



Software CFX Maestro Dx SE

Guía del usuario
Versión 2.3

REF	
	12014330
	12014334
	12014335
	12014348
	12014349
	12016659
	12016687

Revisión del manual: Mayo de 2022

Revisión del software: 2.3



Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Manual de usuario

Versión 2.3



Asistencia técnica de Bio-Rad™

El departamento de asistencia técnica de Bio-Rad en Iberia abre de lunes a viernes, de 9:00 a 18:00 horas.

Teléfono: 91 490 65 80

Correo electrónico: cts-iberia@bio-rad.com

Para asistencia técnica fuera de los EE. UU. y Canadá, póngase en contacto con su oficina de asistencia técnica local o haga clic en el enlace Contact us (Contacto) en [bio-rad.com](https://www.bio-rad.com).

Aviso

Ninguna parte de esta publicación puede reproducirse ni transmitirse de ninguna manera ni por ningún medio, electrónico o mecánico, incluyendo fotocopias, grabaciones, o cualquier sistema de almacenamiento o recuperación de información, sin permiso por escrito de Bio-Rad Laboratories, Inc.

Bio-Rad se reserva el derecho a modificar sus productos y servicios en cualquier momento. Esta guía está sujeta a cambios sin previo aviso. Aunque preparada para asegurar la precisión, Bio-Rad no asume ninguna responsabilidad por errores u omisiones, o por cualquier daño que resulte de la aplicación o uso de esta información.

BIO-RAD es una marca comercial de Bio-Rad Laboratories, Inc.

SYBR es una marca comercial de Thermo Fisher Scientific Inc.

EvaGreen es una marca comercial de Biotium, Inc.

Todas las marcas comerciales utilizadas en este documento son propiedad de sus respectivos propietarios.

Copyright © 2022 por Bio-Rad Laboratories, Inc. Todos los derechos reservados.

Uso previsto

El Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx™ con Software CFX Maestro Dx, Security Edition™ está diseñado para realizar PCR basadas en fluorescencia para detectar y cuantificar secuencias de ácidos nucleicos. El sistema y el software están previstos para usarse como herramientas de diagnóstico in vitro por parte de técnicos de laboratorio cualificados. Los sistemas están concebidos para su uso con pruebas de diagnóstico de ácido nucleico de terceros, fabricados y etiquetados con fines de diagnóstico.

Definiciones de símbolos

 Fabricante	 Número de lote
 Usar antes de	 Para uso diagnóstico in vitro
 Límite de temperatura	 Número de catálogo
 Consultar instrucciones de uso	 Número de pruebas
 Para usar con	 Número de serie
Rx Only Solo para uso con receta	 Contiene látex

<p>CE</p> <p>Marcado CE - Regulación (EU) 2017/746 IVDR</p>	
---	--

Traducciones

Los documentos del producto se pueden proporcionar en otros idiomas en formato electrónico.

Historial de revisiones

Documento	Fecha	Descripción del cambio
Manual de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition, 2.0 (ID de documento n.º 10000135645)	Diciembre de 2020	Ver. A, versión inicial
Manual de usuario de Software CFX Maestro Dx, Security Edition, 2.3 (ID de documento n.º 10000135645)	Mayo de 2022	<ul style="list-style-type: none">■ Actualizado para admitir CFX Opus Deepwell Dx■ Tabla de descripciones de símbolos actualizada■ Se agregó una nota de ciberseguridad a la introducción

Índice

Uso previsto	iii
Definiciones de símbolos	iii
Traducciones	iv
Historial de revisiones	v
Seguridad y cumplimiento normativo	17
Etiquetas de advertencia de seguridad	17
Seguridad y cumplimiento normativo	19
Cumplimiento de seguridad	19
Compatibilidad electromagnética (EMC)	20
Notas y advertencias de EMC	21
Requisitos ambientales	22
Peligros	23
Peligros biológicos	23
Peligros químicos	25
Peligros relacionados con productos explosivos o inflamables	25
Peligros eléctricos	26
Transporte	26
Batería	26
Eliminación	26
Garantía	27
Capítulo 1 Introducción	29
Principales características del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	31
Descubrir más	31
Capítulo 2 Instalar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition	33
Requisitos del sistema	34
Instalar software CFX Maestro Dx SE	36
Detectar instrumentos conectados	37
Archivos del software	38

Capítulo 3 Gestionar cuentas de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	39
Iniciar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition	40
Añadir usuarios de Microsoft Windows al ordenador del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	42
Añadir y eliminar usuarios del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	44
Gestionar roles de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	46
Ver su rol y sus permisos	47
Capítulo 4 Usar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition	49
Archivos protegidos	49
Capítulo 5 El espacio de trabajo	61
La ventana Home (Inicio)	62
El Startup Wizard (Asistente de inicio)	63
La ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)	64
La ventana del Plate Editor (Editor de placas)	65
La ventana Data Analysis (Análisis de datos)	66
Capítulo 6 La ventana Home (inicio)	67
La ventana Home (inicio)	68
Comandos del menú File (Archivo)	69
Comandos del menú View (Ver)	69
Comandos del menú User (Usuario)	70
Comandos del menú Run (Ejecución)	71
Comandos del menú Tools (Herramientas)	71
Comandos del menú Help (Ayuda)	72
Comandos de la barra de herramientas	73
El Startup Wizard (Asistente de inicio)	74
Barra de estado	74
Panel Detected Instruments (Instrumentos detectados)	75
Visualizar las propiedades de un instrumento	78
Antes de comenzar	80
Crear una mezcla maestra de reacción	80
Calibrar nuevos tintes	83
Establecer las preferencias de usuario	86

Capítulo 7 Crear protocolos	105
Parámetros y rangos para los pasos del protocolo	106
Ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)	108
Comandos del menú File (Archivo)	109
Comando del menú Settings (Ajustes)	109
Comandos del menú Tools (Herramientas)	109
Comandos de la barra de herramientas	109
Controles de edición de protocolos	110
Crear un protocolo en el Protocol Editor (Editor de protocolos)	114
Abrir un nuevo archivo de protocolo en la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolo)	114
Abrir un protocolo existente en la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)	116
Configurar un nuevo protocolo	117
Adición de pasos a un protocolo	120
Insertar un paso de gradiente	121
Insertar un paso GOTO	122
Introducir un paso de curva de fusión	123
Añadir o eliminar un paso de lectura de placa	125
Cambiar las opciones de los pasos	125
Eliminar un paso	126
Copiar, exportar o imprimir un protocolo	126
Crear un protocolo con el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático)	127
Utilizar la Ta Calculator (Calculadora de Ta)	129
Acerca de la calculadora de Ta	129
Capítulo 8 Preparar placas	135
Ventana del Plate Editor (Editor de placas)	136
Comandos del menú File (Archivo)	136
Comandos del menú Edit (Editar)	137
Comandos del menú Settings (Ajustes)	137
Comandos del menú Editing Tools (Herramientas de edición)	138
Comandos de la barra de herramientas	138
Crear un archivo de placa utilizando el editor de placas	140
Abrir un archivo de placa nuevo en el editor de placas	140
Abrir una placa existente en el editor de placas	142
Configurar un nuevo archivo de placa	143

Asignar parámetros opcionales al archivo de placa	151
Asignar un objetivo a los pocillos	151
Asignar un nombre de muestra a los pocillos	154
Asignar grupos biológicos a pocillos	155
Asignar números de repeticiones técnicas a pocillos	158
Asignar una serie de dilución a los tipos de muestra estándar	159
Copiar el contenido del pocillo en otro pocillo	161
Añadir una nota a un pocillo	161
Borrar todo el contenido de los pocillos	162
Cambiar los ajustes del experimento	164
Crear grupos de pocillos	167
Cambiar los estilos de trazo	169
Ver, exportar e importar la placa en formato de hoja de cálculo	171
Crear una disposición de placa usando el asistente de configuración de placas	173
Utilizar el asistente de configuración de la placa	173
Capítulo 9 Ejecutar experimentos	177
La ventana Run Setup (Configuración de ejecución)	178
Acceso a la ventana Run Setup (Configuración de ejecución)	179
Pestaña Protocol (Protocolo)	180
Pestaña Plate (Placa)	183
Pestaña Start Run (Iniciar ejecución)	186
Ejecutar un experimento	187
Cuadro de diálogo Run Details (Detalles de ejecución)	189
Pestaña Run Status (Estado de ejecución)	189
Pestaña Real-time Status (Estado en tiempo real)	192
Pestaña Time Status (Estado de tiempo)	195
Realizar experimentos de PrimePCR	196
Transferir datos autónomos para análisis	198
Transferir datos por correo electrónico	198
Transferir datos desde Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx	198
Transferir datos mediante el Software CFX Maestro Dx, Security Edition	201
Transferir datos utilizando una unidad USB	201
Transferir datos mediante una unidad de red compartida utilizando los sistemas Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx	202

Crear un archivo de datos	202
Capítulo 10 Descripción general del análisis de datos	203
Ventana de análisis de datos	203
Barra de herramientas de análisis de datos	204
Barra de menús del análisis de datos	205
Detalles de la pestaña	210
Step Number Selector (Selector del número de paso)	210
Visualizar los grupos de pocillos en el análisis de datos	211
Cambiar el contenido de los pocillos después de una ejecución	211
Ajustes del análisis de datos	213
Ajustar el umbral	213
Ajustes de referencia	213
Modo de análisis	214
Ciclos a analizar	215
Selector de pocillos	216
Elementos del menú contextual del Well Selector (Selector de pocillos)	217
Excluir temporalmente los pocillos del análisis	218
Gráficos	219
Herramientas de gráficos	219
Ampliar un área en el gráfico	227
Copiar gráficos en un archivo de Microsoft	227
Elementos comunes de menú contextual para gráficos	227
Hojas de cálculo	229
Elementos comunes de menú contextual de hojas de cálculo	229
Export (Exportar)	231
Exporting All Data Sheets (Exportar todas las hojas de datos)	231
Exportar archivos RDML	232
Crear un archivo de exportación personalizado	233
Exportar a una carpeta LIMS	235
Exportar datos con formato Seegene	235
Capítulo 11 Información del análisis de datos	237
Pestaña Quantification (Cuantificación)	238
Opciones de fluorocromo	238
Cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo)	239

Opción Log Scale (Escala logarítmica)	240
Gráfico de curva normalizada	241
Opciones de menú Amplification Chart (Gráfico de amplificación)	242
Hoja de cálculo de la pestaña Quantification (Cuantificación)	242
Pestaña Quantification Data (Datos de cuantificación)	244
Hoja de cálculo de resultados	244
Hoja de cálculo de resultados de la curva normalizada	246
Hoja de cálculo de placas	247
Hoja de cálculo de RFU	248
Pestaña Melt Curve Data (Datos de curva de fusión)	249
Ajustar los datos de la curva de fusión	251
Pestaña Melt Curve Data (Datos de curva de fusión)	252
Hoja de cálculo de picos de fusión	252
Hoja de cálculo de placas	253
Hoja de cálculo de RFU	254
Hoja de cálculo $-d(\text{RFU})/dT$	255
Pestaña de «End Point» (punto final)	256
Datos de resultados	257
Ajustar el análisis de datos de punto final	259
Hoja de cálculo de RFU para el análisis de punto final	259
Pestaña Allelic Discrimination (Discriminación alélica)	260
Ajuste de datos para discriminación alélica	261
Opciones de menú Chart (Diagrama)	262
Hoja de cálculo de discriminación alélica	262
Pestaña Custom Data View (Vista de datos personalizada)	264
Crear una vista de datos personalizada	265
Pestaña QC (Control de calidad)	266
Cambiar los criterios de QC (CC)	267
Excluir los pocillos que no pasan el QC (Control de calidad)	267
Pestaña Run Information (Información de ejecución)	268
Informes de análisis de datos	269
Categorías de informes de análisis de datos	270
Crear un informe de análisis de datos	274
Crear informes de grupos de pocillos	276

Capítulo 12 Análisis de expresión genética	277
Configuración de placa para el análisis de expresión genética	277
Configuración de placa orientada	278
Gráficos de expresión genética	279
Gráficos	281
Cambiar y anotar la vista de gráficos	283
Ajustar los datos de expresión genética	289
Ajustes del experimento	291
Opciones del menú contextual	293
Hoja de cálculo de datos	294
Opción de mostrar detalles	296
Clustergrama	299
Ajustes	299
Opciones del menú contextual	299
Hoja de cálculo de datos	300
Diagrama de dispersión	301
Settings (Ajustes)	301
Opciones del menú contextual	301
Hoja de cálculo de datos	302
Hoja de cálculo de resultados	303
Estudio genético	304
Calibración durante la ejecución	304
Cuadro de diálogo del estudio genético	305
Pestaña de configuración del estudio	305
Preparar un estudio génico	306
Pestaña Study Analysis (Análisis del estudio)	307
Categorías de informe del estudio genético	308
Crear un informe del estudio genético	311
Apéndice A Cálculos de análisis de datos	313
Eficiencia de la reacción	313
Cantidad relativa	313
Cantidad relativa cuando un control está seleccionado	314
Desviación estándar de cantidad relativa	314
Eficiencia corregida Cq (CqE)	315

Cq de eficiencia corregida media (MCqE)	315
Expresión normalizada	316
Expresión y cantidad relativa para grupos biológicos	317
Expresión normalizada cuando un control está seleccionado	317
Desviación estándar de la expresión normalizada	318
Expresión normalizada ajustada al nivel de expresión más alto de la escala	319
Expresión normalizada escalada al nivel de la expresión más bajo	319
Expresión normalizada escalada al nivel de la expresión media	319
Desviación estándar de la expresión normalizada escalada	321
Barras de error para desviación estándar(lg) y error estándar de la media(lg)	322
Cambio doble	323
Fórmulas de valor corregido	324
Cálculo del intervalo de confianza para análisis de grupos biológicos	325
Cálculos del gráfico de cuadros y márgenes	325
Apéndice B Registros de auditoría	327
Visualizar registros de auditoría	327
Eventos auditables	329
Apéndice C Integración de LIMS	333
Crear archivos de datos compatibles con LIMS	333
Configurar las opciones de la carpeta LIMS y la exportación de datos	333
Crear un protocolo de LIMS	335
Crear un archivo LIMS	335
Iniciar una ejecución de LIMS	341
Exportar datos a un LIMS	342
Apéndice D Resolución de problemas del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	343
Archivos y carpetas de la lista blanca del Software CFX Maestro Dx, Security Edition	343
Registro de aplicación	344
Recuperar archivos de registro de aplicaciones y firmware	345
Resolución de problemas	345
Corte del suministro eléctrico	345
Transferir archivos al ordenador del CFX Maestro Dx SE	346
Instalar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition manualmente	346
Reinstalar los controladores	347

Apéndice E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products	349
Software Notices	350
ZedGraph	350
Standard Open License Text	350
LGPL-2.1	350
Apéndice F Referencias	363

Índice

Seguridad y cumplimiento normativo

Los sistemas de PCR en tiempo real CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx (a los que se les conoce en esta guía como Sistema CFX Opus Dx) se calientan y enfrían rápidamente durante el funcionamiento. Para un funcionamiento seguro del sistema de PCR en tiempo real, Bio-Rad recomienda encarecidamente que siga las especificaciones de seguridad que se indican en esta sección y en todo este manual.

Etiquetas de advertencia de seguridad

Etiquetas de advertencia publicadas en el sistema Sistema CFX Opus Dx y en este manual le advierten sobre posibles lesiones o daños. La [Tabla 1](#) define cada etiqueta de advertencia de seguridad.

Tabla 1. Advertencias generales de seguridad








Icono	Significado
	Utilizar el sistema de Sistema CFX Opus Dx antes de leer este manual puede constituir un peligro de lesión personal. El uso de este instrumento de una manera no especificada en este manual o por Bio-Rad puede hacer que las funciones de protección del instrumento se deterioren o deshabiliten.
 	No existen peligros biológicos o radiactivos asociados con el sistema Sistema CFX Opus Dx Solo se deben tener en cuenta estos peligros cuando se introducen en el sistema mediante las muestras que se analizan. Al manipular muestras biopeligrosas o radiactivas, siga las precauciones recomendadas y las directrices específicas de su laboratorio y centro. Estas directrices deben incluir métodos de limpieza, supervisión y eliminación de los materiales peligrosos que está utilizando.
	Además, como se ha señalado anteriormente, existe un pequeño riesgo de explosión o de expulsión de líquidos o vapores de los recipientes de muestra. Cuando se trabaja con materiales peligrosos, el riesgo de lesiones por material expulsado se ve agravado por el riesgo de que el material peligroso en sí pueda dispersarse dentro y alrededor del instrumento. Los usuarios deben tomar las precauciones adecuadas para tal situación.

Tabla 1. Advertencias generales de seguridad, continuación

Icono	Significado
	<p>Los sistemas de Sistema CFX Opus Dx funcionan a temperaturas lo suficientemente altas como para causar quemaduras graves. Permita siempre que el bloque de muestras vuelva a la temperatura de la sala antes de abrir la tapa y eliminar las muestras. Incluso después de que el bloque de muestras se haya enfriado, las áreas circundantes, así como la placa térmica, pueden permanecer calientes durante bastante tiempo. En situaciones en las que no se dispone de tiempo suficiente para permitir que el instrumento se enfríe, se recomienda el uso de equipo de protección como guantes térmicos o «manoplas de cocina».</p>
	<p>La seguridad y el rendimiento de cualquier sistema que incorpore un sistema Sistema CFX Opus Dx es responsabilidad exclusiva del montador del sistema.</p>
	<p>El sistema de Sistema CFX Opus Dx puede calentarse lo suficiente durante el transcurso del funcionamiento normal como para hacer que los líquidos de las muestras hiervan o se evaporen, presurizando los recipientes de muestras. Existe la posibilidad de que los recipientes de muestras fallen, provocando fugas, pulverización de líquido o ruptura explosiva y expulsión de vapores o líquidos dentro y alrededor del instrumento.</p> <p>Los usuarios siempre deben utilizar el instrumento con la tapa cerrada o usar gafas de seguridad, guantes térmicos y otro equipo de protección personal durante la operación para evitar lesiones. Abrir el instrumento mientras las muestras aún están calientes, como después de abortar una ejecución, puede hacer que los recipientes presurizados goteen, rocíen o derramen líquido. Deje siempre que las muestras se enfríen antes de abrir la tapa.</p> <p>Los usuarios nunca deben ejecutar una reacción con una tapa o sello que esté abierto, suelto, perforado o dañado de otra manera porque aumentará la probabilidad de una ruptura o explosión peligrosa.</p> <p>Los usuarios nunca deben ejecutar una reacción con reactivos volátiles que puedan aumentar la probabilidad de una ruptura o explosión peligrosa.</p>

Seguridad y cumplimiento normativo

Cumplimiento de seguridad

Los sistemas de Sistema CFX Opus Dx ha sido probado y cumple con todos los requisitos aplicables de las siguientes normas electromagnéticas y de seguridad:

- IEC 61010-1:2010 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio, Parte 1: requisitos generales
- IEC 61010-2-010:2019 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-010: requisitos particulares para equipos de laboratorio para el calentamiento de materiales
- IEC 61010-2-081:2019 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-081: requisitos particulares para equipos de laboratorio automáticos y semiautomáticos para análisis y otros propósitos
- IEC 61010-2-101:2018 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-101: requisitos particulares para equipo médico de diagnóstico in vitro (IVD)

- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-1-12:2018 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 1: requisitos generales
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-2-010:19 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-010: requisitos particulares para equipos de laboratorio para el calentamiento de materiales
- CAN/CSA-C22.2 NO. 61010-2-081:19 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-081: requisitos particulares para equipos de laboratorio automáticos y semiautomáticos para análisis y otros propósitos
- CSA-C22.2 NO. 61010-2-101:19 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-101: requisitos particulares para equipo médico de diagnóstico in vitro (IVD)

- EN 61010-1:2010 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 1: requisitos generales
- EN 61010-2-010:2014 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-010: requisitos particulares para equipos de laboratorio para el calentamiento de materiales

- EN 61010-2-081:2015 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-081: requisitos particulares para equipos de laboratorio automáticos y semiautomáticos para análisis y otros propósitos
- EN 61010-2-101:2017 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-101: requisitos particulares para equipo médico de diagnóstico in vitro (IVD)
- UL 61010-1:2012 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 1: requisitos generales
- UL 61010-2-010:2019 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-010: requisitos particulares para equipos de laboratorio para el calentamiento de materiales
- UL 61010-2-081:2019 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-081: requisitos particulares para equipos de laboratorio automáticos y semiautomáticos para análisis y otros propósitos
- UL 61010-2-101:19 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio - Parte 2-101: requisitos particulares para equipo médico de diagnóstico in vitro (IVD)

Compatibilidad electromagnética (EMC)

Los sistemas de Sistema CFX Opus Dx ha sido probado y cumple con todos los requisitos aplicables de los siguientes estándares de compatibilidad electromagnética:

- IEC 61326-1:2012 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio (requisitos EMC) - Parte 1: requisitos generales Probado como dispositivo de Clase A
- IEC 61326-2-6:2012 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio (requisitos de EMC) - Parte 2-6: requisitos particulares para equipo médico de diagnóstico in vitro (IVD)
- EN 61326-1:2013 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio (requisitos de EMC) - Parte 1: requisitos generales Probado como dispositivo de Clase A
- EN 61326-2-6:2013 Requisitos de seguridad para equipos eléctricos para medición, control y uso en laboratorio (requisitos EMC) - Parte 2-6: requisitos particulares para equipo médico de diagnóstico in vitro (IVD)
- FCC, Parte 15, Subparte B, Secciones 15.107 y 15.109. Probado como dispositivo digital de Clase A
- CAN ICES-003v6: 2019 Estándar de equipos que causan interferencias, equipos de tecnología de la información (incluidos los aparatos digitales) - Límites y métodos de medición. Probado según los límites de la Clase A

Notas y advertencias de EMC

- **Advertencia:** Los cambios o modificaciones realizados en esta unidad, sin autorización expresa por parte de Bio-Rad, podrían invalidar la autorización del usuario para utilizar el equipo.
- **Nota:** Se ha comprobado que este equipo cumple los límites de los dispositivos digitales de clase A de acuerdo con la parte 15 de las reglas de la FCC. Estos límites están diseñados para ofrecer una protección razonable contra interferencias perjudiciales cuando el equipo se utiliza en un entorno comercial. Este equipo genera, utiliza y puede irradiar energía de radiofrecuencia y, si no se instala y se utiliza de acuerdo con el manual de instrucciones, puede causar interferencias perjudiciales en las comunicaciones por radio. La utilización de este equipo en una zona residencial puede causar interferencias perjudiciales, en cuyo caso se requerirá que el usuario corrija la interferencia por sus propios medios.
- **Nota relativa al cumplimiento de las directrices de la FCC:** A pesar de que este instrumento se ha probado y se ha demostrado que cumple con la Parte 15, Subparte B de las normas de la FCC para un dispositivo digital de Clase A, tenga en cuenta que dicho cumplimiento es voluntario, dado que el instrumento está clasificado como un «dispositivo exento» bajo 47 CFR 15.103(c), en relación a las normas citadas de la FCC en vigor en el momento de fabricación.
- **Nota relativa a los cables:** Este instrumento se ha probado para el cumplimiento de EMC usando cables USB especialmente diseñados, que se suministran con el instrumento. Estos cables, o los cables de sustitución autorizados por Bio-Rad, deben usarse con este instrumento para asegurar el cumplimiento continuo de los límites de emisiones EMC.

Requisitos ambientales

El Sistema CFX Opus Dx se han diseñado para funcionar de forma segura en las condiciones ambientales que se enumeran en la siguiente tabla.

Tabla 2. Requisitos ambientales de Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx

Parámetro	Especificación
Entorno	Uso exclusivo en interiores
Altitud de funcionamiento	Hasta 2000 metros sobre el nivel del mar
Temperatura ambiente de la sala	15–31 °C*
Temperatura de transporte y almacenamiento	de –20° a 60°C** de –4 a 140 °F
Humedad relativa	Del 20 % al 80 % (sin condensación)***
Potencia de funcionamiento	de 100 a 240 VCA ± 10 %, 50/60–850 Hz, 850 W máx.
Fluctuación de tensión de alimentación de red	±10 %
Uso de máxima potencia	<850 vatios
Fusibles	10 A, 250 V, 5 x 20 mm, rápido (ctd. 2)
Categoría de sobrevoltaje	II
Grado de contaminación	2

*Es posible que el funcionamiento del instrumento fuera de este rango de temperatura no cumpla con las especificaciones de rendimiento. Una temperatura ambiente entre 5 y 40 °C se considera segura.

**Almacene y transporte el instrumento en su contenedor de envío para cumplir con estas condiciones de temperatura.

***La operación del instrumento a 4 °C debe limitarse a 18 horas en estas condiciones. Se pueden mantener a 4° C durante un máximo de 72 horas si la humedad es inferior al 60 % (sin condensación).

Peligros

El Sistema CFX Opus Dx está diseñado para funcionar de manera segura cuando se usa de la manera prescrita por el fabricante. Si el sistema o cualquiera de sus componentes asociados se utilizan de una manera no especificada por el fabricante, la protección inherente que proporciona el instrumento puede verse afectada. Bio-Rad no se hace responsable de ninguna lesión o daño causado por el uso de este equipo de una manera no especificada, o por modificaciones en el instrumento no realizadas por Bio-Rad o un agente autorizado. El servicio del Sistema CFX Opus Dx debe realizarlo solo personal del Bio-Rad con formación.

Peligros biológicos

El de Sistema CFX Opus Dx es productos de laboratorio. No obstante, en caso de presencia de muestras biopeligrosas, observe las pautas siguientes y cumpla todas las pautas locales específicas de su laboratorio y de su localidad.

Nota: Durante el uso normal de este instrumento, no se consume ninguna sustancia biopeligrosa.

Precauciones generales

- Utilice siempre bata de laboratorio, guantes de laboratorio y gafas de seguridad con protectores laterales o gafas protectoras.
- Mantenga las manos alejadas de la boca, la nariz y los ojos.
- Proteja por completo cualquier corte o abrasión antes de trabajar con materiales potencialmente infecciosos.
- Lávese bien las manos con agua y jabón después de trabajar con cualquier material potencialmente infeccioso antes de abandonar el laboratorio.
- Si lleva reloj de pulsera o joyas, quíteselos antes de trabajar en el banco del laboratorio.
- Conserve todo el material infeccioso o potencialmente infeccioso en recipientes irrompibles a prueba de fugas.
- Antes de salir del laboratorio, quítese la indumentaria protectora.
- Cuando lleve puestos los guantes, no escriba, responda al teléfono, encienda un interruptor de luz ni toque nada que otras personas puedan tocar sin guantes.
- Cámbiese de guantes frecuentemente. Quítese los guantes inmediatamente cuando estén visiblemente contaminados.
- No exponga materiales que no puedan descontaminarse adecuadamente a materiales potencialmente infecciosos.

Seguridad y cumplimiento normativo

- Tras finalizar una operación con un material biopeligroso, descontamine la zona de trabajo con un desinfectante apropiado (por ejemplo, una dilución 1:10 de lejía doméstica).

Descontaminación de la superficie



¡ADVERTENCIA! Para evitar descargas eléctricas, apague siempre y desconecte el instrumento antes de realizar los procedimientos de descontaminación.

Las siguientes áreas se pueden limpiar con cualquier bactericida, virucida o fungicida desinfectante de grado hospitalario:

- Tapa exterior y chasis
- Superficie interior del bloque de muestra y pocillos del bloque de muestra
- Panel de control y pantalla

Para preparar y aplicar el desinfectante, consulte las instrucciones proporcionadas por el fabricante del producto. Enjuague siempre el bloque de muestras y los pocillos del bloque de muestras varias veces con agua después de aplicar un desinfectante. Seque minuciosamente el bloque de muestras y los pocillos del bloque de muestras después de enjuagarlos con agua.

Importante: No utilice detergentes abrasivos o corrosivos o soluciones alcalinas fuertes. Estos agentes pueden rallar las superficies y dañar el bloque de muestras y provocar una pérdida de precisión del control térmico.

Eliminación de materiales biopeligrosos

Deseche los siguientes materiales potencialmente contaminados de acuerdo con las normativas locales, regionales y nacionales para laboratorios.

- Muestras clínicas
- Reactivos
- Recipientes de reacción usados u otros consumibles usados que puedan estar contaminados

Peligros químicos

El de Sistema CFX Opus Dx n contiene materiales químicos potencialmente peligrosos.

Peligros relacionados con productos explosivos o inflamables

El de Sistema CFX Opus Dx no supone un peligro común relacionado con la inflamabilidad o explosión cuando se usa de manera adecuada según lo especificado por Laboratorios de Bio-Rad.

Peligros eléctricos

El de Sistema CFX Opus Dx nosupone un grado excepcional de peligro eléctrico para los operarios si se instala y se utiliza adecuadamente sin modificaciones físicas y conectado a una toma de corriente con las características adecuadas.

Transporte

Antes de mover o enviar el Sistema CFX Opus Dx, deben realizarse procedimientos de descontaminación. Siempre mueva o envíe el sistema en un contenedor separado en el material de embalaje suministrado por Bio-Rad para proteger el sistema de cualquier daño.

Para obtener información sobre el transporte del sistema y solicitar el material de embalaje adecuado, póngase en contacto con su oficina de Bio-Rad.

Batería

El de Sistema CFX Opus Dx utiliza una pilas de botón de litio de 3 Vpilas para conservar la configuración de la hora en el caso de pérdida de energía de CA. Si la hora no se conserva al apagar la unidad, puede ser indicativo de que las pilas se están quedando sin energía.



¡ADVERTENCIA! No intente cambiar las pilas. No son reparables por el usuario. En cambio, póngase en contacto con la asistencia técnica de Bio-Rad para recibir ayuda.

Únicamente para el Estado de California, EE. UU.

- Material de perclorato: las baterías de litio contienen material de perclorato, por lo que puede ser necesario un manejo especial. Consulte www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate.

Eliminación

El sistema de Sistema CFX Opus Dx contiene materiales eléctricos; estos se deben eliminar como residuos no clasificados y se deben recoger por separado, de acuerdo con la Directiva de la Unión Europea 2012/19/UE acerca de los residuos y el equipo electrónico — Directiva WEEE. Antes de la eliminación, póngase en contacto con su representante local de Bio-Rad para obtener instrucciones específicas de su país.

Garantía

El de Sistema CFX Opus Dx and sus accesorios asociados están cubiertos por la garantía de Bio-Rad estándar. Póngase en contacto con su oficina de Bio-Rad local para obtener más información sobre la garantía.

Seguridad y cumplimiento normativo

Capítulo 1 Introducción

Los sistemas de amplificación por PCR de alto rendimiento de Bio-Rad cuentan con los últimos avances tecnológicos, proporcionando una mayor precisión y reproducibilidad en la amplificación de ácidos nucleicos para experimentos genómicos.

El Software CFX Maestro Dx, Security Edition de Bio-Rad es compatible con los siguientes instrumentos y cuenta con archivos de ejecución optimizados para las evaluaciones de sonda y cebador PrimePCR de Bio-Rad:

- CFX Sistema de PCR en tiempo real de Opus 96 Dx (indicado en este manual como el CFX Opus 96 Dx)
- CFX Sistema de PCR en tiempo real Opus 384 Dx (indicado en este manual como el CFX Opus 384 Dx)
- Sistema de PCR en tiempo real Opus Deepwell Dx de CFX (al que se hace referencia en esta guía como CFX Opus Deepwell Dx)

El uso del Software CFX Maestro Dx, Security Edition (indicado en este manual como el CFX Maestro Dx SE) le permite interpretar datos complejos y elaborar poderosos estudios para el análisis genético. Con solo unos pocos clics, puede configurar estudios y comprender su estudio de expresión genética con herramientas como las pruebas de t, ANOVA unidireccional, análisis de controles de PrimePCR y la herramienta de selección de genes de referencia. Posteriormente, puede preparar sus resultados para publicaciones y pósteres con la visualización de datos altamente personalizable y las herramientas de anotación del CFX Maestro Dx SE.

Nota: La visualización de algunas pantallas en CFX Maestro puede parecer diferente a las representadas en esta guía de usuario. La visualización en el software es correcta y la funcionalidad es la misma.

Importante: La ciberseguridad es la protección de los activos en el ciberespacio frente a los ciberataques. Por lo tanto, la ciberseguridad es la capacidad que tiene Bio-Rad para proteger a su gente y para preservar la información, los sistemas y la reputación en el ciberespacio. El ciberespacio es un mundo siempre activo y tecnológicamente interconectado; se compone de personas, organizaciones, información y tecnología.

Es importante reaccionar rápidamente ante los problemas de ciberseguridad Si sospecha que puede haber un problema de seguridad cibernética con respecto a su instrumento o que se ha infringido la seguridad cibernética en su sitio, póngase en contacto con su representante de Bio-Rad para obtener asistencia técnica de inmediato.

Principales características del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Con el CFX Maestro Dx SE puede hacer lo siguiente:

- Analizar datos mediante gráficos de barras, clustergramas o diagramas de dispersión para interpretar y comprender rápidamente los resultados.
- Personalizar la representación de sus datos y exportar gráficos de alta resolución para publicar o generar informes.
- Determinar la calidad del ARN y resolver problemas de experimentos con controles de análisis PrimePCR.
- Seleccionar el gen de referencia apropiado y analizar su estabilidad con la herramienta de selección de genes de referencia.
- Realizar análisis estadísticos, incluyendo ANOVA unidireccional, en análisis de expresión genética.

Este manual de usuario explica estas funciones y cómo usarlas.

Descubrir más

Después de instalar CFX Maestro Dx SE y configurar el instrumento de PCR de Bio-Rad asociado, puede consultar esta guía además de los temas de ayuda detallada del menú Help (Ayuda) de CFX Maestro Dx SE que aparece en cualquier pantalla.

Consejo: Haga clic en el logotipo de Bio-Rad en la esquina superior derecha de cualquier ventana del CFX Maestro Dx SE para abrir la página web de Bio-Rad. Este portal incluye enlaces a notas técnicas, manuales, vídeos, información de producto y soporte técnico. Este portal también proporciona muchos recursos técnicos en una amplia variedad de métodos y solicitudes relacionados con el PCR, el PCR en tiempo real y la expresión genética.

Capítulo 2 Instalar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Este capítulo explica cómo instalar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition. Para obtener información sobre la configuración de instrumentos de PCR en tiempo real compatibles con Bio-Rad, consulte el manual correspondiente.

CFX Maestro Dx SE es necesario para analizar datos de PCR en tiempo real de los sistemas de PCR en tiempo real CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx. También puede usar este software para controlar estos sistemas en el modo controlado por software.

Los sistemas CFX Opus Dx se envían con un cable USB en la bolsa de accesorios. Utilice el cable USB para conectar el ordenador en el que se ejecuta el CFX Maestro Dx SE al Sistema CFX Opus Dx.

Retire el material de embalaje y guárdelo para utilizarlo en el futuro. Si falta algún elemento o está en mal estado, póngase en contacto con su oficina local de Bio-Rad.

Requisitos del sistema

En la [Tabla 3](#) se enumeran los requisitos mínimos y recomendados del sistema para el ordenador en el que se utiliza el CFX Maestro Dx SE.

Tabla 3. Requisitos del ordenador para el CFX Maestro Dx SE

Sistema	Mínimo	Recomendado
Sistema operativo	Microsoft Windows 10 (solo 64 bits), compilación 1511 o posterior, con las últimas actualizaciones de seguridad.	Microsoft Windows 10 (solo 64 bits), compilación 1511 o posterior, con las últimas actualizaciones de seguridad.
<p>Nota: Windows 11 también es compatible con Software CFX Maestro Dx, Security Edition.</p> <p>Importante: El arranque seguro debe estar deshabilitado en los ordenadores en los que se ejecute el CFX Maestro Dx SE. Los ordenadores en los que se ejecute CFX Maestro Dx SE deben configurarse de manera que no se reinicien automáticamente después de una actualización del sistema o de seguridad si hay una ejecución en curso. Consulte al administrador del sistema para obtener ayuda.</p>		
Puertos	2 puertos de alta velocidad USB 2.0	2 puertos de alta velocidad USB 2.0
Espacio de disco duro	128 GB	128 GB
Velocidad del procesador	2,4 GHz, doble núcleo	2,4 GHz, núcleo cuádruple
RAM	4 GB de RAM	8 GB de RAM
Resolución de pantalla	1024 x 768 con modo de color verdadero	1280 x 1024 con modo de color verdadero
Lector de PDF		Lector de PDF de Adobe o el lector de PDF de Windows de una de las versiones compatibles con Microsoft Office Suites: <ul style="list-style-type: none"> ■ 2016 ■ 2019
Localización	Microsoft Windows de 64 y 64 bits OS compatible en inglés, chino y ruso	Microsoft Windows de 64 y 64 bits OS compatible en inglés, chino y ruso

Nota: Si desea procesar el software de control de automatización CFX en el mismo ordenador que el CFX Maestro Dx SE, establezca la resolución de pantalla en 1280 x 1024 con el modo True Color.

Instalar software CFX Maestro Dx SE

Importante: Debe desconectar todos los instrumentos del ordenador del CFX Maestro Dx SE antes de instalar o actualizar el software. No tiene que apagar el instrumento durante la instalación del software. Asegúrese de que ha guardado todas las ejecuciones y de que no hay ningún experimento en marcha.

Nota: Verifique que el Secure Boot (Arranque seguro) esté desactivado antes de comenzar el procedimiento de instalación. Asegúrese de que el ordenador esté configurado de manera que no se reinicie automáticamente después de una actualización del sistema o de seguridad si hay una ejecución en curso. Consulte al administrador del sistema para obtener ayuda.

Para instalar el software CFX Maestro Dx SE

1. Si es necesario, desconecte todos los instrumentos del ordenador.

Localice y desconecte el cable USB del instrumento al ordenador del CFX Maestro Dx SE. El extremo insertado en el Sistema CFX Opus Dx puede permanecer conectado.

2. Inicie sesión en el ordenador del CFX Maestro Dx SE con privilegios de administrador.
3. Inserte la unidad USB del software CFX Maestro Dx SE en el puerto USB del ordenador.
4. En el explorador de Windows, abra la unidad USB del software CFX Maestro Dx SE.

La unidad USB contiene las notas de la versión y las siguientes carpetas:

- CFX
- Drivers (Controladores)
- Firmware
- Quick Start (Inicio rápido)

Junto con otros archivos, la carpeta de CFX contiene el instalador del software de CFX Maestro Dx SE (CFXMaestroDxSetup.exe).

5. Abra la carpeta del CFX y haga doble clic en CFXMaestroDxSetup.exe para iniciar el instalador.
6. Siga las instrucciones de instalación que aparecen en la pantalla.

Cuando se completa, el icono Bio-RadSoftware CFX Maestro Dx, Security Edition aparece en el escritorio del ordenador.

Consejo: El instalador de CFX Maestro instala automáticamente la guía de usuario de Software CFX Maestro Dx, Security Edition. Para ubicar estas guías, vaya al menú Help (Ayuda) y seleccione Open User Guides (Abrir guías de usuario).

7. Al terminar la instalación, puede retirar con seguridad la unidad USB del software.

Detectar instrumentos conectados

Durante la instalación, el instalador del CFX Maestro Dx SE instala automáticamente los controladores del instrumento en el ordenador del CFX Maestro Dx SE. El CFX Maestro Dx SE detecta los instrumentos conectados cuando inicia el software.

Para detectar instrumentos conectados

1. Si todavía no lo ha hecho, inserte el extremo cuadrado (macho) del cable USB tipo B suministrado en el puerto USB tipo B ubicado en la parte trasera de la base del instrumento.
2. Inserte el otro extremo (puerto) en un puerto USB del ordenador del CFX Maestro Dx SE.
3. Si el instrumento no está ya en funcionamiento, pulse el botón de encendido en la parte trasera del instrumento para encenderlo.
4. Inicie el CFX Maestro Dx SE.

El software detecta automáticamente el instrumento conectado y muestra su nombre en el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados) en la ventana Home (Inicio).

Nota: Si el instrumento no aparece en el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), verifique que el cable USB está conectado correctamente. Para reinstalar los drivers, seleccione Tools (Herramientas) > Reinstall Instrument Drivers (Reinstalar drivers del instrumento) en la ventana Home (Inicio) del CFX Maestro Dx SE.

Archivos del software

La [Tabla 4](#) enumera los tipos de archivos de CFX Maestro Dx SE.

Tabla 4. tipos de archivos CFX Maestro Dx SE

Tipo de archivo	Extensión	Detalles
Protocolo	.prcl	Contiene los detalles de configuración del protocolo para realizar una ejecución PCR.
Placa	.pltd	Contiene los detalles de configuración de la placa para realizar una ejecución PCR.
Datos	.pcrd	Contiene los resultados de una ejecución del experimento y el análisis de PCR.
Ejecución PrimePCR	.csv	Contiene el protocolo y el esquema de placa para placas PrimePCR.
Estudio genético	.mgxd	Contiene resultados de múltiples ejecuciones PCR y análisis de expresión genética.
Archivo de datos previos autónomos	.zpcr	Contiene lecturas de fluorescencia de funcionamiento autónomo convertidas a un archivo de datos.
LIMS	.plm	Contiene información de protocolo y configuración de placa requerida para realizar una ejecución compatible con LIMS.
JSON	.json	Un archivo de solo lectura generado solo mediante los sistemas CFX Opus Dx; este archivo contiene los datos del archivo de ejecución que aparecen en el panel de detalles del File Browser (Explorador de archivos) cuando se selecciona un archivo de ejecución. Este archivo se genera después de que se completa una ejecución. Se exporta con el archivo .zpcr y se guarda con los archivos de datos cuando la ubicación para guardar es una unidad USB o una carpeta de red compartida.

Capítulo 3 Gestionar cuentas de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

En el Software CFX Maestro Dx, Security Edition, los usuarios inician sesión con su nombre de usuario y contraseña de Windows. A la persona que instala el CFX Maestro Dx SE se le asigna automáticamente el rol Administrator (Administrador) y puede crear y gestionar cuentas y roles de usuario. Todos los demás usuarios deben tener asignada una cuenta de usuario para poder iniciar sesión y utilizar el software.

Importante: Cada usuario debe tener una cuenta de Windows y una contraseña en el ordenador del CFX Maestro Dx SE antes de que se les pueda asignar una cuenta de usuario y un rol. Los usuarios pueden ser miembros del grupo de usuarios de Windows o del grupo de administradores de Windows. Los miembros del grupo de usuarios de Windows solo pueden acceder a sus propios archivos y carpetas del CFX Maestro Dx SE. Los miembros del grupo de administradores de Windows pueden acceder a los archivos y carpetas de todos los usuarios del ordenador.

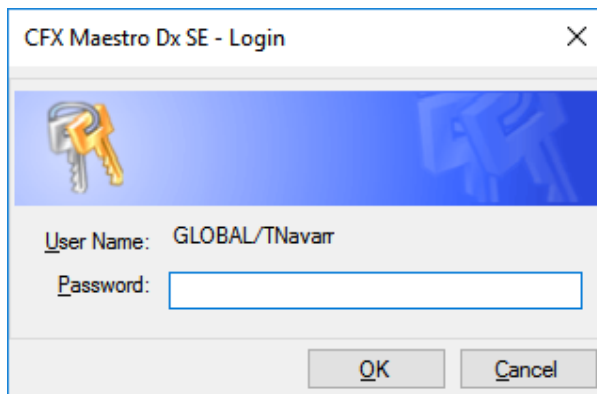
En esta sección se explica cómo crear usuarios de Microsoft Windows para poder añadir esos usuarios al CFX Maestro Dx SE. En esta sección también se explica cómo añadir usuarios del CFX Maestro Dx SE y gestionar los roles y los permisos de los usuarios.

Iniciar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Nota: Cada usuario debe iniciar sesión con su nombre de usuario y contraseña de Windows.

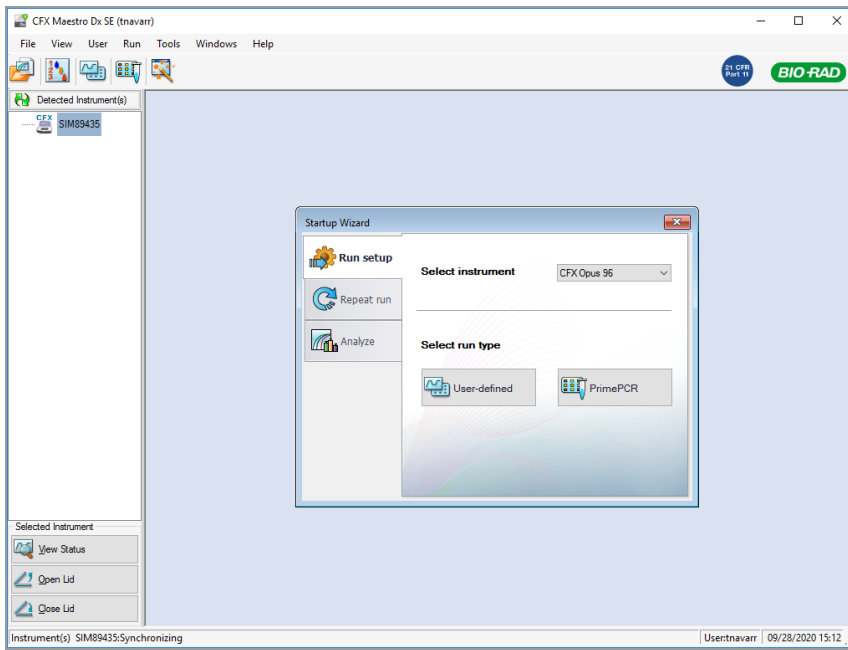
Para iniciar el CFX Maestro Dx SE

1. En el escritorio del ordenador del CFX Maestro Dx SE, haga doble clic en el icono de acceso directo del CFX Maestro Dx SE para iniciar la aplicación.
2. En el cuadro de diálogo Login (Iniciar sesión), escriba su contraseña de Windows y haga clic en OK (Aceptar).



El CFX Maestro Dx SE se abre en la ventana Home (Inicio). La barra de título muestra el nombre de usuario de Windows del usuario que ha iniciado sesión, y la barra de menú muestra una etiqueta azul que indica que el software cumple con 21 CFR, Parte 11; por ejemplo:

Iniciar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition



Añadir usuarios de Microsoft Windows al ordenador del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

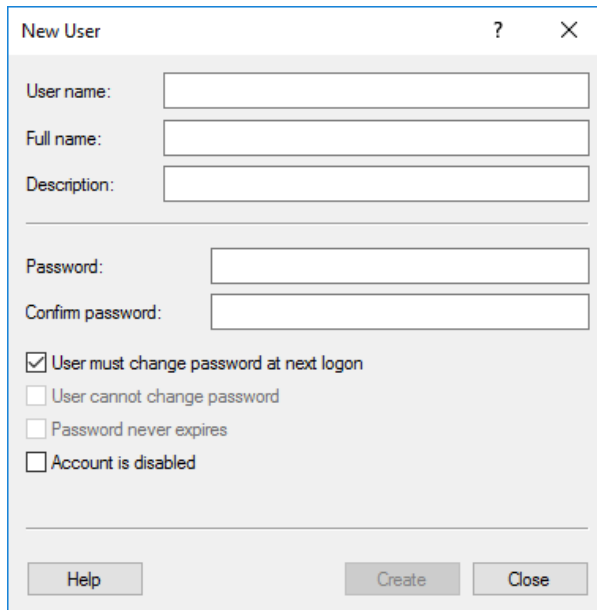
Todos los usuarios deben iniciar sesión en el ordenador del CFX Maestro Dx SE con su nombre de usuario y contraseña de Windows. Para un seguimiento de auditoría preciso, las cuentas de usuario de Windows no se pueden añadir mediante el cuadro de diálogo Start (Inicio) > Settings (Configuración) > Accounts (Cuentas). Las cuentas de usuario de Windows **deben** añadirse a través de la consola Computer Management (Administración de equipos).

Importante: Los cambios realizados en las propiedades del usuario de Windows (incluido el nombre de usuario y el nombre completo) después de haber creado el usuario del CFX Maestro Dx SE invalidan el usuario del CFX Maestro Dx SE. Asegúrese de que la información sea correcta antes de guardar el usuario de Windows y crear el usuario del CFX Maestro Dx SE.

Consejo: Consulte la documentación de administración de Microsoft Windows y póngase en contacto con el administrador del sistema de Windows para obtener más información antes de crear cuentas de Windows.

Para añadir cuentas de usuario de Windows al ordenador del CFX Maestro Dx SE

1. Inicie sesión en el ordenador del CFX Maestro Dx SE como miembro del grupo de administradores de Windows.
2. En el escritorio, haga clic con el botón derecho en My Computer (Este equipo) y seleccione Manage (Administrar) para abrir la consola Computer Management (Administración de equipos).
3. En la consola Computer Management (Administración de equipos), expanda Local Users and Groups (Usuarios y grupos locales).
4. Haga clic con el botón derecho en la carpeta Users (Usuarios) y seleccione New User (Nuevo usuario) para abrir el cuadro de diálogo New User (Nuevo usuario).



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. En el cuadro de diálogo New User (Nuevo usuario), debe completar los siguientes campos:
 - User name (Nombre de usuario)
 - Full name (Nombre completo)
 - Password (Contraseña)
 - Confirm password (Confirmar contraseña)
6. Haga clic en Create (Crear).

Añadir y eliminar usuarios del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Consejo: Solo los usuarios con el rol Administrator (Administrador) del CFX Maestro Dx SE pueden crear y eliminar cuentas de usuario del CFX Maestro Dx SE. A la persona que instala el CFX Maestro Dx SE se le asigna automáticamente el rol Administrator (Administrador). Esa persona puede asignar el rol Administrator (Administrador) a otros usuarios.

Nota: En el CFX Maestro Dx SE, al menos un usuario debe tener asignado el rol Administrator (Administrador).

Para añadir cuentas de usuario del CFX Maestro Dx SE

1. Compruebe que cada usuario concreto sea miembro del grupo de usuarios de Windows o del grupo de administradores de Windows, y tenga una contraseña de Windows en el ordenador del CFX Maestro Dx SE.
2. Inicie el CFX Maestro Dx SE e inicie sesión como Administrator (Administrador).
3. En la ventana Home (Inicio), seleccione User (Usuario) > User Administration (Administración de usuarios).

Aparece el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios).

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

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

Buttons: Restore Default Rights, OK, Cancel

4. En la sección Manage Users (Gestionar usuarios), proporcione la siguiente información para cada usuario:

- **User name** (Nombre de usuario): en el CFX Maestro Dx SE, este **debe** ser el nombre de usuario de inicio de sesión de Windows.
- **Full name** (Nombre completo); nombre completo del usuario.

Este nombre aparece en el campo Full User (Usuario completo) en el registro de auditoría. Este nombre debe ser el mismo que se introdujo en el campo Full Name (Nombre completo) a la hora de crear el usuario de Windows.

- **Role** (Rol): el rol que se asignará al usuario.

Nota: Puede seleccionar solo un rol en la lista desplegable. Consulte [Gestionar roles de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition](#) para obtener más información.

- **Domain** (Dominio): el dominio de Windows desde el que el usuario accede al software.

Consulte al administrador del sistema de Windows para obtener más información.

5. Haga clic en OK (Aceptar) y, a continuación, haga clic en Yes (Sí) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios).

Para eliminar una cuenta de usuario del CFX Maestro Dx SE

1. Inicie el CFX Maestro Dx SE e inicie sesión como Administrator (Administrador).
2. En la ventana Home (Inicio), seleccione User (Usuario) > User Administration (Administración de usuarios) para abrir el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios).
3. En el panel Manage Users (Administrar usuarios), seleccione Remove (Eliminar) para cada usuario que desee eliminar.
4. Haga clic en OK (Aceptar) y, a continuación, haga clic en Yes (Sí) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios).

Gestionar roles de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Importante: El CFX Maestro Dx SE requiere que al menos un usuario tenga asignado el rol de Administrator (Administrador). Puede asignar este rol a más de un usuario.

El CFX Maestro Dx SE tiene cuatro roles de usuario. El usuario debe tener un rol asignado para poder acceder al software. Aunque a los usuarios solo se les puede asignar un rol, puede cambiar el rol de un usuario en cualquier momento.

A excepción del rol Administrator (Administrador), puede cambiar los permisos asignados a cada rol. Todos los usuarios a los que se les haya asignado un rol adquieren únicamente los permisos de ese rol.

De forma predeterminada, los derechos de cada rol son los siguientes:

- Administrator (Administrador): este rol tiene todos los permisos; no se pueden cambiar estos permisos.
- Principal (Principal): este rol tiene todos los permisos excepto el permiso para configurar el correo electrónico.
- Operator (Operador): este rol tiene todos los permisos excepto para omitir ciclos y configurar el correo electrónico.
- Guest (Invitado): este rol solo puede leer archivos.

Al asignar roles en el CFX Maestro Dx SE, tenga en cuenta cuáles son los requisitos específicos de cada usuario. Por ejemplo, sin el permiso para guardar, los usuarios a los que se les haya asignado el rol Guest (Invitado) no podrán firmar un archivo. Sin el permiso para configurar una cuenta de correo electrónico, ninguno de los roles recibirá correo electrónico cuando se complete una ejecución.

Para modificar los permisos de un rol

1. Inicie el CFX Maestro Dx SE e inicie sesión como Administrator (Administrador).
2. En la ventana Home (Inicio), seleccione User (Usuario) > User Administration (Administración de usuarios) para abrir el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios).
3. En la sección Manage Rights (Gestionar derechos), para cada rol, deselectione o seleccione la casilla de verificación de permisos específicos según sea necesario.
4. Haga clic en OK (Aceptar) y, a continuación, haga clic en Yes (Sí) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios).

Ver su rol y sus permisos

Consejo: Los usuarios a los que se han asignado los roles Principal (Principal), Operator (Operador) o Guest (Invitado) solo pueden visualizar los ajustes, permisos y roles de su usuario. Los usuarios a los que se les ha asignado el rol Administrator (Administrador) pueden ver todos los permisos y roles de los usuarios.

Para ver el rol y los permisos de su usuario actual

- ▶ En la ventana Home (Inicio), seleccione User (Usuario) > User Administration (Administración de usuarios).

Póngase en contacto con su administrador del CFX Maestro Dx SE para modificar los ajustes, permisos y roles de los usuarios que aparecen en la ventana User Administration (Administración de usuarios).

Capítulo 4 Usar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Importante: Software CFX Maestro Dx, Security Edition utiliza la autenticación de usuario de Microsoft Windows para verificar el acceso a los archivos de datos CFX protegidos. Póngase en contacto con su administrador de Windows para crear un entorno que cumpla con los requisitos de 21 CFR, Parte 11.

Utilizando el CFX Maestro Dx SE, los usuarios pueden:

- Firmar archivos de datos y de estudios genéticos.
- Proteger con contraseña los archivos de datos.
- Ver e imprimir registros de auditoría.

En esta sección se explican estas características en detalle.

Archivos protegidos

De forma predeterminada, el CFX Maestro Dx SE guarda los archivos protegidos en la carpeta personal del usuario que ha iniciado sesión, que se encuentra en

C:\Users\

Puede guardar y editar archivos .pcrd en esa carpeta. Esta carpeta contiene enlaces a otras carpetas (por ejemplo, la carpeta de archivos de muestra) que contienen archivos de solo lectura. Sin embargo, un administrador puede eliminar el contenido de esa carpeta.

Consejo: De forma alternativa, el administrador del sistema de Windows puede crear una carpeta compartida y el administrador del CFX Maestro Dx SE puede programar el software para guardar todos los archivos en esa carpeta.

En el CFX Maestro Dx SE, los archivos de placas, protocolos, datos y estudios genéticos se marcan como protegidos a la hora de guardarse. Puede crear estos archivos en el software CFX Maestro o en el CFX Maestro Dx SE. Después de guardarse en el CFX Maestro Dx SE, puede abrir estos archivos únicamente en el CFX Maestro Dx SE.

El CFX Maestro Dx SE crea un registro de auditoría para todos los archivos de datos y estudios genéticos protegidos (archivos .pcrd y .mgxd, respectivamente). El software registra toda la actividad auditable en

el registro de auditoría del archivo. Para obtener más información, consulte [Registros de auditoría en la página 327](#).

Firmar archivos protegidos

Después de guardar un archivo en el CFX Maestro Dx SE, los usuarios pueden añadir una firma electrónica. Para firmar un archivo, el rol del usuario debe tener permiso para guardarlo. Por ejemplo, de forma predeterminada, el rol Guest (Invitado) no tiene permiso para guardar archivos y, por lo tanto, los usuarios que tengan asignado este rol no pueden firmar un archivo.

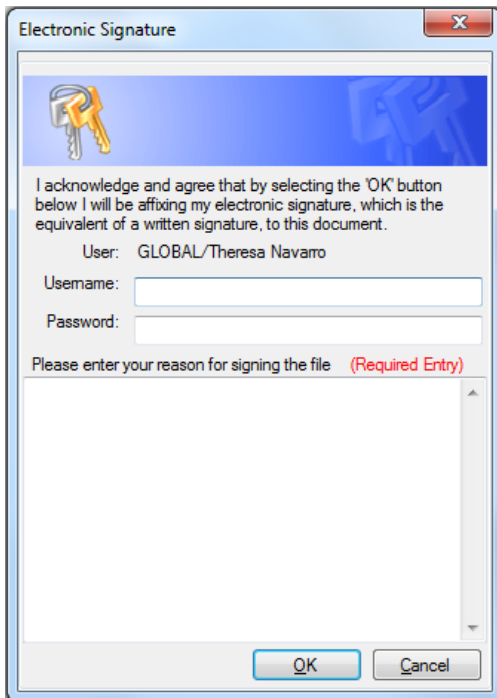
En el CFX Maestro Dx SE, los archivos firmados no están configurados como de solo lectura. Se pueden revisar, modificar y firmar varias veces. Todos los cambios y firmas se registran en el registro de auditoría del archivo. Puede firmar los siguientes tipos de archivos:

- Archivos de datos (.pcrd)
- Archivos de estudios genéticos (.mgxd)

Nota: Los archivos deben guardarse antes de poder firmarlos. Si ha realizado recientemente una ejecución en el CFX Maestro Dx SE, guarde primero el archivo de datos resultante.

Para firmar un archivo

1. Inicie sesión en el CFX Maestro Dx SE con sus credenciales de inicio de sesión de Windows.
2. Abra el archivo de datos protegido o el archivo de estudio genético protegido que va a firmar.
3. Seleccione File (Archivo) > Sign (Firmar). Aparece el cuadro de diálogo Firma electrónica.



4. Introduzca su nombre de usuario y contraseña de Windows, y el motivo de la firma del archivo.

El nombre de usuario y el motivo de la firma se incluyen en el registro de auditoría (para obtener más información, consulte [Registros de auditoría en la página 327](#)).

5. Haga clic en OK (Aceptar) para enviar la firma y cerrar el cuadro de diálogo.

Modificar archivos protegidos

En el CFX Maestro Dx SE, los usuarios pueden modificar archivos protegidos, incluidos datos y archivos de estudios genéticos firmados y no firmados. El software le solicita que proporcione un motivo de la modificación a la hora de guardar datos o archivos de estudio genético protegidos que haya modificado. Los cambios se registran en el registro de auditoría del archivo.

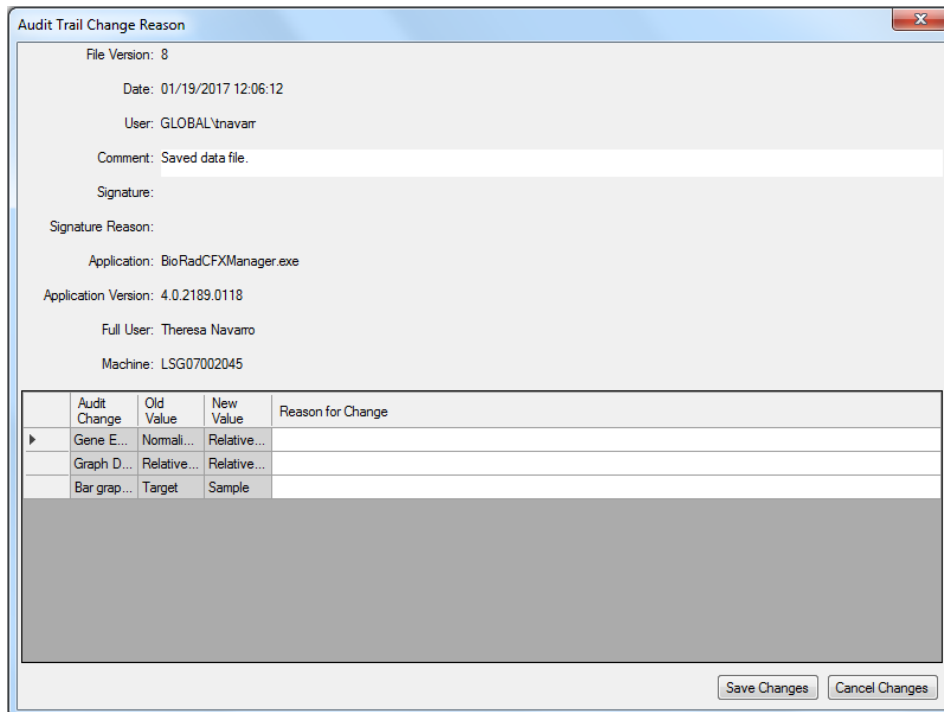
Consejo: Debido a que el software no crea registros de auditoría para archivos de placa o de protocolo, no se le solicitará que proporcione un motivo a la hora de guardar los cambios en estos archivos.

Para guardar datos o un archivo de estudio genético que se hayan modificado

1. Inicie sesión en el CFX Maestro Dx SE con sus credenciales de inicio de sesión de Windows.
2. Abra y modifique un archivo de datos protegido o un archivo de estudio genético.

Consejo: Para obtener una lista de actividades auditables, consulte [Eventos auditables en la página 329](#).

3. Seleccione File (Archivo) > Save (Guardar). Aparece el cuadro de diálogo Audit Trail Change Reason (Motivo del cambio del registro de auditoría).



Este cuadro de diálogo muestra la siguiente información, que se captura en el encabezado del registro de auditoría del archivo para cada evento de modificación:

- **Date** (Fecha): la fecha en la que se ha realizado el cambio.
- **User** (Usuario): el nombre de usuario y el dominio de Windows del usuario que ha iniciado sesión.
- **Comment** (Comentario): el último comentario guardado.
- **Signature** (Firma): la firma electrónica de la última persona que ha firmado el archivo.
- **Signature reason** (Motivo de la firma): el motivo por el que se firma el archivo.
- **Application** (Aplicación): CFX Maestro Dx SE (aparece como BioRadCFXManager.exe, lo que es correcto).
- **Application version** (Versión de la aplicación): la versión actual del CFX Maestro Dx SE.

- **Full user** (Usuario completo): el nombre del usuario que ha iniciado sesión.

Nota: Este nombre aparece en el registro de auditoría.

- **Machine** (Equipo): el ordenador en el que está instalado.

En la tabla de cambios aparecen los cambios auditable que se han llevado a cabo como resultado de la modificación. También puede aparecer una breve descripción del motivo del cambio.

Consejo: Puede añadir o editar descripciones en la columna Reason for Change (Motivo del cambio).

4. Revise la lista de cambios. Proporcione motivos detallados si es necesario.
5. Realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en Save Changes (Guardar cambios) para guardar los cambios en el archivo así como los cambios que ha realizado en la tabla; se cerrará el cuadro de diálogo.

Los cambios en el archivo y los motivos de los cambios aparecen en el registro de auditoría del archivo.
 - Haga clic en Cancel Changes (Cancelar cambios) para que el archivo vuelva a su estado anterior; se cerrará el cuadro de diálogo.

Los cambios no se guardarán en el archivo y el registro de auditoría no se actualizará.

Protección con contraseña de archivos

Como nivel adicional de seguridad, el CFX Maestro Dx SE permite a los usuarios establecer contraseñas para todos los archivos protegidos. Al configurar las contraseñas para un archivo protegido, tenga en cuenta las siguientes condiciones:

Condición	Acción
No se requiere contraseña.	Todos los usuarios pueden abrir, modificar y guardar el archivo protegido según sus permisos.
El archivo solicita la contraseña para la opción Save (Guardar).	Todos los usuarios pueden abrir el archivo protegido y los usuarios que conocen la contraseña para la opción Save (Guardar) pueden modificar y guardar el archivo protegido.
El archivo requiere la contraseña para la opción Open (Abrir).	Solo los usuarios que conocen la contraseña para la opción Open (Abrir) pueden abrir, modificar y guardar el archivo protegido.
El archivo requiere tanto la contraseña para la opción Open (Abrir) como la contraseña para la opción Save (Guardar).	Algunos usuarios pueden abrir el archivo protegido y un subgrupo de esos usuarios puede modificar y guardar el archivo.

Dependiendo del rol del usuario, cualquier usuario puede utilizar la opción Save As (Guardar como) para crear un nuevo archivo protegido con otro nombre o guardar un archivo con el mismo nombre en otra ubicación, siempre que se cumpla una de las siguientes condiciones:

- El archivo protegido no está protegido por contraseña.
- El usuario tiene la contraseña para abrir el archivo.

Consejo: El nuevo archivo se guarda sin protección por contraseña. El archivo original conserva sus contraseñas.

Dependiendo del rol, un usuario puede modificar y guardar el archivo original siempre que se cumpla una de las siguientes condiciones:

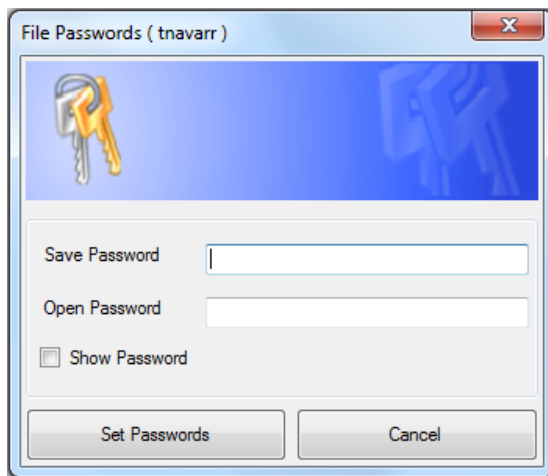
- El archivo no está protegido por contraseña.
- El usuario tiene la contraseña para abrir el archivo y la contraseña para guardar el archivo.

Nota: El rol del usuario debe incluir el derecho a guardar archivos para poder establecer contraseñas. Por ejemplo, los usuarios con el rol Guest (Invitado) no pueden guardar archivos y, por lo tanto, no pueden establecer contraseñas para un archivo.

Importante: Solamente los administradores del CFX Maestro Dx SE pueden restablecer o eliminar contraseñas.

Para proteger un archivo con contraseña

1. Inicie sesión en el CFX Maestro Dx SE con sus credenciales de Windows.
2. Abra el archivo protegido.
3. Seleccione File (Archivo) > File Passwords (Contraseñas del archivo). Aparece el cuadro de diálogo File Passwords (Contraseñas del archivo).



4. Introduzca las contraseñas en los cuadros Save Password (Contraseña para guardar) y Open Password (Contraseña para abrir).

Consejo: De forma predeterminada, al escribir las contraseñas aparecen asteriscos. Seleccione Show Password (Mostrar contraseña) para ver la contraseña a medida que la escribe.

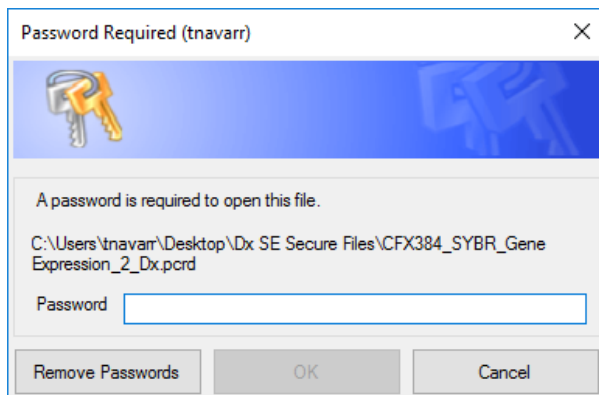
Importante: Las contraseñas distinguen entre mayúsculas y minúsculas. El CFX Maestro Dx SE no establece limitaciones en las contraseñas. Para conocer la mejor forma de proceder, póngase en contacto con el administrador del sistema para que le informe de los requisitos de contraseña de su centro.

5. Haga clic en Set Passwords (Establecer contraseñas) para establecer las contraseñas y cerrar el cuadro de diálogo.
6. Seleccione File (Archivo) > Save (Guardar) para guardar los cambios en el archivo.

