) eller prøver, der har ens ekspressionsmønstre, har tilstødende grene, mens dem der har mønstre, der ikke ligner hinanden, har større afstand mellem dem.

## Indstillinger

Du kan indstille følgende:

- Cluster By (Samt i klynger) – vælg mellem Targets (Målsekvenser), Samples (Prøver), Both (Begge) eller None (Ingen).
- Size (Størrelse) – justerer billedstørrelsen og ændrer forstørrelsesgraden for diagrammet.
- Split Out Replicates (Opdel replikater) – viser værdier for hvert af de individuelle replikater.

**Tip:** Du kan ændre farveskemaet for fra standardindstillingen rød/grøn til rød/blå ved at vælge dette genvejsmenupunkt på af disse diagrammer.

## Genvejsmenupunkter

Genvejsmenupunkterne for klyngeoversigten er de samme som for søjlediagrammerne. Se [Tabel 32 på side 272](#) for de tilgængelige valgmuligheder. Desuden er det muligt at vælge Color Scheme (Farveskema) for at ændre den nedregulerede ekspression fra standardindstillingen rød/grøn til rød/blå på diagrammet.

## Dataregneark

Regnearket viser værdier for målsekvens (target), prøve og normaliseret ekspression.

## Punktdiagram

Punktdiagrammet viser den normaliserede ekspression af målsekvenser (targets) for en kontrol kontra en eksperimentel prøve. Linjerne i plottet indikerer tærsklen for foldændring. Datapunkter mellem linjerne indikerer, at differencen i ekspression for målsekvensen (target) (genet) er ubetydelig mellem prøverne. Datapunkter uden for linjerne overskrider tærsklen for foldændring og kan være interessante.

Plotbilledet viser følgende ændringer i ekspression af målsekvensen (target) baseret på tærsklen for foldændring:

- Opregulering (rød cirkel) – relativt højere ekspression
- Nedregulering (grøn eller blå cirkel) – relativt lavere ekspression
- Ingen ændring (sort cirkel)

Klik og træk i tærskellinjen for at justere værdien af tærsklen for foldændring.

## Indstillinger

Du kan indstille følgende:

- Control Sample (Kontrolprøve)
- Experimental Sample (Eksperimentel prøve)
- Fold Change Threshold (Tærskel for foldændring). Når værdien for foldændring forøges eller formindskes, flytter tærskellinjerne i plottet sig tilsvarende.

## Genvejsmenupunkter

Genvejsmenupunkterne for punktdiagrammer er de samme som for søjlediagrammet. Se [Tabel 32 på side 272](#) for de tilgængelige valgmuligheder. Vælg desuden Symbol for at ændre det symbol, der anvendes i plottet fra standardcirklen til et af følgende:

- Triangle (Trekant)
- Cross (Kryds)
- Square (Firkant)
- Diamond (Rombe)

## Dataregneark

Regnearket viser værdierne for målsekvensen (target) og normaliseret ekspression for kontrol og eksperimentelle prøver. Det angiver også, om målsekvenser (targets) er op- eller nedregulerede,

sammenlignet med målsekvensreguleringen.

## Regnearket Results (Resultater)

Regnearket Results (Resultater) opsummerer dataene fra alle diagrammerne. [Tabel 35](#) definerer de data, der vises i regnearket Results (Resultater).

**Tabel 35. Oplysninger på fanen Results (Resultater)**

| Oplysninger  | Beskrivelse  |
|--|--|
| Target (Målsækvens)  | Navnet på målsækvensen (target) (amplificeret gen)   |
| Sample (Prøve)   | Prøvens navn   |
| Mean $C_q$ (Middelværdi for $C_q$ )  | Middelværdien for kvantifikationscyklussen   |
| Mean Efficiency Corrected $C_q$ (Middelværdi for effektivitetskorrigeret $C_q$ ) | Middelværdien for kvantifikationscyklussen efter justering af reaktionseffektivitet                        |
| Normaliseret ekspression   | Ekspression af målsækvens (target) normaliseret til en referencemålsækvens (target) ( $\Delta\Delta C_q$ ) |
| Relative Normalized Expression (Relativ normaliseret ekspression)                | Normaliseret ekspression i forhold til en kontrolprøve, også kaldet Fold Change (Foldændring)              |
| Regulation (Regulering)  | Ændring i ekspressionen i forhold til en kontrolprøve  |
| Compared to Regulation Threshold (Sammenlignet med reguleringstærskel)           | Op- eller nedregulering af en eksperimentel prøve baseret på tærskelindstillingen                          |

**Bemærk:** Data for replikater findes kun i regnearket på dataanalysefanerne, for hvilke Split Out Replicates (Opdel replikater) er markeret (dvs. Clustergram (Klyngeoversigt)). Der kan være uoverensstemmelser i ekspressionsdata i genekspressionsanalyse-regnearkene, hvis "none" (ingen) vælges som kontrolprøve på søjlediagrammet.

## Genstudie

Opret et genstudie for at sammenligne genekspressionsdata fra et eller flere real-time PCR-eksperimenter ved brug af en kalibrator mellem kørsler for at normalisere eksperimenterne i forhold til hinanden. Opret et genstudie ved at tilføje data fra en eller flere datafiler (.pcrd-filtypenavn) til genstudiet. Softwaren grupperer dem i en enkelt fil (.mgxd-filtypenavn).

**Bemærk:** Det maksimale antal prøver, som kan analyseres i et genstudie, er begrænset af computerens RAM-størrelse og virtuelle hukommelse.

### Kalibrering mellem kørsler

Kalibreringer mellem kørsler forsøges kørt automatisk i hvert enkelt genstudie for hver enkelt målsekvens (target) med henblik på normalisering af variationer mellem kørsler mellem målsekvenser (targets), der analyseres i separate real-time PCR-kørsler (dvs. forskellige .pcrd-filer, der genereres fra forskellige plader).

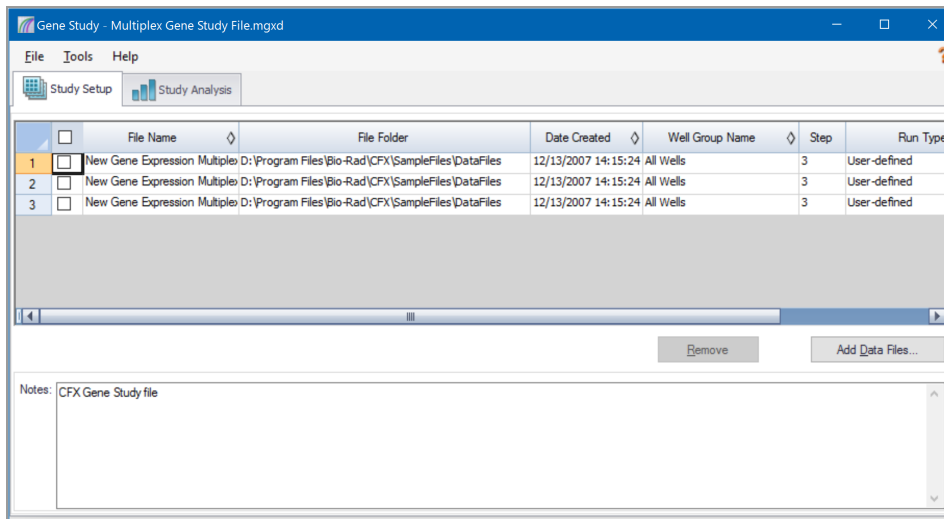
For at softwaren skal kunne genkende en prøve som en kalibrator mellem kørsler skal den have samme navn på målsekvens (target), prøvenavn og, hvis det anvendes, navn på biologisk sæt på alle plader, der sammenlignes.

**Bemærk:** Genstudiet skal indeholde mindst én kalibratorprøve, der kan bruges til at udføre kalibrering mellem kørsler. Målsekvenser (targets) uden relevante kalibratorprøver behandles uden korrektion i genstudiet (anbefales ikke).

Kalibratoren mellem kørsler kan anvendes på to måder:

- Per target (Pr. målsekvens) – forskellige PCR-primere kan have forskellige effektiviteter. Som standard anvendes kalibratoren mellem kørsler på alle brønde på samme plade, som har samme navn på målsekvens (target), for eksempel  $C_q$  genereret med samme analyse.
- Entire study (Hele studiet) – brugeren vælger én kalibrator mellem kørsler, som anvendes på hele genstudiet.

## Dialogboksen Gene Study (Genstudie)



Dialogboksen Gene Study (Genstudie) indeholder to faner:

- Fanen Study Setup (Studieopsætning) – administrerer kørslerne i genstudiet.
  - **Vigtigt:** Dataene i den oprindelige fil bliver ikke ændret af, at der tilføjes eller fjernes datafiler fra genstudiet.
- Fanen Study Analysis (Studieanalyse) – viser geneekspressionsdataene for de kombinerede kørsler.

## Fanen Study Setup (Studieopsætning)

Tabel 36 definerer de data, som vises på fanen Study Setup (Studieopsætning).

**Tabel 36. Fanen Study Setup (Studieopsætning) i dialogboksen Gene Study (Genstudie)**

| Kolonnetitel                       | Beskrivelse   |
|------------------------------------|---|
| File Name (Filnavn)                | Navn på kørselsdatafilen (.pcrd-filtypenavn)            |
| File Folder (Filmappe)             | Mappe som lagrer datafilen for hver kørsel i genstudiet |
| Date Created (Dato for oprettelse) | Dato hvor kørselsdataene blev indsamlet                 |



**Tabel 36. Fanen Study Setup (Studieopsætning) i dialogboksen Gene Study (Genstudie), fortsat**

| Kolonne-titel                        | Beskrivelse   |
|--------------------------------------|---|
| Well Group Name<br>(Brøndgruppenavn) | Navn på den brøndgruppe, som blev valgt, da filen blev tilføjet til genstudiet<br><br><b>Tip:</b> For at analysere én brøndgruppe i genstudiet skal du vælge den pågældende brøndgruppe i vinduet Data Analysis (Dataanalyse), inden dataene importeres til genstudiet. |
| Step (Trin)                          | Protokoltrin som omfatter den plade, der blev læst for at indsamle real-time PCR-data   |
| Run Type (Kørselstype)               | Enten brugerdefineret eller PrimePCR-kørsel   |
| Protocol Edited (Protokol redigeret) | Angiver, hvis det er valgt, at protokollen, der blev brugt til en PrimePCR-kørsel, blev redigeret   |
| View Plate (Vis plade)               | Åbner et pladekort over pladen med dataene i hver af de kørsler, som er medtaget i genstudiet   |

## Klargøring af et genstudie

### Sådan klargøres et genstudie

- Før du importerer data til et genstudie, skal følgende udføres i vinduet Data Analysis (Dataanalyse):
  - Kontrollér, at prøver med samme indhold har samme navn. I et genstudie forudsætter softwaren, at brønde med samme Target Name (Navn på målsekvens) eller Sample Name (Prøvenavn) indeholder de samme prøver.
  - Tilpas baseline og tærskel ( $C_q$ ) på fanen Quantification (Kvantifikation) for at optimere dataene i hver kørsel.
  - Vælg den brøndgruppe, der skal medtages i genstudiet.  
  
