ระบบ CFX96™ Dx และ CFX96 Deep Well Dx

คู่มือการใช้งาน

REF

1845097-IVD
1844095-IVD
1841000-IVD
12007917

คู่มือฉบับปรับปรุง: 2022
ซอฟท์แวรปรับปรุง: 3.1

CE IVD

ETL LISTED
เป็นไปตามการรับรอง
UL Std. 61010-1
UL Std. 61010-2-010
UL Std. 61010-2-101
UL Std. 61010-2-081
ให้การรับรองเครื่องมือดังต่อไปนี้
CAN/CSA Std. C22.2 NO. 61010-1-12
CAN/CSA Std. C22.2 NO. 61010-2-010
CAN/CSA Std. C22.2 NO. 61010-2-101
CAN/CSA Std. C22.2 NO. 61010-2-081:2015

Intertek 3120330

BIO-RAD

ระบบ CFX96™ Dx และ CFX96 Deep Well Dx

คู่มือการใช้งาน

เวอร์ชัน 3.1

BIO-RAD

การสนับสนุนทางเทคนิคของ Bio-Rad

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

โทรศัพท์: 1-800-424-6723 กด 2

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

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

สังเกต

ห้ามทำซ้ำหรือส่งต่อส่วนใดส่วนหนึ่งของเอกสารนี้ในรูปแบบใดๆ หรือด้วยวิธีการใดๆ ทั้งทางอิเล็กทรอนิกส์หรือทางกล รวมทั้งการถ่ายสำเนา บันทึก หรือการจัดเก็บข้อมูลหรือระบบสืบค้นข้อมูลใดๆ โดยไม่ได้รับอนุญาตเป็นลายลักษณ์อักษรจาก Bio-Rad

Bio-Rad ขอสงวนสิทธิ์ในการปรับเปลี่ยนผลิตภัณฑ์และบริการได้ตลอดเวลา คู่มือนี้อาจเปลี่ยนแปลงได้โดยไม่ต้องแจ้งให้ทราบ แม้จะเตรียมรับรองความถูกต้อง Bio-Rad จะไม่รับผิดชอบต่อข้อผิดพลาดหรือการละเว้นหรือความเสียหายใด ๆ ที่เกิดจากการสมัครหรือการใช้ข้อมูลนี้

BIO-RAD เป็นเครื่องหมายการค้าของ Bio-Rad Laboratories, Inc.

BIO-RAD, HARD-SHELL, and MICROSEAL are trademarks of Bio-Rad Laboratories, Inc. in certain jurisdictions.

SYBR เป็นเครื่องหมายการค้าของ Thermo Fisher Scientific Inc. Bio-Rad Laboratories, Inc. ได้รับอนุญาตให้ขายรีเอเจนต์ที่มี SYBR Green I สำหรับใช้ใน PCR แบบเรียลไทม์ เพื่อการวิจัยเท่านั้น

EvaGreen เป็นเครื่องหมายการค้าของ Biotium, Inc. Bio-Rad Laboratories, Inc. ได้รับอนุญาตจาก Biotium, Inc. เพื่อขายรีเอเจนต์ที่มี EvaGreen สีย้อมสำหรับใช้ใน PCR แบบเรียลไทม์ เพื่อการวิจัยเท่านั้น

เครื่องหมายการค้าทั้งหมดที่ใช้ในที่นี้เป็นทรัพย์สินของเจ้าของที่เกี่ยวข้อง

ลิขสิทธิ์© 2022 โดย Bio-Rad Laboratories, Inc. สงวนลิขสิทธิ์

วัตถุประสงค์การใช้งาน

ระบบ CFX96 Dx และระบบ CFX96 Deep Well Dx ที่มีซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx มีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ในกา
รทำ PCR ด้วยสารเรืองแสง เพื่อตรวจจับและหาลำดับกรดนิวคลีอิก ระบบและซอฟต์แวร์มีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ใน
การวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกายโดยช่างเทคนิคทางห้องปฏิบัติการที่ผ่านการฝึกอบรม ระบบนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อใ
ช้กับการทดสอบกรดนิวคลีอิกของบุคคลที่สาม ซึ่งได้รับการผลิตและติดฉลากเพื่อวัตถุประสงค์ในการวินิจฉัย

ความหมายตราสัญลักษณ

สำคัญ: การเปลี่ยนแปลงที่สำคัญจะถูกไฮไลต์ไว้!

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

CE เครื่องหมาย CE – ระเบียบข้อบังคับ (EU) 2017/746 IVDR	

การแปล

เอกสารเกี่ยวกับผลิตภัณฑ์อาจมีให้บริการในภาษาอื่นบนสื่ออิเล็กทรอนิกส์

สารบัญ

วัตถุประสงค์การใช้งาน iii
ความหมายตราสัญลักษณ iii
การแปล iv

การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ 13
ฉลากเตือนด้านความปลอดภัย 13
ข้อกำหนดการใช้งานอย่างปลอดภัยและการปฏิบัติตามข้อกำหนด 14
การปฏิบัติตามกฎระเบียบ 14
อันตราย 15
อันตรายทางชีวภาพ 15
อันตรายทางเคมี 17
อันตรายจากการระเบิดหรือเพลิงไหม้ 17
อันตรายทางไฟฟ้า 17
การขนส่ง 17
แบตเตอรี่ 18
การกำจัด 18
การรับประกัน 18

บท 1 บทนำ 19
ระบบตรวจจับ PCR CFX Dx 19
ค้นหาข้อมูลเพิ่มเติม 20

บท 2 การตั้งค่าเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx 21
ข้อกำหนดเกี่ยวกับสถานที่ทำงาน 21
ข้อกำหนดเกี่ยวกับพื้นที่บนโต๊ะ 21
ข้อกำหนดเกี่ยวกับสภาพแวดล้อม 22
ข้อกำหนดเกี่ยวกับพลังงานไฟฟ้า 22
ภาพรวมของระบบ 23
มุมมองด้านหน้า 23
มุมมองด้านหลัง 24
โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล 25

ปริมาตรตัวอย่างที่แนะนำ 25
การติดตั้งเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx 26
การแกะกล่องและตั้งค่าของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx 26
การติดโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล 27
การถอดสกรูสำหรับการจัดส่ง 28
การใส่เพลตตัวอย่าง 29
การตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ 31
การปลดแบบ ออฟติคอล 32
การปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx 32
บท 3 การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx 33
ข้อกำหนดของระบบ 34
การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx 35
การตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ 35
ไฟล์ซอฟต์แวร์ 36
มาตรการเกี่ยวกับความปลอดภัยทางไซเบอร์ที่แนะนำ 36
บท 4 พื้นที่ทำงาน 39
หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) 40
Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) 41
หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 42
หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 43
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 44
บท 5 หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) 45
หน้าต่าง Home (หน้าหลัก) 46
คำสั่งเมนู (File) ไฟล์ 47
คำสั่งเมนู View (ดู) 47
คำสั่งเมนู User (ผู้ใช้) 48
คำสั่งเมนู Run (การทดสอบ) 48
คำสั่งเมนู Tools (เครื่องมือ) 49
คำสั่งเมนู Help (ช่วยเหลือ) 49
คำสั่งต่าง ๆ บนแถบเครื่องมือ 50
Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) 51
แถบสถานะ 51
Detected Instruments Pane (บานหน้าต่างเครื่องมือที่ตรวจพบ) 52

การดูคุณสมบัติของเครื่องมือ 56
ก่อนที่คุณจะเริ่ม 58
การตั้งค่า User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) 58
การสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยา 73
การปรับเทียบสารย้อมสีใหม่ 76
บท 6 การสร้างโปรโตคอล 79
หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 80
คำสั่งเมนู File (ไฟล์) 80
คำสั่งเมนู Settings (การตั้งค่า) 81
คำสั่งเมนู Tools (เครื่องมือ) 81
คำสั่งต่าง ๆ บนแถบเครื่องมือ 81
Protocol Editing Controls (การควบคุมการแก้ไขโปรโตคอล) 82
การสร้างโปรโตคอลใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 84
การเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 84
การเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) 85
การตั้งค่าโปรโตคอลใหม่ 86
การเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล 88
การแทรกขั้นตอนการไล่ระดับ 88
การแทรกขั้นตอน GOTO 90
การแทรกขั้นตอน Melt Curve 90
การเพิ่มหรือการนำขั้นตอนการอ่านเพลตออก 92
การเปลี่ยนตัวเลือกขั้นตอน 92
การลบขั้นตอน 93
การคัดลอก การส่งออก หรือการพิมพ์โปรโตคอล 93
การสร้างโปรโตคอลด้วย Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) 94
การใช้ Ta Calculator (เครื่องคำนวณ Ta) 96
เกี่ยวกับ Ta Calculator (เครื่องคำนวณ Ta) 96
บท 7 การเตรียมเพลต 101
หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 102
คำสั่งเมนู File (ไฟล์) 103
คำสั่งเมนู Settings (การตั้งค่า) 103
การแก้ไขคำสั่งเมนู Tools (เครื่องมือ) 103
คำสั่งต่าง ๆ บนแถบเครื่องมือ 104
การสร้างไฟล์เพลตโดยใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 105

การเปิดไฟล์เพลตใหม่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 105
การเปิดไฟล์เพลตที่มีอยู่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) 107
การตั้งค่าไฟล์เพลตใหม่ 108
การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต 114
การกำหนดเป้าหมายให้กับหลุม 114
การกำหนดชื่อตัวอย่างให้กับหลุม 116
การกำหนดชีวภาพให้กับหลุม 117
การกำหนดหมายเลขจำลองให้กับหลุม 119
การกำหนดชุดเจือจางให้กับประเภทตัวอย่างมาตรฐาน 120
การคัดลอกสารในหลุมไปยังหลุมอื่น 121
การเพิ่มโน้ตให้กับหลุม 122
การเคลียร์สารทั้งหมดออกจากหลุม 122
การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ 123
การสร้างกลุ่มหลุม 125
การเปลี่ยนลักษณะการติดตาม 128
การดูเพลตในรูปแบบสเปรดชีต 129
การสร้างเค้าโครงเพลตโดยใช้ Plate Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต) 131
การใช้ Plate Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต) 131

บท 8 การดำเนินการทดสอบ 135
การเข้าสู่หน้าต่างการตั้งค่าการทดสอบ 135
หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) 136
แท็บ Protocol (โปรโตคอล) 137
แท็บเพลต 139
แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) 142
การดำเนินการทดสอบ 143
กล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) 145
แท็บ Run Status (สถานะการทดสอบ) 145
แท็บ Real-time Status (สถานะเรียลไทม์) 148
แท็บ Time Status (สถานะเวลา) 150
การดำเนินการทดสอบ PrimePCR 151

บท 9 ภาพรวมการวิเคราะห์ข้อมูล 153
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 153
แถบเครื่องมือ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 154
แถบเมนู Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) 155

รายละเอียดแท็บ 158
ตัวเลือกหมายเลขขั้นตอน 158
การดูกลุ่มหลุมในการวิเคราะห์ข้อมูล 159
การเปลี่ยนสารในหลุมหลังจากทำการทดสอบ 159
การตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูล 160
การปรับขีดจำกัด 160
การตั้งค่าพื้นฐาน 160
Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์) 161
วงรอบที่จะวิเคราะห์ 162
ตัวเลือกหลุม 163
รายการเมนูคลิกขวาตัวเลือกหลุม 164
การแยกหลุมออกจากการวิเคราะห์ชั่วคราว 165
แผนภูมิ 166
รายการเมนูคลิกขวาโดยทั่วไปสำหรับแผนภูมิ 166
การคัดลอกข้อมูลแผนภูมิลงในคลิปบอร์ด 166
การปรับเปลี่ยนการตั้งค่าขีดจำกัดพื้นฐาน 167
การเรียงลำดับข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่าง 168
การขยายพื้นที่ในแผนภูมิ 169
การคัดลอกแผนภูมิไปยังไฟล์ Microsoft 169
สเปรดชีต 170
รายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับสเปรดชีต 170
Export (ส่งออก) 172
Exporting All Data Sheets (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด) 172
การสร้างไฟล์ส่งออกที่กำหนดเอง 173
ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS 174
การส่งออกออกข้อมูลในรูปแบบ Seegene 174
บท 10 รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล 175
แท็บ Quantification (การหาปริมาณ) 176
ตัวเลือกสารเรืองแสง 176
กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) 177
ตัวเลือก Log Scale (ขนาดการบันทึก) 178
แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน 179
ตัวเลือกเมนูแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ 179
สเปรดชีตแท็บการหาปริมาณ 180

แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ) 181
สเปรดชีตผลการทดสอบ 181
สเปรดชีตผลการทดสอบสำหรับเส้นโค้งมาตรฐาน 183
สเปรดชีตเพลต 184
สเปรดชีต RFU 184
แท็บ Melt Curve 185
การปรับข้อมูล Melt Curve 187
แท็บข้อมูล Melt Curve 188
สเปรดชีต Melt Peak 188
สเปรดชีตเพลต 189
สเปรดชีต RFU 190
สเปรดชีต -d(RFU)/dT 191
แท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) 192
Results Data (ข้อมูลผลลัพธ์) 193
การปรับการวิเคราะห์ข้อมูลจุดสิ้นสุด 194
สเปรดชีต RFU สำหรับ End Point Analysis (การวิเคราะห์จุดสิ้นสุด) 194
แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล) 195
การปรับข้อมูลสำหรับการแยกอัลลีล 196
ตัวเลือกเมนูแผนภูมิ 197
สเปรดชีตการแยกอัลลีล 197
แท็บมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง 198
การสร้างมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง 199
แท็บ QC 200
การเปลี่ยนเกณฑ์การควบคุมคุณภาพ 200
การตัดหลุมที่ไม่ผ่านการควบคุมคุณภาพออก 200
แท็บ Run Information (เรียกใช้ข้อมูล) 201
รายงานการวิเคราะห์ข้อมูล 202
ประเภทรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล 203
การสร้างรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล 206
การสร้างรายงานกลุ่มหลุม 207
บท 11 การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน 209
การตั้งค่าเพลตสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน 209
การตั้งค่าเพลตที่แนะนำ 210
แผนภูมิการแสดงออกของยีน 211

แผนภูมิแท่ง 212
การเรียงลำดับข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่าง 214
การปรับข้อมูลการแสดงออกของยีน 214
การตั้งค่าการทดสอบ 216
ค่าความคงตัวของเป้าหมาย 219
ตัวเลือกเมนูคลิกขวา 219
สเปรดชีตข้อมูล 220
ตัวเลือกการแสดงรายละเอียด 221
Clustergram (คลัสเตอร์แกรม) 223
Settings (การตั้งค่า) 223
ตัวเลือกเมนูคลิกขวา 223
สเปรดชีตข้อมูล 223
Scatter Plot (แผนภาพกระจาย) 224
Settings (การตั้งค่า) 224
ตัวเลือกเมนูคลิกขวา 224
สเปรดชีตข้อมูล 224
สเปรดชีต 225
Gene Study (การศึกษายีน) 226
Inter-run Calibration (การปรับเทียบระหว่างการทดสอบ) 226
กล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน) 226
แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) 226
การเตรียมการศึกษายีน 227
แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) 228
การสร้างรายงานการศึกษายีน 229
ประเภทรายงานการศึกษายีน 229
ภาคผนวก A การคำนวณการวิเคราะห์ข้อมูล 231
ค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา 231
Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) 232
ปริมาณสัมพัทธ์เมื่อมีการเลือกตัวควบคุม 232
ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์ 233
Cq ที่ปรับให้มีประสิทธิภาพ (CqE) 233
ค่าเฉลี่ย Cq ที่ปรับให้มีประสิทธิภาพ (MCqE) 233
ตัวคูณการปรับให้เป็นบรรทัดฐาน 234
การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน 235

การแสดงออกบรรทัดฐานเมื่อมีการเลือกตัวควบคุม 235
ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน 236
ปรับขนาดการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานให้เป็นระดับการแสดงออกสูงสุด 237
ปรับขนาดการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานให้เป็นระดับการแสดงออกต่ำสุด 237
ปรับขนาดการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานให้เป็นระดับการแสดงออกเฉลี่ย 238
ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐานที่มีการปรับขนาด 239
Regulation (การควบคุมสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง) 239
สูตรคำนวณค่าที่มีการแก้ไข 240

ภาคผนวก B การจัดการผู้ใช้และบทบาทสำหรับ CFX Manager Dx 241

การจัดการผู้ใช้ 241
การเพิ่มและลบผู้ใช้ 241
การจัดการสิทธิ์ของบทบาท 243
เข้าสู่ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx 244
การเปลี่ยนผู้ใช้ 244
การเปลี่ยนรหัสผ่านของผู้ใช้ 245
การดูบทบาทและสิทธิ์ของคุณ 245

ภาคผนวก C การรวมระบบ LIMS 247

การสร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้ 247
การตั้งค่าโฟลเดอร์ LIMS และตัวเลือกการส่งออกข้อมูล 247
การสร้างโปรโตคอลระบบ LIMS 248
การสร้างไฟล์ LIMS 249
การเริ่มการทำงานระบบ LIMS 252
การส่งออกข้อมูลไปยังระบบ LIMS 252

ภาคผนวก D การแก้ไขปัญหาการเชื่อมต่อซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx 255

บันทึกการใช้งาน 255
การแก้ไขปัญหา 256
ไฟฟ้าขัดข้อง 256
การเรียกไฟล์ไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx 258
การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ด้วยตนเอง 258
การติดตั้งไดรเวอร์อีกครั้ง 258

ภาคผนวก E เอกสารอ้างอิง 259

การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ

สำหรับการทำงานที่ปลอดภัยของ CFX96™ Dx แบบเรียลไทม์หรือ CFX96 Deep Well Dx แบบเรียลไทม์ที่มีซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx ที่อ้างถึงตาม ระบบ CFX Dx ที่ระบุในเอกสารฉบับนี้ Bio-Rad ข้อแนะนำว่าคุณควรปฏิบัติตามข้อมูลจำเพาะด้านความปลอดภัยที่แสดงในส่วนนี้และตลอดเอกสารฉบับนี้

สำคัญ: ระบบ CFX96 Dx และ CFX96 Deep Well Dx ได้รับการรับรองสำหรับการใช้งานเป็นอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)

ฉลากเตือนด้านความปลอดภัย

ฉลากเตือนที่ประกาศบนอุปกรณ์และในเอกสารฉบับนี้เตือนคุณเกี่ยวกับแหล่งที่ทำให้เกิดการบาดเจ็บหรือเป็นอันตราย ตาราง 1 ระบุฉลากเตือนด้านความปลอดภัยแต่ละชุด

ตาราง 1 ความหมายของฉลากเตือนด้านความปลอดภัย

ไอคอน	ความหมาย
	คำเตือนเกี่ยวกับความเสี่ยงต่ออันตรายต่อร่างกายหรืออุปกรณ์ การใช้งาน CFX Dxระบบก่อนการอ่านคู่มือนี้สามารถก่อให้เกิดอันตรายจากการบาดเจ็บต่อบุคคล สำหรับการใช้งานอย่างปลอดภัย ห้ามใช้งานอุปกรณ์นี้ด้วยวิธีที่ไม่ได้ระบุในคู่มือนี้ เฉพาะบุคลากรห้องปฏิบัติการที่มีคุณสมบัติซึ่งได้รับการฝึกอบรมการใช้งานอุปกรณ์ไฟฟ้าอย่างปลอดภัยควรใช้งานอุปกรณ์นี้ จัดการส่วนประกอบทั้งหมดของระบบด้วยความระมัดระวังเสมอ และด้วยมือที่สะอาดและแห้ง
	คำเตือนเกี่ยวกับการจัดการกับวัสดุที่เป็นอันตรายทางชีวภาพ เมื่อจัดการกับตัวอย่างที่มีอันตรายทางชีวภาพให้ปฏิบัติตามข้อควรระวังและแนวทางที่แนะนำและปฏิบัติตามแนวทางในท้องถิ่นใดๆ สำหรับห้องปฏิบัติการและตำแหน่งที่ตั้งของคุณโดยเฉพาะ
	คำเตือนเกี่ยวกับความเสี่ยงต่อการไหม้ เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมสร้างความร้อนที่เพียงพอสำหรับการเกิดการไหม้ของผิวอย่างรุนแรง สวมแว่นตานิรภัยหรืออุปกรณ์ป้องกันดวงตาอื่นตลอดเวลาระหว่างการทำงาน รอให้บล็อกตัวอย่างกลับไปยังอุณหภูมิขณะไม่ใช้งานก่อนการเปิดฝาและนำตัวอย่างออกเสมอ ให้มีระยะห่างสูงสุดเพื่อหลีกเลี่ยงการไหม้ของผิวโดยอุบัติเหตุ

ตาราง 1 ความหมายของฉลากเตือนด้านความปลอดภัย (ต่อ)

ไอคอน	ความหมาย
	คำเตือนเกี่ยวกับความเสี่ยงต่อการระเบิด บล็อกตัวอย่างอาจร้อนเพียงพอระหว่างการทำงานปกติสำหรับการทำให้ของเหลวเดือดและระเบิด

ข้อกำหนดการใช้งานอย่างปลอดภัยและการปฏิบัติตามข้อกำหนด

ตาราง 2 แสดงข้อมูลจำเพาะการใช้งานที่ปลอดภัยสำหรับระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ของ Bio-Rad CFX Dx ต้องใช้สายเคเบิลแบบมีชิลด์ที่ให้มาด้วยกับอุปกรณ์เหล่านี้เพื่อให้แน่ใจว่าเป็นไปตามข้อกำหนดขีดจำกัด FCC คลาส A

ตาราง 2 เงื่อนไขสำหรับการใช้งานอย่างปลอดภัย

ลักษณะการใช้งาน	เงื่อนไขสำหรับการใช้งานอย่างปลอดภัย
กำลังอินพุตปกติ	100–240 VAC, 50–60 Hz, 850 W สูงสุด
หมวดหมู่แรงดันไฟฟ้าเกิน	II
ฟิวส์	10 A, 250 V, 5 x 20 มม., ระเบิดเร็ว (ปริมาณ 2)
สภาพแวดล้อม	ภายในอาคารเท่านั้น
อุณภูมิใช้งาน	15–31°C
อุณหภูมิเก็บรักษา	–20 ถึง 60°C
ความชื้นสัมพัทธ์	ไม่เกิน 80% (ไม่มีการควบแน่น)
ความสูง	ไม่เกิน 2,000 เมตรเหนือระดับน้ำทะเล
ระดับมลพิษ	2

การปฏิบัติตามกฎระเบียบ

ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ CFX Dx ได้รับการทดสอบและพบว่าเป็นไปตามข้อกำหนดที่เกี่ยวข้องทั้งหมดของมาตรฐานด้านความปลอดภัยและแม่เหล็กไฟฟ้าต่างๆ:

- IEC 61010-1:2010 (แก้ไขครั้งที่ 3), EN61010-1:2010 (แก้ไขครั้งที่ 3). อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ - ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป