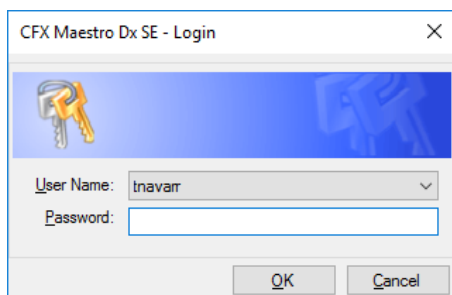
Para eliminar contraseñas

Importante: Debe ser administrador del CFX Maestro Dx SE para poder eliminar contraseñas.

1. En el cuadro de diálogo Password Required (Contraseña requerida), haga clic en Remove Passwords (Eliminar contraseñas).



Aparece el cuadro de diálogo Login (Inicio de sesión) del CFX Maestro Dx SE.



2. Proporcione el nombre de usuario y la contraseña de Windows para el administrador del CFX Maestro Dx SE y haga clic en OK (Aceptar).

Aparece el archivo de datos original.

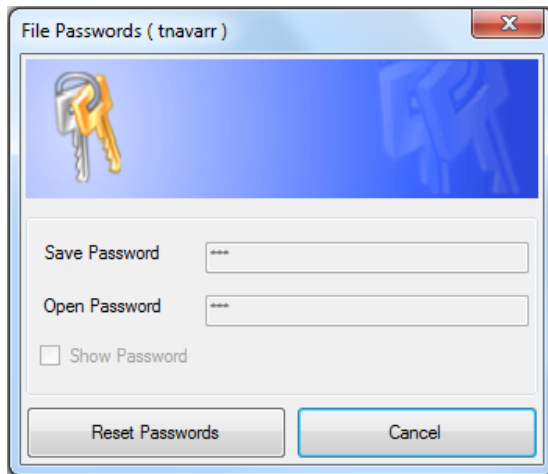
Importante: Debe guardar el archivo para eliminar las contraseñas.

3. Seleccione File (Archivo) > Save (Guardar) para guardar los cambios en el archivo.

Para cambiar contraseñas

Importante: Únicamente los administradores del CFX Maestro Dx SE pueden cambiar las contraseñas.

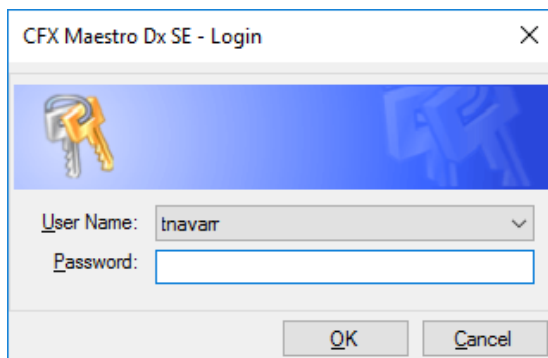
1. Abra el archivo protegido.
2. Seleccione File (Archivo) > File Passwords (Contraseñas del archivo). Aparece el cuadro de diálogo File Passwords (Contraseñas del archivo).



Consejo: Las opciones Save Password (Contraseña para guardar), Open Password (Contraseña para abrir) y Show Password (Mostrar contraseña) están desactivadas.

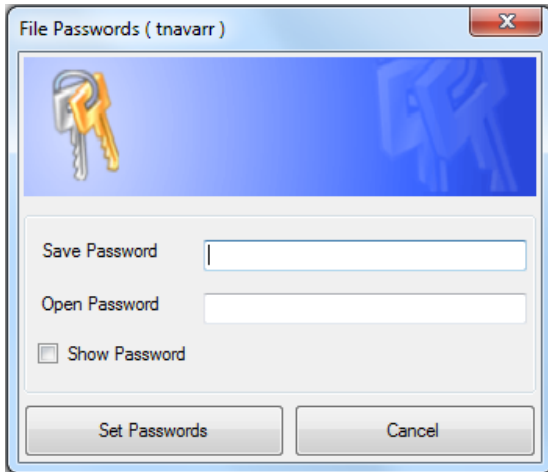
3. Haga clic en Reset Passwords (Restablecer contraseñas).

Aparece el cuadro de diálogo Login (Inicio de sesión) del CFX Maestro Dx SE.



4. Proporcione el nombre de usuario y la contraseña de Windows para el administrador del CFX Maestro Dx SE y haga clic en OK (Aceptar).

Aparece el cuadro de diálogo File Passwords (Contraseñas del archivo).



5. Realice una de las siguientes acciones:
 - Para restablecer la protección por contraseña, escriba una nueva contraseña en el cuadro de la contraseña que corresponda.
 - Para eliminar la protección por contraseña, desactive las casillas de las contraseñas.
6. Haga clic en Set Passwords (Establecer contraseñas) para guardar los cambios en las contraseñas y salir del cuadro de diálogo.

Capítulo 5 El espacio de trabajo

Software CFX Maestro Dx, Security Edition ofrece una interfaz para configurar placas, desarrollar protocolos de PCR, ejecutarlos en instrumentos Opus Dx Deepwell Dx y analizar los datos de ejecuciones de PCR.

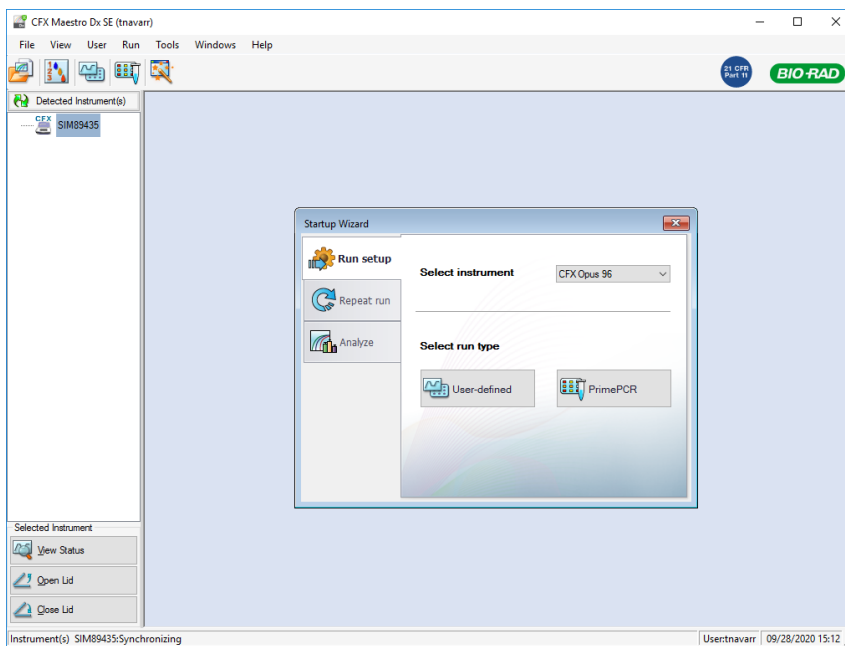
El CFX Maestro Dx SE presenta cinco espacios de trabajo principales:

- La ventana Home (Inicio)
- El Startup Wizard (Asistente de inicio)
- La ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)
- La ventana del Plate Editor (Editor de placas)
- La ventana Data Analysis (Análisis de datos)

Cada espacio de trabajo se muestra y se describe brevemente en este capítulo.

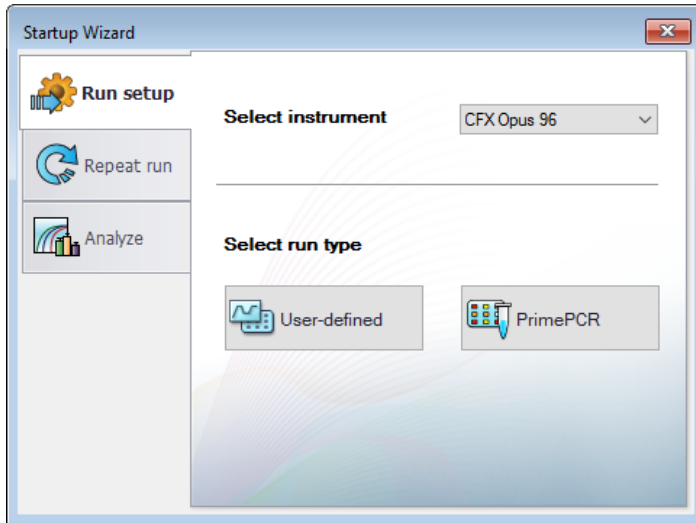
La ventana Home (Inicio)

El CFX Maestro Dx SE abre la ventana Home (Inicio) y muestra el Startup Wizard (Asistente de inicio), desde el cual puede configurar un experimento, realizar o repetir una ejecución, o analizar una ejecución existente. Desde la ventana Home (Inicio), también puede visualizar registros de aplicaciones o instrumentos, crear y gestionar usuarios, y acceder a varias herramientas muy útiles. Para obtener más información, consulte el [Capítulo 6, La ventana Home \(inicio\)](#)



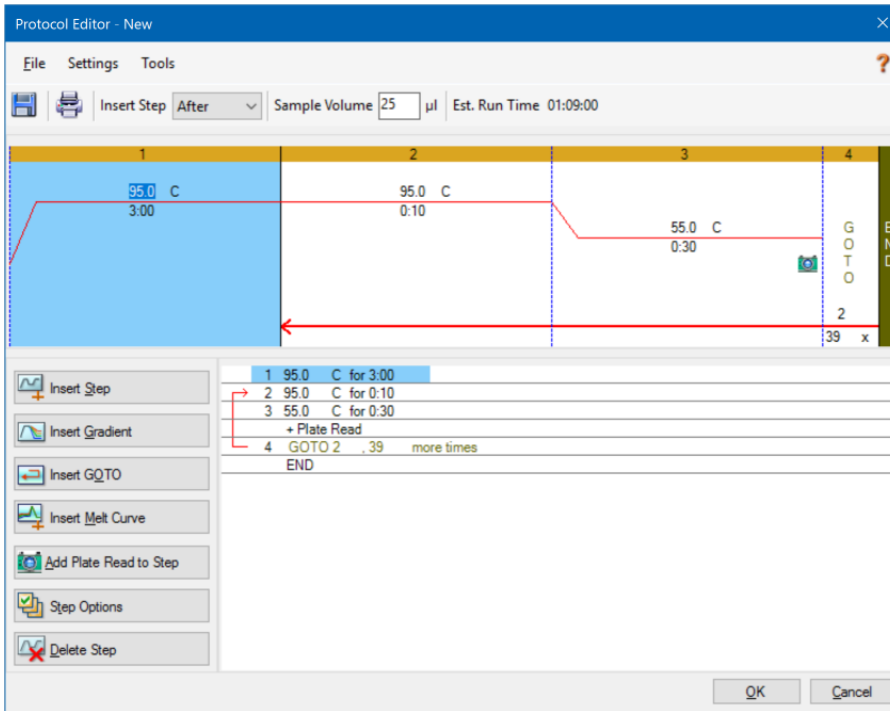
El Startup Wizard (Asistente de inicio)

Use el Startup Wizard (Asistente de inicio) para configurar y ejecutar rápidamente experimentos definidos por el usuario o seleccionar y ejecutar un experimento de PrimePCR. También puede usar este asistente para repetir una ejecución o analizar datos de una ejecución.



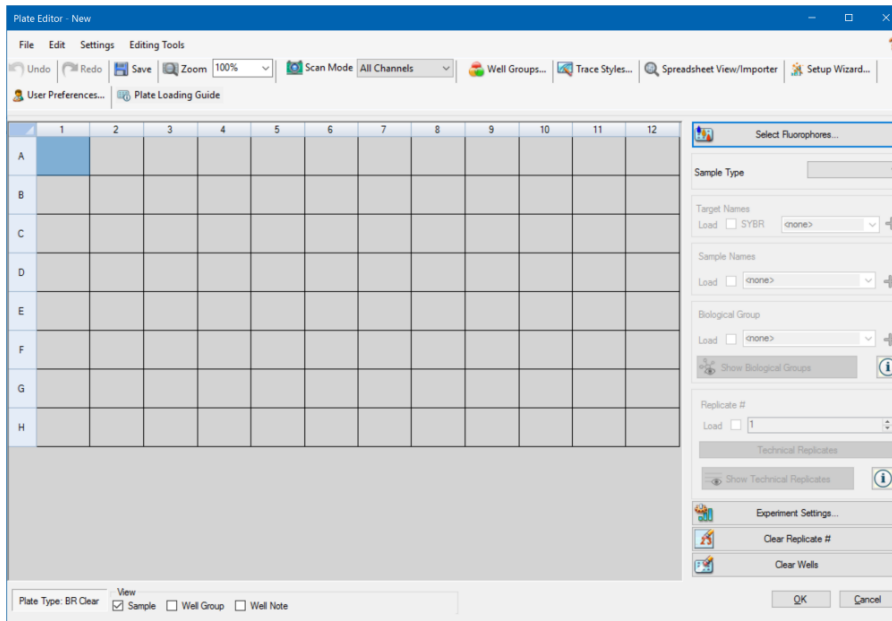
La ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)

En el Protocol Editor (Editor de protocolos) puede crear, abrir, revisar y editar un protocolo. También puede modificar la temperatura de la tapa para el protocolo abierto. Las funciones del Protocol Editor (Editor de protocolos) se detallan en el [Capítulo 7, Crear protocolos](#).



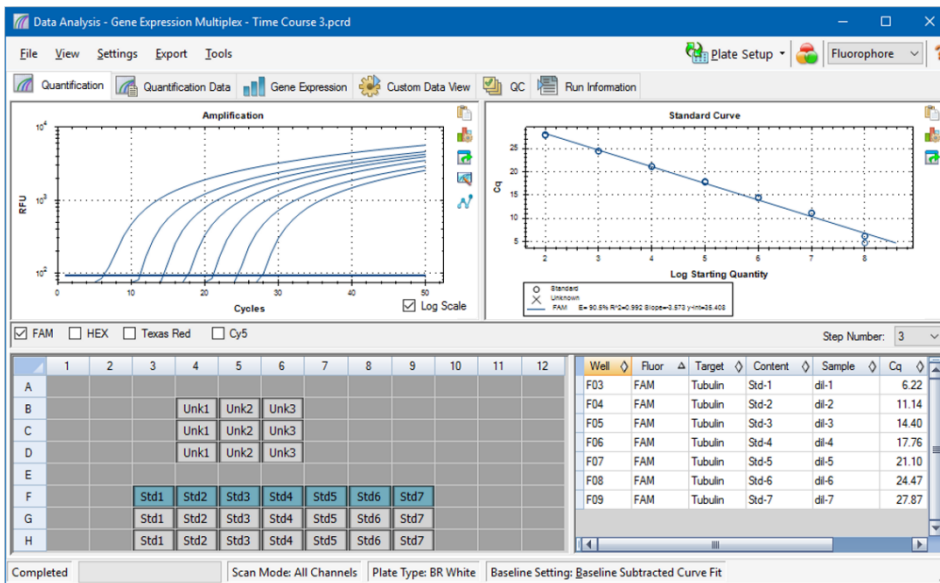
La ventana del Plate Editor (Editor de placas)

En el Plate Editor (Editor de placas), puede crear, abrir, revisar y editar una placa. Las funciones del Plate Editor (Editor de placas) se detallan en el [Capítulo 8, Preparar placas](#).



La ventana Data Analysis (Análisis de datos)

En la ventana Data Analysis (Análisis de datos) puede visualizar y comparar datos de ejecuciones, realizar análisis estadísticos, exportar datos y crear informes listos para su publicación. Las funciones de Data Analysis (Análisis de datos) se detallan en el [Capítulo 10, Descripción general del análisis de datos](#) y el [Capítulo 11, Información del análisis de datos](#).



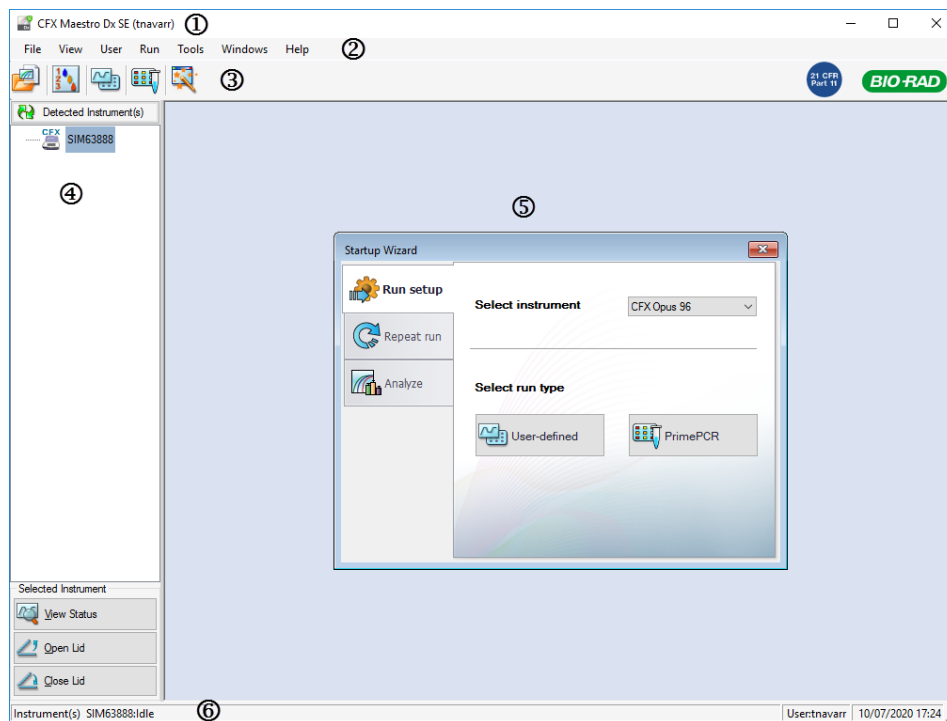
Capítulo 6 La ventana Home (inicio)

El Software CFX Maestro Dx, Security Edition proporciona una interfaz para desarrollar protocolos de PCR, ejecutarlos en los sistemas CFX y analizar los datos de la ejecución de PCR.

Este capítulo presenta el CFX Maestro Dx SE y describe las funciones accesibles desde la ventana Home (Inicio).

La ventana Home (inicio)

El CFX Maestro Dx SE abre la ventana Home (inicio) y muestra el Startup Wizard (Asistente de inicio), desde donde puede configurar una ejecución, realizar o repetir una ejecución o analizar una ejecución existente. Desde la ventana Home (Inicio) también puede visualizar registros de aplicaciones o instrumentos, crear y gestionar usuarios, y acceder a múltiples herramientas.



LEYENDA

1. La barra de título del software muestra el nombre del software y el usuario conectado.
2. La barra de menú ofrece acceso rápido a los comandos File (Archivo), View (Ver), Users (Usuarios), Tools (Herramientas), Window (Ventana) y Help (Ayuda).
3. Los comandos de la barra de herramientas ofrecen acceso rápido a las opciones del menú.
4. El panel izquierdo muestra los instrumentos conectados al ordenador del CFX Maestro Dx SE y proporciona botones desde los cuales puede operar la tapa y ver el estado de los instrumentos.

5. El panel principal muestra la ventana activa. La ventana activa por defecto en la pantalla Home (Inicio) es el Startup Wizard (Asistente de inicio).
-
6. La barra de estado muestra los nombres de los instrumentos conectados y el usuario conectado.

Comandos del menú File (Archivo)

New (Nuevo): abre un cuadro de diálogo en el que puede seleccionar si crear un nuevo protocolo, placa o estudio genético.

Open (Abrir): abre un cuadro de diálogo en el que puede optar por navegar hasta un protocolo, placa, archivo de datos, estudio genético o archivo LIMS, y abrirlo; o ejecutar desde un instrumento autónomo (ejecución autónoma) o un archivo de ejecución PrimePCR.

Recent Data Files (Archivos de datos recientes): muestra una lista con los archivos de PCR abiertos recientemente.

Repeat a Run (Repetir una ejecución): abre Windows Explorer en la ubicación de los archivos de PCR guardados, donde puede localizar una serie para repetirla.

Exit (Salir): cierra el CFX Maestro Dx SE.

Comandos del menú View (Ver)

Application Log (Registro de la aplicación): muestra un registro de utilización del software desde el momento de la instalación inicial al momento actual.

Run Reports (Informes de ejecuciones): muestra una lista de informes de ejecuciones.

Startup Wizard (Asistente de inicio): muestra el Startup Wizard (Asistente de inicio) en el panel principal.

Run Setup (Configuración de ejecución): muestra la ventana Run Setup (Configuración de ejecución) en el panel principal.

Instrument Summary (Resumen del instrumento): muestra la ventana Instrument Summary (Resumen del instrumento) en el panel principal.

Detected Instruments (Instrumentos detectados): alterna entre mostrar y no mostrar los instrumentos conectados en el panel izquierdo. De forma predeterminada, el software muestra los instrumentos conectados en el panel izquierdo.

Barra de herramientas: alterna entre mostrar y no mostrar la barra de herramientas en la parte superior de la pantalla. De forma predeterminada, el software muestra la barra de herramientas.

Barra de estado: alterna entre mostrar y no mostrar la barra de estado en la parte inferior de la pantalla. De forma predeterminada, el software muestra la barra de estado.

Show (Mostrar): abre un cuadro de diálogo desde el que puede:

- Visualizar o bloquear el registro Status (Estado).
- Abrir y visualizar la carpeta de datos del CFX Maestro Dx SE.
- Abrir y visualizar la carpeta de datos del usuario.
- Abrir y visualizar la carpeta del archivo LIMS.
- Abrir y visualizar la carpeta de PrimePCR.
- Visualizar el historial de ejecuciones.
- Visualizar las propiedades de todos los instrumentos conectados.

Comandos del menú User (Usuario)

Select User (Seleccionar usuario): abre la pantalla Login (Inicio de sesión), donde puede seleccionar un usuario de la lista desplegable e iniciar sesión en la aplicación.

Change Password (Cambiar contraseña): abre el cuadro de diálogo Change Password (Cambiar contraseña), donde los usuarios pueden cambiar su contraseña .

Nota: Esta opción está deshabilitada para el CFX Maestro Dx SE. Los usuarios deben cambiar su contraseña de Windows para cambiar su contraseña del CFX Maestro Dx SE.

User Preferences (Preferencias de usuario): abre el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), donde los usuarios pueden cambiar los ajustes predeterminados para:

- Enviar y recibir notificaciones por correo electrónico al completarse la ejecución.
- Guardar archivos de datos.
- Crear protocolos mediante el Protocol Editor (Editor de protocolos) o el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático).
- Crear placas.
- Analizar datos.
- Realizar análisis de expresión genética.
- Determinar la calidad de los datos.
- Exportar datos de instrumentos del CFX.

User Administration (Administración de usuarios): abre el cuadro de diálogo User Administration (Administración de usuarios), donde los administradores pueden crear usuarios, modificar los permisos de los distintos roles y asignar roles a los usuarios.

Bio-Rad Service Login (Inicio de sesión del servicio de Bio-Rad): solo para uso del personal del servicio técnico del Bio-Rad. No seleccione este comando.

Comandos del menú Run (Ejecución)

User-defined Run (Ejecución definida por el usuario): abre la ventana Run Setup (Configuración de ejecución), en la que puede configurar un protocolo definido por el usuario y una placa, y después ejecutar un experimento de PCR en el instrumento seleccionado.

PrimePCR Run (Ejecución de PrimePCR): abre la pestaña Start Run (Iniciar ejecución) con el esquema de placa y el protocolo de PrimePCR cargado en función del instrumento seleccionado.

End-Point Only Run (Ejecución de punto final únicamente): abre la pestaña Start Run (Iniciar ejecución) en la ventana Run Setup (Configuración de ejecución) con el protocolo y el esquema de placa de punto final predeterminados cargados en función del instrumento seleccionado.

Qualification Run (Ejecución de cualificación): abre la pestaña Start Run (Iniciar ejecución) en la ventana (Configuración de ejecución) con el protocolo de cualificación y el esquema de placa del Bio-Rad predeterminados cargados para el instrumento seleccionado.

Comandos del menú Tools (Herramientas)

Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra): abre la Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra), en la que puede crear una mezcla de reacción e imprimir los cálculos.

Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático): abre el cuadro de diálogo del Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático), en el que puede crear un nuevo protocolo fácilmente.

T_a Calculator (Calculadora de T_a): abre la T_a Calculator (Calculadora de T_a), con la que puede calcular fácilmente la temperatura de hidridación de los cebadores.

Dye Calibration Wizard (Asistente de calibración de tinte): abre el Dye Calibration Wizard (Asistente de calibración de tinte) en el que puede calibrar un instrumento para un nuevo fluorocromo.

Reinstall Instrument Drivers (Reinstalar controladores de instrumentos): reinstala los controladores que controlan la comunicación con los sistemas de PCR en tiempo real del Bio-Rad.

Zip Data and Log Files (Datos comprimidos y archivos de registro): abre un cuadro de diálogo en el que puede seleccionar archivos para reducirlos y guardarlos en un archivo comprimido con el fin de almacenarlo o enviarlo por correo electrónico.

Batch Analysis (Análisis de lotes): abre el cuadro de diálogo Batch Analysis (Análisis de lotes), en el que puede establecer los parámetros para analizar más de un archivo de datos cada vez.

Options (Opciones): abre un cuadro de diálogo en el que puede:

- Configurar los ajustes de su servidor de correo electrónico.
- Configurar los ajustes de exportación para LIMS, Seegene y otros archivos de datos.

Consejo: También puede seleccionar la opción para iniciar automáticamente Seegene Viewer (Visor de Seegene) al exportar si opta por exportar sus datos en formato Seegene.

- Cambiar el idioma que muestra la interfaz de usuario (Inglés, chino y ruso)

Importante: Debes reiniciar CFX Maestro Dx SE para mostrar el idioma seleccionado.

Importante: El idioma de su sistema operativo debe corresponder al idioma que desea mostrar en la interfaz de CFX Maestro Dx SE.

Comandos del menú Help (Ayuda)

Consejo: El menú Help (Ayuda) está disponible en la barra de menú en todas las ventanas del CFX Maestro Dx SE.

Contents (Contenido): muestra la pestaña Contents (Contenido) de Help (Ayuda) del sistema CFX Maestro Dx SE.

Index (Índice): muestra la pestaña Index (Índice) de Help (Ayuda) del sistema CFX Maestro Dx SE.

Search (Buscar): muestra la pestaña Search (Buscar) de Help (Ayuda) del sistema CFX Maestro Dx SE.

Open User Guide (Abrir la guía del usuario): abre un archivo PDF de esta guía.

Additional Documentation (Documentación adicional): proporciona acceso al Manual de funcionamiento de los sistemas de PCR en tiempo real CFX Opus Dx.

Release Notes (Notas de la versión): abre el documento Release Notes (Notas de la versión) correspondiente a la versión instalada del CFX Maestro Dx SE.

Video Resources (Recursos de vídeo): abre un sitio web donde puede encontrar recursos de vídeo de Bio-Rad, como vídeos de instrucciones.

qPCR Applications and Technologies Web Site (Sitio web de aplicaciones y tecnologías de qPCR): abre el sitio web de aplicaciones y tecnologías de qPCR de Bio-Rad, donde podrá conocer más sobre PCR en tiempo real (qPCR).

PCR Reagents Web Site (Sitio web de reactivos de PCR): abre el sitio web de reactivos de PCR y qPCR de Bio-Rad desde el que puede realizar pedidos de reactivos de PCR, supermezclas, tintes y kits.

PCR Plastic Consumables Web Site (Sitio web de consumibles de plástico de PCR): abre el sitio web de consumibles de plástico de Bio-Rad desde el que puede realizar pedidos de placas de PCR, sellos de placas, tubos y tapones, y otros accesorios de plástico.

Software Web Site (Sitio web de software): abre el sitio web del software de análisis de PCR de Bio-Rad desde el que puede realizar pedidos de versiones actualizadas del CFX Maestro Dx SE de Bio-Rad.

About (Acerca de): muestra la información de la versión y el copyright del CFX Maestro Dx SE.

Comandos de la barra de herramientas



: abre Windows Explorer, desde donde puede navegar y abrir un archivo de datos o un archivo de estudio genético.



: abre la Master Mix Calculator (Calculadora de mezclas maestras).



: abre la ventana Run Setup (Configuración de ejecución).



: abre la ventana Run Setup (Configuración de ejecución) con el protocolo PrimePCR predeterminado y el esquema de placa cargados en función del instrumento seleccionado.

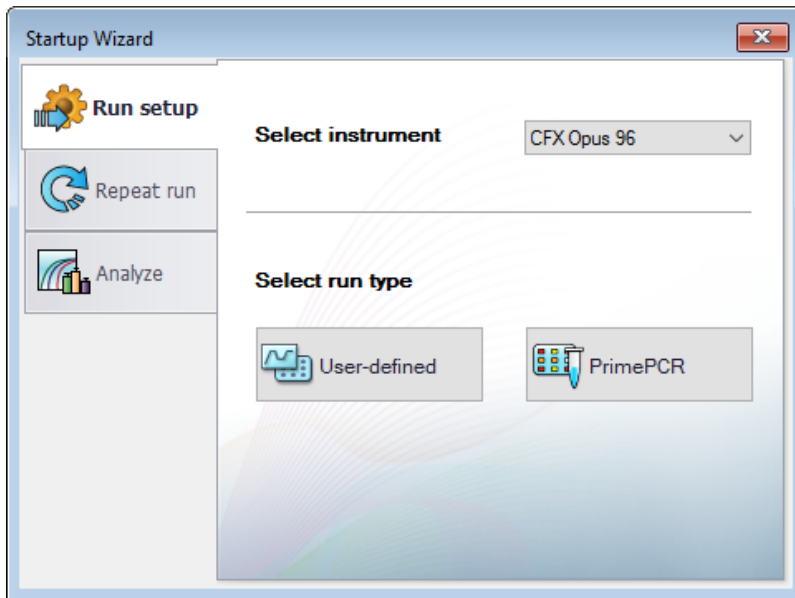


: abre el Startup Wizard (Asistente de inicio).

El Startup Wizard (Asistente de inicio)

Cuando CFX Maestro Dx SE se inicia, el panel activo muestra el Startup Wizard (Asistente de inicio). Desde el Startup Wizard (Asistente de inicio) puede:

- Seleccionar un instrumento de entre los instrumentos detectados y configurar una ejecución PrimePCR o definida por el usuario.
- Abrir y repetir una ejecución.
- Abrir un archivo de datos para analizar los resultados de una única ejecución o un archivo de estudio genético para los resultados de ejecuciones de expresión de múltiples genes.



Estas acciones vienen explicadas detalladamente en los siguientes capítulos.

Barra de estado

La parte izquierda de la barra de estado en la parte inferior de la ventana principal del software muestra el estado actual de los instrumentos detectados. El lado derecho de la barra de estado muestra el nombre del usuario actual y la fecha y hora.

Panel Detected Instruments (Instrumentos detectados)

El panel Detected Instruments (Instrumentos detectados) muestra todos los instrumentos conectados al ordenador CFX Maestro Dx SE. Por defecto, cada instrumento aparece como un icono, y por nombre aparece su número de serie.

En este panel, puede:

- Ver las propiedades y los tintes calibrados para un instrumento seleccionado.

Para obtener información sobre las propiedades de los instrumentos, consulte [Visualizar las propiedades de un instrumento en la página 78](#).

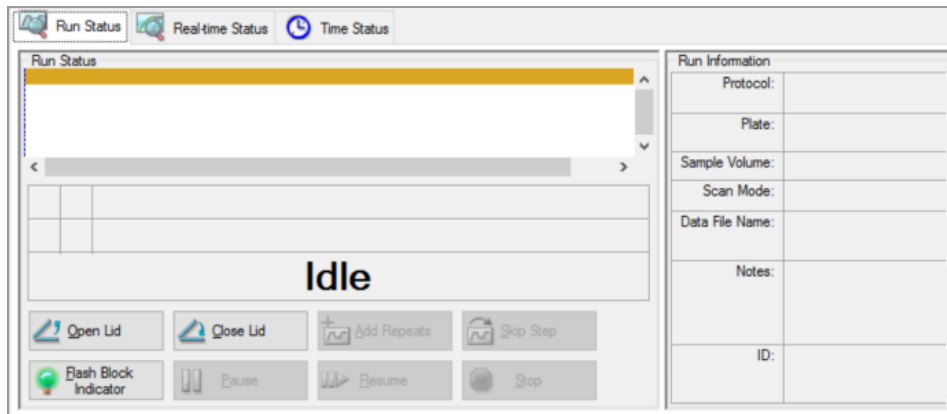
- Ver el estado de un instrumento conectado.
- Abrir la tapa motorizada del instrumento seleccionado.
- Cerrar la tapa motorizada del instrumento seleccionado.
- Ver el estado de todos los instrumentos conectados.

Para ver el estado de un instrumento conectado

- ▶ En el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), seleccione el instrumento objetivo y realice una de las siguientes acciones:

- Haga clic en View Status (Ver estado) en el apartado Selected Instrument (Instrumento seleccionado).
- Haga clic con el botón derecho del ratón y seleccione View Status (Ver estado) en el menú que aparece.

El cuadro de diálogo Run Details (Detalles de la ejecución) aparece mostrando la pestaña Run Status (Estado de la ejecución). El estado del instrumento seleccionado aparece debajo del panel de estado de la ejecución, por ejemplo:



Para abrir o cerrar la tapa de un instrumento

- ▶ En el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), seleccione el instrumento objetivo y realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en Open Lid (Abrir tapa) o Close Lid (Cerrar tapa) en la sección Selected Instrument (Instrumento seleccionado).
 - Haga clic con el botón derecho del ratón y seleccione la acción adecuada en el menú que aparece.
 - Abra el cuadro de diálogo Run Details (Detalles de la ejecución), seleccione la pestaña Run Status (Estado de la ejecución) y haga clic en Open Lid (Abrir tapa) o Close Lid (Cerrar tapa).

Para ver el estado de todos los instrumentos detectados

- ▶ Realice una de las siguientes acciones:
 - En el apartado All Instruments (Todos los instrumentos) del panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), haga clic en View Summary (Ver resumen).
 - En la barra de menú, seleccione View (Ver) > Instrument Summary (Resumen del instrumento).

Aparece el cuadro de diálogo Instrument Summary (Resumen del instrumento).

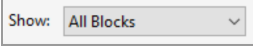
Consejo: Si el sistema detecta únicamente un instrumento conectado, la sección All Instruments (Todos los instrumentos) no aparece en el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados). Para visualizar el resumen del instrumento para un solo instrumento, seleccione View (Ver) > Instrument Summary (Resumen del instrumento).

Controles de la barra de herramientas Instrument Summary (Resumen del instrumento)

La [Tabla 5](#) muestra los controles y funciones en la barra de herramientas Instrument Summary (Resumen del instrumento).

Tabla 5. Controles de la barra de herramientas Instrument Summary (Resumen del instrumento)

Botón	Nombre del botón	Función
	Crear una nueva serie	Crea una serie en el bloque seleccionado abriendo la ventana Run Setup (Configuración de la ejecución).
	Parar	Detiene la serie actual en los bloques seleccionados.
	Pausar	Pausa la serie actual en los bloques seleccionados.
	Continuar	Retoma la serie en los bloques seleccionados.
	Indicador flash de bloque	Ilumina el indicador LED en la tapa de los bloques seleccionados.
	Abrir tapa	Abre la tapa motorizada del bloque seleccionado.
	Cerrar tapa	Cierra la tapa motorizada del bloque seleccionado.
	Ocultar bloques seleccionados	Oculto los bloques seleccionados en la lista Instrument Summary (Resumen del instrumento).
	Mostrar todos los bloques	Muestra los bloques seleccionados en la lista Instrument Summary (Resumen del instrumento).

Botón	Nombre del botón	Función
	Show (Mostrar)	Seleccione qué bloques mostrar en la lista. Seleccione una de las opciones para mostrar todos los bloques detectados, todos los bloques inactivos, todos los bloques activos con el usuario actual o todos los bloques en funcionamiento

Visualizar las propiedades de un instrumento

Desde el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), puede visualizar los detalles de un instrumento seleccionado, incluidas sus propiedades, el estado de su tornillo de transporte (solo instrumentos CFX Connect and CFX Touch) y una lista de sus tintes calibrados (fluorocromos).

Para visualizar las propiedades del instrumento

- En el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), haga clic con el botón derecho del ratón en el instrumento objetivo y seleccione Properties (Propiedades) en el menú que aparece.

Pestaña Properties (Propiedades)

La pestaña Properties (Propiedades) enumera los detalles técnicos acerca del instrumento seleccionado incluyendo el modelo, los números de serie de sus componentes, y las versiones de firmware. El nombre predeterminado del instrumento (su número de serie) aparece en muchas ubicaciones, incluyendo el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados) y en la barra de encabezado del cuadro de diálogo Instrument Properties (Propiedades del instrumento). Usted puede renombrar el instrumento para identificarlos con más facilidad.

Nota: No puede cambiar el nombre del instrumento CFX Opus mediante CFX Maestro.

Pestaña Calibrated Dyes (Tintes calibrados)

La pestaña Calibrated Dyes (Tintes de calibración) muestra los fluorocromos calibrados y las placas para el instrumento seleccionado.

	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"/>

Para ver más información sobre una calibración, haga clic en su botón Info (Información) en la columna Detail (Detalle).

Antes de comenzar

En esta sección se explican las acciones que podría ser necesario llevar a cabo antes de usar el CFX Maestro Dx SE. Aquí se incluyen las siguientes:

- Crear una mezcla maestra de reacción.
- Calibrar nuevos tintes

Crear una mezcla maestra de reacción

Utilizando la Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra) del CFX Maestro Dx SE, puede calcular fácilmente el volumen requerido de cada componente en su mezcla maestra. Puede imprimir la tabla de cálculo de mezcla maestra en su impresora predeterminada, y guardar los cálculos de cada objetivo para usarlos posteriormente.

Para crear una mezcla maestra de reacción utilizando la Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra)

1. Para abrir la calculadora de mezcla maestra, realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione Tools (Herramientas) > Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra).
 - Haga clic en Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra) en la barra de herramientas.

Aparece la Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra).

2. En el apartado Reaction (Reacción), seleccione un método de detección:
 - SYBR® Green/EvaGreen®
 - Sondas
3. Para crear un nuevo objetivo, en el apartado Target (Objetivo) haga clic en Create New (Crear nuevo). Aparece un nuevo nombre de objetivo en la lista desplegable de objetivos.
4. (Opcional) Para cambiar el nombre objetivo predeterminado:
 - a. Resalte el nombre del objetivo en la lista desplegable de objetivos.
 - b. Escriba un nuevo nombre de objetivo en el cuadro Target (Objetivo).
 - c. Pulse la tecla Enter (Intro).
5. Ajuste las concentraciones iniciales y finales de los cebadores de avance y retroceso, y de cualquier sonda.

6. En el apartado Master Mix Setup (Configuración de mezcla maestra), ajuste los valores de:
 - Number of reactions to run (Número de reacciones a ejecutar)
 - Reaction volume per well (Volumen de reacción por pocillo)
 - Template volume per well (Volumen de plantilla por pocillo)
 - Supermix concentration per well (Concentración de supermezcla por pocillo)
 - Excess reaction volume per well (Volumen excedente de reacciones por pocillo)
7. (Opcional) Realice los pasos 2–6 en tantos objetivos como sea necesario.
8. En el apartado Choose Target to Calculate (Seleccionar objetivo a calcular), seleccione el objetivo que se vaya a calcular.

Consejo: Puede calcular solo uno, varios o todos los objetivos en el mismo momento.

Los volúmenes calculados de los componentes requeridos en cada objetivo seleccionado aparecen en la tabla de mezcla maestra.

9. Haga clic en Set as Default (Establecer como predeterminado) para establecer la entrada de cantidades en los apartados Target (Objetivo) y Master Mix Setup (Configuración de la mezcla maestra) como nuevos valores predeterminados.
10. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar el contenido del cuadro de diálogo Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra).

Para imprimir la tabla de cálculos de mezcla maestra

- ▶ Para imprimir una tabla de cálculos de mezcla maestra, haga clic en Print (imprimir).

La tabla de cálculos se imprime en su impresora predeterminada.

Para guardar la tabla de cálculos de mezcla maestra como archivo PDF

- ▶ Cambie su impresora predeterminada a un controlador de PDF y haga clic en Print (imprimir) en la Master Mix Calculator (Calculadora de mezcla maestra).

Para borrar objetivos

- ▶ Seleccione el objetivo en la lista desplegable de objetivos y haga clic en Remove (Eliminar).

Importante: Al eliminar un objetivo de la lista de objetivos también se elimina de cualquier cálculo de mezcla maestra en el que se utilice. Tenga cuidado al eliminar un objetivo.

Calibrar nuevos tintes

Los sistemas CFX Opus 96 Dx y CFX Opus Deepwell Dx vienen calibrados de fábrica para fluorocromos utilizados normalmente en placas con pocillos blancos o pocillos transparentes. Los sistemas CFX Opus 384 Dx vienen calibrados de fábrica para fluorocromos utilizados normalmente en placas con pocillos blancos únicamente. En la [Tabla 6](#) se enumeran los fluorocromos y el canal para los que se calibra cada instrumento.

Nota: Los sistemas CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx también incluyen un canal dedicado a química FRET. Este canal no requiere calibración para tintes específicos.

Importante: Si realiza una calibración definida por el usuario de un tinte que se calibró en fábrica, el instrumento utiliza la calibración definida por el usuario en lugar de la calibración de fábrica.

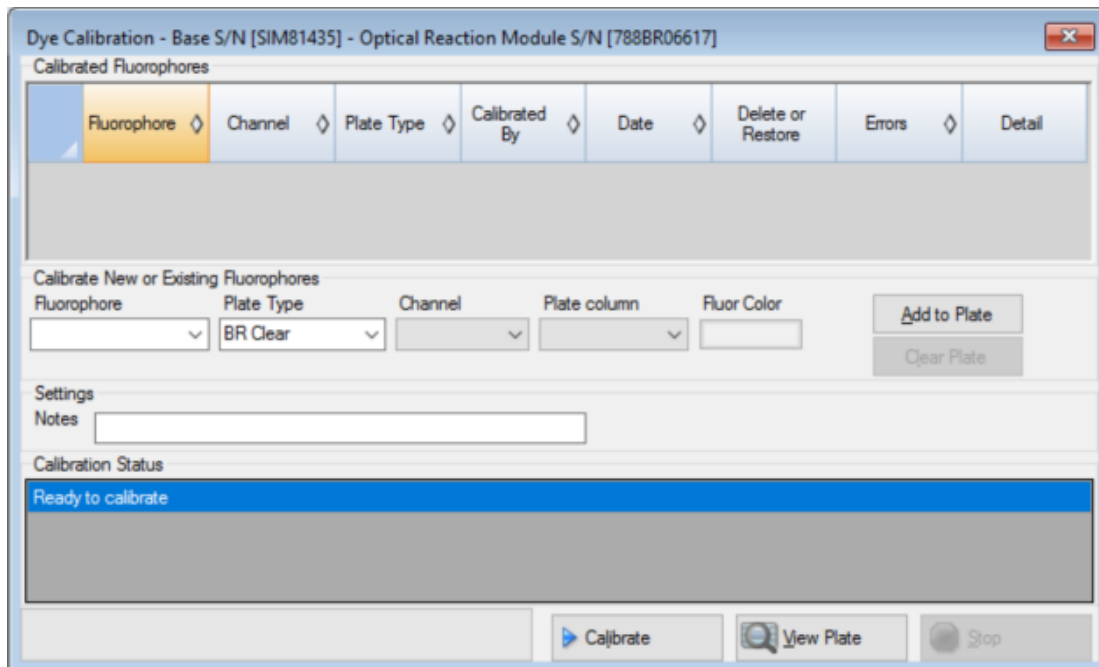
Tabla 6. Fluorocromos, canales e instrumentos calibrados de fábrica

Fluorocromos	Canal	Excitación, nm	Detección, nm	Instrumento
FAM, SYBR® Green I	1	450–490	515–530	Sistemas CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx
VIC, HEX, CAL Fluor Gold 540, Cal Fluor Orange 560	2	515–535	560–580	Sistemas CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx
ROX, Texas Red, CAL Fluor Red 610, TEX 615	3	560–590	610–650	Sistemas CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx
Cy5, Quasar 670	4	620–650	675–690	Sistemas CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx

Fluorocromos	Canal	Excitación, nm	Detección, nm	Instrumento
Quasar 705, Cy5.5	5	672–684	705–730	Únicamente sistemas CFX Opus 96 Dx
Química FRET (no calibrada de fábrica)				
Color no calibrado de fábrica	FRET	450–490	560-580	Sistemas CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx y CFX Opus Deepwell Dx

Para calibrar nuevos tintes para sistemas CFX

1. En la ventana Home (inicio), seleccione un instrumento objetivo en el panel de instrumentos detectados.
2. Seleccione Tools (Herramientas) > Calibration Wizard (Asistente de calibración) para abrir el Dye Calibration Wizard (Asistente de calibración de tinte).



Los fluorocromos ya calibrados para el instrumento objetivo aparecen en la tabla Calibrated Fluorophores (Fluorocromos calibrados).

3. En la sección Calibrar fluorocromos nuevos o existentes, seleccione el fluorocromo que desea calibrar de la lista desplegable.

Si el nombre del fluorocromo no aparece en la lista, introduzca el nombre en el cuadro de texto para añadirlo.

Importante: Preste atención al nombrar fluorocromos calibrados personalizados. Si crea una calibración de tinte personalizada para un fluorocromo con el mismo nombre que un fluorocromo calibrado de fábrica, el fluorocromo personalizado (no el fluorocromo calibrado de fábrica) será el que utilizará el instrumento durante las ejecuciones.

4. Seleccione el tipo de placa para el fluorocromo.

Si el tipo de placa no está incluido en la lista, introduzca el nombre en el cuadro de texto para añadirlo a la lista.

5. Seleccione un canal para el fluorocromo.

6. Seleccione una columna de la placa para el fluorocromo.

7. (Opcional) Escriba un color para asociarlo con el fluorocromo.

8. Haga clic en Add to Plate (Añadir a placa) para añadir el fluorocromo.

9. (Opcional) Repita los pasos 38 para añadir cada fluorocromo que quiere calibrar para la placa.

10. Cuando termine de añadir los fluorocromos, haga clic en View Plate (Ver placa) para abrir la ventana Pure Dye Plate Display (Visualización de la placa de tinte puro).

Use esta ventana como guía para cargar los tintes en la placa.

11. Prepare una placa de 96 o 384 pocillos para la calibración de los tintes:

- a. Introduzca con una pipeta la disolución del tinte en cada pocillo, siguiendo el patrón que aparece en Pure Dye Plate Display (Visualización de la placa de tinte puro).
- b. Para cada fluorocromo, llene cuatro pocillos con 50 μ l (placa de 96 pocillos o placa de pocillos profundos) o 30 μ l (placa de 384 pocillos) de disolución de tinte de 300 nM. Asegúrese de que al menos la mitad de la placa esté formada por pocillos vacíos.
- c. Selle la placa con el método de sellado que utilizará en el experimento.

12. Coloque la placa de calibración en el bloque y cierre la tapa.

13. En el asistente de calibración de tinte, haga clic en Calibrate (Calibrar) y después en OK (Aceptar) para confirmar que la placa se encuentra en el bloque.

14. Cuando el Software CFX Maestro Dx, Security Edition completa la serie de calibración, aparece un cuadro de diálogo. Haga clic en Yes (Sí) para terminar la calibración y abrir el Dye Calibration Viewer (Visualizador de calibración de tintes).
15. Haga clic en OK (Aceptar) para cerrar la ventana.

Establecer las preferencias de usuario

Consejo: No es necesario realizar estas acciones para utilizar el CFX Maestro Dx SE. Puede saltarse este apartado tranquilamente o llevar a cabo las acciones aquí descritas en cualquier otro momento.

En el CFX Maestro Dx SE, cada usuario puede personalizar su entorno de trabajo. Por ejemplo, en el menú Users (Usuarios) > User Preferences (Preferencias de usuario), puede hacer lo siguiente:

- Configurar el envío de una notificación por correo electrónico al completar la ejecución.
Nota: Esta función está disponible solo para los usuarios a los que se les ha otorgado este derecho. Consulte [Gestionar roles de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition en la página 46](#) para obtener más información.
- Cambiar los ajustes por defecto de:
 - La ubicación donde guardar los archivos.
 - Los archivos de configuración de ejecuciones.
 - El prefijo de denominación de archivos.
- Establecer los parámetros predeterminados para usar al crear un nuevo protocolo y placa.
- Establecer los parámetros predeterminados de análisis de datos y expresión genética.
- Personalizar los parámetros predeterminados de control de calidad.
- Personalizar los parámetros de exportación de datos.

En el menú Tools (Herramientas), puede hacer lo siguiente:

- Crear una mezcla maestra.
- Calibrar los tintes para un instrumento concreto.

Nota: La mezcla maestra y la calibración de tintes están disponibles para cualquiera que inicie sesión en el software.

En esta sección se explica cómo realizar estas acciones.

Configurar las notificaciones por correo electrónico

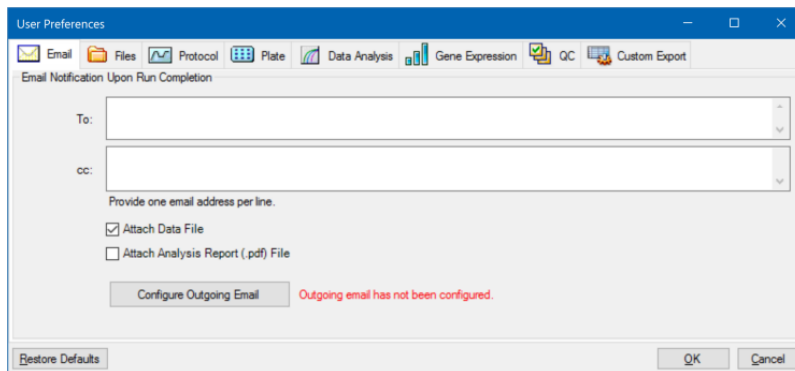
Puede conectar el CFX Maestro Dx SE a su servidor de correo electrónico saliente para enviar una notificación por correo electrónico de finalización del procesamiento a una lista de usuarios. También puede elegir adjuntar un archivo de datos y un informe de análisis a la lista de usuarios. Para configurar la conexión entre CFX Maestro Dx SE y su servidor SMTP, consulte [Conectar Security Edition a un servidor SMTP en la página 88](#).

Nota: La capacidad de un usuario de acceder a las funciones de configuración del correo electrónico depende del rol del usuario y los permisos asignados por el administrador. Para obtener más información acerca de gestionar usuarios y sus roles, consulte [Gestionar roles de usuario del Software CFX Maestro Dx, Security Edition en la página 46](#).

Para configurar las notificaciones por correo electrónico

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).

Aparece el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario) que muestra la pestaña Email (Correo electrónico).



Nota: Se le informa en caso de que el sistema detecte que no ha configurado un servidor válido de SMTP para el CFX Maestro Dx SE. Haga clic en Configure Outgoing Email (Configurar correo electrónico saliente) para abrir el cuadro de diálogo Options (Opciones) y configurar el servidor de correo electrónico SMTP. Para obtener más información, consulte [Conectar Security Edition a un servidor SMTP en la página 88](#).

2. En el cuadro de texto To (Para), escriba la dirección de correo electrónico de cada persona a la que desee informar de la finalización de la ejecución. Todos los destinatarios recibirán un mensaje de correo electrónico una vez finalizada la ejecución.

Nota: Debe introducir cada dirección de correo electrónico en una línea separada. Pulse Enter (Intro) o Return (Volver) después de cada dirección.

3. (Opcional) En el cuadro de texto cc, escriba la dirección de correo electrónico de cada receptor al que desee enviar una copia de cada notificación por correo electrónico.
4. (Opcional) De forma predeterminada, todos los destinatarios recibirán una copia del archivo de datos como un adjunto. Deseleccione esta casilla si no desea adjuntar una copia del archivo de datos.
5. (Opcional) Seleccione Attach Analysis Report (Adjuntar informe de análisis) para adjuntar un PDF del informe de análisis al mensaje de correo electrónico.
6. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).

Nota: Es posible que pueda configurar el sistema para enviar una notificación por correo electrónico a su teléfono móvil según su proveedor de servicios. Póngase en contacto con su proveedor de servicios de telefonía móvil para obtener información específica sobre la dirección de correo electrónico del teléfono móvil. Especifique la dirección de correo electrónico de su teléfono (por ejemplo, 5552221234@your_service_provider_EmailDomain.net) en el cuadro de texto To (Para) de la pantalla User Preferences (Preferencias del usuario).

Para editar la dirección de correo electrónico de un destinatario

- Modifique la dirección de correo electrónico según sea necesario y haga clic en OK (Aceptar).

Para eliminar un destinatario de correo electrónico

1. Seleccione el destinatario de correo electrónico y pulse la tecla Delete (Eliminar).
2. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Conectar Security Edition a un servidor SMTP

Importante: Algunos proveedores comerciales de servicios de correo electrónico han mejorado la seguridad del correo electrónico. Si utiliza estas cuentas, debe habilitar el ajuste **Allow less secure apps** (Permitir aplicaciones menos seguras) en la configuración de su cuenta para permitir que el CFX Maestro Dx SE envíe correos electrónicos. Consulte los datos sobre seguridad correspondientes su proveedor de servicios de correo electrónico para obtener más información.

Si está utilizando el servidor SMTP de Google Gmail o Microsoft Office 365 para enviar correos electrónicos, debe habilitar una verificación de dos factores y generar una "contraseña de la aplicación" en la configuración de su cuenta de Gmail u Office 365. Para la autenticación en el cuadro de diálogo Maestro Email Setup (Configuración de correo electrónico de Maestro), copie y pegue la "contraseña de la aplicación" en el campo Password (Contraseña) en lugar de la contraseña de correo electrónico normal.

Se debe establecer una conexión desde el CFX Maestro Dx SE a su servidor de correo electrónico antes de que el software pueda enviar notificaciones por correo electrónico.

Para conectar el CFX Maestro Dx SE a un servidor de correo electrónico

1. Realice una de las siguientes acciones:

- Seleccione User (usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) y haga clic en Configure Outgoing Email (Configurar correo electrónico saliente) en la pestaña Email (Correo electrónico).
- Seleccione Tools (Herramientas) > Options (Opciones).

Aparece el cuadro de diálogo de Options (Opciones) mostrando la pestaña Email (Correo electrónico).

The screenshot shows the 'Options' dialog box with the 'Email' tab selected. The fields are as follows:

- SMTP Server Name: smtp.gmail.com (with a note: e.g. smtp.myCompany.com. Contact your IT Administrator to get the SMTP server name.)
- Port: 587
- Use SSL:
- Use Default "From" Address:
- "From" Address: (empty field, with a note: e.g. doNotReply@myCompany.com or userName@myCompany.com.)
- Authentication Required:
- User Name: your account name@gmail.com
- Password: (empty field)
- Test Email Address: (empty field)
- Test Attachment: Attachment Size in MB: 0.5

Buttons: OK, Cancel, Test Email.

2. Proporcione la siguiente información relacionada con su empresa:

- **SMTP Server Name** (Nombre del servidor SMTP): el nombre del servidor de correo electrónico saliente de su empresa.
- **Port** (Puerto): el número de puerto de su servidor SMTP. Normalmente es el 25.
- **Use SSL** (Usar SSL): opción Secure Sockets Layer (SSL). Algunos servidores SMTP requieren este ajuste. Si su empresa no lo requiere, desactive esta casilla.
- **Use Default "From" Address** (Usar la dirección «De» predeterminada): el nombre del servidor de correo electrónico de su empresa. Algunos servidores SMTP requieren que todos los correos enviados tengan una dirección «De» de un dominio determinado. Por ejemplo, nombre@empresa.com. Si ese es el caso, desactive esta casilla y proporcione una dirección válida de correo electrónico.

- **Authentication Required** (Se requiere autenticación): si su sitio web requiere autenticación de cuenta, compruebe que esta casilla está activada.
- **User Name** (Nombre de usuario): el nombre de la cuenta autenticada. Esto es necesario solo si se selecciona la casilla Authentication Required (Se requiere autenticación).

- **Password** (Contraseña): la contraseña para la cuenta autenticada. Esto es necesario solo si se selecciona la casilla Authentication Required (Se requiere autenticación).

Importante: Si está utilizando el servidor SMTP de Google Gmail o Microsoft Office 365 para enviar correos electrónicos, debe habilitar una verificación de dos factores y, a continuación, generar una "contraseña de la aplicación" en la configuración de su cuenta de Gmail u Office 365. Para la autenticación en el cuadro de diálogo Maestro Email Setup (Configuración de correo electrónico de Maestro), copie y pegue la "contraseña de la aplicación" en el campo Password (Contraseña) de CFX Maestro Dx SE en lugar de la contraseña de correo electrónico normal.

Para verificar que los ajustes del servidor SMTP son correctos, introduzca una dirección válida de correo electrónico en el cuadro de texto Test Email Address (Probar dirección de correo electrónico) y haga clic en Test Email (Probar correo electrónico).

Nota: Algunos servidores SMTP no permiten archivos adjuntos y otros permiten archivos adjuntos con un tamaño máximo específico. Si tiene la intención de enviar archivos de datos o informes mediante el CFX Maestro Dx SE, seleccione Test Attachment (Probar adjunto) y seleccione el Attachment Size (Tamaño del adjunto) en MB a 5 megabytes (MB) o más.

3. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Cambiar los ajustes predeterminados de los archivos

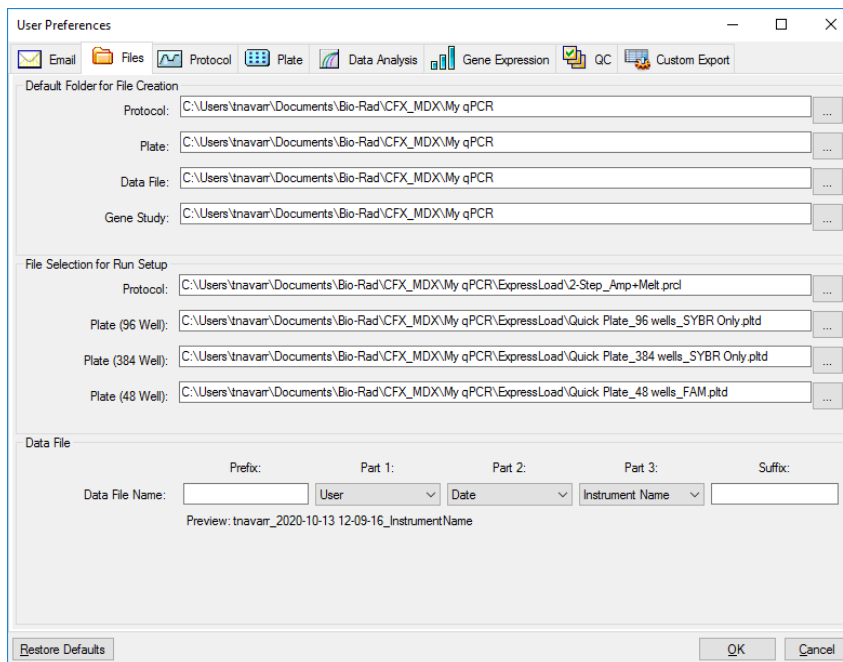
En la pestaña Files (Archivos) del cuadro de diálogo User Preference (Preferencias de usuario), puede modificar lo siguiente:

- La ubicación predeterminada donde guardar los archivos del CFX Maestro Dx SE.
- Los archivos predeterminados para la configuración de la ejecución.
- Los parámetros predeterminados de denominación de archivos.

Para cambiar los ajustes predeterminados de los archivos

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña Files (Archivos).

Capítulo 6 La ventana Home (inicio)



3. En el apartado Default Folder for File Creation (Carpeta predeterminada para crear archivos), navegue y seleccione una carpeta predeterminada en la que quiera que se guarden los nuevos archivos. Puede seleccionar una ubicación diferente para cada tipo de archivo:
 - Protocol (Protocolo)
 - Plate (Placa)
 - Data File (Archivo de datos)
 - Gene Study (Estudio genético)
4. En el apartado File Selection for Run Setup (Selección de archivos para configuración de ejecución), navegue y seleccione los archivos correspondientes de placa y de protocolo para que aparezcan cuando abra la ventana Experiment Setup (Configuración del experimento).
5. En el apartado Data File (Archivo de datos), defina el prefijo o sufijo para los archivos de datos. Para cualquier parte, seleccione un nuevo valor de la lista desplegable. También puede introducir valores personalizados para el prefijo y el sufijo en los cuadros de texto Prefix (Prefijo) y Suffix (Sufijo).

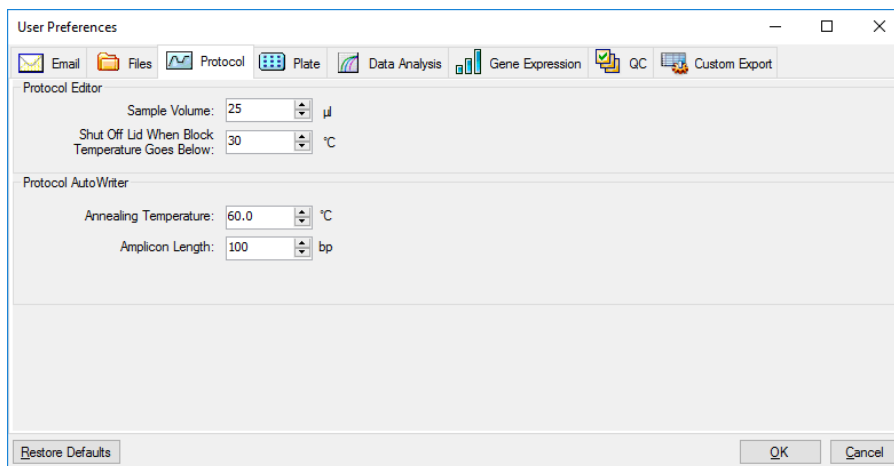
El CFX Maestro Dx SE muestra una vista previa del nombre del archivo debajo de los cuadros de selección.
6. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Ajuste de los parámetros predeterminados del protocolo

Para establecer los parámetros predeterminados de protocolo para el Protocol Editor (Editor de protocolos) y el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático)

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña Protocol (protocolo).



3. En el apartado Protocol Editor (Editor de protocolos), especifique los valores para los siguientes ajustes que aparecen en el Editor de protocolos:
 - **Sample volume** (Volumen de muestra): el volumen de cada muestra en los pocillos (en µl).
 - **Lid Shutoff temperature** (Temperatura de apagado de la tapa): la temperatura en °C a la cual el calentador de tapa se desconecta durante una ejecución.
4. En la sección Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático), especifique los valores para los siguientes ajustes que aparecen en el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático):
 - **Annealing temperature** (Temperatura de hidridación): la temperatura en °C para experimentos que utilizan polimerasa de ADN iProof, polimerasa de ADN iTaq u otras polimerasas.
 - **Amplicon length** (Longitud de amplicón): la longitud del amplicón en bp.
5. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Ajustar los parámetros de placa predeterminados

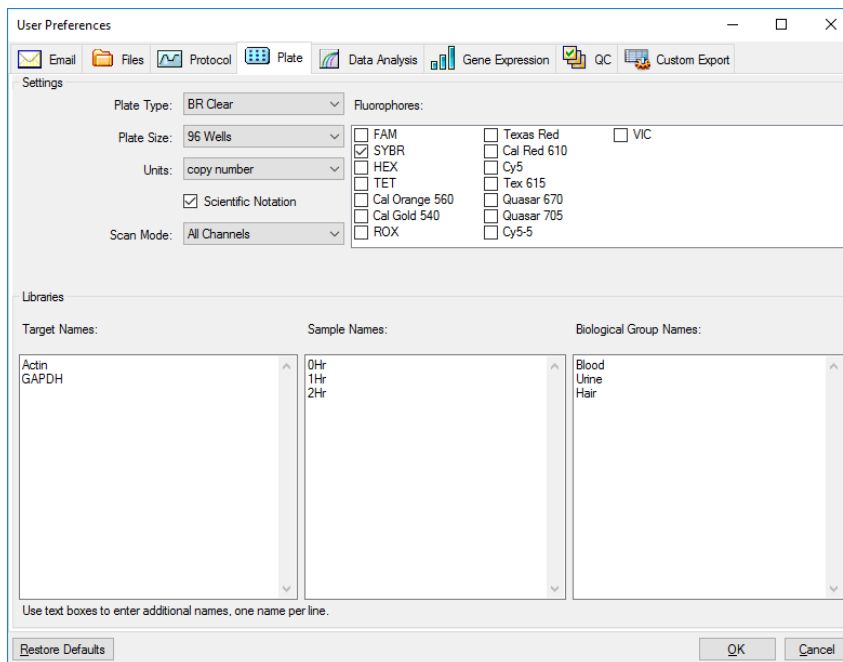
Los cambios que realiza en la pestaña Plate (Placa) están disponibles para todos los usuarios del software. Los cambios que realiza durante la configuración de la placa están disponibles para los usuarios después de guardar y cerrar el archivo de la placa.

En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), puede realizar una de las siguientes acciones:

- Ajustar los parámetros de placa predeterminados.
- Añadir nuevos nombres de objetivo, muestra, y grupo biológico para sus bibliotecas correspondientes.
- Eliminar nombres de objetivo, muestra, y grupo biológico de sus bibliotecas correspondientes.

Para ajustar los parámetros de placa predeterminados

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña Plate (Placa).



3. Especifique los valores de los siguientes ajustes para un nuevo archivo de placa. Estos valores aparecen en la ventana de Plate Editor (Editor de placas).

- **Plate type (Tipo de placa)**
- **Plate size (Tamaño de placa)**
- **Units (Unidades):** la concentración de la plantilla inicial para los pocillos que contienen estándares.

El CFX Maestro Dx SE usa estas unidades para crear una curva normalizada en la pestaña Data Analysis Quantification (Cuantificación del análisis de datos).
- **Scientific notation (Anotación científica):** cuando se selecciona, el CFX Maestro Dx SE muestra las unidades de concentración en una anotación científica.
- **Scan mode (Modo de escaneo):** el número o tipo de canales a escanear durante una ejecución.
- **Fluorophores (Fluorocromos):** los fluorocromos predeterminados que aparecen en los controles de carga de pocillos del Plate Editor (Editor de placas).

- **Libraries** (Bibliotecas): los nombres de objetivo, muestra y grupo biológico que utiliza normalmente en sus experimentos:
 - **Target names** (Nombres de objetivo): los nombres de los genes y secuencias objetivo.
 - **Sample names** (Nombres de muestra): los nombres de las muestras de experimentos o una característica identificadora para las muestras (por ejemplo, Ratón 1, Ratón 2, Ratón 3).
 - **Biological group names** (Nombres de grupo biológico): los nombres de los grupos de muestras similares que tienen el mismo estado de tratamiento o condiciones (por ejemplo, 0Hr, 1Hr, 2Hr).

4. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Para añadir un nuevo nombre de objetivo, muestra o grupo biológico

- ▶ En el cuadro correspondiente de la biblioteca, escriba el nombre del objetivo, muestra o grupo biológico y haga clic en OK (Aceptar).

Para eliminar un objetivo, una muestra o un nombre de grupo biológico

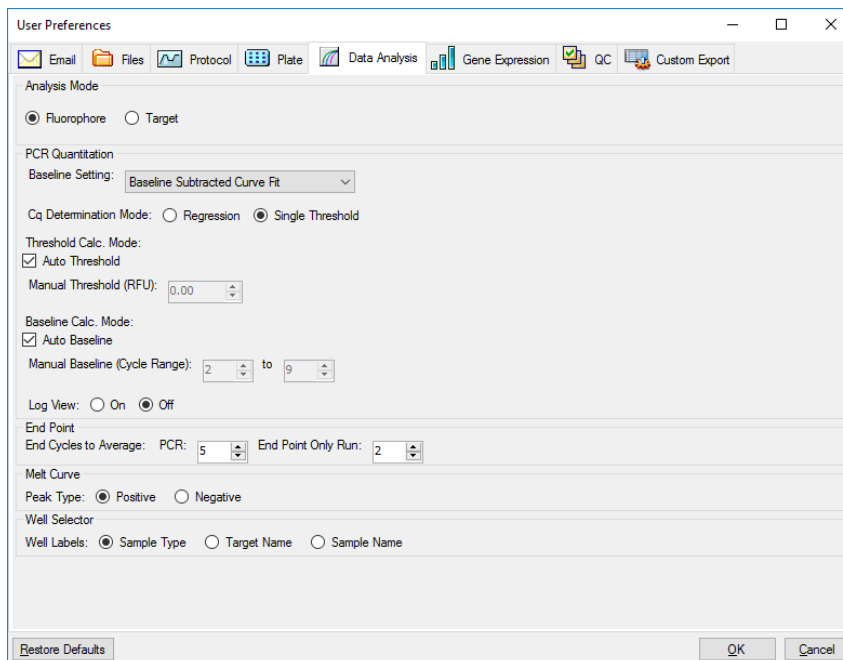
- ▶ En el cuadro correspondiente de la biblioteca, seleccione el nombre y pulse la tecla Delete (Eliminar); posteriormente, haga clic en OK (Aceptar).