For at få vist data fra én brøndgruppe i genstudiet, skal den relevante gruppe vælges, før datafilen importeres.

Fanen Study Setup (Studieopsætning) viser en liste over alle kørslerne i genstudiet.

- Vælg fanen Study Setup (Studieopsætning) i dialogboksen Gene Study (Genstudie).
- Klik på Add Data Files (Tilføj datafiler) for at vælge en fil fra et browservindue.

**Tip:** For hurtigt at tilføje kørsler i et genstudie skal du trække datafilerne (med filtypenavnet .pcrd) til dialogboksen Study Setup (Studieopsætning).

- CFX Maestro Dx SE udfører automatisk genstudieanalysen, når du tilføjer datafiler. Vælg fanen Study Analysis (Studieanalyse) for at se resultaterne.

#### Sådan fjernes kørsler fra genstudiet

- ▶ Vælg én eller flere filer på listen, og klik på Remove (Fjern).

#### Sådan tilføjes bemærkninger om genstudiet

- ▶ Skriv bemærkninger om filer og analyser i tekstboksen Notes (Bemærkninger).

## Fanen Study Analysis (Studieanalyse)

Fanen Study Analysis (Studieanalyse) viser data fra alle kørslerne i genstudiet. Valgmulighederne for dataanalyse i forbindelse med genekspression er de samme som dem, der gælder for en enkelt datafil, med følgende undtagelser:

- For søjlediagrammer vises kalibreringsværdierne mellem kørsler (hvis de beregnes), når der klikkes på Inter-run Calibration (Kalibrering mellem kørsler).

**Bemærk:** Det er kun følgende prøvetyper, der kan anvendes som kalibrator mellem kørsler:

- Unknown (Ukendt)
- Standard
- Positive Control (Positiv kontrol)

Prøvetyperne Negative control (Negativ kontrol), NTC (ingen skabelonkontrol) og NRT (ingen revers transkriptasekontrol) kan ikke anvendes som kalibrator mellem kørsler.

- Værktøjet Reference Gene Selection (Valg af referencegen) identificerer de testede referencegener og kategoriserer dem som Ideal (Ideelle), Acceptable (Acceptable) eller Unstable (Ustabile) baseret på disses stabilitet:
  - Ideelle referencegener er stabile og er et udtryk for minimale variationer på tværs af de testede prøver.
  - Acceptable referencegener er ikke ideelt stabile og er et udtryk for moderat variation på tværs af de testede prøver. Sådanne referencegener bør kun anvendes til analyse, hvis der ikke er ideelle referencegener.
  - Ustabile referencegener er et udtryk for overdreven variation på tværs af de testede prøver. Det anbefales at udelade disse gener fra analyserne.
- Værktøjet PrimePCR Analysis Controls (Prime PCR analysekontrol) viser resultaterne af de testede prøver i en tabel:

- ❑ Fanen Summary (Oversigt) viser en oversigt over alle testede prøver. Prøver, som bestod alle kontrolanalyserne, vises med grønt. Prøver, som fejlede i en eller flere af kontrolanalyserne, vises med gult.
- ❑ Fanen PCR viser resultaterne af den positive PCR-kontrolanalyse. Denne analyse registrerer hæmning eller problemer med eksperimentet, som påvirker genekspressionen.
- ❑ Fanen RT viser resultaterne af revers transkriptase-kontrolanalysen. Denne analyse evaluerer RT-ydelsen kvalitativt og identificerer prøver, hvor det er sandsynligt, at RT-ydelsen vil kompromittere genekspressionen.
- ❑ Fanen gDNA viser resultaterne af DNA-kontamination-kontrolanalysen. Denne analyse bestemmer, hvorvidt der er genomisk DNA (gDNA) til stede i en prøve på et niveau, der kan påvirke qPCR-resultaterne.
- ❑ Fanen RQ viser resultaterne af RNA-kvalitetsanalyserne (RQ1 og RQ2). Disse analyser vurderer kvalitativt, hvorvidt RNA-integriteten eventuelt kan påvirke genekspressionen negativt.

## Kategorier af genstudierapporter

Brug dialogboksen Gene Study Report (Genstudierapport) til at arrangere data fra et genstudie i en rapport. [Tabel 37](#) indeholder en liste over alle de tilgængelige valgmuligheder for en genstudierapport.

**Tabel 37. Kategorier til brug i genstudierapporter**

| Kategori  | Valgmulighed   | Beskrivelse  |
|---|--|--|
| <b>Sidehoved</b>                                    |  |  |
|   |  | Rapportens titel, undertitel og logo   |
|   | Report Information (Rapportoplysninger)                | Dato, brugernavn, datafilens navn, sti til datafilen og den valgte brøndgruppe |
|   | Gene Study File List (Liste over filer til genstudiet) | Liste over alle datafiler i genstudiet   |
|   | Notes (Bemærkninger)                                   | Bemærkninger til datarapporten   |
| <b>Study Analysis (Studieanalyse): Søjlediagram</b> |  |  |
|   | Analysis Settings (Analyseindstillinger)               | Liste over de valgte analyseparametre  |
|   | Chart (Diagram)  | Genekspressionssøjlediagram, der viser dataene                                 |

Tabel 37. Kategorier til brug i genstudierapporter, fortsat

| Kategori   | Valgmulighed                                       | Beskrivelse   |
|--|--|---|
|  | Target Names (Navne på målsekvenser)               | Liste over målsekvenserne (targets) i genstudiet                |
|  | Sample Names (Prøvenavne)                          | Liste over prøverne i genstudiet                                |
|  | Data   | Regneark, der viser dataene                                     |
|  | Target Stability (Målsekvensens stabilitet)        | Stabilitetsdata for målsekvens (target)                         |
|  | Inter-run Calibration (Kalibrering mellem kørsler) | Data vedr. kalibrering mellem kørsler                           |
|  | Box-and-Whisker Chart (Boksplot)                   | Boksplot over genekspressionen                                  |
|  | Dot-Plot Chart (Punktvisningsdiagram)              | Punktvisningsdiagram over genekspressionen                      |
| <b>Study Analysis (Studieanalyse): Clustergram (Klyngeoversigt) og Scatter Plot (Punktdiagram)</b> |  |   |
|  | Analysis Settings (Analyseindstillinger)           | Indstillinger for hver diagramtype                              |
|  | Chart (Diagram)                                    | Genekspressionsdiagram, der viser dataene                       |
|  | Data   | Regneark, der oplister data i hver målsekvens (target)          |
| <b>Study Analysis (Studieanalyse): ANOVA-data</b>  |  |   |
|  | ANOVA Settings (ANOVA-indstillinger)               | P-værditærskel anvendt til analysen                             |
|  | ANOVA Results (ANOVA-resultater)                   | Tabel med resultaterne fra ANOVA og Tukeys HSD post-hoc analyse |

**Tabel 37. Kategorier til brug i genstudierapporter, fortsat**

| Kategori | Valgmulighed                 | Beskrivelse  |
|----------|------------------------------|--|
|          | Shapiro-Wilk-normalitetstest | Biologisk gruppe, antal, P-værdi og enhver fejl, som måtte opstå for hver af målsekvenserne (targets) i analysen |
|          | ANOVA Errors (ANOVA-fejl)    | Fejl, der identificeres under ANOVA-beregningerne  |

## Oprettelse af en genstudierapport

### Sådan oprettes en genstudierapport

1. Tilpas genstudierapportens data og diagrammer efter behov, inden rapporten oprettes.
2. Vælg Tools > Reports (Værktøjer > Rapporter) i menuen Gene Study (Genstudie) for at åbne dialogboksen Report (Rapport).
3. Vælg, hvad der skal medtages i rapporten. Rapporten åbnes med standardvalgmulighederne valgt. Markér eller fjern markeringen i afkrydsningsfelterne for at ændre hele kategorier eller individuelle valgmuligheder i en kategori.

[Kategorier af genstudierapporter på side 286](#) angiver de tilgængelige valgmuligheder for visning.

4. Ændring af rækkefølgen af kategorier og elementer i en rapport. Træk valgmulighederne til den ønskede position. Elementers rækkefølge kan kun ændres i den kategori, de tilhører.
5. Klik på Update Report (Opdater rapport) for at opdatere Report Preview (Vis rapport) med eventuelle ændringer.
6. Udskriv eller gem rapporten. Klik på knappen Print Report (Udskriv rapport) i værktøjslinjen for at udskrive den aktuelle rapport. Vælg File > Save (Fil > Gem) for at gemme rapporten i formatet PDF (Adobe Acrobat Reader) og vælg en placering, hvor filen skal gemmes. Vælg File > Save As (Fil > Gem som) for at gemme rapporten med et nyt navn eller på en ny placering.
7. (Valgfrit) Opret en skabelonrapport med den information, du ønsker. For at gemme de aktuelle rapportindstillinger i en skabelon skal du vælge Template > Save (Skabelon > Gem) eller Save As (Gem som). Indlæs rapportskabelonen, næste gang der skal oprettes en ny rapport.



## Tillæg A Dataanalyseberegninger

CFX Maestro Dx Software, Security Edition beregner formler automatisk og viser resultaterne på fanerne Data Analysis (Dataanalyse). Dette tillæg forklarer i detaljer, hvordan CFX Maestro Dx SE beregner formlerne.