- IEC 61010-2-010:2014, EN 61010-2-010:2014. ข้อกำหนดด้านความปลอดภัยสำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ส่วนที่ 2-010: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ห้องปฏิบัติการสำหรับการให้ความร้อนวัสดุ
- IEC 61010-2-081:2015, EN 61010-2-081:2015. ข้อกำหนดด้านความปลอดภัยสำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ส่วนที่ 2-081: ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ห้องปฏิบัติการอัตโนมัติและกึ่งอัตโนมัติสำหรับการวิเคราะห์และวัตถุประสงค์อื่นๆ (รวมการแก้ไขครั้งที่ 1)
- IEC 61010-2-101:2015 (แก้ไขครั้งที่ 2) ข้อกำหนดด้านความปลอดภัยสำหรับอุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)
- IEC 61326-1:2012 (คลาส A), EN 61326-1:2013 (คลาส A) อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ข้อกำหนด EMC ส่วนที่ 1: ข้อกำหนดทั่วไป
- IEC 61326-2-6:2012, EN 61326-2-6:2013 (คลาส A) อุปกรณ์ไฟฟ้าสำหรับการวัด การควบคุม และการใช้งานในห้องปฏิบัติการ ข้อกำหนด EMC ข้อกำหนดเฉพาะสำหรับอุปกรณ์ทางการแพทย์สำหรับการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกาย (IVD)

สำคัญ: เครื่องมือนี้สร้าง ใช้ และสามารถแผ่พลังงานคลื่นความถี่วิทยุ และหากไม่ได้ติดตั้งและใช้งานตามเอกสารคำแนะนำที่ให้มาด้วย อาจทำให้เกิดการรบกวนที่เป็นผลเสียต่อการสื่อสารทางวิทยุ การทำงานของระบบในพื้นที่อยู่อาศัยมักจะทำให้เกิดการรบกวนที่เป็นอันตราย ซึ่งผู้ใช้งานในกรณีเหล่านี้จำเป็นต้องปรับแก้ไขการรบกวนด้วยค่าใช้จ่ายของผู้ใช้งานเอง

อันตราย

CFX Dx ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ได้รับการออกแบบมาเพื่อให้ทำงานได้อย่างปลอดภัยเมื่อใช้ตามวิธีที่กำหนดโดยผู้ผลิต หาก CFX Dx ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์หรือส่วนประกอบใดๆ ที่เกี่ยวข้องกับเครื่องมือถูกใช้โดยวิธีที่ไม่กำหนดโดยผู้ผลิต อาจทำให้การป้องกันภายในเครื่องมือบกพร่องได้ Bio-Rad Laboratories, Inc. จะไม่รับผิดชอบต่อการบาดเจ็บหรือความเสียหายที่เกิดจากการใช้อุปกรณ์นี้ในลักษณะที่ไม่ได้กำหนดไว้ หรือโดยการดัดแปลงเครื่องมือที่ไม่ได้ดำเนินการโดย Bio-Rad หรือตัวแทนที่ได้รับอนุญาต การให้บริการสำหรับ CFX Dx ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ควรดำเนินการโดยบุคลากรที่ได้รับการฝึกอบรม Bio-Rad เท่านั้น

อันตรายทางชีวภาพ

CFX Dx ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์คือผลิตภัณฑ์จากห้องปฏิบัติการ อย่างไรก็ตาม หากมีตัวอย่างอันตรายทางชีวภาพเกิดขึ้น ให้ปฏิบัติตามแนวทางต่อไปนี้และดำเนินการตามแนวทางใดๆ ของท้องถิ่นที่เกี่ยวกับห้องปฏิบัติการและสถานที่ของคุณ

หมายเหตุ: ไม่มีการปลอดปล่อยสารที่เป็นอันตรายทางชีวภาพในระหว่างการทำงานตามปกติของเครื่องมือนี้

ข้อควรระวังทั่วไป

- สวมเสื้อคลุมและถุงมือสำหรับห้องปฏิบัติการ รวมถึงแว่นครอบตาหรือแว่นตานิรภัยที่มีที่กันด้านข้างอยู่เสมอ

- ไม่ใช้มือแตะปาก จมูก และตา
- ปิดรอยบาดหรือรอยถลอกให้สนิทก่อนทำงานกับวัสดุที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อได้
- หลังจากทำงานกับวัสดุใดๆ ที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อได้ ให้ล้างมือด้วยสบู่และน้ำให้สะอาดก่อนออกจากห้องปฏิบัติการ
- ถอดนาฬิกาข้อมือและเครื่องประดับออกก่อนทำงานที่โต๊ะปฏิบัติการ
- เก็บวัสดุติดเชื้อหรือวัสดุที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อไว้ในภาชนะที่ไม่แตกและกันการรั่วไหล
- ถอดชุดป้องกันออกก่อนที่จะออกจากห้องปฏิบัติการ
- ห้ามใช้มือที่ใส่ถุงมือเขียน รับโทรศัพท์ เปิดสวิตช์ไฟ หรือสัมผัสสิ่งใดที่ผู้อื่นอาจสัมผัสโดยไม่สวมถุงมือ
- เปลี่ยนถุงมือบ่อย ๆ ถอดถุงมือทันทีที่เห็นว่ามีการปนเปื้อน
- อย่าให้วัสดุที่ไม่สามารถขจัดการปนเปื้อนได้อย่างหมดจดสัมผัสกับวัสดุที่มีโอกาสทำให้เกิดการติดเชื้อได้
- เมื่อเสร็จสิ้นการดำเนินการที่เกี่ยวข้องกับวัสดุที่เป็นสารอันตรายทางชีวภาพแล้ว ให้ขจัดสิ่งปนเปื้อนในพื้นที่การทำงานด้วยสารฆ่าเชื้อโรคที่เหมาะสม (ตัวอย่างเช่น น้ำยาฟอกขาวในครัวเรือนเจือจางให้มีความเข้มข้น 1:10)

ข้อควรระวังเฉพาะสำหรับเครื่องตรวจวินิจฉัยภายนอกร่างกาย

- ตัวอย่างจากผู้ป่วยทุกตัวอย่างมีโอกาสเป็นอันตรายทางชีวภาพและควรได้รับการจัดการโดยใช้ข้อควรระวังที่สอดคล้องกับหลักสากล
- ไม่มีการปลดปล่อยสารที่เป็นอันตรายทางชีวภาพในระหว่างการทำงานปกติของเครื่องมือนี้

การขจัดการปนเปื้อนบนพื้นผิว

คำเตือน! เพื่อป้องกันไฟฟ้าช็อต ให้ปิดเครื่องและดึงปลั๊กออกก่อนที่จะปฏิบัติตามขั้นตอนการขจัดการปนเปื้อน

พื้นที่ต่อไปนี้สามารถทำความสะอาดได้ด้วยน้ำยาฆ่าเชื้อแบคทีเรีย เชื้อไวรัส หรือเชื้อราในโรงพยาบาล

- ฝาครอบด้านนอกและโครงตัวเครื่อง
- พื้นผิวป้องกันปฏิกิริยาภายในและหลุมบล็อกปฏิกิริยา
- แผงควบคุมและจอแสดงผล

ในการเตรียมและใช้น้ำยาฆ่าเชื้อโรค โปรดดูคำแนะนำจากผู้ผลิตผลิตภัณฑ์ ควรล้างบล็อกปฏิกิริยาและหลุมบล็อกปฏิกิริยาให้สะอาดด้วยน้ำหลาย ๆ ครั้งหลังจากที่ใช้น้ำยาฆ่าเชื้อ หลังจากล้างบล็อกปฏิกิริยาและหลุมบล็อกปฏิกิริยาด้วยน้ำแล้ว ให้เช็ดให้แห้งสนิท

สำคัญ: ห้ามใช้สารทำความสะอาดที่มีฤทธิ์กัดกร่อนหรือสารละลายที่มีความเป็นด่างรุนแรง สารเหล่านี้อาจสร้างรอยขีดข่วนบนพื้นผิวและทำให้บล็อกปฏิกิริยาเสียหาย ส่งผลให้ไม่สามารถควบคุมอุณหภูมิได้อย่างแม่นยำ

การกำจัดวัตถุอันตรายทางชีวภาพ

กำจัดวัตถุที่มีโอกาสปนเปื้อนเหล่านี้ตามกฎระเบียบสำหรับห้องปฏิบัติการในท้องถิ่น ภูมิภาค และประเทศ

- ตัวอย่างสิ่งส่งตรวจ
- น้ำยา
- ภาชนะบรรจุตัวทำปฏิกิริยาที่ใช้แล้วหรืออุปกรณ์สิ้นเปลืองอื่น ๆ ที่อาจมีการปนเปื้อน

อันตรายทางเคมี

ระบบตรวจจับของ PCR แบบเรียลไทม์ CFX Dx ไม่มีสารเคมีที่อาจเป็นอันตราย

อันตรายจากการระเบิดหรือเพลิงไหม้

CFX Dx ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์จะไม่ก่อให้เกิดอันตรายจากการติดไฟหรือการระเบิดเมื่อใช้ตามวิธีที่กำหนดโดย Bio-Rad Laboratories

อันตรายทางไฟฟ้า

หากติดตั้งและใช้งานได้อย่างถูกต้อง ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ CFX Dx จะไม่ก่อให้เกิดอันตรายทางไฟฟ้าแก่ผู้ใช้ โดยจะต้องไม่ทำการดัดแปลงทางกายภาพและเชื่อมต่อกับแหล่งจ่ายไฟที่มีคุณสมบัติเหมาะสม

การขนส่ง

ก่อนขนย้ายหรือขนส่งระบบตรวจจับ PCR เรียลไทม์ CFX Dx หรือโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลหรือฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม ต้องทำขั้นตอนการชำระสิ่งปนเปื้อน ขนย้ายหรือขนส่งระบบตรวจจับ PCR เรียลไทม์ CFX Dx หรือโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลในภาชนะบรรจุแยกกัน โดยใช้วัสดุหุ้มห่อที่ให้มาทุกครั้งเพื่อป้องกันความเสียหายที่อาจเกิดขึ้นกับเครื่องมือ หากไม่มีภาชนะที่เหมาะสม ติดต่อสำนักงาน Bio-Rad ในท้องถิ่นของคุณ

แบตเตอรี่

ระบบ CFX Dx เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมใช้ถ่านก้อนกระดุมแบบลิเทียมเมทัล 3V และชุดแบตเตอรี่นิเกิลเมทัลไฮไดรด์แบบชาร์จใหม่ได้ 4.8 V เพื่อรักษาการตั้งค่าเกี่ยวกับเวลาและข้อมูลการดำเนินการในกรณีที่ไม่มีพลังงานไฟฟ้า หากเวลาและ/หรือข้อมูลการดำเนินการไม่ตรงตามค่าที่ตั้งไว้หลังจากปิดหน่วย อาจเป็นสัญญาณบ่งบอกว่าแบตเตอรี่อ่อน หากเกิดกรณีนี้ ให้ติดต่อฝ่ายสนับสนุนด้านเทคนิคของ Bio-Rad เพื่อรับความช่วยเหลือ

อย่าพยายามเปลี่ยนแบตเตอรี่ด้วยตัวเอง ติดต่อฝ่ายสนับสนุนด้านเทคนิค Bio-Radหลุ

การกำจัด

ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ CFX Dx มีวัสดุไฟฟ้า ซึ่งควรจะกำจัดโดยถือเป็นของเสียที่ไม่ได้คัดแยกและต้องเก็บแยกต่างหากตามกฎระเบียบเกี่ยวกับของเสียและอุปกรณ์อิเล็กทรอนิกส์ของสหภาพยุโรป 2012/19/EU — WEEE Directive ก่อนการกำจัด โปรดติดต่อตัวแทน Bio-Rad ในประเทศของคุณเพื่อขอคำแนะนำที่เฉพาะเจาะจงสำหรับแต่ละประเทศ

การรับประกัน

ระบบตรวจจับ PCR เรียลไทม์ CFX Dx และอุปกรณ์เสริมที่เชื่อมต่ออยู่ภายใต้ Bio-Rad การรับประกันมาตรฐาน ติดต่อสำนักงาน Bio-Rad ในท้องถิ่นของคุณเพื่อสอบถามรายละเอียดของการรับประกัน

บท 1 บทนำ

Bio-Radของ CFX Dx ระบบการเพิ่มปริมาณ PCR แบบเรียลไทม์สำหรับการวินิจฉัยในหลอดทดลอง (IVD) มาพร้อมความก้าวหน้าทางเทคโนโลยีล่าสุด ช่วยให้สามารถมีการหาปริมาณ PCR ด้วยเส้นโค้งมาตรฐาน การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน การแยกอัลลีล และการวิเคราะห์จุดสิ้นสุดได้

ระบบ CFX Dx ประกอบด้วยสองโมดูลฮาร์ดแวร์และซอฟต์แวร์:

- โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล (ORM) CFX96™ Dx หรือ CFX96 Deep Well Dx
- เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000™
- ซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx

เมื่อใช้กับซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx คุณสามารถ

- สร้างผลลัพธ์ทันทีด้วย Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- ป้อนหรือแก้ไขข้อมูลหลุมก่อน ระหว่าง หรือหลังจากดำเนินการ
- แปลความหมายข้อมูลที่ซับซ้อนและทำความเข้าใจการศึกษาการแสดงออกของยีนด้วยเครื่องมือต่างๆ เช่นการวิเคราะห์ควบคุม PrimePCR ™ และเครื่องมือการเลือกยีนอ้างอิง
- จัดเตรียมรายงานข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์ที่ครอบคลุมของคุณ

ระบบตรวจจับ PCR CFX Dx

ตาราง 3 แสดงรายการผลิตภัณฑ์ IVD PCR ของ Bio-Rad ที่จัดส่งพร้อมกับ ระบบ CFX Dx

หมายเหตุ: ระบบ CFX Dx จัดส่งมาพร้อมกับซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx และโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX96 Dx หรือ CFX96 Deep Well Dx

ตาราง 3 ระบบตรวจจับ PCR รุ่น CFX IVD

แคตตาล็อก #	คำอธิบาย
1845097-IVD	CFX96 Dx ORM *
1844095-IVD	CFX96 Deep Well Dx ORM
1841000-IVD	เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx
12007917	ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx v3.1

* โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล

ค้นหาข้อมูลเพิ่มเติม

เอกสารฉบับนี้จะอธิบายวิธีการตั้งค่าและใช้งานระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ CFX96 Dx และ CFX96 Deep Well Dx ที่มีเครื่องหมาย CE-IVD โดยจะเรียกระบบเหล่านี้ว่า ระบบ CFX Dx ในเอกสารฉบับนี้ นอกจากนี้ เอกสารฉบับนี้จะอธิบายวิธีใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ด้วย ระบบ CFX Dx

เคล็ดลับ: คลิกโลโก้ Bio-Rad ที่มุมขวาบนของหน้าต่าง ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ใดก็ได้เพื่อเปิดเว็บไซต์ของ Bio-Rad เว็บไซต์นี้มีลิงก์ไปยังบันทึกย่อทางเทคนิค คู่มือ ข้อมูลผลิตภัณฑ์และการสนับสนุนทางเทคนิค นอกจากนี้ เว็บไซต์นี้ยังมีแหล่งข้อมูลด้านเทคนิคเกี่ยวกับวิธีการและการนำไปใช้ที่หลากหลายที่เกี่ยวข้องกับเทคนิค PCR, PCR แบบเรียลไทม์ และการแสดงออกของยีน

บท 2 การตั้งค่าเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

ในบทนี้จะอธิบายวิธีการตั้งค่าเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx ของ ระบบ CFX Dxในสถานที่ทำงานของคุณ

เคล็ดลับ: ก่อนตั้งค่าเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม คุณควรทำความคุ้นเคยกับเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมและ โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลพอร์ตและอุปกรณ์เสริม

ข้อกำหนดเกี่ยวกับสถานที่ทำงาน

ตารางในบทนี้ระบุถึงรายการข้อกำหนดเกี่ยวกับห้อง สภาพแวดล้อม และพลังงานที่จำเป็นในการติดตั้งและใช้เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม ระบบ CFX Dx ให้ได้ผล

หมายเหตุ: ติดตั้งเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม ระบบ CFX Dx บนพื้นผิวที่เรียบและแห้งที่มีลมเย็นหมุนเวียนอย่างเพียงพอเพื่อให้เครื่องสามารถทำการทดสอบได้อย่างถูกต้อง

ข้อกำหนดเกี่ยวกับพื้นที่บนโต๊ะ

ตาราง 4 ข้อกำหนดเกี่ยวกับพื้นที่บนโต๊ะสำหรับระบบ CFX Dx เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

Item (รายการ)	ข้อมูลจำเพาะ
กำลังไฟเข้า	สูงสุดไม่เกิน 850 วัตต์
ความถี่	50–60 เฮิรตซ์ เฟสเดี่ยว
พอร์ต USB	5 A, 1 B
ขนาด	กว้าง: 13 นิ้ว; 33 ซม. ลึก: 18 นิ้ว; 46 ซม. สูง: 14 นิ้ว; 36 ซม.
น้ำหนัก	47 ปอนด์; 21 กิโลกรัม

ข้อกำหนดเกี่ยวกับสภาพแวดล้อม

ตาราง 5 ข้อกำหนดเกี่ยวกับสภาพแวดล้อมของ ระบบ CFX Dx เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

พารามิเตอร์	ช่วง	ช่วงความชื้น
สภาวะในการทำงาน	15–31°C 59-87.8°F	0-80% RH ไม่มีการควบแน่น
สภาวะในการเก็บรักษา	15–31°C 59-87.8°F	0-80% RH ไม่มีการควบแน่น

ข้อกำหนดเกี่ยวกับพลังงานไฟฟ้า

พลังงานไฟฟ้าที่ส่งไปยังเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม ระบบ CFX Dx ต้องมีความเสถียรและอยู่ในข้อกำหนด เ
พื่อให้มั่นใจว่าสามารถทำงานได้อย่างเหมาะสม สายไฟที่เชื่อมต่อกับพอร์ตเต้ารับต้องมีระดับ 7 แอมพ์ขึ้นไป

ตาราง 6 ข้อกำหนดเกี่ยวกับพลังงานไฟฟ้า ระบบ CFX Dx

Item (รายการ)	ข้อมูลจำเพาะ
แรงดันไฟฟ้าเข้าหลัก	100–240 โวลต์ 50–60 เฮิรตซ์ เฟสเดี่ยว
การใช้พลังงานสูงสุด	<850 วัตต์
จำนวนเต้าเสียบไฟ	เต้าเสียบไฟอย่างน้อย 2 ช่อง ■ เต้าเสียบ 1 ช่องสำหรับเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม ■ เต้าเสียบ 1 ช่องสำหรับคอมพิวเตอร์ที่เรียกใช้ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

ภาพรวมของระบบ

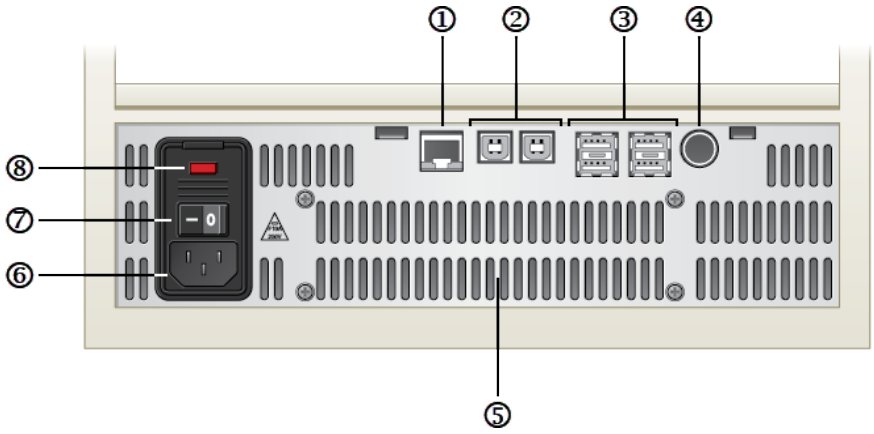
ภาพประกอบในส่วนนี้แสดงชิ้นส่วนหลักของฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

มุมมองด้านหน้า

คำอธิบายสัญลักษณ์

1	**โมดูลปฏิกิริยาใยแก้ว** — มีระบบใยแก้วเพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลปฏิกิริยาเรืองแสงและบล็อกเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมในหลอดทดลอง ระบบตรวจจับ PCR แบบเรียลไทม์ CFX Dx รองรับโมดูล CFX96™ Dx หรือ CFX96 Deep Well Dx
2	**ไฟ LED แสดงสถานะ** — แสดงว่ามีการใช้งานบล็อกอยู่
3	**ปุ่ม Lid (ฝา)** — จะเปิดหรือปิดฝาโมดูลปฏิกิริยาใยแก้วและปิดผนึกห้องเครื่องปฏิกิริยา
4	**ฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมในหลอดทดลอง C1000™ Dx** — จะจ่ายไฟและสื่อสารกับระบบ และสนับสนุนการทำงานของโมดูลปฏิกิริยาใยแก้วใน CFX96 Dx และ CFX96 Deep Well
5	**หน้าจอและปุ่มบนแผงด้านหน้า** — ช่วยการควบคุมระบบในโหมดสแตนด์อะโลน **สำคัญ:** เพื่อให้มั่นใจว่าข้อมูลการศึกษายืน IVD มีความสมบูรณ์ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จึงจะไม่รองรับข้อมูลที่สร้างขึ้นโดยเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมในโหมดสแตนด์อะโลน
6	**Heated Inner Lid (ฝาครอบด้านในที่มีการอุ่น)** รักษาอุณหภูมิของฝาครอบเพื่อป้องกันการควบแน่นและระเหย
7	**บล็อกตัวอย่าง/ปฏิกิริยา** — ช่วยยึดภาชนะปฏิกิริยา รวมถึงท่อและไมโครเพลท

มุมมองด้านหลัง



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	**Ethernet Port (พอร์ตอีเทอร์เน็ต)** ใช้เชื่อมต่อเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx เข้ากับเครือข่ายของคุณ
2	**USB Type B Port (พอร์ต USB Type B)** ใช้เชื่อมต่อเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx เข้ากับคอมพิวเตอร์ที่ใช้ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx
3	**USB Type A Port (พอร์ต USB Type A)** ใช้ถ่ายโอนข้อมูลไปยังและจากแฟลชไดรฟ์ USB **สำคัญ:** เพื่อให้มั่นใจว่าข้อมูลการศึกษายีน IVD มีความสมบูรณ์ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จึงจะไม่รองรับข้อมูลที่สร้างขึ้นโดยเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมในโหมดสแตนด์อะโลน
4	**Serial Test Port (พอร์ตการทดสอบต่อเนื่อง)** สำหรับการทดสอบบริการเท่านั้น
5	**Cooling Vent (ช่องระบายความร้อน)** ระบายความร้อนให้กับเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม **สำคัญ:** ห้ามปิดกั้นช่องระบายความร้อน เพื่อการทำงานที่มีประสิทธิภาพที่สุด ควรตรวจสอบให้แน่ใจว่าอากาศสามารถหมุนเวียนที่ด้านหลังของฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมได้
6	**Power Input (กำลังไฟเข้า)** ไฟ AC หลัก ใช้สายไฟที่ให้มา
7	**Power Switch (สวิตช์ไฟ)** สวิตช์โยกเพื่อเปิดและปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม
8	**Fuses (ฟิวส์)** โปรดดูข้อมูลเฉพาะของฟิวส์ได้ที่ข้อกำหนดการใช้งานอย่างปลอดภัยและการปฏิบัติตามข้อกำหนด ในหน้า 14

โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล

เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx สามารถทำงานร่วมกับโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล Bio-Rad ต่อไปนี้สำหรับการทำ PCR แบบเรียลไทม์

- โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX96 Dx
- โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX96 Deep Well Dx

โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX Dx ที่เลือกไว้และเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมจะจัดส่งในกล่องแยกต่างหาก ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะจัดส่งมาพร้อมกับโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล

สำคัญ: โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลจะได้รับการปรับเทียบกับฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมที่จัดส่งไปด้วยกัน ดังนั้น ห้ามใช้โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลกับฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมอื่น หรือใช้ฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุรรมกับโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลอื่น

โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลทั้งสองแบบจะมีฝาอุ่นที่ปรับได้อย่างเต็มที่ซึ่งสามารถทำการทดสอบได้อย่างน่าเชื่อถือโดยมีช่วงของอ่างปฏิกรณ์ที่กว้าง โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลแต่ละตัวจะมีพัดลมระบายความร้อนเพื่อทำให้ความร้อนและความเย็นอย่างรวดเร็ว

โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX Dx แต่ละตัวประกอบด้วยส่วนประกอบต่อไปนี้

- **Heated Inner Lid (ฝาครอบด้านในที่มีการอุ่น)** รักษาอุณหภูมิของฝาครอบเพื่อป้องกันการควบแน่นและระเหย
- **Sample/Reaction Block (บล็อกตัวอย่าง/ปฏิกิริยา)** บรรจุอ่างปฏิกรณ์ รวมทั้งหลอดและไมโครเพลต
- **Lid Button (ปุ่มฝาครอบ)** เปิดและปิดฝาครอบและปิดผนึกปฏิกิริยา
- **Status LED (สถานะ LED)** เมื่อเปิด จะบ่งชี้ว่ากำลังใช้งานบล็อกอยู่

ปริมาตรตัวอย่างที่แนะนำ

เมื่อใช้เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000Dx ปริมาตรตัวอย่างสูงสุดจะขึ้นอยู่กับชนิดของโมดูลปฏิกิริยาที่ใช้ ตาราง 7 แสดงปริมาตรที่แนะนำให้ใช้กับโมดูลปฏิกิริยาแต่ละชนิด

ตาราง 7 ขีดจำกัดขนาดและปริมาตรสำหรับโมดูลปฏิกิริยา

จำนวนหลุม	จำนวนบล็อก	ปริมาตรตัวอย่างที่แนะนำ ในหน่วย µl (ขีดจำกัดสูง)
96 หลุม	1	10-50
96 หลุมลึก	1	10-125

การติดตั้งเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

ฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx จัดส่งมาในกล่องแยกต่างหากจาก โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล แพคเกจจะประกอบด้วย:

- ฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมC1000 Dx
- สายไฟ
- สาย USB 1 เส้น

วิธีติดตั้งเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

1 แกะกล่องและติดตั้งฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

2 ติดโมดูลปฏิกิริยาเข้ากับฐาน

3 ถอดสกรูที่จัดส่งมาออก

ส่วนนี้จะจะอธิบายงานเหล่านี้โดยละเอียด

การแกะกล่องและตั้งค่าของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

สำคัญ: ก่อนที่จะใช้งานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม โปรดอ่านข้อมูลใน การปฏิบัติตามข้อกำหนดด้านความปลอดภัยและกฎระเบียบ ในหน้า 13 และ ฉลากเตือนด้านความปลอดภัย ในหน้า 13

เคล็ดลับ: ระหว่างการตั้งค่า ตรวจสอบให้แน่ใจว่าคุณมีพื้นที่เพียงพอสำหรับวางเครื่องคอมพิวเตอร์ที่จะเรียกใช้ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ใกล้ ๆ กับเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

วิธีการแกะกล่องและตั้งค่าฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

1 หากล่องที่บรรจุฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

2 นำฐานออกจากวัสดบรรจุภัณฑ์

เคล็ดลับ: เก็บวัสดุบรรจุภัณฑ์ไว้ใช้ในอนาคต หากมีรายการใดสูญหายหรือเสียหาย โปรดติดต่อสำนักงาน Bio-Rad ในพื้นที่ของคุณ

3 วางฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมบนพื้นผิวที่เรียบและแห้งที่มีลมเย็นไหลเวียนอย่างเพียงพอเพื่อให้ทำงานได้ดี

4 หาสายไฟในบรรจุภัณฑ์ที่จัดส่ง และเสียบปลายด้านหนึ่งเข้ากับพอร์ตเต้ารับที่ด้านหลังเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

สำคัญ: อย่าเพิ่งเปิดเครื่องในเวลานี้

5 ติดโมดูลปฏิกิริยา IVD เข้ากับฐาน ไปที่การติดโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล ในหน้า 27

การติดโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล

Bio-Rad จัดส่งโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX96 Dx หรือ CFX96 Deep Well มาพร้อมกับฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx (แต่อยู่ในกล่องแยกต่างหาก) แกะกล่องโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลอย่างระมัดระวัง และตรวจดูว่ามีสายไฟและสาย USB อยู่ในกล่องที่จัดส่งมาหรือไม่

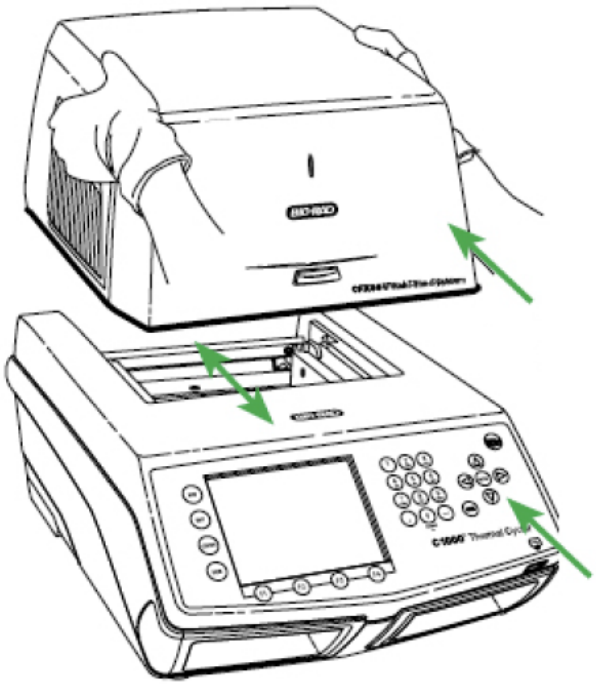
สำคัญ: โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลแต่ละโมดูลจะได้รับการปรับเทียบกับฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมที่จัดส่งมาด้วยกัน ดังนั้น ห้ามใช้โมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลกับฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมอื่น

ตรวจสอบให้แน่ใจว่าฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx วางอยู่บนพื้นผิวที่เรียบและแห้ง โดยมีการไหลของอากาศเย็นที่เพียงพอเพื่อให้ทำงานได้อย่างเหมาะสม

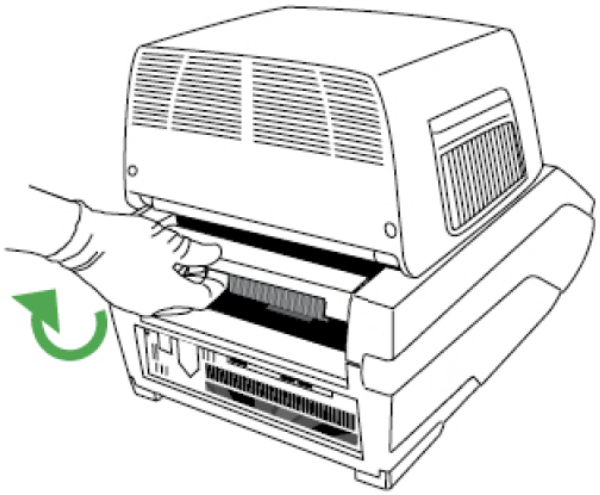
วิธีการติดโมดูลปฏิกิริยาเข้ากับฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

1 วางเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx ในตำแหน่งที่เหมาะสมโดยกดแถบล็อกลง

2 ยกโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลโดยใช้ที่จับที่เว้าเข้าที่ด้านบนช่องระบายอากาศด้านข้าง จัดตำแหน่งโมดูลไว้ในสล็อตโมดูลปฏิกิริยา C1000 Dx โดยให้เหลือพื้นที่ด้านหน้าประมาณ 2 ซม. เมื่ออยู่ในสล็อต โมดูลแบบออปติคัลควรคลุมโลโก้ Bio-Rad ที่ด้านหน้าของสล็อต



3 ดึงแถบล็อกขึ้นจนกว่าจะจมเข้ากับด้านข้างของสล็อตโมดูล การดำเนินการนี้จะเลื่อนโมดูลไปข้างหน้าและล็อกเข้าที่



4 ตรวจสอบว่าโมดูลวางเข้าอยู่ในฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx อย่างสมบูรณ์และเรียบไปกับเครื่อง ไม่ควรมีช่องว่างระหว่างโมดูลกับฐาน

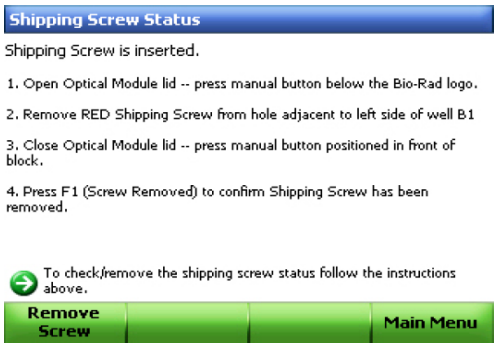
5 เสียบปลั๊กไฟเข้าด้านหลังฐานวางเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx และเสียบเข้ากับเต้าเสียบไฟที่เหมาะสม จากนั้นกดสวิตช์ไฟที่แผงด้านหลังของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx เพิ่มเริ่มใช้งานระบบ

การถอดสกรูสำหรับการจัดส่ง

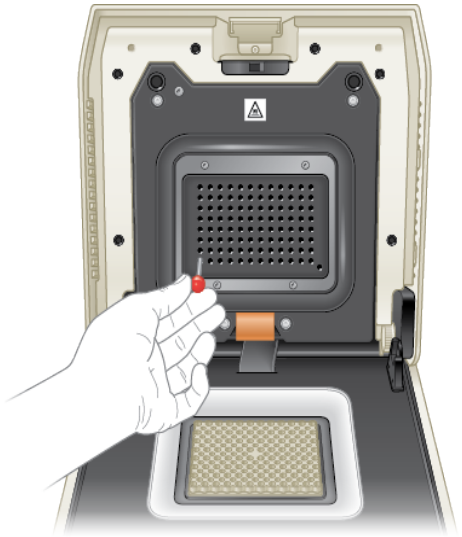
สำคัญ: โมดูลการปฏิกิริยาแบบออปติคอลของ Bio-Rad จะจัดส่งโดยมีสกรูสำหรับการจัดส่งสีแดงเสียบอยู่ในฝาครอบด้านในเพื่อยึดโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลระหว่างการจัดส่ง คุณจะต้องถอดสกรูสำหรับการจัดส่งก่อนที่คุณจะสามารถใช้งานโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลได้

วิธีการถอดสกรูสำหรับการจัดส่ง

1 เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx จะรับรู้ว่าสกรูสำหรับการจัดส่งเสียบอยู่ในโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล และแสดงข้อความเป็นคำแนะนำให้คุณถอดสกรูออก



2 ทำตามคำแนะนำในการถอดสกรูสำหรับการจัดส่ง แผนภาพต่อไปนี้แสดงตำแหน่งของสกรูสำหรับการจัดส่ง



หมายเหตุ: คุณต้องใส่สกรูสำหรับการจัดส่งกลับเข้าไป หากจำเป็นต้องส่งโมดูลปฏิกิริยาคืนด้วยเหตุผลใดก็ตาม เก็บสกรูไว้ในที่ปลอดภัยและสามารถเข้าถึงได้

การใส่เพลตตัวอย่าง

เพลตจะต้องสัมผัสกับบล็อกปฏิกิริยาอย่างสมบูรณ์ เพื่อให้แน่ใจว่าเกิดการทำความร้อนและความเย็นของตัวอย่างที่สม่ำเสมอ เพื่อให้แน่ใจว่ามีการสัมผัสอย่างเพียงพอ ให้ทำสิ่งต่อไปนี้

- ตรวจดูเพื่อยืนยันว่าบล็อกสะอาดก่อนใส่ตัวอย่าง
- กดหลอด แถบหลอด หรือไมโครเพลตแต่ละชิ้นลงหลุมบล็อกให้แน่น
- เมื่อใช้หนึ่งหลอดหรือสองสามหลอด ให้ใช้โครงใส่หลอด (แคตตาล็อก #1849000 หรือ #1849001) หรือใส่หลอดเปล่าอย่างน้อยหนึ่งหลอดในแต่ละมุมของบล็อก เพื่อให้แน่ใจว่าฝาครอบมีแรงกดบนหลอดแต่ละหลอดอย่างสม่ำเสมอ

การใส่เพลตลงในโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล

สำคัญ: เมื่อใช้ระบบ ระบบ CFX Dx จะปรับสมดุลแถบหลอดหรือเพิ่มฝาครอบหลอดให้กับหลุมมุมเสมอ เพื่อให้แน่ใจว่าฝาที่อุ่นจะส่งแรงดันที่สม่ำเสมอทั่วทั้งบล็อก

วิธีการใส่เพลตลงในของโมดูลปฏิกิริยา

1 หากต้องการเปิดฝาครอบมอเตอร์ ให้ทำอย่างใดอย่างหนึ่งต่อไปนี้

- ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ในซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ให้คลิก Open Lid (เปิดฝาครอบ)
- บนแท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ) ในซอฟต์แวร์ ให้คลิก Open Lid (เปิดฝาครอบ)
- กดปุ่มฝาครอบที่ด้านหน้าของอุปกรณ์

2 วางไมโครเพลต หลอดแต่ละหลอด หรือแถบหลอดที่มีฝาปิดสนิทลงในบล็อก

สำคัญ: ตรวจสอบว่าท่อปิดสนิทเพื่อป้องกันการรั่วซึม

เคล็ดลับ: เพื่อให้ได้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุด ให้โหลดตัวอย่างปริมาตร 10-25 µl สำหรับ ระบบ CFX Dx

3 เพื่อให้มีการวิเคราะห์ข้อมูลอย่างถูกต้อง ให้ตรวจสอบว่าการวางแนวของปฏิกิริยาในบล็อกตรงกันกับการวางแนวของสารในหลุมในแท็บ Plate (เพลต) ในซอฟท์แวร์ CFX Manager Dx

เคล็ดลับ: คุณสามารถแก้ไขสารในหลุมได้โดยใช้ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ก่อน ระหว่าง หรือหลังการทดสอบได้

4 หากต้องการปิดฝาครอบมอเตอร์ ให้ทำอย่างใดอย่างหนึ่งต่อไปนี้

- กดปุ่มฝาครอบบนเครื่องมือ
- ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ในซอฟต์แวร์ ให้คลิก Close Lid (ปิดฝาครอบ)
- บนแท็บ Start Run (เริ่มทำการทดสอบ) ในซอฟต์แวร์ ให้คลิก Close Lid (ปิดฝาครอบ)

สำคัญ: ตรวจสอบให้แน่ใจว่าไม่มีสิ่งใดกีดขวางฝาครอบเมื่อปิดฝา ถึงแม้ว่าจะมีกลไกด้านความปลอดภัยเพื่อป้องกันไม่ให้ฝาครอบปิดลงหากตรวจพบสิ่งกีดขวาง อย่างไรก็ตาม ห้ามวางสิ่งของกีดขวางฝาครอบก่อนที่จะปิดฝา

พลาสติกและสารเคมีสิ้นเปลืองของ PCR

หากต้องการค้นหาและสั่งซื้อพลาสติกสิ้นเปลืองที่แนะนำสำหรับระบบ CFX Dx ให้ไปที่เว็บไซต์ Bio-Rad คุณสามารถเข้าถึงเว็บไซต์นี้ได้จากเมนู Help (ช่วยเหลือ) > รายการเมนูเว็บไซต์พลาสติกสิ้นเปลืองสำหรับ PCR ในซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx นอกจากนี้ โปรดดูที่ Plastic Selector (ตัวเลือกพลาสติก) และ Reagents Selector (ตัวเลือกสารเคมี) เพื่อช่วยให้คุณสามารถค้นหาและสั่งซื้อพลาสติกสิ้นเปลืองและสารเคมีสำหรับฮาร์ดแวร์และความต้องการของ PCR ได้โดยง่าย

การตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ

ระหว่างการติดตั้ง ซอฟต์แวร์ติดตั้ง ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะติดตั้งไดรฟ์เวอร์ของเครื่องมือลงในคอมพิวเตอร์ที่ใช้งาน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx โดยอัตโนมัติ CFX Manager Dx ตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อเมื่อเริ่มต้นใช้งานซอฟต์แวร์

สำคัญ: คุณต้องตัดการเชื่อมต่อเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx จากคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dxก่อนที่จะติดตั้งซอฟต์แวร์ คุณไม่จำเป็นต้องปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมระหว่างที่ทำการติดตั้งซอฟต์แวร์

วิธีการตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ

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

2 เสียบปลายอีกด้านหนึ่ง (พอร์ต) เข้ากับพอร์ต USB บนคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx

3 หากเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมไม่ได้กำลังทำงานอยู่ ให้กดสวิตช์ไฟที่ด้านหลังเครื่องมือเพื่อเปิดเครื่อง

4 เริ่ม ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

ซอฟต์แวร์จะตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อโดยอัตโนมัติ และแสดงชื่อของเครื่องมือในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจจับได้) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

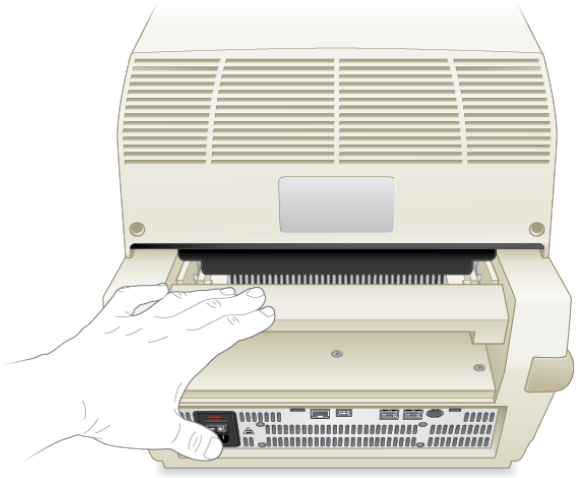
หมายเหตุ: หากเครื่องมือไม่ปรากฏขึ้นในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้ตรวจสอบว่าได้ทำการติดตั้งสาย USB อย่างถูกต้องแล้ว เมื่อต้องการติดตั้งไดรฟ์เวอร์อีกครั้ง ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดรฟ์เวอร์เครื่องมืออีกครั้ง) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ใน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

การปลดแบบ ออฟติคอล

สำคัญ: ปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx ก่อนที่จะปลดโมดูลปฏิกิริยา (โปรดดูการปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx ในหน้า 32) ใบพัดระบายความร้อนภายในโมดูลปฏิกิริยาอาจจะร้อนขึ้นทันทีหลังจากที่เรียกใช้โปรโตคอลหรือการบ่ม โปรดตรวจสอบให้แน่ใจว่าใบพัดเย็นก่อนที่จะปลดโมดูลปฏิกิริยา

วิธีการปลดโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลออกจากฐานของเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

1 ที่ด้านหลังงฐานเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม ให้ดันแถบล็อกลงเพื่อปลดล็อกและปล่อยโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลออก



2 ยกโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลออกจากช่องด้วยความระมัดระวังโดยใช้ที่จับที่เว้าเข้าไปในแต่ละด้าน

3 ตั้งโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอลบนพื้นผิวที่สะอาดและเรียบที่จะไม่เกิดการกระแทก ขูดขีด หรือตกหล่น

การปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx

วิธีการปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

1 หลังจากการทดสอบ ให้กดปุ่มเปิดฝาที่ด้านหน้าโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล CFX เพื่อเข้าถึงตัวอย่างที่โหลดไว้ในบล็อก

2 นำตัวอย่างออกจากบล็อกและกดปุ่มปิดฝาเพื่อปิดฝาครอบ

3 กดสวิตช์เปิด/ปิดที่แผงด้านหลังเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx เพื่อปิดระบบ

บท 3 การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

บทนี้จะอธิบายถึงวิธีการติดตั้ง ซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ต้องวิเคราะห์ข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์จากระบบ CFX96™ Dx และ CFX96 Deep Well Dx นอกจากนี้ คุณยังสามารถใช้ซอฟต์แวร์นี้ควบคุมระบบเหล่านี้ในโหมดควบคุมด้วยซอฟต์แวร์ได้

สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการติดตั้ง ระบบ CFX Dx เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมและโมดูลปฏิกิริยาแบบออปติคอล โปรดดู การตั้งค่าเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 Dx ในหน้า 21

ข้อกำหนดของระบบ

ตาราง 8 แสดงข้อกำหนดของระบบขั้นต่ำและที่แนะนำสำหรับคอมพิวเตอร์ที่ทำงานบน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx (ที่เรียกว่าคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx)

ตาราง 8 ข้อกำหนดของคอมพิวเตอร์สำหรับ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

ระบบ	ขั้นต่ำ	ที่แนะนำ
ระบบปฏิบัติการ	Microsoft Windows 7 SP1 Pro	รายการใดรายหนึ่งต่อไปนี้ ■ Microsoft Windows 7 SP2 Pro (32- และ 64-bit) ■ Microsoft Windows 10 Pro (64-bit เท่านั้น) ■ Microsoft Windows 10 Enterprise (64-bit เท่านั้น)
สำคัญ: ต้องปิดใช้งาน Secure Boot กับทั้ง Microsoft Windows 10 Pro และ Enterprise		
พอร์ต	พอร์ตความเร็วสูง 2 USB 2.0	พอร์ตความเร็วสูง 2 USB 2.0
พื้นที่ฮาร์ดดิสก์	128 GB	128 GB
ความเร็วตัวประมวลผล	2.4 GHz, Dual Core	2.4 GHz, Quad Core
RAM	4 GB RAM	8 GB RAM
ความละเอียดหน้าจอ	1024 x 768 พร้อมโหมดสีจริง	1280 x 1024 พร้อมโหมดสีจริง
PDF reader		Adobe PDF Reader หรือ Windows PDF Reader จาก Microsoft Office Suites ที่รองรับ: ■ 2007 ■ 2010 ■ 2013

การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

สำคัญ: คุณต้องตัดการเชื่อมต่อเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่ออกจากคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx ก่อนที่จะติดตั้งหรืออัพเกรดซอฟต์แวร์ คุณไม่จำเป็นต้องปิดเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมระหว่างที่ทำการติดตั้งซอฟต์แวร์ ตรวจสอบให้แน่ใจว่าคุณได้บันทึกการทดสอบทั้งหมดไว้แล้วและไม่ได้กำลังทดสอบอยู่

หมายเหตุ: หากคุณทำการติดตั้ง ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx บน Windows 10 ให้ตรวจสอบว่าได้ปิดใช้งาน Secure Boot (การบูตแบบปลอดภัย) ก่อนที่จะเริ่มขั้นตอนการติดตั้ง