Importante: Los nombres que elimine de la biblioteca se eliminan del software y dejan de estar disponibles para los usuarios. Haga clic en Restore Defaults (Restaurar los valores predeterminados) para restaurar los nombres predeterminados del CFX Maestro Dx SE. Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario) se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al eliminar los nombres predeterminados del CFX Maestro Dx SE y al hacer clic en este botón.

Establecer parámetros de análisis de datos por defecto

Para establecer los parámetros de análisis de datos predeterminados

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña Data Analysis (Análisis de datos).



3. En el apartado Analysis Mode (Modo de análisis), seleccione el modo en que quiere analizar los datos, Fluorophore (Fluorocromo) o Target (Objetivo).
4. En el apartado PCR Quantitation (Cuantificación de PCR), establezca los parámetros predeterminados para las siguientes opciones:
 - **Baseline Setting** (Ajustes de referencia): el método de referencia del modo de análisis.
 - **Cq Determination Mode** (Modo de determinación de Cq): el modo mediante el que los valores de C_q se calculan para cada traza de fluorescencia (regresión o umbral único).
 - **Threshold Calc. Mode** (Modo de cálculo de umbral): la cantidad objetivo de punto final.

La opción por defecto es Auto (Automático). Es decir, el software calcula automáticamente el objetivo final. Para fijar un umbral específico, desmarque la casilla Auto (Automático) e introduzca su cantidad final, calculada en unidades de fluorescencia relativa (RFU). El valor

máximo es de 65 000,00 RFU. Los archivos de datos para las ejecuciones posteriores usarán esta configuración de umbral.

- **Baseline Calc. Mode** (Modo de cálculo de referencia): el valor de referencia para todas las trazas.

La opción por defecto es Auto (Automático). Es decir, el software calcula automáticamente la base de referencia para todas las trazas. Para fijar un valor específico de la base de referencia, desmarque la casilla Auto (Automático) e introduzca un valor mínimo y máximo para el rango del ciclo (1 a 9999). Los archivos de datos para las ejecuciones posteriores utilizarán este rango de ciclo.

- **Log View** (Ver registro): determina cómo el software muestra los datos de amplificación:
 - On** (Activado): los datos de amplificación se muestran en un gráfico semilogarítmico.
 - Off** (Desactivado): (por defecto) los datos de amplificación se muestran en un gráfico lineal.

5. En el apartado End Point (Punto final), seleccione el número de ciclos finales de los que hacer la media al hacer los cálculos de punto final:

- **PCR**: el número de ciclos finales de los que hacer la media para los datos de cuantificación (el valor predeterminado es 5).
- **End Point Only run** (Ejecución de punto final únicamente): el número de ciclos finales de los que hacer la media para los datos de punto final (el valor predeterminado es 2).

6. En el apartado Melt Curve (Curva de fusión), seleccione el tipo de pico a detectar (positivo o negativo).

7. En el apartado Well Selector (Selector de pocillos), seleccione cómo mostrar las etiquetas de los pocillos (por tipo de muestra, nombre de la muestra o nombre del objetivo).

8. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Ajustar los parámetros predeterminados del archivo de datos de expresión genética

Para establecer los parámetros predeterminados de un nuevo archivo de datos de expresión genética

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña Gene Expression (Expresión genética).
3. Especifique los valores de los siguientes ajustes:
 - **Relative to** (En relación con): los gráficos de los datos de expresión genética en relación con un control (originado a 1) o con cero:
 - Zero** (Cero): el software ignora el control. Este es el valor predeterminado cuando no se asigna ninguna muestra de control en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento).
 - Control** (Control): el software calcula los datos en relación con la muestra de control asignada en la ventana Experiment Setup (Configuración del experimento).
 - **X-axis** (Eje X): coloca la muestra o el objetivo sobre el eje X en el gráfico.
 - **Y-axis** (Eje Y): coloca la escala lineal, de registro 2 o de registro 10 sobre el eje Y en el gráfico.
 - **Scaling** (Escalado): la opción de escalado del gráfico (la opción predeterminada es sin escalado):
 - Highest** (Superior): el software escala el gráfico al punto de datos superior.
 - Lowest** (Inferior): el software escala el gráfico al punto de datos inferior.
 - Unscaled** (No escalado): el software presenta los datos no escalados en el gráfico.
 - **Mode** (Modo): el modo de análisis, ya sea una cantidad relativa (ΔC_q) o una expresión normalizada ($\Delta\Delta C_q$).
 - **Error Bar** (Barra de error): la variabilidad de los datos presentada como la desviación estándar (Std. Desv.) o el error estándar de la media (Std. Error Mean).
 - **Error Bar Multiplier** (Multiplicador de barras de error): el multiplicador de desviación estándar utilizado para colocar las barras de error en el gráfico (el valor predeterminado es 1).
Puede aumentar el multiplicador a 2 o 3.

- **Sample Types to Exclude** (Tipos de muestras a excluir): los tipos de muestra a excluir del análisis.

Puede seleccionar una o más muestras a excluir del análisis. Para excluir todos los tipos de muestra, deseleccione todas las casillas de cualquier tipo de muestra seleccionado.

4. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Personalizar las normas de control de calidad

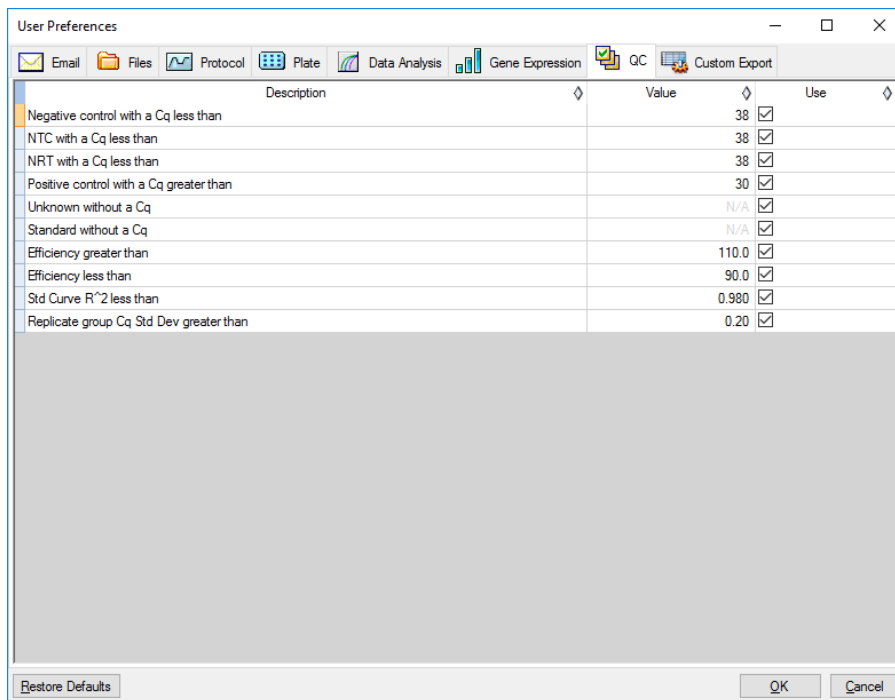
En el CFX Maestro Dx SE, usted puede establecer normas de control de calidad, que se aplican a los datos de la ventana Data Analysis (Análisis de datos). El software valida los datos según las normas que establezca.

Nota: De forma predeterminada, todas las normas de control de calidad están habilitadas.

Consejo: Puede excluir fácilmente los pocillos que fallan un parámetro de QC del análisis en el módulo QC (Control de calidad) de la ventana Data Analysis (Análisis de datos).

Para personalizar las normas de control de calidad

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña QC (Control de calidad).



Donde:

- **NTC**: sin control de plantilla.
 - **NRT**: sin control de transcriptasa inversa.
 - **Efficiency** (Eficiencia): eficiencia de la reacción.
 - **Std Curve R²** (R² de curva normalizada): valor de R al cuadrado para la curva normalizada.
 - **Replicate group Cq Std Dev** (Desv. estándar calculada para grupo de repetición): desviación estándar calculada para cada grupo de repetición.
3. Para cada norma de QC (Control de calidad), realice una de las siguientes acciones:
 - Para usar su valor predeterminado, no haga nada.
 - Para cambiar su valor, haga clic en el cuadro de texto Value (valor) correspondiente, introduzca un nuevo valor y pulse la tecla Enter (Intro).
 - Para deshabilitar la regla, desmarque la casilla Use (Usar).
 4. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Personalizar los parámetros de exportación de datos

Puede exportar datos del CFX Maestro Dx SE en los siguientes formatos:

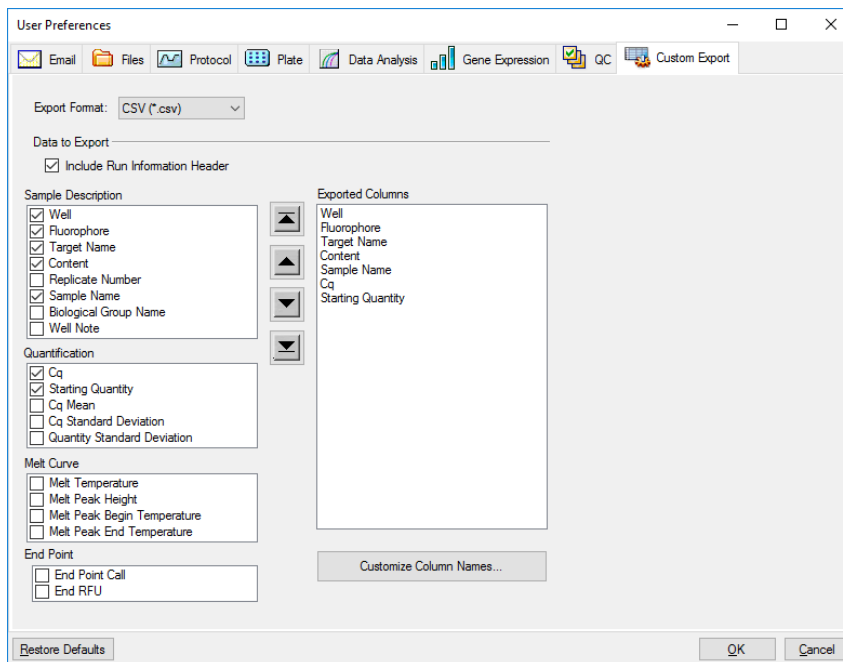
- Texto (.txt)
- CSV (.csv)
- Excel (.xls, .xlsx)
- XML (.xml)
- HTML (.html)

Importante: Su ordenador debe tener Microsoft Excel instalado para poder exportar datos a una hoja de cálculo de Microsoft Excel.

Puede especificar el tipo de datos a exportar y personalizar el resultado de los datos exportados.

Para personalizar los parámetros de exportación de datos

1. Seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) para abrir el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).
2. En el cuadro de diálogo de User Preferences (Preferencias de usuario), seleccione la pestaña Custom Export (Exportación personalizada).



3. En la lista desplegable Export Format (Formato de exportación), seleccione el formato de exportación de los datos.
4. En el apartado Data to Export (Datos a exportar), marque o desmarque las casillas para el tipo de datos a exportar. Los elementos seleccionados aparecen en el cuadro de lista Exported Columns (Columnas exportadas).

Nota: De forma predeterminada, la información de la ejecución se incluye en el encabezamiento. Desmarque esta casilla si no quiere incluir la información de la serie.

5. Puede modificar el orden de visualización de los elementos seleccionados en los resultados.

En el cuadro de lista Exported Columns (Columnas exportadas), destaque el elemento y haga clic en los botones de flecha situados a la izquierda de la lista para desplazarlo hacia arriba o hacia abajo.

6. De forma opcional, puede modificar los nombres de las columnas de resultados de los elementos seleccionados:

- a. Haga clic en Customize Column Names (Personalizar nombres de columnas).

Aparece el cuadro de diálogo Column Name Customizer (Personalizador de nombres de columnas).

- b. Para cada nombre de columna predeterminado que quiera cambiar, escriba el nuevo nombre en el campo de Custom Name (Nombre personalizado) correspondiente.

c. Realice una de las siguientes acciones:

- Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y volver a la pestaña Custom Export (Exportación personalizada). El nuevo nombre aparece entre paréntesis junto al nombre predeterminado en el cuadro de lista Exported Columns (Columnas exportadas).
- Haga clic en Cancel (Cancelar) para eliminar los cambios y volver a la pestaña Custom Export (Exportación personalizada).

7. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Importante: Al hacer clic en Restore Defaults (Restaurar valores predeterminados) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), se restablecen todas las preferencias en todas las pestañas a los ajustes originales de fábrica. Tenga cuidado al hacer clic en este botón.

Capítulo 7 Crear protocolos

Un protocolo es un conjunto de pasos que se ejecutan en una secuencia específica. En el Software CFX Maestro Dx, Security Edition, todos los pasos están asociados con opciones en el instrumento. Por ejemplo, los pasos indican al instrumento que controle el bloque y la temperatura de la tapa, que aplique una diferencia de temperatura en el bloque, que realice una lectura de placa o que realice un análisis de la curva de fusión. Cada opción se especifica para cada placa diferente y cada tipo de ejecución.

El CFX Maestro Dx SE proporciona dos opciones para crear protocolos: El Protocol Editor (Editor de protocolos) y el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático).

Las funciones del Protocol Editor (Editor de protocolos) incluyen las siguientes:

- Controles del protocolo estándar para crear protocolos rápidamente
- Capacidad para calcular rápidamente un gradiente para el número seleccionado de filas
- Capacidad para calcular rápidamente el tiempo de ejecución para el tipo de placa seleccionado
- Capacidad para editar los pasos del protocolo
- Capacidad para guardar protocolos para volver a utilizarlos
- Capacidad para imprimir el protocolo en una impresora predeterminada

El Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) genera automáticamente un protocolo de PCR personalizado con arranque en caliente, desnaturalización inicial, hidridación y pasos de extensión utilizando los parámetros que usted proporcione. A continuación, puede visualizar una representación gráfica del protocolo sugerido y editar, procesar o guardar el protocolo.

Parámetros y rangos para los pasos del protocolo

Utilice la información de la [Tabla 7](#) para modificar la configuración predeterminada de los pasos de su protocolo.

Pasos de temperatura

La temperatura objetivo es un valor entre 4,0 y 100,0 °C, establecido en décimas de grado. El sistema aumenta hasta esta temperatura y mantiene ese valor durante un período de tiempo específico (el tiempo de espera).

Pasos de gradiente

El rango de gradiente es la diferencia entre las temperaturas superior e inferior en un paso de gradiente. El rango máximo permitido es de 24 °C. La temperatura más baja es un valor entre 30,0 y 99,0 °C, establecido en décimas de grado. La temperatura superior máxima es de 100 °C. El termociclador mantiene el gradiente de temperatura objetivo en todo el bloque y mantiene esa temperatura durante un tiempo de espera específico.

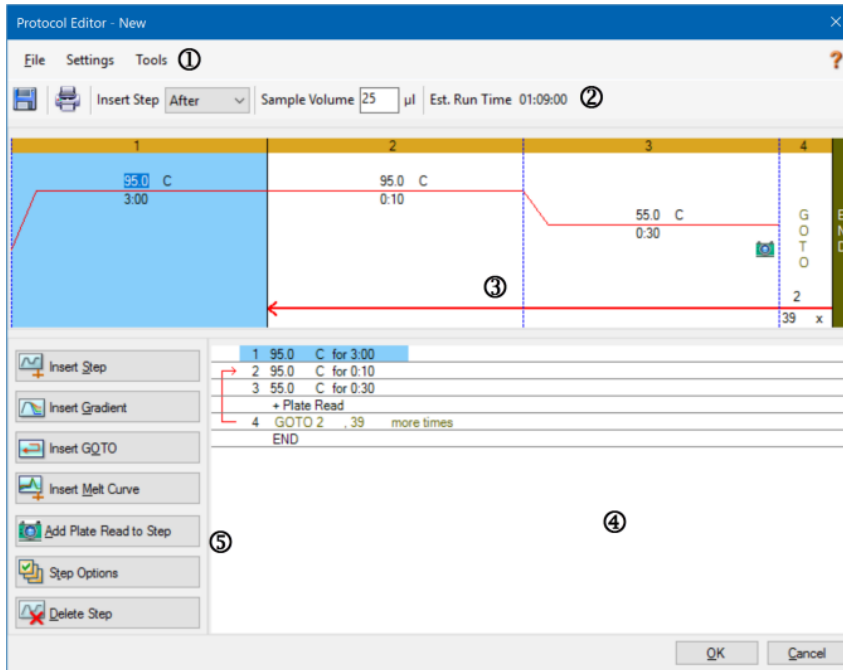
Importante: El instrumento calcula el valor del gradiente. Cuando introduce un valor en los campos superior e inferior de la calculadora de gradiente, el software calcula y asigna automáticamente las temperaturas para los campos restantes. Cuando introduce una temperatura en cualquier campo entre el campo superior e inferior, el instrumento calcula automáticamente los campos restantes. No puede introducir manualmente un valor de temperatura en cada campo.

Tabla 7. Parámetros y rangos para pasos de protocolo

Parámetro	Rango	Descripción
Ramp Rate (Tasa de aumento)	<ul style="list-style-type: none"> ■ Para los sistemas CFX Opus 96 Dx : 0,1–5 °C por segundo ■ Para sistemas CFX Opus 384 Dx: 0,1–2,5 °C por segundo ■ Para sistemas CFX Opus Deepwell Dx: 0,1–2,5 °C por segundo 	<p>Indica al termociclador que suba hasta la temperatura objetivo a la velocidad especificada en ese paso.</p> <p>Disponible solo para pasos de temperatura.</p>
Increment (Incremento)	Un número de –10,0 a 10,0 °C por ciclo en décimas de grado	<p>Indica al termociclador que cambie la temperatura objetivo de un paso con cada ciclo, donde un número positivo aumenta la temperatura y un número negativo disminuye la temperatura.</p> <p>Disponible solo para pasos de temperatura.</p>
Extend (Extender)	Un tiempo de –60 a 60 segundos por ciclo	<p>Indica al termociclador que extienda el tiempo de espera con cada ciclo. Un número positivo aumenta el tiempo de espera y un número negativo lo reduce.</p> <p>Disponible para pasos de temperatura y gradiente.</p>
Beep (Pitido)	(Sin parámetros)	<p>Indica al termociclador que emita un pitido para indicar que el termociclador ha alcanzado la temperatura objetivo para ese paso.</p> <p>Disponible solo para pasos de temperatura.</p>
Plate Read (Lectura de placa)	(Sin parámetros)	<p>Indica al termociclador que añada una lectura de placa al paso seleccionado.</p> <p>Disponible para pasos de temperatura y gradiente.</p>

Ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)

Utilice el Protocol Editor (Editor de protocolos) para crear, abrir, revisar y editar un protocolo. De forma predeterminada, el Protocol Editor (Editor de protocolos) se abre mostrando un protocolo genérico en tiempo real de dos pasos para una placa de 96 pocillos.



LEYENDA

1. La barra de menú proporciona un acceso rápido a los comandos del menú File (Archivo), Settings (Ajustes) y Tools (Herramientas).
2. La barra de herramientas proporciona un acceso rápido para guardar e imprimir el protocolo, determinar dónde introducir un paso, establecer el volumen de la muestra y visualizar el tiempo de ejecución del protocolo estimado.
3. El panel principal muestra una representación gráfica del protocolo.
4. El panel inferior muestra el esquema del protocolo.
5. El panel de la izquierda muestra los controles del protocolo que puede añadir para personalizar el protocolo.

Comandos del menú File (Archivo)

Save (Guardar): guarda el protocolo actual.

Save As (Guardar como): guarda el protocolo actual con un nombre nuevo o en una nueva ubicación.

File Passwords (Contraseñas de archivo): permite a los usuarios configurar las contraseñas para guardar y abrir archivos.

Consejo: Para obtener más información, consulte [Protección con contraseña de archivos en la página 54](#).

Close (Cerrar): cierra el Protocol Editor (Editor del protocolo).

Comando del menú Settings (Ajustes)

Lid Settings (Ajustes de tapa): abre el cuadro de diálogo Lid Setting (Ajustes de tapa), desde el que puede cambiar o configurar la temperatura de la tapa.

Comandos del menú Tools (Herramientas)

Gradient Calculator (Calculadora de gradiente): abre un cuadro de diálogo desde el que puede seleccionar el tipo de bloque para un paso de gradiente. El bloque predeterminado es de 96 pocillos.

Run time Calculator (Calculadora de tiempo de ejecución): abre un cuadro de diálogo desde el que puede seleccionar el tipo de placa y el modo de análisis para calcular el tiempo estimado de ejecución en la ventana Run Setup (Configuración de ejecución). El valor predeterminado es de 96 pocillos y todos los canales.

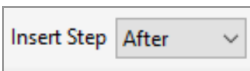
Comandos de la barra de herramientas



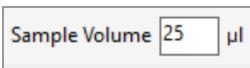
: guarda el archivo de protocolo actual.



: imprime la ventana seleccionada.

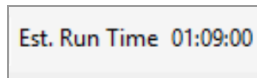


: utilice este comando para seleccionar dónde insertar los pasos relacionados con el paso seleccionado actualmente.



: utilice este comando para introducir un volumen de muestra en µl. Los volúmenes de las muestras varían dependiendo del tipo de bloque:

- Para un bloque de 96 pocillos, el intervalo es 0–50 µl.
- Para un bloque de 384 pocillos, el intervalo es 0–30 µl.
- Para un bloque de 96 pocillos profundos, el intervalo es 0–125 µl.



: presenta el tiempo de ejecución estimado basado en los pasos del protocolo, tasa de aumento y el tipo de bloque seleccionado.

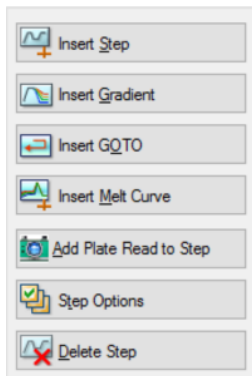


: presenta información de ayuda sobre los protocolos.

Controles de edición de protocolos

El panel izquierdo de la ventana Protocol Editor (Editor de protocolos) incluye controles que puede usar para crear protocolos.

Cada control consiste en un conjunto de parámetros que representan un paso en el protocolo. Puede modificar cada parámetro y añadir o eliminar parámetros para personalizar su protocolo. Este apartado describe las opciones en cada control.



- **Insert Step** (Insertar paso): inserta un paso antes o después del paso seleccionado. Puede editar los valores de temperatura y tiempo de espera en la visualización gráfica o en el esquema del protocolo.
- **Insert Gradient** (Insertar gradiente): inserta un paso de gradiente en base al tipo de bloque de pocillos seleccionado en la calculadora de gradientes. Puede editar el rango de gradiente en el panel Gradient (Gradiente) que aparece cuando se inserta un paso de gradiente.
- **Insert GOTO** (Insertar GOTO): inserta un paso de ciclado (bucle), que informa al software para que repita pasos específicos en secuencia para un número específico de ciclos. Las repeticiones empiezan después de que se complete el primer ciclo. Por ejemplo, puede informar al software para que realice 39 repeticiones de los pasos 2–4. Después de la última repetición, el software habrá realizado los pasos 2–4 un total de 40 veces. Puede editar el paso de vuelta (GOTO) y el número de ciclos en la visualización de gráfico o en el esquema del protocolo.
- **Insert Melt Curve** (Insertar curva de fusión): inserta un paso de lectura de la curva de fusión.

- **Insert Plate Read to Step** (Insertar lectura de placa al paso): añade un comando de lectura de placa al paso seleccionado. Una lectura de placa mide la cantidad de fluorescencia al final de un ciclo. El paso de lectura de placa generalmente es el último paso de un bucle GOTO.
Consejo: Después de añadir un comando de lectura de placa a un paso, el botón cambia a Remove Plate Read (Eliminar lectura de placa) cuando selecciona dicho paso.
- **Remove Plate Read** (Eliminar lectura de placa): elimina un comando de lectura de placa del paso seleccionado.
Consejo: Después de eliminar un comando de lectura de placa de un paso, el botón cambia a Add Plate Read to Step (Añadir lectura de placa al paso) cuando selecciona dicho paso.
- **Step Options** (Opciones del paso): abre un cuadro de diálogo de Step Options (Opciones del paso) y muestra las opciones disponibles para el paso seleccionado. Consulte [Opciones del paso en la página 112](#) para obtener información más detallada sobre las opciones del paso.
Consejo: También puede acceder a Step Options (Opciones del paso) haciendo clic derecho en el paso en la visualización de gráficos.
- **Delete Step** (Eliminar paso): elimina el paso seleccionado del protocolo.

Opciones del paso

Abra el cuadro de diálogo Step Options (Opciones del paso) para visualizar las opciones que puede añadir, cambiar o eliminar de un paso.

- **Plate Read** (Lectura de placa): cuando se selecciona, añade una lectura de placa al paso.
- **Temperature** (Temperatura): establece la temperatura objetivo para el paso seleccionado.
- **Gradient** (Gradiente): establece el rango del gradiente para el paso; el rango es 1–24 °C.
Nota: Un gradiente se ejecuta con la temperatura más baja en la parte delantera del bloque (en esta imagen, la fila H) y la temperatura más alta en la parte trasera del bloque (en esta imagen, fila A).
- **Increment** (Incremento): la cantidad a aumentar (o disminuir) la temperatura del paso seleccionado; la cantidad de este valor se añade a la temperatura objetivo con cada ciclo. El rango es de $\pm 0,1$ a 10 °C.
Nota: Para disminuir la temperatura, escriba un signo de menos (–) antes del valor numérico (por ejemplo, –5 °C).
- **Ramp Rate** (Tasa de aumento): la tasa de aumento del paso seleccionado; la tasa depende del tamaño del bloque.
- **Time** (Tiempo): el tiempo de retención para el paso seleccionado.

- **Extend** (Extender): la cantidad de tiempo (en segundos) para extender o disminuir el paso seleccionado; esta opción se añade al tiempo de retención de cada ciclo; el rango es de $\pm 1-60$ segundos.
- **Beep** (Bip): cuando se selecciona, suena un bip durante el paso.

Consejo: Cuando introduce un número que está fuera del rango de opción, el software cambia el número a la entrada más cercana dentro del rango.

Crear un protocolo en el Protocol Editor (Editor de protocolos)

Usando el Protocol Editor (Editor de protocolos), puede crear archivos de protocolo personalizados. También puede editar y guardar archivos de protocolo guardados previamente o archivos de protocolo de muestra enviados con el CFX Maestro Dx SE.

Para crear un nuevo archivo de protocolo, realice una de las siguientes acciones:

- Abra un archivo de protocolo en el Protocol Editor (Editor de protocolos).
Consejo: Puede abrir un protocolo nuevo o existente en el Protocol Editor (Editor de protocolos).
- Configure un nuevo protocolo.
- Añada pasos al protocolo en el panel de control de protocolos.
- Edite las propiedades de los pasos.
- Guarde el protocolo.

Consejo: Para crear un nuevo protocolo a partir de un archivo de protocolo guardado previamente o de muestra, consulte [Abrir un protocolo existente en la ventana del Protocol Editor \(Editor de protocolos\) en la página 116](#).

Abrir un nuevo archivo de protocolo en la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolo)

El CFX Maestro Dx SE ofrece múltiples opciones para abrir un nuevo archivo de protocolo:

- Desde el menú File (Archivo) en la ventana Home (Inicio)
- Desde el cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución) en la ventana Home (Inicio)
- Desde el cuadro de diálogo del Startup Wizard (Asistente de inicio) en la ventana Home (Inicio)

Para abrir un nuevo archivo de protocolo desde la ventana Home (Inicio)

- ▶ En la ventana Home (Inicio), seleccione File (Archivo) > New (Nuevo) > Protocol (Protocolo).

Se abre la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos), mostrando el archivo de protocolo predeterminado.

Consejo: Para obtener información sobre cómo configurar el protocolo predeterminado, consulte [Cambiar los ajustes predeterminados de los archivos en la página 91](#).

Para abrir un nuevo protocolo desde el cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de ejecución)

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones para abrir el cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución):
 - Seleccione Run (Ejecución) > User-defined Run (Ejecución definida por el usuario).
 - Haga clic en User-defined Run Setup (Configuración de ejecución definida por el usuario) en la barra de herramientas.

El cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de ejecución) se abre en la pestaña Protocol (Protocolo) y muestra el archivo de protocolo predeterminado.

2. Haga clic en Create New (Crear nuevo).

Se abre la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos), mostrando el protocolo en tiempo real predeterminado.

Para abrir un nuevo archivo de protocolo desde el Startup Wizard (Asistente de inicio)

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones para abrir el Startup Wizard (Asistente de inicio) si no está ya visible:
 - Seleccione View (Ver) > Startup Wizard (Asistente de inicio).
 - Haga clic en Startup Wizard (Asistente de inicio) en la barra de herramientas.
2. Si es necesario, seleccione el tipo de instrumento en la lista desplegable.
3. Haga clic en User-defined (Definido por el usuario) como el tipo de ejecución.

El cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de ejecución) se abre en la pestaña Protocol (Protocolo) y muestra el archivo de protocolo predeterminado.

4. Haga clic en Create New (Crear nuevo).

Se abre la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos), mostrando el protocolo en tiempo real predeterminado.

Para abrir un nuevo protocolo desde el menú Run (Ejecución)

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones para abrir el cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución):
 - Seleccione Run (Ejecución) > User-defined Run (Ejecución definida por el usuario).
 - Haga clic en User-defined Run Setup (Configuración de ejecución definida por el usuario) en la barra de herramientas.

El cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de ejecución) se abre en la pestaña Protocol (Protocolo) y muestra el archivo de protocolo predeterminado.

2. Haga clic en Create New (Crear nuevo).

Se abre la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos), mostrando el protocolo en tiempo real predeterminado.

Abrir un protocolo existente en la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos)

El CFX Maestro Dx SE proporciona archivos del protocolo de muestra que puede editar y guardar como protocolos nuevos personalizados. Puede también crear un nuevo protocolo a partir de un protocolo personalizado existente.

Para abrir un archivo de protocolo de muestra

1. En la ventana Home (Inicio), seleccione File (Archivo) > Open (Abrir) > Protocol (Protocolo).

De forma predeterminada, el explorador de Windows abre la ubicación de la carpeta de archivos Sample (Muestra) del CFX Maestro Dx SE.

2. Abra la carpeta de archivos Sample (Muestra). Verá las siguientes carpetas:

- **ConventionalProtocols** (Protocolos convencionales): contiene archivos de protocolo de ejemplo para el análisis de PCR tradicional.
- **DataFiles** (Archivos de datos): contiene archivos de datos de ejemplo que puede utilizar para explorar las funciones del CFX Maestro Dx SE.
- **MeltCalibration** (Calibración de fusión): contiene archivos de protocolo de ejemplo para su uso con el software Precision Melt Analysis (Análisis de fusión de precisión) del Bio-Rad.
- **Plates** (Placas): contiene archivos de placa de ejemplo.
- **RealTimeProtocols** (Protocolos en tiempo real): contiene archivos de protocolo de ejemplo para el análisis de PCR en tiempo real.

3. Abra la carpeta de protocolos para el tipo de ejecución que planea realizar; también puede abrir ConventionalProtocols (Protocolos convencionales) o RealTimeProtocols (Protocolos en tiempo real).

4. Seleccione el protocolo de su elección y haga clic en Open (Abrir).

El protocolo de muestra se abre en la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos).

5. Seleccione File (Archivo) > Save As (Guardar como) y guarde el protocolo con un nombre nuevo o en una nueva carpeta.

Para abrir un protocolo existente

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione File (Archivo) > Open (Abrir) > Protocol (Protocolo), navegue y seleccione el protocolo objetivo, y haga clic en Open (Abrir).
 - Abra el Startup Wizard (Asistente de inicio) y realice una de las siguientes acciones:
 - Para editar el protocolo mostrado, haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado).
 - Para editar un protocolo existente, haga clic en Select Existing (Seleccionar existente) y navegue al archivo en cuestión.

El protocolo se abre en la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos).
2. Seleccione File (Archivo) > Save As (Guardar como) y guarde el protocolo con un nombre nuevo o en una nueva carpeta.

Configurar un nuevo protocolo

Consejo: Si su archivo de protocolo incluye los parámetros requeridos (por ejemplo, si está editando un archivo de placa existente), puede saltarse este apartado. Vaya a [Adición de pasos a un protocolo en la página 120](#).

Los nuevos archivos de protocolo requieren los siguientes parámetros:

- Tipo de bloque
- Modo de análisis para el tipo de bloque elegido
- Temperatura de la tapa
- Volumen de la muestra

Establecer el tipo de bloque

El CFX Maestro Dx SE calcula automáticamente los aumentos de temperatura para los pasos del gradiente basándose en el tipo de bloque.

Nota: El tipo de placa establecido en el Protocol Editor (Editor de protocolos) debe ser el mismo que la placa en el módulo de reacción.

Para establecer el tipo de bloque

- ▶ En la ventana Protocol Editor (Editor de protocolos), seleccione Tools (Herramientas) > Gradient Calculator (Calculadora de gradiente) y seleccione el tipo de placa adecuado en la lista desplegable que aparece.

Seleccionar el modo de análisis para el tipo de bloque seleccionado

Para determinar el tiempo de ejecución del protocolo, seleccione el tipo de bloque objetivo y el modo de análisis.

Para seleccionar el tipo de bloque y el modo de análisis

- ▶ En la ventana Protocol Editor (Editor de protocolos), seleccione Tools (Herramientas) > Run time Calculator (Calculadora de tiempo de ejecución) y seleccione el tipo de placa adecuado y el modo de análisis en la lista desplegable.

Ajustar la temperatura de la tapa

El CFX Maestro Dx SE establece las temperaturas de la tapa predeterminadas de la siguiente manera:

- Instrumentos de 96 pozos y pozos profundos: 105,0 °C
- Instrumentos de 384 pocillos: 95,0 °C

Puede cambiar los ajustes predeterminados o apagar el calentador de la tapa según resulte necesario para el protocolo.

Para ajustar la temperatura de la tapa

1. En la ventana Plate Editor (Editor de placas), seleccione Settings (Ajustes) > Lid Settings (Ajustes de tapa).
Aparece el cuadro de diálogo Lid Settings (Ajustes de tapa).
2. Realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione User Defined (Definido por el usuario) e introduzca un valor de temperatura en el cuadro de texto.
 - Seleccione Turn Off Lid Heater (Apagar calentador de tapa).

Crear un protocolo en el Protocol Editor (Editor de protocolos)

3. Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo.

Establecer el volumen de la muestra

De forma predeterminada, el CFX Maestro Dx SE establece el volumen de la muestra para cada pocillo en 25 µl. Los volúmenes de muestra varían dependiendo del tipo de bloque; por ejemplo:

- 0–50 µl para un bloque de 96 pocillos
- 0–30 µl para un bloque de 384 pocillos

El instrumento usa uno de dos modos de control de temperatura para determinar cuándo la muestra alcanza la temperatura deseada en un protocolo:

- **Calculated mode** (Modo calculado): cuando el volumen de la muestra se establece en un volumen adecuado para el bloque, el instrumento calcula la temperatura de la muestra en base a su volumen. Este es el modo estándar.
- **Block mode** (Modo de bloque): cuando el volumen de la muestra se establece en cero (0) µl, el instrumento registra la temperatura de la muestra como la misma que la temperatura del bloque medido.

Para establecer el volumen de la muestra para un bloque específico

- ▶ En la ventana Plate Editor (Editor de placas), introduzca el valor correcto en el cuadro de texto Sample Volume (Volumen de la muestra) en la barra de herramientas.

Consejo: Puede cambiar el volumen de la muestra predeterminado en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Consulte [Cambiar los ajustes predeterminados de los archivos en la página 91](#).

Adición de pasos a un protocolo

Para añadir un paso a un protocolo

1. Abra el protocolo en la ventana Protocol Editor (Editor de protocolos).
2. Determine dónde desea insertar el nuevo paso. En la barra de herramientas, seleccione Before (Antes) o After (Después) en la lista desplegable Insert Step (Insertar paso).
3. En el gráfico, seleccione el paso antes o después del que desea insertar el nuevo paso.
4. En el panel izquierdo, haga clic en Insert Step (Insertar paso).
5. Para cambiar la temperatura o el tiempo de espera, haga clic en el valor predeterminado del gráfico o en el esquema del protocolo y escriba un nuevo valor.
6. (Opcional) En el panel izquierdo, haga clic en Step Options (Opciones del paso) para mostrar el cuadro de diálogo Step Options (Opciones del paso) y modifique las opciones disponibles para el paso seleccionado.

Consejo: Puede acceder al cuadro de diálogo Step Options (Opciones del paso) del menú contextual en el panel del gráfico o en el panel del esquema del protocolo.

7. Haga clic en OK (Aceptar) y, a continuación, en Yes (Sí) para guardar los cambios realizados en el protocolo.

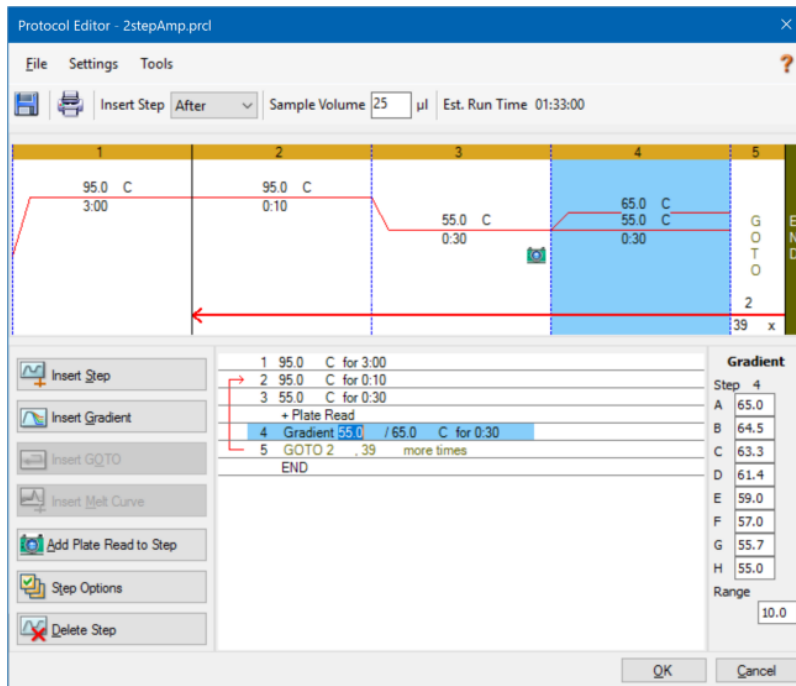
Aparece el cuadro de diálogo Save As (Guardar como).

8. En el cuadro de diálogo Save As (Guardar como), escriba un nombre para el nuevo archivo de protocolo y haga clic en Save (Guardar).

Insertar un paso de gradiente

Para insertar un paso de gradiente

1. Verifique que el tamaño de la placa para el gradiente es el mismo que el tipo de bloque del instrumento, 96 pocillos, 384 pocillos o pocillo profundo.
2. Si todavía no lo ha hecho, seleccione el tamaño de placa para el gradiente:
Seleccione Tools (Herramientas) > Gradient Calculator (Calculadora de gradiente) y seleccione el tipo de pocillo adecuado en la lista desplegable.
3. En la barra de herramientas, seleccione Before (Antes) o After (Después) en la lista desplegable Insert Step (Insertar paso).
4. En el gráfico o en el panel de esquema, seleccione el paso anterior o posterior al que va a insertar el nuevo paso de gradiente.
5. En el panel izquierdo, haga clic en Insert Gradient (Insertar gradiente). El nuevo paso de gradiente se destaca en el gráfico y el panel de esquema, por ejemplo:



La temperatura de cada fila en el gradiente aparece en la tabla Gradient (Gradiente) en el panel derecho.

6. Para editar el rango de temperatura del gradiente, realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en la temperatura predeterminada en el gráfico o panel de esquema e introduzca una nueva temperatura.
 - Haga clic en Step Options (Opciones del paso) para introducir el rango de gradiente en la ventana Step Options (Opciones del paso).
 - Cambie el valor de Range (Rango) en la tabla Gradient (Gradiente).
7. Para editar el tiempo de espera, haga clic en el tiempo por defecto en la vista de gráfico o de texto e introduzca un tiempo nuevo.
8. Haga clic en Ok (Aceptar) y a continuación en Yes (Sí) para guardar los cambios.

Insertar un paso GOTO

Nota: No puede insertar un paso GOTO dentro de un grupo GOTO; no puede crear bucles de GOTO unos dentro de otros.

Para insertar un paso GOTO

1. En la barra de herramientas, seleccione Before (Antes) o After (Después) de la lista desplegable Insert Step (Insertar paso).
2. En el gráfico, seleccione el paso antes o después del que desea insertar el paso GOTO.
3. En el panel izquierdo, haga clic en Insert GOTO (Insertar GOTO).
4. Para editar el número de paso GOTO o el número de repeticiones GOTO, seleccione el número por defecto en el gráfico o panel del esquema e introduzca un nuevo valor.
5. Haga clic en Ok (Aceptar) y a continuación en Yes (Sí) para guardar los cambios.

Introducir un paso de curva de fusión

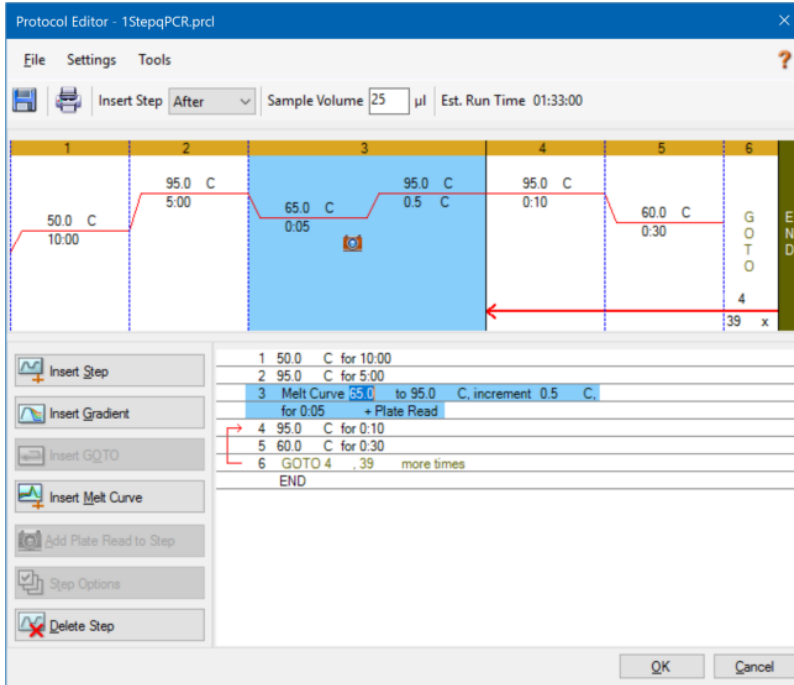
Consejo: No puede introducir un paso de curva de fusión dentro de un bucle GOTO.

Nota: El paso de curva de fusión incluye una retención de 30 segundos al principio del paso que no se muestra en el protocolo.

Para introducir un paso de curva de fusión

1. En la barra de herramientas, seleccione Before (Antes) o After (Después) de la lista desplegable Insert Step (Insertar paso).
2. En el gráfico, seleccione el paso anterior o posterior al que va insertar el paso de la curva de fusión.

3. En el panel izquierdo, haga clic en Insert Melt Curve (Insertar curva de fusión). El nuevo paso de curva de fusión aparece destacado en el gráfico y el panel del esquema, por ejemplo:



4. Para editar el rango de temperatura de fusión o aumentar el tiempo, seleccione el número por defecto en el gráfico o panel del esquema e introduzca un nuevo valor.
5. Haga clic en Ok (Aceptar) y a continuación en Yes (Sí) para guardar los cambios.

Añadir o eliminar un paso de lectura de placa

Consejo: Después de añadir un comando de lectura de placa a un paso, el botón cambia a Remove Plate Read (Eliminar lectura de placa) cuando selecciona dicho paso.

Para añadir una lectura de placa a un paso

1. En la barra de herramientas, seleccione Before (Antes) o After (Después) de la lista desplegable Insert Step (Insertar paso).
2. En el gráfico, seleccione el paso antes o después del cual desea insertar el paso de lectura de placa.
3. En el panel de la izquierda, haga clic en Add Plate Read to Step (Añadir lectura de placa al paso) para añadir una lectura de placa al paso seleccionado.
4. Haga clic en Ok (Aceptar) y a continuación en Yes (Sí) para guardar los cambios.

Para eliminar una lectura de placa de un paso

- ▶ En el gráfico, seleccione el paso que contiene la lectura de placa y haga clic en Remove Plate Read (Eliminar lectura de placa) en el panel de la izquierda.

Cambiar las opciones de los pasos

Para cambiar las opciones para un paso seleccionado

1. Seleccione el paso seleccionado en el gráfico o el panel de esquema.
2. En el panel izquierdo, haga clic en Step Options (Opciones del paso) para abrir el cuadro de diálogo Step Options (Opciones del paso).

Si no, haga clic derecho en el paso objetivo en cualquier panel y seleccione Step Options (Opciones del paso) en el menú que aparece.

3. Para añadir, modificar o eliminar opciones:
 - Introduzca un valor en el cuadro de texto adecuado.
 - Edite un valor en el cuadro de texto correspondiente.
 - Marque o desmarque una casilla de verificación.
4. Haga clic en Ok (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo Step Options (Opciones del paso).
5. Haga clic en OK (Aceptar) y después en Yes (Sí) para guardar el protocolo.

Eliminar un paso

Importante: No puede deshacer esta función. Tenga cuidado al eliminar pasos.

Para eliminar un paso en el protocolo

1. Seleccione el paso en el panel del gráfico o esquema.
2. En el panel de la izquierda, haga clic en Delete Step (Eliminar paso) para eliminar el paso seleccionado.
3. Haga clic en OK (Aceptar) y a continuación en Yes (Sí) para guardar el protocolo.

Copiar, exportar o imprimir un protocolo

Para copiar un protocolo

- ▶ Haga clic con el botón derecho sobre el esquema del protocolo y seleccione Copy Protocol (Copiar protocolo).

Puede pegar el esquema en un archivo .txt, .xls, .doc o .ppt.

Para exportar un protocolo

1. Haga clic con el botón derecho sobre el esquema del protocolo y seleccione Export Protocol (Exportar protocolo).
Aparece el cuadro de diálogo Save As (Guardar como).
2. (Opcional) En Windows Explorer (Explorador de Windows), navegue hacia una carpeta en la que guardar el archivo del protocolo.
3. En File name (Nombre de archivo), escriba un nombre para el archivo del protocolo exportado.
4. Haga clic en Save (Guardar).

Para imprimir un protocolo

- ▶ Haga clic con el botón derecho sobre el esquema del protocolo y seleccione Print (Imprimir).

Puede imprimir el esquema del protocolo en la impresora predeterminada.

Crear un protocolo con el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático)

Importante: Bio-Rad no garantiza que la ejecución de un protocolo creado con Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) siempre dará un producto de PCR.

El Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) de CFX Maestro Dx SE automáticamente genera protocolos cíclicos basados en los siguientes parámetros de entrada:

- **Amplicon length** (Longitud de amplicón): la longitud estimada del producto de PCR.
- **Annealing temperature** (Temperatura de hidridación): la T_a de reacción de los cebadores utilizados.

Si se desconoce la T_a , puede utilizar la calculadora de T_a para calcularla automáticamente basándose en las secuencias de cebadores.

Nota: La T_a se ajusta a partir de la información de la temperatura (T_m) de fusión de los cebadores, que se basa en la encima seleccionada y la velocidad del protocolo.

- **Enzyme type** (Tipo de encima): la encima ADN-polimerasa (ADN-polimerasa de iTaq, iProof u otro).
Si utiliza una encima diferente a ADN-polimerasa de iTaq o iProof, puede introducir más información, incluido el rango de gradiente, el tiempo de activación en caliente (en segundos) y el tiempo de extensión final (en segundos).
- **Run speed** (Velocidad de ejecución): la velocidad de reacción (Standard (Estándar), Fast (Rápida) o Ultrafast (Ultrarrápida)).

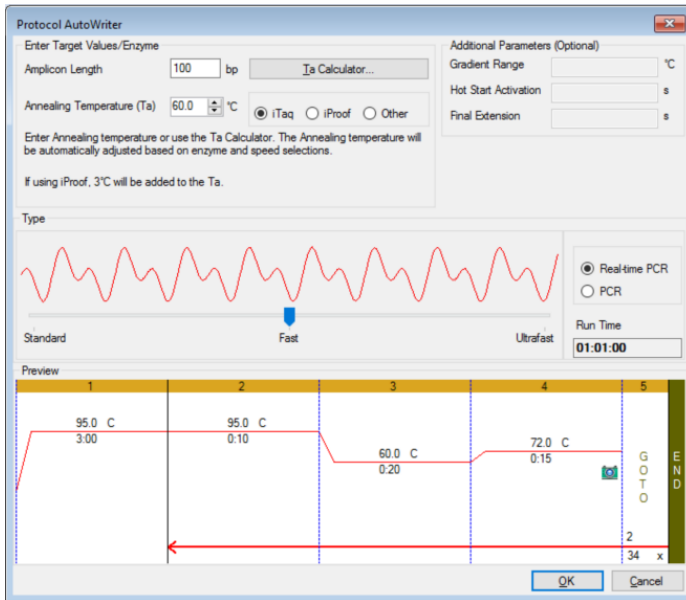
El Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) optimiza el protocolo dependiendo de la configuración de velocidad seleccionada. El tiempo total de ejecución se determina por el número de pasos y ciclos, el tiempo de incubación en cada paso y el tiempo que lleva alcanzar la uniformidad a la temperatura objetivo.

Utilizando los parámetros que ha introducido y las normas de PCR estándar, el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) genera automáticamente un protocolo de PCR personalizado con arranque en caliente, desnaturalización inicial, hidridación y pasos de extensión. Puede entonces visualizar una representación gráfica del protocolo sugerido y editar, ejecutar o guardar el protocolo.

Para crear un nuevo protocolo utilizando el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) del CFX Maestro Dx SE:

1. En la ventana Home (Inicio), seleccione Tools (Herramientas) > Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático).

Aparece el cuadro de diálogo del Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático).



2. En la sección Enter Target Values/Enzyme (Introducir valores objetivo/encima), haga lo siguiente:

- Introduzca la temperatura de hidridación (T_a) para los cebadores, si se conoce.

Consejo: Consulte [Utilizar la Ta Calculator \(Calculadora de Ta\)](#) en la [página 129](#) para obtener más información.

Nota: Para obtener más información acerca de los cálculos utilizados en la calculadora de T_a , consulte Breslauer et al. 1986.

- Introduzca la longitud de amplicón en pares de bases (bp).
- Seleccione un tipo de encima de la lista de opciones (iTaq DNA polymerase (ADN-polimerasa de iTaq), iProof DNA polymerase (ADN-polimerasa de iProof) u Other (Otro)).

Consejo: Si selecciona Other (Otro) como el tipo de encima, los parámetros de la sección Additional Parameters (Parámetros adicionales) (opcional) se activan.

3. Si ha seleccionado Other (Otro) como el tipo de encima, puede añadir cualquiera de los siguientes parámetros, o todos, al protocolo:
 - Gradient range (Rango de gradiente)
 - Hot start activation temperature (Temperatura de activación en caliente)
 - Final extension time (Tiempo de extensión final)
4. En la sección Type (Tipo), mueva la barra de deslizamiento para seleccionar una velocidad de protocolo (Standard (Estándar), Fast (Rápida) o Ultrafast (Ultrarrápida). El CFX Maestro Dx SE ajusta el tiempo de ejecución total.
5. Seleccione el tipo de PCR para ejecutar (el PCR en tiempo real es el predeterminado).
Con el PCR en tiempo real, el CFX Maestro Dx SE añade un paso de lectura de placa para recopilar datos de fluorescencia.
6. En el apartado Preview (Previsualizar), revise el protocolo. Puede realizar cambios según sea necesario.
7. Realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en OK (Aceptar) para guardar el protocolo nuevo. Después de guardarlo, el protocolo se abre en el Startup Wizard (Asistente de inicio). Haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado) para realizar cambios en el protocolo. Por ejemplo, es posible que necesite cambiar la temperatura de la tapa y el volumen de la muestra.
 - Haga clic en Cancel (Cancelar) para cerrar la ventana sin guardar el protocolo.

Utilizar la T_a Calculator (Calculadora de T_a)

Cuando se desconoce la temperatura de hidridación del cebador, puede utilizar la T_a Calculator (Calculadora de T_a) para calcular el valor. Puede utilizar el valor del Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) o del Protocol Editor (Editor de protocolos) para crear su protocolo.

Acerca de la calculadora de T_a

La calculadora de T_a calcula el valor de T_m para cada cebador, así como el valor de T_a para el protocolo a la velocidad estándar.

La calculadora de T_a del protocolo se basa en los valores T_m promedio del cebador aplicando las siguientes reglas:

- Si la diferencia entre los valores de T_m del cebador es >4 °C, el valor de T_a = (el menor de los valores de los dos valores de T_m del cebador +2) -4 °C

- Si la diferencia entre los valores de T_m es de ≤ 4 °C, el valor de T_a = (la media de los valores de T_m del cebador) -4 °C

Método de recuento de pares de base

Para cada cebador, la calculadora de T_a usa el método de conteo de par de base para secuencias de 14 pares de base (bp) o menos.

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

donde «w», «x», «y» y «z» son los números de las bases A, T, G y C en la secuencia, respectivamente.

Método del vecino más próximo

Para secuencias de más de 14 bp de longitud, se utiliza el método del vecino más próximo. En el método del vecino más próximo, los cálculos de la temperatura de fusión se basan en la relación termodinámica entre entropía (orden o medida de la aleatoriedad del oligonucleótido), entalpía (calor liberado o absorbido por el oligonucleótido), energía libre y temperatura.

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

donde:

- ΔH = Valor de entalpía, Cal/Mol*K
- T = Temperatura, Kelvin
- ΔS = Valor de entropía, Cal/Mol*K
- ΔG = Energía libre de Gibbs en Cal/Mol*K

El cambio en entropía y entalpía se calcula directamente sumando los valores para los pares de nucleótidos que aparecen en la [Tabla 8](#) (Breslauer et al. 1986).

La relación entre la energía libre y la concentración de reactivos y productos en equilibrio viene dada por:

$$\Delta G = R * T * \ln ((ADN * Cebador) / (ADN + Cebador))$$

donde R es la constante universal de los gases ideales (1,986 Cal/Mol*K).

Sustituyendo G en las dos ecuaciones y resolviendo la T da como resultado

$$T = \Delta H / (\Delta S + R * \ln ((ADN * Cebador) / (ADN + Cebador)))$$

suponiendo que la concentración de ADN y ADN-cebador es la misma.

Se ha demostrado empíricamente que hay un cambio de 5 kcal de energía libre (3,4 kcal) (Sugimoto et al. 1996) durante la transición desde ADN monocatenario a ADN forma B. Se trata, posiblemente, de energía de iniciación de la hélice. Finalmente, añadir un ajuste de sal proporciona la ecuación que usa la calculadora de T_a :

$$T = (\Delta H - 5(\text{KCal/K*Mol})) / (\Delta S + (R * \ln(1/(\text{cebador})))) + 16,6 \log_{10}(\text{molaridad de la sal})$$

No se requiere una constante de ajuste para la concentración de la sal, dado que los diversos parámetros se determinaron con NaCl 1 M y el \log_{10} de 1 es cero.

Los cálculos termodinámicos suponen que la hidridación ocurre a pH 7.0. Los cálculos de T_m suponen que las secuencias no son simétricas y contienen al menos una G o C.

La secuencia de oligonucleótido debería tener al menos 14 bases de longitud para ofrecer valores de T_m razonables. Con menos de 14 bases se usa el método de recuento de par de bases (consulte la [Tabla 8](#) a continuación).

Tabla 8. Constantes de interacción de Breslauer

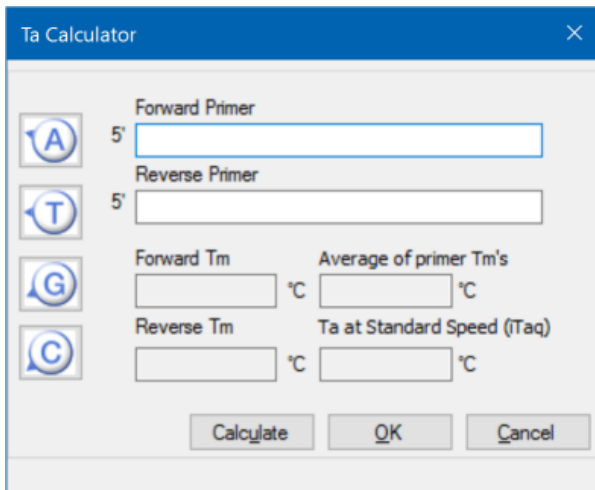
Interacción		ΔH	ΔS	ΔG
AA	TT	9,1	24	1,5
AT	TA	8,6	23,9	1,5
AC	TG	6,5	17,3	1,3
AG	TC	7,8	20,8	1,6
TA	AT	6	16,9	0,9
TT	AA	9,1	24	1,9
TC	AG	5,6	13,5	1,6
TG	AC	5,8	12,9	1,9
CA	GT	5,8	12,9	1,9
CT	GA	7,8	20,8	1,6
CC	GG	11	26,6	3,1
CG	GC	11,9	27,8	3,6
GA	CT	5,6	13,5	1,6
GT	CA	6,5	17,3	1,3
GC	CG	11,1	26,7	3,1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

Utilizar la calculadora de T_a

Para utilizar la calculadora T_a

1. Para abrir la calculadora T_a , realice una de las siguientes acciones:
 - Si está actualmente en el Protocolo AutoWriter (Escritor de protocolos automático), haga clic en T_a Calculator (Calculadora de T_a).
 - En la ventana Home (Inicio), seleccione Tools (Herramientas) > T_a Calculator (Calculadora de T_a).

Aparece el cuadro de texto T_a Calculator (Calculadora de T_a).



2. En el cuadro de texto Forward Primer (Cebador directo), escriba o pegue la secuencia del cebador directo.
Consejo: Puede utilizar los botones A, T, G y C a la izquierda del cuadro de diálogo para introducir la secuencia.
3. Escriba o pegue la secuencia del cebador indirecto en el cuadro de texto Reverse Primer (Cebador indirecto).
4. Haga clic en Calculate (Calcular).

La T_a Calculator (Calculadora de Ta) calcula y muestra la T_m de cada cebador y los valores medios de T_m y T_a ; por ejemplo:

Field	Value	Unit
Forward Primer	5' CTG GAG CCT TCA GTT GCA G	
Reverse Primer	5' GAA GAT GGT GAT GGG ATT TC	
Forward Tm	59.7	°C
Reverse Tm	56.9	°C
Average of primer Tm's	58.3	°C
Ta at Standard Speed (iTaQ)	54.3	°C

Si los valores de T_m de los cebadores distan en más de 4 °C, el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático) utiliza el valor de T_m del cebador más bajo + 2 °C como base para calcular el valor de T_a , que usted puede modificar posteriormente cambiando la enzima y la velocidad de reacción.

La calculadora de T_a genera una temperatura de hidridación para la velocidad estándar con polimerasa de ADN iTaq. Al utilizar una enzima diferente, la configuración de velocidad ajusta inmediatamente la T_a .

5. Realice una de las siguientes acciones:

- Si ha abierto la T_a Calculator (Calculadora de Ta) desde el Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático), haga clic en OK (Aceptar). Para volver al Protocol AutoWriter (Escritor de protocolos automático). La temperatura de hidridación se modifica automáticamente.
- Si ha abierto la T_a Calculator (Calculadora de Ta) desde el menú Tools (Herramientas), registre los cálculos y haga clic en Cancel (Cancelar) para cerrar la calculadora.

Capítulo 8 Preparar placas

Un archivo de placa contiene información sobre parámetros de ejecución, como el modo de análisis, los fluorocromos y los contenidos de los pocillos. Después de la ejecución, el Software CFX Maestro Dx, Security Edition vincula el contenido de los pocillos con los datos de fluorescencia recopilados durante la ejecución y aplica el análisis adecuado en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Por ejemplo, los pocillos cargados con un tipo de muestra estándar se usan para generar una curva normalizada.

El CFX Maestro Dx SE proporciona dos opciones para crear placas: El Plate Editor (Editor de placas) para ejecuciones de PCR en tiempo real y el Setup Wizard (Asistente de configuración) para análisis de expresión génica normalizada.

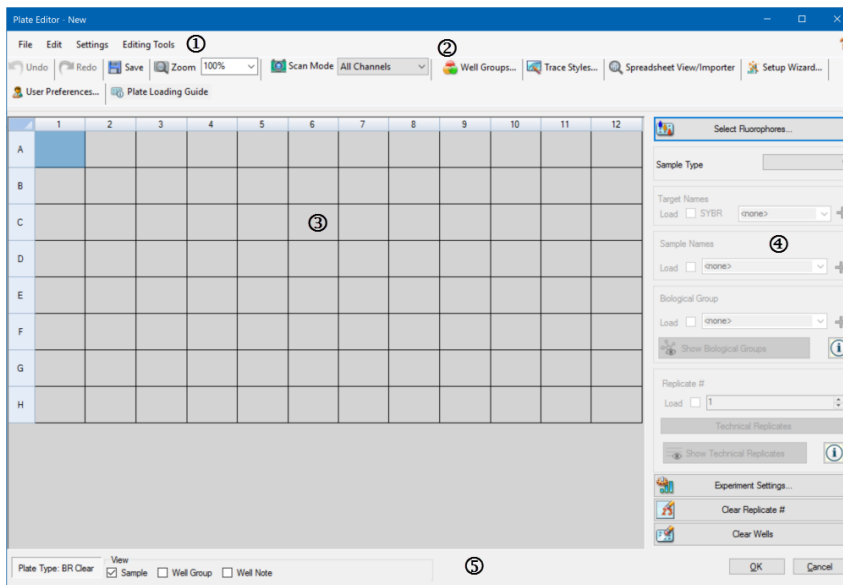
El Plate Editor (Editor de placas) incluye las siguientes funciones:

- Fluorocromos estándar y tipos de muestra para asignar a los pocillos de la placa
- Capacidad para establecer objetivos de referencia y muestras de control para el análisis de expresión génica
- Capacidad para editar la configuración de la placa antes, durante o después de una ejecución
- Capacidad para guardar archivos de placa para su reutilización
- Capacidad para imprimir el archivo de placa en una impresora por predeterminada

El Setup Wizard (Asistente de configuración) le guía para crear un esquema de placa para el análisis de expresión génica normalizada. Puede usar el Setup Wizard (Asistente de configuración) antes, durante o después de una ejecución.

Ventana del Plate Editor (Editor de placas)

Puede utilizar el Plate Editor (Editor de placas) para crear placas personalizadas o modificar placas existentes.



LEYENDA

1. La barra de menú proporciona un acceso rápido a los comandos del menú File (Archivo) y Settings (Ajustes), así como a las opciones de herramientas de edición de placas.
2. La barra de herramientas proporciona un acceso rápido a funciones importantes de carga de placas.
3. El panel principal presenta el esquema de la placa y las opciones de la placa conforme las aplica.
4. El panel derecho muestra las opciones que utiliza para personalizar su placa.
5. El panel inferior presenta el tipo de placa y proporciona un acceso rápido a la visualización de las opciones.

Comandos del menú File (Archivo)

Save (Guardar): guarda el archivo de datos de la placa en la ubicación especificada en la pestaña File (Archivo) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Consulte [Cambiar los](#)

[ajustes predeterminados de los archivos en la página 91](#) para obtener más información. Este elemento del menú solo está disponible al crear un nuevo archivo de placa.

Save As (Guardar como): guarda el archivo de datos de placa abierto con el nombre nuevo que introduzca. Este elemento del menú solo está disponible al crear un nuevo archivo de placa.

File Passwords (Contraseñas de archivo): permite a los usuarios configurar las contraseñas para guardar y abrir archivos.

Extract Plate (Extraer placa): abre un cuadro de diálogo en el que puede extraer/guardar el archivo de placa (.pltd). Este elemento del menú solo está disponible al ver o editar un archivo de placa existente.

Print (Imprimir): imprime el archivo de datos de placa abierto.

Close (Cerrar): cierra el Plate Editor (Editor de placas).

Comandos del menú Edit (Editar)

Undo (Deshacer): revierte un cambio en un archivo de placa hasta que se guarda el archivo de la placa.

Redo (Rehacer): revierte la acción más reciente de Undo (Deshacer) salvo que el archivo de la placa se haya guardado.

Comandos del menú Settings (Ajustes)

Plate Size (Tamaño de placa): abre un cuadro de diálogo desde el que puede seleccionar un tamaño de placa para la ejecución.

Nota: El tamaño de la placa debe ser el mismo que el tamaño de bloque del instrumento en el que se realiza la ejecución.

Elija 96 pocillos para:

- CFX Opus 96 Dx
- CFX Opus Deepwell Dx

Elija 384 pocillos para:

- CFX Opus 384Dx

Plate Type (Tipo de placa): le permite seleccionar el tipo de pocillo de la placa que alberga las muestras; puede ser BR White (BR blanco) o BR Clear (BR claro). Para obtener un análisis de datos preciso, el tipo de placa seleccionado debe ser el mismo que el tipo de placa utilizado en la ejecución.

Nota: Debe calibrar los tipos de placa nuevos. Consulte [Calibrar nuevos tintes en la página 83](#) para obtener más información.

Number Convention (Convención de número): le permite seleccionar o deseleccionar la opción de mostrar unidades en una anotación científica. El modo predeterminado es mostrar unidades en una anotación científica.

Units (Unidades): le permite seleccionar las unidades a mostrar en las hojas de cálculo cuando realiza la cuantificación de desconocidos frente a la curva normalizada.

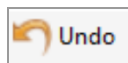
Comandos del menú Editing Tools (Herramientas de edición)

Setup Wizard (Asistente de configuración): abre el Setup Wizard (Asistente de configuración), en el que puede configurar los parámetros de esquema y análisis para la placa actual. Puede usar el Setup Wizard (Asistente de configuración) antes, durante o después de la finalización de una ejecución.

Spreadsheet View/Importer (Vista/Importador de hoja de cálculo): abre el cuadro de diálogo View (Ver), que muestra el esquema de la placa como una plantilla en formato de hoja de cálculo. Puede usar este cuadro de diálogo para exportar o importar datos de plantillas de placa en formato .csv.

Flip Plate (Girar placa): gira los contenidos de la placa 180°.

Comandos de la barra de herramientas



Undo

Invierte un cambio realizado en una placa. El CFX Maestro Dx SE puede deshacer hasta diez acciones.



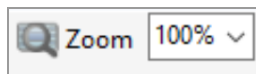
Redo

Invierte la acción de Undo (Deshacer) más reciente. El CFX Maestro Dx SE puede rehacer hasta diez acciones.



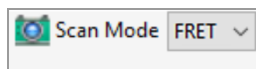
Save

Guarda el archivo de placa actual.



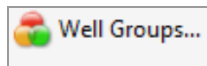
Zoom 100% ▾

Muestra una lista desplegable desde la que puede aumentar o disminuir la ampliación de la vista de placa.



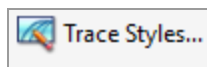
Scan Mode FRET ▾

Muestra una lista desplegable desde la que puede seleccionar un modo de análisis, que da instrucciones al instrumento sobre los canales desde los que recopilar datos de fluorescencia durante una ejecución.



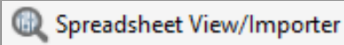
Well Groups...

Abre el Well Groups Manager (Gestor de grupos de pocillos), que puede usar para crear grupos de pocillos para la placa actual.

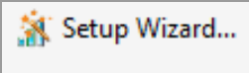


Trace Styles...

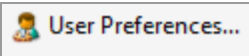
Muestra un cuadro de diálogo en el que puede elegir los colores y símbolos para los trazos de amplificación.



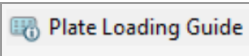
Abre el cuadro de diálogo View (Ver), que muestra el esquema de placa como una plantilla en formato de hoja de cálculo. Puede usar este cuadro de diálogo para exportar o importar datos de plantillas de placa en formato .csv.



Abre el Setup Wizard (Asistente de configuración), en el que puede configurar la disposición y los parámetros de análisis para la placa actual. Puede usar el Setup Wizard (Asistente de configuración) antes, durante o después de una ejecución.