### Reaktionseffektivitet

Evidens tyder på, at brug af en nøjagtig måling af effektivitet for hver primer og probe vil give mere nøjagtige resultater, når genekspressionsdata analyseres. Standardværdien for effektivitet anvendt i beregninger af genekspression er 100 %. For at evaluere reaktionseffektiviteten skal der genereres en standardkurve ved brug af serielle fortyndinger af en repræsentativ prøve over et relevant dynamisk område, hvorefter effektiviteten for efterfølgende genekspressionsanalyse registreres. Hvis kørslen omfatter en standardkurve, beregner softwaren automatisk effektiviteten og viser den under Standard Curve (Standardkurve) på fanen Quantification (Kvantifikation), når Auto Efficiency (Automatisk effektivitet) er markeret på fanen Targets (Måsekvenser) i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger).

Effektiviteten (E) i effektivitetsformlen henviser til "effektiviteter" som beskrevet af Pfaffl (2001) og Vandesompele et al. (2002). I disse publikationer svarer en effektivitet på 2 (perfekt fordobling for hver cyklus) til 100 % effektivitet i denne software. Du kan vælge at konvertere effektivitetsberegningerne til dem, der anvendes i softwaren, ved at anvende følgende matematiske forhold:

- $E = (\% \text{ effektivitet} * 0,01) + 1$
- $\% \text{ effektivitet} = (E - 1) * 100$

### Relative Quantity (Relativ mængde)

Formlen for relativ mængde ( $\Delta C_q$ ) for enhver prøve (GOI) er:

$$\text{Relative Quantity}_{\text{prøve (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{(C_q^{(\text{min})} - C_{q \text{ prøve}})}$$

**Bemærk:** Denne formel anvendes til at beregne den relative mængde, når der ikke er nogen defineret kontrolprøve .

Hvor:



- E = effektivitet af primer og probesæt. Denne effektivitet beregnes med formlen  $(\% \text{ Effektivitet} * 0,01) + 1$ , hvor 100 % effektivitet = 2
- $C_{q(\text{min})}$  = gennemsnitlig  $C_q$  for prøven med det laveste gennemsnitlige  $C_q$  for GOI
- $C_{q(\text{sample})}$  = gennemsnitligt  $C_q$  for prøven
- GOI = interessen (én målsekvens (target))

## Relativ mængde, når der er valgt en kontrol

Når der tildeles en kontrolprøve eller biologisk gruppe, beregnes den relative mængde (RQ) for enhver prøve med et interessen (GOI) med denne formel:

$$\text{Relative Quantity}_{\text{prøve (GOI)}} = E_{\text{GOI}} (C_{q(\text{kontrol})} - C_{q(\text{prøve})})$$

Hvor:

- E = effektivitet af primer og probesæt. Denne effektivitet beregnes med formlen  $(\% \text{ Effektivitet} * 0,01) + 1$ , hvor 100 % effektivitet = 2
- $C_{q(\text{control})}$  = gennemsnitligt  $C_q$  for kontrolprøven
- $C_{q(\text{sample})}$  = gennemsnitligt  $C_q$  for alle prøver med et GOI
- GOI = interessen (én målsekvens (target))

## Standardafvigelse for relativ mængde

**Vigtigt:** Denne beregning gælder kun, når Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve).

Formlen for standardafvigelse for relativ mængde er

$$\text{SD Relative Quantity} = \text{SD } C_{q \text{ GOI}} \times \text{Relative Quantity}_{\text{prøve (GOI)}} \times \text{Ln} (E_{\text{GOI}})$$

Hvor:

- SD Relative Quantity = Standardafvigelse for relativ mængde
- $\text{SD } C_{q \text{ GOI}} \text{ prøve}$  = Standardafvigelse for  $C_q$  for prøven (GOI)
- Relative Quantity = Relativ mængde af prøven
- E = effektivitet af primer og probesæt. Denne effektivitet beregnes med formlen  $(\% \text{ Effektivitet} * 0,01) + 1$ , hvor 100 % effektivitet = 2

- GOI = interessegen (én målsækvens (target))

## Effektivitetskorrigeret C<sub>q</sub> (C<sub>qE</sub>)

Formlen for effektivitetskorrigeret C<sub>q</sub> er

$$C_{qE} = C_q \times (\log(E)/\log(2))$$

Hvor:

- E = Effektivitet

## Middelværdi for effektivitetskorrigeret C<sub>q</sub> (MC<sub>qE</sub>)

Formlen for middelværdi for effektivitetskorrigeret C<sub>q</sub> er

$$MC_{qE} = \frac{C_{qE}(\text{Rep 1}) + C_{qE}(\text{Rep 2}) + \dots + C_{qE}(\text{Rep n})}{n}$$

Hvor:

- C<sub>qE</sub> = effektivitetskorrigeret C<sub>q</sub>
- n = antallet af replikater

## Normaliseret ekspresion

Normaliseret ekspresion ( $\Delta\Delta C_q$ ) er den relative mængde af målsekvensen (target) (genet) normaliseret til mængderne af referencemålsekvenserne (gener eller sekvenser) i det biologiske system. For at vælge referencemålsekvenser (targets) skal du åbne vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger) og klikke på referencekolonnen for hver målsekvens (target), som tjener som et referencegen.

Formlen for normaliseret ekspresion, som bruger den beregnede relative mængde (RQ), er

$$\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspresion)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{RQ_{\text{prøve (GOI)}}}{\left(RQ_{\text{prøve (Ref 1)}} \times RQ_{\text{prøve (Ref 2)}} \times \dots \times RQ_{\text{prøve (Ref n)}}\right)^{\frac{1}{n}}}$$

Hvor:

- RQ = Relativ mængde af en prøve
- Ref = Referencemålsekvens (target) i en kørsel, som omfatter en eller flere referencemålsekvenser i hver prøve
- GOI = interessegen (én målsekvens (target))

Under forudsætning af at referencemålsekvenserne (targets) ikke ændrer deres ekspresionsniveauer i det biologiske system, tager beregningen af normaliseret ekspresion højde for isætningsforskelle eller variationer i celletal, der måtte forekomme i prøverne.

## Ekspression og relativ mængde for biologiske grupper

Hvis Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper), viser softwaren den gennemsnitlige ekspression (normaliseret ekspression eller relativ mængde, afhængigt af den valgte tilstand) for prøverne i den biologiske gruppe. Da ekspression typisk er log-normalfordelt, beregnes gennemsnittet af ekspressionen ved hjælp af den geometriske middelværdi:

$$\text{Expression biological group} = \sqrt[n]{\text{Exp}_1 \cdot \text{Exp}_2 \cdot \dots \cdot \text{Exp}_n}$$

Hvor:

- $\text{Exp}_1, \text{Exp}_2, \text{Exp}_n$  = relativ mængde eller normaliseret ekspression for prøver i den biologiske gruppe
- $n$  = antal prøver i den biologiske gruppe

## Normaliseret ekspression, når en kontrol er valgt

Når du vælger en kontrolprøve i vinduet Experiment Settings (Eksperimentindstillinger), indstiller softwaren ekspressionsniveauet for kontrolprøven til 1. I denne situation normaliserer softwaren de relative mængder for al ekspression af målsekvens (target) (gen) til kontrolmængden (en værdi på 1). Denne normaliserede ekspression svarer til den ikke-skalerede normaliserede ekspressionsanalyse, når der er valgt en kontrol.

**Bemærk:** Dette kaldes også relativ normaliseret ekspression (RNE) og foldændring.

## Standardafvigelse for normaliseret ekspression

Genskalering af værdien for normaliseret ekspression sker ved at dividere standardafvigelsen for den normaliserede ekspression med den normaliserede ekspresionsværdi for det højeste eller laveste individuelle ekspressionsniveau, afhængigt af den valgte skalering. Formlen for standardafvigelse (SD) for normaliseringsfaktoren er

$$SD_{NF_n} = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SD_{RQ_{prøve}}(Ref\ 1)}{n \times RQ_{prøve}(Ref\ 1)}\right)^2 + \left(\frac{SD_{RQ_{prøve}}(Ref\ 2)}{n \times RQ_{prøve}(Ref\ 2)}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SD_{RQ_{prøve}}(Ref\ n)}{n \times RQ_{prøve}(Ref\ n)}\right)^2}$$

Hvor:

- RQ = Relativ mængde af en prøve
- SD = Standardafvigelse
- NF = Normaliseringsfaktor
- Ref = Referencemåsekvens (target)
- n = Antallet af referencemåsekvenser (targets)

Når en kontrolprøve tildeles, er det ikke nødvendigt at køre denne genskaleringsfunktion på standardafvigelsen, som vist i nedenstående formel:

$$SD_{NE_{prøve}(GOI)} = NE_{prøve}(GOI) \times \sqrt{\left(\frac{SD_{NF_{prøve}}}{NF_{prøve}}\right)^2 + \left(\frac{SD_{RQ_{prøve}(GOI)}}{RQ_{prøve}(GOI)}\right)^2}$$

Hvor:

- NE = Normaliseret ekspression
- RQ = Relativ mængde af en prøve
- SD = Standardafvigelse
- GOI = interessen (én målekvens (target))

## Normaliseret ekspression skaleret til højeste ekspressionsniveau

Når kørslen ikke omfatter kontroller, skales den normaliserede ekspression (NE) for hver målsekvens (target) (gen) ved at dividere ekspressionsniveauet for hver prøve med det højeste ekspressionsniveau i alle prøverne. Softwaren indstiller det højeste ekspressionsniveau til en værdi på 1 og omskalerer alle prøveekspressionsniveauerne. Formlen for højeste skalering er

$$\text{Skaleret Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{Højeste prøve (GOI)}}}$$

Hvor:

- GOI = interessegen (målsekvens (target))

## Normaliseret ekspression skaleret til laveste ekspressionsniveau

Når kørslen ikke omfatter kontroller, skales den normaliserede ekspression (NE) for hver målsekvens (target) (gen) ved at dividere ekspressionsniveauet for hver prøve med det laveste ekspressionsniveau i alle prøverne. Softwaren indstiller det laveste ekspressionsniveau til en værdi på 1 og omskalerer alle prøveekspressionsniveauerne. Formlen for den laveste skalering er

$$\text{Skaleret Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{Laveste prøve (GOI)}}}$$

Hvor:

- GOI = interessegen (målsekvens (target))

## Normaliseret ekspression skaleret til gennemsnitligt ekspressionsniveau

Når kørslen ikke omfatter kontroller, skales den normaliserede ekspression (NE) for hver målsekvens (target) (gen) ved at dividere ekspressionsniveauet for hver prøve med geometriske middelværdi for ekspressionsniveau for alle prøverne. Softwaren indstiller det gennemsnitlige ekspressionsniveau til en værdi på 1 og omskalerer alle prøveekspressionsniveauerne. Formlen for gennemsnitlig skalering er

$$\text{Skaleret Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{Normalized (Normaliseret) Expression (Ekspression)}_{\text{GM (GOI)}}}$$

Hvor:

- GOI = interessegen (målsekvens (target))

## Tillæg A Dataanalyseberegninger

- GM = Geometrisk middelværdi for normaliseret ekspresion i alle prøver

## Standardafvigelse for skaleret normaliseret ekspression

Genskalering af værdien for skaleret normaliseret ekspression (NE) sker ved at dividere standardafvigelsen (SD) for den normaliserede ekspression med den normaliserede ekspressionsværdi for det højeste (MAX) eller laveste (MIN) ekspressionsniveau, afhængigt af den valgte skalering.