วิธีการติดตั้ง ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

1 หากจำเป็น ให้ถอดอุปกรณ์ที่เชื่อมต่ออยู่ออกจากคอมพิวเตอร์

ค้นหาตำแหน่งและปลดสาย USB ของอุปกรณ์บนคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx ปลายด้านที่เสียบอยู่ในเครื่องสามารถเสียบคาไว้ได้

2 ลงชื่อเข้าใช้คอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx ด้วยสิทธิ์ระดับผู้ดูแลระบบ

3 ใส่แผ่นซีดีซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ลงในไดรฟ์ซีดีของคอมพิวเตอร์

4 หน้าเปิดใช้ซอฟต์แวร์ควรปรากฏขึ้นมาโดยอัตโนมัติ ดับเบิลคลิกที่ Install Software (ติดตั้งซอฟต์แวร์) ในหน้าเปิดใช้ซอฟต์แวร์

หมายเหตุ: หากหน้าเปิดใช้ไม่ปรากฏขึ้นมาโดยอัตโนมัติ ให้ไปที่ไดรฟ์ซีดีและเปิดโฟลเดอร์ CFX_Manager แล้วดับเบิลคลิกที่ setup.exe เพื่อเริ่มตัวช่วยสร้างการติดตั้งซอฟต์แวร์

เคล็ดลับ: ในตัวช่วยสร้างการติดตั้ง ให้คลิกปุ่ม Documentation (เอกสารกำกับโปรแกรม) เพื่อค้นหาสำเนาบันทึกย่อประจำรุ่น คู่มือเครื่องมือ และเอกสารอื่น ๆ ที่สามารถค้นหาได้

5 ทำตามคำแนะนำการติดตั้งบนหน้าจอเพื่อทำการติดตั้งให้เสร็จสิ้น เมื่อเสร็จสิ้น ไอคอนซอฟต์แวร์ CFX manager จะปรากฏขึ้นบนเดสก์ท็อปของคอมพิวเตอร์

6 หลังจากทำการติดตั้งเสร็จสิ้น คุณสามารถนำซีดีออกได้อย่างปลอดภัย

การตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ

ระหว่างการติดตั้ง ซอฟต์แวร์ติดตั้ง CFX Manager Dx จะติดตั้งไดรฟ์เวอร์ของเครื่องมือลงในคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx โดยอัตโนมัติ CFX Manager Dx ตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อเมื่อเริ่มต้นใช้งานซอฟต์แวร์

วิธีการตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อ

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

2 เสียบปลายอีกด้านหนึ่ง (พอร์ต) เข้ากับพอร์ต USB บนคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx

3 หากเครื่องไม่ได้กำลังทำงานอยู่ ให้กดสวิตช์ไฟที่ด้านหลังเครื่องมือเพื่อเปิดเครื่อง

4 เริ่ม CFX Manager Dx

ซอฟต์แวร์จะตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่อโดยอัตโนมัติ และแสดงชื่อของเครื่องมือในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจจับได้) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

หมายเหตุ: หากเครื่องมือไม่ปรากฏขึ้นในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้ตรวจสอบว่าได้ทำการติดตั้งสาย USB อย่างถูกต้องแล้ว เมื่อต้องการติดตั้งไดรฟ์เวอร์อีกครั้ง ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ใน CFX Manager Dx ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดรฟ์เวอร์เครื่องมืออีกครั้ง)

ไฟล์ซอฟต์แวร์

ตาราง 9 จะแสดงรายการประเภทไฟล์ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

ตาราง 9 ประเภทไฟล์ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

File Type (ประเภทไฟล์)	Extension (ส่วนขยาย)	Details (รายละเอียด)
Protocol (โปรโตคอล)	.prcl	มีรายละเอียดการตั้งค่าโปรโตคอลเพื่อดำเนินการทดสอบ PCR
Plate (เพลต)	.pltd	มีรายละเอียดการตั้งค่าเพลตเพื่อดำเนินการทดสอบ PCR
Data (ข้อมูล)	.pcrd	มีผลลัพธ์ของการดำเนินการทดสอบและการวิเคราะห์ PCR
การทดสอบ PrimePCR™	.csv	มีเค้าโครงโปรโตคอลและเพลตสำหรับเพลต PrimePCR
Gene study (การศึกษายีน)	.mgxd	มีผลลัพธ์ของการดำเนินการทดสอบ PCR และการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนหลายผลลัพธ์
LIMS	.plrn	มีการติดตั้งเพลตและข้อมูลโปรโตคอลที่จำเป็นในการดำเนินการทดสอบที่เข้ากันได้กับระบบ LIMS

มาตรการเกี่ยวกับความปลอดภัยทางไซเบอร์ที่แนะนำ

Bio-Rad ขอแนะนำให้คุณทำงานร่วมกับแผนก IT ของคุณเพื่อนำมาตรการเกี่ยวความปลอดภัยทางไซเบอร์มาใช้กับคอมพิวเตอร์ที่ใช้กับระบบ CFX96 Dx ตัวอย่างเช่น

- ติดตั้งและกำหนดค่าการป้องกันไวรัสและการใช้ไฟร์วอลล์ที่เหมาะสม

  สำคัญ: กำหนดค่าให้มีการสแกนไวรัสในช่วงเวลาหยุดทำงานหรือเมื่อเครื่องมือไม่ได้กำลังทำงานอยู่ หากมีการเริ่มต้นสแกนไวรัสในขณะที่ CFX Manager Dx กำลังดำเนินการทดสอบ อาจทำให้การดำเนินการนั้นถูกยกเลิกและสูญเสียข้อมูล

- ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ไม่มีคุณลักษณะการหมดเวลาจากการไม่ใช้งานในรอบเวลาของผู้ใช้ ใช้ Windows หรือมาตรการรักษาความปลอดภัยในการเข้าถึงของผู้ใช้ที่เป็นหน่วยงานภายนอก (ยกตัวอย่างเช่น ใช้โปรแกรมรักษาหน้าจอที่ต้องมีการเข้าสู่ระบบ)
- การรักษาความปลอดภัยสื่อแบบถอดได้:
  - ใช้รหัสผ่านและการเข้ารหัสบนอุปกรณ์แบบ USB เพื่อปกป้องข้อมูล
  - ปิดคุณลักษณะการทำงานอัตโนมัติและการเล่นอัตโนมัติสำหรับอุปกรณ์สื่อแบบถอดได้ทั้งหมด
  - บังคับใช้การสแกน USB ทุกครั้งที่มีการเสียบทัมไดรฟ์
- ใช้โปรแกรมการสำรองข้อมูลเพื่อช่วยในการกู้ข้อมูลคืน

บท 4 พื้นที่ทำงาน

ซอฟต์แวร์ CFX Manager ™ Dx มีอินเทอร์เฟซสำหรับตั้งค่าเพลต สร้างโปรโตคอล PCR และเรียกใช้งานโปรโตคอลบนเครื่องมือ CFX Dx และวิเคราะห์ข้อมูลจากการทำ PCR

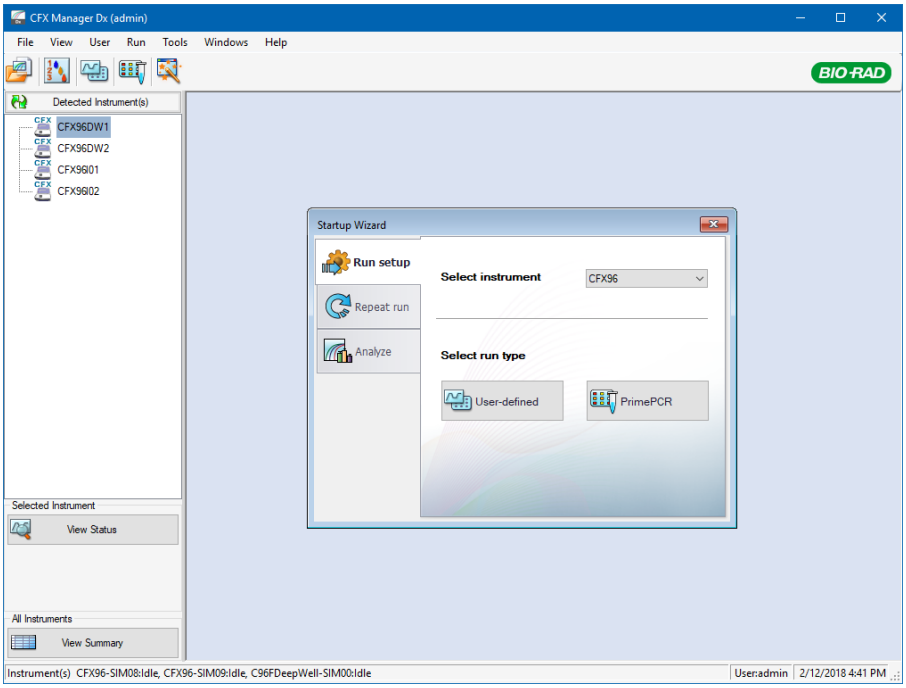
ซอฟต์แวร์CFX Manager Dxจะแสดงพื้นที่ทำงานหลักห้ารายการ ได้แก่

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

แต่ละพื้นที่ทำงานจะแสดงและอธิบายโดยสังเขปในบทนี้

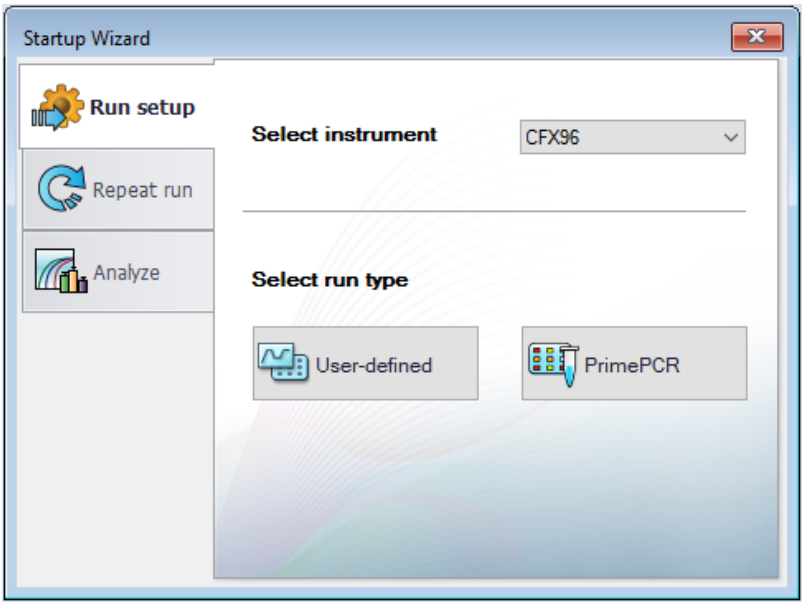
หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะเปิดหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) และแสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ที่คุณสามารถตั้งค่าการทดลอง ทำการทดสอบหรือทำการทดสอบซ้ำ หรือวิเคราะห์การทดสอบที่มีอยู่ จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) คุณสามารถดูบันทึกการใช้งานและบันทึกเครื่องมือ สร้างและจัดการผู้ใช้ และเข้าถึงเครื่องมือที่เป็นประโยชน์มากมาย ดูข้อมูลเพิ่มเติมใน บท 5, หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)



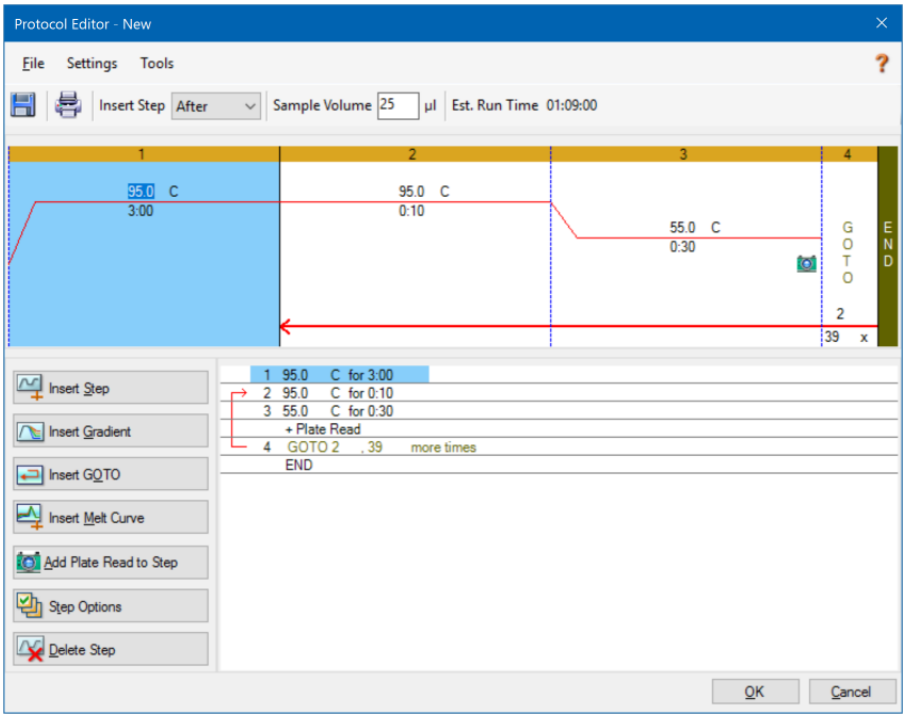
Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

ใช้ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ในการตั้งค่าอย่างรวดเร็วและทำการทดลองที่กำหนดโดยผู้ใช้ หรือเลือกและทำการทดลอง PrimePCR™ คุณสามารถใช้ตัวช่วยสร้างนี้ในการทำการทดสอบซ้ำหรือวิเคราะห์ข้อมูลการทดสอบได้ด้วย



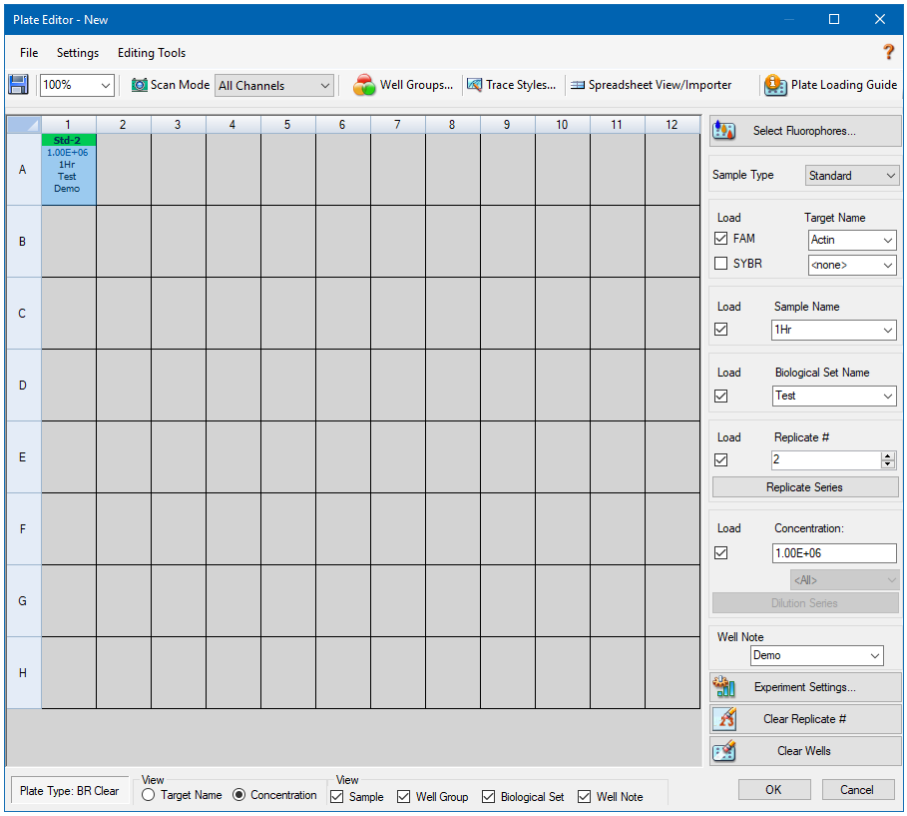
หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) คุณสามารถสร้าง เปิด ตรวจสอบ และแก้ไขโปรโตคอลได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถปรับอุณหภูมิของฝาครอบสำหรับโปรโตคอลแบบเปิดได้ ฟังก์ชัน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) มีรายละเอียดอยู่ใน บท 6, การสร้างโปรโตคอล



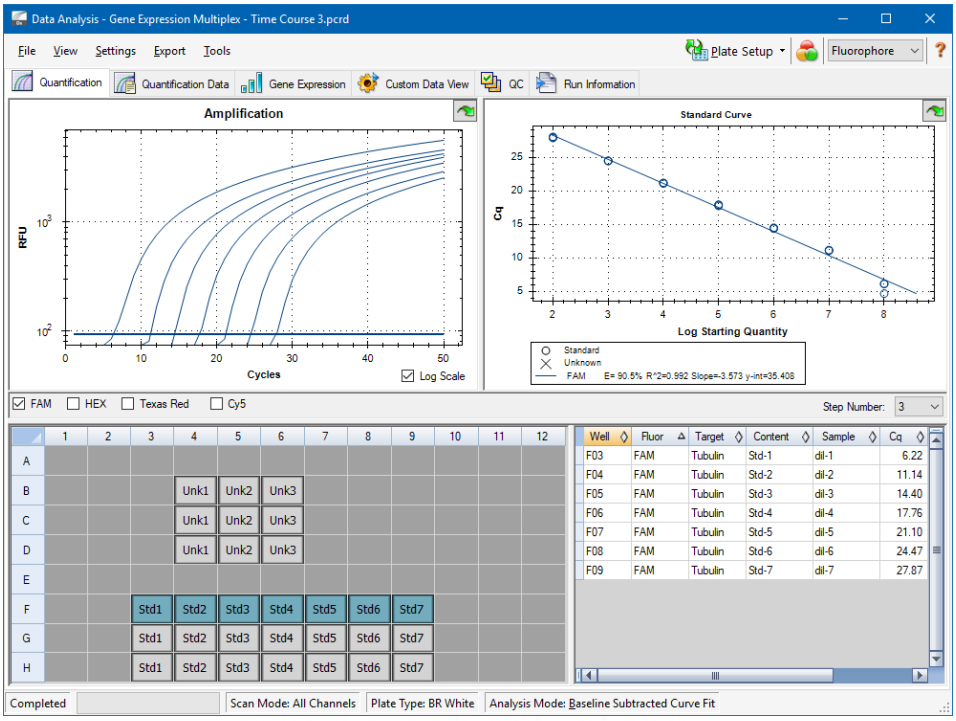
หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) คุณสามารถสร้าง เปิด ตรวจสอบ และแก้ไขเพลตได้ ฟังก์ชัน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) มีรายละเอียดอยู่ใน บท 7, การเตรียมเพลต



หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) คุณสามารถดูและเปรียบเทียบข้อมูลการทดสอบ ทำการวิเคราะห์เชิงสถิติ ส่งออกข้อมูล และสร้างรายงานที่พร้อมสำหรับพิมพ์ได้ ฟังก์ชัน Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) มีรายละเอียดอยู่ใน บท 9, ภาพรวมการวิเคราะห์ข้อมูล โปรดดูที่ บท 10, รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล



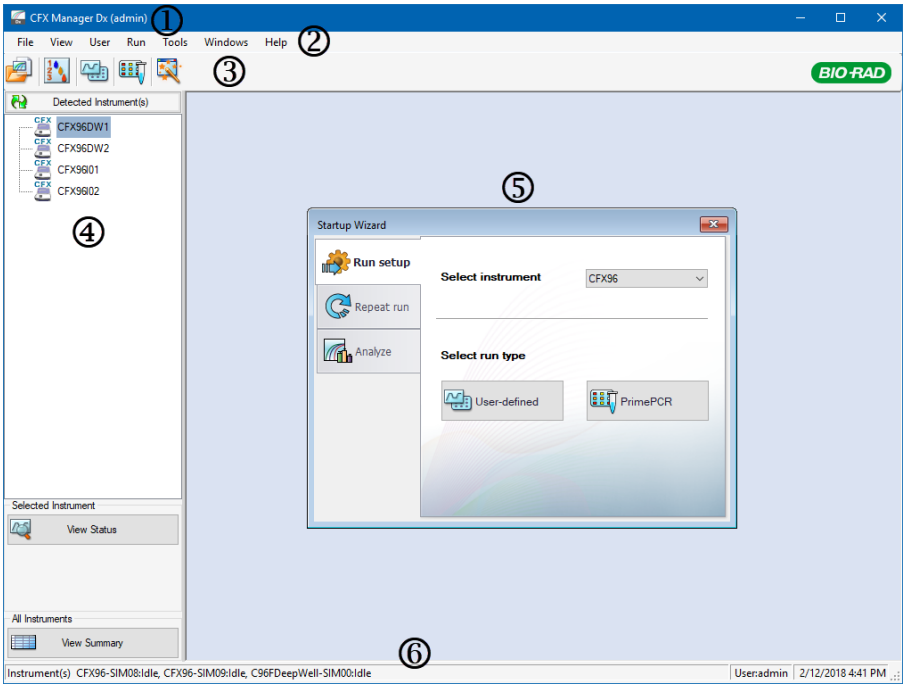
บท 5 หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx มีอินเทอร์เฟซสำหรับการพัฒนาโปรโตคอล PCR เรียกใช้งานโปรโตคอลบนระบบ CFX Dxและวิเคราะห์ข้อมูลการทดสอบ PCR

ในบทนี้จะแนะนำเกี่ยวกับ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx และอธิบายคุณสมบัติที่เข้าใช้งานได้จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

หน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

CFX Manager Dx จะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Home (หลัก) และแสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ซึ่งคุณสามารถตั้งค่าการทดสอบ ดำเนินการหรือทำการทดสอบซ้ำ หรือวิเคราะห์การทดสอบที่ทำอยู่ จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) คุณสามารถดูบันทึกการใช้งานและบันทึกเครื่องมือ สร้างและจัดการผู้ใช้ และเข้าถึงเครื่องมือที่เป็นประโยชน์มากมาย



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	แถบชื่อซอฟต์แวร์จะแสดงชื่อของซอฟต์แวร์และผู้ใช้ที่ได้เข้าสู่ระบบ
2	แถบเมนูจะมีทางลัดเพื่อเข้าถึงเมนู File (ไฟล์), View (ดู), Users (ผู้ใช้), Run (การทดสอบ), Tools (เครื่องมือ), Window (หน้าต่าง) และ Help (ช่วยเหลือ)
3	คำสั่งของแถบเครื่องมือมีทางลัดเพื่อเข้าถึงตัวเลือกเมนู
4	บานหน้าต่างด้านซ้ายจะแสดงเครื่องมือที่เชื่อมต่อกับคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx และมีปุ่มที่สามารถใช้งานฝาครอบและดูสถานะของเครื่องมือได้
5	บานหน้าต่างหลักจะแสดงหน้าต่างที่ทำงานอยู่ หน้าต่างที่ทำงานเป็นค่าเริ่มต้นบนหน้าจอ Home (หน้าหลัก) คือ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
6	แถบสถานะจะแสดงชื่อของเครื่องมือที่เชื่อมต่อและผู้ใช้ที่ได้เข้าสู่ระบบ