Abre la pestaña Plate (Placa) en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), donde puede definir los parámetros de disposición de la placa y crear o eliminar nombres de objetivos, muestras o grupos biológicos. Los cambios que realice en la pestaña Plate (Placa) estarán disponibles la próxima vez que abra el Plate Editor (Editor de placas).



Muestra los pasos necesarios para configurar una placa y cargar los pocillos.

Crear un archivo de placa utilizando el editor de placas

Utilizando el Plate Editor (Editor de placas), puede crear archivos de placa personalizados. Puede también editar y guardar archivos de placas guardados anteriormente o archivos de placas de muestra enviados con el Sistema CFX Opus Dx.

Para crear un nuevo archivo de placa, realice una de las siguientes acciones:

- Abra un archivo de placa en el Plate Editor (Editor de placas).
- Seleccione el tipo de la placa.

Nota: El tipo de placa para el archivo de placa debe ser el mismo que la placa en el módulo de reacción.

- Seleccione el modo de análisis a utilizar en el protocolo.
- Seleccione los fluorocromos a utilizar en la placa.
- Seleccione el tipo de muestra, los objetivos y las muestras.
- Seleccione las repeticiones técnicas, si procede.
- Guarde el esquema de la placa.

Consejo: Para crear una nueva placa a partir de archivos de placas guardados anteriormente o de archivos de placa de muestra, consulte [Abrir una placa existente en el editor de placas en la página 142](#).

Abrir un archivo de placa nuevo en el editor de placas

El CFX Maestro Dx SE ofrece múltiples opciones para abrir un nuevo archivo de placa:

- Desde la ventana Home (Inicio)
- Desde el cuadro de diálogo del Startup Wizard (Asistente de inicio)
- Desde el cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución)

Para abrir un nuevo archivo de placa desde la ventana Home (Inicio)

- ▶ Seleccione File (Archivo) > New (Nuevo) > Plate (Placa).

Se abre la ventana del Plate Editor (Editor de placas), mostrando el archivo de placa predeterminado para el instrumento seleccionado.

Consejo: Para obtener información sobre cómo configurar el archivo de placa predeterminado, consulte [Cambiar los ajustes predeterminados de los archivos en la página 91](#).

Para abrir un nuevo archivo de placa desde el Startup Wizard (Asistente de inicio)

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones para abrir el Startup Wizard (Asistente de inicio) si no está ya visible:

- Seleccione View (Ver) > Startup Wizard (Asistente de inicio).
- Haga clic en Startup Wizard (Asistente de inicio) en la barra de herramientas.

2. Si es necesario, seleccione el tipo de instrumento en la lista desplegable.

3. Para crear una nueva placa, haga clic en User-defined (Definido por el usuario) como tipo de ejecución.

El cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución) se abre mostrando la pestaña Protocol (Protocolo).

4. Haga clic en la pestaña Plate (Placa) y haga clic en Create New (Crear nueva).

La ventana Plate Editor (Editor de placas) se abre mostrando el esquema de placa predeterminado para el instrumento seleccionado.

Para abrir un nuevo archivo de placa desde el cuadro Run Setup (Configuración de la ejecución)

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones para abrir el cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución):

- Seleccione Run (Ejecución) > User-defined Run (Ejecución definida por el usuario).
- Haga clic en User-defined Run Setup (Configuración de ejecución definida por el usuario) en la barra de herramientas.

El cuadro de diálogo Run Setup (Configuración de la ejecución) se abre en la pestaña Protocol (Protocolo).

2. Para crear una nueva placa, haga clic en la pestaña Plate (Placa) y haga clic en Create New (Crear nueva).

La ventana Plate Editor (Editor de placas) se abre mostrando la disposición de placa predeterminada para el instrumento seleccionado.

Abrir una placa existente en el editor de placas

El CFX Maestro Dx SE proporciona archivos de la placa de muestra que puede editar y guardar como una nueva placa. También puede crear un nuevo archivo de placa de un archivo de placa guardado anteriormente.

Para abrir un archivo de placa de muestras

1. En la ventana Home (Inicio), seleccione File (Archivo) > Open (Abrir) > Plate (Placa).
El Explorador de Windows abre la ubicación de la carpeta de archivos de Sample (Muestra) del Sistema CFX Opus Dx.
2. Abra la carpeta de archivos Sample (Muestra) y, a continuación, abra la carpeta Plates (Placas).
3. Seleccione un archivo de placa y haga clic en Open (Abrir).
El archivo de placa de muestra se abre en la ventana Plate Editor (Editor de placas).
4. Seleccione File (Archivo) > Save As (Guardar como) y guarde el archivo de la placa con un nombre nuevo o en una nueva carpeta.

Para abrir un archivo de placa guardado anteriormente

1. En la ventana Home (Inicio), realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione File (Archivo) > Open (Abrir) > Plate (Placa), navegue y seleccione la placa que desee; a continuación, haga clic en Open (Abrir).
 - Abra el Startup Wizard (Asistente de inicio) y realice una de las siguientes acciones:
 - Para editar un archivo de placas existente, haga clic en Select Existing (Seleccionar existente) y navegue al archivo que desee.
 - Para editar el archivo de placa presentado, haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado).

La placa en particular se abre en la ventana del Plate Editor (Editor de placas).
2. Seleccione File (Archivo) > Save As (Guardar como) y guarde el archivo de la placa con un nombre nuevo o en una nueva carpeta.

Configurar un nuevo archivo de placa

Consejo: Si su archivo de placa incluye los parámetros requeridos (por ejemplo, si está editando una muestra o un archivo de placa existente), puede saltarse esta sección. Vaya a [Asignar parámetros opcionales al archivo de placa en la página 151](#).

Los nuevos archivos de placa requieren los siguientes parámetros:

- Plate size (Tamaño de placa)
- Plate type (Tipo de placa)
- Scan mode (Modo de análisis)
- Un fluorocromo (tinte)
- Un tipo de muestra

Seleccionar el tamaño y el tipo de placa

Importante: Debe seleccionar un tamaño de placa durante la configuración de la placa. No puede cambiar el tamaño de la placa durante o después de una ejecución.

El software aplica el tamaño y el tipo de la placa a todos los pocillos durante la ejecución. Asegúrese de que el tamaño de placa seleccionado es el mismo que el de la placa que va a usar en la ejecución.

Los sistemas de CFX Opus Dx de Bio-Rad están calibrados de fábrica para muchas combinaciones de placas y colorantes fluorescentes. La calibración es específica para el tipo de instrumento, tinte y placa. Asegúrese de que el fluorocromo que va a usar está calibrado para el tipo de placa que ha seleccionado.

Consejo: Para calibrar una nueva combinación de tipo de tinte y placa en un instrumento, seleccione Tools (Herramientas) > Calibration Wizard (Asistente de calibración). Para obtener más información sobre calibrar tintes y tipos de placa, consulte [Calibrar nuevos tintes en la página 83](#).

Seleccionar el modo de análisis

Los sistemas CFX Opus 96 Dx y CFX Opus Deepwell Dx excitan y detectan fluoróforos en cinco canales (más FRET). El sistema CFX Opus 384 Dx excita y detecta fluoróforos en cuatro canales (más FRET). Todos los sistemas utilizan varios modos de análisis de adquisición de datos para recoger datos de fluorescencia durante una ejecución.

El CFX Maestro Dx SE proporciona tres modos de análisis:

- All Channels (Todos los canales)
 - Escanea los canales del 1 al 5 en los sistemas CFX Opus 96 Dx y CFX Opus Deepwell Dx.
 - Analiza los canales del 1 al 4 en el sistema CFX Opus 384 Dx.

- SYBR®/FAM
 - Analiza solo el canal 1.
 - Proporciona un análisis rápido.
- FRET
 - Analiza solo el canal FRET.
 - Proporciona un análisis rápido.

Seleccionar fluorocromos

Importante: Antes de empezar la ejecución, los sistemas CFX verifican que los fluorocromos que ha especificado en la placa están calibrados para ese instrumento. No puede ejecutar una serie en una placa si incluye fluorocromos que no se han calibrado para ese instrumento.

Debe cargar al menos un fluorocromo en el esquema de la placa antes de la ejecución. Puede añadir todos los fluorocromos que sean necesarios, pero como mínimo la placa debe contener uno. Los fluorocromos seleccionados aparecen como opciones para objetivos en Target Names (Nombres de objetivos).

Utilice el cuadro de diálogo Select Fluorophores (Seleccionar fluorocromos) para cargar fluorocromos (o tintes de placa) en los controles de carga de pocillos del Plate Editor (Editor de placas). Los fluorocromos que aparecen en el cuadro de diálogo Select Fluorophores (Seleccionar fluorocromos) dependen del modo de análisis que seleccione:

- All Channels (Todos los canales)

Aparecen todos los fluorocromos disponibles.

Consejo: Puede añadir tantos fluorocromos como sea necesario, pero solo puede cargar un fluorocromo por canal en cada pocillo.

- SYBR®/FAM

Solo aparecen los fluorocromos del canal 1.

- FRET

Solo aparece el fluorocromo del canal 6.

Consejo: El fluorocromo FRET del canal 6 solo aparece cuando se selecciona FRET como modo de análisis. No está disponible para el modo de análisis All Channels (Todos los canales).

Nota: No puede añadir o eliminar fluorocromos directamente desde el cuadro de diálogo Select Fluorophore (Seleccionar fluorocromos). Debe calibrar los fluorocromos nuevos en un instrumento mediante el Dye Calibration Wizard (Asistente de calibración de tinte). Después de la calibración, el

nuevo fluorocromo se añade automáticamente a la lista. Para obtener más información, consulte [Calibrar nuevos tintes en la página 83](#).

Seleccionar tipos de muestras

Importante: Debe seleccionar al menos un tipo de muestra para asignar a los pocillos de la placa antes de la ejecución.

El CFX Maestro Dx SE ofrece cinco tipos de muestra:

- Unknown (Desconocido)
- Standard (Estándar)
- NTC (Sin control de plantilla)
- Positive Control (Control positivo)
- Negative Control (Control negativo)
- NRT (Sin transcriptasa inversa)

Usted asigna los tipos de muestra a los pocillos de la placa.

Configurar una nueva placa

Para configurar una nueva placa

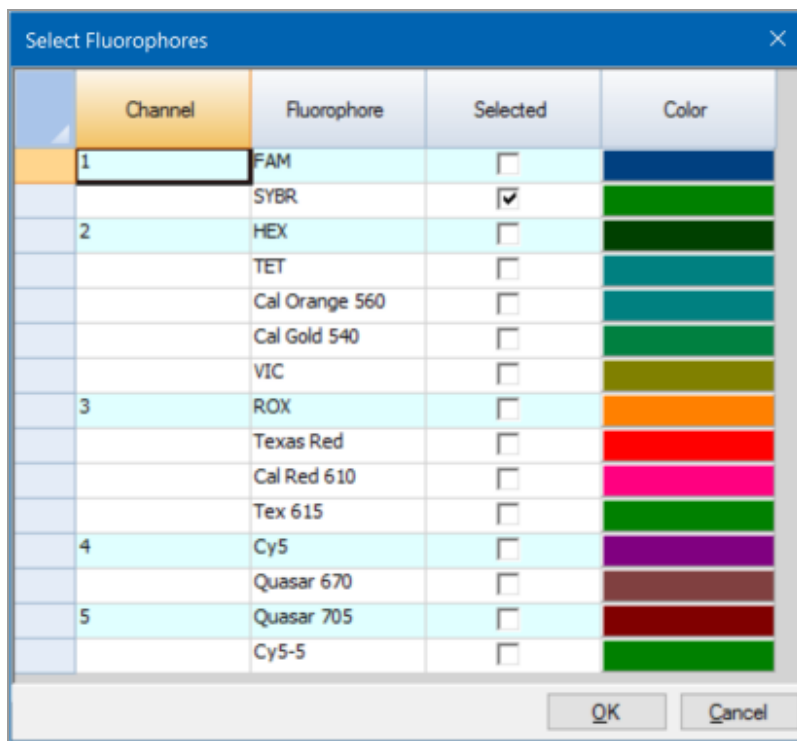
1. Abra una nueva placa en la ventana Plate Editor (Editor de placa).
2. Para establecer un tamaño de placa, seleccione Settings (Ajustes) > Plate Size (Tamaño de placa) y seleccione el tamaño de placa adecuado en el menú desplegable.
3. Para establecer un tipo de placa, seleccione Settings (Ajustes) > Plate Type (Tipo de placa) y seleccione BR White (BR blanco) o BR Clear (BR claro) en el menú desplegable.
4. Opcionalmente, puede cambiar la convención de número y las unidades de presentación en el menú Settings (Ajustes):
 - Para cambiar la convención de número, seleccione Settings (Ajustes) > Number Convention (Convención de número) y seleccione Scientific Notation (Anotación científica).

Consejo: La anotación científica está seleccionada de forma predeterminada. En este caso, seleccionar Scientific Notation (Anotación científica) deselecciona los valores predeterminados y establece la convención de número al formato estándar.
 - Para cambiar las unidades de presentación, seleccione Settings (Ajustes) > Units (Unidades) y seleccione un nuevo valor para la unidad.

5. Para establecer un modo de análisis, seleccione el modo de análisis adecuado en la lista desplegable Scan Mode (Modo de análisis) en la barra de herramientas de la ventana del Plate Editor (Editor de placas).
6. Seleccione los fluorocromos requeridos para la placa:

- a. En el panel derecho, haga clic en Select Fluorophores (Seleccionar fluorocromos).

Aparece el cuadro de diálogo Select Fluorophores (Seleccionar fluorocromos). Puede ver los fluorocromos disponibles para el tipo de modo de análisis que ha seleccionado en el [Paso 5](#), por ejemplo:



- b. Para seleccionar un fluorocromo, haga clic en la casilla Selected (Seleccionado).

Consejo: Para eliminar un fluorocromo de la lista, deseccione la casilla Selected (Seleccionado).

- c. Para cambiar el color de presentación del fluorocromo, haga clic en el cuadro Color correspondiente.

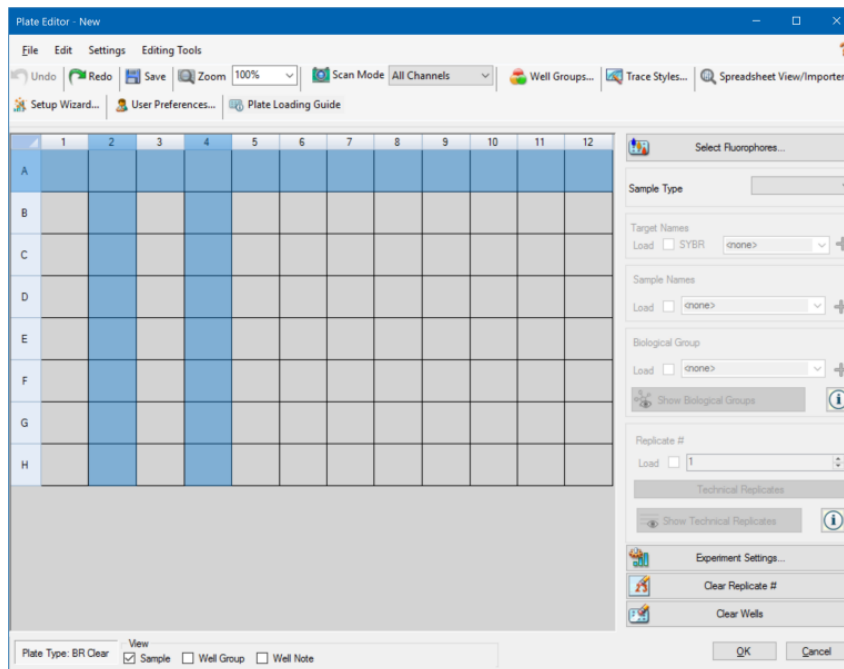
Nota: El color que ha seleccionado representa el fluorocromo en la ventana del Plate Editor (Editor de placas) y en los gráficos de la ventana Data Analysis (Análisis de datos).

- d. En el cuadro de diálogo Color, seleccione el color que desee o haga clic en Define Custom Colors (Definir colores personalizados) para crear un nuevo color con el que representar el fluorocromo.
 - e. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y salir del cuadro de diálogo Select Fluorophores (Seleccionar fluorocromos).
7. Debe seleccionar al menos un pocillo en el que cargar un tipo de muestra. De forma predeterminada, se selecciona el pocillo A1.

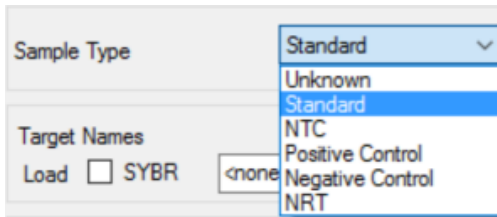
En el panel de la placa, realice una de las siguientes acciones:

- Para cargar varios pocillos adyacentes, haga clic en un pocillo y arrastre hasta el último pocillo a seleccionar.
- Para cargar varios pocillos no adyacentes, mantenga pulsada la tecla Control y haga clic en cada pocillo.
- Para cargar una columna entera con el mismo tipo de muestra, haga clic en el número de la columna.
- Para cargar una fila entera, haga clic en su número de fila.
- Para cargar toda la placa, haga clic en la esquina superior izquierda de la placa.

Por ejemplo:



- Asigne un tipo de muestra al pocillo o pocillos seleccionados del menú desplegable Sample Type (Tipo de muestra).

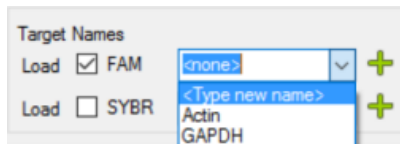


- Asigne al menos un fluorocromo para todos los pocillos que contienen un tipo de muestra. Puede asignar más de un fluorocromo a un pocillo o a un grupo de pocillos.

Nota: Puede asignar solo un fluorocromo por canal. No puede asignar más de un fluorocromo del mismo canal al mismo pocillo.

Consejo: Puede asociar un objetivo con el fluorocromo o puede asignar solo el fluorocromo al pocillo en este momento y asociar un objetivo al fluorocromo después de ejecutar el experimento.

- Para asignar solo un fluorocromo a los pocillos seleccionados, en el apartado Target Names (Nombres de objetivos) del panel derecho, seleccione la casilla Load (Cargar) para el fluorocromo específico.
- Para asociar un objetivo con un fluorocromo, en el apartado Target Names (Nombres de objetivos), seleccione un nombre objetivo de la lista desplegable para el fluorocromo específico. El software selecciona automáticamente la casilla de verificación Load (Cargar) correspondiente.



- En el caso de los pocillos que contienen un tipo de muestra Standard (Estándar), debe cargar una concentración. Cada pocillo puede tener un valor de concentración diferente. De forma predeterminada, el CFX Maestro Dx SE carga una concentración de 1,00 E+ 06 en todos los pocillos con un tipo de muestra Standard (Estándar). Puede modificar el valor en caso necesario.
 - En el panel de la placa, seleccione el pocillo o grupo de pocillos Standard (Estándar).
 - En el apartado Concentration (Concentración), haga clic en Load (Cargar) para cargar el valor en el pocillo o pocillos seleccionados.

- c. (Opcional) Para cargar otra concentración, escriba el nuevo valor en el cuadro de texto Concentration (Concentración) y pulse Enter (Intro).
- d. Realice este paso en todos los pocillos con el tipo de muestra Standard (Estándar).

Consejo: Para cargar la misma concentración en todos los pocillos Standard (Estándar), asegúrese de que aparece All (Todos) en la lista desplegable bajo el valor Concentration (Concentración). Para cargar el mismo valor de concentración en todos los pocillos con un fluorocromo específico, haga clic en la lista desplegable y seleccione el fluorocromo.

11. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar la placa nueva.

Elementos del menú contextual de la herramienta Plate Editor (Editor de placas)

En la [Tabla 9](#) se muestran los elementos del menú disponibles en la herramienta Plate Editor (Editor de placas) cuando hace clic con el botón derecho en cualquier pocillo en la herramienta. Este menú también aparece en Spreadsheet View/Importer (Vista de hoja de cálculo/Importador).

Tabla 9. Elementos del menú contextual en la herramienta de vista/importador de hojas de cálculo de placas

Elemento	Función
Copy (Copiar)	Copia toda la hoja de cálculo.
Copy as Image (Copiar como imagen)	Copia la hoja de cálculo como un archivo de imagen.
Print (Imprimir)	Imprime la hoja de cálculo.
Print Selection (Imprimir selección)	Imprime solamente las celdas seleccionadas.
Export to Excel (Exportar a Excel)	Exporta el archivo a una hoja de cálculo de Excel.
Export to CSV (Exportar a CSV)	Exporta el archivo como archivo .csv.
Export to Xml (Exportar a xml)	Exporta el archivo como archivo .xml.
Export to Html (Exportar a html)	Exporta el archivo como archivo .html.
Find (Buscar)	Busca texto específico.
Sort (Ordenar)	Ordena la hoja de cálculo seleccionando hasta tres columnas de datos en la ventana Sort (Ordenar).

Asignar parámetros opcionales al archivo de placa

Un archivo de placa contiene información sobre el contenido de cada pocillo cargado con una muestra para una ejecución. Después de la ejecución, el CFX Maestro Dx SE vincula el contenido de los pocillos con los datos de fluorescencia recopilados durante el protocolo y aplica el análisis adecuado en la ventana de Data Analysis (Análisis de datos).

En el CFX Maestro Dx SE, puede asignar parámetros a cada pocillo de la placa antes, durante o incluso después de llevar a cabo un experimento. Puede asignar los parámetros a un archivo de placa existente o a uno nuevo. Estos parámetros incluyen:

- **Target names** (Nombres de objetivos): el nombre del objetivo o los objetivos de interés (genes o secuencias) en cada pocillo cargado.
- **Sample names** (Nombres de muestras): el identificador o la condición que se corresponde con la muestra en cada pocillo cargado, como ratón1, ratón2 o ratón3.
- **Biological groups** (Grupos biológicos): el identificador o condición que se corresponde con un grupo de pocillos, como 0Hr, 1Hr o 2Hr.

Consejo: Los nombres de objetivos, nombres de muestras y grupos biológicos deben ser iguales de un pocillo a otro para comparar los datos en la pestaña Gene Expression (Expresión genética) de la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Cada nombre debe mostrar las mismas mayúsculas, puntuación y espaciado. Por ejemplo, "Actina" no es lo mismo que "actina", "2 Horas" no es lo mismo que "2 horas" y "Ratón 1" no es lo mismo que "ratón1". Para garantizar la coherencia de los nombres, introduzca los nombres en la sección Libraries (Bibliotecas) en User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) > Plate (Placa) que aparece en la ventana Home (Inicio).

- **Technical replicates** (Repeticiones técnicas): cada pocillo que se utiliza para analizar la misma combinación de muestra y objetivo; es decir, para repetir reacciones de qPCR.
- **Dilution series** (Serie de dilución): la cantidad para cambiar la concentración del tipo de muestra Standard (Estándar) en un grupo de repeticiones para crear datos de curva normalizada para analizar.

Asignar un objetivo a los pocillos

Consejo: Puede asignar el mismo nombre de objetivo a uno o varios pocillos. También puede asignar múltiples objetivos al mismo pocillo.

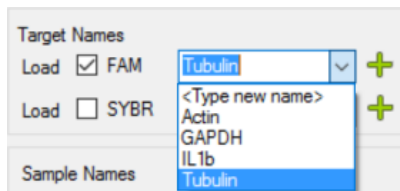
Importante: Al hacer clic en OK (Aceptar) después de asignar un objetivo se guardan los cambios y se desactiva la función Undo (Deshacer) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas). Tenga cuidado al hacer clic en OK (Aceptar).

Para asignar un objetivo a un pocillo o grupo de pocillos

1. En el Plate Editor (Editor de placas), asegúrese de que el pocillo o el grupo de pocillos tienen un tipo de muestra asignado.

Consulte [Seleccionar tipos de muestras en la página 145](#) para obtener información sobre cómo asignar tipos de muestra a pocillos.

2. En el panel de la placa, seleccione el pocillo o grupo de pocillos:
 - Para seleccionar un solo pocillo, haga clic en el pocillo.
 - Para seleccionar varios pocillos adyacentes, haga clic en un pocillo y arrastre hasta el último pocillo a seleccionar.
 - Para seleccionar varios pocillos no adyacentes, mantenga pulsada la tecla Control y haga clic en cada pocillo.
 - Para seleccionar una columna entera con el mismo tipo de muestra, haga clic en el número de la columna.
 - Para seleccionar una fila entera, haga clic en su número de fila.
3. En el panel adecuado, seleccione un nombre de la lista desplegable Target Name (Nombre de objetivo) para cada fluorocromo seleccionado.



4. Repita [Paso 3](#) para cada pocillo o grupo de pocillos a los que quiera asignar un objetivo.

Consejo: Puede asignar el mismo nombre de objetivo o uno distinto para cada fluorocromo seleccionado.

5. Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y guardar la placa.

Nota: Si ha cambiado la placa por error, haga clic en Undo (Deshacer) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas) antes de hacer clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios.

Para eliminar un nombre de objetivo

- Para eliminar un nombre de objetivo del pocillo o grupo de pocillos seleccionado, desmarque la casilla de verificación Load (Cargar) correspondiente.

Importante: Al eliminar un nombre de objetivo de un pocillo también se elimina el fluorocromo asociado. Tenga cuidado al eliminar un nombre de objetivo de un pocillo.

Para añadir un nombre de objetivo a la lista

- ▶ Para añadir un nombre de objetivo a la lista desplegable, realice una de las siguientes acciones:
 - Introduzca un nombre en la lista desplegable Target Name (Nombre de objetivo) y pulse Enter (Intro).

Consejo: Los nombres de objetivo que añada a una lista aparecen en el resto de listas de objetivos.
 - Haga clic en el símbolo + verde a la derecha de la lista desplegable, introduzca un nombre para el objetivo y pulse Enter (Intro).
 - Haga clic en User Preferences (Preferencias de usuario) en la barra de herramientas y añada el nombre a la biblioteca Target Names (Nombres de objetivos) en la pestaña Plate (Placa).

Importante: Los nombres de objetivo que añada en la lista desplegable solo estarán disponibles para la placa actual, y solo si asigna el nombre a un pocillo y guarda el esquema de placa. Si no asigna un nombre a un pocillo y guarda el esquema de placa, el nombre no se guarda y no estará disponible para su uso en el futuro. Para añadir un nombre de objetivo de forma permanente, añádalo también a la biblioteca de Target Names (Nombres de objetivos) mediante el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Los nombres que añada a la biblioteca estarán disponibles cuando vuelva a abrir el Plate Editor (Editor de placas). Consulte [Ajustar los parámetros de placa predeterminados en la página 94](#) para obtener más información.

Para eliminar un nombre de objetivo de la lista

1. Haga clic en User Preferences (Preferencias de usuario) en la barra de herramientas.

Aparece el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), mostrando la pestaña Plate (Placa).
2. En la biblioteca Target Names (Nombres de objetivos) en la pestaña Plate (Placa), seleccione el nombre que quiere eliminar y pulse la tecla Delete (Eliminar).
3. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y salir del cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).

Importante: No puede eliminar nombres de objetivo que haya guardado con un archivo de placa. Los nombres personalizados que añada a la lista desplegable Target Names (Nombres de objetivos) y no use y guarde con la placa se eliminan automáticamente de la lista. Los nombres que elimine de la biblioteca Target Names (Nombres de objetivos) se eliminan

permanentemente del software y ya no están disponibles para los usuarios. Tenga cuidado al eliminar nombres de objetivos.

Asignar un nombre de muestra a los pocillos

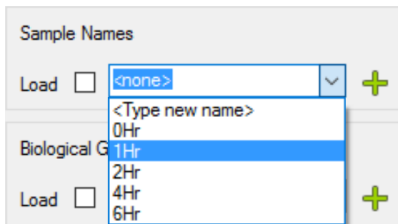
Nota: Para asignar un nombre de muestra, debe asignar como mínimo un fluorocromo a los pocillos seleccionados. Si los pocillos seleccionados no tienen un fluorocromo asignado, la lista desplegable Sample Names (Nombres de muestras) está desactivada. Consulte [Asignar un objetivo a los pocillos en la página 151](#) para obtener información sobre cómo asignar fluorocromos.

Consejo: Solo puede asignar un nombre de muestra a cada pocillo o grupo de pocillos.

Para asignar un nombre de muestra a un pocillo o grupo de pocillos

1. En el Plate Editor (Editor de placas), asegúrese de que el pocillo o el grupo de pocillos tienen un fluorocromo asignado.
2. En el panel de la placa, seleccione el pocillo o grupo de pocillos.
3. En el panel adecuado, seleccione un nombre en la lista desplegable Sample Names (Nombres de muestras).

El software selecciona automáticamente la casilla de verificación de Load (Carga) correspondiente.



4. Repita [Paso 3](#) para cada pocillo o grupo de pocillos a los que quiera asignar un nombre de muestra.
5. Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y guardar la placa.

Nota: Si ha cambiado la placa por error, haga clic en Undo (Deshacer) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas) antes de hacer clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios.

Para eliminar un nombre de muestra

- ▶ Para eliminar un nombre de muestra a un pocillo o grupo de pocillos, desmarque la casilla de verificación Load (Cargar) correspondiente.

Para añadir un nombre de muestra a la lista

- ▶ Para añadir un nombre de muestra a la lista desplegable, realice una de las siguientes acciones:

- Introduzca un nombre en la lista desplegable Sample Names (Nombres de muestras) y pulse Enter (Intro).
- Haga clic en el símbolo + verde a la derecha de la lista desplegable e introduzca un nombre para la muestra.
- Haga clic en User Preferences (Preferencias de usuario) en la barra de herramientas y añada el nombre a la biblioteca Sample Names (Nombres de muestras) en la pestaña Plate (Placa).

Importante: Los nombres de muestra que añada en la lista desplegable solo estarán disponibles para la placa actual, y solo si asigna el nombre a un pocillo y guarda el esquema de placa. Si no asigna un nombre a un pocillo y guarda el esquema de placa, el nombre no se guarda y no estará disponible para su uso en el futuro. Para añadir un nombre de muestra de forma permanente, añádale también a la biblioteca de Sample Names (Nombres de muestras) mediante el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Los nombres que añada a la biblioteca estarán disponibles cuando vuelva a abrir el Plate Editor (Editor de placas). Consulte [Ajustar los parámetros de placa predeterminados en la página 94](#) para obtener más información.

Para eliminar un nombre de muestra de la lista

1. Haga clic en User Preferences (Preferencias de usuario) en la barra de herramientas.
Aparece el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), mostrando la pestaña Plate (Placa).
2. En la biblioteca de Sample Names (Nombres de muestras) en la pestaña Plate (Placa), seleccione el nombre que quiere borrar y pulse la tecla Delete (Eliminar).
3. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y salir del cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).

Importante: No puede eliminar nombres de muestra que haya guardado con un archivo de placa. Los nombres personalizados que añada a la lista Sample Names (Nombres de muestras) y no use y guarde con la placa se eliminan automáticamente de la lista desplegable. Los nombres que elimine de la biblioteca Sample Names (Nombres de muestras) se eliminan del software y ya no están disponibles para los usuarios. Tenga cuidado al eliminar nombres de muestras.

Asignar grupos biológicos a pocillos

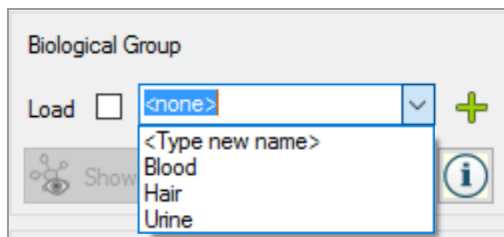
Nota: Para asignar un grupo biológico, debe asignar a los pocillos seleccionados al menos un fluorocromo. Al asignar un fluorocromo se habilita la lista desplegable Biological Groups (Grupos biológicos). Consulte [Asignar un objetivo a los pocillos en la página 151](#) para obtener información acerca de la asignación de fluorocromos.

Consejo: Puede asignar un grupo biológico a cada pocillo o grupo de pocillos.

Para asignar un grupo biológico a un pocillo o grupo de pocillos

1. En el Plate Editor (Editor de placas), asegúrese de que el pocillo o el grupo de pocillos tienen un fluorocromo asignado.
2. En el panel de la placa, seleccione el pocillo o grupo de pocillos.
3. En el panel derecho, seleccione una opción de la lista desplegable Biological Group (Grupo biológico).

El CFX Maestro Dx SE selecciona automáticamente su casilla de verificación Load (Cargar).



4. Repita el [Paso 3](#) para cada pocillo o grupo de pocillos a los que quiera asignar un grupo biológico.
5. Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y guardar la placa.

Nota: Si ha cambiado la placa por error, haga clic en Undo (Deshacer) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas) antes de hacer clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios.

Para eliminar un grupo biológico

- ▶ Para eliminar un grupo biológico del pocillo o grupo de pocillos seleccionado, desmarque su casilla de verificación Load (Cargar).

Para añadir un grupo biológico a la lista

- ▶ Para añadir un grupo biológico a la lista desplegable, realice una de las siguientes acciones:
 - Escriba un nombre en la casilla desplegable Biological Group (Grupo biológico) y pulse Enter (Intro).
 - Haga clic en el símbolo + verde a la derecha de la lista desplegable y escriba un nombre para el grupo biológico.
 - Haga clic en User Preferences (Preferencias de usuario) en la barra de herramientas y añada el nombre a la biblioteca Biological Group Names (Nombres de grupos biológicos) en la pestaña Plate (placa).

Importante: Los nombres de grupos biológicos que añada en la lista desplegable solo estarán disponibles para la placa actual, y solo si asigna el nombre a un pocillo y guarda el esquema de placa. Si no asigna un nombre a un pocillo y guarda el esquema de placa, el nombre no se guarda y no estará disponible para su uso en el futuro. Para añadir un nombre de grupo biológico de forma permanente, añádalo también a la biblioteca Biological Group Names (Nombres de grupos biológicos) mediante el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Los nombres que añada a la biblioteca estarán disponibles cuando vuelva a abrir el Plate Editor (Editor de placas). Consulte [Ajustar los parámetros de placa predeterminados en la página 94](#) para obtener más información.

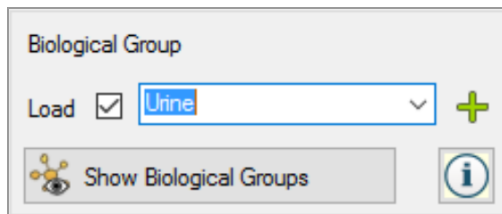
Para eliminar un nombre de grupo biológico de la lista

1. Haga clic en User Preferences (Preferencias de usuario) en la barra de herramientas.
Aparece el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario), mostrando la pestaña Plate (Placa).
2. En la biblioteca Biological Group Names (Nombres de grupos biológicos) en la pestaña Plate (Placa), seleccione el nombre que quiere eliminar y pulse la tecla Delete (Eliminar).
3. Haga clic en Ok (Aceptar) para guardar los cambios y salir del cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario).

Importante: No puede eliminar nombres de grupos biológicos que haya guardado con un archivo de placa. Los nombres personalizados que añada a la lista desplegable de nombres de grupos biológicos y no use y guarde con la placa se eliminan automáticamente de la lista. Los nombres que elimine de la biblioteca Biological Group Names (Nombres de grupos biológicos) se eliminan permanentemente del software y ya no están disponibles para los usuarios. Tenga cuidado al eliminar nombres biológicos.

Para visualizar todos los grupos biológicos de la placa

- Haga clic en Show Biological Groups (Mostrar grupos biológicos) para ver todos los grupos biológicos de la placa.



Cada grupo se identifica por un color específico y el botón de Show Biological Groups (Mostrar grupos biológicos) cambia a Hide Biological Groups (Ocultar grupos biológicos).

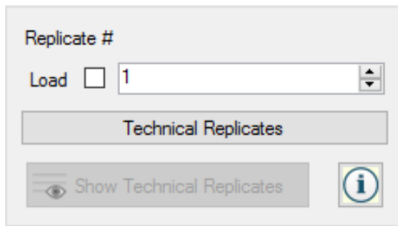
Haga clic en Hide Biological Groups (Ocultar grupos biológicos) para desactivar el color en los pocillos. También puede hacer clic sobre cualquier pocillo de la placa para ocultar los grupos biológicos.

Asignar números de repeticiones técnicas a pocillos

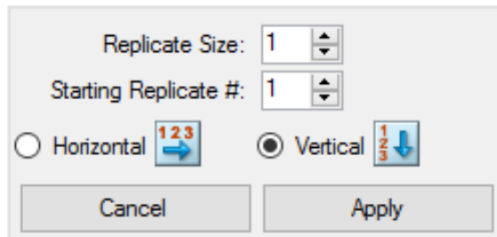
Importante: Para asignar números de repeticiones técnicas, los pocillos seleccionados deben tener contenidos idénticos de pocillos. Es decir, los pocillos seleccionados deben tener el mismo tipo de muestra y fluorocromo. Si procede, también se les debe asignar los mismos nombres de objetivo y muestra, y el mismo grupo biológico. Si no coinciden, el CFX Maestro Dx SE no permite esta opción.

Para asignar números de repeticiones técnicas a un grupo de pocillos

1. En el Plate Editor (Editor de placas), asegúrese de que los contenidos del grupo de pocillos son idénticos.
2. En el panel de la placa, seleccione el grupo objetivo de pocillos.
3. Para asignar el mismo número de repeticiones a todos los pocillos seleccionados, en la sección de Replicate # (N.º de repetición) en el panel derecho, escriba el número de repetición en el cuadro y seleccione Load (Cargar).



4. (Opcional) Para aplicar una serie de repeticiones a un conjunto de pocillos seleccionados:
 - a. Haga clic en Technical Replicates (Repeticiones técnicas). La sección Replicate # (N.º de repetición) cambia para presentar las siguientes opciones:



- **Replicate size** (Tamaño de repetición): un número que representa el número de pocillos en cada grupo de repeticiones.

- **Starting replicate #** (N.º inicial de repeticiones): el primer número en la serie de repeticiones para el grupo seleccionado de repeticiones.

Nota: De forma predeterminada, el CFX Maestro Dx SE muestra el número inicial de repeticiones como un número mayor al último número de repeticiones técnicas asignado en la placa. Por ejemplo, si la última repetición técnica de la placa es cinco, el siguiente número inicial es el seis. Puede cambiar el número inicial a cualquier número que no se haya asignado aún.

- **Loading direction** (Dirección de la carga): Horizontal o Vertical.
- Haga clic en Apply (Aplicar) para aplicar los parámetros a la serie y volver a la pantalla Replicate # (N.º de repetición).
- Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y guardar la placa.

Nota: Si ha cambiado la placa por error, haga clic en Undo (Deshacer) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas) antes de hacer clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios.

Para quitar un pocillo de una serie de repeticiones

- ▶ Seleccione un pocillo o un grupo de pocillos que quiera quitar y desactive la casilla Replicate # Load (Carga del n.º de repetición).

También puede hacer clic en Clear Replicate # (Borrar el n.º de repetición) para desactivar el número de repeticiones de un pocillo o un grupo de pocillos seleccionados.

Para visualizar todas las repeticiones técnicas en la placa

- ▶ Haga clic en Show Technical Replicates (Mostrar repeticiones técnicas) para visualizar todas las repeticiones técnicas en la placa.

Cada grupo se identifica por un color específico y el botón Show Technical Replicates (Mostrar repeticiones técnicas) cambia a Hide Technical Replicates (Ocultar repeticiones técnicas).

Haga clic en Hide Technical Replicates (Ocultar repeticiones técnicas) para desactivar el color en los pocillos. También puede hacer clic sobre cualquier pocillo de la placa para ocultar las repeticiones técnicas.

Asignar una serie de dilución a los tipos de muestra estándar

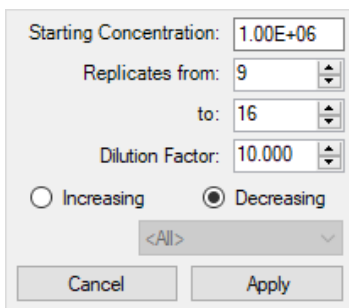
Como se indicaba anteriormente, se debe establecer un valor de concentración para todos los pocillos con el tipo de muestra estándar. Puede asignar una serie de dilución a varios pocillos con el tipo de muestra estándar.

Nota: Para asignar una serie de dilución a un grupo de pocillos, los pocillos se deben incluir en una serie de repeticiones técnicas. Consulte [Asignar números de repeticiones técnicas a pocillos en la página 158](#) para obtener más información acerca de cómo añadir pocillos a una serie de repeticiones.

Para asignar una serie de dilución a un grupo de pocillos de muestras estándar

1. En el editor de placas, asegúrese de que se cumplen los siguientes requisitos:
 - El tipo de muestra del grupo de pocillos es el tipo Standard (Estándar).
 - Al menos un fluorocromo se asigna a todos los pocillos del grupo y estos contienen los mismos fluorocromos.
 - Todos los pocillos del grupo están incluidos en la misma serie de repeticiones técnica.

Nota: El CFX Maestro Dx SE permite la opción Dilution Series (Serie de dilución) solo cuando todos los pocillos seleccionados cumplen estos criterios.
2. En el panel de la placa, seleccione el grupo de pocillos que desee.
3. En la sección Concentration (Concentración) en el panel derecho, haga clic en Dilution Series (Serie de dilución). La sección Concentración cambia para presentar las siguientes opciones:



The screenshot shows a dialog box for configuring a dilution series. It contains the following fields and options:

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

- **Starting concentration** (Concentración inicial): el valor de concentración desde el que se inicia la serie.
 - **Replicates from and to** (Repeticiones desde y para): las repeticiones en la serie a las que se aplicará el factor de dilución.
 - **Dilution factor** (Factor de dilución): la cantidad a cambiar de la concentración dentro de cada grupo de repeticiones.
4. Configure los valores para las opciones o acepte los valores predeterminados.
 5. De forma predeterminada, la serie de dilución disminuye según el factor de dilución. Seleccione Increasing (Aumentar) para aumentar la serie de dilución.

6. (Opcional) De forma predeterminada, el factor de dilución se aplica a todos los fluorocromos de la serie de repeticiones. Si su serie contiene más de un fluorocromo y desea aplicar la dilución a un solo fluorocromo, selecciónelo en la lista desplegable.
7. Haga clic en Apply (Aplicar) para aplicar la serie de dilución al grupo de pocillos y vuelva a la vista Concentration (Concentración).
8. Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y guardar la placa.

Copiar el contenido del pocillo en otro pocillo

Puede copiar el contenido de un pocillo y pegarlo en un pocillo individual o en varios pocillos. Sin embargo, solo puede copiar el contenido de un único pocillo. No puede seleccionar varios pocillos y copiar su contenido.

Para copiar el contenido del pocillo en otro pocillo

1. En el panel de la placa, seleccione el pocillo a copiar.
2. Haga clic con el botón derecho sobre el pocillo y seleccione Copy Well (Copiar pocillo).
3. Seleccione el pocillo o los pocillos en los que desea pegar el contenido:
 - Para seleccionar un solo pocillo, haga clic en el pocillo.
 - Para seleccionar varios pocillos adyacentes, haga clic en un pocillo y arrastre hasta el último pocillo a seleccionar.
 - Para seleccionar varios pocillos no adyacentes, mantenga pulsada la tecla Control y haga clic en cada pocillo.
4. Una vez seleccionados los pocillos que desee, haga clic con el botón derecho y seleccione Paste Well (Pegar pocillo).

El CFX Maestro Dx SE pega el contenido del primer pocillo en los pocillos seleccionados.

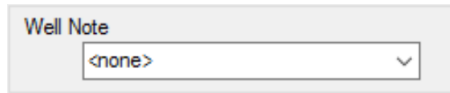
Añadir una nota a un pocillo

Puede añadir una nota descriptiva a un pocillo. Puede visualizar las notas del pocillo en la pestaña Quantification (Cuantificación) de la ventana de Data Analysis (Análisis de datos).

Para añadir una nota a un pocillo

1. En el panel de la placa, seleccione el pocillo o pocillos a los que desee añadir una nota.
2. En la sección View (Ver) en el panel inferior, seleccione Well Note (Nota de pocillo).

El área de la nota del pocillo aparece en el panel derecho.



3. Escriba el contenido de la nota en el cuadro de texto y pulse Enter (Intro).

El texto aparece en la parte inferior de los pocillos seleccionados.

Consejo: Si había creado una nota de pocillo anterior, puede seleccionarla en la lista desplegable y aplicarla a los pocillos seleccionados.

Borrar todo el contenido de los pocillos

Puede borrar el contenido de un pocillo individual, un grupo de pocillos o la placa entera. Borrar los pocillos no borra los datos de fluorescencia recogidos durante la lectura de la placa.

Importante: Al borrar un pocillo se borra el contenido del pocillo de forma permanente. Si hace clic en OK (Aceptar) y guarda la placa después de borrar un pocillo, no podrá deshacer la acción de borrar. Tenga cuidado al borrar los pocillos.

Para borrar todos los ajustes de los pocillos

1. En el Plate Editor (Editor de placas), seleccione el pocillo o el grupo de pocillos en el panel de la placa:
 - Para seleccionar un solo pocillo, haga clic en el pocillo.
 - Para seleccionar varios pocillos adyacentes, haga clic en un pocillo y arrastre hasta el último pocillo a seleccionar.
 - Para seleccionar varios pocillos no adyacentes, mantenga pulsada la tecla Control y haga clic en cada pocillo.
 - Para seleccionar una columna entera con el mismo tipo de muestra, haga clic en el número de la columna.
 - Para seleccionar una fila entera, haga clic en su número de fila.
2. En el panel derecho, haga clic en Clear Wells (Borrar pocillos).

El CFX Maestro Dx SE borrar todos los ajustes de los pocillos seleccionados.
3. Realice una de las siguientes acciones:
 - Si ha borrado los pocillos por error, haga clic en Undo (Deshacer) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas) antes de hacer clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios.

Importante: Al hacer clic en OK (Aceptar) antes de hacer clic en Undo (Deshacer) se guardan los cambios y se desactiva la opción Undo (Deshacer) de la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas).

- Haga clic en OK (Aceptar) para aceptar los cambios y guardar la placa.

Cambiar los ajustes del experimento

Use el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento) para visualizar o cambiar la lista de objetivos, muestras o grupos biológicos, o para establecer el grupo de muestras de análisis de expresión genética a analizar si ha asignado grupos biológicos a los pocillos de la placa.

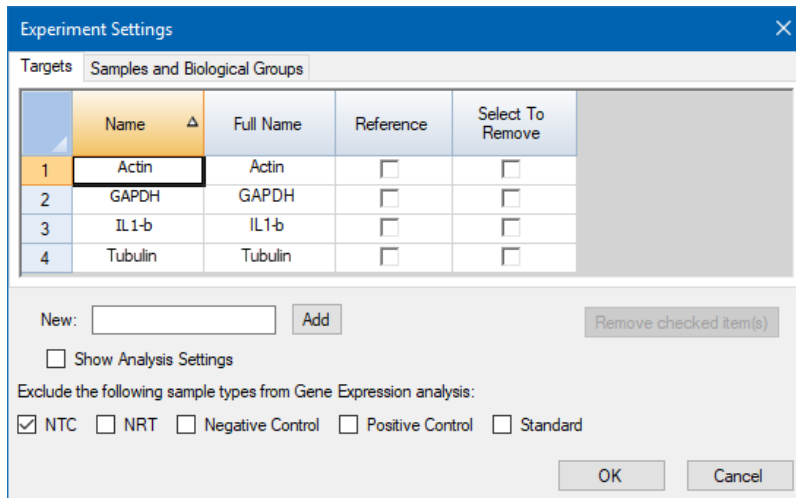
En el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento), la pestaña Targets (Objetivos) muestra una lista de nombres de objetivos para cada reacción de PCR, como el gen objetivo o las secuencias de genes de interés.

La pestaña Samples and Biological Groups (Muestras y grupos biológicos) muestra una lista de nombres de muestra y grupos biológicos que indica la fuente del objetivo, como por ejemplo una muestra recogida a la Hora 1 (1H) o de un individuo en concreto (ratón1).

Para cambiar los ajustes de placa usando el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento)

1. Para abrir el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento), realice una de las siguientes acciones:
 - En el panel derecho del editor de placas, haga clic en Experiment Settings (Ajustes del experimento).
 - En la pestaña Gene Expression (Expresión genética) de la ventana Data Analysis (Análisis de datos), haga clic en Experiment Settings (Ajustes del experimento).

El cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento) aparece mostrando el contenido de la pestaña Targets (Objetivos).



2. Para añadir un nuevo objetivo, muestra o grupo biológico, introduzca un nombre en el cuadro de texto New (Nuevo) de la pestaña que corresponda y haga clic en Add (Añadir).
3. Para eliminar uno o más nombres de objetivo, muestra o grupo biológico de la lista, marque la casilla del elemento en la columna Select to Remove (Seleccionar para eliminar) de la pestaña que corresponda y haga clic en Remove checked item(s) (Eliminar elemento(s) marcado(s)).
4. El CFX Maestro Dx SE excluye el tipo de muestra NTC (Sin control de plantilla) del análisis de expresión genética.

Para incluir tipos de muestra NTC, desmarque la casilla correspondiente en la sección Exclude the following sample types (Excluir los siguientes tipos de muestra). Puede optar por excluir los siguientes tipos de muestra marcando la casilla correspondiente:

- NRT (Sin transcriptasa inversa)
- Negative Control (Control negativo)
- Positive Control (Control positivo)
- Standard (Estándar)

5. En la pestaña Targets (Objetivos):
 - a. Para seleccionar un objetivo como la referencia para un análisis de datos de expresión genética, selecciónelo en la columna Reference (Referencia).
 - b. Para ocultar los ajustes de análisis que se aplicarán en la pestaña Gene Expression (Expresión genética) en la ventana Analysis Settings (Ajustes de análisis), desmarque Show Analysis Settings (Mostrar los ajustes de análisis).

El software oculta las siguientes columnas:

- Color
 - Show Chart (Mostrar gráfico)
 - Auto Efficiency (Eficiencia automática)
 - Eficiencia (%)
- c. Para cambiar el color del objetivo cuando aparece en el gráfico Gene Expression (Expresión genética), haga clic en su celda de la columna Color, seleccione un nuevo color en el cuadro de diálogo Color que aparece y haga clic en OK (Aceptar).
 - d. Para mostrar el objetivo en el color seleccionado en el gráfico Gene Expression (Expresión genética), seleccione la casilla correspondiente en la columna Show Chart (Mostrar gráfico).

- e. De forma predeterminada, el CFX Maestro Dx SE calcula automáticamente la eficiencia relativa para un objetivo si sus datos incluyen una curva normalizada .

Para usar un valor de eficiencia previamente determinado, introduzca el valor en su celda en la columna Efficiency (%) (Eficiencia (%)) y pulse la tecla Enter (Intro). El CFX Maestro Dx SE desmarca la casilla de verificación Auto Efficiency (Eficiencia automática).

- 6. En la pestaña Samples and Biological Groups (Muestras y grupos biológicos):
 - a. Para seleccionar una muestra o un grupo biológico como muestra de control para el análisis de los datos de expresión genética, seleccione la casilla correspondiente en la columna Control.
 - b. Para asignar la condición de control a una muestra o grupo biológico para una ejecución, haga clic en la casilla correspondiente en la columna Control.
 - c. Si no está ya seleccionada, haga clic en Show Analysis Settings (Mostrar ajustes de análisis) para ver o modificar los parámetros de análisis que se aplicarán en la pestaña Gene Expression (Expresión genética). El software oculta las columnas Color y Show Chart (Mostrar gráfico):
- 7. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los parámetros en el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento) y volver a la ventana del Plate Editor (Editor de placas).

Crear grupos de pocillos

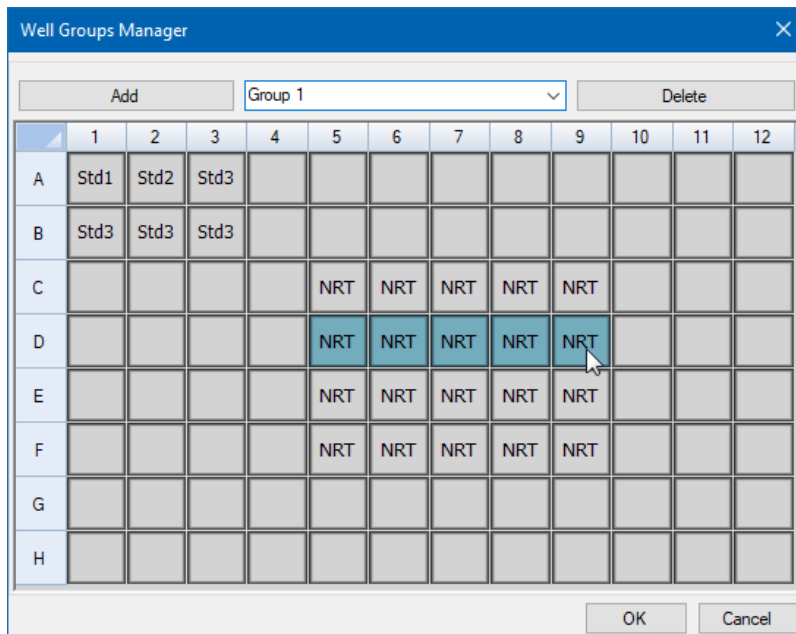
Los grupos de pocillos dividen una única placa en subconjuntos de pocillos que se pueden analizar de forma independiente en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Una vez se han configurado los grupos de pocillos, seleccione uno de ellos en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) para analizar los datos como un grupo independiente. Por ejemplo, configure grupos de pocillos para analizar varios experimentos ejecutados en una placa o para analizar cada grupo de pocillos con una curva normalizada diferente.

Nota: El grupo de pocillos por defecto es All Wells (Todos los pocillos).

Para crear grupos de pocillos

1. Para abrir el Well Groups Manager (Gestor de grupos de pocillos), realice una de las siguientes acciones:
 - En la barra de herramientas Plate Editor (Editor de placas), haga clic en Well Groups (Grupos de pocillos).
 - En la ventana de Data Analysis (Análisis de datos), haga clic en Manage Well Groups (Gestionar grupos de pocillos).

Aparece el cuadro de diálogo Well Groups Manager (Gestor de grupos de pocillos).



2. Haga clic en Add (Añadir) para crear un grupo nuevo. El menú desplegable muestra el nombre del grupo como Group 1 (Grupo 1) para el primer grupo.
3. Seleccione los pocillos para el grupo de pocillos en la vista de placa haciendo clic y arrastrando para seleccionar el grupo de pocillos. Los pocillos seleccionados aparecen en azul en el gestor.
4. (Opcional) Para cambiar el nombre del grupo, seleccione su nombre en el menú desplegable y escriba un nombre nuevo.
5. (Opcional) Para eliminar un grupo de pocillos, seleccione su nombre de la lista desplegable y haga clic en Delete (Eliminar).
6. Haga clic en OK (Aceptar) para terminar y cerrar la ventana, o en Cancel (Cancelar) para cerrar la ventana sin cambios.

Elementos del menú contextual del cuadro de diálogo del Well Groups Manager (Administrador de grupos de pocillos)

En la [Tabla 10](#) se enumeran los elementos del menú disponibles en el cuadro de diálogo del Well Groups Manager (Administrador de grupos de pocillos) cuando hace clic con el botón derecho en cualquier pocillo.

Tabla 10. Elementos del menú contextual en el cuadro de diálogo Well Groups Manager (Administrador de grupos de pocillos) del Plate Editor (Editor de placas)

Elemento	Función
Copy (Copiar)	Copia los contenidos de los pocillos, que se pueden pegar en otro pocillo o pocillos.
Copy as Image (Copiar como imagen)	Copia la vista del selector de pocillos como una imagen.
Print (Imprimir)	Imprime la vista del selector de pocillos.
Print Selection (Imprimir selección)	Imprime solamente las celdas seleccionadas.
Export to Excel (Exportar a Excel)	Exporta los datos a una hoja de cálculo de Excel.
Export to CSV (Exportar a CSV)	Exporta los datos como un documento separado por comas.
Export to Xml (Exportar a Xml)	Exporta los datos como un documento .xml.
Export to Html (Exportar a Html)	Exporta los datos como un documento .html.

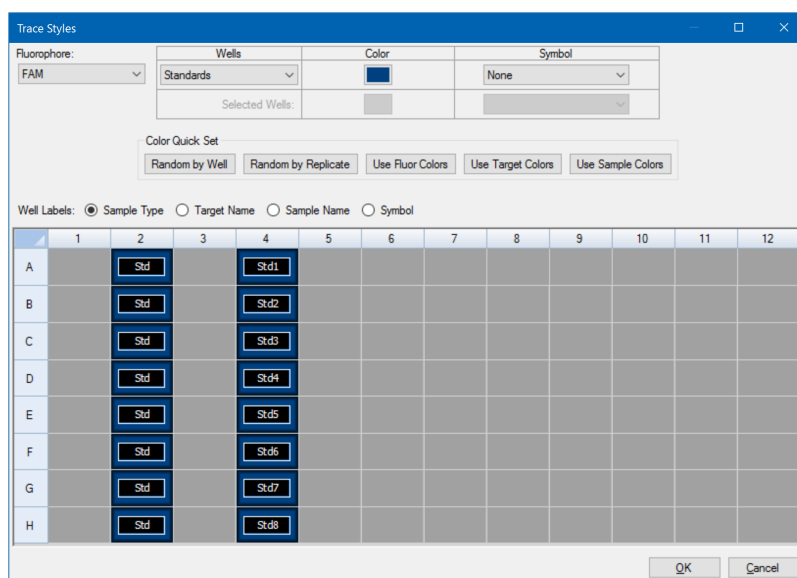
Cambiar los estilos de trazo

Durante la configuración de la placa y mientras una ejecución se encuentra en progreso, puede modificar el color y el estilo de los trazos de amplificación. Puede ver con facilidad los trazos en la ventana de estado en tiempo real conforme se recogen los datos.

Para cambiar los estilos de trazo

1. Haga clic en Trace Styles (Estilos de trazo) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas).

El cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo) aparece en la placa abierta, por ejemplo:



2. Para presentar los estilos de trazo por un fluorocromo específico, selecciónelo en la lista desplegable Fluorophores (Fluorocromos).
3. Para cambiar la presentación de trazos:
 - a. Seleccione el tipo de trazo de la lista desplegable Wells (Pocillos).
 - b. Haga clic en su color en la columna de Color.
 - c. En el cuadro de diálogo de Color que aparece, seleccione otro color para el trazo y haga clic en OK (Aceptar).
CFX Maestro Dx SE muestra el cambio de color para el tipo de pocillo en la cuadrícula.
 - d. (Opcional) Seleccione un símbolo para el trazo en la lista desplegable Symbols (Símbolos).

4. Para cambiar rápidamente el grupo de colores, haga clic en la selección adecuada de la sección Color Quick Set (Ajuste rápido del color).
5. Para visualizar las etiquetas de los pocillos en la cuadrícula, seleccione el tipo de etiqueta en la sección Well Labels (Etiquetas de pocillos).
6. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios o en Cancel (Cancelar) para cancelar los cambios.

Ver, exportar e importar la placa en formato de hoja de cálculo

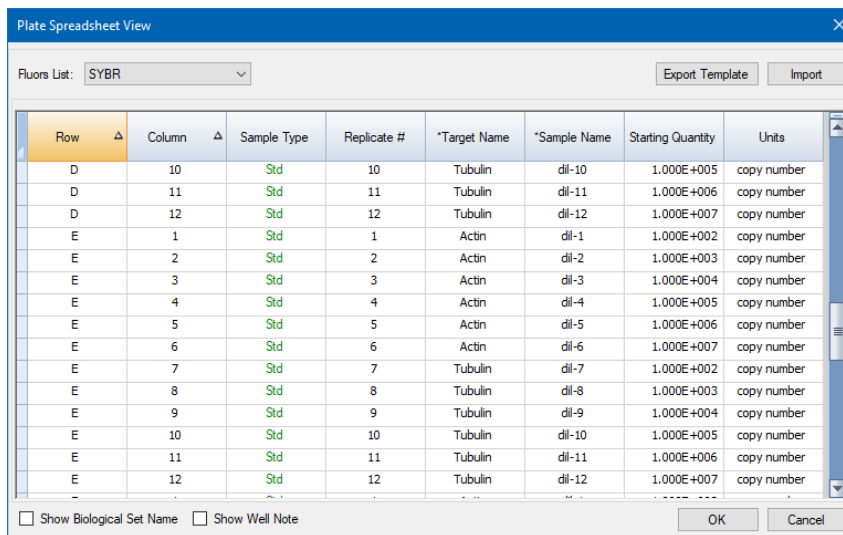
La herramienta Spreadsheet View/Importer (Vista/importador de hoja de cálculo) presenta los contenidos de una placa en formato de hoja de cálculo. El visor ofrece la opción de ver, importar y exportar datos de pocillos como se describe a continuación.

Usar el visor de hojas de cálculo para exportar e importar datos de placas

Desde el visor de hojas de cálculo, puede exportar el nombre del objetivo, el nombre de la muestra, el nombre del grupo biológico y las notas del pocillo como una plantilla en un formato delimitado por tabulaciones a una aplicación como Microsoft Excel. También puede importar esos datos desde una aplicación delimitada por tabulaciones a una placa predefinida desde un archivo de información del experimento.

Para utilizar la herramienta Spreadsheet View/Importer (Vista/importador de hoja de cálculo)

1. Cree y guarde un archivo de placa (consulte [Crear un archivo de placa utilizando el editor de placas](#))).
2. En la barra de herramientas Plate Editor (Editor de placas), haga clic en la pestaña Spreadsheet View/Importer (Vista/importador de hoja de cálculo) para abrir el cuadro de diálogo Plate Spreadsheet View (Vista de hoja de cálculo de la placa).



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. (Opcional) Haga clic en los cuadros Show Biological Set Name (Mostrar nombre del grupo biológico) y Show Well Note (Mostrar nota de pocillo) para mostrar esas columnas en la vista de hoja de cálculo y en el archivo exportado.

4. Haga clic en el botón Export Template (Exportar plantilla) para crear una plantilla vacía en un archivo de Excel (formato .csv). El archivo exportado mostrará el mismo diseño que la placa.

Consejo: Utilice el nombre del archivo de placa cuando guarde los archivos de placa para identificar fácilmente el archivo.

5. Complete las celdas del archivo de Excel con el contenido del pozo.

Nota: Solo puede editar el contenido de cualquier celda en una columna que tenga un asterisco (*) junto al nombre de la columna *Target Name (Nombre de objetivo), *Sample Name (Nombre de muestra), *Biological Group Name (Nombre de grupo biológico), *Well Note (Nota de pocillo).

Nota: No puede agregar valores a las columnas de cantidad y curva estándar en el archivo de Excel exportado. Para modificar esos datos, vuelva al editor de placas y seleccione Settings > Units (Configuración > Unidades) en la barra de menú. Una vez completada la ejecución de la placa, los datos de estos estándares aparecen en el gráfico Standard Curve (Curva normalizada) de la pestaña Quantification (Cuantificación) en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) con las unidades que seleccione.

6. Importe el archivo de Excel completo de nuevo en el Plate Editor (Editor de placas) haciendo clic en el botón Import (Importar). Los datos de placa importados aparecen en la ventana Plate Spreadsheet View (Vista de hoja de cálculo de placa).

Importante: Si tiene varios fluoróforos, deberá realizar los pasos del 3 al 5 para cada fluoróforo mediante el menú desplegable Flours List (Lista de harinas) en la Plate Spreadsheet View (Vista de hoja de cálculo de placa).

7. Haga clic en el botón OK (Aceptar). Los datos de la nueva placa ahora aparecen en la ventana del Plate Editor (Editor de placas).

Consejo: Puede ver los elementos de menú disponibles en la herramienta Spreadsheet View/Importe (Importador/vista de hoja de cálculo) cuando hace clic con el botón derecho en cualquier pocillo de la herramienta o en cualquiera de los encabezados de tabla de la vista Plate Spreadsheet (Hoja de cálculo de placa).

Crear una disposición de placa usando el asistente de configuración de placas

Puede usar el Setup Wizard (Asistente de configuración) para introducir la información de esquema de placa necesaria para el análisis de expresión genética normalizada, incluyendo:

- Nombres de los objetivos
- Nombres de las muestras
- Ubicación de los objetivos y las muestras en la placa
- Gen(es) de referencia
- Muestra de control

Puede usar el Setup Wizard (Asistente de configuración) antes, durante o después de una ejecución.

Utilizar el asistente de configuración de la placa

Este apartado explica cómo crear un esquema de placa utilizando el Setup Wizard (Asistente de configuración) de la placa. Para visualizar el contenido de cada pocillo en la placa con mayor facilidad, haga clic en Zoom plate (Ampliar la placa) en la parte superior del Setup Wizard (Asistente de configuración).

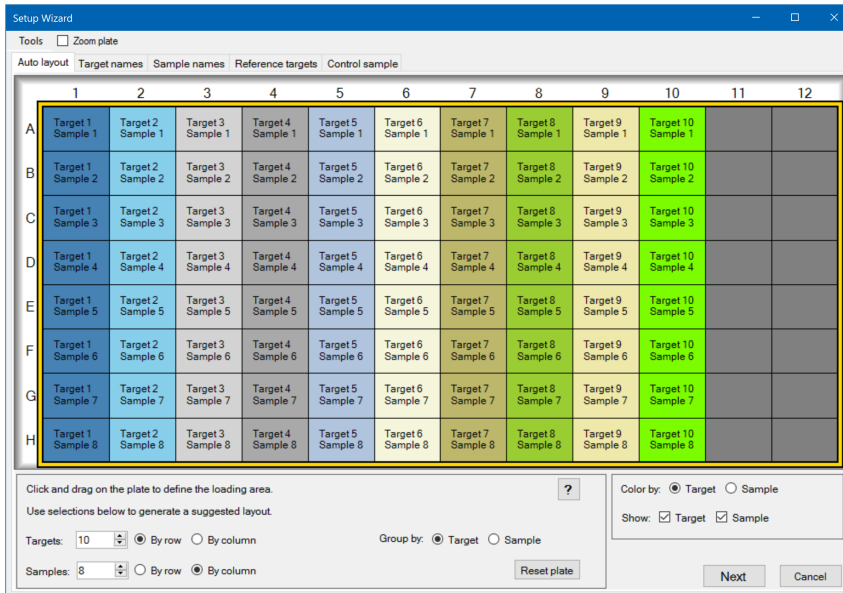
Importante: Al volver a la pestaña Auto layout (Esquema automático) mientras se encuentra en cualquier otra pestaña del Setup Wizard (Asistente de configuración) se reinicia el esquema de la placa. Tenga cuidado cuando seleccione esta pestaña.

Consejo: Puede reiniciar el esquema seleccionando Tools (Herramientas) > Clear Plate (Borrar placa) en el Setup Wizard (Asistente de configuración).

Para utilizar el Setup Wizard (Asistente de configuración) de la placa

1. Abra el Plate Editor (Editor de placas).
2. Para abrir el Setup Wizard (Asistente de configuración), realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione Editing Tools (Herramientas de edición) > Setup Wizard (Asistente de configuración).
 - Haga clic en Setup Wizard (Asistente de configuración) en la barra de herramientas del Plate Editor (Editor de placas).

El asistente de configuración aparece mostrando la pestaña Auto layout (Esquema automático).



3. En la pestaña Auto layout (Esquema automático), haga lo siguiente:
 - a. Haga clic en un pocillo en la rejilla y arrástrelo para especificar el área de la placa en la que quiere cargar una muestra.
 - b. Introduzca el número de objetivos y muestras a cargar.

Consejo: El número de objetivos y muestras debe ser igual al número de celdas seleccionadas. Si los números introducidos no cuadran con el área seleccionada, modifique los números o el área de selección de la placa. La orientación de los elementos en la placa y su agrupación se puede especificar.
 - c. (Opcional) Cambie la orientación de la placa. Por ejemplo, puede establecer objetivos en columnas y muestras en filas, o agrupar por muestras.
 - d. Haga clic en Next (Siguiente) para proceder con la pestaña Target names (Nombres de objetivos).

Nota: Si el esquema de la placa no tiene un patrón regular, utilice la pestaña Target names (Nombres de objetivos) para colocar manualmente sus objetivos, o la pestaña Sample names (Nombres de muestras) para colocar sus muestras en la placa. Haga clic y arrastre para seleccionar varios pocillos.

4. En la pestaña Target names (Nombres de objetivos), defina los nombres de objetivos para los grupos de objetivos:
 - a. Realice una de las siguientes acciones:
 - Para cambiar el nombre de los objetivos por grupo, configure Select by (Seleccionar por) como Target (Objetivo).
 - Para cambiar el nombre de los objetivos por pocillo, configure Select by (Seleccionar por) como Well (Pocillo).
 - b. Seleccione un grupo de objetivos o un pocillo en la rejilla y escriba un nombre en la lista desplegable Target name (Nombre de objetivo).