**Bemærk:** Når en kontrolprøve tildeles, er det ikke nødvendigt at køre denne genskaleringsfunktion på standardafvigelsen.

Beregningen for denne formel er

$$SD \text{ Skaleret NE}_{\text{prøve (GOI)}} = \frac{SD \text{ NE}_{\text{prøve (GOI)}}}{\text{NE}_{\text{MAX eller MIN (GOI)}}$$

Hvor:

- NE = Normaliseret ekspression
- SD = Standardafvigelse
- GOI = interessegen (måsekvens (target))
- MAX = Højeste ekspressionsniveau
- MIN = Laveste ekspressionsniveau



## Fejllinjer for standardafvigelse (lg) og standardfejl på middelværdien (lg)

Ud over brugen af konfidensintervaller kan der vises fejllinjer for biologiske grupper, baseret på standardafvigelsen eller middelfejlen på middelværdien i  $\log_2$  for ekspressionen. Fejllinjerne beregnes som følger:

$$\text{RQ nedre fejllinje} = 2^{\text{RQ}(\text{lg}) - \text{SD RQ}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{RQ}(\text{lg}) - \text{SEM RQ}(\text{lg})}$$

$$\text{RQ øvre fejllinje} = 2^{\text{RQ}(\text{lg}) + \text{SD RQ}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{RQ}(\text{lg}) + \text{SEM RQ}(\text{lg})}$$

Hvor:

- $\text{RQ}(\text{lg}) = \log_2$  for den relative mængde for den biologiske gruppe
- $\text{SD RQ}(\text{lg}) =$  standardafvigelse for den relative mængde ( $\log_2$ )
- $\text{SEM RQ}(\text{lg}) =$  middelfejl på middelværdien for den relative mængde ( $\log_2$ )

$$\text{Exp. Nedre fejllinje} = 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) - \text{SD Exp.}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) - \text{SEM Exp.}(\text{lg})}$$

$$\text{Exp. Øvre fejllinje} = 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) + \text{SD Exp.}(\text{lg})} \text{ eller } 2^{\text{Exp.}(\text{lg}) + \text{SEM Exp.}(\text{lg})}$$

Hvor:

- $\text{Exp.}(\text{lg}) = \log_2$  for ekspressionen (normaliseret ekspression) for den biologiske gruppe
- $\text{SD RQ}(\text{lg}) =$  standardafvigelse for ekspression ( $\log_2$ )
- $\text{SEM RQ}(\text{lg}) =$  middelfejl på middelværdien for ekspressionen ( $\log_2$ )

## Foldændring

Foldændring er et mål af stigning eller fald i ekspressionen af en målsekvens (target) for en eksperimentprøve kontra en kontrolprøve eller biologisk gruppe og bestemmes som følger:

Hvis ekspression (eksperimentel) > Ekspression (kontrol):

$$\text{Fold-ændring} = \frac{\text{Expression (Ekspression) (eksperimentel)}}{\text{Expression (Ekspression) (kontrol)}}$$

Hvis ekspression (eksperimentel) < Ekspression (kontrol):

$$\text{Fold-ændring} = -1 / \left( \frac{\text{Expression (Ekspression) (eksperimentel)}}{\text{Expression (Ekspression) (kontrol)}} \right)$$

**Bemærk:** Ved grafisk afbildning er *ekspressionen* baseret på enten den relative mængde eller normaliseret ekspression, afhængigt af den valgte tilstand (se [Grafisk afbildning på side 260](#)). Ved Scatter Plot (Punktdiagram), og Clustergram (Klyngeoversigt) beregnes foldændring altid fra den normaliserede ekspression.

## Formler for korrigerede værdier

**Vigtigt:** Disse beregninger gælder kun, når Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Samples Only (Kun prøver), Sample Biological Group (Prøve, biologisk gruppe) eller Biological Group Sample (Biologisk gruppe, prøve).

Der ses kun en forskel mellem de korrigerede værdier og de ikke-korrigerede værdier, hvis standardkurven oprettes som en del af real-time PCR-kørslen. Softwaren anvender tre ligninger til at bestemme propageringen af fejl:

- Standardfejl
- Standardfejl for normaliseret ekspression
- Standardfejl for normaliseret interessegen (måsekvens (target))

Formlen for standardfejl er

$$\text{Standard Error (middelfejl)} = \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Hvor:

- $n$  = Antallet af referencemåsekvenser (targets) (gener)
- $SD$  = Standardafvigelse

Formlen for standardfejl for normaliseringsfaktoren i normaliseret ekspression er

$$SE\ NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 1)}}{n \times SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 2)}}{n \times SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ n)}}{n \times SE\ RQ_{prøve\ (Ref\ n)}}\right)^2}$$

Hvor:

- $n$  = Antallet af referencemåsekvenser (targets)
- $SE$  = Standardfejl
- $NF$  = Normaliseringsfaktor
- $RQ$  = Relativ mængde

Formlen for standardfejl for normaliseret interessegen (GOI) er

$$SE\ GOI_n = GOI_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ NF_n}{NF_n}\right)^2 + \left(\frac{SE\ GOI}{GOI}\right)^2}$$

Hvor:

- $SE$  = Standardfejl

- GOI = interessegen (én målsekvens (target))
- NF = Normaliseringsfaktor
- n = Antallet af referencemålsekvenser (targets)

## Beregning af konfidensinterval til analyse af biologisk gruppe

Når der udføres analyse af biologisk gruppe (Analyze Using (Analysér med) er indstillet til Biological Groups Only (Kun biologiske grupper)), beregnes konfidensintervallerne for relativ mængde og relativ normaliseret ekspression.

Konfidensintervallerne beregnes i log-skala baseret på t-fordeling ved hjælp af følgende formel:

$$CI = \bar{X} \pm t \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Hvor:

- $\bar{X}$  = Middelekspression for log-skala-ekspressionsniveauerne for prøverne i den biologiske gruppe
- $SD$  = standardafvigelse for log-skala-ekspressionsniveauerne for prøverne i den biologiske gruppe
- $n$  = antallet af prøver i den biologiske gruppe
- $t$  = opnået fra t-fordelingen baseret på frihedsgrad og alfaniveau

**Bemærk:** Alfaniveauet kan indstilles ved hjælp af feltet P-value threshold (Tærskel for P-værdi) på fanen Graphing (Grafisk afbildning).

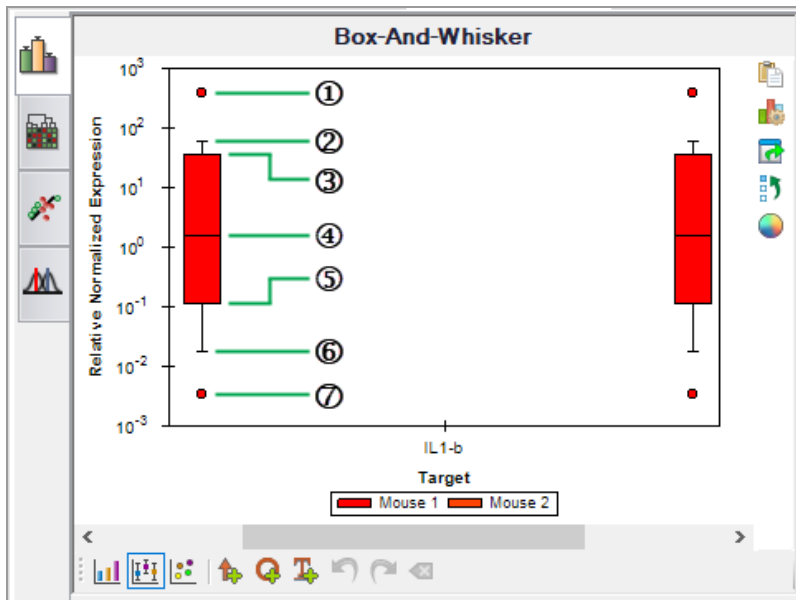
Efter beregning af konfidensintervallerne konverteres de til lineær skala, hvorefter de vises i datatabellen Gene Expression (Genekspression) og søjlediagrammet på fanen Graphing (Grafisk afbildning).

## Beregninger for boksplot

Boksplottet viser fordelingen af ekspressionsværdierne i en biologisk gruppe ved at indtegne data som kvartiler. De 1. og 3. kvartiler er repræsenteret af henholdsvis de nederste og øverste grænser i boksen. Medianen vises som en ubrudt linje på tværs af boksen. De rette linjer repræsenterer de mindste og største ikke-ekstreme værdier i datasættet. Ekstremer er værdier, som overstiger det 1. og 3. kvartil med 1,5 gange det interkvartile område.

**Bemærk:** Hvis den biologiske gruppe kun indeholder én prøve, vises dette som en enkelt cirkel, som indikerer et enkelt datapunkt.

Det følgende boksplot viser, hvordan dataene er repræsenteret.



FORKLARING

1. Ekstrem. Denne ekstremes værdi er  $> Q3 + (1,5 \times [Q3 - Q1])$ .  
**Bemærk:** Placer markøren over cirklen for at få vist et værktøjstip, som viser prøvens navn og oplysninger om relativ mængde eller normaliseret ekspresion afhængigt af den valgte tilstand.

---

2. Afgrænsning af største ikke-ekstrem

---

3. Øvre/3. kvartil (Q3). 75 % af ekspresionsværdierne er mindre end Q3.