คำสั่งเมนู (File) ไฟล์

New (ใหม่) เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกสร้างโปรโตคอล เพลต หรือการศึกษายีนใหม่ได้

Open (เปิด) เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกเพื่อค้นหาและเปิดโปรโตคอล เพลต ไฟล์ข้อมูล การศึกษายีน ไฟล์ LIMS หรือไฟล์ทดสอบ PrimePCR™

Recent Data Files (ไฟล์ข้อมูลล่าสุด) แสดงรายการของไฟล์ PCR ที่เปิดเมื่อเร็ว ๆ นี้

Repeat a Run (ทำการทดสอบซ้ำ) เปิด Windows Explorer ไปยังตำแหน่งของไฟล์ PCR ที่บันทึกไว้ ซึ่งคุณจะสามารถค้นหาการทดสอบเพื่อทำการทดสอบซ้ำได้

Exit (ออก) ปิด CFX Manager Dx

คำสั่งเมนู View (ดู)

Application Log (บันทึกการใช้งาน) — แสดงบันทึกการใช้งานซอฟต์แวร์ตั้งแต่การติดตั้งครั้งแรกจนถึงปัจจุบัน

Run Reports (เรียกดูรายงาน) — แสดงรายการรายงานการทดสอบ

Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) — แสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) ในหน้าต่างหลัก

Run Setup (เรียกดูการตั้งค่า) — แสดงหน้าต่าง Run Setup (เรียกดูการตั้งค่า) ในหน้าต่างหลัก

Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ) — แสดงหน้าต่าง Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ) ในหน้าต่างหลัก

Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจจับ) — สลับระหว่างการแสดงและไม่แสดงเครื่องมือที่เชื่อมต่อในบานหน้าต่างซ้าย โดยค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์จะแสดงเครื่องมือที่เชื่อมต่อในบานหน้าต่างซ้าย

Toolbar (แถบเครื่องมือ) — สลับระหว่างการแสดงและไม่แสดงแถบเครื่องมือที่ด้านบนของหน้าจอ โดยค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์จะแสดงแถบเครื่องมือ

Status Bar (แถบสถานะ) — สลับระหว่างการแสดงและไม่แสดงแถบสถานะที่ด้านล่างของหน้าจอ โดยค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์จะแสดงแถบสถานะ

Show (แสดง) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถ

- ดูหรือบล็อกบันทึกสถานะ
- เปิดและดูโฟลเดอร์ข้อมูล CFX Manager Dx
- เปิดและดูโฟลเดอร์ข้อมูลของผู้ใช้
- เปิดและดูโฟลเดอร์ไฟล์ LIMS
- เปิดและดูโฟลเดอร์ PrimePCR
- ดูประวัติการทดสอบ
- ดูคุณสมบัติของเครื่องมือที่เชื่อมต่อทั้งหมด

คำสั่งเมนู User (ผู้ใช้)

Select User (เลือกผู้ใช้) — เปิดหน้าจอ Login (เข้าสู่ระบบ) ที่คุณสามารถเลือกผู้ใช้จากรายการแบบเลื่อนลง User Name (ชื่อผู้ใช้) และเข้าสู่แอปพลิเคชัน

Change Password (เปลี่ยนรหัสผ่าน) — เปิดกล่องโต้ตอบ Change Password (เปลี่ยนรหัสผ่าน) ที่ผู้ใช้สามารถเปลี่ยน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx รหัสผ่านของตนเองได้

User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) — เปิดกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ที่ผู้ใช้สามารถเปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นใน

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

User Administration (การดูแลระบบของผู้ใช้) — เปิดกล่องโต้ตอบ User Administration (การดูแลระบบของผู้ใช้) ที่ผู้ดูแลระบบสามารถสร้าง แก้ไขการอนุญาตบทบาท และกำหนดบทบาทให้กับผู้ใช้

Bio-Rad Service Login (การเข้าสู่ระบบบริการ) — สำหรับ Bio-Rad ใช้โดยพนักงานบริการด้านเทคนิคเท่านั้น ห้ามเลือกคำสั่งนี้

คำสั่งเมนู Run (การทดสอบ)

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

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

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

Qualification Run (การทดสอบคุณสมบัติ) เปิดแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในหน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่มีโปรโตคอลคุณสมบัติ Bio-Rad เริ่มต้นและเค้าโครงเพลตที่โหลดได้สำหรับเครื่องมือที่เลือก

คำสั่งเมนู Tools (เครื่องมือ)

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

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

T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) — เปิดเครื่องคำนวณ T_a ที่คุณสามารถคำนวณอุณหภูมิการหลอมของไพรเมอร์ได้ง่าย

Dye Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบสารย้อมสี) — เปิดตัวช่วยสร้าง Dye Calibration (การปรับเทียบสารย้อมสี) ที่คุณสามารถปรับเทียบเครื่องมือสำหรับฟลูออโรฟอร์ใหม่

Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดร์เวอร์เครื่องมืออีกครั้ง) — ติดตั้งไดร์เวอร์ที่ควบคุมการสื่อสารกับระบบ PCR เรียลไทม์ของ Bio-Rad

Zip Data and Log Files (ไฟล์ข้อมูล Zip และไฟล์บันทึก) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกไฟล์เพื่อย่อและบันทึกในไฟล์ zipped เพื่อจัดเก็บหรือเพื่อส่งอีเมล

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

Options (ตัวเลือก) — เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถ

- กำหนดการตั้งค่าเซิร์ฟเวอร์อีเมลของคุณ
- กำหนดการตั้งค่าการส่งออกสำหรับ LIMS และไฟล์ข้อมูลอื่นๆ

คำสั่งเมนู Help (ช่วยเหลือ)

เคล็ดลับ: เมนู Help (ช่วยเหลือ) มีอยู่บนแถบเมนูในหน้าต่าง ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ทั้งหมด

Open Operation Manual (เปิดคู่มือการใช้งาน) — เปิด PDF ของ คู่มือ

Gene Expression Gateway Web Site (เว็บไซต์ Gene Expression Gateway) — เปิด หน้าหลักของ Bio-Rad สำหรับ ระบบ CFX Dx

PCR Reagents Web Site (เว็บไซต์น้ำยา PCR) — เปิดเว็บไซต์ PCR reagents ของ Bio-Rad ที่คุณสามารถสั่งซื้อน้ำยา PCR supermixes สี และชุดอุปกรณ์ได้

PCR Plastic Consumables Web Site (เว็บไซต์ พลาสติกสิ้นเปลือง PCR) — เปิดเว็บไซต์ Plastics and Consumables (พลาสติกสิ้นเปลือง) ของ Bio-Rad ที่คุณสามารถสั่งซื้อเพลต PCR ผนึกเพลต หลอดและจุกปิด และอุปกรณ์เสริมพลาสติกอื่นๆ

Software Web Site (เว็บไซต์ซอฟต์แวร์) — เปิดเว็บไซต์ PCR Analysis Software (ซอฟต์แวร์วิเคราะห์ PCR) ของ Bio-Rad ที่คุณสามารถสั่งซื้อ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dxเวอร์ชันที่อัปเดตแล้วของ Bio-Rad ได้

About (เกี่ยวกับ) — แสดง CFX Manager Dx ลิขสิทธิ์และข้อมูลเวอร์ชัน

คำสั่งต่าง ๆ บนแถบเครื่องมือ

— เปิด Windows Explorer ที่คุณสามารถนำทางไปยังและเปิดไฟล์ข้อมูลหรือไฟล์การศึกษายีน

— เปิด Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณ Master Mix)

— เปิดหน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ)

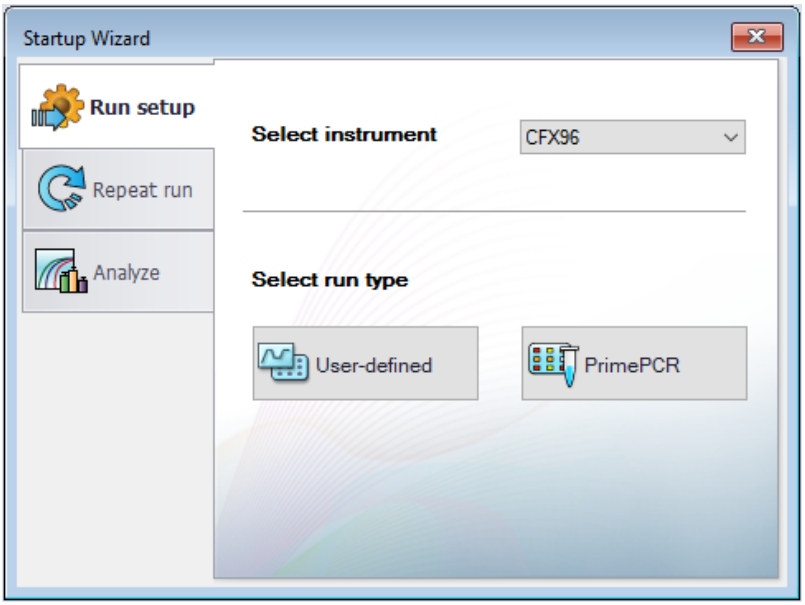
— เปิดหน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ) กับโปรโตคอล PrimePCR ค่าเริ่มต้นและโหลดเค้าโครงเพลตตามเครื่องมือที่เลือก

— เปิด Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

เมื่อ CFX Manager Dx เริ่มทำงาน บานหน้าต่างการทำงานจะแสดง Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) จาก Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) คุณสามารถ

- เลือกเครื่องมือจากเครื่องมือที่ตรวจพบและตั้งค่าการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนดหรือ PrimePCR
- เปิดและทำการทดสอบซ้ำ
- เปิดไฟล์ข้อมูลเพื่อวิเคราะห์ผลจากการการทดสอบครั้งเดียวหรือจากไฟล์การศึกษายีนเพื่อดูผลลัพธ์จากการทดสอบการแสดงออกของยีนหลายการทดสอบ



งานเหล่านี้จะอธิบายโดยละเอียดในบทต่อ ๆ ไป

แถบสถานะ

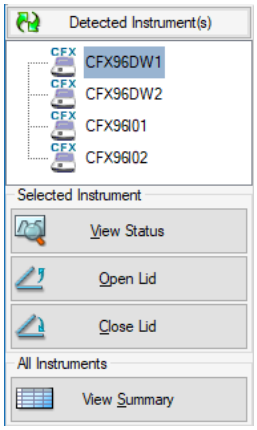
ด้านซ้ายของแถบสถานะที่ด้านล่างหน้าต่างซอฟต์แวร์หลัก จะแสดงสถานะปัจจุบันของเครื่องมือที่ตรวจพบ ด้านขวาของแถบสถานะจะแสดงชื่อของผู้ใช้ปัจจุบัน รวมถึงวันที่และเวลา

Detected Instruments Pane (บานหน้าต่างเครื่องมือที่ตรวจพบ)

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

ตัวอย่างเช่น ภาพต่อไปนี้จะแสดง สี่ เครื่องมือที่ตรวจพบ:

- เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000™ ที่มีโมดูลปฏิกิริยา CFX96™ Deep Well (CFX96DW1 และ CFX96DW2) สองเครื่อง
- เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000™ ที่มีโมดูลปฏิกิริยา CFX96™ (CFX96I01 และ CFX96I02) สองเครื่อง



จากบานหน้าต่างนี้ คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้

- ดูคุณสมบัติและสีที่ผ่านการปรับเทียบสำหรับเครื่องมือที่เลือก

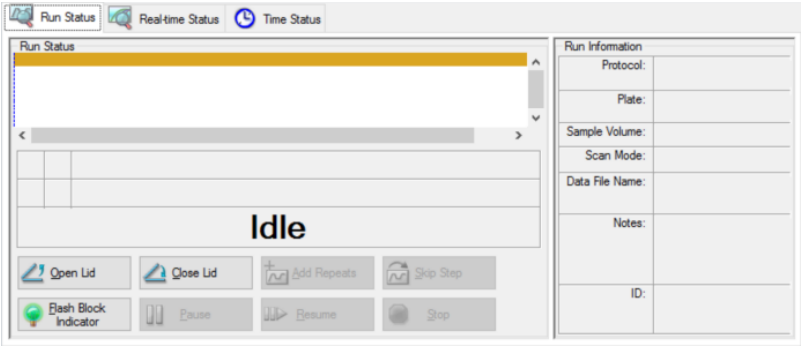
  สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับคุณสมบัติของเครื่องมือ โปรดดู การดูคุณสมบัติของเครื่องมือ ในหน้า 56
- ดูสถานะของเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่
- เปิดฝาครอบมอเตอร์บนเครื่องมือที่เลือก
- ปิดฝาครอบมอเตอร์บนเครื่องมือที่เลือก
- ดูสถานะของเครื่องมือที่เชื่อมต่อทั้งหมด

วิธีการดูสถานะของเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่

▶ ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้เลือกเครื่องมือเป้าหมายและทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

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



วิธีเปิดหรือปิดฝาบนเครื่องมือ

▶ ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ให้เลือกเครื่องมือเป้าหมายและทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

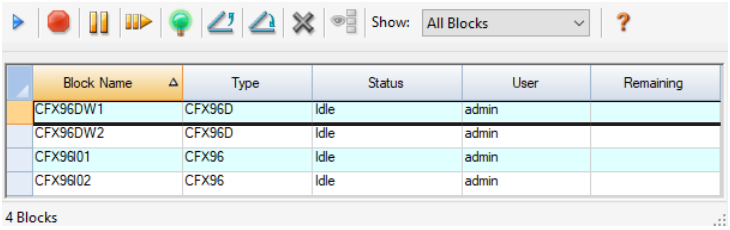
- คลิก Open Lid (เปิดฝา) หรือ Close Lid (ปิดฝา) ในส่วน Selected Instrument (เครื่องมือที่ตรวจพบ)
- คลิกขวาและเลือกการดำเนินการที่เหมาะสมบนเมนูที่ปรากฏขึ้น
- เปิดกล่องโต้ตอบ Run Details (ใช้งานรายละเอียด) เลือกแท็บ Run Status (ใช้งานสถานะ) และคลิก Open Lid (เปิดฝา) หรือ Close Lid (ปิดฝา)

วิธีดูสถานะของเครื่องมือที่ตรวจพบทั้งหมด

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

กล่องโต้ตอบ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ) จะปรากฏขึ้น:

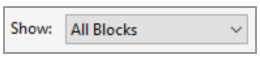


เคล็ดลับ: หากระบบตรวจจับเครื่องมือที่เชื่อมต่ออยู่ได้เพียงเครื่องเดียว ส่วน All Instruments (เครื่องมือทั้งหมด) จะไม่ปรากฏในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) วิธีการดูสรุปเครื่องมือสำหรับเครื่องมือหนึ่ง ให้เลือก View (ดู) > Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)

Instrument Summary Toolbar Controls (การควบคุมแถบเครื่องมือ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ))

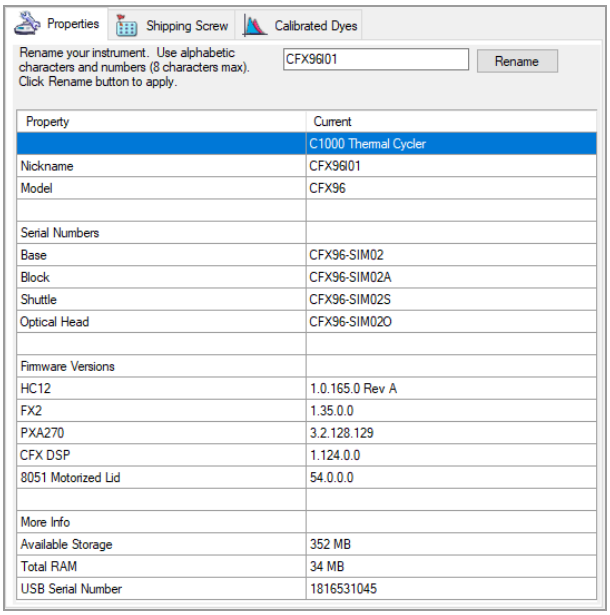
ตาราง 10 จะแสดงการควบคุมและฟังก์ชันในแถบเครื่องมือ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ)

ตาราง 10 Instrument Summary Toolbar Controls (การควบคุมแถบเครื่องมือ Instrument Summary (สรุปเครื่องมือ))

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

การดูคุณสมบัติของเครื่องมือ

จากบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) คุณสามารถดูรายละเอียดเกี่ยวกับเครื่องมือที่เลือกได้ ซึ่งประกอบด้วยคุณสมบัติของเครื่องมือ สถานะของสกรูสำหรับการจัดส่ง และรายการสีย้อมที่ได้รับการปรับเทียบ (สารเรืองแสง)



วิธีการดูคุณสมบัติของเครื่องมือ

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

แท็บ Properties (คุณสมบัติ)

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

วิธีการเปลี่ยนชื่อเครื่องมือ

▶ ในแท็บ Instrument Properties (คุณสมบัติเครื่องมือ) ให้พิมพ์ชื่อในช่อง Rename (เปลี่ยนชื่อ) ที่ด้านบนของแท็บ Properties (คุณสมบัติ) แล้วคลิก Rename (เปลี่ยนชื่อ)

ชื่อใหม่จะปรากฏขึ้นในแถว Nickname (ชื่อเล่น) ในแท็บ Properties (คุณสมบัติ) รวมทั้งในแถบส่วนหัว Instrument Properties (คุณสมบัติของเครื่องมือ) และบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ)

แท็บ Shipping Screw (สกรูสำหรับการจัดส่ง)

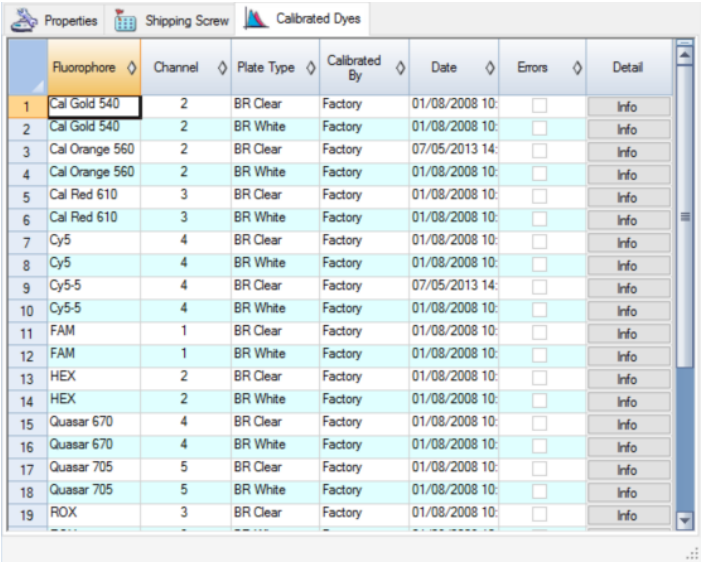
แท็บ Shipping Screw (สกรูสำหรับการจัดส่ง) จะแสดงสถานะปัจจุบันของสกรูสำหรับการจัดส่งสำหรับเครื่องมือที่เลือก (Removed (ถอดออกแล้ว) หรือ Installed (ติดตั้งแล้ว)) แท็บนี้ยังมีคำแนะนำสำหรับการติดตั้งหรือถอดสกรูสำหรับการจัดส่งสีแดงด้วย

เคล็ดลับ: หากซอฟต์แวร์ตรวจพบสกรูสำหรับการจัดส่ง กล่องโต้ตอบ Instrument Properties (คุณสมบัติของเครื่องมือ) จะแสดงแท็บ Shipping Screw (สกรูสำหรับการจัดส่ง) โดยอัตโนมัติ ทำตามคำแนะนำในการถอดสกรู

หมายเหตุ: คุณต้องถอดสกรูสำหรับการจัดส่งออกก่อนที่คุณจะสามารถใช้เครื่องมือนี้ได้ โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่การถอดสกรูสำหรับการจัดส่ง ในหน้า 28

แท็บ Calibrated Dyes (สีย้อมที่ได้รับการปรับเทียบ)

แท็บ Calibrated Dyes (สีย้อมที่ได้รับการปรับเทียบ) จะแสดงสารเรืองแสงและเพลตที่ปรับเทียบสำหรับเครื่องมือที่เลือก



	Fluorophore	Channel	Plate Type	Calibrated By	Date	Errors	Detail
1	Cal Gold 540	2	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
2	Cal Gold 540	2	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
3	Cal Orange 560	2	BR Clear	Factory	07/05/2013 14:		Info
4	Cal Orange 560	2	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
5	Cal Red 610	3	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
6	Cal Red 610	3	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
7	Cy5	4	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
8	Cy5	4	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
9	Cy5-5	4	BR Clear	Factory	07/05/2013 14:		Info
10	Cy5-5	4	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
11	FAM	1	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
12	FAM	1	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
13	HEX	2	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
14	HEX	2	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
15	Quasar 670	4	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
16	Quasar 670	4	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
17	Quasar 705	5	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info
18	Quasar 705	5	BR White	Factory	01/08/2008 10:		Info
19	ROX	3	BR Clear	Factory	01/08/2008 10:		Info

หากต้องการดูข้อมูลโดยละเอียดเกี่ยวกับการปรับเทียบ ให้คลิกปุ่ม Info (ข้อมูล) ในคอลัมน์ Detail (รายละเอียด)

ก่อนที่คุณจะเริ่ม

การตั้งค่า User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

เคล็ดลับ: ไม่จำเป็นต้องทำงานนี้เพื่อใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx คุณสามารถข้ามส่วนนี้ได้หรือทำงานนี้ได้ตลอดเวลา

ใน CFX Manager Dx คุณสามารถกำหนดสภาพแวดล้อมการทำงานของคุณเองได้ หากผู้ดูแลระบบของคุณสร้างผู้ใช้ซอฟต์แวร์ ผู้ใช้แต่ละคนสามารถกำหนดสภาพแวดล้อมการทำงานเองได้ หากผู้ดูแลระบบของคุณไม่ได้สร้างผู้ใช้ การเปลี่ยนแปลงการกำหนดค่าจะใช้กับทุกคนที่เข้าสู่ระบบ CFX Manager Dx (สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการสร้างผู้ใช้ CFX Manager Dx ดูที่ ภาคผนวก B, การจัดการผู้ใช้และบทบาทสำหรับ CFX Manager Dx)

เช่น ใน Users (ผู้ใช้) > เมนู User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- ตั้งค่าการแจ้งอีเมลเมื่อการทดสอบเสร็จสิ้น
- เปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นสำหรับ
  - ตำแหน่งที่คุณบันทึกไฟล์
  - ไฟล์ตั้งค่าการทดสอบ
  - คำนำหน้าการตั้งชื่อไฟล์
- ตั้งค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นเพื่อใช้เมื่อสร้างโปรโตคอลและเพลตใหม่
- ตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูลเริ่มต้นและพารามิเตอร์การแสดงออกของยีน
- กำหนดพารามิเตอร์ควบคุมคุณภาพเริ่มต้นเอง
- กำหนดพารามิเตอร์ข้อมูลส่งออก

ในเมนู Tools (เครื่องมือ) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- สร้าง master mix
- ปรับเทียบสารย้อมสีสำหรับเครื่องมือที่เฉพาะเจาะจง

หมายเหตุ: การปรับเทียบ master mix และสารย้อมสีพร้อมใช้งานสำหรับทุกคนที่เข้าสู่ระบบ CFX Manager Dx