Consejo: Pulse Tab (Pestaña) para seleccionar el siguiente grupo o pocillo a la derecha o Enter (Intro) para seleccionar el siguiente grupo o pocillo a continuación. Asimismo, en las pestañas Target name (Nombre de objetivo) y Sample name (Nombre de muestra), mantenga pulsada la tecla Control y haga clic en un pocillo para seleccionar varios pocillos que no están adyacentes.
 - c. Haga clic en Next (Siguiendo) para proceder con la pestaña de Sample names (Nombres de muestra).
5. En la pestaña Sample names (Nombres de muestra), defina los nombres de muestra para los grupos de muestras.
6. Haga clic en Next (Siguiendo) para proceder con la pestaña Reference targets (Objetivos de referencia).
7. En la pestaña Reference targets (Objetivos de referencia), seleccione uno o más objetivos para utilizarlos como referencias de expresión genética normalizada y haga clic en Next (Siguiendo) para proceder con la pestaña Control sample (Muestra de control).
8. En la pestaña Control sample (Muestra de control), seleccione una muestra para utilizarla como un control para cálculos de expresión genética relativos.
9. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar el esquema de la placa y volver al Plate Editor (Editor de placas), en el que puede definir los parámetros de la placa. Consulte [Asignar parámetros opcionales al archivo de placa en la página 151](#) para obtener más información.

Asimismo, haga clic en Previous (Anterior) para volver a una pestaña anterior para realizar cambios.

Nota: Al volver a la pestaña Auto layout (Esquema automático) se reinicia automáticamente la placa. Tenga cuidado al hacer clic en Previous (Anterior).

Capítulo 9 Ejecutar experimentos

Este capítulo explica cómo ejecutar experimentos de ensayo de PrimePCR o personalizados (definidos por el usuario) mediante el Software CFX Maestro Dx, Security Edition.

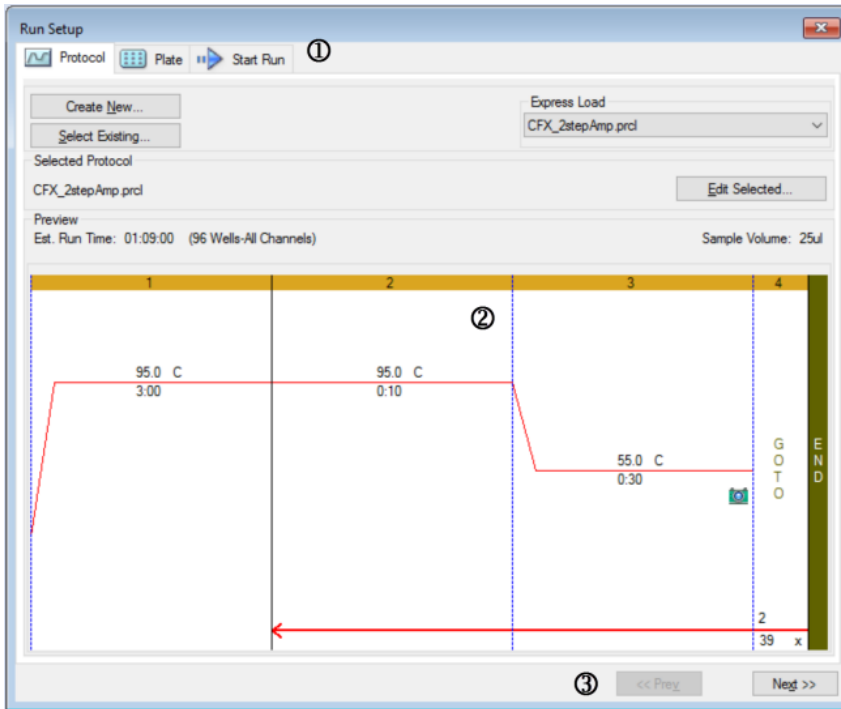
Un archivo de datos de ejecución contiene el protocolo y la información de placa para la ejecución. El archivo también contiene los datos de los análisis que el CFX Maestro Dx SE realiza una vez finalizada la ejecución.

El CFX Maestro Dx SE facilita la configuración y la ejecución de experimentos PrimePCR o definidos por el usuario. La ventana Run Setup (Configuración de ejecución) le guía por los pasos comunes para configurar un experimento, hasta el cuadro de diálogo Start Run (Iniciar ejecución), desde el que se inicia la ejecución.

La ventana Run Setup (Configuración de ejecución)

La ventana Run Setup (Configuración de ejecución) ofrece acceso rápido a los archivos y ajustes necesarios para configurar y ejecutar un experimento. Cuando elige ejecutar un experimento definido por el usuario, la ventana Run Setup (Configuración de ejecución) se abre mostrando la pestaña Protocol (Protocolo). Cuando elige ejecutar un experimento de PrimePCR, la ventana Run Setup (Configuración de ejecución) se abre mostrando la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).

Consejo: Consulte [Realizar experimentos de PrimePCR en la página 196](#) para obtener información sobre PrimePCR; consulte [Pestaña Start Run \(Iniciar ejecución\) en la página 186](#) para obtener información sobre la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).



LEYENDA

1. Las pestañas le guiarán para configurar y realizar un experimento:
 - Pestaña Protocol (Protocolo): seleccione un protocolo existente para ejecutar o editar, o cree un nuevo protocolo en el Protocol Editor (Editor de protocolos).
 - Pestaña Plate (Placa): seleccione una placa existente para ejecutar o editar, o cree una nueva placa en el Plate Editor (Editor de placas).
 - Pestaña Start Run (Iniciar ejecución): visualice los ajustes del experimento, seleccione uno o más bloques de instrumento e inicie la ejecución.

2. La ventana principal muestra las opciones para cada pestaña a medida que las aplica.

3. Los botones de navegación le llevan a la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).

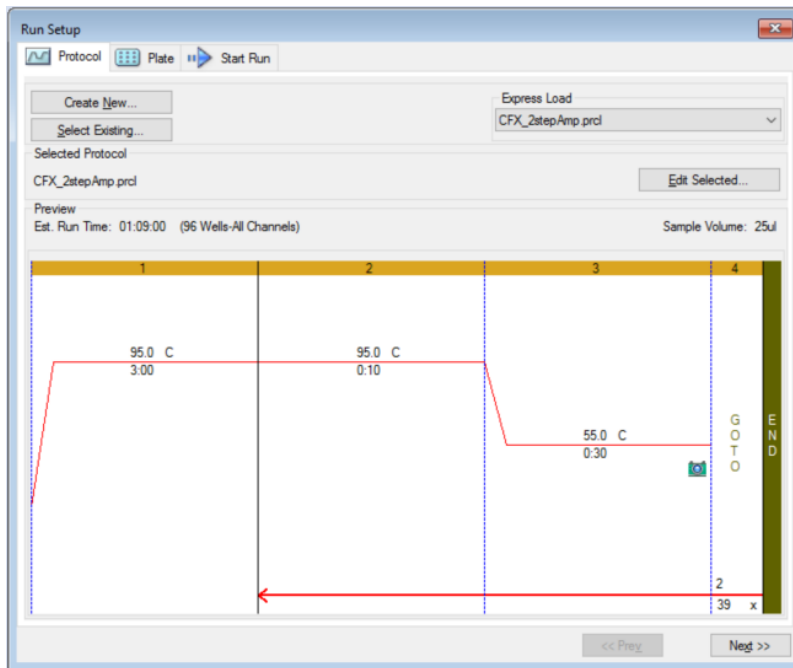
Acceso a la ventana Run Setup (Configuración de ejecución)

Para acceder a la ventana Run Setup (Configuración de ejecución)

- ▶ Realice una de las siguientes acciones:
 - En la pestaña Run Setup (Configuración de ejecución) del Startup Wizard (Asistente de inicio), haga clic en User-defined (Definida por el usuario) o en PrimePCR.
 - En la ventana Home (Inicio), haga clic en User-defined Run Setup (Configuración de ejecución definida por el usuario) o en PrimePCR Run Setup (Configuración de ejecución de PrimePCR) en la barra de herramientas.
 - En la ventana Home (Inicio), seleccione Run (Ejecución) > User-defined Run (Ejecución definida por el usuario) o Run (Ejecución) > PrimePCR Run (Ejecución de PrimePCR).

Pestaña Protocol (Protocolo)

La pestaña Protocol (Protocolo) muestra una vista previa del archivo de protocolo que va a ejecutar. Un archivo de protocolo contiene las instrucciones para los pasos de temperatura del instrumento, así como las opciones del instrumento que controlan la tasa de aumento, el volumen de la muestra y la temperatura de la tapa.



Por defecto, el software muestra el protocolo definido en el apartado File Selection for Run Setup (selección de archivos para configuración de serie) en la pestaña Files (archivos) en el cuadro de diálogo User (usuario) > User Preferences (preferencias de usuario). Puede cambiar el protocolo predeterminado en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Consulte [Cambiar los ajustes predeterminados de los archivos en la página 91](#) para obtener más información.

En la pestaña Protocol (Protocolo), puede:

- Crear un nuevo protocolo para ejecutarlo
- Seleccionar un protocolo existente para ejecutarlo o editarlo

Para obtener más información sobre la creación y modificación de protocolos, consulte el [Capítulo 7, Crear protocolos](#).

Para crear un nuevo protocolo

1. En la pestaña Protocol (Protocolo), haga clic en Create New (Crear nuevo).
Aparece el Protocol Editor (Editor de protocolos).
2. Use el Protocol Editor (Editor de protocolos) para crear un nuevo protocolo.
3. Haga clic en Ok (Aceptar) para guardar el protocolo y volver a la pestaña Protocol (Protocolo) en Run Setup (Configuración de ejecución).
4. Visualice los detalles del protocolo y realice una de las siguientes acciones:
 - Si los detalles son correctos, haga clic en Next (Siguiete) para proceder con la pestaña Plate (Placa).
 - Si los detalles son incorrectos, haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado) para volver a la ventana del Protocol Editor (Editor de protocolos). Revise el protocolo, guarde los cambios y después haga clic en Next en la pestaña Protocol para proceder a la pestaña Plate.

Para seleccionar un protocolo existente

1. En la pestaña Protocol (Protocolo), realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en Select Existing (Seleccionar existente) y navegue hasta un protocolo existente.
 - Haga clic en Express Load (Carga rápida) y seleccione un protocolo de la lista desplegable de protocolos.

Consejo: Puede añadir protocolos o eliminarlos de la lista desplegable Express Load (Carga rápida). Consulte [Añadir y eliminar protocolos de carga rápida](#) a continuación para obtener más información.
2. Visualice los detalles del protocolo y realice una de las siguientes acciones:
 - Si los detalles son correctos, haga clic en Next (Siguiete) para proceder con la pestaña Plate (Placa).
 - Si los detalles son incorrectos, haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado) para abrir el Protocol Editor (Editor de protocolos). Revise el protocolo, guarde los cambios y después haga clic en Next (Siguiete) en la pestaña Protocol (Protocolo) para proceder con la pestaña Plate (Placa).

Añadir y eliminar protocolos de carga rápida

Puede modificar los contenidos de la lista desplegable Express Load (Carga rápida) que aparece en el Protocol Editor (Editor de protocolos). Los protocolos de esta lista se guardan en la siguiente carpeta:

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

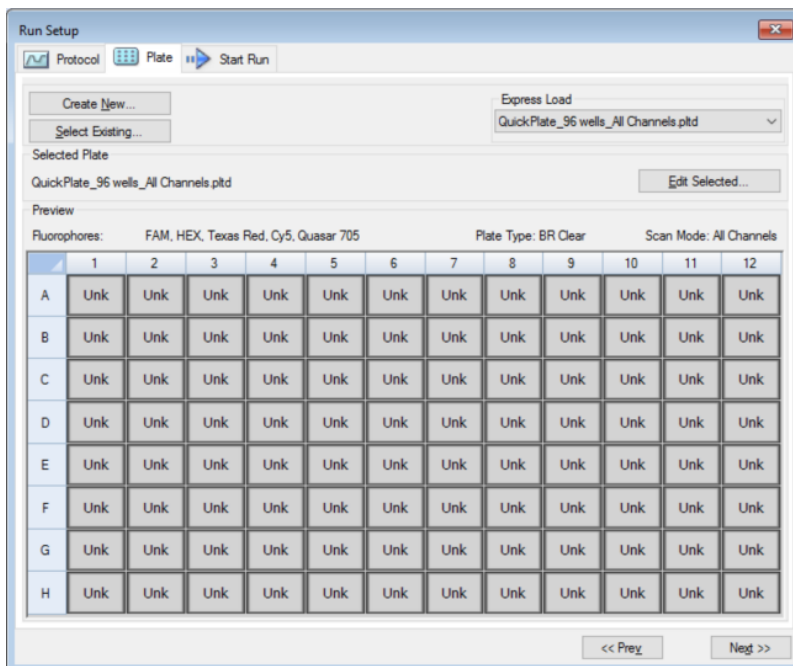
Para modificar la lista Express Load (Carga rápida) de los protocolos

1. Navegue y abra la carpeta Express Load (Carga rápida).
2. Revise los archivos de protocolo (.pcri) de la carpeta.
3. Realice una de las siguientes acciones:
 - Elimine los protocolos de la carpeta para eliminarlos de la lista desplegable.
 - Copie los protocolos en la carpeta para añadirlos a la lista desplegable.

Pestaña Plate (Placa)

Nota: Si el protocolo seleccionado en la pestaña Protocol (Protocolo) no incluye un paso de lectura de placa para el análisis de PCR en tiempo real, la pestaña Plate (Placa) estará oculta. Para ver la pestaña Plate (Placa), añada al menos una lectura de placa al protocolo.

La pestaña Plate (Placa) muestra una visualización previa del archivo de placa que va a cargar. En una serie de PCR en tiempo real, el archivo de placa contiene una descripción del contenido de cada pocillo, incluidos sus fluorocromos, el modo de análisis y el tipo de placa. El CFX Maestro Dx SE utiliza estas descripciones para la recopilación y el análisis de datos.



De forma predeterminada, el software muestra la placa definida en la sección File Selection for Run Setup (Selección de archivos para configuración de la ejecución) en la pestaña Files (Archivos) del cuadro de diálogo User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario). Puede cambiar la placa predeterminada en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario). Consulte [Cambiar los ajustes predeterminados de los archivos en la página 91](#) para obtener más información.

En la pestaña Plate (Placa), puede:

- Crear una nueva placa para cargarla.
- Seleccionar una placa existente para cargarla o editarla.

Para obtener más información sobre la creación y modificación de placas, consulte el [Capítulo 8, Preparar placas](#).

Para crear una nueva placa

1. En la pestaña Plate (Placa), haga clic en Create New (Crear nueva).
Aparece el Plate Editor (Editor de placas).
2. Use el Plate Editor (Editor de placas) para crear una nueva placa.
3. Haga clic en Ok (Aceptar) para guardar la placa y volver a la pestaña Plate (Placa) en Run Setup (Configuración de ejecución).
4. Visualice los detalles de la placa y realice una de las siguientes acciones:
 - Si los detalles son correctos, haga clic en Next (Siguiente) para proceder con la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).
 - Si los detalles son incorrectos, haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado) para volver a la ventana del Plate Editor (Editor de placas). Revise el archivo de placa, guarde los cambios y después haga clic en Next (Siguiente) en la pestaña Plate (Placa) para proceder a la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).

Para seleccionar un archivo de placa existente

1. En la pestaña Plate (Placa), realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en Select Existing (Seleccionar existente) y navegue hasta un archivo de placa existente.
 - Haga clic en Express Load (Carga rápida) y seleccione un archivo de placa de la lista desplegable.
Consejo: Puede añadir placas o eliminarlas de la lista desplegable Express Load (Carga rápida). Consulte [Añadir y eliminar archivos de placa de carga rápida](#) a continuación para más información.
2. Visualice los detalles de la placa y realice una de las siguientes acciones:
 - Si los detalles son correctos, haga clic en Next (Siguiente) para proceder con la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).
 - Si los detalles son incorrectos, haga clic en Edit Selected (Editar seleccionado) para abrir la ventana del Plate Editor (Editor de placas). Revise el archivo de placa, guarde los cambios y después haga clic en Next (Siguiente) para proceder con la pestaña Start Run (Iniciar ejecución).

Añadir y eliminar archivos de placa de carga rápida

Puede modificar los contenidos de la lista desplegable Express Load (Carga rápida) que aparece en el Plate Editor (Editor de placas). Las placas que aparecen en esta lista se guardan en la siguiente carpeta:

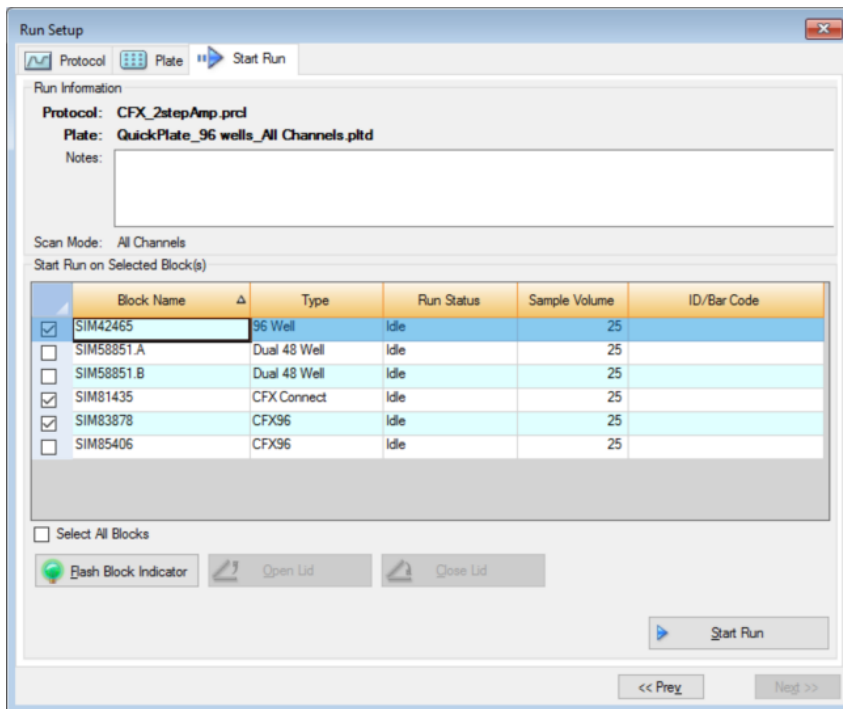
c:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_MDx\Users\

Para modificar la lista Express Load (Carga rápida) de los archivos de la placa

1. Navegue hasta la carpeta Express Load (Carga rápida) y ábrala.
2. Revise los archivos de placa (.pltd) de la carpeta.
3. Realice una de las siguientes acciones:
 - Elimine los archivos de placa de la carpeta para eliminarlos de la lista desplegable.
 - Copie los archivos de placa de la carpeta para añadirlos a la lista desplegable.

Pestaña Start Run (Iniciar ejecución)

La pestaña Start Run (Iniciar ejecución) muestra información sobre el experimento a ejecutar. También muestra el bloque o bloques del instrumento conectado en el que puede hacer un experimento.



En la pestaña Start Run (Iniciar ejecución) puede hacer lo siguiente:

- Ver información detallada sobre la ejecución, incluyendo el archivo de protocolo, el archivo de placa y el modo de análisis seleccionados.
- Añadir notas sobre la ejecución.
- Ver detalles sobre todos los instrumentos conectados, incluyendo su estado de ejecución (en funcionamiento o en reposo), el volumen de las muestras en μl , la temperatura de las tapas, el modo de emulación, así como el ID o código de barras, si están disponibles.

Nota: Puede modificar las columnas que aparecen en Start Run on Selected Blocks (Iniciar ejecución en los bloques seleccionados). Consulte [Modificar detalles en la tabla Selected Blocks \(Bloques seleccionados\) en la página 187](#) para obtener información.

- Seleccione el bloque o bloques en los que realizar la ejecución.
- Abra o cierre de forma remota la tapa de cada instrumento seleccionado.

- Inicie la ejecución.

Modificar detalles en la tabla Selected Blocks (Bloques seleccionados)

Puede modificar las columnas que aparecen en Start Run Selected Block(s) (Iniciar ejecución en los bloques seleccionados). También puede modificar los valores predeterminados del volumen de la muestra y la temperatura de la tapa en la tabla. Los cambios de configuración se aplican a la ejecución que va a realizarse.

Para añadir columnas a la tabla Start Run on Selected Blocks (Iniciar ejecución en los bloques seleccionados)

- ▶ Haga clic con el botón derecho en la tabla y seleccione una opción del menú contextual.

Para eliminar columnas en la tabla Start Run on Selected Blocks (Iniciar ejecución en los bloques seleccionados)

- ▶ Haga clic con el botón derecho en la tabla y elimine la opción del menú contextual.

Para editar los valores de volumen de la muestra o temperatura de la tapa para un bloque

- ▶ Seleccione la celda de volumen de la muestra o temperatura de la tapa para el bloque que desee e introduzca un nuevo valor en la celda.

Para añadir un ID de ejecución o código de barras para un bloque

- ▶ Seleccione la celda ID/Bar Code (ID/Código de barras) e introduzca un ID o escanee el bloque con un lector de códigos de barras.

Ejecutar un experimento

Importante: Antes de ejecutar un experimento, asegúrese de que el software antivirus de su ordenador no iniciará un análisis durante la ejecución. Consulte [Instalar software CFX Maestro Dx SE en la página 36](#) y póngase en contacto con su administrador del sistema para obtener más información.

Para ejecutar un experimento

1. En la pestaña Start Run (Iniciar ejecución), verifique los detalles de la placa y el protocolo en el apartado Run Information (Información de ejecución).
2. (Opcional) Añada notas acerca del procesamiento o experimento en el cuadro de texto Notes (Notas).
3. Seleccione el cuadro de texto de uno o más bloques en los que realizar la ejecución.

Consejo: Para procesar el experimento en todos los bloques, seleccione la opción **Select All Blocks** (Seleccionar todos los bloques) situada debajo de la tabla **Selected Blocks** (Bloques seleccionados).

4. (Opcional) Haga clic en **Flash Block Indicator** (Indicador del bloque de destello) para hacer parpadear el indicador LED en los bloques de instrumento seleccionados.
5. Introduzca las placas de los experimentos en el bloque:
 - a. Haga clic en **Open Lid** (Abrir tapa). La tapa monitorizada de cada bloque seleccionado se abre.
 - b. Introduzca una placa de experimento en cada bloque seleccionado.
 - c. Haga clic en **Close Lid** (Cerrar tapa).

Consejo: En el Sistema CFX Opus Dx, toque **Open Lid** (Abrir tapa) o **Close Lid** (Cerrar tapa) en la pantalla **Home** (Inicio).

6. Haga clic en **Open Lid** (Abrir tapa) y **Close Lid** (Cerrar tapa) para abrir y cerrar la tapa monitorizada de cada bloque de instrumentos seleccionado.
7. Vea los detalles de la ejecución y realice una de las siguientes acciones:
 - Si los detalles son correctos, haga clic en **Start Run** (Iniciar ejecución).
 - Si los detalles son incorrectos:
 - Corrija los detalles en la tabla **Selected Blocks** (Bloques seleccionados) y haga clic en **Start Run** (Iniciar ejecución).
 - Vuelva a la pestaña correcta y realice los cambios adecuados, guarde los cambios y después haga clic en **Next** (Siguiente) para volver a la pestaña **Start Run** (Iniciar ejecución).

Para iniciar una nueva ejecución desde una ejecución anterior

- ▶ Realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione **File** (Archivo) > **Repeat a Run** (Repetir una ejecución) en la barra del menú principal del software; navegue y haga doble clic en el archivo de datos de la ejecución que desee repetir.
 - Seleccione la pestaña **Repeat Run** (Repetir ejecución) en el **Startup Wizard** (Asistente de inicio) y haga doble clic en el archivo de datos de la ejecución que desee repetir.
- Opcionalmente, en la pestaña **Repeat Run** (Repetir ejecución) puede hacer clic en **Browse** (Examinar); navegue y haga doble clic en el archivo de datos de la ejecución que desee repetir.

Cuadro de diálogo Run Details (Detalles de ejecución)

Cuando hace clic en Start Run (Iniciar ejecución), el CFX Maestro Dx SE le invita a guardar el archivo de datos (.pcrd), inicia la ejecución y abre el cuadro de diálogo Run Details (Detalles de ejecución). El cuadro de diálogo Run Details (Detalles de ejecución) incluye tres pestañas de estado:

- **Run Status** (Estado de ejecución): use esta pestaña para ver el estado actual del protocolo, abrir o cerrar la tapa, pausar una ejecución, añadir repeticiones o detener la ejecución.
- **Real-time Status** (Estado en tiempo real): use esta pestaña para ver los datos de fluorescencia de PCR en tiempo real a medida que se recopilan.
- **Time Status** (Estado de tiempo): use esta pestaña para ver un cronómetro de cuenta atrás para el protocolo.

Estas pestañas vienen explicadas en detalles en los siguientes apartados.

Pestaña Run Status (Estado de ejecución)

En la pestaña Run Status (Estado de ejecución) presenta el estado actual de una ejecución en curso. Desde esta vista puede controlar la tapa y cambiar la ejecución en progreso.

The screenshot displays the 'Run Details' window for a CFX run. The 'Run Status' tab is active, showing a temperature profile graph with four steps: 95.0 C for 3:00, 95.0 C for 0:10, 55.0 C for 0:30, and a 'GOTO' step. Below the graph, it shows 'Step 1 of 4' at 95.0 C for 00:02:45. The status is 'Running'. Control buttons include Open Lid, Close Lid, Add Repeats, Skip Step, Flash Block Indicator, Pause, Resume, and Stop. A 'Run Information' panel on the right shows protocol details like 'CFX_2stepAmp.prc1' and 'QuickPlate_96 wells_All'.

LEYENDA

1. Panel Run Status (Estado de ejecución): presenta el progreso actual del protocolo.
2. Controles de Run Status (Estado de ejecución): le permiten operar el instrumento o interrumpir el protocolo actual.
3. Panel Run Information (Información de ejecución): muestra detalles de la ejecución.

Comandos del estado de ejecución

Utilice los comandos en la pestaña Run Status (Estado de ejecución) para utilizar el instrumento desde el software o cambiar una ejecución que se encuentre en curso.

Nota: Realizar cambios en el protocolo durante la ejecución, como añadir repeticiones, no cambia el archivo del protocolo asociado con la ejecución. Estas acciones se registran en el Run Log (Registro de ejecución).



: abre la tapa monitorizada en los instrumentos seleccionados.

Importante: Abrir la tapa durante una ejecución pausa la ejecución durante el paso actual y puede alterar los datos. [Comandos del estado de ejecución en la página 190.](#)



: cierra la tapa monitorizada en los instrumentos seleccionados.



: añade más repeticiones al paso actual GOTO en el protocolo. Esta opción está disponible solo cuando se está procesando un paso GOTO.

Nota: Puede agregar repeticiones adicionales mientras está en un ciclo GOTO (Ir a) cuando el protocolo está en curso. No obstante, el CFX Maestro Dx SE reconoce el cambio más reciente en el número de repeticiones. Por ejemplo, si agrega 10 repeticiones adicionales mientras está en un ciclo GOTO (Ir a), el software cambiará el número total a $n + 10$. Si luego agrega cinco (5) repeticiones adicionales mientras está en el mismo ciclo, CFX Maestro cambiará el número total de repeticiones a $n + 5$. Se ignora el primer cambio (10 repeticiones). Para asegurarse de que el software realice el número de repeticiones que desea, introduzca el número total (en este caso, 15 repeticiones).



: omite el paso actual en el protocolo.

Nota: Si inicia un salto durante un paso GOTO, el sistema pasa al siguiente ciclo del bucle GOTO. Si el último ciclo del paso GOTO estaba en curso en el momento del salto, el sistema pasa al siguiente paso.



: hace parpadear el LED en el instrumento seleccionado para identificar los bloques seleccionados.



: pausa el protocolo.

Nota: Esta acción se registra en el Run Log (Registro de ejecución).



: reanuda un protocolo en pausa.

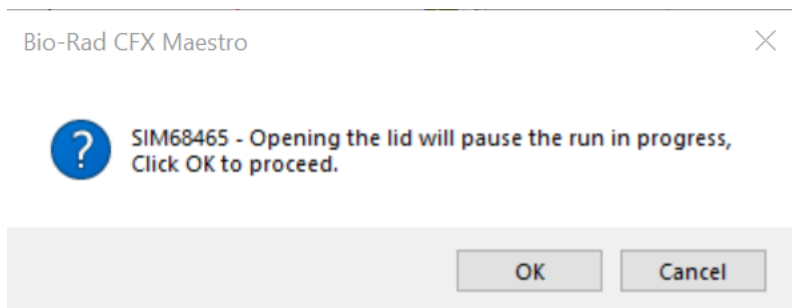


: detiene la ejecución antes de que finalice el protocolo.

Nota: Detener una ejecución antes de que finalice el protocolo puede alterar los datos.

Abrir la tapa del instrumento durante una ejecución de PCR

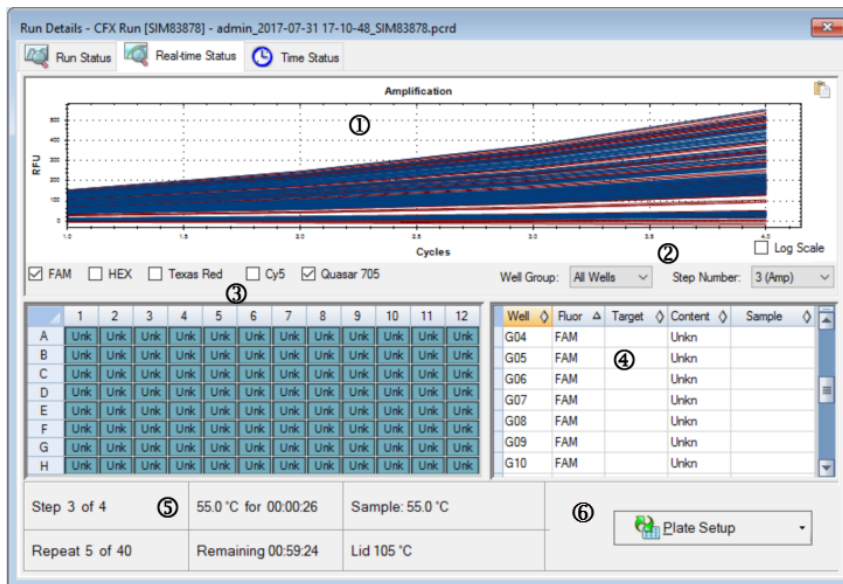
Si se abre la tapa de cualquier instrumento durante una ejecución de PCR, CFX Maestro Dx SE mostrará el siguiente diálogo de confirmación:



Mientras aparece el cuadro de diálogo, el instrumento continuará ejecutando el protocolo. El botón OK (Aceptar) detiene la ejecución y la tapa del instrumento se suelta y se abre. Con el botón Cancel (Cancelar) se descarta el cuadro de diálogo y se reanuda la ejecución.

Pestaña Real-time Status (Estado en tiempo real)

La pestaña Real-time Status (Estado en tiempo real) presenta datos de PCR en tiempo real recogidos en cada ciclo durante la ejecución después de las dos primeras lecturas de placa.



LEYENDA

1. Panel de trazos de amplificación: presenta datos de amplificación en tiempo real durante la ejecución.

2. Identificador del grupo de pocillos: si los grupos de pocillos se identificaron en la configuración de placa, los usuarios pueden seleccionar un grupo de pocillos específico para visualizar sus trazos, pocillos e información tabular.
Identificador del número de paso: si el protocolo recopila datos en más de un paso (por ejemplo durante la amplificación y la curva de fusión), los usuarios pueden seleccionar un paso específico y visualizar los trazos recogidos en ese paso.

3. Panel del selector de pocillos: muestra los pocillos activos, inactivos y vacíos de la placa.

4. Panel de la tabla de configuración de placas: muestra la configuración de la placa en formato tabular.

5. Panel de detalles de ejecución: muestra el estado en tiempo real de la ejecución, incluidos:
 - El paso actual
 - La repetición actual
 - La temperatura actual
 - El tiempo restante
 - La temperatura de la muestra
 - La temperatura de la tapa

6. Configuración de placa: abre el cuadro de diálogo Plate Setup (Configuración de placa), en la que los usuarios pueden modificar la configuración actual de la placa durante un procesamiento.

En la pestaña Real-time Status (Estado en tiempo real) puede:

- Mostrar u ocultar trazos en tiempo real seleccionándolos en el panel del selector de pocillos o en la tabla de configuración de placas.
- Ver un solo trazo o grupos de trazos seleccionándolos en la lista desplegable de grupos de pocillos.
- Editar la placa o sustituir el archivo de placa.
- Aplicar un archivo de PrimePCR para la ejecución.

Mostrar u ocultar trazos en tiempo real

Por defecto, todos los pocillos rellenos están activos y aparecen en la tabla de configuración de placas. Los pocillos activos aparecen en azul en el panel del selector de pocillos. Los pocillos ocultos aparecen en gris claro, y los pocillos no utilizados aparecen en gris oscuro en el panel del selector de pocillos.

Puede ocultar los trazos de los pocillos activos durante la ejecución. El CFX Maestro Dx SE sigue recopilando datos para todos los pocillos; cuando se ocultan los pocillos, los datos correspondientes no aparecen en la tabla de configuración de placa.

Para ocultar trazos en tiempo real

- ▶ En el panel del selector de pocillos, haga clic en los pocillos activos (azul) que desee ocultar.

Para mostrar trazos en tiempo real

- ▶ En el panel selector de pocillos, haga clic en los pocillos ocultos (gris claro) que desee mostrar.

Para obtener más información acerca del selector de pocillos, consulte el [Selector de pocillos en la página 216](#).

Editar una configuración de placa

Para editar una configuración de placa

- ▶ Haga clic en Plate Setup (Configuración de placa) y seleccione View/Edit Plate (Ver/Editar placa).

Aparece la ventana Plate Editor (Editor de placas), en la que puede editar la placa mientras la ejecución está en proceso. Para obtener más información acerca de cómo editar placas, consulte el [Capítulo 8, Preparar placas](#).

Nota: También puede editar los estilos de trazo en la ventana del Plate Editor (Editor de placas). Los cambios aparecen en el diagrama de trazo de amplificación en la pestaña Real-time Status (Estado en tiempo real).

Reemplazar un archivo de placa

Consejo: Reemplazar un archivo de placa es especialmente útil si inicia un procesamiento con un archivo de placa rápida en la carpeta Express Load (Carga rápida).

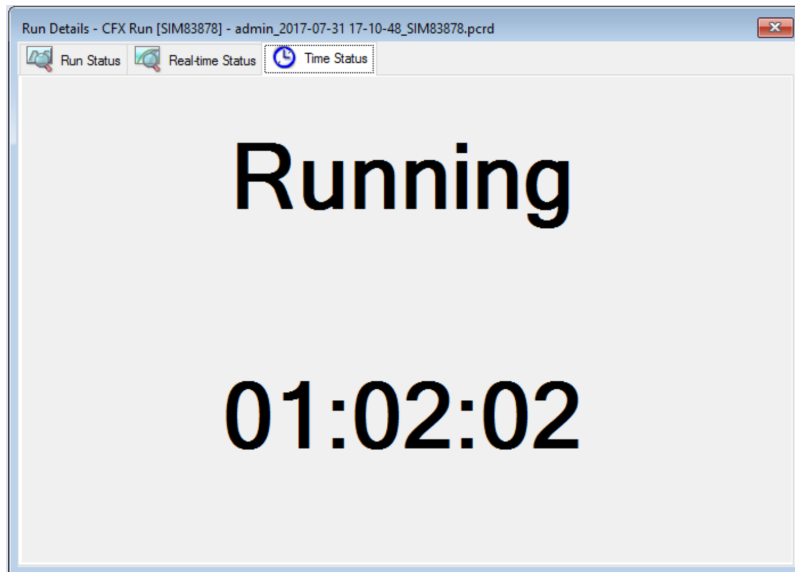
Para reemplazar un archivo de placa

- ▶ Haga clic en Plate Setup (Configuración de placa) y seleccione una de las siguientes opciones:
 - Replace Plate file (Sustituir archivo de placa): seleccione el nuevo archivo de placa de la lista en la ventana del navegador.
 - Apply PrimePCR file (Aplicar archivo de PrimePCR): busque un archivo de ejecución desde el que se obtendrá el esquema de la placa utilizando la búsqueda inteligente o haga clic en Browse (Examinar) para encontrar un archivo que haya descargado desde la página web de Bio-Rad y que no esté ubicado en la carpeta de PrimePCR.

Nota: El CFX Maestro Dx SE comprueba la disponibilidad de un modo de análisis y un tamaño de placa para el archivo de placa. Estos deben ser idénticos a los ajustes de ejecución con los que se inició la ejecución.

Pestaña Time Status (Estado de tiempo)

La pestaña Time Status (Estado de tiempo) muestra el tiempo que falta para que se complete la ejecución actual.



Realizar experimentos de PrimePCR

Los experimentos de PrimePCR utilizan un proceso o evaluaciones específicos de la enfermedad que Bio-Rad ha validado por laboratorio húmedo y optimizado, y están disponibles en los formatos siguientes:

- Paneles pre-plaquetados: las placas que contienen evaluaciones que son específicas de un proceso biológico o de enfermedad; estas incluyen controles de Prime PCR y genes de referencia.
- Placas configuradas personalizadas: las placas se pueden configurar en un esquema definido por el usuario con la opción de seleccionar evaluaciones para objetivos de interés, controles y referencias.
- Evaluaciones individuales: tubos que contienen grupos de cebadores individuales para su uso en reacciones en tiempo real.

Para reducir el tiempo de ejecución general, puede eliminar el paso de fusión en el protocolo. Bio-Rad recomienda firmemente que no realice ninguna otra modificación en un protocolo de ejecución de PrimePCR. El protocolo predeterminado es el que se utilizó para la validación de la evaluación. Cualquier desviación de este puede afectar a los resultados. Los cambios en el protocolo se anotan en la pestaña Run Information (Información de ejecución) del archivo de datos resultante y en cualquier informe que se cree.

Para iniciar una ejecución de PrimePCR

- ▶ Para iniciar una ejecución de PrimePCR, realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - En el Startup Wizard (Asistente de inicio), seleccione PrimePCR en la pestaña de configuración de Run (Ejecución) y después seleccione la química adecuada (SYBR[®] o Probe (Sonda)).
 - Seleccione una ejecución de PrimePCR en la lista Recent Runs (Ejecuciones recientes) de la pestaña de Repeat run (Repetir ejecución) en el Startup Wizard (Asistente de inicio).
 - Seleccione File (Archivo) > New (Nuevo) > PrimePCR Run File (Archivo de ejecución de PrimePCR) en la ventana Home (Inicio).
 - Arrastre y suelte un archivo de ejecución de PrimePCR en la ventana Home (Inicio).

Después de seleccionar un procesamiento de PrimePCR, la ventana Run Setup (Configuración de ejecución) se abre en la pestaña Start Run (Iniciar ejecución) con el esquema de placa de PrimePCR determinada cargado dependiendo del instrumento seleccionado.

Para eliminar el paso de fusión en el protocolo.

- ▶ En la pestaña Protocol (Protocolo), deseleccione el cuadro que aparece junto a Include Melt Step (Incluir paso de fusión)

Para importar la información que desee para las placas de PrimePCR en un esquema de placas

1. Realice una de las siguientes acciones:
 - En la pestaña Real-time Status (Estado en tiempo real) en el cuadro de diálogo Run Details (Detalles de ejecución), seleccione Plate Setup (Configuración de placa) > Apply PrimePCR File (Aplicar archivo de PrimePCR).
 - En la ventana Data Analysis (Análisis de datos), seleccione Plate Setup (Configuración de placa) > Apply PrimePCR File (Aplicar archivo de PrimePCR).
2. En el cuadro de diálogo PrimePCR run file (Archivo de ejecución de PrimePCR), haga clic en Browse (Examinar) para ir al archivo correspondiente de PrimePCR (.csv).
3. Seleccione el archivo de PrimePCR objetivo y haga clic en Open (Abrir).

El Sistema CFX Opus Dx importa la información objetivo en el esquema de placa.

Transferir datos autónomos para análisis

Importante: Cuando transfiera archivos de datos desde el Sistema CFX Opus Dx al CFX Maestro Dx SE, se transfieren todos los archivos guardados en el sistema. Asegúrese de que tiene espacio suficiente en el disco para transferir los datos de forma segura.

Cuando se completa la ejecución, el CFX Maestro Dx SE analiza los datos de fluorescencia. Si la ejecución se realiza de modo autónomo y se guarda en el propio instrumento Sistema CFX Opus Dx, los datos tendrán que transferirse al ordenador del CFX Maestro Dx SE para su análisis.

El Sistema CFX Opus Dx puede almacenar hasta 100 ejecuciones de PCR en tiempo real. Después de que termine la ejecución, puede transferir archivos de datos autónomos al ordenador del CFX Maestro Dx SE mediante el correo electrónico, un dispositivo USB o el mismo software.

En este apartado se explica cómo transferir archivos de datos autónomos al ordenador del CFX Maestro Dx SE.

Transferir datos por correo electrónico

Para enviar un archivo de datos por correo electrónico al terminar una ejecución

1. Configure notificaciones por correo electrónico para el instrumento.
Consulte [Configurar las notificaciones por correo electrónico en la página 87](#) o el Manual de funcionamiento del Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx.
2. Cuando configure notificaciones por correo electrónico, asegúrese de seleccionar Attach Data File (Adjuntar archivo de datos).

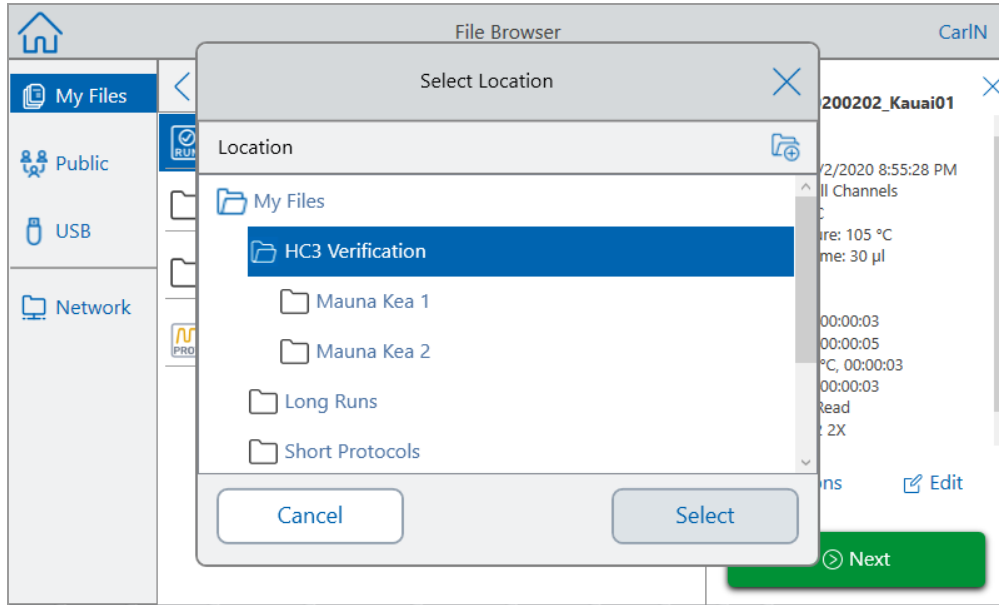
Los datos de la ejecución se envían como un archivo .pcrd.

Transferir datos desde Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dxs


Mediante la función del File Browser (Explorador de archivos) del Sistema CFX Opus Dx, puede transferir archivos de datos a una unidad USB conectada o a una carpeta de red compartida. También puede transferir archivos de protocolo del CFX Maestro Dx SE desde una unidad USB o unidad de red compartida a su carpeta o a la carpeta Public (Pública) del Sistema CFX Opus Dx y ejecutarlos en el Sistema CFX Opus Dx.

Consejo: En esta sección se explica cómo transferir datos. Para obtener información sobre cómo configurar la conexión mediante Ethernet, consulte el Manual de funcionamiento del Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx disponible en el menú Help (Ayuda) del CFX Maestro Dx SE.

1. En la pantalla Home (Inicio) del Sistema CFX Opus Dx, toque Files (Archivos) para ver la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).
2. En la pantalla del File Browser (Explorador de archivos), vaya hasta el archivo que desea copiar y, a continuación, toque el archivo para ver el panel de detalles del archivo.
3. En el panel de detalles del archivo, toque Options (Opciones) y, a continuación, toque Copy (Copiar).



Aparece el cuadro de diálogo Select Location (Seleccionar ubicación).

4. En el cuadro de diálogo Select Location (Seleccionar ubicación), realice una de las siguientes acciones:
 - Vaya a una carpeta existente.
 - Vaya hasta la ubicación para crear una carpeta en la que guardar el archivo; a continuación, toque Create Folder (Crear carpeta)  para crear una nueva carpeta en esa ubicación.
5. Toque Select (Seleccionar) para copiar el archivo a la ubicación seleccionada o Cancel (Cancelar) para volver a la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).

Nota: Si existe un archivo con el mismo nombre en la ubicación seleccionada, aparece un mensaje en un cuadro de diálogo. Toque Yes (Sí) para sobrescribir el archivo existente o No (No) para volver a la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).

El Sistema CFX Opus Dx muestra un mensaje de confirmación cuando el archivo se copia correctamente.

Transferir datos mediante el Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Para transferir datos mediante el CFX Maestro Dx SE

1. En el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados) de la ventana Home (Inicio), haga clic con el botón derecho en el instrumento que desee y seleccione Retrieve Data Files (Recuperar archivos de datos).

El CFX Maestro Dx SE muestra el cuadro de diálogo Browse For Folder (Examinar carpeta).

2. En el cuadro de diálogo Browse For Folder (Examinar carpeta), busque la ubicación en la que quiere guardar los archivos de datos y haga clic en OK (Aceptar).

El proceso de transferencia crea una carpeta denominada Real-Time Data (Datos en tiempo real) en la ubicación seleccionada. Los datos de la serie se guardan en la carpeta Real-Time Data (Datos en tiempo real) como archivos .zpcr separados.

Transferir datos utilizando una unidad USB

Si introduce una unidad USB en un puerto USB del instrumento, el archivo de datos se guarda automáticamente en el directorio raíz de la unidad USB cuando se completa la ejecución. También puede ubicar los archivos de datos guardados anteriormente y guardarlos en una unidad USB conectada.

Para transferir archivos de datos a una unidad USB en los sistemas Sistema CFX Opus Dx

- En el cuadro de diálogo Select Location (Seleccionar ubicación), toque USB y navegue hasta la carpeta de destino en la que copiar el archivo, o toque Cancel (Cancelar) para volver a la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).

Nota: Si existe un archivo con el mismo nombre en la ubicación seleccionada, aparece un cuadro de diálogo. Toque Yes (Sí) para sobrescribir el archivo existente o No (No) para volver a la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).

El Sistema CFX Opus Dx muestra un mensaje de confirmación cuando el archivo se copia correctamente.

Transferir datos mediante una unidad de red compartida utilizando los sistemas Sistema de PCR en tiempo real CFX Opus Dx

Consejo: Puede transferir datos hacia y desde una unidad de red compartida solo a través de los sistemas Sistema CFX Opus Dx.

Los sistemas Sistema CFX Opus Dx le permiten conectarse a una unidad de red compartida mediante Ethernet. Mediante una conexión válida, puede transferir archivos de datos hacia y desde una carpeta de la unidad de red compartida.

Para transferir datos hacia y desde una unidad de red compartida

- ▶ En el cuadro de diálogo Select Location (Seleccionar ubicación), toque Network (Red) y navegue hasta la carpeta de destino en la que copiar el archivo, o toque Cancel (Cancelar) para volver a la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).

Nota: Si existe un archivo con el mismo nombre en la ubicación seleccionada, aparece un cuadro de diálogo. Toque Yes (Sí) para sobrescribir el archivo existente o No (No) para volver a la pantalla del File Browser (Explorador de archivos).

El Sistema CFX Opus Dx muestra un mensaje de confirmación cuando el archivo se copia correctamente.

Crear un archivo de datos

Para analizar los datos transferidos del instrumento al ordenador del CFX Maestro Dx SE, el archivo de datos comprimido (archivo .zpcr) debe convertirse en un archivo de datos (archivo .pcrd). El CFX Maestro Dx SE convierte el archivo .zpcr en un archivo .pcrd y luego selecciona un archivo de placa que tiene el mismo modo de análisis y tamaño de placa, y lo aplica al archivo .pcrd.

Para crear un archivo de datos a partir de un archivo de datos independiente

1. En el CFX Maestro Dx SE, realice una de las siguientes acciones:
 - Localice el archivo .zpcr que desee y arrástrelo a la ventana Home (Inicio) del CFX Maestro Dx SE.
 - Seleccione File (Archivo) > Open (Abrir) > Stand-alone Run (Ejecución independiente), navegue hasta el archivo que desee y selecciónelo.

El CFX Maestro Dx SE muestra el cuadro de diálogo Save As (Guardar como).

2. Navegue hasta la carpeta en la que quiera guardar el archivo .pcrd y haga clic en Save (Guardar).

Después de guardar el archivo .pcrd, el CFX Maestro Dx SE abre la ventana Data Analysis (Análisis de datos) y muestra los datos resultantes.

Capítulo 10 Descripción general del análisis de datos

El Software CFX Maestro Dx, Security Edition procesa datos de PCR en tiempo real automáticamente al final de cada ejecución y abre la ventana Data Analysis (Análisis de datos) para mostrar estos datos (el archivo .pcrd).

- Arrastrar un archivo de datos (extensión .pcrd) a la ventana Home (Inicio) y soltarlo.
- Seleccionar File(Archivo) > Open (Abrir) > Data File (Archivo de datos) en la ventana Home (Inicio) y buscar el archivo .pcrd.
- Seleccionar File (Archivo) > Recent Data Files (Archivos de datos recientes) en la ventana Home (Inicio) para seleccionar de una lista de los diez archivos de datos abiertos más recientemente.
- Seleccionar la pestaña Analyze (Analizar) en el Startup Wizard (Asistente de inicio) y seleccionar de la lista Recent Files (Archivos recientes), o hacer clic en Browse (Examinar) para localizar el archivo de datos.

Ventana de análisis de datos

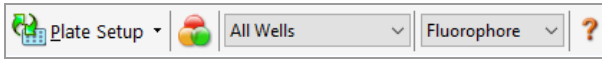
La ventana Data Analysis (Análisis de datos) muestra múltiples pestañas, y cada pestaña muestra los datos analizados para un método de análisis específico o información específica de la serie. Las pestañas aparecen solo si los datos recopilados en la ejecución están disponibles para ese tipo de análisis.



Consejo: Para escoger las pestañas a mostrar, selecciónelas en el menú desplegable View (Ver) en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Para volver a la disposición original, seleccione Settings (Ajustes) > Restore Default Window Layout (Restaurar el diseño predeterminado de la ventana).



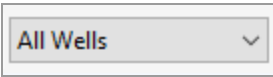
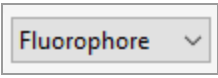

Barra de herramientas de análisis de datos

La barra de herramientas en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) ofrece acceso rápido a funciones importantes de análisis de datos.



En la [Tabla 11](#) se enumeran las funciones de los botones de la barra de herramientas.

Tabla 11. Barra de herramientas de la ventana Data Analysis (Análisis de datos)

Botón	Nombre	Función
	Plate Setup (Configuración de placa)	View/Edit plate (Ver/Editar placa): abre el Plate Editor (Editor de placas) para ver y editar el contenido de los pocillos. Replace Plate (Sustituir placa): selecciona un archivo de placa para sustituir el esquema de la placa. Apply PrimePCR File (Aplicar archivo PrimePCR): selecciona un archivo de ejecución para sustituir el esquema de la placa para una serie PrimePCR.
	Manage Well Groups (Gestionar grupos de pocillos)	Abre la ventana Well Groups Manager (Gestor de grupos de pocillos) para crear, editar y borrar grupos de pocillos.
	Well Group (Grupo de pocillos)	Selecciona el nombre de un grupo de pocillos existente del menú desplegable. La selección predeterminada es All Wells (Todos los pocillos). Este botón solo aparece cuando se crean grupos de pocillos.
	Analysis Mode (Modo de análisis)	Analiza los datos en modo Fluorophore (Fluorocromo) o Target (Objetivo).
	Help (Ayuda)	Abre la ventana Help (Ayuda) del software, en la que puede encontrar ayuda en línea y una copia digital de este manual en formato Acrobat PDF.

Barra de menús del análisis de datos

En la [Tabla 12](#) se enumeran los elementos de la barra de menús en la ventana Data Analysis (Análisis de datos).

Tabla 12. Elementos de la barra de menús en la ventana Data Analysis (Análisis de datos)

Elemento del menú	Comando	Función
File (Archivo)	Save (Guardar)	Guarda el archivo.
	Save As (Guardar como)	Guarda el archivo con un nuevo nombre.
	File Passwords (Contraseñas de archivo)	Permite a los usuarios configurar las contraseñas para guardar y abrir archivos.
	Sign (Firmar)	Permite a los usuarios firmar el archivo de datos.
	Repeat Run (Repetir ejecución)	Extrae el archivo del protocolo y de la placa de la ejecución actual para volver a realizar la ejecución.
	Close (Cerrar)	Cierra la ventana Data Analysis (Análisis de datos).
View (Ver)	Run Log (Registro de ejecución)	Abre una ventana Run Log (Registro de ejecución) para visualizar el registro de ejecución del archivo de datos actual.
	Audit Trail (Registro de auditoría)	Abre el registro de auditoría del archivo.
	Quantification (Cuantificación), Melt Curve (Curva de fusión), Gene Expression (Expresión genética), End Point (Punto final), Custom Data View (Vista de datos personalizada), QC (CC), Run Information (Información de la ejecución)	Muestra los datos analizados en las pestañas seleccionadas en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Se debe seleccionar al menos una pestaña.

Tabla 12. Elementos de la barra de menús en la ventana Data Analysis (Análisis de datos), continuación

Elemento del menú	Comando	Función
Settings (Ajustes)	C _q Determination Mode (Modo de determinación de C _q)	Le permite seleccionar el modo Regression (Regresión) o el modo Single Threshold (Umbral único) para determinar cómo se calculan los valores C _q para cada trazo.

Tabla 12. Elementos de la barra de menús en la ventana Data Analysis (Análisis de datos), continuación

Elemento del menú	Comando	Función
	Baseline Setting (Ajustes de referencia)	Le permite seleccionar el método de sustracción de referencia para los grupos de pocillos seleccionados.
	Analysis Mode (Modo de análisis)	Le permite analizar datos según el fluorocromo o el objetivo.
	Cycles to Analyze (Ciclos a analizar)	Le permite seleccionar los ciclos a analizar.
	Umbral de referencia	Abre la ventana Baseline Threshold (Umbral de referencia) para ajustar la referencia o el umbral.
	Trace Styles (Estilos de trazo)	Abre la ventana Trace Styles (Estilos de trazos).
	Plate Setup (Configuración de placa)	Abre el Plate Editor (Editor de placas) para visualizar y editar la placa; y para sustituir la placa actual por una de un archivo de placas definido por el usuario o un archivo de procesamiento PrimePCR.
	Include All Excluded Wells (Incluir todos los pocillos excluidos)	Incluye todos los pocillos excluidos en el análisis.
	Mouse Highlighting (Resaltado del ratón)	Activa o desactiva el resaltado simultáneo de datos con el puntero del ratón. Consejo: Si Mouse Highlighting (Resaltado del ratón) se encuentra apagado, presione la tecla Control para activar temporalmente el resaltado.
	Restore Default Window Layout (Restaurar el diseño predeterminado de la ventana)	Restaura la disposición de las ventanas a la configuración predeterminada.

Tabla 12. Elementos de la barra de menús en la ventana Data Analysis (Análisis de datos), continuación

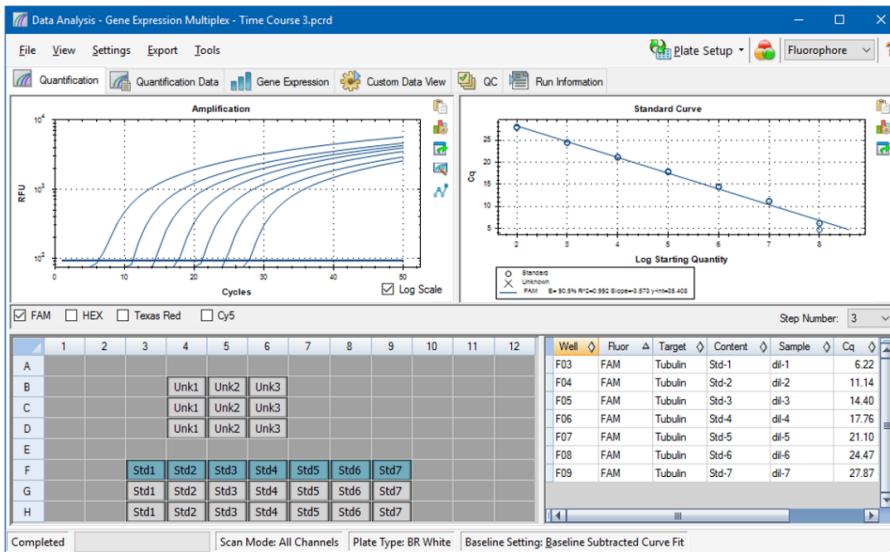
Elemento del menú	Comando	Función
Export (Exportar)	Export All Data Sheets (Exportar todas las hojas de datos)	Le permite seleccionar si desea exportar todas las vistas de la hoja de cálculo de cada pestaña a un archivo .csv, .txt., Excel o .xml.
	Export RDML File (Exportar archivo RDML)	Le permite seleccionar la versión 1.1 o 1.0 de RDML para exportar el archivo.
	Custom Export (Exportación personalizada)	Abre la ventana de exportación personalizada en la que los campos a exportar y el formato del archivo se pueden especificar.
	Export to LIMS Folder (Exportar a la carpeta LIMS)	Abra una ventana para guardar datos en un formato predeterminado en la carpeta LIMS
	Manual Export (Exportación manual)	Abre una ventana para identificar la ubicación para guardar los datos de todas las vistas de hojas de cálculo de los archivos Excel estructurados específicamente para su uso por parte de Seegene, Inc. y Bio-Rad Laboratories. Consejo: También puede iniciar automáticamente Seegene Viewer (Visor de Seegene) al exportar. Consulte Comandos del menú Tools (Herramientas) en la página 71 para obtener más información.

Tabla 12. Elementos de la barra de menús en la ventana Data Analysis (Análisis de datos), continuación

Elemento del menú	Comando	Función
Tools (Herramientas)	Reports (Informes)	Abre el informe de este archivo de datos.
	Well Group Reports (Informes del grupo de pocillos)	Abre la ventana del informe del grupo de pocillos para generar informes para los grupos de pocillos especificados.
	Import Fluorophore Calibration (Importar calibración de fluorocromo)	Seleccionar un archivo de calibración a aplicar al archivo de datos actual.
	qbase+	Inicia qbase+ v2.5 directamente a partir del archivo .pcrd actual si está instalado.
	Generate LIMS PLRN file (Generar archivo PLRN LIMS)	Guarda el archivo de datos como un archivo .plr con formato LIMS.

Detalles de la pestaña

Cada pestaña de la ventana Data Analysis (Análisis de datos) muestra datos en gráficos y hojas de cálculo de un método de análisis específico e incluye un selector de pocillos para seleccionar los datos que desea mostrar. Cuando se abre, la ventana Data Analysis (Análisis de datos) muestra de forma predeterminada la pestaña Quantification (Cuantificación). Puede utilizar los datos del gráfico Amplification (Amplificación) en la pestaña Quantification (Cuantificación) para determinar los ajustes de análisis adecuados para la ejecución.

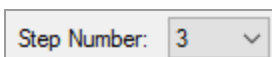


Nota: El software vincula los datos en los paneles de cada pestaña de Data Analysis (Análisis de datos). Por ejemplo, destacar un pocillo ubicando el puntero del ratón sobre el pocillo en el visualizador del selector del pocillo destaca los datos en todos los demás paneles.

Step Number Selector (Selector del número de paso)

Los sistemas CFX Opus Dx pueden adquirir datos de fluorescencia en varios pasos de protocolo; el software mantiene los datos adquiridos en cada paso de forma independiente. CFX Maestro Dx SE muestra el Step Number Selector (Selector de número de paso) debajo del gráfico Standard Curve (Curva normalizada) en la pestaña Quantification (Cuantificación). Cuando un protocolo contiene como mínimo un paso de recogida de datos, el CFX Maestro Dx SE muestra los datos del primer paso de recogida.

Si el protocolo contiene más de un paso de recogida, puede seleccionar otro paso de la lista desplegable. Por ejemplo:



Cuando selecciona un paso, el software aplica una selección a todos los datos que se muestran en la ventana Data Analysis (Análisis de datos).

Visualizar los grupos de pocillos en el análisis de datos

Los pocillos en la placa se pueden agrupar en subgrupos para el análisis independiente utilizando grupos de pocillos. Cuando crea grupos de pocillos, sus nombres de grupo aparecen en la lista desplegable Well Groups (Grupos de pocillos) de la ventana Data Analysis (Análisis de datos) en la barra de herramientas.

Si ha creado grupos de pocillos, el software muestra el grupo de pocillos predeterminado All Wells (Todos los pocillos) cuando abre la ventana Data Analysis (Análisis de datos), mostrando los datos en todos los pocillos con contenido en los gráficos y hojas de cálculo. Solo los pocillos en ese grupo de pocillos cargado con contenido aparecen en el selector de pocillos, y solo los datos de estos pocillos se incluyen en los cálculos de análisis de datos.

Consejo: Para crear, editar, y eliminar grupos de pocillos, haga clic en Manage Well Groups (Gestionar grupos de pocillos) en la barra de herramientas.

Nota: Si no crea previamente grupos de pocillos, la lista desplegable Well Groups (Grupos de pocillos) no aparece en la barra de herramientas.

Cambiar el contenido de los pocillos después de una ejecución

Durante el análisis de datos, al cambiar la manera en la que se muestran los datos cambiando el contenido de los pocillos en el Plate Editor (Editor de placas) nunca se cambian los datos de fluorescencia que se recogieron de cada pocillo durante la ejecución. Una vez el módulo recoge los datos de fluorescencia, no puede eliminar esos datos, pero puede decidir eliminar los datos de la vista y del análisis.

Para cambiar el contenido de los pocillos después de una ejecución

- ▶ En la ventana Data Analysis (Análisis de datos), haga clic en Plate Setup (Configuración de placa) y seleccione una de las siguientes opciones:
 - **Edit/View Plate** (Editar/Ver placa): abre el Plate Editor (Editor de placas) en el que puede realizar cambios manuales en el esquema.
 - **Replace Plate file** (Sustituir archivo de placa): abre el explorador Select Plate (Seleccionar placa), donde puede navegar hasta un archivo de placa guardado previamente para reemplazar el esquema de placa actual.
 - **Apply PrimePCR file** (Aplicar archivo de PrimePCR): abre el cuadro de diálogo del archivo Select PrimePCR (Seleccionar PrimePCR), en el que puede navegar a un archivo de ejecución de PrimePCR y aplicarlo al esquema de la placa.

Consejo: Puede añadir o editar información sobre el contenido del pocillo antes de una ejecución, durante una ejecución o después de la finalización de una ejecución de PCR. Debe asignar un modo de escaneo y un tamaño de placa antes de la ejecución. Estos parámetros no se pueden cambiar después de la ejecución.

Ajustes del análisis de datos

Los datos del gráfico Amplification (Amplificación) en la pestaña Quantification (Cuantificación) muestran la fluorescencia relativa (RFU) para cada pocillo en cada ciclo. Cada traza en el gráfico representa los datos de un único fluorocromo en un pocillo. Estos datos se usan para determinar los valores de C_q para cada pocillo y por fluorocromo. El software usa uno de dos modos existentes para determinar los valores de C_q :

- **Regression** (Regresión): aplica un modelo de regresión multivariable no lineal a trazas de pocillos individuales y después usa este modelo para computar un valor óptimo de C_q .
- **Single Threshold** (Umbral único): usa un valor de umbral único para calcular el valor de C_q en base al punto de cruce del umbral de trazas de fluorescencia individuales.

Seleccione Settings (Ajustes) > C_q Determination Mode (Modo de determinación de C_q) para seleccionar el modo de determinación de C_q .

Ajustar el umbral

En el modo de Single Threshold (Umbral único), puede ajustar el umbral de fluorocromo haciendo clic en la línea del umbral en el gráfico Amplification (Amplificación) y moviendo el puntero del ratón de manera vertical. También puede especificar un umbral exacto de cruce para el fluorocromo seleccionado.

Ajustes de referencia

El software fija automáticamente una base de referencia para cada pocillo de forma individual. El ajuste de referencia determina el método de sustracción de la referencia para todas las trazas de fluorescencia. El software ofrece tres opciones de sustracción de la referencia:

- **No Baseline Subtraction** (Sin sustracción de referencia): muestra los datos como trazas de fluorescencia relativa. No se pueden realizar algunos análisis en este modo de análisis, por lo que el software no muestra las pestañas Gene Expression (Expresión genética), End Point (Punto final) ni Allelic Discrimination (Discriminación alélica).
- **Baseline Subtracted** (Referencia sustraída): muestra los datos como trazas con la referencia sustraída para cada fluorocromo en un pocillo. El software debe sustraer la referencia de los datos para determinar los ciclos de cuantificación, construir curvas estándar y determinar la concentración de las muestras desconocidas. Para generar una traza con sustracción de referencia, el software encaja la mejor línea recta posible a través de la fluorescencia registrada de cada pocillo durante los ciclos de referencia y después sustrae los datos que mejor se ajustan de los datos sustraídos del fondo en cada ciclo.

- **Baseline Subtracted Curve Fit** (Ajuste de curva de referencia sustraída): muestra los datos como trazas con la referencia sustraída y el software suaviza la curva con la referencia sustraída mediante un filtro de media centrada. Este proceso se realiza para que cada C_q quede invariable.

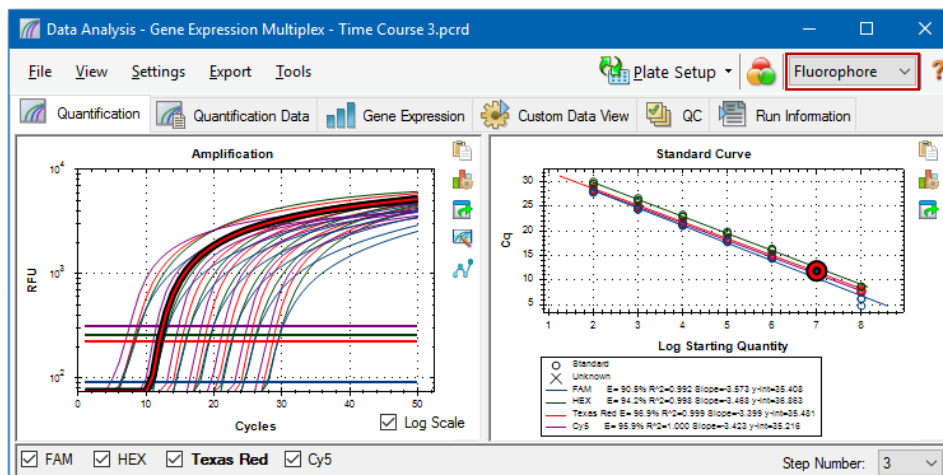
Además de estas opciones, también puede seleccionar Apply Fluorescent Drift Correction (Aplicar corrección a la desviación de la fluorescencia). Para pocillos con valores RFU con una desviación anormal, el software deriva una referencia estimada de los pocillos adyacentes para los que no fue posible generar una línea de referencia horizontal.

Para cambiar los ajustes de sustracción de la referencia

- Seleccione Settings (Ajustes) > Baseline Setting (Ajustes de referencia).

Modo de análisis

Los datos se pueden agrupar y analizar por nombre de fluorocromo o de objetivo. Cuando se agrupan por fluorocromo, los trazos de los datos se muestran por fluorocromo según lo indicado en la configuración de placa de ese procesamiento. Los datos individuales de fluorocromo aparecen en el gráfico de amplificación y curva normalizada (si está disponible) cuando se seleccionan las casillas adecuadas del selector de fluorocromo, ubicadas bajo el gráfico de amplificación.



Cuando se agrupan por objetivo, los trazos de los datos se muestran por nombre de objetivo según lo introducido en la configuración de placa de esa ejecución.