---

4. Median, eller midterste værdi, for de rangordnede ekspresionsværdier

---

5. Nedre/1. kvartil (Q1). 25 % af ekspresionsværdierne er mindre end Q1.

---

6. Afgrænsning af mindste ikke-ekstrem

---

7. Ekstrem. Denne ekstremes værdi er  $< Q1 - (1,5 \times [Q3 - Q1])$ .

## Tillæg B Revisionsspor

CFX Maestro Dx Software, Security Editionn opretter revisionsspor for data- og genstudiefiler (henholdsvis .prcd- og .mgxd-filer). Ændringer eller handlinger, der er udført på sikrede data og/eller genstudiefiler, registreres i filens revisionsspor, når filen gemmes. CFX Maestro Dx SE opretter et separat revisionsspor for hver fil.

Du kan vælge File > Save As (Fil > Gem som) for at gemme sikre underskrevne eller ikke-underskrevne data og genstudiefiler i en anden mappe eller med et andet navn. Den nye fil overtager revisionssporet fra den oprindelige fil. Revisionssporet for den nye fil omfatter også Gem som-aktiviteten. Ændringer eller handlinger, der er udført på den nye fil, registreres i dens eget revisionsspor. Den originale fil bevarer sit revisionsspor, hvor yderligere aktivitet registreres.

[Reviderbare hændelser på side 307](#) viser de reviderbare hændelser, som softwaren registrerer.

## Visning af revisionsspor

Hvert revisionsspor viser følgende oplysninger:

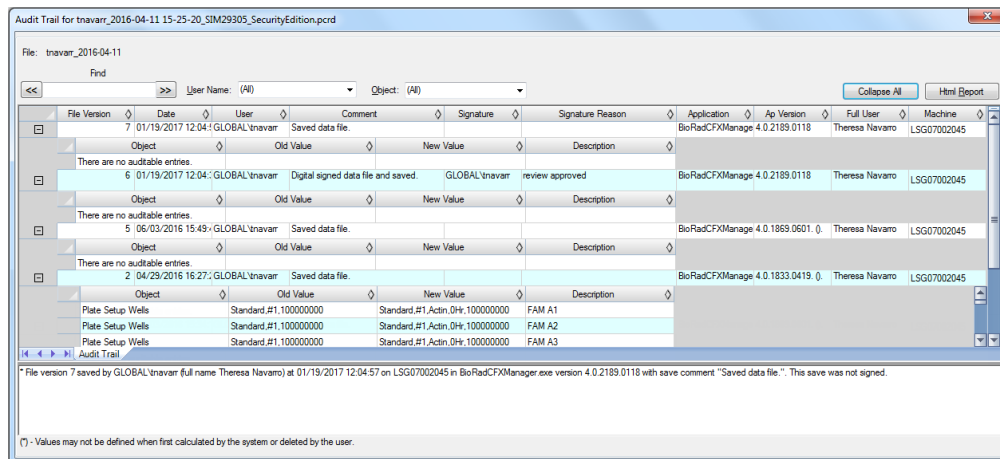
- Revisionsoverskrift
  - File version (Filversion) — den gemte version af filen
  - Date (Dato) — datoen for den aktuelle reviderbare hændelse
  - User (Bruger) — Windows-domænet og brugernavnet for den indloggede bruger
  - Comment (Kommentar) — den senest gemte kommentar
  - Signature (Underskrift) — den elektroniske signatur fra den seneste person, der underskrev filen
  - Signature reason (Underskriftårsag) — årsagen til underskriften
  - Application (Program) — CFX Maestro Dx SE
  - Application version (Programversion) — den aktuelle version af CFX Maestro Dx SE
  - Full user (Brugernavn) — den indloggede brugers fulde navn
  - Machine (Maskine) — den computer, som CFX Maestro Dx SE er installeret på.
- Oplysninger om revisionsændring
  - Object (Objekt) — det emne, der blev ændret (det reviderede emne)

## Tillæg B Revisionsspor

- Old value (Gammel værdi) — den tidligere værdi
- New value (Ny værdi) — den nye værdi
- Description (Beskrivelse) — beskrivelsen af ændringen

### Sådan kan du se revisionssporet

- ▶ I den åbne data- eller genstudiefil skal du vælge View > Audit (Vis > Revisionsspor). Filens revisionsspor vises.



| File Version | Date             | User          | Comment                             | Signature             | Signature Reason              | Application      | Ap Version      | Full User      | Machine     |
|--------------|------------------|---------------|-------------------------------------|-----------------------|-------------------------------|------------------|-----------------|----------------|-------------|
| 7            | 01/19/2017 12:04 | GLOBAL\tnnavr | Saved data file.                    |                       |                               | BioRadCFXManager | 4.0.2189.0118   | Theresa Navaro | LSG07002045 |
|              |                  |               | Object                              | Old Value             | New Value                     | Description      |                 |                |             |
|              |                  |               | There are no auditable entries.     |                       |                               |                  |                 |                |             |
| 6            | 01/19/2017 12:04 | GLOBAL\tnnavr | Digital signed data file and saved. | GLOBAL\tnnavr         | review approved               | BioRadCFXManager | 4.0.2189.0118   | Theresa Navaro | LSG07002045 |
|              |                  |               | Object                              | Old Value             | New Value                     | Description      |                 |                |             |
|              |                  |               | There are no auditable entries.     |                       |                               |                  |                 |                |             |
| 5            | 06/03/2016 15:49 | GLOBAL\tnnavr | Saved data file.                    |                       |                               | BioRadCFXManager | 4.0.1869.0601.0 | Theresa Navaro | LSG07002045 |
|              |                  |               | Object                              | Old Value             | New Value                     | Description      |                 |                |             |
|              |                  |               | There are no auditable entries.     |                       |                               |                  |                 |                |             |
| 2            | 04/29/2016 16:27 | GLOBAL\tnnavr | Saved data file.                    |                       |                               | BioRadCFXManager | 4.0.1833.0419.0 | Theresa Navaro | LSG07002045 |
|              |                  |               | Object                              | Old Value             | New Value                     | Description      |                 |                |             |
|              |                  |               | Plate Setup Wells                   | Standard.#1.100000000 | Standard.#1.Actn.0H.100000000 | FAM A1           |                 |                |             |
|              |                  |               | Plate Setup Wells                   | Standard.#1.100000000 | Standard.#1.Actn.0H.100000000 | FAM A2           |                 |                |             |
|              |                  |               | Plate Setup Wells                   | Standard.#1.100000000 | Standard.#1.Actn.0H.100000000 | FAM A3           |                 |                |             |

\* File version 7 saved by GLOBAL\tnnavr (full name Theresa Navaro) at 01/19/2017 12:04:57 on LSG07002045 in BioRadCFXManager.exe version 4.0.2189.0118 with save comment "Saved data file.". This save was not signed.

(\*) - Values may not be defined when first calculated by the system or deleted by the user.

Som standard sorteres dataene efter dato og klokkeslæt, og alle hændelser vises i den udvidede visning. Du kan filtrere visningen efter brugernavn og objekt og skjule den udvidede visning, så du let kan sortere efter ethvert overskriftsfelt. Du kan også se revisionssporet som html-rapport.

### Sådan sorteres efter brugernavn

- ▶ Vælg den ønskede bruger fra rullelisten User Name (Brugernavn).

### Sådan sorteres efter objekt

- ▶ Vælg det ønskede objekt fra rullelisten Object (Objekt).

### Sådan skjules den fulde hændelsesbeskrivelse

- ▶ Klik på Collapse All (Skjul alle).

### Sådan sorteres data i tabellen med ændringsoplysninger

- ▶ Klik på diamantsymbolet i datakolonneoverskriften for at udføre en stigende sortering ('A til Z', 'mindste til højeste antal' eller 'tidligst til senest').

### Sådan udskrives revisionssporet

1. Klik på HTML-rapport for at få vist revisionssporet i en webbrowser.
2. Når du er i dit browservindue, skal du gøre et af følgende:
  - Vælg File > Print (Fil > Udskriv).
  - Højreklik på rapporten, og vælg Print (Udskriv).

## Reviderbare hændelser

CFX Maestro Dx SE registrerer følgende reviderbare hændelser i data- og genstudiefiler.

### Reviderbare hændelser under kørslen

- Run Start Time (Kørsels starttid)
- Run Time Plate edits (Kørselstid for pladeredigeringer)
- Run Time Protocol edits (Kørselstid for protokolredigeringer)
- Run End Time (Kørsels sluttid)

### Reviderbare hændelser, når en datafil oprettes

- Data file created (Datafil oprettet)
- Interpolerede pladeaflysninger tilføjet af systemet

### Reviderbare hændelser, når en datafil er gemt

- Generel (Generelt)
  - Name (Navn)
  - Signing (Underskrift)
  - Plate Setup (Pladeopsætning)
  - Display Wells (Vis brønde)
  - Analyzed fluorophores (Analyserede fluorofores)
  - Plate edits (Pladeredigeringer)
  - Analysis mode (Analysetilstand)
  - PCR Active Well Group (PCR-aktiv brøndgruppe)



- Fanen Quantification (Kvantifikation)
  - Active step (Aktivt trin)
  - Settings (Indstillinger) - C<sub>q</sub> Determination mode (Bestemmelsestilstand)
  - Settings (Indstillinger) > Baseline Setting (Baselineindstilling)
  - Drift correction applied (Korrektion for afvigelse anvendt)
  - Settings > Cycles to Analyze (Indstillinger > Cyklusser til analyse)
  - Settings > Analysis Mode (Indstillinger > Analysetilstand)
  - Settings > Baseline Setting (Indstillinger > Baselineindstilling)
- Fanen Melt Curve (Smeltekurve)
  - Active step (Aktivt trin)
  - Peak type displayed (Viste toppunktstype)
  - Peak analysis threshold (Tærskel for toppunktsanalyse)
- Fanen End Point (Slutpunkt)
  - Active fluorophore/target (Aktiv fluorofor/målsekvens)
  - End cycles to average (Slutcyklusser til gennemsnit)
  - Tolerance calculation method (Metode til beregning af tolerance)
  - Percentage of range (Procentdel af område)
- Fanen Allelic Discrimination (Alleldiskrimination)
  - X- and Y-axis fluorophore (Fluorofor for X- og Y-akse)
  - Select cycle number (Vælg cyklusantal)
  - View call map (Se bedømmelseskort)
- Fanen Gene Expression (Genekspression) — All plots (Alle plot)
  - Experiment Settings — Target reference (Eksperimentindstillinger — Målsekvensreference)
  - Experiment Settings — Sample control (Eksperimentindstillinger — Prøvekontrol)
  - Experiment Settings — Auto efficiency (Eksperimentindstillinger — Automatisk effektivitet)
  - Experiment Settings — Efficiency (Eksperimentindstillinger — Effektivitet)