ในส่วนนี้จะอธิบายวิธีการทำงานเหล่านี้อย่างละเอียด

การตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมล

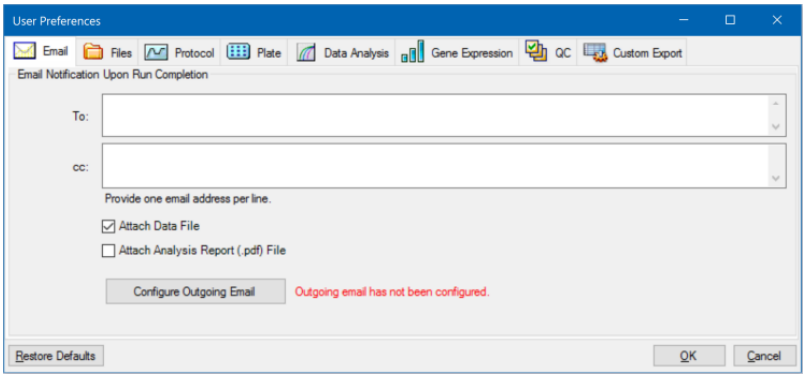
คุณสามารถเชื่อมต่อ CFX Manager Dx กับเซิร์ฟเวอร์อีเมลขาออกของคุณเพื่อส่งการแจ้งเตือนทางอีเมลเกี่ยวกับการดำเนินการทดสอบเสร็จสิ้นให้กับรายชื่อผู้ใช้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถเลือกที่จะแนบไฟล์ข้อมูลและรายงานการวิเคราะห์ให้กับรายชื่อผู้ใช้ได้ หากต้องการตั้งค่าการเชื่อมต่อระหว่าง CFX Manager Dx และเซิร์ฟเวอร์ SMTP ของคุณ โปรดดูที่การเชื่อมต่อ CFX Manager Dx กับเซิร์ฟเวอร์ SMTP ในหน้า 60

หมายเหตุ: ความสามารถของผู้ใช้ในการเข้าถึงคุณลักษณะการตั้งค่าอีเมลจะขึ้นอยู่กับกลุ่มผู้ใช้และสิทธิ์ที่ผู้ดูแลระบบกำหนดไว้ สำหรับรายละเอียดเกี่ยวกับการจัดการผู้ใช้และหน้าที่ของผู้ใช้ โปรดดูที่การจัดการผู้ใช้ ในหน้า 241

วิธีการตั้งค่าการแจ้งเตือนทางอีเมล

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

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นมาโดยแสดงแท็บ Email (อีเมล)



หมายเหตุ: คุณจะได้รับแจ้งหากระบบตรวจพบว่าคุณไม่ได้ตั้งค่าเซิร์ฟเวอร์ SMTP ที่ถูกต้องสำหรับ CFX Manager Dx คลิก Configure Outgoing Email (กำหนดค่าอีเมลขาออก) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก) และกำหนดค่าเซิร์ฟเวอร์อีเมล SMTP โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่การเชื่อมต่อ CFX Manager Dx กับเซิร์ฟเวอร์ SMTP ในหน้า 60

2 ในกล่องข้อความ To (ถึง) ให้พิมพ์ที่อยู่อีเมลของแต่ละคนที่คุณวางแผนจะแจ้งให้ทราบว่าการดำเนินการทดสอบเสร็จสิ้น ผู้รับทุกคนจะได้รับอีเมลหลังจากการดำเนินการทดสอบเสร็จสิ้น

หมายเหตุ: คุณต้องป้อนที่อยู่อีเมลแต่ละที่อยู่แยกบรรทัดกัน กด Enter หรือ Return (กลับ) หลังจากที่อยู่แต่ละที่อยู่

3 (ไม่บังคับ) ในกล่องข้อความ cc ให้พิมพ์ที่อยู่อีเมลของผู้รับที่คุณวางแผนจะส่งสำเนาของการแจ้งเตือนทางอีเมลแต่ละครั้ง

4 (ไม่บังคับ) โดยค่าเริ่มต้น ผู้รับทุกคนจะได้รับสำเนาของไฟล์ข้อมูลเป็นไฟล์แนบ เคลียร์ช่องทำเครื่องหมายนี้หากคุณไม่ต้องการแนบสำเนาไฟล์ข้อมูล

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

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

วิธีการแก้ไขที่อยู่อีเมลของผู้รับ

▶ ปรับเปลี่ยนที่อยู่อีเมลตามที่จำเป็น และคลิก OK (ตกลง)

วิธีการลบผู้รับอีเมลออก

1 เลือกผู้รับอีเมลและกดปุ่ม Delete (ลบ)

2 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

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

การเชื่อมต่อ CFX Manager Dx กับเซิร์ฟเวอร์ SMTP

สำคัญ: ผู้ให้บริการเว็บเมลพาณิชย์บางแห่ง (อย่างเช่น Yahoo! และ Gmail) เพิ่มการรักษาความปลอดภัยของอีเมล หากคุณใช้บัญชีเหล่านี้ คุณต้องเปิดใช้งานการตั้งค่า **อนุญาตแอปที่มีความปลอดภัยต่ำ** ในการตั้งค่าบัญชีเพื่อเปิดใช้งาน CFX Manager Dx เพื่อส่งอีเมล ดูรายละเอียดเพิ่มเติมได้ที่ข้อมูลการรักษาความปลอดภัยของผู้ให้บริการเว็บเมล

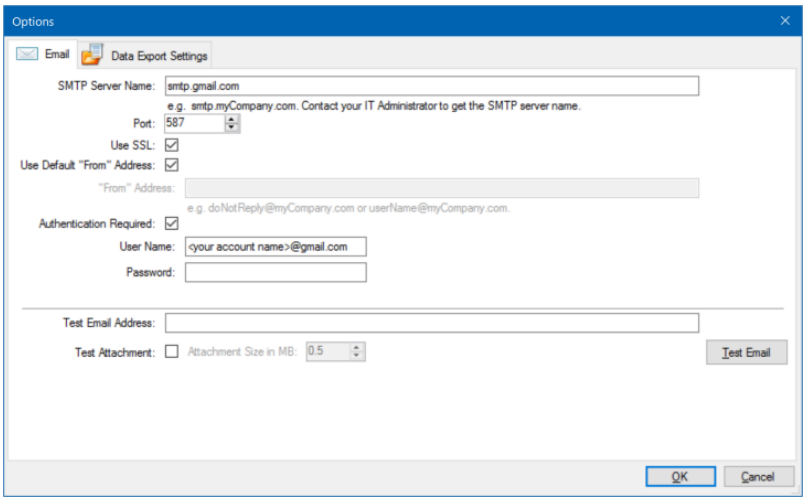
คุณต้องสร้างการเชื่อมต่อจาก CFX Manager Dx ไปยังเซิร์ฟเวอร์อีเมลก่อนที่ซอฟต์แวร์จะสามารถส่งการแจ้งเตือนอีเมลได้

วิธีเชื่อมต่อ CFX Manager Dx กับเซิร์ฟเวอร์อีเมล

1 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

กล่องโต้ตอบ Option (ตัวเลือก) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Email (อีเมล)



2 ระบุข้อมูลต่อไปนี้ของบริษัทของคุณ

- **SMTP Server Name (ชื่อเซิร์ฟเวอร์ SMTP)** — ชื่อของอีเมลเซิร์ฟเวอร์ขาออกที่บริษัทของคุณ
- **Port (พอร์ต)** — หมายเลขพอร์ตของเซิร์ฟเวอร์ SMTP โดยทั่วไปแล้วจะอยู่ที่ 25
- **Use SSL (ใช้ SSL)** — ตัวเลือก Secure Sockets Layer (SSL) เซิร์ฟเวอร์ SMTP ต้องมีการตั้งค่านี้ หากบริษัทของคุณไม่ได้กำหนดไว้ ให้ยกเลิกการเลือกกล่องทำเครื่องหมายนี้
- **Use Default "From" Address (ใช้ที่อยู่ "จาก" เริ่มต้น)** — ชื่อของอีเมลเซิร์ฟเวอร์ที่บริษัทของคุณ บางเซิร์ฟเวอร์ SMTP กำหนดให้อีเมลที่ส่งออกทั้งหมดต้องมีที่อยู่ "จาก" ซึ่งเป็นโดเมนที่ชัดเจน เช่น name@YourCompany.com หากเป็นกรณีนี้ ให้ยกเลิกการเลือกกล่องทำเครื่องหมายและระบุที่อยู่อีเมลที่ถูกต้อง
- **Authentication Required (ต้องมีการรับรองความถูกต้อง)** — หากเว็บไซต์ของคุณต้องมีการรับรองความถูกต้อง ให้ตรวจสอบว่าได้เลือกช่องทำเครื่องหมายนี้แล้วหรือยัง
- **User Name (ชื่อผู้ใช้)** — ชื่อของบัญชีที่ได้รับการรับรองความถูต้อง ต้องระบุหากเลือก Authentication Required (ต้องมีการรับรองความถูกต้อง)
- **Password (รหัสผ่าน)** — รหัสผ่านสำหรับบัญชีที่ได้รับการรับรองความถูกต้อง ต้องระบุหากเลือก Authentication Required (ต้องมีการรับรองความถูกต้อง)

3 หากต้องการตรวจสอบการตั้งค่าของเซิร์ฟเวอร์ SMTP ว่าถูกต้องหรือไม่ ให้ป้อนที่อยู่อีเมลที่ถูกต้องในกล่องข้อความ Test Email Address (ทดสอบที่อยู่อีเมล) แล้วคลิก Test Email (ทดสอบอีเมล)

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

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น

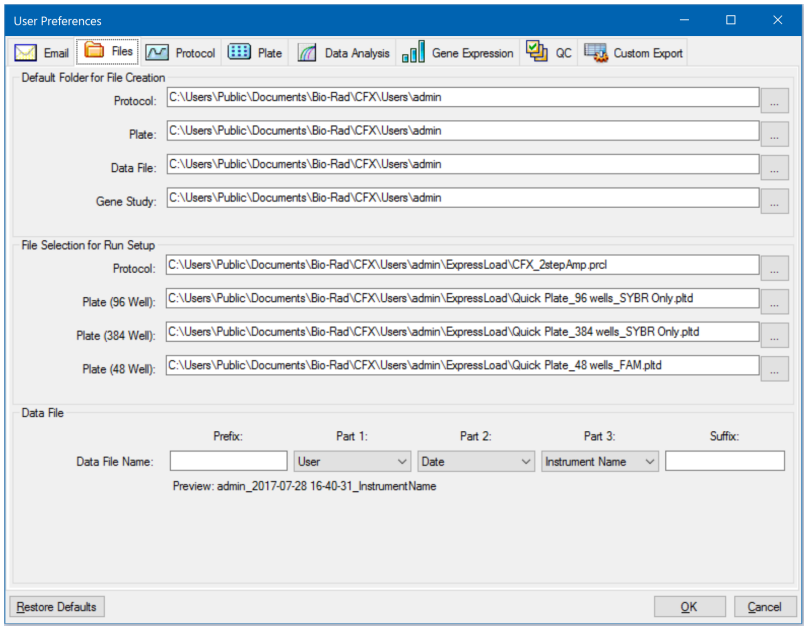
ในแท็บ Files (ไฟล์) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถเปลี่ยนรายการต่อไปนี้ได้

- ตำแหน่งเริ่มต้นที่จะบันทึกไฟล์ CFX Manager Dx
- ไฟล์เริ่มต้นสำหรับการตั้งค่าการทดสอบ
- พารามิเตอร์การตั้งชื่อไฟล์เริ่มต้น

วิธีการเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น

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

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



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

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

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

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

CFX Manager Dx แสดงตัวอย่างชื่อไฟล์ใต้ช่องสำหรับเลือก

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

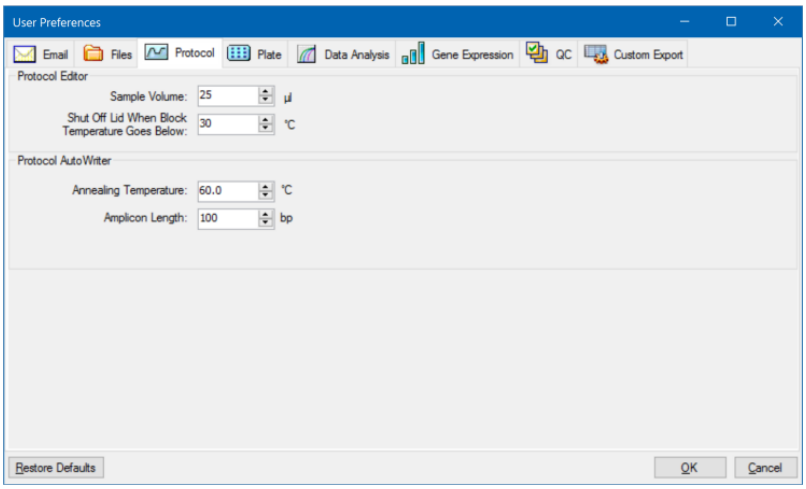
สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การตั้งค่าพารามิเตอร์โปรโตคอลเริ่มต้น

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

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

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



3 ในส่วน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ระบุค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้ที่ปรากฏใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล):

- **Sample volume (ปริมาณตัวอย่าง)** — ปริมาณแต่ละตัวอย่างในหลุม (ในหน่วย µl)

- **Lid Shutoff temperature (อุณหภูมิปิดฝา)** — อุณหภูมิในหน่วย ºC ที่ตัวทำความร้อนฝาจะปิดระหว่างการทดสอบ

4 ในส่วน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ระบุค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้ที่ปรากฏใน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ):

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

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

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

การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น

การเปลี่ยนแปลงที่คุณทำกับแท็บ Plate (เพลต) จะพร้อมใช้งานสำหรับผู้ใช้ซอฟต์แวร์ทุกคน การเปลี่ยนแปลงที่คุณทำระหว่างการตั้งค่าเพลตจะพร้อมใช้งานสำหรับผู้ใช้หลังจากที่คุณบันทึกและปิดไฟล์เพลตแล้ว

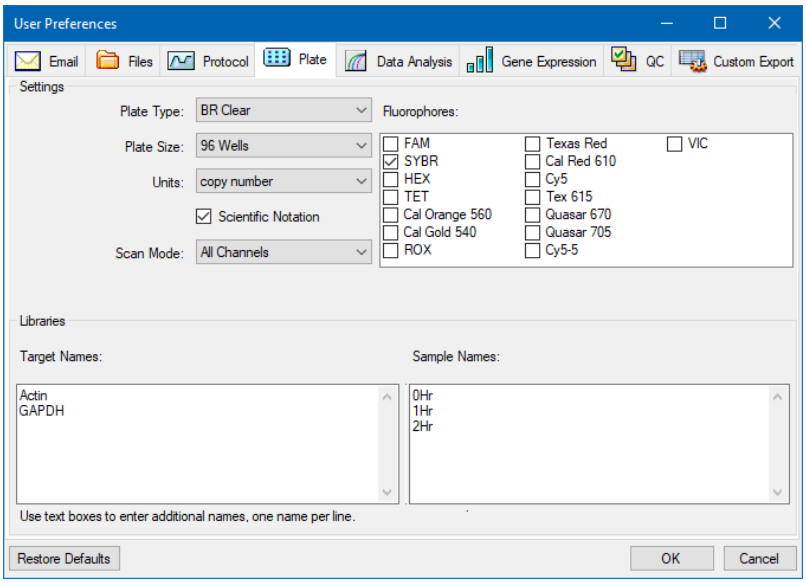
ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้

- ตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น
- เพิ่ม ใหม่ ชื่อเป้าหมายและตัวอย่างในไลบรารี
- ลบ ชื่อเป้าหมายและตัวอย่างออกจากไลบรารี

หากต้องการตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น

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

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



3 กำหนดค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้สำหรับไฟล์เพลตใหม่ ค่าเหล่านี้จะปรากฏในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

- **Plate type (ประเภทของเพลต)**
- **Plate size (ขนาดของเพลต)**
- **Units (หน่วย)** ความเข้มข้นของเทมเพลตเริ่มต้นสำหรับหลุมที่มีตัวอย่างมาตรฐาน

  CFX Manager Dx ใช้หน่วยเหล่านี้ในการสร้างเส้นโค้งมาตรฐานในแท็บ Data Analysis Quantification (การหาปริมาณการวิเคราะห์ข้อมูล)
- **Scientific Notation (สัญกรณ์วิทยาศาสตร์)** เมื่อเลือกตัวเลือกนี้ CFX Manager Dx จะแสดงหน่วยความเข้มข้นในสัญกรณ์ทางวิทยาศาสตร์
- **Scan Mode (โหมดสแกน)** จำนวนหรือประเภทของช่องที่จะสแกนระหว่างทำการทดสอบ
- **Fluorophores (สารเรืองแสง)** สารเรืองแสงเริ่มต้นปรากฏใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) การโหลดหลุมควบคุม
- **Libraries (ไลบรารี)** ชื่อเป้าหมายและตัวอย่าง ที่คุณมักใช้ในการทดสอบ
  - **Target Names (ชื่อเป้าหมาย)** ชื่อของยีนและลำดับพันธุกรรมเป้าหมาย
  - **Sample Names (ชื่อตัวอย่าง)** ชื่อของตัวอย่างการทดสอบหรือลักษณะการระบุสำหรับตัวอย่าง (ตัวอย่างเช่น Mouse1, Mouse2, Mouse3)

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

หากต้องการเพิ่ม ใหม่ ชื่อเป้าหมายหรือตัวอย่าง

▶ ในกล่องไลบรารีที่เหมาะสม ให้พิมพ์ชื่อสำหรับ เป้าหมายหรือตัวอย่าง แล้วคลิก OK (ตกลง)

หากต้องการลบ ชื่อเป้าหมายหรือตัวอย่าง

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

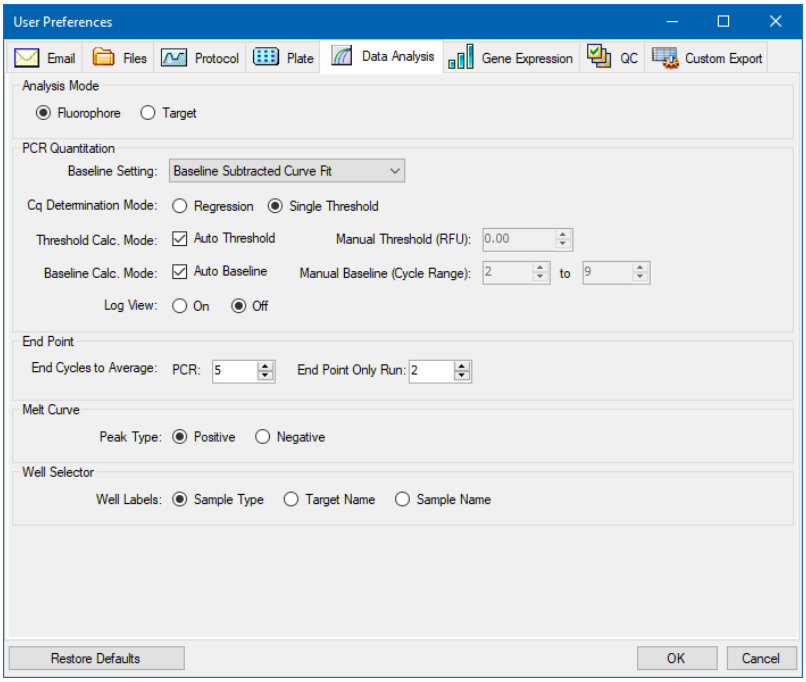
สำคัญ: ชื่อที่คุณนำออกจากไลบรารีจะถูกนำออกจากซอฟต์แวร์และไม่สามารถใช้งานได้อีกต่อไป หากต้องการคืนค่าชื่อ CFX Manager Dx เริ่มต้น ให้คลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน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

การตั้งค่าพารามิเตอร์การวิเคราะห์ข้อมูลเริ่มต้น

วิธีตั้งค่าพารามิเตอร์การวิเคราะห์ข้อมูลเริ่มต้น

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

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



3 ในส่วน Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์) เลือกโหมดที่จะวิเคราะห์ข้อมูล (สารเรืองแสงหรือเป้าหมาย)

4 ในส่วน PCR Quantitation (ปริมาณ PCR) ตั้งค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นสำหรับตัวเลือกต่อไปนี้

- **Baseline Setting (การตั้งค่าพื้นฐาน)** — วิธีการพื้นฐานสำหรับโหมดการวิเคราะห์
- **Cq Determination Mode (โหมดการกำหนด Cq)** — โหมดที่ใช้คำนวณค่า C_q สำหรับแต่ละการติดตามสารเรืองแสง (ขีดจำกัดถดถอยหรือขีดจำกัดเดี่ยว)
- **การคำนวณขีดจำกัด Mode (โหมด)** — จำนวนเป้าหมายจุดปลายทาง

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

- **การคำนวณพื้นฐาน Mode (โหมด)** — ค่าพื้นฐานสำหรับการติดตามทั้งหมด

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

- **Log View (มุมมองบันทึก)** — กำหนดวิธีการที่ซอฟต์แวร์แสดงข้อมูลการขยาย:
  - **On (เปิด)** — ข้อมูลการขยายจะแสดงในกราฟแบบเซมิล็อก
  - **Off (ปิด)** — (ค่าเริ่มต้น) ข้อมูลการขยายจะแสดงในกราฟเชิงเส้น

5 ในส่วน End Point (จุดปลายทาง) เลือกจำนวนรอบสุดท้ายเพื่อหาค่าเฉลี่ยเมื่อคำนวณการคำนวณจุดปลายทาง:

- **PCR** — จำนวนรอบสุดท้ายเพื่อหาค่าเฉลี่ยสำหรับข้อมูลปริมาณ (ค่าเริ่มต้นคือ 5)
- **ทดสอบ End Point Only (จุดปลายทางเท่านั้น)** — จำนวนรอบช่วงเพื่อหาค่าเฉลี่ยสำหรับข้อมูลจุดปลายทาง (ค่าเริ่มต้นคือ 2)

6 ในส่วน Melt Curve ให้เลือกประเภทจุดยอดที่จะตรวจจับ (ค่าบวกหรือค่าลบ)

7 ในส่วน Well Selector (ตัวเลือกหลุม) เลือกวิธีการแสดงป้ายหลุม (ตามประเภทตัวอย่าง ชื่อเป้าหมายหรือชื่อตัวอย่าง)