Para seleccionar un modo de análisis de datos

- Realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione Settings (Ajustes) > Analysis Mode (Modo de análisis).

- Seleccione un modo del menú desplegable Analysis Mode (Modo de análisis) en la barra de herramientas.

Ciclos a analizar

Puede restringir el número de ciclos a analizar. También puede analizar los datos de un conjunto de ciclos determinado. El número máximo de ciclos que puede analizar es de 50.

Nota: Eliminar ciclos al principio de una serie puede tener un impacto significativo sobre la creación de líneas de referencia.

Para restringir el análisis de datos a un rango de ciclos determinado

1. Seleccione Settings (Ajustes) > Cycles to Analyze (Ciclos a analizar).
Aparece el cuadro de diálogo Cycles to Analyze (Ciclos a analizar).
2. Introduzca los valores correspondientes al ciclo de comienzo y de finalización y haga clic en OK (Aceptar).

Haga clic en Restore Defaults (Restaurar valores por defecto) en el cuadro de diálogo Cycles to Analyze (Ciclos a analizar) para volver a los ciclos utilizados originalmente para su análisis.

Selector de pocillos

Use el Well Selector (Selector de pocillos) para mostrar u ocultar los datos de pocillos en los gráficos u hojas de cálculo en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). En el selector de pocillos, únicamente pueden seleccionarse los pocillos con muestra. El software tiñe los pocillos en el Well Selector (Selector de pocillos):

- **Azul:** indica los pocillos seleccionados. Los datos de los pocillos seleccionados aparecen en la ventana Data Analysis (Análisis de datos).
- **Gris claro:** indica los pocillos no seleccionados. Los datos de pocillos no seleccionados no aparece en la ventana Data Analysis (Análisis de datos).
- **Gris oscuro:** indica los pocillos vacíos.

	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			

Para mostrar u ocultar datos de pocillos

- ▶ En el Well Selector (Selector de pocillos), realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Para ocultar un pocillo, haga clic en el pocillo en particular. Para mostrar ese pocillo, vuelva a hacer clic en él.
 - Para ocultar varios pocillos, arrastre sobre los pocillos que quiere seleccionar. Para mostrar esos pocillos, vuelva a arrastrar sobre los pocillos.
 - Haga clic en la esquina superior izquierda de la placa para ocultar todos los pocillos. Vuelva a hacer clic en la esquina superior izquierda para mostrar todos los pocillos.
 - Haga clic al principio de una fila o una columna para ocultar esos pocillos. Vuelva a hacer clic en la fila o columna para mostrar esos pocillos.

Elementos del menú contextual del Well Selector (Selector de pocillos)

En la [Tabla 13](#) se enumeran las opciones de menú contextual disponibles en la vista del selector de pocillos.

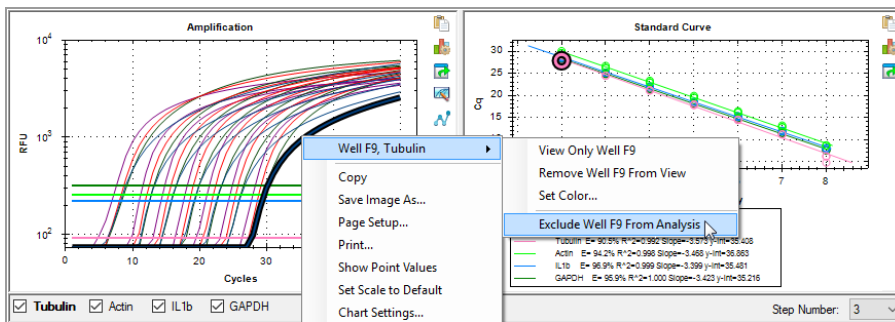
Tabla 13. Elementos del menú contextual del selector de pocillos

Elemento	Función
Well XX (Pocillo XX)	Muestra solo este pocillo, suprime la vista de este pocillo, establece un color para este pocillo o excluye este pocillo del análisis.
Selected Wells (Pocillos seleccionados) (hacer clic con el botón derecho y arrastrar)	Muestra solo estos pocillos, suprime la vista de estos pocillos, establece un color para estos pocillos o excluye estos pocillos del análisis.
Copy (Copiar)	Copia el contenido del pocillo a un portapapeles, incluido el Sample Type (Tipo de muestra) y el Replicate # (N.º de repeticiones) opcional.
Copy as Image (Copiar como imagen)	Copia la vista del selector de pocillos como una imagen.
Print (Imprimir)	Imprime la vista del selector de pocillos.
Print Selection (Imprimir selección)	Imprime la selección actual.
Export to Excel (Exportar a Excel)	Exporta los datos a una hoja de cálculo de Excel.
Export to CSV (Exportar a CSV)	Exporta los datos como un documento .csv.
Export to Xml (Exportar a Xml)	Exporta los datos como un documento .xml.
Well Labels (Etiquetas de pocillo)	Cambia las etiquetas de pocillo a Sample Type (Tipo de muestra), Target Name (Nombre objetivo) o Sample Name (Nombre de muestra).

Excluir temporalmente los pocillos del análisis

Para excluir los pocillos de los análisis de datos temporalmente

1. Haga clic con el botón derecho en el selector de pocillos, en un trazo de fluorescencia o en un punto trazado en la curva normalizada. Para excluir varios pocillos, haga clic con el botón derecho y arrastre para destacar varios pocillos, trazos o puntos.
2. Del menú contextual, seleccione la opción adecuada.
 - Well (Pocillo) > Exclude Well (Excluir pocillo)
 - Selected Wells (Pocillos seleccionados) > Exclude from Analysis (Excluir del análisis)
 - Selected Traces (Trazos seleccionados) > Exclude these wells from Analysis (Excluir estos pocillos del análisis)



Alternativamente, para eliminar permanentemente los pocillos del análisis, borre todo el contenido de los pocillos en el Plate Editor (Editor de placas) haciendo clic en el botón Clear Wells (Borrar pocillos).

Importante: Debe volver a introducir cualquier contenido de pocillo que se haya borrado.

Para incluir un pocillo excluido

- ▶ Haga clic con el botón derecho sobre el pocillo correspondiente en Well Selector (Selector de pocillos) y seleccione Well (Pocillo) > Include Well in Analysis (Incluir pocillo en el análisis).

Gráficos

Cada gráfico en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) muestra los datos en un gráfico distinto e incluye opciones para ajustar y exportar los datos o los gráficos.

Herramientas de gráficos

En la [Tabla 14](#) se enumeran las opciones de menú contextual disponibles en la mayoría de los gráficos.

Tabla 14. Elementos comunes de menú contextual de la mayoría de gráficos

Elemento	Función
Copy (Copiar)	Copia el gráfico a un portapapeles.
Save Image As... (Guardar imagen como)	Guarda el gráfico como un archivo de imagen. Establezca la resolución y las dimensiones de la imagen y posteriormente seleccione el tipo de archivo (PNG, GIF, JPG, TIF, o BMP).
Page Setup... (Configuración de la página)	Selecciona una configuración de página para imprimir.
Print... (Imprimir)	Imprime el gráfico.
Set Scale to Default (Establecer escala a valor predeterminado)	Muestra todos los datos en el gráfico de barras. Deslice la pantalla de barras si hay demasiados puntos de datos/muestras para mostrar en el marco del gráfico.
Chart Settings (Ajustes del gráfico)	Abre el cuadro de diálogo Chart Settings (Ajustes del gráfico) en el que puede modificar las opciones de vista del gráfico: <ul style="list-style-type: none"> ■ Nombres de gráficos y ejes ■ Fuente y tamaño de gráficos y ejes ■ Escala de los ejes ■ Posición de la leyenda

Las herramientas del gráfico aparecen en cada gráfico en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Todos los gráficos muestran estas herramientas:

Copy to Clipboard (Copiar al portapapeles): copia los contenidos de la vista del gráfico al portapapeles.

Chart Settings (Ajustes del gráfico): abre el cuadro de diálogo Chart Settings (Ajustes del gráfico) en el que puede modificar las opciones de visualización del gráfico.

Export (Exportar): abre el cuadro de diálogo Export Options (Opciones de exportación), desde el que puede modificar la resolución y el tamaño del gráfico, y guardarlo en una ubicación específica como uno de los siguientes tipos de archivo:

- .bmp
- .jpg
- .png

Herramientas del Bar Chart (Gráfico de barras)

Además de las herramientas de gráfico, los gráficos de barras muestran las siguientes herramientas:

Sort (Ordenar): ordena los objetivos y las muestras alfabéticamente o en orden alfabético inverso.

Color Settings (Ajustes de color): abre el cuadro de diálogo Color Settings (Ajustes de color), donde puede cambiar el color de los objetivos y las muestras.

Para obtener más información sobre estas herramientas, consulte [Cambiar y anotar la vista de gráficos en la página 283](#).

Herramientas del Amplification Chart (Gráfico de amplificación)

Además de las enumeradas anteriormente, los gráficos de amplificación muestran las siguientes herramientas:

Trace Styles (Estilos de trazo): abre el cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo) en el que puede modificar la apariencia de los trazos del gráfico de amplificación.

Baseline Threshold (Umbral de referencia): abre el cuadro de diálogo de Baseline Threshold (Umbral de referencia) en el que puede modificar la referencia predeterminada de los pocillos seleccionados o cambiar el umbral de cada curva de fluorescencia del gráfico de amplificación.

Copiar datos de gráficos al portapapeles

Puede copiar el contenido del gráfico y pegarlo en cualquier aplicación que acepte archivos de imagen de mapa de bits.

Para copiar datos de gráficos al portapapeles

1. En las herramientas de gráficos, seleccione el icono Copy to Clipboard (Copiar al portapapeles).
2. Abra una aplicación que acepte imágenes de mapa de bits, por ejemplo Microsoft Word.
3. Haga clic derecho y seleccione Paste (Pegar) para pegar la imagen de mapa de bits del portapapeles a la aplicación.

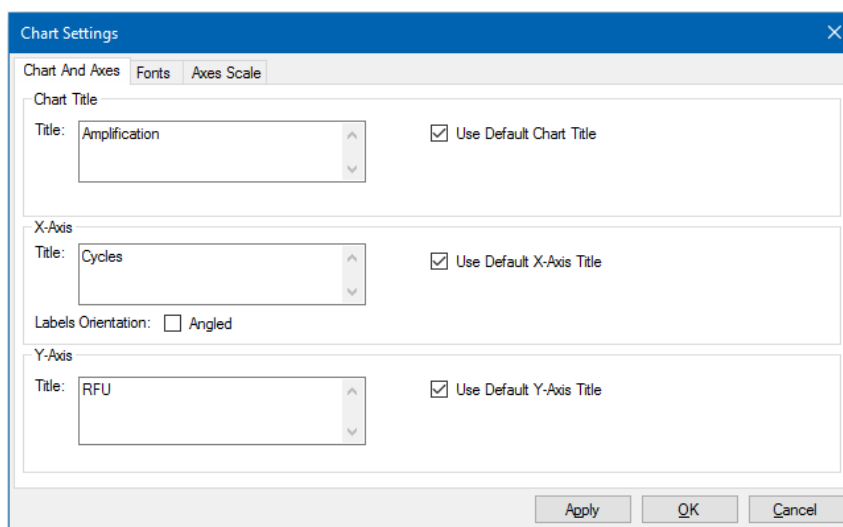
Cambiar los ajustes de visualización de gráficos

Use el cuadro de diálogo Chart Settings (Ajustes del gráfico) para cambiar los títulos, fuentes y tamaños, la escala de los ejes y la ubicación de la leyenda del gráfico que se muestra. Los cambios que realice en el gráfico solo se guardan con el gráfico.

Para cambiar los ajustes de visualización de gráficos

- Desde las herramientas del gráfico, haga clic en Chart Settings (Ajustes de gráfico).

Aparece el cuadro de diálogo Chart Settings (Ajustes de gráfico).



- Seleccione la pestaña Chart And Axes (Gráfico y ejes) para:
 - Escribir un título para el gráfico.
 - Escribir un nuevo título para el eje X e inclinar las etiquetas.
 - Escribir un nuevo título para el eje Y.
- Seleccione la pestaña Fonts (Fuentes) para cambiar la fuente del gráfico, así como el tamaño de dicha fuente.

Consejo: De forma predeterminada, el tamaño de la fuente cambia automáticamente al cambiar el tamaño del gráfico. Seleccione Change Font Size (Cambiar tamaño de fuente) para fijar un tamaño de fuente estático para cada tipo de etiqueta.
- Seleccione la pestaña Axes Scale (Escala de los ejes) para:
 - Eliminar la función de autoescala de los ejes X e Y, y especificar los valores de escala máximo y mínimo.

- Escoger si quiere que el gráfico muestre una cuadrícula o marcas de verificación.
5. Seleccione la pestaña Legend (Leyenda) para:
 - Escoger si quiere ocultar la leyenda del gráfico.
 - Cambiar la posición predeterminada de la leyenda.

Nota: Cuando la leyenda está colocada a la izquierda o a la derecha del gráfico, solo muestra los primeros diez fluorocromos del gráfico.
 6. Haga clic en Apply (Aplicar) en cualquier momento para ver los cambios en los ajustes del gráfico sin guardar los cambios.
 7. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y volver al gráfico.

Exportar el gráfico

Utilice este cuadro de diálogo para modificar la anchura, altura y la resolución del gráfico y exportarlo en uno de los siguientes formatos de archivo:

- .bmp
- .jpg
- .png

Puede utilizar el gráfico exportado para presentar sus resultados en sesiones de pósteres, presentaciones de Microsoft PowerPoint y revistas profesionales.

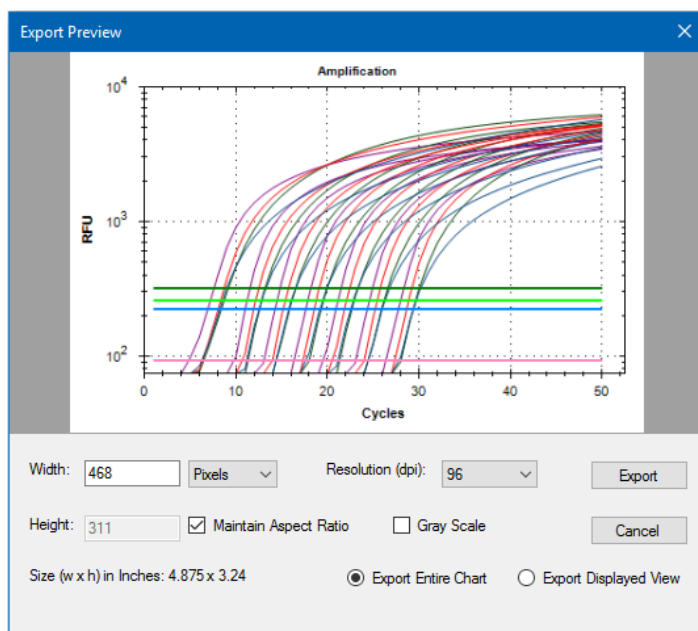
Nota: Tenga en cuenta lo siguiente cuando modifique los ajustes:

- Anchura máxima y mínima, y límites de altura
 - A 72 ppp: 0,1–83 pulgadas
 - A 96 ppp: 0,1–62 pulgadas
 - A 150 ppp: 0,1–40 pulgadas
 - A 300 ppp: 0,1-20 pulgadas
 - A 600 ppp: 0,1–10 pulgadas
 - En todas las resoluciones: 2–6000 píxeles
- La relación de aspecto se basa en la anchura.

Para exportar el gráfico

1. Desde las herramientas del gráfico, haga clic en Export (Exportar).

Aparece el cuadro de diálogo Export Preview (Previsualización de exportación).



2. Modifique los ajustes para la presentación según sea necesario.
3. Haga clic en Export (Exportar).
4. En el cuadro de diálogo de Export (Exportar), haga lo siguiente:
 - a. (Opcional) Vaya a una carpeta en la que guardar el archivo del gráfico.
 - b. Escriba un nombre del archivo y seleccione un tipo de archivo de la lista desplegable.
5. Haga clic en Save (Guardar) para guardar el archivo del gráfico.

Modificar los ajustes del umbral de referencia

En el modo de Single Threshold (Umbral único), puede ajustar el umbral de fluorocromo haciendo clic en la línea del umbral en el gráfico Amplification (Amplificación) y moviendo el puntero del ratón de manera vertical. También puede especificar un umbral exacto de cruce para el fluorocromo seleccionado.

Consejo: Puede especificar un rango de ciclo para determinar la referencia de todos los archivos de datos en la pestaña Data Analysis (Análisis de datos) en User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario).

Para ajustar el ciclo de referencia de inicio y fin para cada pocillo

1. En la pestaña Quantification (Cuantificación), seleccione un solo fluorocromo bajo el gráfico de Amplification (Amplificación).
2. En las herramientas de gráficos, seleccione Baseline Threshold (Umbral de referencia).

Aparece el cuadro de diálogo Baseline Threshold (Umbral de referencia).

3. En la sección Baseline Cycles (Ciclos de referencia), realice una de las siguientes acciones:
 - Para seleccionar un pocillo, haga clic en su número de fila.
 - Para seleccionar varios pocillos adyacentes, haga clic en el número de fila del primer pocillo y arrastre el cursor hacia abajo por la columna hasta el pocillo final.
 - Para seleccionar varios pocillos no adyacentes, mantenga pulsada la tecla Control y haga clic en cada pocillo.
 - Para seleccionar todos los pocillos, haga clic en la esquina superior izquierda de la tabla.
4. Ajuste las opciones Baseline Begin Cycle (Ciclo de inicio de referencia) y Baseline End Cycle (Ciclo de final de referencia) de todos los pocillos seleccionados, o cambie el número de ciclo de inicio y final en la parte inferior de la hoja de cálculo.

Consejo: Para revertir los ajustes a los últimos valores guardados, haga clic en Reset All User Defined Values (Restaurar todos los valores definidos por el usuario).
5. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y volver al gráfico.

Para especificar un rango de ciclo para todos los archivos de datos

- ▶ En la ventana Home (Inicio) o Plate Editor (Editor de placas), seleccione User (Usuario) > User Preferences (Preferencias de usuario) y seleccione la pestaña Data Analysis (Análisis de datos).

Ordenar los datos de objetivo, muestra y grupo biológico

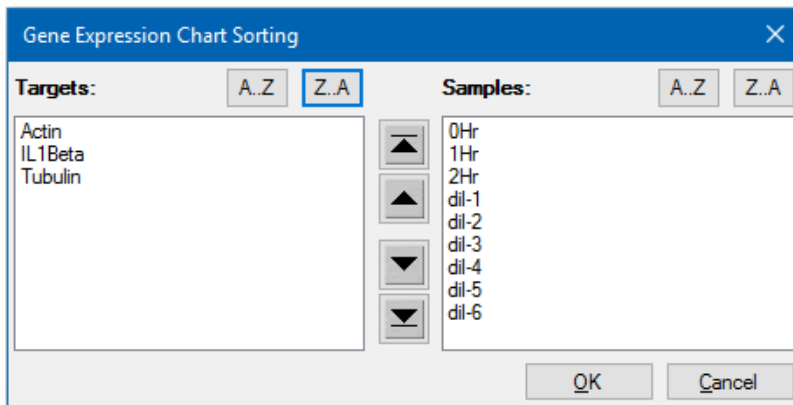
Nota: Esta opción está disponible únicamente en gráficos de expresión genética.

De forma predeterminada, las listas Targets (Objetivos), Samples (Muestras) y Biological Groups (Grupos biológicos) aparecen en orden alfabético. Use el cuadro de diálogo Sort (Ordenar) para presentar la visualización en orden alfabético inverso o para mover un término manualmente a otra posición en la lista.

Para ordenar los datos de objetivos, muestras y grupos biológicos

1. En las herramientas del gráfico, haga clic en Export (Exportar).

Aparece el cuadro de diálogo Gene Expression Chart Sorting (Orden de gráfico de expresión genética).



2. En el cuadro de diálogo, haga clic en Z-A para clasificar la lista en orden alfabético inverso.
3. Para desplazar un término de forma manual, selecciónelo y haga clic en el botón correspondiente entre los gráficos:
 - Haga clic en la flecha hacia arriba o hacia abajo para desplazar el término seleccionado una posición.
 - Haga clic en la flecha de barra hacia arriba o hacia abajo para desplazar el término seleccionado al primer o último puesto de la lista.
4. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y volver a la pestaña Gene Expression (Expresión genética).

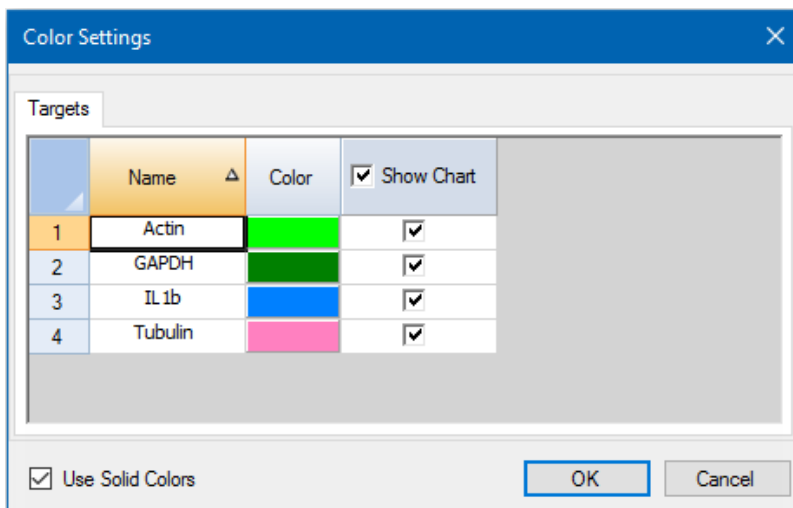
Cambiar los ajustes de color de los objetivos y las muestras

Nota: Esta opción está disponible únicamente en gráficos de expresión genética.

Use el cuadro de diálogo Color Settings (Ajustes de color) para cambiar el color de un objetivo o muestra, o para eliminar el elemento del gráfico.

Para cambiar los ajustes de color

1. En las herramientas de gráfico, seleccione Color Settings (Ajustes de color).
Aparecerá el cuadro de diálogo Color Settings (Ajustes de color).



2. Para cambiar el color en que aparecerá un objetivo o muestra, haga clic en su color en la columna Color.
3. En el cuadro de diálogo Color que aparece, seleccione un nuevo color y haga clic en OK (Aceptar).
4. Para eliminar el elemento del gráfico de expresión genética, desmarque la casilla correspondiente en la columna Show Chart (Mostrar gráfico).
Consejo: Para eliminar todos los elementos de un gráfico de expresión genética, desmarque la casilla Show Chart (Mostrar gráfico) en el encabezado de la columna.
5. (Opcional) Por defecto, el color del gráfico de barras aparece en forma de gradiente. Para mostrar el color de forma sólida, seleccione Use Solid Colors (Usar colores sólidos).
6. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y volver a la pestaña Gene Expression (Expresión genética).

Ampliar un área en el gráfico

Para ampliar un área del gráfico

- ▶ Haga clic y arrastre a través del gráfico; después, haga clic en Zoom. El software cambia el tamaño del gráfico y lo centra en el área seleccionada.

Nota: El gráfico de barras no requiere que haga clic en el comando emergente Zoom.

Para volver a la vista completa del gráfico

- ▶ Haga clic con el botón derecho en el gráfico y seleccione Set Scale to Default (Establecer escala a valor predeterminado).

Copiar gráficos en un archivo de Microsoft

Puede copiar gráficos de datos a documentos de Microsoft Word, Excel o PowerPoint. La resolución de la imagen se corresponde con la de la pantalla de la cual se obtuvo.

Para copiar gráficos en un archivo de Microsoft

1. En la ventana Data Analysis (Análisis de datos), haga clic en Copy To Clipboard (Copiar al portapapeles) en la esquina superior derecha del panel del gráfico.
2. Abra un archivo en blanco de Microsoft y pegue el contenido del portapapeles.

Elementos comunes de menú contextual para gráficos

La [Tabla 15](#) muestra los elementos del menú de clic derecho disponibles para gráficos. Algunos de los elementos están presentes para todos los gráficos, incluidos los elementos para cambiar la forma en que se muestran los datos o para exportar fácilmente los datos de un gráfico.

Tabla 15. Elementos del menú contextual para gráficos

Elemento	Función
Copy (Copiar)	Copia el gráfico al portapapeles.
Save Image As (Guardar imagen como)	Guarda la imagen con un tamaño, resolución y tipo de archivo específicos, incluidos PNG (predeterminado), JPG y BMP.
Page Setup (Configuración de página)	Muestra las opciones de configuración de la impresión.
Print (Imprimir)	Imprime el gráfico.

Elemento	Función
Set Scale to Default (Establecer escala a valor predeterminado)	Devuelve el gráfico a su vista por defecto después de haberlo magnificado.
Chart Options (Opciones del gráfico)	Abre la ventana Chart Options (Opciones del gráfico) para modificar el gráfico, incluido cambiar el título, seleccionar límites para los ejes X e Y, y mostrar líneas de cuadrícula y marcas menores en los ejes.

Nota: Los elementos del menú que se aplican a gráficos específicos se describen en el [Capítulo 11, Información del análisis de datos](#).

Hojas de cálculo

Las hojas de cálculo presentadas en el análisis de datos incluyen opciones para ordenar y transferir los datos. Ordene las columnas mediante uno de los siguientes métodos:

- Haga clic y arrastre una columna a una nueva ubicación en la tabla seleccionada.
- Haga clic en el encabezado de la columna para ordenar los datos en orden ascendente o descendente.

Para ordenar las tres columnas de datos en la ventana Sort (Ordenar)

1. Haga clic con el botón derecho en la hoja de cálculo y seleccione Sort (Ordenar).
2. En el cuadro de diálogo Sort (Ordenar), seleccione el primer título de columna a ordenar. Ordene los datos en orden ascendente o descendente.
3. Seleccione una segunda o tercera columna a ordenar y elija entre Ascending (Ascendente) o Descending (Descendente).
4. Haga clic en OK (Aceptar) para ordenar los datos o haga clic en Cancel (Cancelar) no ordenarlos.

Consejo: Destaque los datos de los gráficos asociados y el selector de pocillos manteniendo el puntero del ratón sobre una celda. Haga clic en una celda para copiar y pegar su contenido en otro programa de software.

Elementos comunes de menú contextual de hojas de cálculo

En la [Tabla 16](#) se enumeran los elementos del menú contextual disponibles en cualquier vista de hoja de cálculo.

Tabla 16. Elementos del menú contextual de hojas de cálculo

Elemento	Función
Copy (Copiar)	Copia los contenidos de los pocillos seleccionados al portapapeles para posteriormente pegar los contenidos en una hoja de cálculo como Excel.
Copy as Image (Copiar como imagen)	Copia la vista de la hoja de cálculo como un archivo de imagen y la pega en un archivo que acepte un archivo de imagen, como archivos de texto, imágenes u hojas de cálculo.
Print (Imprimir)	Imprime la vista actual.

Tabla 16. Elementos del menú contextual de hojas de cálculo, continuación

Elemento	Función
Print Selection (Imprimir selección)	Imprime la selección actual.
Export to Excel (Exportar a Excel)	Exporta los datos a una hoja de cálculo de Excel.
Export to Text (Exportar texto)	Exporta los datos a un editor de texto.
Export to CSV (Exportar a CSV)	Exporta los datos a un archivo .csv.
Export to Xml (Exportar a Xml)	Exporta los datos a un archivo .xml.
Export to Html (Exportar a Html)	Exporta los datos a un archivo .html.
Find (Buscar)	Busca texto.
Sort (Ordenar)	Ordena los datos en hasta tres columnas.
Select Columns (Seleccionar columnas)	Selecciona las columnas que se mostrarán en la hoja de cálculo.

Export (Exportar)

El CFX Maestro Dx SE ofrece cuatro opciones de exportación en el menú desplegable Export (Exportar):

- Export All Data Sheets (Exportar todas las hojas de datos)
- Export RDML Files (Exportar archivos RDML)
- Custom Export (Exportación personalizada)
- Export to LIMS Folder (Exportar a la carpeta LIMS)
- Manual Export (Exportación manual)

Exporting All Data Sheets (Exportar todas las hojas de datos)

Puede exportar todas las vistas de hojas de cálculo de cada pestaña de CFX Maestro Dx SE en archivos individuales.

Para exportar todas las hojas de datos

- ▶ Seleccione Export (Exportar) > Export All Data Sheets (Todas las hojas de datos) y, a continuación, seleccione el tipo de archivo que desee:

- CSV (*.csv)
- Texto (*.txt)
- Libro de Excel (*.xlsx)

Los análisis exportados se guardan en varios archivos de libro de Excel con una pestaña de hoja cálculo de datos de análisis por archivo. Cuando un análisis incluye varios fluorocromos, los datos de cada fluorocromo se exportan a una pestaña de hoja de cálculo independiente.

- Libro de Excel - combinado (*.xlsx)

Los análisis exportados se guardan en un solo archivo de libro de Excel que incluye varias pestañas de la hoja de cálculo, una para cada conjunto de datos de análisis.

- Excel 97 - 2003 (*.xls)

Importante: Su ordenador debe tener Microsoft Excel instalado para poder exportar datos a una hoja de cálculo de Microsoft Excel.

- Xml (*.xml)

Exportar archivos RDML

RDML es un estándar de datos universal y estructurado para intercambiar datos de PCR cuantitativa (qPCR). El estándar de datos es un archivo de texto con formato Extensible Markup Language (.xml). Consulte la página web del Consorcio Internacional RDML (www.rdml.org) para obtener información adicional sobre el formato de intercambio de datos RDML.

Importante: Los archivos RDML exportados incluyen datos de análisis con la configuración de referencia que aplique en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Para obtener más información sobre la configuración de referencia, consulte [Ajustes de referencia en la página 213](#).

Nota: Guarde el archivo RDML como versión 1.1 si está usando la versión 2.3 o posterior del software qbase+.

Para exportar un archivo RDML

1. Seleccione Export (Exportar) > Export RDML Files (Exportar archivos RDML) y seleccione RDML v1.1 o RDML v1.0 de la lista que aparece.

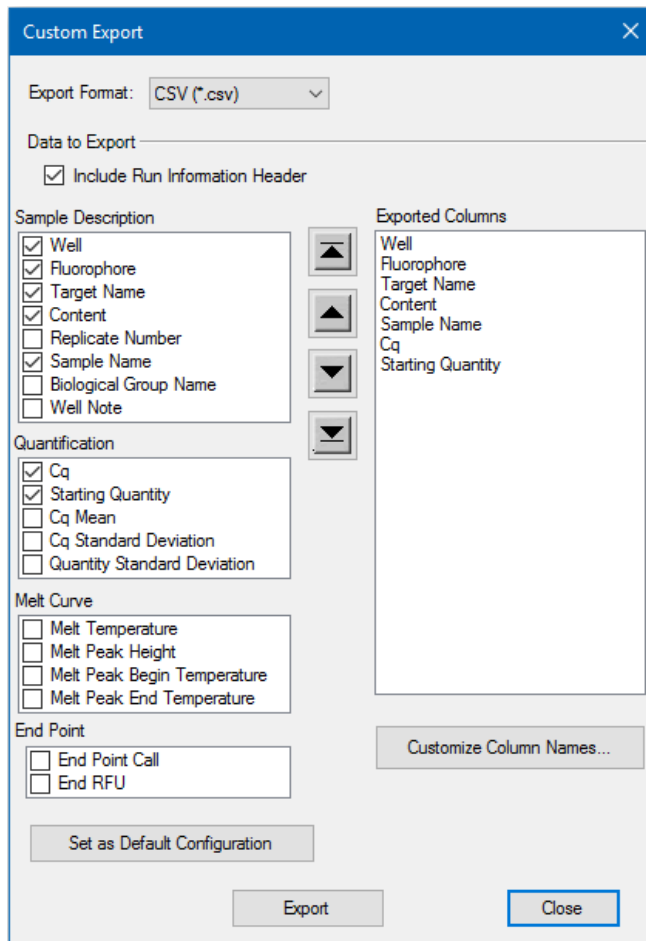
Aparece el cuadro de diálogo Save As (Guardar como).

2. En el cuadro de diálogo Save As (Guardar como), especifique un nombre de archivo y la ubicación en la que quiere guardar el archivo RDML.
3. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar el archivo exportado.

Crear un archivo de exportación personalizado

Para crear un archivo de exportación personalizado

1. Seleccione Export (Exportación) > Custom Export (Exportación personalizada). Aparece el cuadro de diálogo Custom Export (Exportación personalizada).



2. Seleccione el formato de exportación de la lista desplegable que aparece.
3. Seleccione las casillas para los elementos que quiere exportar.
4. (Opcional) Haga clic en Customize Column Names (Personalizar el nombre de las columnas) para cambiar el nombre de las columnas.
5. Haga clic en Export (Exportar). Aparece el cuadro de diálogo Save As (Guardar como).

6. En el cuadro de diálogo Save As (Guardar como), especifique un nombre de archivo y una ubicación en la que guardar el archivo exportado.
7. Haga clic en OK (Aceptar) para exportar el archivo.

Exportar a una carpeta LIMS

Puede exportar los datos a un formato del archivo compatible con LIMS. Para obtener más información sobre crear, gestionar y utilizar archivos LIMS, consulte el [Apéndice C, Integración de LIMS](#).

Para exportar los datos en formato LIMS

1. Seleccione Export (Exportar) > Export to LIMS Folder (Exportar a la carpeta LIMS).
Aparece el cuadro de diálogo Save As (Guardar como).
2. En el cuadro de diálogo Save As (Guardar como), especifique un nombre de archivo y una ubicación en la que guardar el archivo exportado.
3. Haga clic en OK (Aceptar) para exportar el archivo.

Exportar datos con formato Seegene

Puede exportar los datos de todas las vistas de hoja de cálculo a archivos Excel estructurados específicamente para su uso por parte de Seegene, Inc.

Consejo: También puede iniciar automáticamente Seegene Viewer (Visor de Seegene) cuando se complete la exportación. Consulte [Comandos del menú Tools \(Herramientas\) en la página 71](#) para obtener más información.

Para exportar los datos con formato Seegene

1. Seleccione Export (Exportar) > Manual Export (Exportación manual).
Aparece el cuadro de diálogo Browse For Folder (Buscar carpeta).
2. En el cuadro de diálogo Save As (Guardar como), especifique una ubicación de carpeta para guardar los archivos Excel (.xlsx) con formato Seegene.

Los análisis se exportan en varios archivos de libro de Excel con una pestaña de hoja de cálculo de datos de análisis por archivo.
3. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los archivos exportados.

Capítulo 11 Información del análisis de datos

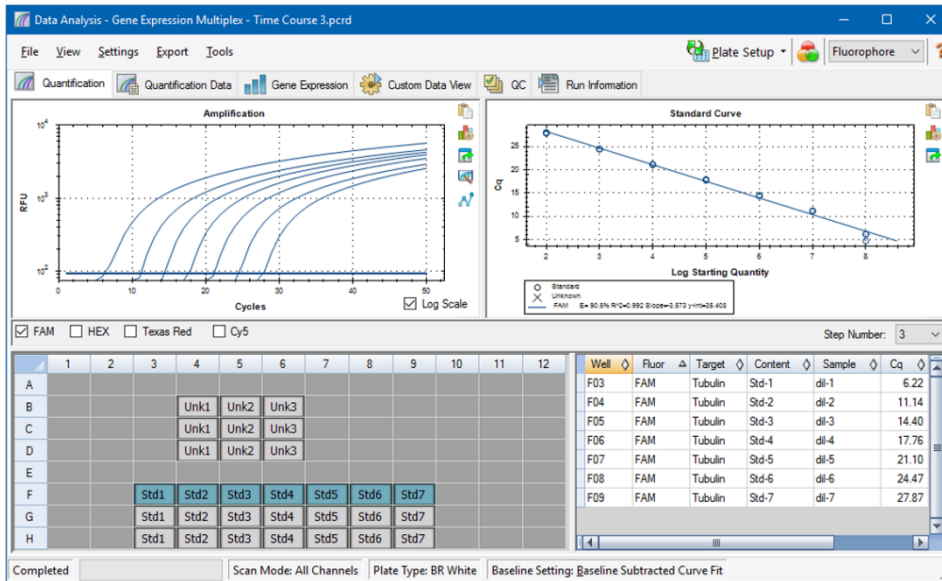
La ventana Data Analysis (Análisis de datos) del Software CFX Maestro Dx, Security Edition consta de varias pestañas desde las que se pueden ver los datos. Este capítulo explica estas pestañas detalladamente.

Consejo: Puede escoger qué pestañas ver en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) usando el menú View (Ver). La disposición personalizada se guarda con el archivo de datos.

Pestaña Quantification (Cuantificación)

Utilice los datos de la pestaña Quantification (Cuantificación) para establecer las condiciones del análisis de datos, incluidos los ajustes de referencia de pocillos individuales y los ajustes del umbral. La pestaña Quantification (Cuantificación) muestra datos en estas cuatro visualizaciones:

- Amplification Chart (Gráfico de amplificación): muestra las unidades de fluorescencia relativa (RFU) de cada pocillo en cada ciclo. Cada traza en el gráfico representa los datos de un único fluorocromo en un pocillo.
- Standard Curve (Curva normalizada): aparece solo si la ejecución incluye pocillos designados como estándar (Std) de tipo de muestra. La curva normalizada muestra el ciclo del umbral marcado frente al registro de la cantidad inicial. La leyenda presenta la eficiencia (E) de reacción para cada fluorocromo en los pocillos con un tipo de muestra estándar.
- Well Selector (Selector de pocillos): selecciona los pocillos con los datos de fluorescencia que desea mostrar.
- Spreadsheet (Hoja de cálculo): presenta una hoja de cálculo de los datos recogidos en los pocillos seleccionados.



Opciones de fluorocromo

Para mostrar los datos de fluorocromo en los gráficos y hojas de cálculo de la pestaña Quantification (Cuantificación), seleccione los fluorocromos objetivo en el Amplification Chart (Gráfico de amplificación).

Para ocultar los datos de fluorocromo en la ventana de análisis de datos, desmarque la casilla correspondiente.

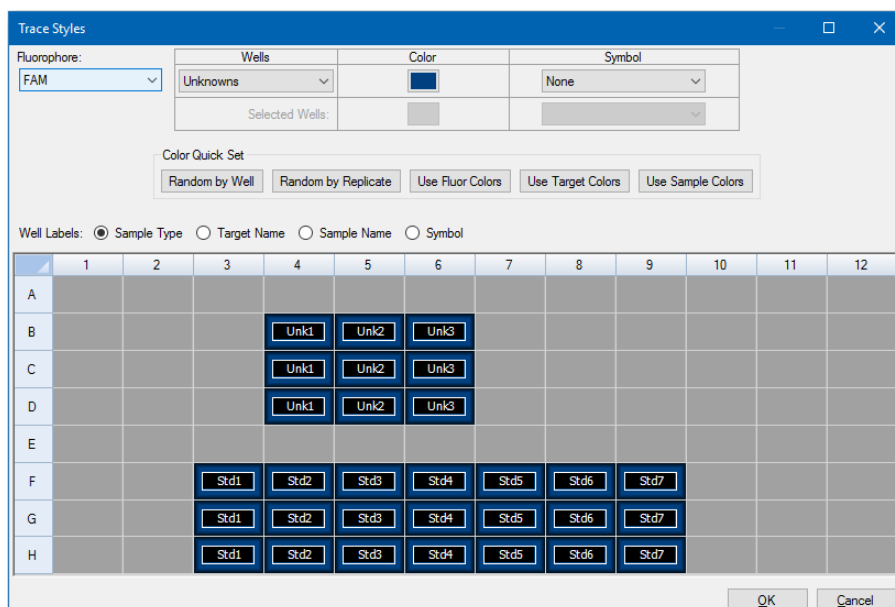
Cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo)

Utilizando el cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo), puede ajustar la apariencia de los trazos en los gráficos de amplificación y de la curva de amplificación y fusión en las pestañas Quantification (Cuantificación) y Melt Curve (Curva de fusión). Puede entonces previsualizar los cambios en el selector de pocillos que aparece en el cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo).

Para ajustar los estilos de trazo

1. Seleccione un solo fluorocromo bajo el gráfico Amplification (Amplificación).
2. Para abrir el cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo), realice una de las siguientes acciones:
 - Haga clic en Trace Styles (Estilos de trazo) en el gráfico Amplification (Amplificación).
 - Seleccione Settings (Ajustes) > Trace Styles (Estilos de trazo) en la barra de menú del Data Analysis (Análisis de datos).
 - Haga clic con el botón derecho en un trazo y seleccione Trace Styles (Estilos de trazo).

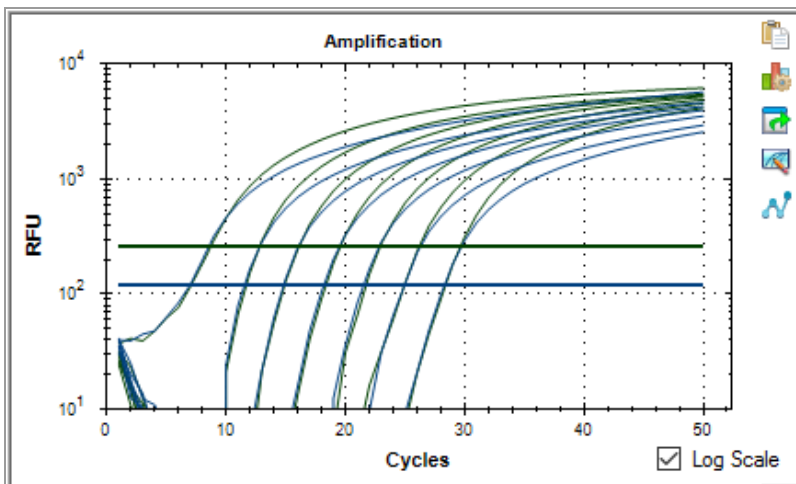
Aparece el diálogo Trace Styles (Estilos de trazo).



3. En el cuadro de diálogo Trace Styles (Estilos de trazo), seleccione un grupo específico de pocillos en el selector de pocillos en el panel inferior. Alternativamente, seleccione los pocillos que contengan un tipo de muestra en el menú desplegable de la columna Wells (Pocillos).
4. Realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Para seleccionar un color para los pocillos seleccionados, haga clic en el cuadro de la columna Color.
 - Para asignar un símbolo para los pocillos seleccionados, seleccione un símbolo desde la lista desplegable Symbol (Símbolo).
 - Para asignar rápidamente un color a los pocillos clasificados por etiqueta de botón, haga clic en el grupo rápido correspondiente:
 - Random by Well (Al azar por pocillo)
 - Random by Replicate (Al azar por repetición)
 - Use Fluor Colors (Utilizar colores Fluor)
 - Use Target Colors (Utilizar colores objetivo)
 - Use Sample Colors (Utilizar colores de muestra)
 - Para asignar etiquetas de pocillo, seleccione Sample Type (Tipo de muestra), Target Name (Nombre de objetivo), Sample Name (Nombre de muestra) o Symbol (Símbolo).

Opción Log Scale (Escala logarítmica)

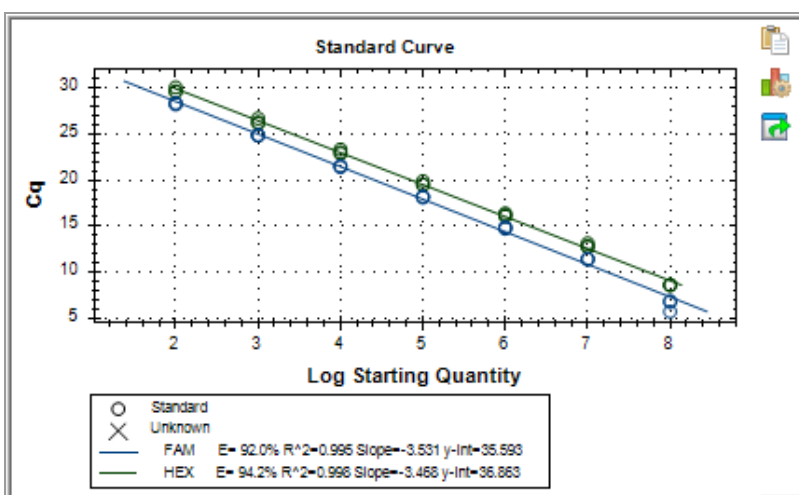
Seleccione Log Scale (Escala logarítmica) bajo el Amplification Chart (Gráfico de amplificación) para visualizar las trazas de fluorescencia en una escala semilogarítmica:



Consejo: Para ampliar cualquier área del gráfico, arrastre el cursor sobre el área objetivo. Para volver a la vista completa, haga clic con el botón derecho del ratón en el gráfico y seleccione Set Scale to Default (Establecer escala a valor predeterminado).

Gráfico de curva normalizada

El software crea un gráfico de curva normalizada en la pestaña Quantification (Cuantificación) si los datos incluyen tipos de muestras definidos como Std (Estándar) durante al menos un fluorocromo en la ejecución.



El gráfico Standard Curve (Curva normalizada) presenta la siguiente información:

- Nombre de cada curva (el fluorocromo u objetivo).
- Color de cada fluorocromo u objetivo.
- Eficiencia (E) de la reacción. Utilice esta estadística para optimizar una reacción múltiple y equalizar los datos para una curva normalizada.

Nota: La eficiencia de reacción describe cuánto se produce su objetivo con cada ciclo en el protocolo. Una eficiencia del 100 % indica que está duplicando su objetivo con cada ciclo.

- Coeficiente de determinación, R^2 (escrito como R^2). Utilice esta estadística para determinar lo correctamente que la línea describe los datos (bondad de ajuste).
- Pendiente
- Intersección Y

Opciones de menú Amplification Chart (Gráfico de amplificación)

Además de las opciones normales del menú contextual para diagramas (consulte [Elementos comunes de menú contextual para gráficos en la página 227](#)), se enumeran en la [Tabla 17](#) las opciones de menú disponibles solo en el Amplification Chart (Gráfico de amplificación).

Tabla 17. Elementos del menú contextual y del botón izquierdo del ratón del Amplification Chart (Gráfico de amplificación)

Opción de menú	Función
Well XX, Fluor Target (Pocillo XX, Objetivo de fluorocromo)	Muestra solo este pocillo, suprime la vista de este pocillo, establece un color para este trazo, o excluye este pocillo del análisis.
Selected Traces (Trazos seleccionados)	Muestra solo estos pocillos, suprime la vista de estos pocillos, establece un color para estos trazos, o excluye estos pocillos del análisis.
Show Threshold Values (Mostrar los valores del umbral)	Presenta el valor el umbral para cada curva de amplificación del gráfico.
Trace Styles (Estilos de trazo)	Abre la ventana Trace Styles (Estilos de trazo) para cambiar los estilos de los trazos que aparecen en las pestañas Quantification (Cuantificación) y Melt Curve (Curva de fusión).
Baseline Thresholds (Umbrales de referencia)	Abre la ventana Baseline Thresholds (Umbrales de referencia) para cambiar la referencia o los umbrales de cada fluorocromo (los cambios aparecen en el gráfico Amplification (Amplificación) en la pestaña Quantification (Cuantificación)).

Hoja de cálculo de la pestaña Quantification (Cuantificación)

En la [Tabla 18](#) se definen los datos que se muestran en la pestaña Quantification (Cuantificación).

Tabla 18. Contenido de la hoja de cálculo de la pestaña Quantification (Cuantificación)

Información	Descripción
Well (Pocillo)	Posición del pocillo en la placa
Fluor (Fluorocromo)	Fluorocromo detectado
Target (Objetivo)	Nombre objetivo cargado en el editor de pocillos

Información	Descripción
Content (Contenido)	Una combinación del Sample Type (Tipo de muestra) (requerido) y el Replicate # (N.º de repetición) (opcional) cargada en el Plate Editor (Editor de placas)
Sample (Muestra)	Nombre de muestra cargado en los pocillos del Plate Editor (Editor de placa)
C _q	Ciclo de cuantificación para cada trazo

Cambiar los datos de objetivo, contenido o muestra

Puede cambiar los datos en las columnas Target (Objetivo), Content (Contenido) y Sample (Muestra) editando el archivo de placa con el Plate Editor (Editor de placas) después de realizar el experimento.

Para cambiar los datos en las columnas Content (Contenido), Target (Objetivo) y Sample (Muestra)

- Haga clic en Plate Setup (Configuración de placa) y seleccione View/Edit Plate (Ver/editar placa) para abrir el Plate Editor (Editor de placas).

Pestaña Quantification Data (Datos de cuantificación)

La pestaña Quantification Data (Datos de cuantificación) muestra los datos de cuantificación recopilados en cada pocillo. El CFX Maestro Dx SE muestra los datos en cuatro vistas de hoja de cálculo diferentes:

- Results (Resultados): muestra una hoja de cálculo con los datos. Esta es la vista predeterminada.
- Standard Curve Results (Resultados de curva normalizada): muestra una hoja de cálculo con los datos de curva normalizada.
- Plate (Placa): muestra los datos en cada pocillo como un mapa de placas.
- RFU: muestra las cantidades de RFU en cada pocillo para cada ciclo.

Seleccione cada hoja de cálculo de la lista desplegable que aparece debajo de la pestaña Quantification Data (Datos de cuantificación).

Hoja de cálculo de resultados

La hoja de cálculo Results (Resultados) muestra los datos para cada pocillo de la placa.

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

Nota: Todos los cálculos Std. Dev. (Desviación estándar) son aplicables para los grupos de repeticiones asignados en los pocillos en la ventana Plate Editor (Editor de placas). Los cálculos se sitúan en la media del valor de C_q de cada pocillo del grupo de repeticiones.

En la [Tabla 19](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo Results (Resultados).

Tabla 19. Contenido de la hoja de cálculo Results (Resultados)

Información	Descripción
Well (Pocillo)	Posición del pocillo en la placa
Fluor (Fluorocromo)	Fluorocromo detectado
Target (Objetivo)	Nombres objetivo de amplificación (genética)
Content (Contenido)	Tipo de muestra y n.º de repetición
Sample (Muestra)	Descripción de la muestra
Biological Set Name (Nombre del grupo biológico)	Nombre del grupo biológico
C _q	Ciclo de cuantificación
C _q Mean (Media de C _q)	Media del ciclo de cuantificación del grupo de repeticiones
C _q Stad. Dev (Desviación estándar de C _q)	Desviación estándar del ciclo de cuantificación del grupo de repeticiones
Starting Quantity (SQ) (Cantidad inicial)	Estimación de la cantidad inicial del objetivo
Log Starting Quantity (Cantidad inicial del registro)	Registro de la cantidad inicial
SQ Mean (Media de la cantidad inicial)	Media de la cantidad inicial
SQ Std. Dev (Desviación estándar de la cantidad inicial)	Desviación estándar de la cantidad inicial en las repeticiones

Hoja de cálculo de resultados de la curva normalizada

La hoja de cálculo Standard Curve Results (Resultados de curva normalizada) muestra los parámetros de curva normalizada calculados.

Fluor	Efficiency %	Slope	Y-Intercept	R ²
Cy5	95.93	-3.423	35.216	1.000
FAM	91.97	-3.531	35.593	0.995
HEX	94.24	-3.468	36.863	0.998
Texas Red	96.86	-3.399	35.481	0.999

En la [Tabla 20](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo de Standard Curve Results (Resultados de la curva normalizada).

Tabla 20. Contenido de la hoja de cálculo Standard Curve Results (Resultados de curva normalizada)

Información	Descripción
Fluor (Fluorocromo) o Target (Objetivo)	Fluorocromo (u objetivo) detectado
Efficiency % (% de eficiencia)	Eficiencia de la reacción
Slope (Pendiente)	Pendiente de la curva normalizada
Y-intercept (Intersección Y)	Punto en el que la curva intercepta el eje y
R ²	Coefficiente de determinación

Hoja de cálculo de placas

La hoja de cálculo de placas muestra un mapa de placas de los datos de un fluorocromo cada vez.

	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			

Para visualizar los datos de un fluorocromo específico

- Haga clic en la pestaña correspondiente en la parte inferior de la hoja de cálculo.

Hoja de cálculo de RFU

La hoja de cálculo de RFU muestra las lecturas de unidades de fluorescencia relativa (RFU) para cada pocillo adquiridas en cada ciclo de la ejecución. El número de pocillo aparece en la parte superior de cada columna y el número de ciclo aparece a la izquierda de cada fila.

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

Pestaña Melt Curve Data (Datos de curva de fusión)

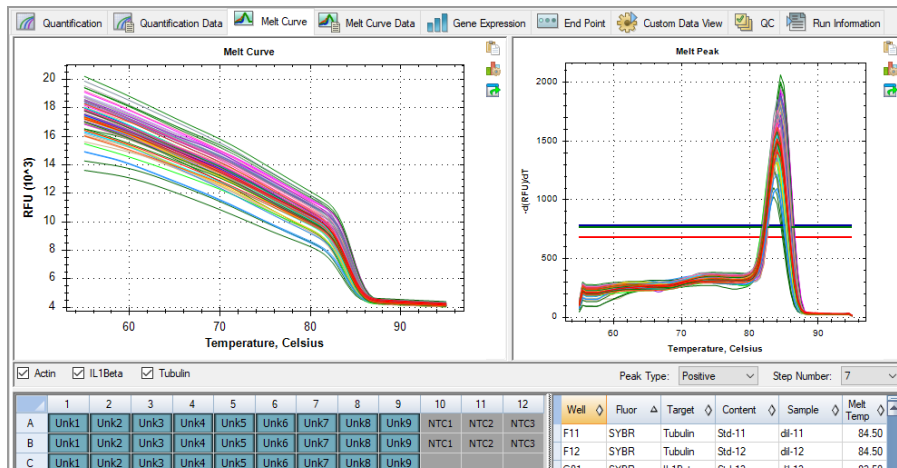
Para tintes fijadores de ADN y sondas de hibridación no dissociables, la fluorescencia es más brillante cuando las dos cadenas de ADN se hidridan. Por tanto, a medida que la temperatura aumenta hacia la temperatura de fusión (T_m), la fluorescencia disminuye a ritmo constante (pendiente constante). Al alcanzar la T_m , hay una reducción drástica de la fluorescencia con un cambio evidente en la pendiente. El ritmo de este cambio viene determinado por el trazado de la primera regresión negativa de la fluorescencia en comparación con la temperatura ($-d(\text{RFU})/dT$). La mayor velocidad de cambio de la fluorescencia tiene como resultado picos visibles y representa la T_m de los compuestos de ADN de doble cadena.

El CFX Maestro Dx SE traza los datos de RFU recopilados durante una curva de fusión en función de la temperatura. Para analizar los datos de los picos de fusión, el software asigna una temperatura inicial y final a cada pico moviendo la barra del umbral. El suelo del área del pico está especificado por la posición de la barra del umbral de fusión. Un pico válido debe tener una altura relativa mínima entre la barra del umbral y la altura del pico más alto.

La pestaña Melt Curve (Curva de fusión) muestra la T_m (temperatura de fusión) de productos de PCR amplificados en cuatro vistas:

- Melt Curve (Curva de fusión): muestra los datos en tiempo real para cada fluorocromo como RFU por temperatura para cada pocillo.
- Melt Peak (Pico de fusión): muestra la regresión negativa de los datos de RFU por temperatura para cada pocillo.
- Well selector (Selector de pocillos): muestra los pocillos para mostrar u ocultar los datos.
- Peak spreadsheet (Hoja de cálculo de picos): muestra los datos recopilados en el pocillo seleccionado.

Nota: Esta hoja de cálculo muestra hasta dos picos para cada traza. Para ver más picos, haga clic en la pestaña Melt Curve Data (Datos de curva de fusión).



En la [Tabla 21](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo Melt Curve (Curva de fusión).

Tabla 21. Contenido de la hoja de cálculo Melt Curve (Curva de fusión)

Información	Descripción
Well (Pocillo)	Posición del pocillo en la placa
Fluor (Fluorocromo)	Fluorocromo detectado
Content (Contenido)	Una combinación del tipo de muestra y el n.º de repetición
Sample (Muestra)	Nombre de la muestra cargada en el editor de placas
Melt Temp (Temperatura de fusión)	La temperatura del pico de fusión para cada pocillo Nota: En la hoja de cálculo solo aparecen los dos picos más altos.

Ajustar los datos de la curva de fusión

Para ajustar los datos de Melt Curve (Curva de fusión)

- ▶ Realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Haga clic y arrastre las barras del umbral en el gráfico Melt Peak (Pico de fusión) para incluir o excluir picos en el análisis de datos.
 - Seleccione Positive (Positivo) en el menú desplegable Peaks (Picos) para mostrar los datos de la hoja de cálculo de los picos por encima de la línea de Melt Threshold (Umbral de fusión) o seleccione Negative (Negativo) para visualizar los datos de la hoja de cálculo para los picos bajo la línea de Melt Threshold (Umbral de fusión).
 - Abra la ventana Trace Styles (Estilos de trazo) para cambiar el color de los trazos en los gráficos Melt Curve (Curva de fusión) y Melt Peak (Pico de fusión).
 - Seleccione un número en el selector Step Number (Número de paso) para visualizar los datos de Melt Curve (Curva de fusión) en otro paso del protocolo. La lista muestra más de un paso si el protocolo incluye lecturas de placa en más de un paso de curva de fusión.
 - Seleccione pocillos en el selector de pocillos para centrarse en los subgrupos de los datos.
 - Seleccione un grupo de pocillos para visualizar y analizar un subgrupo de los pocillos en la placa. Seleccione cada grupo de pocillos por nombre en el menú desplegable Well Group (Grupo de pocillos) en la barra de herramientas.

Pestaña Melt Curve Data (Datos de curva de fusión)

La pestaña Melt Curve Data (Datos de curva de fusión) muestra los datos de la pestaña Melt Curve (Curva de fusión) en varias hojas de cálculo que incluyen todos los picos de fusión para cada trazo. El CFX Maestro Dx SE ofrece cuatro opciones de hoja de cálculo para ver los datos de la curva de fusión:

- Melt Peaks (Picos de fusión): presenta todos los datos, incluidos todos los picos de fusión, de cada trazo. Esta es la vista predeterminada.
- Plate (Placa): presenta una visualización de los datos y contenidos de cada pocillo en la placa.
- RFU: presenta las cantidades de RFU a cada temperatura para cada pocillo.
- -d(RFU)/dT: presenta la tasa de cambio negativa en RFU a medida que la temperatura (T) cambia. Este es un primer gráfico de regresión para cada pocillo en la placa.

Seleccione una hoja de cálculo de la lista desplegable que aparece bajo la pestaña Melt Curve Data (Datos de la curva de fusión).

Hoja de cálculo de picos de fusión

La hoja de cálculo Melt Peaks (Picos de fusión) muestra todos los datos de la curva de fusión.

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

En la [Tabla 22 en la página 253](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo Melt Peaks (Picos de fusión).

Tabla 22. Contenido de la hoja de cálculo Melt Peaks (Picos de fusión)

Información	Descripción
Well (Pocillo)	Posición del pocillo en la placa
Fluor (Fluorocromo)	Fluorocromo detectado
Content (Contenido)	Tipo de muestra que aparece en la ventana del editor de placas
Target (Objetivo)	Objetivo (gen) de la amplificación
Sample (Muestra)	Nombre de la muestra que aparece en la ventana del editor de placas
Melt Temperature (Temperatura de fusión)	La temperatura de fusión de cada producto, que aparece como un pico (más alta) por fila en la hoja de cálculo
Peak Height (Altura del pico)	La altura del pico
Begin Temperature (Temperatura de inicio)	Temperatura al principio del pico
End Temperature (Temperatura final)	Temperatura al final del pico

Hoja de cálculo de placas

La hoja de cálculo Plate (Placa) presenta los datos en la curva de fusión en un formato de placa.

	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							

Nota: Para ajustar el pico denominado por el software, ajuste la línea del umbral en el gráfico Melt Peak (Pico de fusión) de la pestaña Melt Curve (Curva de fusión).

En la [Tabla 23 en la página 254](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo Plate (Placa).

Tabla 23. Contenido de la hoja de cálculo Plate (Placa)

Información	Descripción
Content (Contenido)	Una combinación del Sample Type (Tipo de muestra) (requerido) y el Replicate # (N.º de repetición) (opcional)
Sample (Muestra)	Descripción de la muestra
Peak 1 (Pico 1)	Primer pico de fusión (más alto)
Peak 2 (Pico 2)	Segundo pico de fusión (inferior)

Hoja de cálculo de RFU

La hoja de cálculo de RFU muestra la fluorescencia para cada pocillo en cada ciclo adquirido durante la curva de fusión.

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

En la [Tabla 24](#) se definen los datos que se muestran en la hoja de cálculo de RFU.

Tabla 24. Contenido de la hoja de cálculo de RFU

Información	Descripción
Número de pocillo (A1, A2, A3, A4, A5)	Posición de pocillo en la placa para los pocillos cargados
Temperature (Temperatura)	Temperatura de fusión del objetivo amplificado, ilustrado como un pocillo por fila y múltiples pocillos para múltiples productos en el mismo pocillo

Hoja de cálculo -d(RFU)/dT

La hoja de cálculo -d(RFU)/dT muestra la tasa de cambio negativa en RFU a medida que la temperatura (T) cambia.

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

En la [Tabla 25](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo -d(RFU)/dT.

Tabla 25. Contenido de la hoja de cálculo -d(RFU)/dT

Información	Descripción
Número de pocillo (A1, A2, A3, A4, A5)	Posición de pocillo en la placa para los pocillos cargados
Temperature -d(RFU)/dT (Temperatura -d(RFU)/dT)	Tasa de cambio negativa en RFU a medida que la temperatura (T) cambia

Pestaña de «End Point» (punto final)

Abra la pestaña «End Point» (punto final) para analizar las unidades de fluorescencia relativa finales (RFU) de los pocillos de las muestras. El software compara los niveles de RFU para los pocillos con muestras desconocidas con los niveles de RFU para los pocillos con controles negativos y “denomina” las desconocidas positivas o negativas. Las muestras positivas tienen un valor RFU que es mayor al valor RFU medio de los controles negativos más el valor de corte.

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	

Para analizar los datos del punto final, la placa debe contener controles negativos o el software no puede realizar la llamada.

- Ejecute un protocolo Quantification (Cuantificación): configure un protocolo estándar. Una vez finalizada la ejecución, abra la ventana Data Analysis (Análisis de datos), establezca los ajustes del análisis de datos en la pestaña Quantification (Cuantificación), y haga clic en la pestaña End Point (Punto final) para escoger un ciclo de punto final.
- Ejecute un protocolo End Point Only (Solo el punto final): cargue el protocolo End Point Only (Solo el punto final) en la pestaña Plate (Placa) de la ventana Run Setup (Configuración de ejecución), seleccione o cree una placa, e inicie la ejecución.

La pestaña «End Point» (punto final) muestra los valores medios de RFU para determinar si el objetivo fue amplificado por el último ciclo (final). Utilice estos datos para determinar si una secuencia objetivo específica está presente (positiva) en una muestra. Los objetivos positivos tienen unos valores RFU superiores al nivel de corte que usted define.

Consejo: Para crear un protocolo de punto final, abra la pestaña Protocol (Protocolo) (ventana Run Setup (Configuración de ejecución)) y seleccione Run (Ejecución) > End Point Only Run (Ejecución de solo el punto final).

Cuando se completa una ejecución, el archivo de datos abre la pestaña End Point (Punto final), que contiene los siguientes apartados:

- Settings (Ajustes): establece los ajustes del análisis de datos.
- Results (Resultados): presenta los resultados inmediatamente después de que establezca los ajustes.
- Well Selector (Selector de pocillos): selecciona los pocillos con los datos del punto final que desea mostrar.
- RFU spreadsheet (Hoja de cálculo de RFU): presenta el RFU final recogido en los pocillos seleccionados.

Datos de resultados

La sección Results (Resultados) muestra los siguientes datos:

- Lowest RFU value (Valor de RFU más bajo): valor de RFU más bajo en los datos.
- Highest RFU value (Valor de RFU más alto): valor de RFU más alto en los datos.
- Negative Control Average (Media de control negativo): RFU medio para los pocillos que contienen controles negativos.
- Cut Off Value (Valor de corte): calculado añadiendo tolerancia (RFU o Percentage of Range (Porcentaje de rango) que aparece en los ajustes) y la media de los controles negativos. Las muestras con RFU superiores al valor de corte se denominarán Positive (Positiva). Para ajustar el valor de corte, cambie el RFU o el Percentage of Range (Porcentaje de rango).

El valor de corte se calcula mediante la siguiente fórmula:

$$\text{Valor de corte} = \text{media de control negativo} + \text{tolerancia}$$

Seleccione una tolerancia mediante uno de estos métodos:

- RFU (predeterminado): seleccione este método para usar un valor RFU absoluto para la tolerancia. El valor de tolerancia RFU mínimo es 2. El máximo es el valor absoluto del valor RFU más alto

menos el valor absoluto del valor RFU más bajo. El valor de tolerancia RFU predeterminado es del 10 % del rango total de RFU.

- Percent of Range (Porcentaje de rango): seleccione este método para usar el porcentaje del rango de RFU para la tolerancia. El porcentaje de rango mínimo es del 1 %. El porcentaje de rango máximo es del 99 %. El porcentaje de rango por defecto es del 10 %.

Ajustar el análisis de datos de punto final

Para ajustar los datos en la pestaña End Point (Punto final)

- ▶ Realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Seleccione un fluorocromo de la lista desplegable.
 - Seleccione un valor para End Cycle to Average (Ciclo final para media) para establecer un número de ciclos con el que calcular el RFU de punto final promedio.
 - Seleccione RFU para visualizar los datos en unidades de fluorescencia relativa.
 - Seleccione Percentage of Range (Porcentaje de rango) para visualizar los datos como un porcentaje del rango RFU.
 - Seleccione pocillos en el selector de pocillos para centrarse en los subgrupos de los datos.
 - Seleccione un grupo de pocillos para visualizar y analizar un subgrupo de los pocillos en la placa. Seleccione cada grupo de pocillos por nombre en el menú desplegable Well Group (Grupo de pocillos) en la barra de herramientas.

Hoja de cálculo de RFU para el análisis de punto final

En la [Tabla 26](#) se define los datos que aparecen en la hoja de cálculo de RFU en la pestaña End Point (punto final).

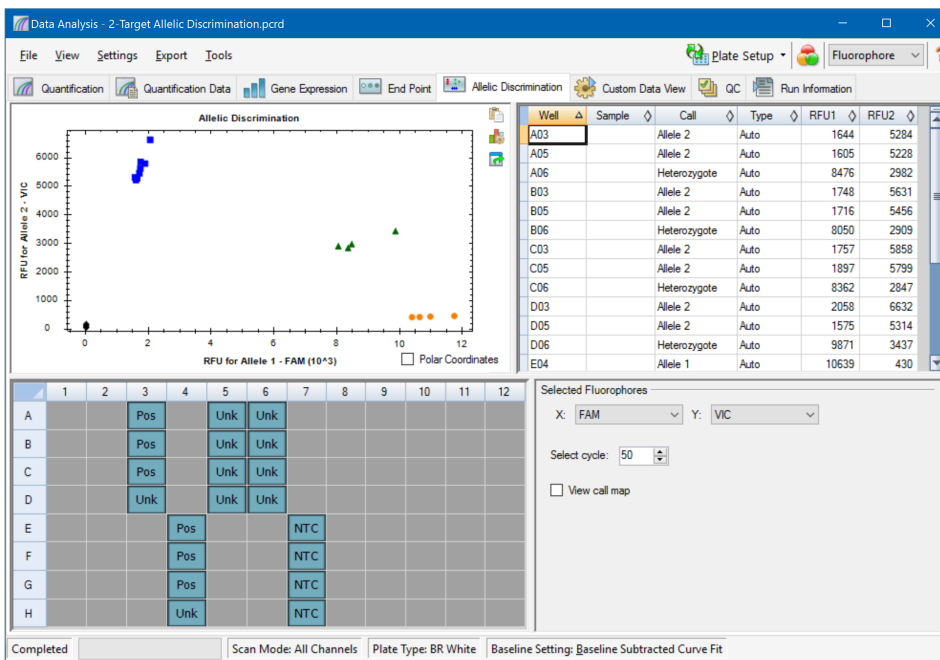
Tabla 26. Contenido de la hoja de cálculo de RFU para el punto final

Información	Descripción
Well (Pocillo)	Posición del pocillo en la placa
Fluor (Fluorocromo)	Fluorocromo detectado
Content (Contenido)	Una combinación del tipo de muestra y el n.º de repeticiones
End RFU (RFU final)	RFU en el ciclo final
Call (Llamada)	Positive (Positivo) o Negative (Negativo), donde las muestras positivas tienen un valor de RFU mayor que la media de RFU de los controles negativos más el valor de corte
Sample (Muestra)	Nombre de la muestra cargada en el editor de placas

Pestaña Allelic Discrimination (Discriminación alélica)

La pestaña Allelic Discrimination (Discriminación alélica) asigna genotipos a pocillos con muestras desconocidas. Utilice estos datos para identificar muestras con diferentes genotipos, incluidos Allele 1 (Alelo 1), Allele 2 (Alelo 2), Heterozygote (Heterocigoto), No Call (Sin llamada) (sin amplificación) o Undetermined (Indeterminado).