- Fanen Gene Expression (Genekspression) — Graphing (Grafisk afbildning)
  - Analysis mode (Analysetilstand)
  - Graph data (Grafdata)
  - X-axis (X-akse)
  - Y-axis (Y-akse)
  - Scaling option (Valgmulighed for skalering)
  - Error bar (Fejllinje)
  - Error bar multiplier (Multiplikator for fejllinje)
  - P-Value Threshold (Tærskel for P-værdi)
- Fanen Gene Expression (Genekspression) — Clustergram (Klyngeoversigt)
  - Cluster By (Samt efter)
  - Split out replicates (Opdel replikater)
- Fanen Gene Expression (Genekspression) — Scatter Plot (Punktdiagram)
  - Control Biological Group (Biologisk kontrolgruppe)
  - Experimental Biological Group (Biologisk eksperimentgruppe)
  - Fold Change Threshold (Tærskel for foldændring)
- Fanen Gene Expression (Genekspression) - ANOVA
  - P-Value Threshold (Tærskel for P-værdi)
- Plate Setup — View/Edit Plate (Pladeopsætning — Vis/rediger plade)
  - Settings — PlateType (Indstillinger — Pladetype)
  - Settings — Units (Indstillinger — Enheder)
  - Editing Tools — Flip Plate (Redigeringsværktøjer — Vend plade)
  - Well groups (Brøndgrupper)
  - Plate fluorophores (Pladefluoroforer)
- Plate Setup — Replace Plate and Apply PrimePCR File (Pladeopsætning — Udskift plade og anvend PrimePCR-fil)
  - Plate Setup Import (Import af pladeopsætning)

## Audit Changes for Gene Study Files (Revisionsændringer for genstudiefiler)

### Generel (Generelt)

- Navn
- Fanen Study Setup (Studieopsætning)
  - Add/Remove data files / (Tilføj/fjern datafiler)
- Fanen Study Analysis (Studieanalyse)

## Tillæg C LIMS-integration

CFX Maestro Dx Software, Security Edition kan konfigureres til brug sammen med et laboratorieinformationsstyringsystem (LIMS eller Laboratory Information Management System). LIMS-integration kræver CFX Maestro Dx SE pladeopsætningsoplysninger genereret af LIMS-plattformen (en LIMS-fil, \*.plrn), en protokolfil oprettet ved brug af CFX Maestro Dx SE (\*.prcl), en defineret dataeksportdestination samt et defineret eksportformat.

Når kørslen er afsluttet, genererer CFX Maestro Dx SE en datafil (.pcrd) og gemmer den i en defineret dataeksportmappe. CFX Maestro Dx SE kan også oprette en LIMS-kompatibel datafil i .csv-format og gemme den på samme sted.

### Oprettelse af LIMS-kompatible datafiler

Dette tillæg indeholder oplysninger om opsætning af CFX Maestro Dx SE til oprettelse, lagring og eksport af LIMS-kompatible datafiler.

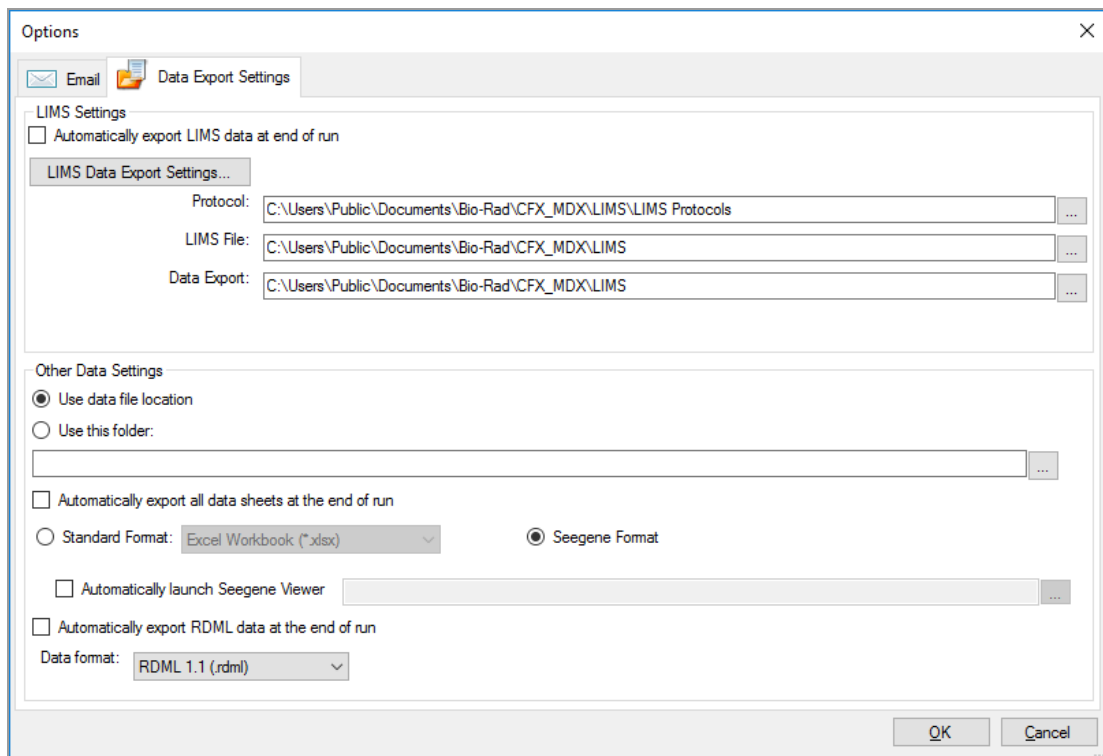
### Opsætning af valgmuligheder for LIMS-mappen og for dataeksport

Som standard gemmer CFX Maestro Dx SE LIMS-protokoller, filer og dataeksportfiler i denne mappe:  
C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_Dx\LIMS

Du kan konfigurere CFX Maestro Dx SE til at gemme filerne i en anden mappe, og du kan ændre eksportindstillingerne for LIMS-data.

#### Sådan opsættes en LIMS-mappe og valgmuligheder for dataeksport

1. Vælg Tools > Options (Værktøjer > Valgmuligheder) i startvinduet.
2. I dialogboksen Options (Valgmuligheder) skal du vælge Data Export Settings (Indstillinger for dataeksport).



3. (Valgfrit) Vælg **Automatically export LIMS data at end of run** (Eksporter LIMS-data automatisk ved afslutning af kørslen).

Softwaren eksporterer automatisk LIMS-data efter hver kørsel og gemmer dem på den specificerede placering.

4. For at ændre standardindstillingerne for eksport af LIMS-data skal du klikke på **LIMS Data Export Settings** (Indstillinger for eksport af LIMS-data).

**Vigtigt:** Det er kun LIMS-data, der er eksporteret som en .csv-fil, der kan importeres tilbage i CFX Maestro Dx SE.

5. I dialogboksen **LIMS Data Export Format Settings** (Indstillinger for eksportformat for LIMS-data) skal du vælge de ønskede eksportindstillinger og klikke på **OK**.
6. I dialogboksen **Options** (Valgmuligheder) skal du navigere til og vælge en standardmappe, hvor LIMS-datafilerne skal gemmes. Du kan vælge en forskellig placering for hver filtype:

- Protocol (Protokol)
- LIMS file (LIMS-fil)
- Data export (Dataeksport)

7. Klik på OK for at gemme ændringerne og lukke dialogboksen Options (Valgmuligheder).

## Oprettelse af en LIMS-protokol

For at starte en LIMS-kørsel skal du oprette en CFX Maestro Dx SE protokolfil (\*.prcl) og gemme den i LIMS-protokolmappen.

Se [Kapitel 7, Oprettelse af protokoller](#) for yderligere oplysninger.

## Oprettelse af en LIMS-fil

En LIMS-fil (\*.plrn) indeholder detaljerede oplysninger om opsætning af pladen og protokolens filnavn. Filen genereres af dit interne LIMS. CFX Maestro Dx SE bruger LIMS-filen til at oprette en pladefil, der skal bruges sammen med en protokolfil.

CFX Maestro Dx SE indeholder skabelonfiler til pladeimport, der kan redigeres med henblik på at oprette tilpassede LIMS-pladefiler.

**Tip:** Denne opgave skal udføres af en LIMS-specialist.

### Sådan oprettes en LIMS-fil

1. I startvinduet skal du vælge View > Show > LIMS File Folder (Vis > Vis > LIMS-filmappe).
2. Åbn LIMS-skabelonmappen, og vælg en .cvs-fil, der skal importeres til det interne LIMS.
3. Rediger skabelonfilen ved at udfylde de påkrævede felter i [Tabel 38](#).
4. Gør et af følgende:
  - For at gemme dine ændringer til fremtidig brug skal du gemme filen som en .csv-fil.
  - For at gemme dine ændringer og bruge filen med det samme skal du gemme filen med filtypenavnet .plrn.
  - Gem skabelonen med filtypenavnet .plrn i LIMS-filmappen.

**Vigtigt:** CFX Maestro Dx SE kan kun åbne .plrn-filen. Du skal gemme .csv-filen som .plrn, før du kan starte LIMS-kørslen.