8 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

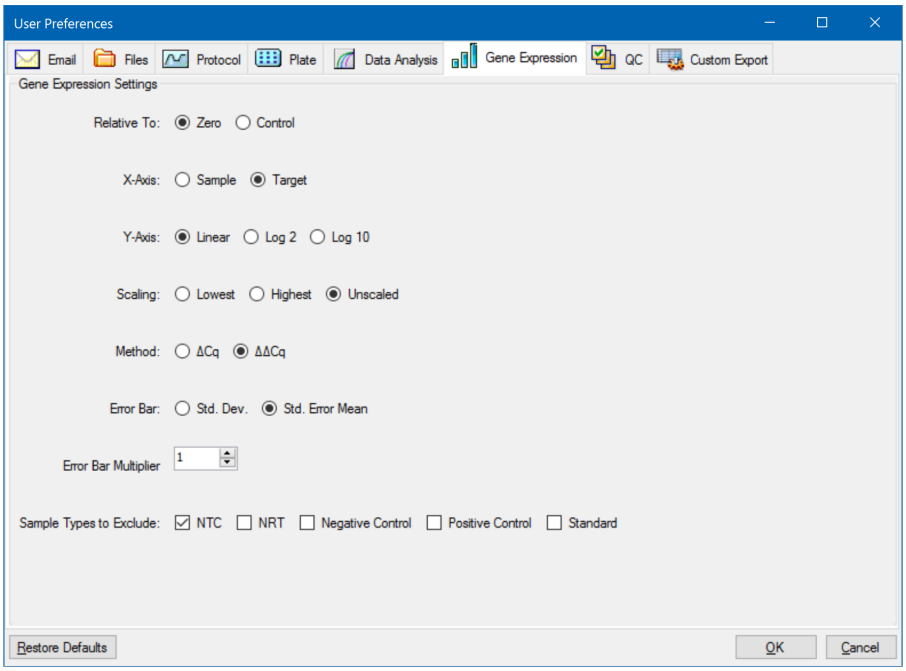
สำคัญ: การคลิก Restore Defaults (เรียกคืนค่าเริ่มต้น) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะรีเซ็ตค่าที่กำหนดทั้งหมดบนทุกแท็บไปเป็นการตั้งค่าเริ่มต้นจากโรงงาน โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อคลิกปุ่มนี้

การตั้งค่าพารามิเตอร์ไฟล์ข้อมูลการแสดงออกของยีนเริ่มต้น

วิธีการตั้งค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นสำหรับไฟล์ข้อมูลการแสดงออกของยีนใหม่

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

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



3 กำหนดค่าสำหรับการตั้งค่าต่อไปนี้

- **Relative to (เทียบกับ)** เขียนกราฟข้อมูลการแสดงออกของยีนเทียบกับตัวควบคุม (ที่เริ่มต้นที่ 1) หรือเทียบกับศูนย์
  - **Zero (ศูนย์)** ซอฟต์แวร์จะไม่สนใจตัวควบคุม เป็นค่าเริ่มต้นเมื่อไม่มีการกำหนดตัวอย่างควบคุมในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
  - **Control (ตัวควบคุม)** ซอฟต์แวร์จะคำนวณข้อมูลเทียบกับตัวอย่างควบคุมที่กำหนดในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
- **X-axis (แกน X)** เขียนกราฟตัวอย่างหรือเป้าหมายบนแกน x
- **Y-axis (แกน Y)** เขียนกราฟเส้นตรง มาตราส่วน log2, หรือ log10 บนแกน y
- **Scaling (การปรับขนาด)** ตัวเลือกการปรับขนาดสำหรับกราฟ (ตัวเลือกเริ่มต้นคือ ไม่ปรับขนาด)

- **Highest (สูงสุด)** ซอฟต์แวร์จะปรับขนาดกราฟไปยังจุดข้อมูลที่สูงที่สุด
- **Lowest (ต่ำสุด)** ซอฟต์แวร์จะปรับขนาดกราฟไปยังจุดข้อมูลที่ต่ำที่สุด
- **Unscaled (ไม่ปรับขนาด)** ซอฟต์แวร์จะแสดงข้อมูลที่ไม่มีการปรับขนาดในกราฟ

- **Mode (โหมด)** โหมดการวิเคราะห์ ทั้งปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) หรือการแสดลออกที่เป็นบรรทัดฐาน ($\Delta\Delta C_q$)
- **Error Bar (แถบข้อผิดพลาด)** ความแปรปรวนของข้อมูลที่แสดงเป็นค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Std. Dev.) หรือข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย (Std. Error Mean)
- **Error Bar Multiplier (ตัวคูณแถบข้อผิดพลาด)** ตัวคูณค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่ใช้เพื่อสร้างกราฟแถบข้อผิดพลาด (ค่าเริ่มต้นคือ 1)

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

  คุณสามารถเลือกตัวอย่างอย่างน้อยหนึ่งตัวอย่างเพื่อนำออกจากการวิเคราะห์ได้ หากไม่ต้องการรวมทุกประเภทตัวอย่าง ให้เคลียร์ช่องทำเครื่องหมายประเภทตัวอย่างที่เลือก

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

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

การปรับแต่งกฎการควบคุมคุณภาพ

ใน CFX Manager Dx คุณสามารถกำหนดกฎการควบคุมคุณภาพ ซึ่งจะมีผลกับข้อมูลในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ซอฟต์แวร์ตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลเทียบกับกฎที่คุณตั้งขึ้น

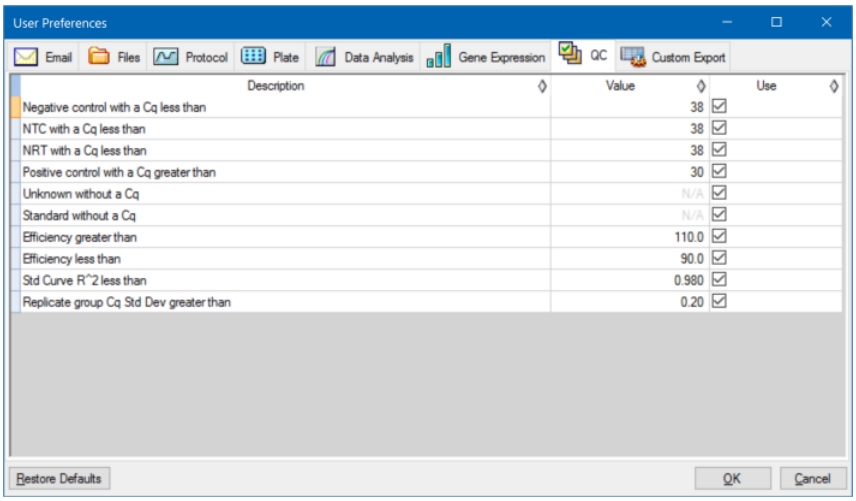
หมายเหตุ: โดยค่าเริ่มต้นแล้ว ระบบจะเปิดใช้งานกฎการควบคุมคุณภาพทั้งหมด

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

วิธีปรับแต่งกฎการควบคุมคุณภาพ

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

2 ในกล่องโต้ตอบ User Preference (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ให้เลือกแท็บ QC



โดย

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

3 สำหรับแต่ละกฎ QC ให้ทำข้อใดข้อหนึ่งต่อไปนี้

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

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

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

การปรับแต่งพารามิเตอร์การส่งออกข้อมูล

คุณสามารถส่งออกข้อมูล CFX Manager Dx ในรูปแบบต่อไปนี้ได้

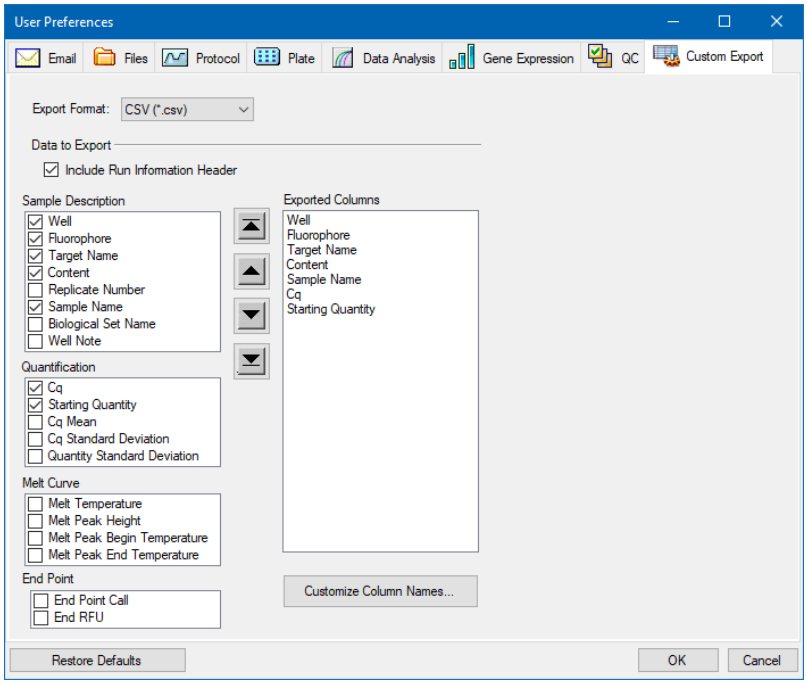
- ข้อความ (.txt)
- CSV (.csv)
- Excel 2007 (.xlsx)
- Excel 2003 (.xls)
- XML (.xml)
- HTML (.html)

คุณสามารถระบุประเภทของข้อมูลที่ต้องการส่งออกและปรับแต่งเอาท์พุทของข้อมูลที่ส่งออกเองได้

วิธีปรับแต่งพารามิเตอร์การส่งออกข้อมูล

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

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



3 เลือกรูปแบบที่ต้องการส่งออกข้อมูลจากรายการดร็อปดาวน์ Export Format (รูปแบบการส่งออก)

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

หมายเหตุ: โดยค่าเริ่มต้นแล้ว ข้อมูลที่จะรันผลจะรวมอยู่ในส่วนหัวด้วย ยกเลิกการเลือกกล่องทำเครื่องหมาย หากคุณไม่ต้องการรวมข้อมูลที่รันผล

5 คุณสามารถเปลี่ยนแปลงลำดับหน้าจอเอาท์พุทของรายการที่เลือก

ในกล่องรายการ Exported Columns (คอลัมน์ที่ส่งออก) ให้ไฮไลท์รายการแล้วคลิกปุ่มลูกศรทางด้านซ้ายของรายการเพื่อย้ายขึ้นหรือย้ายลง

6 หรืออีกทางเลือกหนึ่งคือ คุณสามารถเปลี่ยนชื่อคอลัมน์เอาท์พุทของรายการ์ที่เลือก ดังนี้

a คลิก Customize Column Names (ปรับแต่งชื่อคอลัมน์)

กล่องโต้ตอบ Column Name Customizer (ตัวปรับแต่งชื่อคอลัมน์) จะปรากฏขึ้น

b สำหรับชื่อคอลัมน์เริ่มต้นแต่ละคอลัมน์ที่คุณต้องการเปลี่ยน พิมพ์ชื่อใหม่ในช่อง Custom Name (ปรับแต่งชื่อ)

c ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

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

การสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยา

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

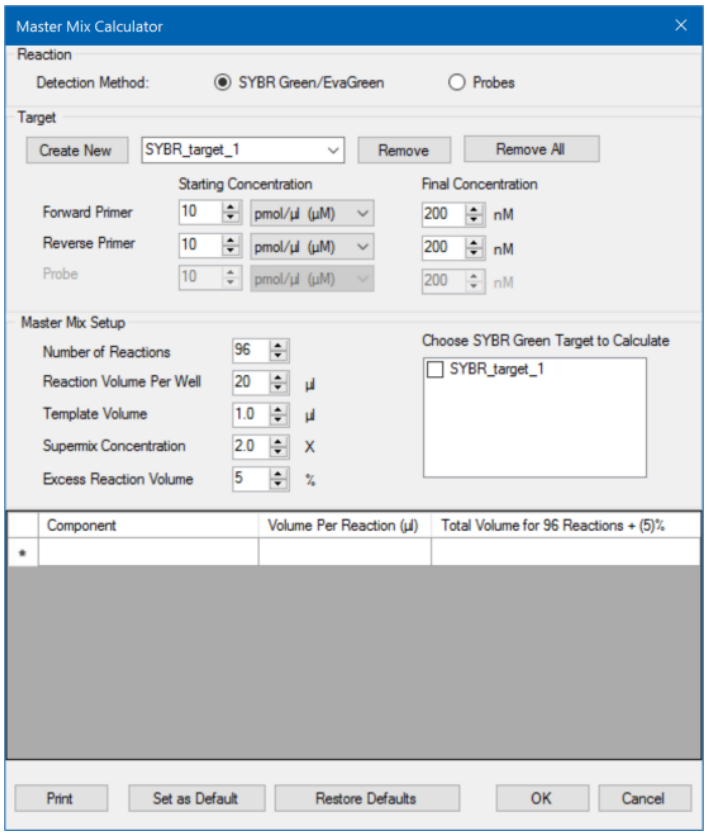
วิธีการสร้างส่วนผสมหลักสำหรับปฏิกิริยาโดยใช้ Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)

1 หากต้องการเปิด Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

- คลิกแถบเครื่องมือ Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก)

Master Mix Calculator (เครื่องคำนวณส่วนผสมหลัก) จะปรากฏขึ้นมา



2 ในหัวข้อ Reaction (ปฏิกิริยา) ให้เลือกวิธีการตรวจจับดังนี้

- SYBR® Green/EvaGreen
- Probes (โพรบ)

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

4 (ไม่บังคับ) วิธีการเปลี่ยนชื่อเป้าหมายเริ่มต้น

a ไฮไลต์ชื่อเป้าหมายในรายการเป้าหมายแบบเลื่อนลง

b พิมพ์ชื่อเป้าหมายใหม่ในช่อง Target (เป้าหมาย)

c กดปุ่ม Enter

5 ปรับความเข้มข้นเริ่มต้นและความเข้มข้นขั้นสุดท้ายสำหรับไพรเมอร์ไปข้างหน้าและย้อนกลับและโพรบทั้งหมด

6 ในหัวข้อ Master Mix Setup (ตั้งค่าส่วนผสมหลัก) ให้ปรับค่าสำหรับ

- จำนวนปฏิกิริยาที่จะเรียกใช้
- ปริมาณปฏิกิริยาต่อหลุม
- ปริมาณเทมเพลตต่อหลุม
- ความเข้มข้นของ Supermix ต่อหลุม
- ปริมาณปฏิกิริยาที่มากเกินไปต่อหลุม

7 (ไม่บังคับ) ดำเนินการตามขั้นตอน 2–6 กับเป้าหมายในจำนวนเท่าที่จำเป็น

8 ในหัวข้อ Choose Target to Calculate (เลือกเป้าหมายในการคำนวณ) ให้เลือกเป้าหมายที่จะคำนวณ

เคล็ดลับ: คุณสามารถคำนวณเป้าหมายเพียงหนึ่งเป้าหมาย หรือหลายเป้าหมาย หรือเป้าหมายทั้งหมดพร้อมกันได้

ปริมาณที่คำนวณได้ของส่วนประกอบที่ต้องการสำหรับแต่ละเป้าหมายที่เลือกจะปรากฏในตารางส่วนผสมหลัก

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

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

วิธีการพิมพ์ตารางคำนวณส่วนผสมหลัก

▶ หากต้องการพิมพ์ตารางคำนวณส่วนผสมหลัก ให้คลิก Print (พิมพ์)

ตารางคำนวณจะพิมพ์ไปยังเครื่องพิมพ์เริ่มต้นของคุณ

วิธีการบันทึกตารางคำนวณส่วนผสมหลักเป็นไฟล์ PDF

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

วิธีการลบเป้าหมาย

▶ เลือกเป้าหมายโดยใช้รายการแบบเลื่อนลงและคลิก Remove (ลบ)

สำคัญ: การลบเป้าหมายออกจากรายการเป้าหมายจะเป็นการลบเป้าหมายออกจากการคำนวณส่วนผสมหลักที่เป้าหมายนั้นใช้ด้วย ควรใช้ความระมัดระวังเมื่อทำการลบเป้าหมาย

การปรับเทียบสารย้อมสีใหม่

ระบบ CFX96™ Dx ได้รับการปรับเทียบสารเรืองแสงที่นิยมใช้ในเพลตหลุมสีขาวและเพลตหลุมใสมาจากโรงงาน ตาราง 11 แสดงรายการสารเรืองแสงและช่องทางสำหรับการปรับเทียบเครื่องมือแต่ละตัว

หมายเหตุ: ระบบ CFX96 ยังมีช่องทางที่อุทิศให้กับเคมี FRET ช่องทางนี้ไม่จำเป็นต้องมีการปรับเทียบสารย้อมสีเฉพาะ

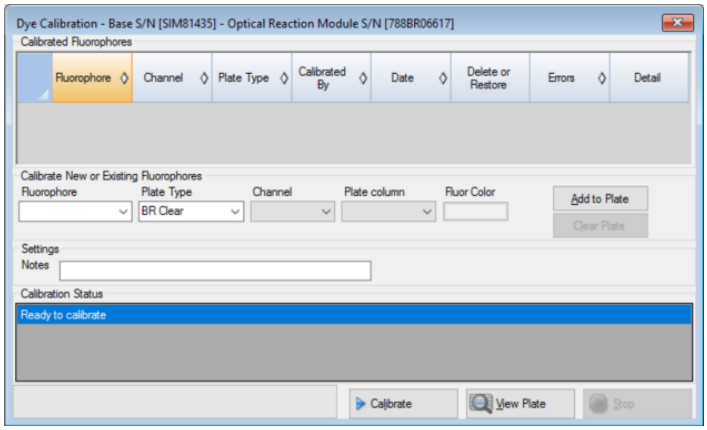
ตาราง 11 ปรับเทียบสารเรืองแสงจากโรงงาน และช่องทาง

สารเรืองแสง	ช่องทาง	การกระตุ้น, nm	การตรวจจับ, nm
FAM, SYBR® Green I	1	450-490	515-530
VIC, HEX, CAL Fluor Gold 540, Cal Fluor Orange 560	2	515-535	560-580
ROX, Texas Red, CAL Fluor Red 610, TEX 615	3	560-590	610-650
CY5, Quasar 670	4	620-650	675-690
Quasar 705, Cy5.5	5	672-684	705-730

หากต้องการปรับเทียบสารย้อมสีใหม่สำหรับระบบ CFX

1 ในหน้าต่าง Home (หลัก) ให้เลือกอุปกรณ์เป้าหมายในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจจับ)

2 เลือก Tools (เครื่องมือ) > Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบ) เพื่อเปิดe Dye Calibration wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบสารย้อมสี)



สารเรืองแสงที่ปรับเทียบแล้วสำหรับเครื่องมือเป้าหมายจะปรากฏในตาราง Calibrated Fluorophores (สารเรืองแสงที่ปรับเทียบแล้ว)

3 ในหัวข้อ Calibrate New or Existing Fluorophores (ปรับเทียบใหม่หรือสารเรืองแสงที่มี) ให้เลือกสารเรืองแสงที่จะทำการปรับเทียบจากรายการแบบเลื่อนลง

หากชื่อสารเรืองแสงไม่อยู่ในรายการ ให้พิมพ์ชื่อลงในกล่องข้อความเพื่อเพิ่มลงในรายการ

4 เลือกประเภทของเพลตสำหรับสารเรืองแสง

หากประเภทของเพลตไม่อยู่ในรายการ ให้พิมพ์ชื่อในกล่องข้อความเพื่อเพิ่มลงในรายการ

5 เลือกช่องทางสำหรับสารเรืองแสง

6 เลือกคอลัมน์เพลตสำหรับสารเรืองแสง

7 (ไม่บังคับ) พิมพ์สีเพื่อเชื่อมโยงกับสารเรืองแสง

8 คลิก Add to Plate (เพิ่มไปยังเพลต) เพื่อเพิ่มสารเรืองแสง

9 (ไม่บังคับ) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 3—8 เพื่อเพิ่มสารเรืองแสงแต่ละรายการที่คุณวางแผนจะทำการปรับเทียบสำหรับเพลต

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

ใช้หน้าต่างนี้เป็นแนวทางในการบรรจุสารย้อมสีลงในเพลต

11 เตรียมเพลตหลุม 96- สำหรับการปรับเทียบสารย้อมสี

a ปิเปตต์สารย้อมสีลงในแต่ละหลุมตามรูปแบบที่แสดงใน Pure Dye Plate Display (แสดงเพลตสารย้อมสีบริสุทธิ์)

b สำหรับสารเรืองแสงแต่ละรายการ ให้ใส่สารย้อมสีปริมาณ 300 nM ลงในหลุม 50 µl (เพลตหลุม 96) จำนวนสี่หลุม จะสังเกตเห็นว่าเพลตอย่างน้อยครึ่งหนึ่งมีหลุมเปล่า

c ปิดผนึกเพลตด้วยวิธีปิดผนึกที่คุณจะใช้ในการทดสอบของคุณ

12 วางเพลตที่จะทำการปรับเทียบลงในบล็อกและปิดฝา

13 ใน Dye Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบสารย้อมสี) ให้คลิก Calibrate (ปรับเทียบ) แล้วคลิก OK (ตกลง) เพื่อยืนยันว่าเพลตอยู่ในบล็อก

14 เมื่อ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ทำการปรับเทียบเสร็จสิ้น กล่องโต้ตอบจะปรากฏขึ้น คลิก Yes (ใช่) เพื่อสิ้นสุดการปรับเทียบและเปิด Dye Calibration Viewer (ดูการปรับเทียบสารย้อมสี)

15 คลิก OK (ตกลง) เพื่อปิดหน้าต่าง

บท 6 การสร้างโปรโตคอล

โปรโตคอลเป็นชุดขั้นตอนที่ดำเนินการในลำดับพันธุกรรมที่เฉพาะเจาะจง ในซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx ทุกขั้นตอนจะเกี่ยวข้องกับตัวเลือกในเครื่องมือ ตัวอย่างเช่น ขั้นตอนการสั่งให้เครื่องมือควบคุมอุณหภูมิของบล็อกและฝาครอบ ใช้อุณหภูมิที่ต่างกันในบล็อก ทำการอ่านเพลต หรือทำการวิเคราะห์ Melt Curve โดยจะระบุตัวเลือกแต่ละตัวสำหรับเพลตและประเภทการทดสอบที่แตกต่างกัน

CFX Manager Dx มีสองตัวเลือกสำหรับการสร้างโปรโตคอล ได้แก่ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปตโตคอล) และ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ)

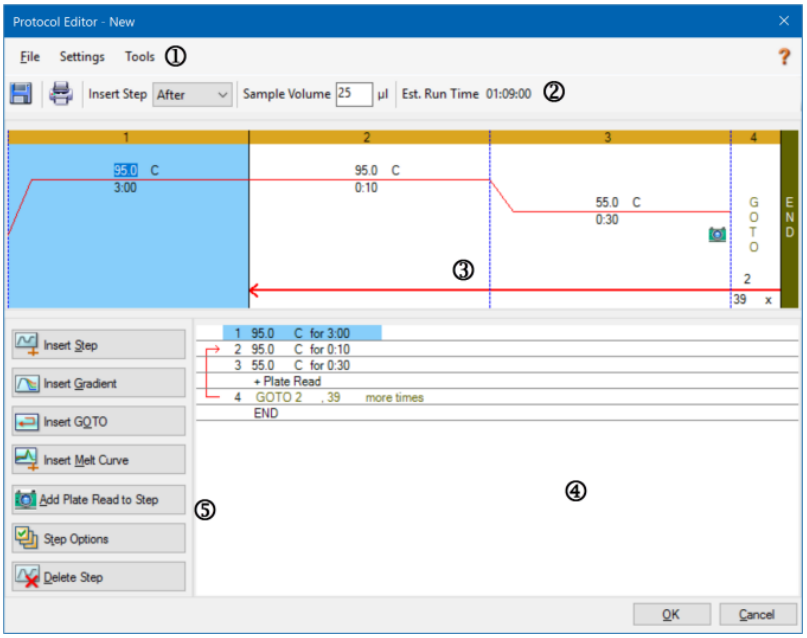
คุณลักษณะ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) มีดังต่อไปนี้