Nota: Los datos de discriminación alélica deben provenir de ejecuciones múltiples con al menos dos fluorocromos. Cada fluorocromo identifica un alelo en todas las muestras.



El análisis de discriminación alélica requiere los siguientes contenidos mínimos en los pocillos:

- Dos fluorocromos en cada pocillo.
- Muestras NTC (sin control de plantilla) para análisis de datos optimizado.

El CFX Maestro Dx SE ofrece cuatro opciones de visualización de los datos de discriminación alélica:

- Diagrama Allelic Discrimination (Discriminación alélica): muestra los datos en un gráfico de RFU para el alelo 1/alelo 2. Cada punto en el gráfico representa datos de ambos fluorocromos en un pocillo. Puede alternar entre coordenadas cartesianas y polares activando o desactivando la casilla Polar Coordinates (Coordenadas polares). Las coordenadas cartesianas representan el RFU para el alelo 1 en el eje X y el RFU para el alelo 2 en el eje Y. Las coordenadas polares representan el

ángulo en el eje X y la distancia de RFU en el eje Y desde el origen (mediana de todos los tipos NTC).

- Hoja de cálculo de pocillos: muestra los datos de discriminación alélica recopilados en cada pocillo de la placa.
- Selector de pocillos: selecciona los pocillos con los datos alélicos que desea mostrar.
- Panel Selected Fluorophores (Fluorocromos seleccionados): cambia las etiquetas de los ejes X e Y en el diagrama Allelic Discrimination (Discriminación alélica), el ciclo que se va a analizar y si se muestra o no el mapa de llamadas.

Ajuste de datos para discriminación alélica

El software asigna automáticamente un genotipo a los pocillos con muestras desconocidas en función de las posiciones de los tipos NTC y del ángulo y la distancia de los puntos de datos desconocidos de los tipos NTC.

Para ajustar los datos de discriminación alélica

- ▶ Realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Para mostrar coordenadas polares, marque la casilla de verificación en el diagrama Allelic Discrimination (Discriminación alélica).
 - Para ver otro fluorocromo, selecciónelo en la lista desplegable del panel Selected Fluorophores (Fluorocromos seleccionados).
 - Para cambiar una llamada, arrastre los puntos de datos en el diagrama Allelic Discrimination (Discriminación alélica) y seleccione una opción en la lista Selected Wells (Pocillos seleccionados):
 - Allele 1 (Alelo 1)
 - Allele 2 (Alelo 2)
 - Heterozygote (Heterocigoto)
 - Undetermined (Indeterminado)
 - No Call (Ninguna llamada)
 - Auto Call (Llamada automática)

Consejo: Seleccione Auto Call (Llamada automática) para volver a la llamada predeterminada.

Opciones de menú Chart (Diagrama)

Además de las opciones de menú contextual para diagramas (consulte [Elementos comunes de menú contextual para gráficos en la página 227](#)), se enumeran en la [Tabla 27](#) las opciones de menú disponibles en el diagrama Allelic Discrimination (Discriminación alélica).

Tabla 27. Opciones de menú contextual y de clic izquierdo del diagrama Allelic Discrimination (Discriminación alélica)

Opción de menú	Función
Zoom	Enfoca la visualización del diagrama en el área seleccionada (haciendo clic y arrastrando el cursor en el diagrama). Consejo: Para restaurar el zoom y mostrar todos los puntos de datos, haga clic con el botón derecho y seleccione Set Scale to Default (Establecer escala a valor predeterminado).
Well (Pocillo)	En el caso del pocillo seleccionado, las opciones son mostrar solo este pocillo, suprimir este pocillo de la vista, establecer un color para esta traza o excluir este pocillo del análisis.
Selected Wells (Pocillos seleccionados)	En el caso de los pocillos seleccionados (haciendo clic y arrastrando el cursor en el diagrama), las opciones son mostrar solo estos pocillos, suprimir estos pocillos de la vista, establecer un color para estas trazas o excluir estos pocillos del análisis.

Hoja de cálculo de discriminación alélica

En la [Tabla 28](#) se definen los datos que aparecen en la hoja de cálculo de discriminación alélica.

Tabla 28. Contenido de la hoja de cálculo de discriminación alélica

Información	Descripción
Well (Pocillo)	Posición del pocillo en la placa.
Sample (Muestra)	Descripción del nombre de la muestra.
Call (Llamada)	Identidad del alelo, incluidos el Allele 1 (Alelo 1), Allele 2 (Alelo 2), Heterozygote (Heterocigoto), No Call (Sin llamada) o Undetermined (Indeterminado) automáticos.

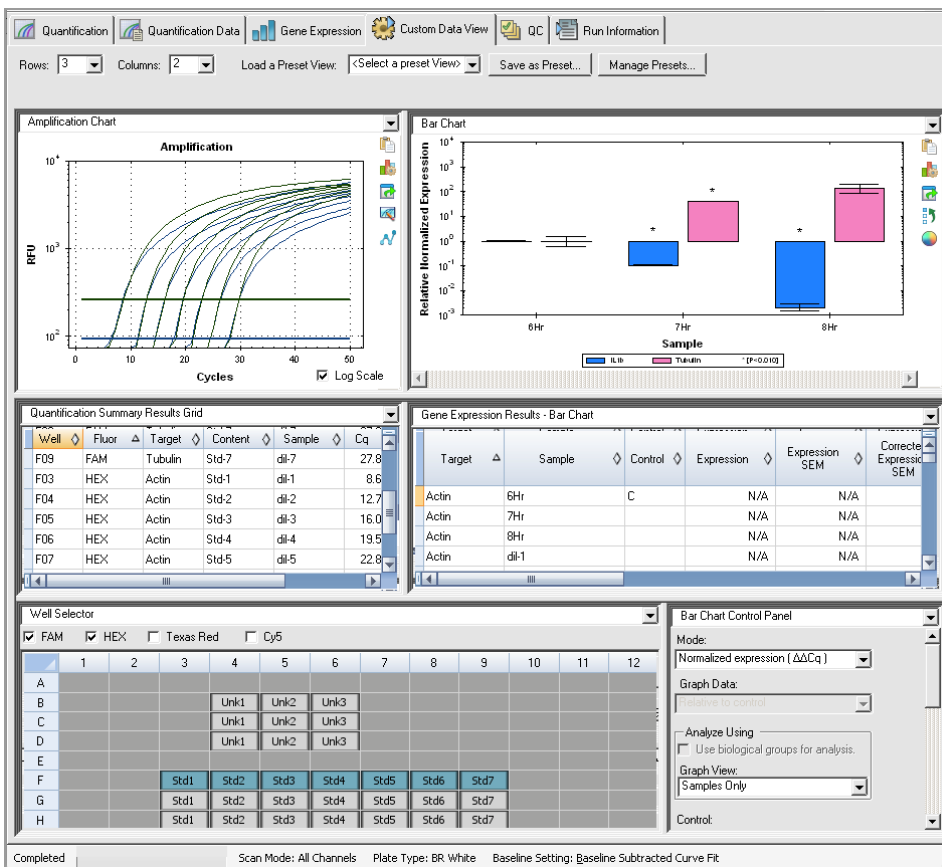
Tabla 28. Contenido de la hoja de cálculo de discriminación alélica, continuación

Información	Descripción
Tipo (Tipo)	Auto (Automático) o Manual, describe cómo se hizo la llamada. Automático indica que el software seleccionó la llamada. Manual indica que el usuario seleccionó la llamada.
RFU1	RFU1 para el alelo 1
RFU2	RFU2 para el alelo 2

Pestaña Custom Data View (Vista de datos personalizada)

La pestaña Custom Data View (Vista de datos personalizada) se muestra simultáneamente en varios paneles en un formato personalizable.

La lista desplegable Load a Preset View (Cargar vista predefinida) ofrece una selección de plantillas de formato de presentación. La vista predeterminada que se muestra depende del archivo que se esté analizando. Por ejemplo, si se trata de los datos de una Melt Curve (Curva de fusión), aparece la vista predeterminada Amp+Melt (Amplificación+Fusión).



Crear una vista de datos personalizada

Para crear una vista de datos personalizada

- ▶ Realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Seleccione otra vista predefinida de la lista desplegable.
 - Seleccione otra vista de diagrama de la lista desplegable ubicada en la parte superior de cada panel individual.
 - Modifique el número de filas y de columnas en la pestaña.
 - Modifique las dimensiones del panel individual. Arrastre las barras que hay en el perímetro de cada panel.

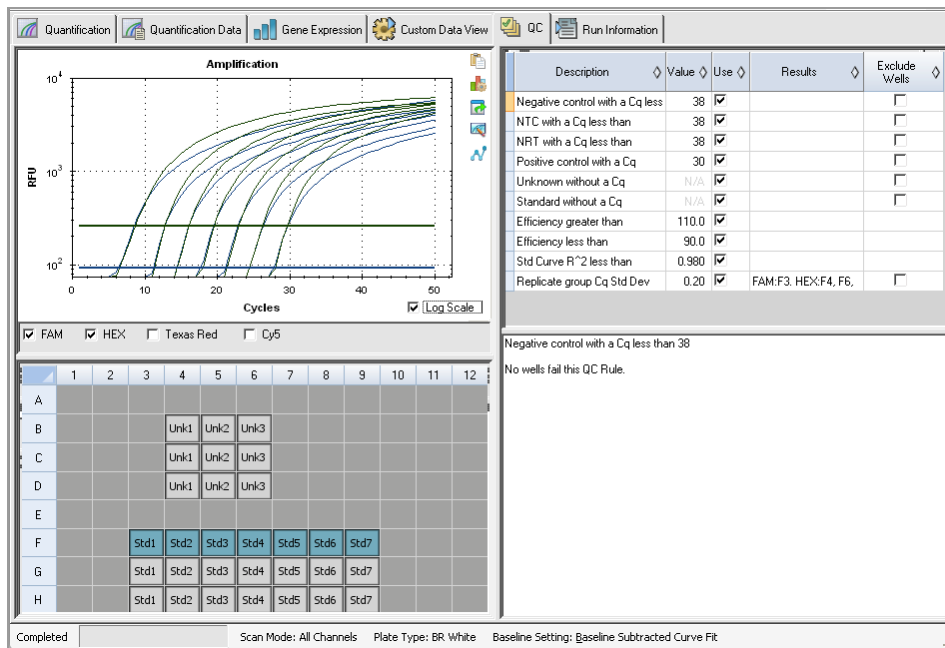
Haga clic en Save as Preset (Guardar como predefinida) para guardar la vista personalizada como una plantilla predefinida. Haga clic en Manage Presets (Gestionar vistas predefinidas) para eliminar, cambiar de nombre o restablecer vistas predefinidas existentes.

Pestaña QC (Control de calidad)

Utilice la pestaña QC (Control de calidad) para evaluar rápidamente la calidad de los datos de ejecución basándose en las normas definidas en la pestaña QC (Control de calidad) de la ventana User Preferences (Preferencias de usuario).

El CFX Maestro Dx SE ofrece cuatro opciones con las que visualizar los datos de QC (Control de calidad):

- **Amplification chart** (Gráfico de amplificación): muestra el RFU para cada pocillo en cada ciclo. Cada traza del gráfico representa los datos de un único fluorocromo en un pocillo.
- **QC rules table** (Tabla de normas de Control de calidad): muestra las normas de Control de calidad disponibles y los ajustes que definen cada norma. Las normas de QC (Control de calidad) aplicadas se indican mediante una marca de verificación.
- **Well selector** (Selector de pocillos): selecciona los pocillos con los datos de fluorescencia que desea mostrar.
- **QC rule summary pane** (Panel de resumen de normas de Control de calidad): muestra la norma de QC (Control de calidad) y destaca los pocillos que no cumplen la norma.



Cambiar los criterios de QC (CC)

Para cambiar los criterios de QC (Control de calidad)

- ▶ Seleccione o deseleccione la casilla Use (Usar) para la norma a incluir o excluir del QC (Control de calidad).

Excluir los pocillos que no pasan el QC (Control de calidad)

El CFX Maestro Dx SE muestra los pocillos que no cumplen los criterios del QC (CC) en la columna Results (Resultados) en la tabla de normas de QC (CC) y el panel de resumen.

Para excluir los pocillos que no cumplen los criterios del QC (Control de calidad)

- ▶ Seleccione Excluye Wells (Excluir pocillos) para cada pocillo que desee excluir.

Pestaña Run Information (Información de ejecución)

La pestaña Run Information (Información de ejecución) muestra el protocolo y otra información sobre cada ejecución. Utilice esta pestaña para realizar una de las siguientes acciones:

- Visualizar el protocolo.
- Introducir o editar las notas acerca de la ejecución.
- Introducir o editar el ID o el código de barras para la ejecución.
- Visualizar los eventos que se pudieron producir durante la ejecución. Utilizar estos mensajes para ayudar a solucionar los problemas de una ejecución.

Consejo: Haga clic con el botón derecho en Protocol (Protocolo) para copiarlo, exportarlo o imprimirlo. Haga clic con el botón derecho en los paneles Notes (Notas), ID/Bar Code (ID/código de barras) u Other (Otros) para deshacer, cortar, copiar, pegar, eliminar o seleccionar el texto.

The screenshot displays the Run Information tab in the CFX Maestro software. The main area shows a protocol graph for 'Protocol_CFX_2stepAmp50.1_min.prl' with four steps:

Step	Temperature (C)	Duration
1	95.0	3:00
2	95.0	0:10
3	55.0	1:00
4	GOTO 2	49 more times

On the right side, there are three panels:

- Notes:** Multiplex Gene Expression Example. Artificial Time course in which Hex (Actin) is constant at $\sim 1e5$ cps/run, Cy5 (Gadd45) is constant at $\sim 1e6$ cps/run, Fam (Tubulin) increases 4 fold with time, Texas Red (III b) decreases 4 fold with time.
- ID/Bar Code:** (Empty field)
- Other:** Run Started : 12/13/2007 12:31:47 PM, User : admin, Run Type : User-defined, Plate File : Multi GE.pltd, Sample Vol : 25, Lid Temp : 105, Optical Head Serial Number : , Base Serial Number : CC001095, CFX Manager Version : 1.0.956.1212.

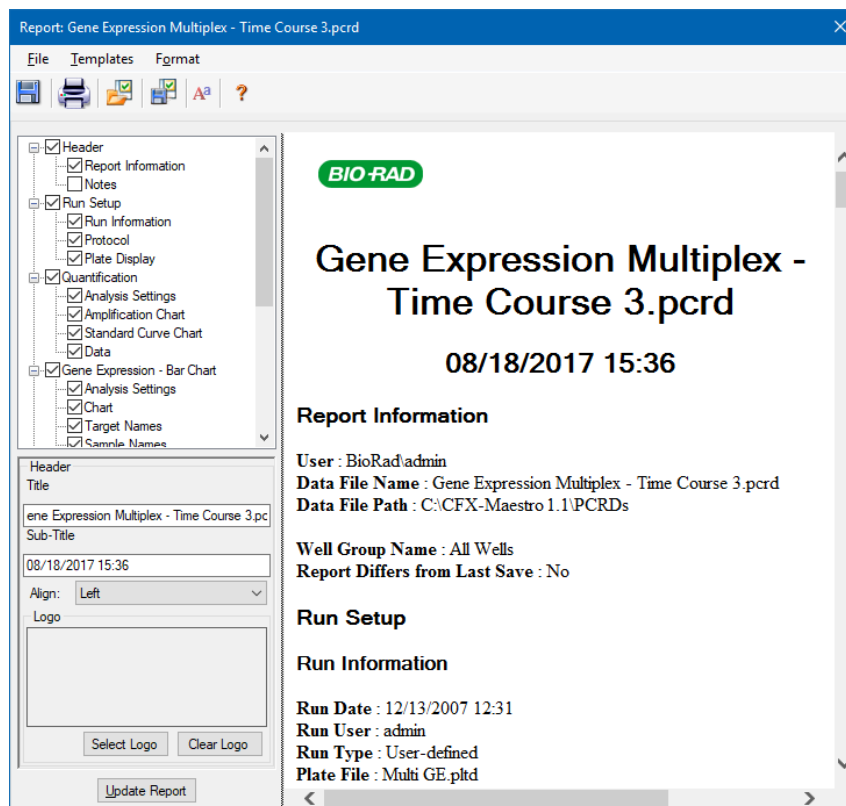
The bottom status bar shows: Completed, Scan Mode: All Channels, Plate Type: BR White, Baseline Setting: Baseline Subtracted Curve Fit.

Informes de análisis de datos

El cuadro de diálogo Report (Informe) muestra información sobre el archivo de datos actual en la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Para abrir un informe, seleccione Tools (Herramientas) > Reports (Informes) o haga clic en Reports (Informes) en la barra de herramientas.

El cuadro de diálogo Report (Informe) contiene las siguientes secciones:

- Menú y barra de herramientas: proporciona opciones para formatear, guardar e imprimir el informe o la plantilla.
- Lista de opciones (parte superior izquierda del cuadro de diálogo): proporciona opciones para visualizar en el informe.
- Panel de opciones (parte inferior izquierda del cuadro de diálogo): muestra cuadros de texto en los que puede introducir información acerca de una opción seleccionada.
- Panel de previsualización (parte superior derecha del cuadro de diálogo): muestra una previsualización del informe actual.



Categorías de informes de análisis de datos

La [Tabla 29](#) enumera todas las opciones disponibles para un informe de análisis de datos, dependiendo del tipo de datos en la ventana Data Analysis (Análisis de datos).

Tabla 29. Categorías de informes de análisis de datos en la lista de opciones

Categoría	Opción	Descripción
Header (Encabezado)		
		Título, subtítulo y logotipo para el informe
	Report Information (Información del informe)	Procesar fecha, nombre de usuario, nombre del archivo de datos, ruta del archivo de datos y grupo de pocillos seleccionado
	Audit Information (Información de auditoría)	Información adicional necesaria para autorías, incluyendo firmas
	Notes (Notas)	Notas sobre el informe de datos
Run Setup (Configuración de la ejecución)		
	Run Information (Información de ejecución)	Procesar fecha, nombre de usuario, nombre del archivo de datos, ruta del archivo de datos y grupo de pocillos seleccionado
	Protocol (Protocolo)	Vista del texto de los pasos del protocolo y las opciones
	Plate Display (Visualización de la placa)	Vista de la información de la placa en cada pocillo de la placa
Quantification (Cuantificación)		
	Analysis Settings (Configuración del análisis)	Número del paso de recogida de datos y método de sustracción de referencia
	Amplification Chart (Gráfico de amplificación)	Gráfico de amplificación para procesamientos que incluye datos de cuantificación

Tabla 29. Categorías de informes de análisis de datos en la lista de opciones, continuación

Categoría	Opción	Descripción
	Standard Curve Chart (Gráfico de curva normalizada)	Gráfico de curva normalizada
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los datos de cada pocillo
Gene Expression (Expresión genética) — Bar Chart (Gráfico de barras)		
	Analysis Settings (Ajustes del análisis)	Modo de análisis, datos del gráfico, opción de escalado y error del gráfico
	Chart (Gráfico)	Copia del gráfico de barras
	Target Names (Nombres de objetivo)	Gráfico de nombres de objetivos
	Sample Names (Nombres de muestra)	Gráfico de nombres de muestras
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los datos de cada pocillo
	Target Stability (Estabilidad de objetivo)	Gráfico de los valores de estabilidad de objetivo
	Box-and-Whisker Chart (Gráfico de cuadros y márgenes)	Gráfico de cuadros y márgenes
	Dot Plot Chart (Gráfico de puntos)	Gráfico de puntos
Gene Expression (Expresión genética) — Clustergram (Clustergrama) y Scatter Plot (Diagrama de dispersión).		
	Analysis Settings (Configuración del análisis)	Ajustes para cada tipo de gráfico
	Chart (Gráfico)	Copia del gráfico
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los datos de cada objetivo

Tabla 29. Categorías de informes de análisis de datos en la lista de opciones, continuación

Categoría	Opción	Descripción
Gene Expression (Expresión genética) — ANOVA Data (Datos ANOVA)		
	ANOVA Settings (Ajustes de ANOVA)	Umbral del valor P utilizado en el análisis
	ANOVA Results (Resultados de ANOVA)	Tabla de resultados del análisis post hoc de ANOVA y de HSD de Tukey
Melt Curve (Curva de fusión)		
	Analysis Settings (Ajustes del análisis)	Número de paso de fusión y configuración de la barra del umbral
	Melt Curve Chart (Gráfico de la curva de fusión)	Gráfico de la curva de fusión
	Melt Peak Chart (Gráfico del pico de fusión)	Gráfico del pico de fusión
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los datos de cada pocillo
Allelic Discrimination (Discriminación alélica)		
	Analysis Settings (Configuración del análisis)	Fluorocromos, ciclo y mapa de llamadas de visualización
	Allelic Discrimination Chart (Gráfico de discriminación alélica)	Copia del gráfico de discriminación alélica
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los datos de cada pocillo
End Point (Punto final)		
	Analysis Settings (Ajustes del análisis)	Fluorocromo, ciclos de fin de media, modo, valor de RFU inferior, valor RFU superior y valor de corte
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los datos de cada pocillo

Tabla 29. Categorías de informes de análisis de datos en la lista de opciones, continuación

Categoría	Opción	Descripción
QC Parameters (Parámetros de CC)		
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que enumera los parámetros de cada norma de QC (CC)

Crear un informe de análisis de datos

Puede guardar el diseño de un informe como plantilla para volver a usarlo en informes similares.

Para crear un informe de análisis de datos

1. Realice los ajustes finales en el contenido de los pocillos, los pocillos seleccionados, los gráficos y las hojas de cálculo en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) antes de crear el informe.
2. Seleccione Tools (Herramientas) > Reports (Informes) en la barra del menú Data Analysis (Análisis de datos) para abrir el cuadro de diálogo Report (Informe).
3. Seleccione las opciones que desee incluir en el informe. El informe se abre con las opciones predeterminadas seleccionadas. Seleccione o deseleccione las casillas de verificación para cambiar todas las categorías u opciones individuales dentro de una categoría.

La [Tabla 29 en la página 270](#) muestra las opciones disponibles que hay para mostrar.

Nota: Los datos que aparecen en el informe dependen de las selecciones actuales en las pestañas de la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Por ejemplo, una serie de cuantificación puede no contener una curva normalizada, y por tanto esos datos no aparecen en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) ni en el informe de datos.

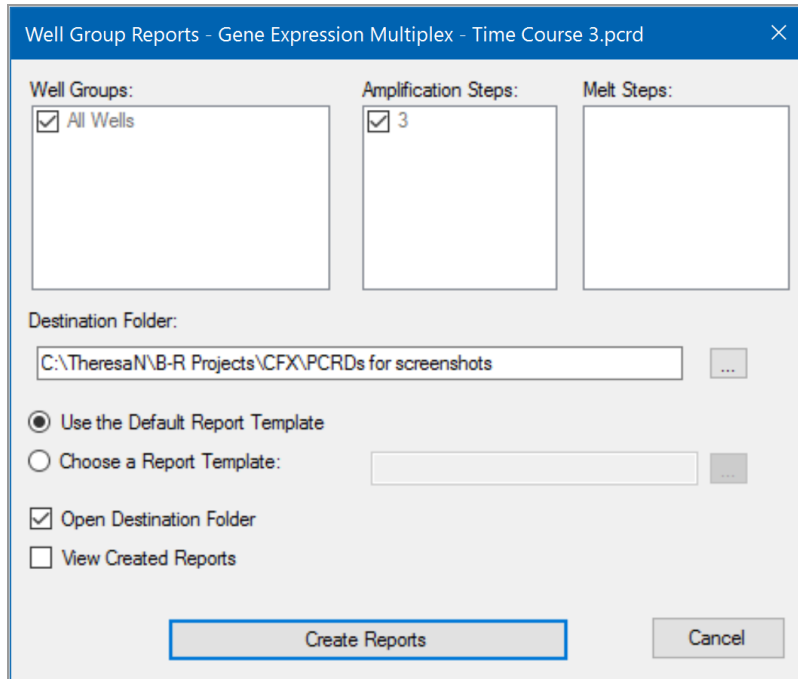
4. Cambie el orden de las categorías y elementos en un informe. Arrastre las opciones a su posición relativa. Los elementos pueden reordenarse solo dentro de las categorías a las que pertenecen.
5. (Opcional) En el panel Report Options (Opciones de informe), introduzca información relevante para la opción seleccionada:
 - Seleccione un subconjunto de información para mostrar en el informe.
 - Seleccione ajustes específicos para la opción seleccionada.
 - Cambie el texto que se va a mostrar para la opción seleccionada.
6. Haga clic en Update Report (Actualizar informe) para actualizar la Report Preview (Previsualización del informe) con otros cambios.
7. Imprima o guarde el informe.
 - a. Haga clic en el botón Print Report (Imprimir informe) en la barra de herramientas para imprimir el informe actual.
 - b. Seleccione File (Archivo) > Save (Guardar) para guardar el informe en formato PDF (archivo de Adobe Acrobat Reader), MHT (documento de Microsoft) o MHTML (documento de Microsoft).
 - c. Seleccione una ubicación en la que guardar el archivo.

- d. Seleccione File (Archivo) > Save As (Guardar como) para guardar el informe con un nombre nuevo o en una nueva ubicación.
8. (Opcional) Cree una plantilla de informe con la información que desee. Para guardar los ajustes del informe actual en una plantilla, seleccione Template (Plantilla) > Save (Guardar) o Save As (Guardar como). Posteriormente, cargue la plantilla del informe la próxima vez que desee realizar un nuevo informe.

Crear informes de grupos de pocillos

Para crear un informe de grupo de pocillos

1. Seleccione Tools (Herramientas) > Well Group Reports (Informes de grupo de pocillos) en la ventana de Data Analysis (Análisis de datos).



2. En el cuadro de diálogo Well Groups Reports (Informes de grupos de pocillos), seleccione los grupos de pocillos, pasos de amplificación y pasos de fusión que quiere incluir en el informe.
3. Introduzca la ruta o navegue hasta la carpeta de destino en la que quiere guardar el informe.
4. (Opcional) Seleccione Choose a Report Template (Elegir una plantilla de informe) y navegue hasta la carpeta de la plantilla.
5. (Opcional) Seleccione Open Destination Folder (Abrir carpeta de destino) y visualice los informes después de generarlos.
6. Haga clic en Create Reports (Crear informes).

Capítulo 12 Análisis de expresión genética

Con el uso de controles estrictamente cualificados en sus reacciones, puede utilizar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition para realizar una ejecución de expresión genética y normalizar las diferencias relativas en una concentración objetivo entre las muestras. Normalmente, los niveles de expresión de uno o más genes de referencia se utilizan para normalizar los niveles de expresión de un gen de interés. Los genes de referencia tienen en cuenta las diferencias de carga u otras variaciones representadas en cada muestra y sus niveles de expresión no deben verse afectados en el sistema biológico que se estudia.

Seleccione la pestaña Gene Expression (Expresión genética) en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) para evaluar las diferencias relativas entre reacciones de PCR en dos o más pocillos. Por ejemplo, puede evaluar números relativos de genomas víricos o números relativos de secuencias transfectadas en una reacción de PCR. La aplicación más común del estudio de expresión genética es la comparación de la concentración de ADNc en más de una reacción para estimar los niveles de ARN mensajero de estado estable.

El software calcula el nivel de expresión relativa de un objetivo con uno de los siguientes escenarios:

- El nivel de expresión relativa de una secuencia objetivo (Target 1, Objetivo 1) relacionado con otro objetivo (Target 2, Objetivo 2); por ejemplo, la cantidad de un gen en comparación con otro gen bajo el mismo tratamiento de muestras.
- El nivel de expresión relativa de una secuencia objetivo en una muestra comparada con el mismo objetivo bajo diferente tratamiento de muestra; por ejemplo, la cantidad relativa de un gen en comparación a sí mismo en diferentes condiciones temporales, geográficas o de desarrollo.

Configuración de placa para el análisis de expresión genética

Para realizar análisis de expresión genética, el contenido de los pocillos debe incluir lo siguiente:

- Dos o más objetivos: los dos objetivos que representan genes amplificados o secuencias distintos en sus muestras.
- Uno o más objetivos de referencia: al menos un objetivo debe ser un objetivo de referencia para una expresión normalizada. Designe todos los objetivos de referencia en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento) para analizar los datos en el modo Normalized Expression (Expresión normalizada) ($\Delta\Delta C_q$). Las ejecuciones que no contienen una referencia deben analizarse con el modo Relative Expression (Expresión relativa) (ΔC_q).

- **Muestras comunes:** sus reacciones deben incluir muestras comunes (un mínimo de dos) para visualizar los datos en gráfico en la pestaña Gene Expression (Expresión genética). Estas muestras deberían representar tratamientos o condiciones distintos para cada una de sus secuencias objetivo. Designe una muestra de control (opcional) en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento). Si no se selecciona un control, el software usa el C_q más bajo como control.

Los requisitos para la configuración de Gene Expression (Expresión genética) en el Plate Editor (Editor de placas) dependen de si los contenidos de la reacción son singleplex PCR, con un fluorocromo en las reacciones, o multiplex PCR, con más de un fluorocromo en las reacciones.

Configuración de placa orientada

Si la configuración de placa de un archivo de datos no contiene la información necesaria para el análisis y la pestaña Gene Expression (Expresión genética) está seleccionada, el espacio que normalmente ocupa el gráfico de barras contendrá instrucciones para introducir dicha información. Para la expresión genética normalizada, complete los siguientes pasos:

1. Defina los nombres de Target (Objetivo) y Sample (Muestra) usando cualquiera de los siguientes métodos:
 - **Plate Setup (Configuración de placa):** abre la ventana del Plate Editor (Editor de placas).
 - **Replace Plate File (Sustituir archivo de placa):** abre el explorador Select Plate (Seleccionar placa), donde puede navegar hasta un archivo de placa guardado previamente para reemplazar el esquema de placa actual.
 - **Replace PrimePCR File (Sustituir archivo PrimePCR):** abre el cuadro de diálogo Select PrimePCR file (Seleccionar archivo PrimePCR), donde podrá navegar hasta un archivo de ejecución de PrimePCR y aplicarlo al esquema de placa.
2. Seleccione uno o más objetivos de referencia y una muestra de control usando el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento).

Si la disposición de placa ya contiene información sobre el objetivo y la muestra, solo se requiere el segundo paso, que se destaca en color naranja. Este paso debe completarse antes de que tenga lugar el análisis de la expresión genética normalizada.

Nota: Los datos del diagrama de dispersión y el clustergrama se muestran solo si se cumplen todos los requisitos para la expresión genética normalizada que aparecen en Plate Setup (Configuración de placa) para el Gene Expression Analysis (Análisis de expresión genética).

Gráficos de expresión génica

El CFX Maestro Dx SE muestra los datos de expresión génica en distintas vistas. En la [Tabla 30](#) se enumeran las opciones de gráficos disponibles en el software.

Tabla 30. Opciones de gráficos de expresión génica







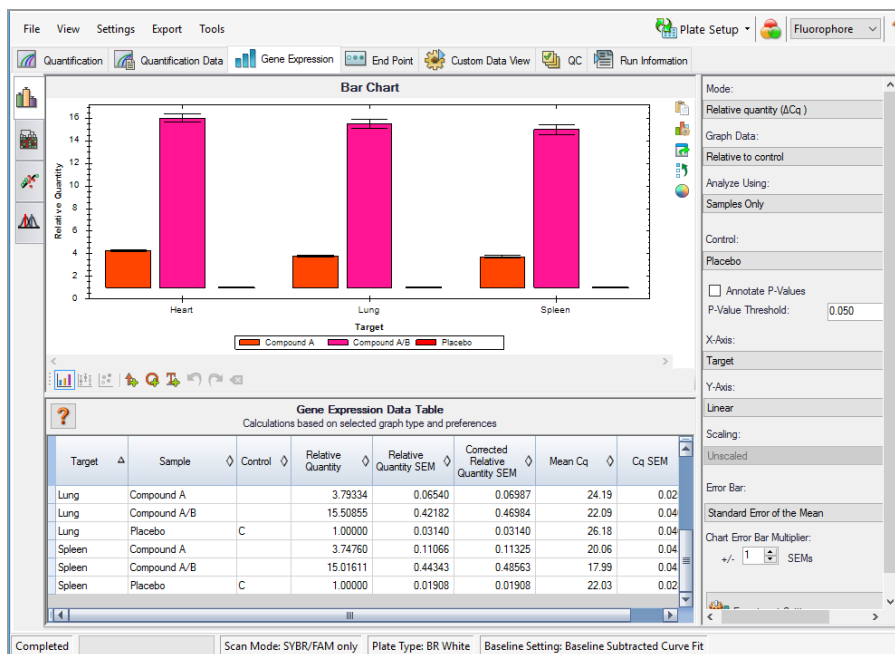
Botón	Nombre	Función
	Graphing (Gráficos)	<p>Muestra los datos de expresión génica en una de las siguientes vistas:</p> <ul style="list-style-type: none"> ■ Bar Chart (Gráfico de barras) (predeterminado) ■ Box and whisker chart (Gráfico de cuadros y márgenes) ■ Dot plot chart (Diagrama de puntos)
	Clustergram (Clustergrama)	Muestra los datos de expresión normalizada en una jerarquía basada en el grado de similitud de la expresión para diferentes objetivos y muestras.
	ScatterPlot (Diagrama de dispersión)	Muestra la expresión normalizada de objetivos para un control en comparación con una muestra experimental.
	ANOVA	<p>Muestra los resultados de ANOVA unidireccional en los datos de expresión génica usando los siguientes paquetes R para realizar ANOVA y determinar los resultados de Tukey:</p> <ul style="list-style-type: none"> ■ Complemento a la regresión aplicada (car) ■ Medias de mínimos cuadrados (lsmeans)
	Herramienta de selección de genes de referencia	(Disponible en la pestaña Study Analysis (Análisis del estudio) en la ventana Gene Study (Estudio genético)) Identifica los genes de referencia probados y los categoriza como Ideal (Ideal), Acceptable (Aceptable) o Unstable (Inestable) según su estabilidad.

Tabla 30. Opciones de gráficos de expresión genética, continuación

Botón	Nombre	Función
	Análisis de controles PrimePCR	(Disponible en la pestaña Study Analysis (Análisis del estudio) en la ventana Gene Study (Estudio genético)) Muestra los resultados de las muestras probadas.

Gráficos



La expresión relativa de los objetivos se presenta en estas dos vistas:

- Gene Expression Chart (Gráfico de expresión genética): muestra los datos de PCR en tiempo real como uno de los siguientes:
 - $\Delta\Delta C_q$: expresión normalizada relativa calculada mediante muestras de control y objetivos de referencia.
 - ΔC_q : cantidad relativa del gen objetivo en una muestra en relación con una muestra de control.

Consulte [Cambiar y anotar la vista de gráficos en la página 283](#) para obtener más información sobre la visualización de datos.

- Spreadsheet (Hoja de cálculo): muestra una hoja de cálculo con los datos de expresión genética.

Consejo: Haga clic derecho en cualquier gráfico u hoja de cálculo para ver opciones.

Seleccione View/Edit Plate (Ver/Editar placa) en el menú desplegable Plate Setup (Configuración de placa) para abrir el Plate Editor (Editor de placas) y cambiar los contenidos de los pocillos en la placa.

Consejo: Seleccione Sort (Ordenar) en el menú de clic derecho para reorganizar el orden de los nombres de Target (Objetivo) y Sample (Muestra) del gráfico.

Expresión genética normalizada

Para normalizar los datos, utilice el nivel de expresión medido de uno o más genes de referencia como factor de normalización. Los genes de referencia son objetivos que no están regulados en el sistema biológico que se estudia, como *actina*, *GAPDH* o *tubulina*.

Para configurar un análisis de expresión genética normalizada ($\Delta\Delta C_q$)

1. Abra un archivo de datos (extensión .pcrd).
2. Revise los datos en la pestaña Quantification (Cuantificación) de la ventana Data Analysis (Análisis de datos). Realice ajustes en los datos, como modificar el umbral y el modo de análisis.
3. Seleccione la pestaña Gene Expression (Expresión genética).
4. En la pestaña Gene Expression (Expresión genética), haga clic en Experiment Settings (Ajustes del experimento).
5. En el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento), haga lo siguiente:
 - a. Seleccione la pestaña Samples (Muestras) y seleccione un control. Cuando se asigna un control, el CFX Maestro Dx SE normaliza las cantidades relativas de todos los genes para la cantidad de control, que se fija en 1.
 - b. Seleccione la pestaña Target (Objetivo) y seleccione los genes de referencia. El análisis de expresión genética requiere de una referencia entre los objetivos de sus muestras.
6. Seleccione Normalized Expression (Expresión normalizada) ($\Delta\Delta C_q$) si no está ya seleccionada, y vea los niveles de expresión en la pestaña Gene Expression (Expresión genética).

Nota: También puede utilizar el Setup Wizard (Asistente de configuración) para configurar el esquema de la placa para el análisis de expresión genética normalizada.

Cantidad relativa

Por definición, los datos de cantidad relativa (ΔC_q) no están normalizados. Este método se utiliza para cuantificar las muestras que no incluyen ningún gen de referencia (objetivos). Normalmente, los investigadores confían en una de las siguientes consideraciones cuando establecen la ejecución:

- Cada muestra contiene la misma cantidad de ARN o ADNc en cada pocillo.
- Cualquier variación en la cantidad de la muestra biológica cargada se normalizará después del procesamiento mediante algún método de análisis de datos fuera del software. Por ejemplo, un investigador puede decidir dividir el valor de la cantidad relativa entre el factor normalizador, posiblemente la masa de ácido nucleico cargada para cada muestra, o el número de células desde las que se aisló el ácido nucleico.

Para ejecutar un análisis Relative Quantity (Cantidad relativa) (ΔC_q)

- En la pestaña Gene Expression (Expresión genética), seleccione Relative Quantity (Cantidad relativa) (ΔC_q) de la lista desplegable de Mode (Modo) en el panel derecho.

Consejo: Para comparar los resultados con los datos de otras ejecuciones de expresión genética, abra un nuevo estudio genético o añada un archivo de datos a un estudio genético existente.

Cambiar y anotar la vista de gráficos

Usando los comandos del menú de la barra de herramientas de gráficos y las herramientas de gráficos de análisis de datos, puede modificar la visualización del gráfico, anotar cada gráfico y cambiar la disposición del gráfico. La barra de herramientas de gráficos aparece entre el gráfico y la hoja de cálculo del análisis de datos en la parte inferior de la pantalla.

Herramientas de la barra de herramientas de gráficos

Consejo: Consulte [Gráficos en la página 219](#) para más información acerca de las herramientas de gráfico que aparecen a la derecha de los gráficos de análisis de datos.

La barra de herramientas que aparece debajo de los gráficos proporciona un acceso rápido a las herramientas de anotación.



En la [Tabla 31](#) se enumeran las funciones de los botones de la barra de herramientas de gráficos.

Tabla 31. Barra de herramientas de gráficos










Botón	Nombre	Función
	Bar Chart (Gráfico de barras)	Se muestra la expresión relativa de los objetivos.
	Box and Whisker chart (Gráfico de cuadros y márgenes)	Muestra los datos como rangos cuartiles (consulte Cálculos del gráfico de cuadros y márgenes en la página 325 para obtener más información sobre los cálculos). Nota: Solo está disponible si se configura Analyze Using (Analizar utilizando) como Biological Groups Only (Solo grupos biológicos).

Tabla 31. Barra de herramientas de gráficos, continuación

Botón	Nombre	Función
	Dot Plot chart (Gráfico de diagrama de puntos)	Muestra los puntos de datos individuales de la muestra para cada objetivo. Nota: Solo está disponible si se configura Analyze Using (Analizar utilizando) como Biological Groups Only (Solo grupos biológicos).
	Add Arrow (Añadir flecha)	Dibuja una flecha en el gráfico activo.
	Add Circle (Añadir círculo)	Dibuja un círculo en el gráfico activo.
	Add Text (Añadir texto)	Introduce un cuadro de texto en el gráfico activo en el que puede añadir texto para identificar los elementos de interés del gráfico.
	Undo (Deshacer)	Elimina o revierte la última anotación realizada en el gráfico activo.
	Redo (Rehacer)	Revierte la última acción de deshacer realizada en el gráfico activo.
	Clear All (Borrar todo)	Elimina todas las anotaciones del gráfico activo.

Ordenar los datos de objetivo, muestra y grupo biológico

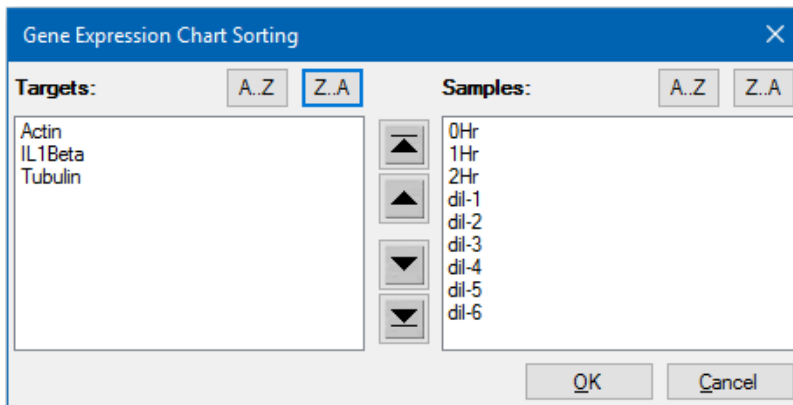
Nota: Esta opción está disponible únicamente en gráficos de expresión genética.

De forma predeterminada, las listas Targets (Objetivos), Samples (Muestras) y Biological Groups (Grupos biológicos) aparecen en orden alfabético. Use el cuadro de diálogo Sort (Ordenar) para presentar la visualización en orden alfabético inverso o para mover un término manualmente a otra posición en la lista.

Para ordenar los datos de objetivos, muestras y grupos biológicos

1. En las herramientas del gráfico, haga clic en Export (Exportar).

Aparece el cuadro de diálogo Gene Expression Chart Sorting (Orden de gráfico de expresión genética).



2. En el cuadro de diálogo, haga clic en Z-A para clasificar la lista en orden alfabético inverso.
3. Para desplazar un término de forma manual, selecciónelo y haga clic en el botón correspondiente entre los gráficos:
 - Haga clic en la flecha hacia arriba o hacia abajo para desplazar el término seleccionado una posición.
 - Haga clic en la flecha de barra hacia arriba o hacia abajo para desplazar el término seleccionado al primer o último puesto de la lista.
4. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los cambios y volver a la pestaña Gene Expression (Expresión genética).

Cambiar los ajustes de color de objetivo, muestra y grupo biológico

Use el cuadro de diálogo Color Settings (Ajustes de color) para cambiar el color de un objetivo, muestra o grupo biológico, o para eliminar el elemento del gráfico.

Para cambiar los ajustes de color del objetivo

1. En el panel derecho del cuadro de diálogo Gene Expression (Expresión genética), verifique que Sample (Muestra) aparece en el eje X de la lista desplegable.
2. En Chart Tools (Herramientas de gráfico), seleccione Color Settings (Ajustes de color).
Aparecerá el cuadro de diálogo Color Settings (Ajustes de color).
3. Para cambiar el color en que aparecerá un objetivo, haga clic en su color en la columna Color.
4. En el cuadro de diálogo Color que aparece, seleccione un nuevo color y haga clic en OK (Aceptar).
5. Para eliminar un objetivo del gráfico de expresión genética, desmarque su casilla en la columna Show Chart (Mostrar gráfico).

Consejo: Para borrar todos los objetivos, desmarque Show Chart (Mostrar gráfico) en el encabezado de la columna.

6. (Opcional) Por defecto, las barras aparecen en colores sólidos. Para mostrar las barras en colores degradados, desmarque Use Solid Colors (Usar colores sólidos).
7. Haga clic en Ok (Aceptar) para guardar los cambios y volver a la pestaña Gene Expression (Expresión genética).

Para cambiar los ajustes de color de la muestra o el grupo biológico

1. En el panel derecho, en el cuadro de diálogo Gene Expression (Expresión genética), verifique que Target (Objetivo) aparece en el eje X de la lista desplegable.
2. Lleve a cabo los pasos indicados en [Para cambiar los ajustes de color del objetivo en la página 286](#).

Cambiar la visualización de gráficos

Para cambiar la visualización de gráficos actual:

- Seleccione el comando del menú de barra de herramientas para la vista objetivo.

Nota: La pestaña Gene Expression (Expresión genética) siempre se abre mostrando los datos en la vista de gráfico de barras predeterminada.

Excluir puntos de datos atípicos

En el gráfico Dot Plot (Diagrama de puntos), puede ver con facilidad y excluir datos atípicos de su análisis.

Para excluir puntos de datos atípicos

- ▶ En el gráfico Dot Plot (Diagrama de puntos), haga clic con el botón derecho sobre el dato atípico objetivo y seleccione Exclude Well from Analysis (Excluir el pocillo del análisis).

El punto de datos se elimina del gráfico Dot Plot (Diagrama de puntos) y el pocillo cambia a gris en el Well Selector (Seleccionador de pocillo) en la pestaña Quantification (Cuantificación).

Para incluir un punto de datos atípicos excluido.

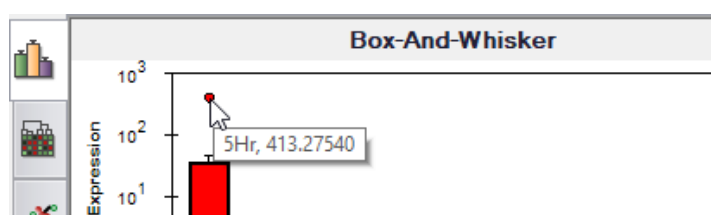
- ▶ En la pestaña Quantification (Cuantificación), haga clic con el botón derecho sobre el pocillo en el Well Selector (Selector de pocillos) y seleccione Well (Pocillo) > Include in Analysis (Incluir en el análisis).

Visualización de detalles de los puntos de datos

Para visualizar detalles de los puntos de datos

- ▶ En el diagrama de cuadros y márgenes o en el diagrama de puntos, detenga el cursor sobre un punto en concreto.

Aparecerá información, mostrando el nombre de la muestra y su expresión (cantidad relativa o expresión normalizada, dependiendo del modo seleccionado).



Anotar gráficos

Puede añadir flechas, círculos y texto a cada vista de gráfico de barras para comunicar datos con claridad. Las anotaciones se guardan con el gráfico de barras y aparecen en el archivo exportado e impreso. No obstante, las anotaciones realizadas en una vista de gráfico no se añaden a otras vistas de gráficos.

Para dibujar una flecha o un círculo en el gráfico

1. En la barra de herramientas del gráfico, haga clic en la herramienta en concreto.
2. Haga clic en el gráfico de barras y arrastre el cursor por el gráfico según sea necesario.

Para añadir texto al gráfico

1. En la barra de herramientas del gráfico, haga clic en Add Text (Añadir texto).
2. Haga clic en el gráfico de barras. Aparece un cuadro de texto en esa ubicación.
3. Introduzca el texto en el cuadro de texto.
4. Haga clic en cualquier parte del gráfico para salir del cuadro de texto.

Consejo: Pulse Enter (Intro) para añadir varias líneas al cuadro de texto.

Para mover una anotación

1. Desplace su cursor por la anotación. El icono cambia a un dedo que señala y el borde de la anotación se destaca.
2. Haga clic en la anotación y arrástrela a otra ubicación.
3. Suelte la anotación para que se quede en ese lugar.

Para deshacer una anotación

- ▶ Haga clic en Undo (Deshacer).

La anotación introducida más recientemente se elimina.

Consejo: Puede deshacer las diez anotaciones más recientes, una cada vez.

Para rehacer una anotación

- ▶ Haga clic en Redo (Rehacer).

La anotación eliminada más recientemente vuelve a aparecer.

Consejo: Puede rehacer las diez anotaciones más recientes, una cada vez.

Para eliminar una anotación

- ▶ Haga clic con el botón derecho sobre la anotación y seleccione Delete (Eliminar).

Ajustar los datos de expresión genética

Después de seleccionar el modo de análisis [expresión normalizada ($\Delta\Delta Cq$) o cantidad relativa (ΔCq)], ajuste los datos que ve en la pestaña Gene Expression (Expresión genética) cambiando las opciones de configuración a la derecha del gráfico.

Consejo: Establezca las opciones de datos de Gene Expression (Expresión genética) predeterminados en el cuadro de diálogo User Preferences (Preferencias de usuario) (consulte [Ajustar los parámetros predeterminados del archivo de datos de expresión genética en la página 99](#)).

Datos de gráfico

Establezca el valor del eje Y como Linear scale (Escala lineal) para habilitar las opciones de datos de gráfico. Las opciones de datos de gráfico le permiten presentar los datos en el gráfico con una de estas opciones:

- Relative to control (Relativos al control): ilustre los datos con el eje escalado de 0 a 1. Si asigna un control a la ejecución, seleccione esta opción para visualizar rápidamente el incremento o la disminución del objetivo.
- Relative to zero (Relativos a cero): ilustre los datos con el origen en cero.

Opción Analyze Using (Analizar utilizando)

Utilice el menú desplegable para seleccionar como se analizan y se trazan los datos. Las opciones son:

- Samples Only (Solo muestras): los datos se analizan y se trazan basándose en las muestras.
- Biological Groups Only (Solo grupos biológicos): los datos se analizan y se trazan para grupos biológicos. La expresión presentada para el grupo biológico es la media geométrica de las muestras de ese grupo.
- Sample Biological Group (Grupo biológico de muestras): los datos se analizan y se trazan basándose en las muestras con el grupo biológico añadido después del nombre de la muestra. Los valores P que se muestran están calculados basándose en el grupo biológico.
- Biological Group Sample (Muestra del grupo biológico): los datos se analizan y se trazan basándose en las muestras con el grupo biológico añadido antes del nombre de la muestra. Los valores P que se muestran se calculan basándose en el grupo biológico.

Utilice el menú desplegable para seleccionar una muestra que se utilizará para normalizar la Relative Quantity (Cantidad relativa):

Anotar valores de P y umbral del valor de P

Cuando la opción Annotate P-Values (Anotar valores de P) está seleccionada, el software muestra un asterisco (*) en el gráfico de barras encima de un objetivo si su valor de P está por debajo del umbral seleccionado. El software calcula automáticamente el valor de P comparando el nivel de expresión de la muestra con el nivel de expresión de la muestra de control seleccionada usando una prueba t estándar. El rango del umbral del valor de P es 0,000—1,000.

Opciones del eje X

La opción del eje X le permite seleccionar los datos del eje X del gráfico Gene Expression (Expresión genética):

- Target (Objetivo): coloca los nombres objetivo sobre el eje X del gráfico.
- Sample (Muestra): coloca los nombres de muestra sobre el eje X del gráfico.

Opciones del eje Y

La opción del eje Y le permite mostrar el gráfico Gene Expression (Expresión genética) en una de las siguientes tres escalas:

- Linear (Lineal): seleccione esta opción para mostrar una escala lineal.
Consejo: Cuando se configura el eje Y como Linear (Lineal), se activa la lista desplegable Graph Data (Poner datos en el gráfico), en la que puede optar por colocar en el gráfico datos relacionados con el control o relacionados con cero.
- Log 2: seleccione esta opción para evaluar las muestras de un rango dinámico amplio.
- Log 10: seleccione esta opción para evaluar las muestras en un rango dinámico amplio.

Opciones de escala

Seleccione Normalized Gene Expression (Expresión genética normalizada) ($\Delta\Delta C_q$) y configure la opción como None (Ninguno) para habilitar las opciones de escala del gráfico Gene Expression (Expresión genética). Seleccione una de estas opciones de escala para calcular y presentar sus datos como mejor convenga al diseño de la ejecución:

- Unscaled (No escalado): presenta la expresión genética normalizada no escalada.
- Highest (Superior): escala la expresión genética normalizada de cada objetivo dividiendo el nivel de expresión de cada muestra entre el nivel superior de expresión en todas las muestras.
Esta opción de escala utiliza la fórmula de escala al valor superior.
- Lowest (Inferior): escala la expresión genética normalizada de cada objetivo dividiendo el nivel de expresión de cada muestra entre el nivel inferior de expresión en todas las muestras.

Esta opción de escala utiliza la fórmula de escala al valor inferior.

- Average (Medio): escala la expresión genética normalizada de cada objetivo dividiendo el nivel de expresión de cada muestra entre la media geométrica de los niveles de expresión en todas las muestras.

Esta opción de escala utiliza la fórmula de escala al valor medio.

Seleccione una opción para el tipo de cálculos de error (barras de error) en el gráfico Gene Expression (Expresión genética):

Multiplicador de barras de error del gráfico

Seleccione un multiplicador para las barras de error en el gráfico de «Gene Expression» (expresión genética). Seleccione uno de estos números enteros:

- +/- 1 (predeterminado)
- 2
- 3

El tipo de multiplicador cambia cuando selecciona el tipo de barra de error:

- SEM (EEM) para error estándar de la media
- Std Devs (DE) para desviación estándar

Ajustes del experimento

Consejo: El cuadro de diálogo también está disponible en el Plate Editor (Editor de placas). Para obtener más información, consulte [Cambiar los ajustes del experimento en la página 164](#).

En el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento), puede ver o modificar la lista de objetivos, muestras o grupos biológicos, seleccionar genes de referencia, seleccionar controles o configurar el grupo Gene Expression Analysis (Análisis de expresión genética) que se va a analizar si se han añadido grupos biológicos a los pocillos.

Para abrir el cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento)

- ▶ En la pestaña Graphing (Gráficos), haga clic en Experiment Settings (Ajustes del experimento) en la parte inferior del panel derecho.

El cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento), aparece mostrando la pestaña Targets (Objetivos).

Para establecer los ajustes de Targets (Objetivos)

- ▶ En la pestaña Targets (Objetivos), realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Para seleccionar un objetivo como referencia para un análisis de datos de expresión genética, seleccione su nombre en la columna Reference (Referencia).
 - Para cambiar el color del objetivo, haga clic en su celda en la columna Color y cambie el color en el cuadro de diálogo de Color que aparece.

El cambio del color aparece en los gráficos Gene Expression (Expresión genética).
 - Para utilizar un valor de eficiencia determinado anteriormente, deseccione la casilla del objetivo en la columna Auto Efficiency (Autoeficiencia) e introduzca un número para el porcentaje de eficiencia de un objetivo.

El software calcula la eficiencia relativa de un objetivo utilizando Auto Efficiency (Autoeficiencia) si los datos de un objetivo incluyen una curva normalizada.

Para establecer los ajustes de Sample (Muestra)

- ▶ En la pestaña Samples (Muestras), realice cualquiera de las siguientes acciones:
 - Para seleccionar una muestra como control para un análisis de datos de expresión genética, seleccione su nombre en la columna Control.
 - Para cambiar el color de la muestra, haga clic en su celda en la columna Color y cambie el color en el cuadro de diálogo de Color que aparece.

El cambio del color aparece en los gráficos Gene Expression (Expresión genética).
 - Para mostrar la muestra en los gráficos Gene Expression (Expresión genética), selecciónelo en la columna Show Chart (Mostrar gráfico).
 - Para eliminar la muestra de los gráficos de Gene Expression (Expresión genética), bórralo de la columna Show Chart (Mostrar gráfico).

Consejo: Los datos de muestra permanecen en la tabla Results (Resultados).

Para excluir un tipo de muestra de los cálculos del análisis

- ▶ Seleccione su casilla en la parte inferior del cuadro de diálogo Experiment Settings (Ajustes del experimento).
- Nota:** Esto excluye los controles o las normas del análisis de expresión genética.

Opciones del menú contextual

Haga clic derecho en el gráfico de expresión genética para seleccionar los elementos que aparecen en la [Tabla 32](#).

Tabla 32. Elementos del menú contextual de expresión genética

Elemento	Función
Copy (Copiar)	Copia el gráfico a un portapapeles.
Save Image As (Guardar imagen como)	Guarda el gráfico como un archivo de imagen. Establezca la resolución y las dimensiones de la imagen y posteriormente seleccione el tipo de archivo (PNG, JPG, o BMP).
Page Setup (Configuración de página)	Selecciona una configuración de página para imprimir.
Print (Imprimir)	Imprime el gráfico.
Set Scale to Default (Establecer escala a valor predeterminado)	Show All (Mostrar todo) muestra todos los datos en el gráfico de barras. La barra de desplazamiento aparece si hay demasiadas muestras para que aparezcan en el marco del gráfico conservando una amplitud mínima de las barras.
Chart Settings (Ajustes del gráfico)	Abre la ventana Chart Settings (Ajustes del gráfico) para ajustar los parámetros del gráfico.
Sort (Ordenar)	Clasifica el orden de las muestras u objetivos que aparecen en el eje X del gráfico.
Use Corrected Std Devs (Usar desviaciones estándar corregidas)	Calcula las barras de error usando la fórmula de desviación estándar corregida.
Use Solid Bar Colors (Usar colores sólidos en las barras)	Muestra colores sólidos en las barras del gráfico.
X-Axis Labels (Etiquetas del eje X)	Muestra las etiquetas del eje X horizontalmente o en ángulo.

Hoja de cálculo de datos

En la [Tabla 33](#) se definen los datos que se muestran en Gene Expression Data Table (Tabla de datos de expresión genética).

Nota: Los valores en la tabla se calculan en base al tipo de gráfico y a las preferencias seleccionadas en el panel de la derecha.

Tabla 33. Descripción de la información en la hoja de cálculo de la pestaña

Información	Descripción
Target (Objetivo)	Nombre del objetivo (gen amplificado) seleccionado en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento).
Biological Group (Grupo biológico) Sample Biological Group (Grupo biológico de muestra) Biological Group Sample (Muestra de grupo biológico)	Nombre de la muestra o grupo biológico seleccionado en la ventana Experiment Settings.
Control	Nombre del control seleccionado en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento). Cuando Analyze Using (analizar usando) está configurado en Samples Only (solo muestras), Control es la muestra seleccionada en la ventana Experiment Settings. Cuando Biological Groups Only (Solo grupos biológicos), Sample Biological Group (Grupo biológico de muestra) o Biological Group Sample (Muestra de grupo biológico) están seleccionados, control es el grupo biológico seleccionado en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento).
Relative Quantity (Cantidad relativa) o Expression (Expresión)	Relative Quantity (Cantidad relativa) (ΔC_q) o Normalized Gene Expression (Expresión genética normalizada) ($\Delta\Delta C_q$), en función del modo seleccionado.
Relative Quantity SEM (SEM de cantidad relativa) o Expression SEM (SEM de la expresión) (o SD)	Error estándar de la media (SEM) o desviación estándar (SD) de la cantidad relativa o expresión normalizada, dependiendo de la opción seleccionada. Disponible solo si Analyze Using está fijado a Samples Only, Sample Biological Group o Biological Group Sample.

Información	Descripción
Corrected Relative Quantity SEM (SEM de cantidad relativa corregida) o Corrected Expression SEM (SEM de la expresión corregida) (o SD)	Cálculo del valor corregido para SEM o SD de la cantidad relativa o la expresión normalizada, dependiendo de la opción seleccionada. Disponible solo si Analyze Using (Analizar utilizando) está configurado como Samples Only (Solo muestras), Sample Biological Group (Grupo biológico de muestras) o Biological Group Sample (Muestra de grupo biológico).
Mean C _q (Cq medio)	Media del ciclo de cuantificación (no aparece si Analyze Using (analizar usando) está fijado en Biological Groups Only (solo grupos biológicos))
C _q SEM (SEM del Cq) (o SD)	SEM o SD del ciclo de cuantificación, dependiendo de la opción seleccionada (no aparece si Analyze Using (analizar usando) está fijado en Biological Groups Only (solo grupos biológicos)).

Opción de mostrar detalles

En la [Tabla 34](#) se definen los datos que aparecen cuando la opción Show Details (Mostrar detalles) está seleccionada en el menú contextual de la hoja de cálculo del gráfico de barras.

Tabla 34. Información en la hoja de cálculo del gráfico de barras con la opción Show Details (Mostrar detalles) seleccionada

Información	Descripción
Data Set (Conjunto de datos)	Datos de fluorescencia de un fluorocromo en el archivo de datos
Relative Quantity (Cantidad relativa)	Cantidad relativa calculada de muestras
Relative Quantity SD (SD de la cantidad relativa)	Desviación estándar del cálculo de la cantidad relativa
Corrected Relative Quantity SD (SD de la cantidad relativa corregida)	Desviación estándar calculada de la cantidad relativa corregida
Relative Quantity SEM (SEM de la cantidad relativa)	Error estándar de la media (SEM) del cálculo de la cantidad relativa
Corrected Relative Quantity SEM (SEM de la cantidad relativa corregida)	Error estándar de la media calculado de la cantidad relativa corregida
Relative Quantity(lg) (Cantidad relativa(lg))	Log ₂ de la cantidad relativa que se usa para el análisis estadístico
SD RQ(lg) (Desviación estándar de cantidad relativa(lg))	Desviación estándar de la cantidad relativa (log ₂)
SEM Expression(lg) (SEM de expresión(lg))	Error estándar de la media de la expresión (log ₂)
Unscaled Expression (Expresión sin escalar)	Expresión calculada sin escalar
Unscaled Expression SD (SD de la expresión sin escalar)	Desviación estándar calculada de la expresión sin escalar

Tabla 34. Información en la hoja de cálculo del gráfico de barras con la opción Show Details (Mostrar detalles) seleccionada, continuación

Información	Descripción
Corrected Unscaled Expression SD (SD de la expresión sin escalar corregida)	Desviación estándar calculada de la expresión sin escalar corregida
Unscaled Expression SEM (SEM de la expresión sin escalar)	Error estándar calculado de la media de la expresión sin escalar
Corrected Unscaled Expression SEM (SEM de la expresión sin escalar corregida)	Error estándar de la media calculado de la expresión sin escalar corregida
Unscaled Expression(lg) (Expresión sin escalar(lg))	Log ₂ de la expresión sin escalar
SD Unscaled Expression(lg) (SD de la expresión sin escalar(lg))	Desviación estándar de la expresión sin escalar (log ₂)
SEM Unscaled Expression(lg) (Expresión sin escalar SEM (lg))	Error estándar de la media de la expresión sin escalar (log ₂)
Expression (Expresión)	Expresión genética normalizada
Corrected Expression SD (SD de la expresión corregida)	Desviación estándar calculada de la expresión sin escalar corregida
Expression SEM (SEM de la expresión)	Error estándar de la media de la expresión
Corrected Expression SEM (SEM de la expresión corregida)	Error estándar de la media calculado de la expresión sin escalar corregida
Expression(lg) (Expresión(lg))	Log ₂ de la expresión (expresión normalizada) que se usa para el análisis estadístico
Expresión de SD (lg)	Desviación estándar de la expresión (log ₂)
SEM Expression(lg) (SEM de expresión(lg))	Error estándar de la media de la expresión (log ₂)
Mean C _q (Cq medio)	Media del ciclo de cuantificación

Tabla 34. Información en la hoja de cálculo del gráfico de barras con la opción Show Details (Mostrar detalles) seleccionada, continuación

Información	Descripción
C _q SD (SD del C _q)	Desviación estándar del ciclo de cuantificación
C _q SEM (SEM del C _q)	Error estándar de la media del ciclo de cuantificación

Clustergrama

El clustergrama muestra los datos en una jerarquía basada en el grado de similitud de la expresión para distintos objetivos y muestras.

Nota: Debe escoger un objetivo de referencia para mostrar cualquiera de los diagramas que no sean de expresión relativa para gráficos de barras.

La imagen del clustergrama representa la expresión relativa de una muestra u objetivo de la siguiente manera:

- Regulación ascendente (rojo): expresión superior
- Regulación descendente (verde o azul): expresión inferior
- Sin regulación (negro)
- Sin valor calculado (negro con una X blanca)

Cuanto más claro sea el tono del color, mayor será la diferencia de expresión relativa. Si no se puede calcular un valor C_q normalizado, el cuadrado será negro con una X blanca.

En los bordes exteriores del diagrama hay un dendrograma, que indica la jerarquía de los clústeres. Los objetivos y las muestras con patrones de expresión similares tendrán ramas adyacentes, mientras que aquellos con patrones diferentes serán más distantes.

Ajustes

Puede establecer las siguientes opciones:

- Cluster By (Agrupar por): seleccione Targets (Objetivos), Samples (Muestras), Both (Ambos) o None (Ninguno).
- Size (Tamaño): ajusta el tamaño de la imagen y cambia el grado de magnificación del gráfico.
- Split Out Replicates (Repeticiones divididas): muestra valores para las repeticiones individuales.

Consejo: Puede cambiar el esquema de color para el del rojo/verde predeterminados a rojo/azul, seleccionando esta opción del menú contextual en cualquiera de estos gráficos.

Opciones del menú contextual

Las opciones del menú contextual para el clustergrama son las mismas que para el gráfico de barras. Consulte la [Tabla 32 en la página 293](#) para más información sobre las opciones disponibles. Asimismo, seleccione Color Scheme (Esquema de colores) para cambiar la expresión de regulación decreciente del rojo/verde predeterminados a rojo/azul en el gráfico.

Hoja de cálculo de datos

La hoja de cálculo muestra valores para el objetivo, la muestra y la expresión normalizada.

Diagrama de dispersión

El diagrama de dispersión presenta la expresión normalizada de objetivos para un control en comparación con una muestra de experimento. Las líneas en el diagrama indican el umbral de cambio doble. Los puntos de datos entre las líneas indican que la diferencia en expresión de ese objetivo (gen) es negligible entre las muestras. Los puntos de datos fuera de las líneas exceden el umbral de cambio doble y pueden ser de interés.

La imagen del diagrama muestra los siguientes cambios en la expresión objetivo basándose en el umbral del cambio doble:

- Regulación ascendente (círculo rojo): expresión relativamente superior
- Regulación descendente (círculo verde o azul): expresión relativamente inferior
- Sin cambio (círculo negro)

Haga clic y arrastre cualquier línea del umbral para ajustar el valor del umbral del cambio doble.

Settings (Ajustes)

Puede establecer las siguientes opciones:

- Control Sample (Muestra de control)
- Experimental Sample (Muestra experimental)
- Fold Change Threshold (Umbral de cambio doble) Conforme aumenta o disminuye el valor del cambio doble, las líneas del umbral en el gráfico se mueven en consecuencia.

Opciones del menú contextual

Las opciones del menú contextual para el diagrama de dispersión son las mismas que las del gráfico de barras. Consulte la [Tabla 32 en la página 293](#) para obtener más información acerca de las opciones disponibles. Además, seleccione Symbol (Símbolo) para cambiar el símbolo utilizado en el diagrama (por defecto, un círculo) a uno de los siguientes:

- Triángulo
- Cruz
- Cuadrado
- Rombo

Hoja de cálculo de datos

La hoja de cálculo muestra los valores de la expresión objetivo y normalizada para las muestras de control y experimentales. También indican si los objetivos tienen regulación ascendente o descendente en comparación con la regulación objetivo.

Hoja de cálculo de resultados

La hoja de cálculo Results (Resultados) resume los datos de todos los gráficos. En la [Tabla 35](#) se definen los datos que se muestran en la hoja de cálculo Results (Resultados).

Tabla 35. Información de la pestaña Results (Resultados)

Información	Descripción
Target (Objetivo)	Nombre objetivo (gen amplificado)
Sample (Muestra)	Nombre de la muestra
Mean C _q (Cq medio)	Media del ciclo de cuantificación
Mean Efficiency Corrected C _q (Cq medio de eficiencia corregida)	Media del ciclo de cuantificación después de ajustar la eficiencia de reacción
Expresión normalizada	Expresión objetivo normalizada para un objetivo de referencia ($\Delta\Delta C_q$)
Relative Normalized Expression (Expresión relativa normalizada)	Expresión normalizada relativa a la muestra de control; también denominada Fold Change (Cambio doble)
Regulation (Regulación)	Cambio en la expresión relativa a la muestra de control
Compared to Regulation Threshold (En comparación con el umbral de regulación)	Regulación ascendente o decreciente de una muestra experimental basada en la configuración del umbral

Nota: Los datos de repeticiones se encuentran solo en las hojas de cálculo de las pestañas de análisis de datos en las que se ha seleccionado Split Out Replicates (Repeticiones divididas) (es decir Clustergram (Clustergrama)). Puede haber una discrepancia entre los datos de expresión en las hojas de cálculo del análisis de la expresión genética si selecciona None (Ninguna) en la muestra de control en el gráfico de barras.