Tabel 38. Definition indholdet i LIMS .csv-filen

| Kolonne | Række | Beskrivelse                                       | Indhold   | Formål         |
|---------|-------|---|---|----------------|
| A       | 1     | Plate Header<br>(Pladetitel)                      | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| A,B,C   | 2     | Field/Data/Instruction<br>(Felt/data/instruktion) | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| B       | 3     | Version   | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| B       | 4     | Plate Size<br>(Pladestørrelse)                    | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| B       | 5     | Plate Type (Pladetype)                            | Indtast "BR White" (BR hvid), "BR Clear" (BR klar) eller anden kalibreret pladetype   | Påkrævet       |
| B       | 6     | Scan Mode<br>(Scanningstilstand)                  | Indtast "SYBR/FAM Only:" (Kun SYBR/FAM:), "All Channels" (Alle kanaler) eller "FRET"  | Påkrævet       |
| B       | 7     | Units (Enheder)                                   | Indtast et af følgende:<br>"copy number" (kopinumner), "fold dilution" (fold-fortynding), "micromoles" (mikromol), "nanomoles" (nanomol), "picomoles" (pikomol), "femtomoles" (fentomol), "attomoles" (attomol), "milligrams" (milligram), "micrograms" (mikrogram), "nanograms" (nanogram), "picograms" (pikogram), "femtograms" (femtogram), "attograms" (attogram) eller "percent" (procent) | Påkrævet       |

Tabel 38. Definition indholdet i LIMS .csv-filen, fortsat

| Kolonne | Række  | Beskrivelse   | Indhold   | Formål         |
|---------|--------|---|---|----------------|
| B       | 8      | Run ID (Kørsels-id)   | Indtast en kort beskrivelse, eller indlæs en stregkode, der identificerer denne kørsel (maks. 30 tegn; kommaer er ikke tilladt)                                     | Valgfrit       |
| B       | 9      | Kørselsnoter  | Indtast beskrivelsen af kørslen   | Valgfrit       |
| B       | 10     | Run Protocol (Kørselsprotokol)  | Indtast protokollens filnavn, nøjagtigt som angivet.  | Påkrævet       |
| A       | 11     | Data File (Datafil)   | Indtast datafilens navn   | Valgfrit       |
| A       | 12-15  | TBD/Empty (Til fremtidig brug/tom)  | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| A       | 16     | Plate Data (Pladedata)  | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| A       | 17-113 | Well Position (Brøndposition)   | Må ikke redigeres   | Foruddefineret |
| B-G     |        | Ch1 Dye (Kanal 1-farve), Ch2 Dye (Kanal 2-farve), Ch3 Dye (Kanal 3-farve), Ch4 Dye (Kanal 4-farve), Ch5 Dye (Kanal 5-farve), FRET | Indtast et kalibreret farvenavn (for eksempel "FAM") for hver kanal, der er i brug  | Påkrævet       |
| H       |        | Sample Type (Prøvetype)   | Indtast en af de følgende prøvetyper: "Unknown" (Ukendt), "Standard", "Positive Control" (Positiv kontrol), "Negative Control" (Negativ kontrol), "NTC" eller "NRT" | Påkrævet       |



Tabel 38. Definition indholdet i LIMS .csv-filen, fortsat

| Kolonne | Række | Beskrivelse   | Indhold  | Formål                          |
|---------|-------|---|--|---------------------------------|
| I       |       | Sample Name<br>(Prøvenavn)  | Indtast prøvenavn  | Valgfrit                        |
| J-O     |       | CH1 Target (Kanal 1-<br>måsekvens), CH2<br>Target (Kanal 2-<br>måsekvens), CH3<br>Target (Kanal 3-<br>måsekvens), CH4<br>Target (Kanal 4-<br>måsekvens), CH5<br>Target (Kanal 5-<br>måsekvens), FRET<br>Target (FRET-<br>måsekvens) | Indtast navnet på<br>måsekvensen (target) for<br>hver kanal, der er i brug                       | Valgfrit                        |
| P       |       | Samlingens navn   | Indtast navnet på det<br>biologiske sæt  | Valgfrit                        |
| Q       |       | Replicate (Replikat)  | Indtast et positivt heltal for<br>hvert sæt replikater.<br>Værdien må ikke være nul.             | Valgfrit                        |
| R-W     |       | CH1 Quantity (Kanal 1-<br>mængde), CH2<br>Quantity (Kanal 2-<br>mængde), CH3<br>Quantity (Kanal 3-<br>mængde), CH4<br>Quantity (Kanal 4-<br>mængde), CH5<br>Quantity (Kanal 5-<br>mængde), FRET<br>Quantity (FRET<br>kvantitet)     | Indtast mængdeværdier<br>for eventuelle standarder.<br>Indtast koncentration i<br>decimalformat. | Påkrævet for alle<br>standarder |

Tabel 38. Definition indholdet i LIMS .csv-filen, fortsat

| Kolonne | Række | Beskrivelse                    | Indhold  | Formål   |
|---------|-------|--------------------------------|--|----------|
| X       |       | Well Note<br>(Brøndbemærkning) | <p>Indtast en brøndbemærkning (maks. 20 tegn)</p> <p><b>Bemærk:</b> Selvom CFX Maestro Dx SE har en tegnegrænsning på 20 tegn, når du indtaster noter i Well Note (Brøndbemærkning) via softwaren, kan feltet Well Note (Brøndbemærkning) indeholde op til 500 tegn, hvis det er inkluderet i en importeret .plrn-fil. CFX Maestro Dx SE viser dog kun de første 20 tegn. Den eksporterede .pcrd-fil indeholder alle tegnene i feltet Well Note (Brøndbemærkning) - ingen data går tabt.</p> | Valgfrit |

**Tablet 38. Definition indholdet i LIMS .csv-filen, fortsat**

| Kolonne | Række | Beskrivelse  | Indhold   | Formål   |
|---------|-------|--|---|----------|
| Y-AD    |       | Ch1 Well Color (Kanal 1-brøndfarve), Ch2 Well Color (Kanal 2-brøndfarve), Ch3 Well Color (Kanal 3-brøndfarve), Ch4 Well Color (Kanal 4-brøndfarve), Ch5 Well Color (Kanal 5-brøndfarve), FRET Well Color (FRET-brøndfarve) | Indtast en brugerdefineret farve for kurvelinjelayout i et 32 bit (argb) heltalsdecimalformat | Valgfrit |

## Start af en LIMS-kørsel

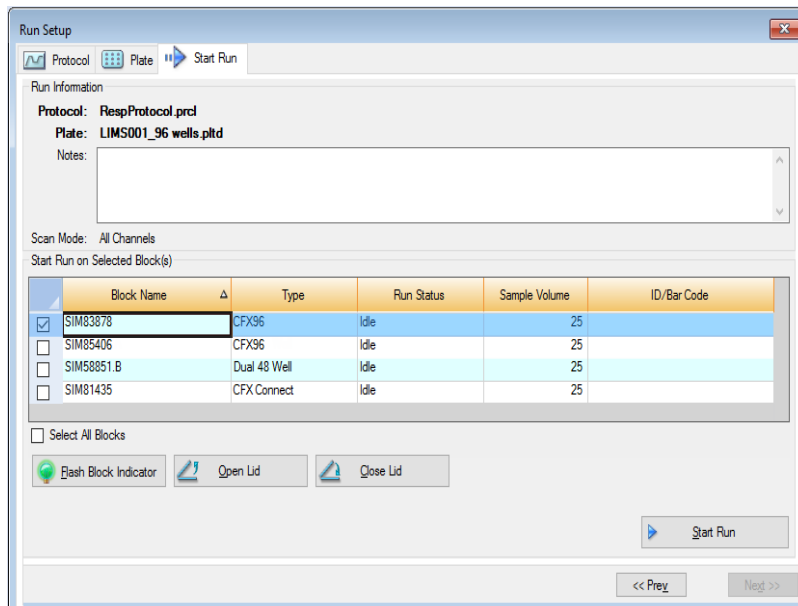
### Sådan startes en LIMS-kørsel

1. Gør et af følgende for at åbne en LIMS .plrn-fil:

- Vælg View > Show > LIMS File Folder (Vis > Vis > LIMS-filmappe) i startvinduet.
- Vælg File > Open > LIMS File (Fil > Åbn > LIMS-fil) i startvinduet, og åbn den ønskede .plrn-fil.

Filen åbnes på fanen Start Run (Start kørsel) i Run Setup wizard (Guiden Kørselsopsætning). Fanen Start Run (Start kørsel) viser oplysninger om eksperimentet, der skal køres. Den viser også den eller de tilsluttede instrumentblokke, som eksperimentet kan køres på.

2. Vælg et instrument på fanen Start Run (Start kørsel), og klik på Start Run (Start kørsel).



## Eksport af data til et LIMS

Når kørslen afsluttes, genererer CFX Maestro Dx SE en datafil (.pcrd) og gemmer den på den definerede mappeplacering til dataeksport.

### Sådan eksporteres datafilen til et LIMS

- ▶ Åbn .pcrd-filen og vælg Export > Export to LIMS Folder (Eksportér > Eksportér til LIMS-mappe).

**Tip:** Hvis Automatically Export Data after Run (Eksportér automatisk data efter kørsel) vælges i LIMS-valgmulighederne, genererer CFX Maestro Dx SE en LIMS-kompatibel datafil i .csv-format og gemmer den i den samme mappe.

Tillæg C LIMS-integration

## Tillæg D Fejlfinding i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

Dette tillæg indeholder forslag til fejlfinding af problemer, som du kan støde på under opgraderingen eller kørslen af CFX Maestro Dx Software, Security Editionn.

### Hvidlistning af filer og mapper i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

Din IT-afdeling har muligvis implementeret meget stramme softwaresikkerhedsforanstaltninger med henblik på beskyttelse mod vira og malware. Disse foranstaltninger kan påvirke den tid, det tager at opgradere eller køre CFX Maestro Dx SE.

For at forbedre ydeevnen for CFX Maestro Dx SE, anbefaler Bio-Rad, at din IT-afdeling hvidlister følgende filer og mapper i firewall-indstillingerne i den antivirussoftware, der er installeret på CFX Maestro Dx SE-computeren:

#### Mapper

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx
- C:\ProgramData\Bio-Rad\CFX\_MDx
- C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDx

#### Filer

- Alle .exe-filer i mappen C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx
- R.exe og Rscript.exe (findes i mappen C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx\R\R-3.3.1\bin)

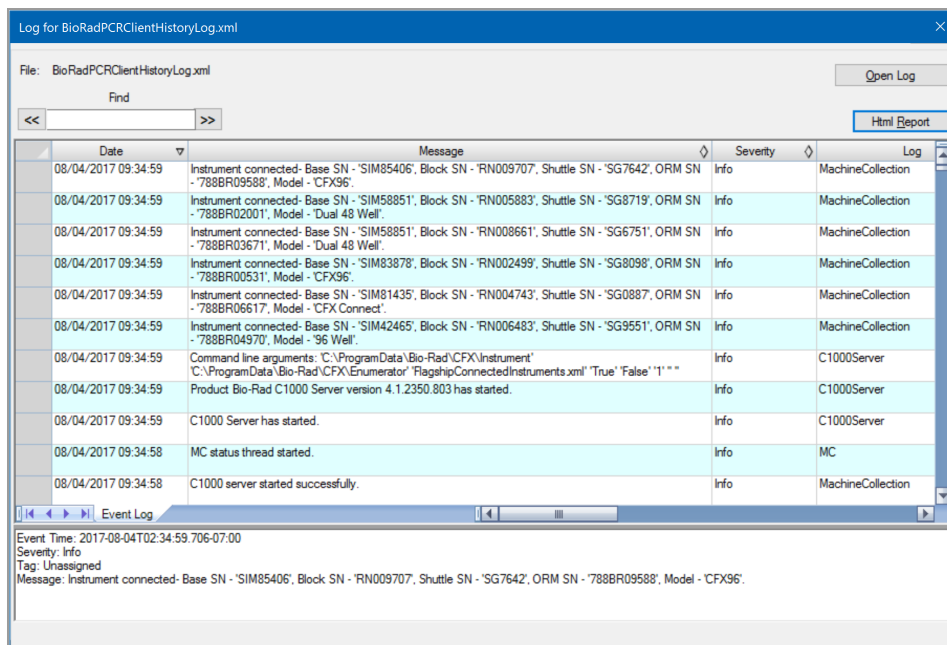
## Programlogfil

Inden en ny kørsel påbegyndes, starter CFX Opus Dx-systemet en selvdiagnosticeringstest for at kontrollere, at kørslen foregår inden for specifikationerne. Resultaterne af denne softwaretest kan ses i Run Log (Kørselslog) og i Application Log (Programlogfil). Hvis du bemærker et problem i et eller flere eksperimenter, skal du åbne og køre programlogfilen for at finde frem til, hvor problemet er opstået.