Estudio genético

Cree un estudio genético para comparar los datos de expresión genética de uno o más experimentos de PCR a tiempo real utilizando un calibrador durante el procesamiento a normalizar entre los experimentos. Cree un estudio genético añadiendo los datos de uno o más archivos de datos (extensión .pcrd) al estudio genético. El software los agrupa en un solo archivo (extensión .mgxd).

Nota: El número máximo de muestras que puede analizar en un estudio genético está limitado por el tamaño de la memoria RAM y la memoria virtual del ordenador.

Calibración durante la ejecución

La calibración durante la ejecución se intenta en cada estudio genético para cada objetivo con el fin de normalizar las variaciones durante la ejecución entre los objetivos evaluados en ejecuciones independientes de PCR en tiempo real (es decir, archivos .pcrd diferentes generados de diferentes placas).

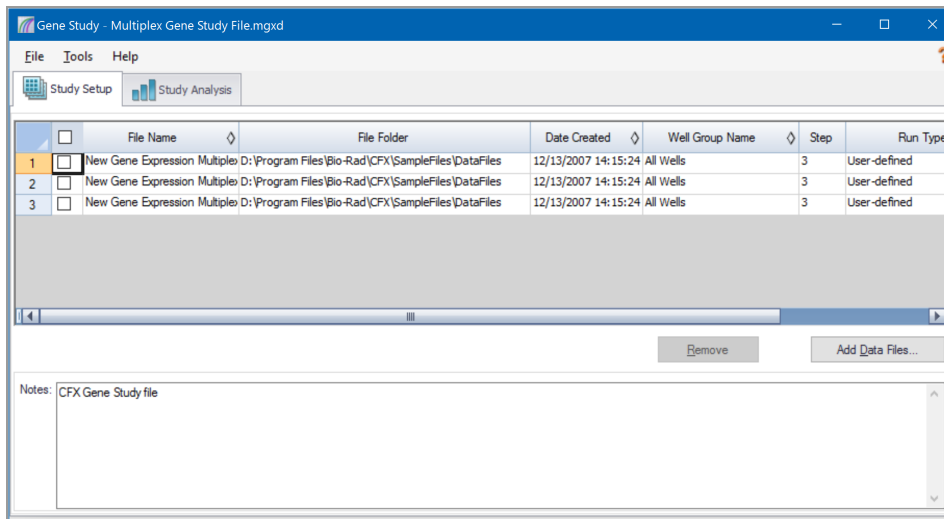
Para que el software reconozca una muestra como calibrador durante la ejecución, debe compartir el mismo nombre de objetivo, nombre de muestra y, si se utiliza, nombre del grupo biológico en cada placa que se compara.

Nota: Como mínimo debe haber presente un calibrador durante la ejecución en el estudio genético para que se lleve a cabo la calibración durante la ejecución. Los objetivos sin muestras adecuadas de calibrador durante la ejecución se procesarán sin corrección en el estudio genético (no recomendado).

Los calibradores durante la ejecución se pueden aplicar de dos maneras:

- Per target (Por objetivo): los diferentes cebadores de PCR pueden tener eficiencias diferentes. De forma predeterminada, se aplica el calibrador durante la ejecución a todos los pocillos en la misma placa que tienen el mismo nombre del objetivo, por ejemplo el C_q generado con la misma evaluación.
- Entire study (Estudio completo): se selecciona un calibrador durante la ejecución por parte del usuario y se aplica a todo el estudio genético.

Cuadro de diálogo del estudio genético



El cuadro de diálogo Gene Study (Estudio genético) incluye dos pestañas:

- Pestaña Study Setup (Configuración del estudio): gestiona la ejecuciones del estudio genético.
 - Importante:** Añadir o eliminar archivos de datos en un estudio genético no cambia los datos en el archivo original.
- Pestaña Study Análisis (Análisis del estudio): presenta los datos de expresión genética de las ejecuciones combinadas.

Pestaña de configuración del estudio

En la [Tabla 36](#) se definen los datos que aparecen en la pestaña Study Setup (Configuración del estudio).

Tabla 36. Pestaña Study Setup (Configuración del estudio) en el cuadro de diálogo Gene Study (Estudio genético)

Título de la columna	Descripción
File Name (Nombre de archivo)	Nombre del archivo de datos de ejecución (extensión .pcrd)
File Folder (Carpeta del archivo)	Directorio que almacena el archivo de datos para cada ejecución en el estudio genético

Tabla 36. Pestaña Study Setup (Configuración del estudio) en el cuadro de diálogo Gene Study (Estudio genético), continuación

Título de la columna	Descripción
Date Created (Fecha de creación)	Fecha en la que se recogieron los datos de ejecución
Well Group Name (Nombre del grupo de pocillos)	Nombre del grupo de pocillos que se seleccionó cuando se añadió el archivo al estudio genético Consejo: Para analizar un grupo de pocillos en el estudio genético, debe seleccionar ese grupo de pocillos en la ventana Data Analysis (Análisis de datos) antes de importar el archivo de datos al estudio genético.
Step (Paso)	Paso del protocolo que incluye la lectura de la placa para recoger datos de PCR a tiempo real
Run Type (Tipo de ejecución)	Definido por el usuario o ejecución de PrimePCR
Protocol Edited (Protocolo editado)	Si se selecciona, indica que el protocolo utilizado para una ejecución de PrimePCR ha sido editado
View Plate (Ver placa)	Abre un mapa de placa de la placa con los datos en cada una de las ejecuciones incluidas en el estudio genético

Preparar un estudio génico

Para preparar un estudio génico

1. Antes de importar datos a un estudio génico, haga lo siguiente en la ventana Data Analysis (Análisis de datos):

- Verifique que las muestras con el mismo contenido tienen el mismo nombre. En un estudio génico, el software asume que los pocillos con el mismo nombre de objetivo o de muestra contienen la misma muestra.
- Ajuste la referencia y el umbral (C_q) en la pestaña Quantification (Cuantificación) para optimizar los datos en cada ejecución.
- Seleccione el grupo de pocillos que quiere incluir en el estudio genético.

Para mostrar los datos de un grupo de pocillos en el estudio genético, ese grupo debe estar seleccionado antes de importar el archivo de datos.

La pestaña Study Setup (Configuración del estudio) muestra una lista de todas las ejecuciones del estudio genético.

2. En el cuadro de diálogo Gene Study (Estudio genético), seleccione la pestaña Study Setup (Configuración del estudio).
3. Haga clic en Add Data Files (Añadir archivos de datos) para seleccionar un archivo de la ventana del explorador.

Consejo: Para añadir series rápidamente a un estudio genético, arrastre los archivos de datos (extensión .pcrd) al cuadro de diálogo Study Setup (Configuración de estudio).

4. El CFX Maestro Dx SE realiza automáticamente el análisis del estudio genético a medida que añade los archivos de datos. Seleccione la pestaña Study Analysis (Análisis del estudio) para ver los resultados.

Para eliminar ejecuciones del estudio genético

- ▶ Seleccione uno o más archivos de datos en la lista y haga clic en Remove (Eliminar).

Para añadir notas sobre el estudio genético

- ▶ Introduzca notas sobre los archivos y análisis en el cuadro de texto Notes (Notas).

Pestaña Study Analysis (Análisis del estudio)

La pestaña Study Analysis (Análisis del estudio) presenta los datos de todas las ejecuciones del estudio genético. Las opciones de análisis de datos de expresión genética son las mismas que las de un archivo de datos individual con las siguientes excepciones:

- En el caso de los gráficos de barras, los valores de calibración durante el procesamiento (si se calculan) aparecen cuando hace clic en Inter-run Calibration (calibración durante la ejecución).

Nota: Solo los siguientes tipos de muestra se pueden utilizar como calibrador durante la ejecución:

- Unknown (Desconocido)
- Error
- Positive Control (Control positivo)

Los tipos de muestra de control negativo, sin control de la plantilla (NTC) y sin control de transcriptasa inversa (NRT), no se pueden utilizar como calibrador durante la ejecución.

- La herramienta de selección de genes de referencia identifica los genes de referencia analizados y los categoriza como Ideal (Ideal), Acceptable (Aceptable) o Unstable (Inestable), según su estabilidad.

- Los genes de referencia ideales son estables y representan variaciones mínimas en las muestras analizadas.
- Los genes de referencia aceptables no son idealmente estables y representan una variación moderada en las muestras analizadas. Utilice estos genes de referencia en el análisis si no hay ningún gen de referencia ideal presente.
- Los genes de referencia inestables representan una variación excesiva en las muestras analizadas. Se recomienda que estos genes se excluyan de los análisis.
- La herramienta de controles PrimePCR presenta los resultados de las muestras analizadas en una tabla:
 - La pestaña Summary (Resumen) presenta un resumen de todas las muestras analizadas. Las muestras que pasaron todas las evaluaciones de control aparecen en verde. Las muestras que suspendieron una o más evaluaciones de control aparecen en amarillo.
 - La pestaña PCR presenta los resultados de la evaluación de control positiva de PCR. Esta evaluación detecta inhibición o problemas en el experimento que afectan a la expresión genética.
 - La pestaña RT (Transcripción inversa) presenta los resultados de la evaluación de control de transcripción inversa. Esta evaluación valora cualitativamente el rendimiento de RT (Transcripción inversa) e identifica muestras en las que el rendimiento de RT (Transcripción inversa) puede deteriorar la expresión genética.
 - La pestaña gDNA (ADNg) presenta los resultados de la evaluación de control de contaminación de ADN. Esta evaluación determina si el ADN genómico (ADNg) está presente en una muestra a un nivel que puede afectar a los resultados de qPCR.
 - La pestaña RQ muestra los resultados de las evaluaciones de calidad de ARN (RQ1 y RQ2). Estas evaluaciones valoran cualitativamente si la integridad de ARN puede afectar de forma negativa a la expresión genética.

Categorías de informe del estudio genético

Use el cuadro de diálogo Gene Study Report (Informe del estudio genético) para organizar los datos del estudio genético en un informe. La [Tabla 37](#) muestra todas las opciones disponibles para un informe de estudio genético.

Tabla 37. Categorías para un informe de estudio genético

Categoría	Opción	Descripción
Header (Encabezado)		
		Título, subtítulo y logotipo para el informe
	Report Information (Información del informe)	Fecha, nombre de usuario, nombre del archivo de datos, ruta del archivo de datos y grupo de pocillos seleccionados
	Gene Study File List (Lista de archivos del estudio genético)	Lista de todos los archivos de datos del estudio genético
	Notes (Notas)	Notas sobre el informe de datos
Study Analysis (Análisis del estudio): Bar Chart (Gráfico de barras)		
	Analysis Settings (Ajustes del análisis)	Lista de los parámetros de análisis seleccionados
	Chart (Gráfico)	Gráfico de barras de expresión genética mostrando los datos
	Target Names (Nombres de objetivo)	Lista de objetivos en el estudio genético
	Sample Names (Nombres de muestras)	Lista de muestras en el estudio genético
	Data (Datos)	Hoja de cálculo que muestra los datos
	Target Stability (Estabilidad del objetivo)	Datos de estabilidad del objetivo
	Inter-run Calibration (Calibración durante la ejecución)	Datos de calibración durante la ejecución
	Box-and-Whisker Chart (Gráfico de cuadros y márgenes)	Gráfico de cuadros y márgenes de la expresión genética
	Dot-Plot Chart (Diagrama de puntos)	Diagrama de puntos de la expresión genética

Tabla 37. Categorías para un informe de estudio genético, continuación

Categoría	Opción	Descripción
Study Analysis (Análisis del estudio): Clustergram (Clustergrama) y Scatter Plot (Diagrama de dispersión)		
	Analysis Settings (Ajustes del análisis)	Ajustes para cada tipo de gráfico
	Chart (Gráfico)	Gráfico de expresión genética mostrando los datos
	Data (Datos)	Hoja de cálculo enumerando los datos en cada objetivo
Study Analysis (Análisis del estudio): ANOVA Data (Datos ANOVA)		
	ANOVA Settings (Ajustes ANOVA)	Umbral del valor de P usado en el análisis
	ANOVA Results (Resultados ANOVA)	Tabla de resultados de ANOVA y del análisis pos hoc de Tukey
	Shapiro-Wilk Normality Test (Test de normalidad Shapiro-Wilk)	Grupo biológico, recuento, valor de P y cualquier error que tenga lugar en el análisis para cada objetivo
	ANOVA Errors (Errores ANOVA)	Errores identificados durante los cálculos de ANOVA

Crear un informe del estudio genético

Para crear un informe del estudio genético

1. Ajuste los datos del informe y los gráficos del estudio genético según sea necesario antes de crear un informe.
2. Seleccione Tools (Herramientas) > Reports (Informes) en el menú Gene Study (Estudio genético) para abrir el cuadro de diálogo Report (Informe).
3. Seleccione las opciones que desee incluir en el informe. El informe se abre con las opciones predeterminadas seleccionadas. Seleccione o deseleccione las casillas de verificación para cambiar todas las categorías u opciones individuales dentro de una categoría.

En [Categorías de informe del estudio genético en la página 308](#) se enumeran las opciones disponibles a mostrar.

4. Cambie el orden de categorías y elementos en un informe. Arrastre las opciones hasta la posición requerida. Los elementos se pueden volver a ordenar solo dentro de las categorías a las que pertenecen.
5. Haga clic en Update Report (Actualizar informe) para actualizar la previsualización del informe con cualquier cambio realizado.
6. Imprima o guarde el informe. Haga clic en el botón Print Report (Imprimir informe) en la barra de herramientas para imprimir el informe actual. Seleccione File (Archivo) > Save (Guardar) para guardar el informe en formato de archivo PDF (archivo de Adobe Acrobat Reader) y seleccione una ubicación en la que guardar el archivo. Seleccione File (Archivo) > Save As (Guardar como) para guardar el informe con un nombre nuevo o en una nueva ubicación.
7. (Opcional) Cree una plantilla de informe con la información que desee. Para guardar los ajustes del informe actual en una plantilla, seleccione Template (Plantilla) > Save (Guardar) o Save As (Guardar como). Posteriormente, cargue la plantilla del informe la próxima vez que desee realizar un nuevo informe.

Apéndice A Cálculos de análisis de datos

El Software CFX Maestro Dx, Security Edition calcula fórmulas automáticamente y muestra los resultados en las pestañas de Data Analysis (Análisis de datos). Este apéndice explica en detalle cómo el CFX Maestro Dx SE calcula las fórmulas.

Eficiencia de la reacción

Las pruebas demuestran que utilizar una medición precisa de las eficiencias de cada cebador y grupo de sondas le proporcionará resultados más precisos cuando analice datos de expresión genética. El valor predeterminado de eficiencia utilizado en los cálculos de expresión genética es el 100 %. Para evaluar la eficiencia de reacción, genere una curva normalizada utilizando diluciones en serie de una muestra representativa en un rango dinámico relevante y, a continuación, registre la eficiencia del análisis de expresión genética posterior. Si su procesamiento incluye una curva normalizada, el software calcula automáticamente la eficiencia y la muestra bajo la curva normalizada en la pestaña Quantification (Cuantificación) cuando se comprueba la Auto Efficiency (Autoeficiencia) en la pestaña Targets (Objetivos) en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento).

La eficiencia (E) en las fórmulas de eficiencia se refiere a las “eficiencias” (eficiencias), según se describe en Pfaffl (2001) y Vandesompele et al. (2002). En estas publicaciones, una eficiencia de 2 (duplicación perfecta con cada ciclo) es equivalente a una eficiencia del 100 % en este software. Tiene la opción de convertir sus cálculos de eficiencia a los utilizados en el software, utilizando las siguientes relaciones matemáticas:

- $E = (\% \text{ Eficiencia} * 0,01) + 1$
- $\% \text{ Eficiencia} = (E - 1) * 100$

Cantidad relativa

La fórmula de la cantidad relativa (ΔC_q) para cualquier muestra (GOI) es:

$$\text{Cantidad relativa}_{\text{muestra (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{(C_q(\text{min}) - C_q \text{ muestra})}$$

Nota: Esta fórmula se utiliza para calcular la cantidad relativa cuando no hay ninguna muestra de control definida.

Donde:

- E = Eficiencia del cebador y el grupo de sondas. Esta eficiencia se calcula con la fórmula (% de eficiencia * 0,01) + 1, donde 100 % de eficiencia = 2
- $C_{q(\min)}$ = C_q medio para la muestra con la media C_q más baja para GOI
- $C_{q(\text{muestra})}$ = C_q medio para la muestra
- GOI = Gen de interés (un objetivo)

Cantidad relativa cuando un control está seleccionado

Cuando se asigna una muestra o un grupo biológico de control, entonces la cantidad relativa (RQ) para cualquier muestra con un gen de interés (GOI) se calcula con la siguiente fórmula:

$$\text{Cantidad relativa}_{\text{muestra (GOI)}} = E_{\text{GOI}} \left(C_{q(\text{control})} - C_{q(\text{muestra})} \right)$$

Donde:

- E = Eficiencia del cebador y el grupo de sondas. Esta eficiencia se calcula con la fórmula (% eficiencia * 0.01) + 1, donde 100 % de eficiencia = 2
- $C_{q(\text{control})}$ = C_q promedio para la muestra de control
- $C_{q(\text{muestra})}$ = C_q medio para cualquier muestra con un gen de interés (GOI)
- GOI = Gen de interés (un objetivo)

Desviación estándar de cantidad relativa

Importante: Este cálculo solo es aplicable cuando se configura Analyze Using (Analizar utilizando) como Samples Only (Solo muestras), Sample Biological Group (Grupo biológico de muestras) o Biological Group Sample (Muestra del grupo biológico).

La fórmula de la desviación estándar de la cantidad relativa es:

$$\text{SD Cantidad relativa} = \text{SD } C_{q\text{GOI}} \times \text{Cantidad relativa}_{\text{muestra (GOI)}} \times \text{Ln} (E_{\text{GOI}})$$

Donde:

- SD de cantidad relativa = Desviación estándar de la cantidad relativa
- $\text{SD } C_{q\text{GOI}} \text{ muestra}$ = Desviación estándar del C_q de la muestra (GOI)
- Cantidad relativa = Cantidad relativa de la muestra
- E = Eficiencia del cebador y el grupo de sondas. Esta eficiencia se calcula con la fórmula (% eficiencia * 0.01) + 1, donde 100 % de eficiencia = 2

- GOI = Gen de interés (un objetivo)

Eficiencia corregida C_q (C_{qE})

La fórmula de eficiencia corregida C_q es:

$$C_{qE} = C_q \times (\log(E)/\log(2))$$

Donde:

- E = Eficiencia

C_q de eficiencia corregida media (MC_{qE})

La fórmula para C_q de eficiencia corregida media es:

$$MC_{qE} = \frac{C_{qE}(\text{Rep 1}) + C_{qE}(\text{Rep 2}) + \dots + C_{qE}(\text{Rep n})}{n}$$

Donde:

- C_{qE} = C_q de eficiencia corregida
- n = número de repeticiones

Expresión normalizada

Expresión normalizada ($\Delta\Delta C_q$) es la cantidad relativa de su objetivo (gen) normalizado a las cantidades de los objetivos de referencia (genes o secuencias) en su sistema biológico. Para seleccionar los objetivos de referencia, abra la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento) y haga clic en la columna de referencia para cada objetivo que sirva como gen de referencia.

La fórmula para la expresión normalizada, que utiliza el cálculo de cantidad relativa (RQ) calculada, es:

$$\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}} = \frac{\text{RQ}_{\text{muestra (GOI)}}}{(\text{RQ}_{\text{muestra (Ref 1)}} \times \text{RQ}_{\text{muestra (Ref 2)}} \times \dots \times \text{RQ}_{\text{muestra (Ref n)}})^{\frac{1}{n}}}$$

Donde:

- RQ = Cantidad relativa de una muestra
- Ref = Objetivo de referencia en una ejecución que incluye uno o más objetivos de referencia de cada muestra
- GOI = Gen de interés (un objetivo)

En el supuesto caso de que los objetivos de referencia no cambien su nivel de expresión en su sistema biológico, el cálculo de la expresión normalizada constituirá las diferencias de carga o variaciones en el número de células que se representan en cada una de sus muestras.

Expresión y cantidad relativa para grupos biológicos

Cuando Analyze Using (Analizar utilizando) se configura como Biological Groups Only (Solo grupos biológicos), el software muestra la expresión media (expresión normalizada o cantidad relativa, dependiendo de la selección del modo) de las muestras dentro del grupo biológico. Dado que la expresión tiene una distribución logarítmica normal, la media de la expresión se obtiene utilizando la media geométrica:

$$\text{Expression biological group} = \sqrt[n]{\text{Exp}_1 \cdot \text{Exp}_2 \cdot \dots \cdot \text{Exp}_n}$$

Donde:

- $\text{Exp}_1, \text{Exp}_2, \text{Exp}_n$ = Cantidad relativa o expresión normalizada de las muestras en el grupo biológico
- n = Número de muestras en el grupo biológico

Expresión normalizada cuando un control está seleccionado

Cuando selecciona una muestra de control en la ventana Experiment Settings (Ajustes del experimento), el software establece el nivel de expresión de la muestra de control en 1. En esta situación, el software normaliza las cantidades relativas de todos los objetivos (genes) a la cantidad de control (un valor de 1). La expresión normalizada es equivalente al análisis de la expresión normalizada sin escalar cuando se selecciona un control.

Nota: Esto también se conoce como expresión normalizada relativa (RNE) y cambio doble.

Desviación estándar de la expresión normalizada

Reajustar el valor de la expresión normalizada se consigue dividiendo la desviación estándar de la expresión normalizada entre el valor de la expresión normalizada para los niveles de expresión individual más altos o más bajos, dependiendo de la opción de reajuste que seleccione. La fórmula de la desviación estándar (DE) del factor de normalización es la siguiente:

$$SD NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SD RQ_{muestra (Ref 1)}}{n \times RQ_{muestra (Ref 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SD RQ_{muestra (Ref 2)}}{n \times RQ_{muestra (Ref 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SD RQ_{muestra (Ref n)}}{n \times RQ_{muestra (Ref n)}}\right)^2}$$

Donde:

- RQ = Cantidad relativa de una muestra
- SD = Desviación estándar
- NF = Factor de normalización
- Ref = Objetivo de referencia
- n = Número de objetivos de referencia

Cuando se asigna una muestra de control, no necesita realizar esta función de reajuste en la desviación estándar, según se muestra en la siguiente fórmula:

$$SD NE_{muestra (GOI)} = NE_{muestra (GOI)} \times \sqrt{\left(\frac{SD NF_{muestra}}{NF_{muestra}}\right)^2 + \left(\frac{SD RQ_{muestra (GOI)}}{RQ_{muestra (GOI)}}\right)^2}$$

Donde:

- NE = Expresión normalizada
- RQ = Cantidad relativa de una muestra
- SD = Desviación estándar
- GOI = Gen de interés (un objetivo)

Expresión normalizada ajustada al nivel de expresión más alto de la escala

Cuando el procesamiento no incluye controles, escale la expresión normalizada (NE) de cada objetivo (gen) dividiendo el nivel de expresión de cada muestra entre el nivel superior de expresión en todas las muestras. El software establece el nivel más alto de expresión a un valor de 1 y vuelve a ajustar la escala de todos los niveles de expresión de muestras. La fórmula para el ajuste de escala más alta es la siguiente:

$$\text{Expresión normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}} = \frac{\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}}}{\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra muestra (GOI)}}$$

Donde:

- GOI = Gen de interés (objetivo)

Expresión normalizada escalada al nivel de la expresión más bajo

Cuando la serie no incluye controles, escale la expresión normalizada (NE) para cada objetivo (gen) dividiendo el nivel de expresión de cada muestra por el nivel de expresión más bajo de todas las muestras. El software establece el nivel de expresión más bajo a un valor de 1 y vuelve a escalar los niveles de expresión de todas las muestras. La fórmula para el escalamiento más bajo es la siguiente:

$$\text{Expresión normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}} = \frac{\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}}}{\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra muestra (GOI)}}$$

Donde:

- GOI = Gen de interés (objetivo)

Expresión normalizada escalada al nivel de la expresión media

Cuando la serie no incluye controles, escale la expresión normalizada (NE) para cada objetivo (gen) dividiendo el nivel de expresión de cada muestra por la media geométrica del nivel de expresión de todas las muestras. El software establece el nivel de expresión promedio a un valor de 1 y vuelve a escalar los niveles de expresión de todas las muestras. La fórmula para el escalado de media es la siguiente:

$$\text{Expresión normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}} = \frac{\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{muestra (GOI)}}}{\text{normalizada Expression (Expresión)}_{\text{GM (GOI)}}$$

Apéndice A Cálculos de análisis de datos

Donde:

- GOI = Gen de interés (objetivo)
- GM = media geométrica de la expresión normalizada para todas las muestras

Desviación estándar de la expresión normalizada escalada

Volver a escalar el valor de la expresión normalizada (NE) escalada se consigue dividiendo la desviación estándar (DE) de la expresión normalizada entre el valor de la expresión normalizada para el nivel de expresión más alto (MAX) o más bajo (MIN), dependiendo de la opción de escalado que seleccione.

Nota: Cuando se asigna una muestra de control, no necesita realizar esta función de volver a escalar en la desviación estándar.

El cálculo de esta fórmula es el siguiente:

$$SD \text{ Expresión NE}_{\text{muestra (GOI)}} = \frac{SD \text{ NE}_{\text{muestra (GOI)}}}{NE_{\text{MAX o MIN (GOI)}}$$

Donde:

- NE = Expresión normalizada
- SD = Desviación estándar
- GOI = Gen de interés (objetivo)
- MAX = Nivel de expresión más alto
- MIN = Nivel de expresión más bajo

Barras de error para desviación estándar(lg) y error estándar de la media(lg)

Además de su uso en intervalos de confianza, las barras de error pueden mostrarse para grupos biológicos en base a la desviación estándar o error estándar de la media del \log_2 de la expresión. Las barras de error se calculan de la siguiente manera:

$$\text{Barra de error RQ inferior} = 2^{\text{RQ(lg)} - \text{SD RQ(lg)}} \text{ o } 2^{\text{RQ(lg)} - \text{SEM RQ(lg)}}$$

$$\text{Barra de error RQ superior} = 2^{\text{RQ(lg)} + \text{SD RQ(lg)}} \text{ o } 2^{\text{RQ(lg)} + \text{SEM RQ(lg)}}$$

Donde:

- $\text{RQ(lg)} = \log_2$ de la cantidad relativa para el grupo biológico
- $\text{SD RQ(lg)} =$ desviación estándar de la cantidad relativa (\log_2)
- $\text{SEM RQ(lg)} =$ error estándar de la media de la cantidad relativa (\log_2)

$$\text{Barra de error inferior exp.} = 2^{\text{Exp.(lg)} - \text{SD Exp.(lg)}} \text{ o } 2^{\text{Exp.(lg)} - \text{SEM Exp.(lg)}}$$

$$\text{Barra de error superior exp.} = 2^{\text{Exp.(lg)} + \text{SD Exp.(lg)}} \text{ o } 2^{\text{Exp.(lg)} + \text{SEM Exp.(lg)}}$$

Donde:

- $\text{Exp.(lg)} = \log_2$ de la expresión (expresión normalizada) para el grupo biológico
- $\text{SD RQ(lg)} =$ desviación estándar de la expresión (\log_2)
- $\text{SEM RQ(lg)} =$ error estándar de la media de la expresión (\log_2)

Cambio doble

El cambio doble es una medida del aumento o disminución en la expresión de un objetivo para una muestra experimental en comparación con una muestra de control o con un grupo biológico, y se determina de la siguiente manera:

Si expresión (experimental) > expresión (control):

$$\text{Cambio doble} = \frac{\text{Expression (Expresión) (experimental)}}{\text{Expression (Expresión) (control)}}$$

Si expresión (experimental) < expresión (control):

$$\text{Cambio doble} = -1 / \left(\frac{\text{Expression (Expresión) (experimental)}}{\text{Expression (Expresión) (control)}} \right)$$

Nota: En Graphing (Gráficos), la *expresión* se basa o en la cantidad relativa o en la expresión normalizada, dependiendo del modo seleccionado (consulte [Gráficos en la página 281](#)). Sin embargo, para el Scatter Plot (Diagrama de dispersión) y el Clustergram (Clustergrama), el cambio doble se calcula siempre a partir de la expresión normalizada.

Fórmulas de valor corregido

Importante: Estos cálculos solo son aplicables cuando Analyze Using (Analizar utilizando) está configurado como Samples Only (Solo muestras), Sample Biological Group (Grupo biológico de muestra) o Biological Group Sample (Muestra de grupo biológico).

Una diferencia entre valores corregidos y valores no corregidos se ve solo si se crea una curva normalizada como parte de la ejecución de PCR en tiempo real. El software usa tres ecuaciones para determinar la propagación del error:

- Standard Error (Error estándar)
- Standard Error for Normalized Expression (Error estándar para expresión normalizada)
- Standard Error for the Normalized Gene of Interest (target) (Error estándar para el gen de interés normalizado (objetivo))

La fórmula para el error estándar es la siguiente:

$$\text{Error estándar} = \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Donde:

- n = Número de objetivos de referencia (genes)
- SD = Desviación estándar

El error estándar para el factor de normalización en la fórmula de expresión normalizada es el siguiente:

$$SE\ NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ RQ_{muestra\ (Ref\ 1)}}{n \times SE\ RQ_{muestra\ (Ref\ 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SE\ RQ_{muestra\ (Ref\ 2)}}{n \times SE\ RQ_{muestra\ (Ref\ 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SE\ RQ_{muestra\ (Ref\ n)}}{n \times SE\ RQ_{muestra\ (Ref\ n)}}\right)^2}$$

Donde:

- n = Número de objetivos de referencia
- SE = Error estándar
- NF = Factor de normalización
- RQ = Cantidad relativa

El error estándar para la fórmula del gen de interés normalizado (GOI) es el siguiente:

$$SE\ GOI_n = GOI_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ NF_n}{NF_n}\right)^2 + \left(\frac{SE\ GOI}{GOI}\right)^2}$$

Donde:

- SE = Error estándar

- GOI = Gen de interés (un objetivo)
- NF = Factor de normalización
- n = Número de objetivos de referencia

Cálculo del intervalo de confianza para análisis de grupos biológicos

Al realizar un análisis de grupo biológico (Analyze Using (Analizar utilizando) está configurado como Biological Groups Only (Solo grupos biológicos)), los intervalos de confianza se calculan para cantidad relativa y expresión normalizada relativa.

Los intervalos de confianza se calculan en escala logarítmica en base a la distribución t usando la siguiente fórmula:

$$CI = \bar{X} \pm t \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Donde:

- \bar{X} = Expresión media de los niveles de expresión en escala logarítmica de las muestras en el grupo biológico
- SD = Desviación estándar de los niveles de expresión en escala logarítmica de las muestras en el grupo biológico
- n = Número de muestras en el grupo biológico
- t = Se obtiene de la distribución t en base a los grados de libertad y el nivel alfa

Nota: El nivel alfa puede establecerse usando el campo del umbral del valor de P en la pestaña Graphing (Gráficos).

Después de calcular los intervalos de confianza, estos se convierten a escala lineal y se presentan en la tabla de datos de expresión genética y en el gráfico de barras de la pestaña Graphing (Gráficos).

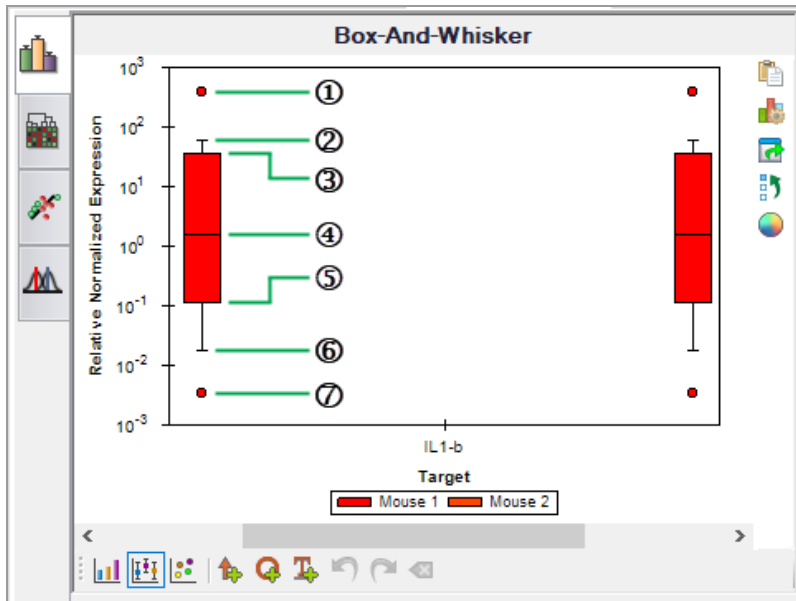
Cálculos del gráfico de cuadros y márgenes

El gráfico de cuadros y márgenes muestra la distribución de los valores de expresión en un grupo biológico trazando los datos en una gráfica como cuartiles. El primer y el tercer cuartil vienen representados por el límite inferior y el límite superior del cuadro, respectivamente. La media se muestra como una línea sólida a través del cuadro. Los márgenes representan los valores mínimo y máximo no

atípicos del conjunto de datos. Los valores atípicos son valores que exceden el primer cuartil y el tercer cuartil por 1,5 veces el rango entre cuartiles.

Nota: Si solo hay una muestra en el grupo biológico, aparece como un único círculo, indicando un único punto de datos.

El siguiente gráfico de cuadros y márgenes ilustra cómo se representan estos datos.



LEYENDA

1. Valor atípico. Este valor atípico es $> Q3 + (1,5 \times [Q3 - Q1])$.
Nota: Coloque el cursor sobre el círculo para que aparezca información sobre el nombre de muestra y la cantidad relativa o expresión normalizada, dependiendo del modo que se haya seleccionado.

2. Límite máximo no atípico

3. Superior/tercer cuartil (Q3). El 75 % de los valores de expresión son menores que Q3.

4. Media, o valor más cercano a la meda, de los valores de expresión clasificados por rango

5. Inferior/primer cuartil (Q1). El 25 % de los valores de expresión son menores que Q1.

6. Límite mínimo no atípico

7. Valor atípico. Este valor atípico es $< Q1 - (1,5 \times [Q3 - Q1])$.

Apéndice B Registros de auditoría

El Software CFX Maestro Dx, Security Edition crea registros de auditoría de datos y archivos de estudios genéticos (archivos .prcd y .mgxd respectivamente). Cualquier cambio o acción realizada en datos y archivos de estudios genéticos protegidos queda registrada en el registro de auditoría del archivo cuando este se guarda. El CFX Maestro Dx SE crea un registro de auditoría independiente para cada archivo.

Puede seleccionar File (Archivo) > Save As (Guardar como) y guardar datos y archivos de estudios genéticos protegidos firmados o sin firmar en otra carpeta o con otro nombre. El nuevo archivo hereda el registro de auditoría del archivo original. El registro de auditoría del nuevo archivo también incluye la actividad Save As (Guardar como). Los cambios o las acciones realizadas en el nuevo archivo se registran en su propio registro de auditoría. El archivo original conserva su registro de auditoría, en el que se registra cualquier actividad que se realice posteriormente.

En [Eventos auditables en la página 329](#) se indican los eventos auditables que registra el software.

Visualizar registros de auditoría

Cada registro de auditoría muestra la siguiente información:

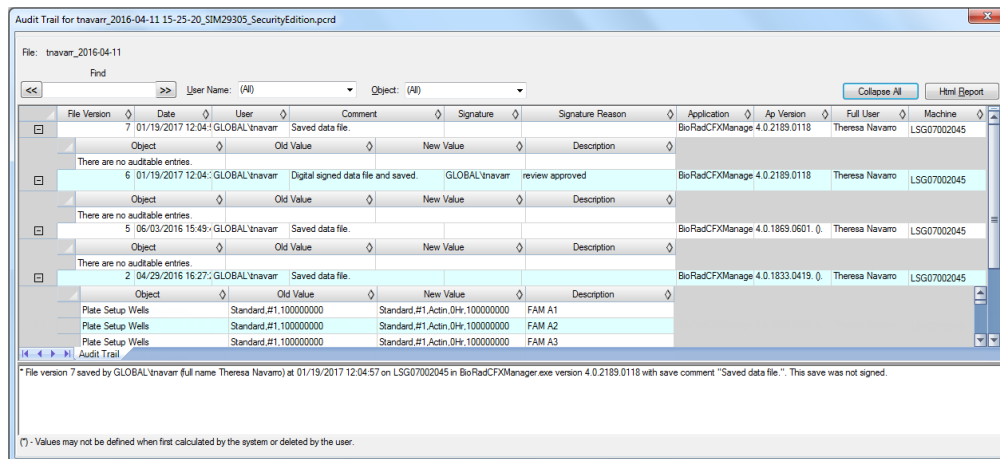
- Detalles del encabezado de auditoría
 - File version (Versión del archivo): la versión guardada del archivo.
 - Date (Fecha): la fecha del evento auditable actual
 - User (Usuario): el dominio de Windows y el nombre de usuario del usuario que ha iniciado sesión.
 - Comment (Comentario): el último comentario guardado.
 - Signature (Firma): la firma electrónica de la última persona que firmó el archivo.
 - Signature reason (Motivo de la firma): el motivo de la firma.
 - Application (Aplicación): CFX Maestro Dx SE.
 - Application version (Versión de la aplicación): la versión actual de CFX Maestro Dx SE.
 - Full user (Usuario completo): el nombre completo del usuario que ha iniciado sesión.
 - Machine (Equipo): el ordenador en el que está instalado el CFX Maestro Dx SE.

■ Detalles del cambio de auditoría

- Object (Objeto): el elemento que se ha cambiado (el elemento auditado).
- Old value (Valor anterior): el valor previo.
- New value (Nuevo valor): el nuevo valor.
- Description (Descripción): la descripción del cambio.

Para ver el registro de auditoría

- ▶ En los archivos de datos o de estudios genéticos abiertos, seleccione View (Ver) > Audit Trail (Registro de auditoría). Aparece el registro de auditoría del archivo.



De forma predeterminada, los datos se ordenan por fecha y hora, y todos los eventos aparecen en la vista expandida. Puede filtrar la vista por nombre de usuario y objeto, y contraer la vista expandida para ordenar fácilmente por cualquier campo de encabezado. También puede ver el registro de auditoría como informe html.

Para ordenar por nombre de usuario

- ▶ Seleccione el usuario que desee en la lista desplegable User Name (Nombre de usuario).

Para ordenar por objeto

- ▶ Seleccione el objetivo en la lista desplegable Object (Objeto).

Para ocultar la descripción completa de los eventos

- ▶ Haga clic en Collapse All (Contraer todo).

Para ordenar los datos en la tabla de detalles de cambios

- ▶ Haga clic en el símbolo de diamante del encabezado de la columna de datos para ordenar de forma ascendente (de la A a la Z, del número más pequeño al más grande o el más antiguo al más reciente).

Para imprimir el registro de auditoría

1. Haga clic en HTML Report (Informe HTML) para mostrar el registro de auditoría en un navegador web.
2. En la ventana del navegador, realice una de las siguientes acciones:
 - Seleccione File (Archivo) > Print (Imprimir).
 - Haga clic con el botón derecho en el informe y seleccione Print (Imprimir).

Eventos auditable

El CFX Maestro Dx SE registra los siguientes eventos auditable de datos y archivos de estudios genéticos.

Eventos auditable durante una ejecución

- Run Start Time (Hora de inicio de ejecución)
- Modificaciones en Run Time Plate (Placa de tiempo de ejecución)
- Modificaciones en Run Time Protocol (Protocolo de tiempo de ejecución)
- Run End Time (Hora de finalización de ejecución)

Eventos auditable cuando se crea un archivo de datos

- Creación de un archivo de datos
- Interpolated Plate Reads (Lecturas de placa interpoladas) añadidas por el sistema

Eventos auditable cuando se guarda un archivo de datos

- General
 - Name (Nombre)
 - Signing (Firma)
 - Plate Setup (Configuración de placa)
 - Display Wells (Mostrar pocillos)
 - Analyzed fluorophores (Fluorocromos analizados)

- Modificaciones en Plate (Placa)
- Modo Analysis (Análisis)
- PCR Active Well Group (Grupo de pocillos activos de PCR)
- Pestaña Quantification (Cuantificación)
 - Paso activo
 - Settings (Ajustes) — Modo C_q Determination (Determinación de C_q)
 - Settings (Ajustes) — Baseline Setting (Ajustes de referencia)
 - Drift correction applied (Corrección de desviación aplicada)
 - Settings (Ajustes) — Cycles to Analyze (Ciclos a analizar)
 - Settings (Ajustes) — Modo Analysis (Análisis)
 - Settings (Ajustes) — Baseline Threshold (Umbral de referencia)
- Pestaña Melt Curve (Curva de fusión)
 - Paso activo
 - Peak type displayed (Tipo de pico mostrado)
 - Peak analysis threshold (Umbral de análisis de pico)
- Pestaña End Point (Punto final)
 - Active fluorophore/target (Fluorocromo/objetivo activo)
 - End cycles to average (Ciclos finales para media)
 - Tolerance calculation method (Método de cálculo de tolerancia)
 - Percentage of range (Porcentaje de rango)
- Pestaña Allelic Discrimination (Discriminación alélica)
 - X- and Y-axis fluorophore (Fluorocromo de los ejes X e Y)
 - Select cycle number (Seleccionar número de ciclo)
 - View call map (Ver mapa de llamadas)
- Pestaña Gene Expression (Expresión genética) — All plots (Todos los gráficos)
 - Experiment Settings (Ajustes del experimento) — Reference target (Objetivo de referencia)
 - Experiment Settings (Ajustes del experimento) — Control sample (Muestra de control)

- Experiment Settings (Ajustes del experimento) — Auto efficiency (Eficiencia automática)
- Experiment Settings (Ajustes del experimento) — Efficiency (Eficiencia)
- Pestaña Gene Expression (Expresión genética) — Graphing (Gráfica)
 - Modo Analysis (Análisis)
 - Graph data (Datos de gráfico)
 - X-axis (Eje X)
 - Y-axis (Eje Y)
 - Scaling option (Opción de escala)
 - Error bar (Barra de error)
 - Error bar multiplier (Multiplicador de barra de error)
 - P-value threshold (Umbral del valor de P)
- Pestaña Gene Expression (Expresión genética) — Clustergram (Clustergrama)
 - Cluster By (Agrupar por)
 - Split out replicates (Repeticiones divididas)
- Pestaña Gene Expression (Expresión genética) — Scatter Plot (Diagrama de dispersión)
 - Control biological group (Grupo biológico de control)
 - Experimental biological group (Grupo biológico experimental)
 - Fold change threshold (Umbral de cambio doble)
- Pestaña Gene Expression (Expresión genética) — ANOVA
 - P-value threshold (Umbral del valor de P)
- Plate Setup (Configuración de placa) — View/Edit Plate (Ver/Editar placa)
 - Settings (Ajustes) — Plate Type (Tipo de placa)
 - Settings (Ajustes) — Units (Unidades)
 - Editing Tools (Herramientas de edición) — Flip Plate (Girar placa)
 - Well groups (Grupos de pocillos)
 - Plate fluorophores (Fluorocromos de placa)

- Plate Setup (Configuración de placa) — Replace Plate File (Sustituir archivo de placa) y Apply PrimePCR File (Aplicar archivo de PrimePCR)
 - Plate Setup Import (Importación de configuración de placa)

Cambios de auditoría para archivos de estudios genéticos

General

- Name (Nombre)
- Pestaña Study Setup (Configuración del estudio)
 - Add/Remove data files (Añadir/Eliminar archivos de datos)
- Pestaña Study Analysis (Análisis del estudio)

Apéndice C Integración de LIMS

Puede configurar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition para su uso con un sistema de gestión de información de laboratorio (LIMS). Para la integración de LIMS, el CFX Maestro Dx SE requiere información de configuración de la placa generada por la plataforma de LIMS (un archivo de LIMS, *.plrn), un archivo de protocolo creado utilizando el CFX Maestro Dx SE (*.prcl), una ubicación de exportación de datos definida y un formato de exportación definido.

Una vez finalizada la ejecución, el CFX Maestro Dx SE genera un archivo de datos (.pcrd) y lo guarda en una ubicación de carpeta de exportación de datos definida. El CFX Maestro Dx SE también puede crear un archivo de datos compatible con LIMS en formato .csv y guardarlo en la misma ubicación.

Crear archivos de datos compatibles con LIMS

Este apéndice explica cómo configurar el CFX Maestro Dx SE para crear, guardar y exportar archivos de datos compatibles con LIMS.

Configurar las opciones de la carpeta LIMS y la exportación de datos

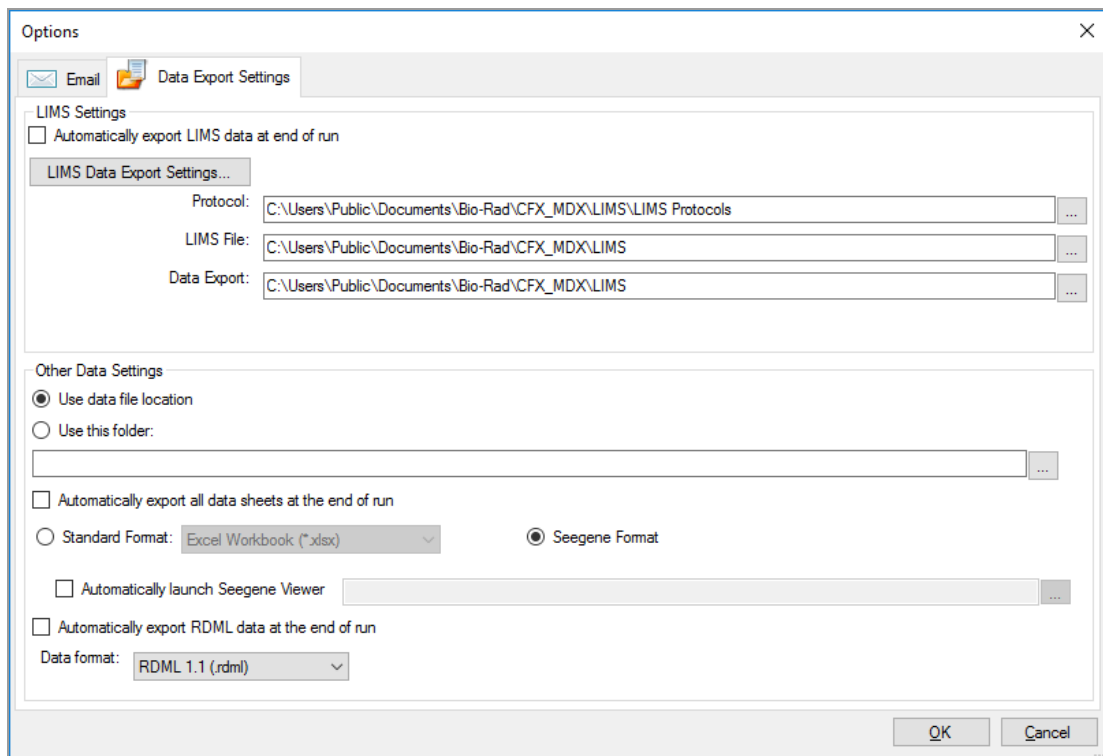
De forma predeterminada, el CFX Maestro Dx SE guarda los protocolos, los archivos y los archivos de exportación de datos de LIMS en esta carpeta:

C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_Dx\LIMS

Puede configurar el CFX Maestro Dx SE para guardar los archivos en otra carpeta, y puede modificar las opciones de exportación para los datos de LIMS.

Para establecer una carpeta de LIMS y opciones de exportación de datos

1. En la ventana Home (Inicio), seleccione Tools (Herramientas) > Options (Opciones).
2. En el cuadro de diálogo Options (Opciones), seleccione Data Export Settings (Ajustes de exportación de datos).



3. (Opcional) Seleccione **Automatically export LIMS data at end of run** (Exportar datos de LIMS automáticamente al final de la ejecución).

El software exportará automáticamente los datos LIMS después de cada ejecución a la ubicación especificada.

4. Para cambiar las opciones de exportación de los datos de LIMS, haga clic en **LIMS Data Export Settings** (Ajustes de exportación de datos LIMS).

Importante: Únicamente los datos de LIMS exportados a un archivo .csv pueden volver a importarse al CFX Maestro Dx SE.

5. En el cuadro de diálogo **LIMS Data Export Format Settings** (Ajustes de formato de exportación de datos LIMS), seleccione las opciones de exportación requeridas y haga clic en **OK** (Aceptar).
6. En el cuadro de diálogo **Options** (Opciones), explore y seleccione una carpeta por defecto en la que quiera guardar los archivos de datos de LIMS. Puede seleccionar una ubicación diferente para cada tipo de archivo:

- Protocol (Protocolo)
- LIMS file (Archivo de LIMS)

- Data Export (Exportación de datos)

7. Haga clic en Ok (Aceptar) para guardar los cambios y cerrar el cuadro de diálogo Options (Opciones).

Crear un protocolo de LIMS

Para iniciar una ejecución de LIMS, cree un archivo de protocolo (*.prcl) del CFX Maestro Dx SE y guárdelo en la ubicación designada de la carpeta del protocolo de LIMS.

Consulte el [Capítulo 7, Crear protocolos](#) para obtener más información.

Crear un archivo LIMS

Un archivo LIMS (*.plrn) contiene los mismos detalles de configuración de placa y nombre de archivo del protocolo. Este archivo se genera por su LIMS interno. El CFX Maestro Dx SE usa el archivo LIMS para crear un archivo de placa y usarlo con un archivo de protocolo.

El CFX Maestro Dx SE proporciona archivos de plantilla de importación de placas que puede editar para crear archivos de placas LIMS personalizados.

Consejo: Esta tarea la debe realizar un especialista en LIMS.

Para crear un archivo LIMS

1. En la ventana Home (Inicio), seleccione View (Ver) > Show (Mostrar) > LIMS File Folder (Carpeta de archivos LIMS).
2. Abra la carpeta LIMS Templates (Plantillas de LIMS) y seleccione un archivo .csv para importarlo a su LIMS interno.
3. Modifique el archivo de plantilla rellorando los campos requeridos enumerados en la [Tabla 38](#).
4. Realice una de las siguientes acciones:
 - Para guardar los cambios y utilizarlos en el futuro, guarde el archivo como un archivo .csv.
 - Para guardar los cambios y usar el archivo inmediatamente, guarde el archivo con la extensión .plrn.
 - Guarde la plantilla con la extensión de nombre de archivo .plrn en la carpeta LIMS File (Archivo de LIMS).

Importante: El CFX Maestro Dx SE solo puede abrir el archivo .plrn. Debe guardar el archivo .csv como .plrn para iniciar la ejecución de LIMS.

Tabla 38. Definición de los contenidos del archivo de LIMS .csv

Columna	Fila	Descripción	Contenido	Propósito
A	1	Plate Header (Encabezado de placas)	No editar	Predefinido
A,B,C	2	Field (Campo)/Data (Datos)/Instruction (Instrucción)	No editar	Predefinido
B	3	Version (Versión)	No editar	Predefinido
B	4	Plate Size (Tamaño de la placa)	No editar	Predefinido
B	5	Plate Type (Tipo de placa)	Introduzca BR White (BR blanco), BR Clear (BR claro) u otro tipo de placa calibrada	Requerido
B	6	Scan Mode (Modo de análisis)	Introduzca SYBR/FAM Only: (Solo SYBR/FAM:), All Channels (Todos los canales) o FRET	Requerido
B	7	Units (Unidades)	Introduzca una de las siguientes palabras: copy number (copiar número), fold dilution (dilución de grado), micromoles, nanomoles, picomoles, femtomoles, attomoles, milligrams (miligramos), micrograms (microgramos), nanograms (nanogramos), picograms (picogramos), femtograms (femtogramos), attograms (attogramos) o percent (porcentaje)	Requerido

Tabla 38. Definición de los contenidos del archivo de LIMS .csv, continuación

Columna	Fila	Descripción	Contenido	Propósito
B	8	Run ID (ID de ejecución)	Introduzca una descripción breve o código de barras para identificar esta ejecución (30 caracteres máximo, no se permite utilizar comas)	Opcional
B	9	Run Notes (Notas de ejecución)	Introduzca una descripción de la ejecución	Opcional
B	10	Run Protocol (Protocolo de ejecución)	Introduzca el nombre del archivo del protocolo exactamente como se enumera.	Requerido
A	11	Data File (Archivo de datos)	Introduzca el nombre del archivo de datos	Opcional
A	12-15	TBD/Empty (TBD/Vacío)	No editar	Predefinido
A	16	Plate Data (Datos de placa)	No editar	Predefinido
A	17-113	Well Position (Posición de pocillo)	No editar	Predefinido
B-G		Ch1 Dye (Tinte Ch1), Ch2 Dye (Tinte Ch2), Ch3 Dye (Tinte Ch3), Ch4 Dye (Tinte Ch4), Ch5 Dye (Tinte Ch5), FRET	Introduzca un nombre de tinte calibrado (por ejemplo, FAM) para cada canal (Ch) que se utiliza.	Requerido

Tabla 38. Definición de los contenidos del archivo de LIMS .csv, continuación

Columna	Fila	Descripción	Contenido	Propósito
H		Sample Type (Tipo de muestra)	Introduzca uno de los siguientes tipos de muestras Unknown (Desconocido), Standard (Estándar), Positive Control (Control positivo), Negative Control (Control negativo), NTC o NRT	Requerido
I		Sample Name (Nombre de muestra)	Introduzca el nombre de la muestra	Opcional
J-O		CH1 Target (Objetivo CH1), CH2 Target (Objetivo CH2), CH3 Target (Objetivo CH3), CH4 Target (Objetivo CH4), CH5 Target (Objetivo CH5), FRET Target (Objetivo FRET)	Introduzca el nombre de objetivo de cada canal (CH) utilizado	Opcional
P		Collection Name (Nombre de recolección)	Introduzca el nombre del grupo biológico	Opcional
Q		Replicate (Repetición)	Introduzca un número entero positivo para cada grupo de repeticiones. El valor no puede ser cero.	Opcional

Tabla 38. Definición de los contenidos del archivo de LIMS .csv, continuación

Columna	Fila	Descripción	Contenido	Propósito
R-W		CH1 Quantity (Cantidad CH1), CH2 Quantity (Cantidad CH2), CH3 Quantity (Cantidad CH3), CH4 Quantity (Cantidad CH4), CH5 Quantity (Cantidad CH5), FRET Quantity (Cantidad FRET)	Introduzca los valores de cantidad para cualquier norma. Introduzca la concentración en forma decimal.	Requerido para todas las normas

Tabla 38. Definición de los contenidos del archivo de LIMS .csv, continuación

Columna	Fila	Descripción	Contenido	Propósito
X		Well Note (Nota de pocillo)	<p>Introduzca una nota de pocillo (20 caracteres máximo)</p> <p>Nota: A pesar de que el CFX Maestro Dx SE tiene un límite de 20 caracteres cuando se introducen notas en el campo Well Note (Nota de pocillo) mediante el software, el campo Well Note (Nota de pocillo) puede contar con hasta 500 caracteres si se incluye en un archivo .plrn importado. No obstante, el CFX Maestro Dx SE mostrará solo los primeros 20 caracteres. El archivo .pcrd exportado contendrá todos los caracteres en el campo Well Note (Nota de pocillo); no se perderán datos.</p>	Opcional

Tabla 38. Definición de los contenidos del archivo de LIMS .csv, continuación

Columna	Fila	Descripción	Contenido	Propósito
Y-AD		Ch1 Well Color (Color de pocillo Ch1), Ch2 Well Color (Color de pocillo Ch2), Ch3 Well Color (Color de pocillo Ch3), Ch4 Well Color (Color de pocillo Ch4), Ch5 Well Color (Color de pocillo Ch5), FRET Well Color (Color de pocillo FRET)	Introduzca cualquier color de estilo de trazo definido por el usuario en un formato decimal de número entero (argb) de 32 bits.	Opcional

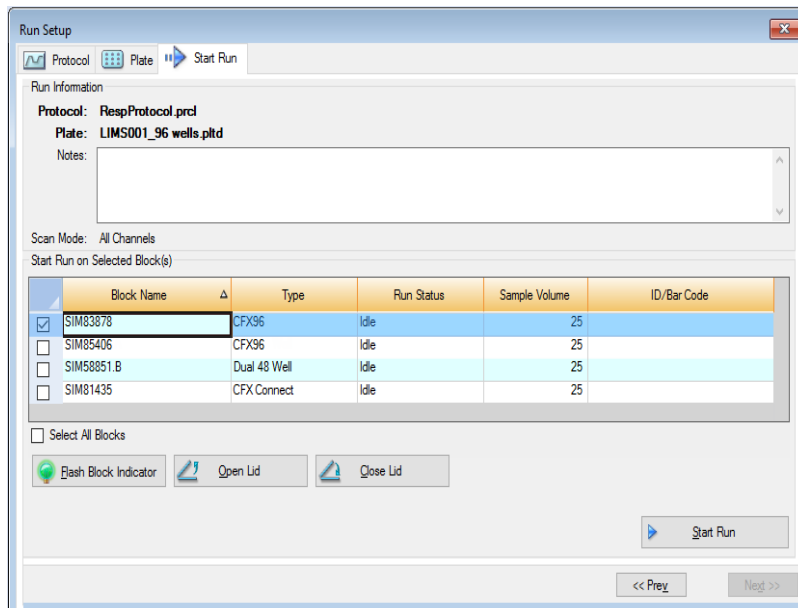
Iniciar una ejecución de LIMS

Para iniciar una ejecución de LIMS

- Realice una de las siguientes acciones para abrir un archivo de LIMS .plrn:
 - En la ventana Home (Inicio), seleccione View (Ver) > Show (Mostrar) > LIMS File Folder (Carpeta de archivos de LIMS) y abra el archivo .plrn que desee.
 - En la ventana Home (Inicio), seleccione File (Archivo) > Open (Abrir) > LIMS File (Archivo de LIMS) y abra el archivo .plrn que desee.

El archivo se abre en la pestaña Start Run (Iniciar ejecución) en el asistente de configuración de ejecuciones. La pestaña Start Run (Iniciar ejecución) muestra información sobre el experimento a ejecutar. También muestra el bloque o bloques del instrumento conectado en el que puede hacer un experimento.

- En la pestaña Start Run (Iniciar ejecución), seleccione un instrumento y haga clic en Start Run (Iniciar ejecución).



Exportar datos a un LIMS

Cuando se completa la ejecución, el CFX Maestro Dx SE se genera un archivo de datos (.prcd) y que se guarda en la ubicación de la carpeta de exportación de datos definida.

Para exportar el archivo de datos a un LIMS

- ▶ Abra el archivo .prcd y seleccione Export (Exportar) > Export to LIMS (Exportar a la carpeta de LIMS).

Consejo: Si selecciona Automatically Export Data after Run in LIMS Options (Exportar datos automáticamente después de procesar las opciones de LIMS), el CFX Maestro Dx SE crea un archivo de datos compatible con LIMS en formato .csv y que se guarda en la misma carpeta.

Apéndice D Resolución de problemas del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Este apéndice proporciona sugerencias para solucionar problemas que puede encontrar al actualizar o ejecutar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition .

Archivos y carpetas de la lista blanca del Software CFX Maestro Dx, Security Edition

Para protegerse contra virus y malware, su departamento de TI puede haber implementado medidas de seguridad de software muy estrictas. Estas medidas pueden afectar negativamente al tiempo de actualización o ejecución del CFX Maestro Dx SE.

Para mejorar el rendimiento del CFX Maestro Dx SE, Bio-Rad recomienda que su departamento de TI incluya en la lista blanca los siguientes archivos y carpetas de ajustes del Firewall en el software antivirus instalado en el ordenador del CFX Maestro Dx SE:

Carpetas

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx
- C:\ProgramData\Bio-Rad\CFX_MDx
- C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_MDx

Archivos

- Todos los archivos .exe ubicados en la carpeta C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx
- R.exe y Rscript.exe (ubicados en la carpeta C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX_MDx\R\R-3.3.1\bin)

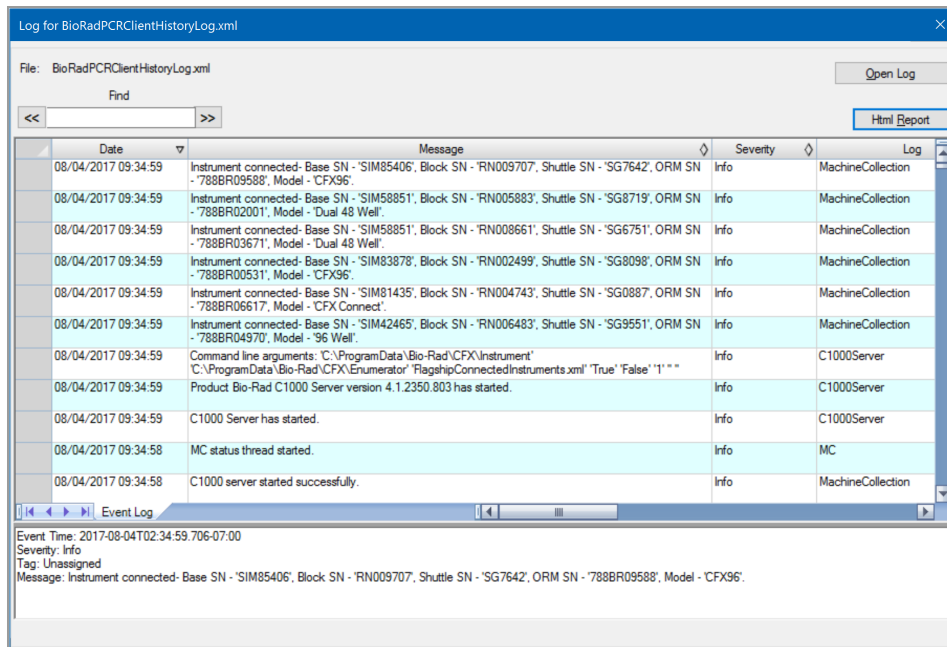
Registro de aplicación

Antes de empezar una nueva ejecución, el sistema CFX Opus Dx inicia una prueba de autodiagnóstico para comprobar que funcionan según las especificaciones. El software registra los resultados de esta prueba en el archivo de registro de aplicación (Application Log) y el archivo de registro de ejecución (Run Log). Si detecta un problema en uno o más experimentos, abra los registros de aplicación y ejecución para saber cuándo empezó el problema.

CFX Maestro Dx SE Dx rastrea información sobre el estado de un instrumento durante una ejecución en el Application Log (Registro de aplicación). Use estos registros para rastrear eventos que ocurren en los instrumentos y en el software, y para solucionar problemas.

Para abrir el Application Log (Registro de aplicación)

- En la ventana Home (Inicio), seleccione View (Ver) > Application Log (Registro de aplicación).



Para ver el Application Log (Registro de la aplicación) como un archivo HTML, haga clic en el botón HTML Report (Informe HTML).

Recuperar archivos de registro de aplicaciones y firmware

Los registros de la aplicación y el firmware contienen información que detalla las acciones realizadas durante el uso del software y el rendimiento de las ejecuciones. Estos registros también almacenan cualquier error de software o firmware que se produzca durante el funcionamiento del software o instrumento.

Para acceder a los archivos de registro de la aplicación y el firmware:

1. En el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados), haga clic con el botón derecho en el instrumento.
2. Seleccione Retrieve Log Files (Recuperar archivos de registro).
3. En el cuadro de diálogo Browse for Folder (Buscar carpeta), seleccione la carpeta de destino en su red o una unidad local en la que desee guardar los archivos de registro.

Nota: La carpeta se titula Logs (Registros).

4. Haga clic en OK (Aceptar) para guardar los archivos.

Importante: Si guarda un archivo de registro con el mismo nombre de archivo que un archivo de registro existente, se sobrescribirá el archivo de registro existente.

Resolución de problemas

Normalmente, los problemas de comunicación del software y el instrumento se pueden resolver reiniciando el ordenador y el sistema. Asegúrese de guardar cualquier trabajo en curso antes de reiniciar.

Nota: Verifique que su ordenador tiene suficiente memoria RAM y espacio libre en el disco duro. La memoria RAM mínima es de 4 GB y el espacio de disco duro mínimo es de 128 GB.

Corte del suministro eléctrico

En un corte del suministro eléctrico, el instrumento y el ordenador se apagarán. Si el corte del suministro eléctrico es breve, el instrumento continuará ejecutando un protocolo pero el registro de aplicaciones anotará el corte del suministro eléctrico. Dependiendo de los ajustes del ordenador y el tiempo del corte del suministro eléctrico, el instrumento y del software tratarán de continuar con la ejecución dependiendo del paso del protocolo:

- Si el protocolo está en un paso sin lector de placas, el protocolo continúa la ejecución en cuanto el instrumento recupera el suministro eléctrico.
- Si el protocolo está en un paso con un lector de placas, el instrumento espera a que el software se reinicie y reanude la comunicación para recoger los datos. En esta situación, el protocolo continúa

solo si el ordenador no cierra el software. Cuando el ordenador y el software se inician de nuevo, el protocolo continúa.

Transferir archivos al ordenador del CFX Maestro Dx SE

Puede transferir datos y archivos de registro guardados en el instrumento al disco duro del ordenador del CFX Maestro Dx SE conectado.

Consejo: Todos los archivos de la carpeta en tiempo real de la base del instrumento se transfieren al ordenador.

Nota: Desde los instrumentos CFX Opus Dx, solo se pueden transferir archivos de registro. Todos los archivos de registro del instrumento se transfieren al ordenador.

Para recuperar archivos del instrumento.

1. En el panel Detected Instruments (Instrumentos detectados) de ventana de Home (Inicio), haga clic con el botón derecho en el instrumento objetivo y seleccione Retrieve Log Files.
2. Seleccione una ubicación de carpeta para guardar los archivos recuperados.
3. Haga clic en OK (Aceptar).

Instalar el Software CFX Maestro Dx, Security Edition manualmente

Para instalar el CFX Maestro Dx SE manualmente

1. Si es necesario, desconecte todos los instrumentos del ordenador.

Localice y desconecte el cable USB del instrumento al ordenador del CFX Maestro Dx SE. El extremo insertado en el instrumento puede permanecer conectado.
2. Inicie sesión en el ordenador del CFX Maestro Dx SE con privilegios de administrador.
3. Inserte la unidad USB del CFX Maestro Dx SE en el puerto USB del ordenador.
4. En el navegador de Windows, abra la unidad USB del CFX Maestro Dx SE.
5. Abra la carpeta CFX y haga doble clic en CFXMaestroDxSetup.exe para instalar el CFX Maestro Dx SE.
6. Siga las instrucciones de la pantalla para instalar el software.

Una vez finalizada, la pantalla de presentación del Software CFX Maestro Dx, Security Edition de Bio-Rad aparece en la pantalla del ordenador y el icono del Software CFX Maestro Dx, Security Edition de Bio-Rad aparece en el escritorio.
7. Extraiga de forma segura la unidad USB del software e inicie el CFX Maestro Dx SE.

Reinstalar los controladores

Para reinstalar los controladores del instrumento

- ▶ En la ventana Home (Inicio), seleccione Tools (Herramientas) > Reinstall Instrument Drivers (Reinstalar controladores del instrumento).

Nota: Si tiene problemas con el software a la hora de la comunicación con un sistema de PCR en tiempo real después de reinstalar los controladores y comprobar la conexión USB, póngase en contacto con el servicio técnico de Bio-Rad.

Apéndice 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!

Apéndice F Referencias

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, K.J. 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, J.L. et al. (1995). Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. *Nature Genetics* 9, 341–342.
5. Pfaffl, M.W. (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*. Segunda edición (Nueva York: SAGE Publications, Inc.).

Minpack Copyright Notice (1999) University of Chicago. Todos los derechos reservados.

La redistribución y el uso en forma fuente y/o binaria, con o sin modificaciones, están permitidos siempre que se cumplan las siguientes condiciones:

1. Las redistribuciones de código fuente debe conservar el anterior aviso de copyright, esta lista de condiciones y el aviso legal que aparece a continuación.
2. Las redistribuciones en forma binaria deben reproducir el anterior aviso de copyright, esta lista de condiciones y el aviso legal que aparece a continuación en la documentación o en otros materiales que se proporcionen con la distribución.
3. La documentación para el usuario final incluida con la redistribución, si existe, debe incluir el siguiente reconocimiento:

«Este producto incluye software desarrollado por la Universidad de Chicago, como operador del Laboratorio Nacional de Argonne».

Apéndice F Referencias



Bio-Rad Laboratories, Inc.
4000 Alfred Nobel Drive
Hercules, CA 94547



Bio-Rad
3, boulevard Raymond Poincaré
92430 Marnes-la-Coquette, Francia
Tel.: +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 **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