CFX Maestro Dx SE Dx sporer oplysninger om et instruments tilstand under en kørsel i Application Log (Programlogfil). Brug disse logfiler til at spore hændelser, som opstår på instrumenter og i softwaren og i forbindelse med fejlfinding.

### Sådan åbnes programlogfilen

- Vælg View > Application Log (Vis > Programlogfil) i startvinduet.



Hvis du vil have vist programlogfilen som en HTML-fil, skal du klikke på knappen HTML Report (HTML-rapport).

## Hentning af program- og firmwarelogfiler

Program- og firmwarelogfilerne indeholder oplysninger, der beskriver handlinger udført under brugen af softwaren og udførelsen af kørsler. Disse logfiler registrerer også software- eller firmwarefejl, der opstår under driften af softwaren eller instrumentet.

### Sådan får du adgang til program- og firmwarelogfilerne:

1. I ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) skal du højreklikke på instrumentet.
2. Vælg Retrieve Log Files (Hent logfiler).
3. I dialogboksen Browse for Folder (Søg efter mappe) skal du vælge den destinationsmappe på dit netværk eller et lokalt drev, hvor du vil gemme logfilerne.

**Bemærk:** Mappen hedder "Logs."

4. Klik på OK for at gemme filerne.

**Vigtigt:** Hvis du gemmer en logfil med samme filnavn som en eksisterende logfil, overskrives den eksisterende logfil.

## Fejlfinding

Normalt kan kommunikationsproblemer mellem software og instrument løses ved at genstarte computeren og systemet. Sørg for at gemme igangværende arbejde, før du genstarter.

**Bemærk:** Kontrollér, at computeren har tilstrækkeligt med RAM og ledig diskplads. Minimum RAM er 4 GB, og minimum harddiskplads er 128 GB.

## Strømsvigt

Hvis der opstår strømsvigt, lukker instrumentet og computeren ned. Hvis strømsvigtet er kortvarigt, genoptager instrumentet kørsel af en protokol, men strømsvigtet noteres i programlogfilen. Afhængigt af computerens indstillinger og varigheden af strømsvigtet vil instrumentet og softwaren forsøge at fortsætte, afhængigt af protokoltrinnet:

- Hvis protokollen er i et trin uden pladeaflysning, fortsætter protokollen kørslen, så snart instrumentet igen tilføres strøm.
- Hvis protokollen er i et trin med en pladeaflysning, venter instrumentet på, at softwaren genstarter og genoptager kommunikationen for at indsamle dataene. I denne situation fortsætter protokollen kun, hvis softwaren ikke blev lukket ned af computeren. Protokollen starter igen, når computeren og softwaren starter igen.



## Overførsel af filer til CFX Maestro Dx SE-computeren

Du kan overføre data og logfiler, der findes på instrumentet, til harddisken på en tilsluttet CFX Maestro Dx SE-computer.

**Tip:** Alle filer i real-time-datamappen på instrumentbasen overføres til computeren.

**Bemærk:** Du kan kun overføre logfiler fra CFX Opus Dx-instrumenter. Alle logfiler på instrumentet overføres til computeren.

### Sådan hentes filer fra instrumentet

1. Højreklik på det ønskede instrument i ruden Detected Instruments (Registrerede instrumenter) i startvinduet, og vælg Retrieve Log Files (Hent logfiler).
2. Vælg en mappeplacering, hvor de hentede filer skal gemmes.
3. Klik på OK.

## Manuel installation af CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

### Sådan installeres CFX Maestro Dx SE manuelt

1. Om nødvendigt frakobles alle tilsluttede instrumenter fra computeren.  
Find og frakobl instrumentets USB-kabel fra computeren med CFX Maestro Dx SE installeret. Den ende, der er tilsluttet til instrumentet, behøver ikke at blive frakoblet.
2. Log på computeren med CFX Maestro Dx SE installeret med administratorrettigheder.
3. Tilslut CFX Maestro Dx SEs USB-drev til computerens USB-indgang.
4. Naviger til og åbn CFX Maestro Dx SE USB-drevet i Windows Stifinder.
5. CFX Maestro Dx SE installeres ved at åbne CFX-mappen og dobbeltklikke på CFXMaestro Dx Setup.exe.
6. Følg vejledningen på skærmen for at installere softwaren.  
Efter fuldførelsen vises velkomstskræmen for Bio-Rad CFX Maestro Dx Software, Security Editionn på computerskræmen, og Bio-Rad CFX Maestro Dx Software, Security Editionikonet vises på skrivebordet.
7. Du kan sikkert skubbe USB'en ud og starte CFX Maestro Dx SE.

## Geninstallation af drivere

### Sådan geninstalleres instrumentdrivere

- ▶ Vælg Tools > Reinstall Instrument Drivers (Værktøjer > Geninstaller instrumentdrivere) i startvinduet.

**Bemærk:** Hvis der er problemer med softwarekommunikationen med et real-time-system, når driverne er geninstalleret, og USB-forbindelsen er kontrolleret, skal du kontakte Bio-Rads tekniske support.

Tillæg D Fejlfinding i CFX Maestro Dx Software, Security Editionn

## Tillæg 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!





## Tillæg F Referencer

1. Sugimoto et al. (1996). Improved thermodynamic parameters and helix initiation factor to predict stability of DNA duplexes. *Nucleic Acids Research* 24, 4,501–4,505.
2. Breslauer KJ et al. (1986). Predicting DNA duplex stability from the base sequence. *Proc Nat Acad Sci* 83, 3,746–3,750.
3. Hellemans J et al. (2007). qBase relative quantification framework and software for management and automated analysis of real-time quantitative PCR data. *Genome Biol* 8, R19.
4. Livak JL et al. (1995). Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. *Nature Genetics* 9, 341–342.
5. Pfaffl MW (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic Acids Research* 29, 2,002–2,007.
6. Vandesompele J et al. (2002). Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. *Genome Biology* 3, 1–12.
7. Fox J (2008). *Applied Regression Analysis and Generalized Linear Models*. 2. udgave (New York: SAGE Publications, Inc.).

### **Meddelelse om Minpack copyright (1999) University of Chicago. Alle rettigheder forbeholdes.**

Videregistribution og brug i kildeform og binær form, med eller uden modifikation, er tilladt, hvis følgende betingelser er opfyldt:

1. Videregistributioner af kildekode skal bevare meddelelsen om copyright, denne liste med betingelser og den følgende ansvarsfraskrivelse.
2. Videregistributioner i binær form skal gengive ovenstående meddelelse om copyright, denne liste med betingelser og den følgende ansvarsfraskrivelse i dokumentationen og/eller i andet materiale, der måtte være inkluderet i distribueringen.
3. Eventuel slutbrugerdokumentation, der medtages i videregistributionen, skal indeholde følgende anerkendelse:

“Dette produkt omfatter software udviklet af University of Chicago som operatør af Argonne National Laboratory.”

## Tillæg F Referencer



Bio-Rad Laboratories, Inc.  
4000 Alfred Nobel Drive  
Hercules, CA 94547



Bio-Rad  
3, boulevard Raymond Poincaré  
92430 Marnes-la-Coquette, Frankrig  
Tif.: +33 (0)1 47 95 60 00  
Fax: +33 (0)1 47 41 91 33  
bio-rad.com



**Bio-Rad  
Laboratories, Inc.**

Life Science  
Group

**Website** [bio-rad.com](http://bio-rad.com) **USA** 1 800 424 6723 **Australia** 61 2 9914 2800 **Austria** 00 800 00 24 67 23 **Belgium** 00 800 00 24 67 23 **Brazil** 4003 0399  
**Canada** 1 905 364 3435 **China** 86 21 6169 8500 **Czech Republic** 00 800 00 24 67 23 **Denmark** 00 800 00 24 67 23 **Finland** 00 800 00 24 67 23  
**France** 00 800 00 24 67 23 **Germany** 00 800 00 24 67 23 **Hong Kong** 852 2789 3300 **Hungary** 00 800 00 24 67 23 **India** 91 124 4029300 **Israel** 0 3 9636050  
**Italy** 00 800 00 24 67 23 **Japan** 81 3 6361 7000 **Korea** 82 2 3473 4460 **Luxembourg** 00 800 00 24 67 23 **Mexico** 52 555 488 7670  
**The Netherlands** 00 800 00 24 67 23 **New Zealand** 64 9 415 2280 **Norway** 00 800 00 24 67 23 **Poland** 00 800 00 24 67 23 **Portugal** 00 800 00 24 67 23  
**Russian Federation** 00 800 00 24 67 23 **Singapore** 65 6415 3188 **South Africa** 00 800 00 24 67 23 **Spain** 00 800 00 24 67 23 **Sweden** 00 800 00 24 67 23  
**Switzerland** 00 800 00 24 67 23 **Taiwan** 886 2 2578 7189 **Thailand** 66 2 651 8311 **United Arab Emirates** 36 1 459 6150 **United Kingdom** 00 800 00 24 67 23