- โปรโตคอลมาตรฐานควบคุมเพื่อสร้างโปรโตคอลได้อย่างรวดเร็ว
- ความสามารถในการคำนวณการไล่ระดับสีสำหรับจำนวนแถวที่เลือกได้อย่างรวดเร็ว
- ความสามารถในการคำนวณเวลาในการทดสอบสำหรับประเภทของเพลตที่เลือกได้อย่างรวดเร็ว
- ความสามารถในการแก้ไขขั้นตอนโปรโตคอล
- ความสามารถในการบันทึกโปรโตคอลเพื่อนำมาใช้อีกครั้ง
- ความสามารถในการพิมพ์โปรโตคอลไปยังเครื่องพิมพ์เริ่มต้น

Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะสร้างโปรโตคอล PCR แบบกำหนดเองโดยอัตโนมัติโดยใช้ขั้นตอนการให้ความร้อนขณะเริ่มต้น การแยกสายขั้นต้น การเกาะของไพรเมอร์ และการต่อขยายโดยใช้พารามิเตอร์ที่คุณป้อน จากนั้นคุณจะสามารถดูการแสดงผลกราฟิกของโปรโตคอลที่แนะนำ และแก้ไข ทำการทดสอบหรือบันทึกโปรโตคอลได้

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

ใช้ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ในการสร้าง เปิด ทบทวน และแก้ไขโปรโตคอล โดยค่าเริ่มต้น Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดเพื่อแสดงโปรโตคอล 2 ขั้นตอนแบบเรียลไทม์ทั่วไปสำหรับเพลต 96 หลุม



คำอธิบายสัญลักษณ์

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

คำสั่งเมนู File (ไฟล์)

Save (บันทึก) บันทึกโปรโตคอลปัจจุบัน

Save As (บันทึกเป็น) บันทึกโปรโตคอลปัจจุบันด้วยชื่อใหม่หรือในตำแหน่งใหม่

Close (ปิด) ปิด Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

คำสั่งเมนู Settings (การตั้งค่า)

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

คำสั่งเมนู Tools (เครื่องมือ)

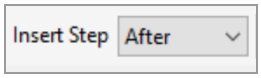
Gradient Calculator (เครื่องคำนวณการไล่ระดับสี) ใช้เปิดกล่องโต้ตอบที่คุณสามารถเลือกประเภทของบล็อกสำหรับขั้นตอนการไล่ระดับสีได้ ค่าเริ่มต้นคือ 96 หลุม

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

คำสั่งต่าง ๆ บนแถบเครื่องมือ

บันทึกไฟล์โปรโตคอลปัจจุบัน

พิมพ์หน้าต่างที่เลือก



ใช้คำสั่งนี้ในการเลือกตำแหน่งที่จะแทรกขั้นตอนที่เกี่ยวข้องกับขั้นตอนที่เลือกในปัจจุบัน

ใช้คำสั่งนี้เพื่อป้อนปริมาตรตัวอย่างเป็น µl ปริมาตรตัวอย่างจะแตกต่างกันไปตามประเภทของบล็อก

- สำหรับบล็อก 96 หลุมลึก ช่วงปริมาตรจะเท่ากับ 0–125 µl
- สำหรับบล็อก 96 หลุม ช่วงปริมาตรจะเท่ากับ 0–50 µl

แสดงเวลาการทดสอบโดยประมาณตามขั้นตอนโปรโตคอล อัตราการแสดงผล และประเภทของบล็อกที่เลือก

แสดงข้อมูลวิธีใช้เกี่ยวกับโปรโตคอล

Protocol Editing Controls (การควบคุมการแก้ไขโปรโตคอล)

บานหน้าต่างด้านซ้ายของหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ประกอบด้วยกาควบคุมที่คุณสามารถใช้ในการสร้างโปรโตคอลได้

การควบคุมแต่ละตัวประกอบด้วยชุดของพารามิเตอร์ที่แสดงขั้นตอนในโปรโตคอล คุณสามารถแก้ไขพารามิเตอร์แต่ละตัว และเพิ่มหรือลบได้เพื่อกำหนดโปรโตคอลของคุณด้วยตัวเอง ส่วนนี้จะอธิบายตัวเลือกในการควบคุมแต่ละตัว

- **Insert Step (แทรกขั้นตอน)** — แทรกขั้นตอนก่อนหรือหลังขั้นตอนที่เลือก คุณสามารถแก้ไขอุณหภูมิและเวลารอได้ในจอแสดงผลกราฟฟิกของโปรโตคอลหรือในโครงร่างโปรโตคอลได้
- **Insert Gradient (แทรกความลาดชัน)** — แทรกขั้นตอนความลาดชันตามประเภทของบล็อกของหลุมที่เลือกในเครื่องคำนวณความลาดชัน คุณสามารถแก้ไขช่วงความลาดชันได้ในบานหน้าต่าง Gradient (ความลาดชัน) ที่ปรากฏขึ้นเมื่อแทรกขั้นตอนความลาดชัน
- **Insert GOTO (แทรกคำสั่ง GOTO)** — จะแทรกขั้นตอนรอบ (ลูป) ซึ่งจะสั่งให้ซอฟต์แวร์ขั้นตอนหนึ่งๆ ซ้ำตามลำดับและจำนวนรอบที่ระบุ การทำขั้นตอนซ้ำจะเริ่มขึ้นหลังจากที่รอบแรกสิ้นสุด ตัวอย่างเช่น คุณสามารถสั่งให้ซอฟต์แวร์ทำขั้นตอน 2–4 ซ้ำได้ 39 ครั้ง หลังการทำขั้นตอนซ้ำครั้งสุดท้าย ซอฟต์แวร์จะทำขั้นตอนที่ 2–4 รวมทั้งหมด 40 ครั้ง คุณสามารถแก้ไขขั้นตอนย้อนกลับ (GOTO) และจำนวนรอบได้ในจอแสดงกราฟฟิกหรือในโครงร่างโปรโตคอล
- **Insert Melt Curve (แทรก Melt Curve)** — แทรกขั้นตอนการอ่าน melt curve
- **Insert Plate Read to Step (แทรกคำสั่งอ่านเพลตในขั้นตอน)** — เพิ่มคำสั่งอ่านเพลตในขั้นตอนที่เลือก การอ่านเพลตจะวัดจำนวนของฟลูออโรฟอร์เมื่อสิ้นสุดรอบ โดยทั่วไปแล้ว ขั้นตอนอ่านเพลตจะเป็นขั้นตอนสุดท้ายในลูปคำสั่ง GOTO

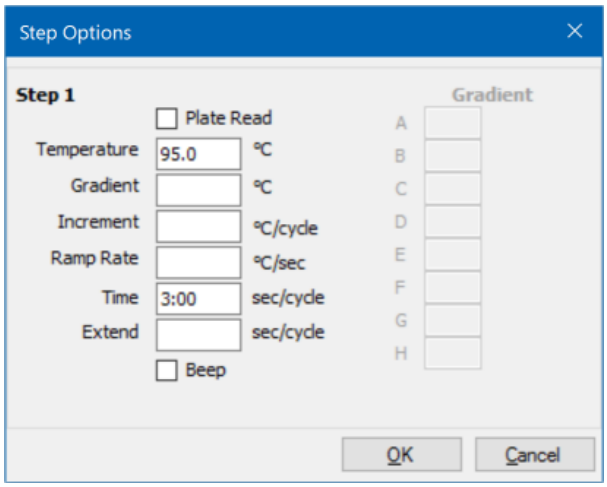
  เคล็ดลับ: หลังเพิ่มคำสั่งการอ่านจานในขั้นตอนแล้ว ปุ่มจะเปลี่ยนเป็น Remove Plate Read (ลบการอ่านจานออก) เมื่อคุณเลือกขั้นตอน
- **Remove Plate Read (ลบการอ่านเพลตออก)** — ลบคำสั่งการอ่านเพลตออกจากขั้นตอนที่เลือก

  เคล็ดลับ: หลังจากที่คุณลบคำสั่งการอ่านเพลตออกจากขั้นตอนแล้ว ปุ่มจะเปลี่ยนเป็น Add Plate Read to Step (เพิ่มการอ่านเพลตไว้ในขั้นตอน) เมื่อคุณเลือกขั้นตอน
- **Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)** — จะเปิดกล่องโต้ตอบ Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) และแสดงตัวเลือกที่มีสำหรับขั้นตอนที่เลือก โปรดดู Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) ในหน้า 83 สำหรับข้อมูลอย่างละเอียดเกี่ยวกับตัวเลือกขั้นตอน

  เคล็ดลับ: คุณยังสามารถเข้าถึงตัวเลือกขั้นตอนโดยการคลิกขวาที่ขั้นตอนในหน้าจอกราฟฟิก
- **Delete Step (ลบขั้นตอน)** — ลบขั้นตอนที่เลือกออกจากโปรโตคอล

Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)

เปิดกล่องโต้ตอบ Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อดูตัวเลือกที่คุณสามารถเพิ่ม เปลี่ยนแปลง หรือลบออกจากขั้นตอนได้



- **Plate Read (อ่านเพลต)** — เมื่อเลือก จะเพิ่มการอ่านเพลตไว้ในขั้นตอน
- **Temperature (อุณหภูมิ)** — จะตั้งค่าอุณหภูมิเป้าหมายสำหรับขั้นตอนที่เลือก
- **Gradient (ความลาดชัน)** — จะตั้งค่าช่วงการไล่ระดับสำหรับขั้นตอน ช่วงคือ 1–24°C

  หมายเหตุ: ความลาดชันจะทำงานโดยใช้อุณหภูมิต่ำสุดที่ด้านหน้าของบล็อก (ในภาพนี้ แถว H) และอุณหภูมิสูงสุดที่ด้านหลังของบล็อก (ในภาพนี้ แถว A)
- **Increment (การเพิ่มขึ้น)** — จำนวนที่จะเพิ่ม (หรือลด) อุณหภูมิของขั้นตอนที่เลือก จำนวนตามค่านี้จะถูกเพิ่มไปยังอุณหภูมิเป้าหมายในแต่ละรอบ ช่วงคือ ±0.1–10°C

  หมายเหตุ: ในการลดอุณหภูมิ ให้พิมพ์เครื่องหมายลบ (–) ก่อนค่าตัวเลข (ตัวอย่างเช่น –5°C)
- **Ramp Rate (อัตราการเอียง)** — อัตราการเอียงสำหรับขั้นตอนที่เลือก ช่วงขึ้นอยู่กับขนาดของบล็อก
- **Time (เวลา)** — เวลารอสำหรับขั้นตอนที่เลือก
- **Extend (ขยาย)** — ระยะเวลา (เป็นวินาที) สำหรับขยายหรือลดขั้นตอนที่เลือก ตัวเลือกนี้จะเพิ่มไปยังเวลาที่รอในแต่ละรอบ ช่วงคือ 1–60 วินาที
- **Beep (บี๊บ)** — เมื่อเลือก เสียงบี๊บจะดังเมื่อสิ้นสุดขั้นตอน

  เคล็ดลับ: เมื่อคุณป้อนตัวเลขที่อยู่นอกช่วงตัวเลือก ซอฟต์แวร์จะเปลี่ยนตัวเลขให้เป็นข้อมูลที่ใกล้เคียงที่สุดภายในช่วง

การสร้างโปรโตคอลใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

คุณสามารถสร้างไฟล์โปรโตคอลแบบกำหนดเองได้โดยใช้ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) นอกจากนี้ คุณยังสามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์โปรโตคอลที่บันทึกไว้ก่อนหน้า หรือไฟล์โปรโตคอลตัวอย่างที่จัดส่งมาพร้อมกับซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ได้เช่นกัน

หากต้องการสร้างไฟล์โปรโตคอลใหม่ ให้ดำเนินการดังต่อไปนี้

- เปิดไฟล์โปรโตคอลใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

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

เคล็ดลับ: หากต้องการสร้างโปรโตคอลใหม่จากไฟล์โปรโตคอลที่บันทึกไว้ก่อนหน้าหรือไฟล์โปรโตคอลตัวอย่าง โปรดดูที่การเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ในหน้า 85

การเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

CFX Manager Dx มีหลากหลายตัวเลือกในการเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่

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

หากต้องการเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่จากหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

▶ เลือก File (ไฟล์) > New (ใหม่) > Protocol (โปรโตคอล)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงไฟล์โปรโตคอลเริ่มต้น

เคล็ดลับ: สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการตั้งค่าโปรโตคอลเริ่มต้น โปรดดูที่การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 62

วิธีการเปิดไฟล์โปรโตคอลใหม่จากกล่องโต้ตอบ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้เพื่อเปิด Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) หากไม่ได้อยู่ในมุมมอง:

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

โดยค่าเริ่มต้น Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) จะแสดงแท็บ Run setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่มีประเภทอุปกรณ์ CFX96™ ที่เลือก

2 หากจำเป็น ให้เลือกประเภทอุปกรณ์จากรายการแบบเลื่อนลง

3 คลิก User-defined (ผู้ใช้กำหนด) เป็นประเภทการทดสอบ

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

4 คลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงโปรโตคอลเรียลไทม์เริ่มต้น

วิธีการเปิดโปรโตคอลใหม่จากกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

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

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

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

2 คลิก Create New (สร้างใหม่)

หน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะเปิดขึ้นโดยแสดงโปรโตคอลเรียลไทม์เริ่มต้น

การเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่ใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

CFX Manager Dx มีตัวอย่างไฟล์โปรโตคอลที่คุณสามารถแก้ไขและบันทึกเป็นโปรโตคอลใหม่ที่กำหนดเองได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถสร้างโปรโตคอลใหม่จากโปรโตคอลที่กำหนดเองที่มีอยู่ได้

วิธีการเปิดไฟล์โปรโตคอลตัวอย่าง

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

โดยค่าเริ่มต้น Windows Explorer จะเปิดตำแหน่งของโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่าง CFX Manager Dx

2 เปิดโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่าง คุณจะเห็นโฟลเดอร์ต่อไปนี้

- **ConventionalProtocols** มีตัวอย่างไฟล์โปรโตคอลสำหรับการวิเคราะห์ PCR แบบดั้งเดิม
- **DataFiles** มีตัวอย่างไฟล์ข้อมูลที่คุณสามารถใช้เพื่อค้นหาคุณลักษณะของ CFX Manager Dx ได้
- **MeltCalibration** มีตัวอย่างไฟล์โปรโตคอลสำหรับใช้กับซอฟท์แวร์ Precision Melt Analysis ของ Bio-Rad
- **Plates** มีตัวอย่างไฟล์เพลต

- **RealTimeProtocols** มีตัวอย่างไฟล์โปรโตคอลสำหรับการวิเคราะห์ PCR แบบเรียลไทม์

3 เปิดโฟลเดอร์โปรโตคอลสำหรับประเภทของการทดสอบที่คุณวางแผนที่จะดำเนินการระหว่าง ConventionalProtocols หรือ RealTimeProtocols

4 เลือกโปรโตคอลที่ต้องการและคลิก Open (เปิด)

โปรโตคอลตัวอย่างจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

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

วิธีการเปิดโปรโตคอลที่มีอยู่

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

  โปรโตคอลจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

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

การตั้งค่าโปรโตคอลใหม่

เคล็ดลับ: หากไฟล์โปรโตคอลของคุณมีพารามิเตอร์ที่จำเป็น (เช่น หากคุณกำลังแก้ไขไฟล์เพลตที่มีอยู่) คุณสามารถข้ามส่วนนี้ได้ ไปที่ การเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล ในหน้า 88

ไฟล์โปรโตคอลใหม่ต้องมีพารามิเตอร์ต่อไปนี้

- ประเภทบล็อก
- โหมดสแกนสำหรับประเภทบล็อกที่เลือก
- Lid Temperature (อุณหภูมิของฝาครอบ)
- ปริมาณตัวอย่าง

การตั้งค่าประเภทของบล็อก

CFX Manager Dx จะคำนวณการเพิ่มอุณหภูมิโดยอัตโนมัติสำหรับขั้นตอนความลาดชันตามประเภทบล็อก

หมายเหตุ: ประเภทของเพลตที่ตั้งค่าใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ต้องเป็นประเภทเดียวกับเพลตในโมดูลปฏิกิริยา

วิธีตั้งค่าประเภทบล็อก

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

การเลือกโหมดสแกนสำหรับประเภทของบล็อกที่เลือก

หากต้องการกำหนดเวลาทดสอบสำหรับโปรโตคอล ให้เลือกประเภทบล็อกเป้าหมายและโหมดสแกน

วิธีเลือกประเภทบล็อกและโหมดสแกน

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

การปรับอุณหภูมิของฝา

CFX Manager Dx จะกำหนดอุณหภูมิเริ่มต้นของฝาเป็น 105.0°C

คุณสามารถเปลี่ยนการตั้งค่าเริ่มต้นหรือปิดตัวทำความร้อนที่ฝาตามความจำเป็นของโปรโตคอลได้

เคล็ดลับ: คุณสามารถเปลี่ยนอุณหภูมิเริ่มต้นของฝาได้ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ดู "การตั้งค่าพารามิเตอร์โปรโตคอลเริ่มต้น ในหน้า 63"

วิธีปรับอุณหภูมิของฝา

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

   กล่องโต้ตอบ Lid Settings (การตั้งค่าฝา) จะปรากฏขึ้น

2 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ

การตั้งค่าปริมาตรตัวอย่าง

โดยค่าเริ่มต้น CFX Manager Dx ตั้งค่าปริมาตรตัวอย่างสำหรับแต่ละหลุมเป็น 25 µl อย่างไรก็ตาม ช่วงของ ระบบ CFX Dx คือ 0-125 µl

เครื่องมือจะใช้โหมดการควบคุมอุณหภูมิหนึ่งในสองโหมดในการกำหนดว่าจะให้ตัวอย่างเพิ่มอุณหภูมิถึงอุณหภูมิเป้าหมายในโปรโตคอลเมื่อใด

- **Calculated Mode (โหมดที่คำนวณได้)** เมื่อปริมาตรตัวอย่างตั้งค่าเป็นปริมาตรที่เหมาะสมสำหรับบล็อก เครื่องมือจะคำนวณอุณหภูมิตัวอย่างตามปริมาตรตัวอย่าง ซึ่งเป็นโหมดมาตรฐาน

- **Block Mode (โหมดบล็อก)** เมื่อปริมาตรตัวอย่างตั้งค่าเป็นศูนย์ (0) µl เครื่องจะบันทึกอุณหภูมิตัวอย่างเป็นเ
ช่นเดียวกับอุณหภูมิของบล็อกที่วัดได้

วิธีการตั้งค่าปริมาตรตัวอย่างสำหรับบล็อกที่เฉพาะเจาะจง

▶ ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้พิมพ์ค่าที่ถูกต้องในกล่องข้อความ Sample Volume (ปริมาตร
ตัวอย่าง) บนแถบเครื่องมือ

เคล็ดลับ: คุณสามารถเปลี่ยนปริมาตรตัวอย่างเริ่มต้นในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าขอ
งผู้ใช้) โปรดดูการเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 62

การเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล

วิธีการเพิ่มขั้นตอนเข้าไปในโปรโตคอล

1 เปิดโปรโตคอลในหน้าต่าง Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

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

3 บนกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอนใหม่

4 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert Step (แทรกขั้นตอน)

5 หากต้องการเปลี่ยนอุณหภูมิหรือเวลาในการระงับ ให้คลิกค่าเริ่มต้นบนกราฟหรือโครงร่างโปรโตคอล และพิ
มพ์ค่าใหม่

6 (ไม่บังคับ) ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อแสดงกล่องโต้ตอบตัวเลือ
กขั้นตอน และปรับเปลี่ยนตัวเลือกที่มีอยู่สำหรับขั้นตอนที่เลือก

เคล็ดลับ: คุณสามารถเข้าถึงกล่องโต้ตอบตัวเลือกขั้นตอนได้ในเมนูคลิกขวา ทั้งในบานหน้าต่างกราฟห
รือบานหน้าต่างโครงร่างโปรโตคอล

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

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

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

การแทรกขั้นตอนการไล่ระดับ

หากต้องการขั้นตอนความลาดชัน

1 ให้ตรวจสอบว่าขนาดของเพลตสำหรับความลาดชันมีขนาดเดียวกับประเภทบล็อกของเครื่องมือ 96 หลุม

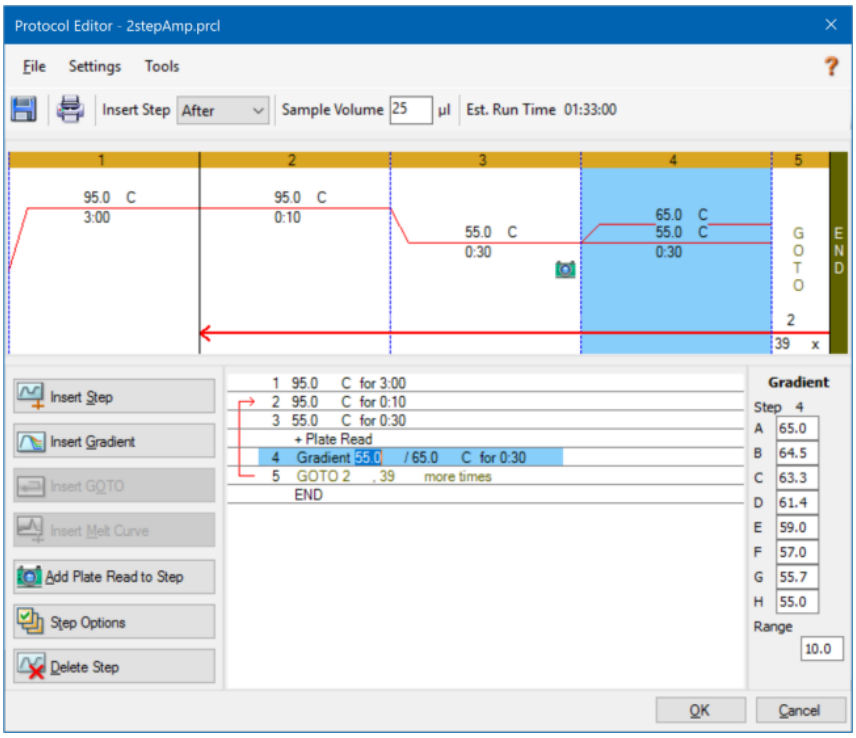
2 หากคุณยังไม่ได้ดำเนินการดังกล่าว ให้เลือกขนาดของเพลตสำหรับความลาดชัน:

เลือก Tools (เครื่องมือ) > Gradient Calculator (เครื่องคำนวณความลาดชัน) และเลือกประเภทหลุมที่เหมาะ
สมจากรายการแบบเลื่อนลง

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

4 ในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่าง ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอนความลาดชัน

5 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert Gradient (แทรกความลาดชัน) ขั้นตอนความลาดชันใหม่จะถูกเน้นในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่าง เช่น:



อุณหภูมิของแต่ละแถวในความลาดชันจะปรากฏในตาราง Gradient (ความลาดชัน) ในบานหน้าต่างด้านขวา

6 ในการแก้ไขช่วงอุณหภูมิความลาดชัน ให้ทำอย่างใดอย่างหนึ่งต่อไปนี้

- คลิกที่อุณหภูมิเริ่มต้นในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่างและป้อนอุณหภูมิใหม่
- คลิก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) เพื่อป้อนช่วงความลาดชันในหน้าต่าง Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน)
- เปลี่ยนค่า Range (ช่วง) ในตาราง Gradient (ความลาดชัน)

7 วิธีการแก้ไขเวลาในการระงับ ให้คลิกเวลาเริ่มต้นในมุมมองรูปภาพหรือข้อความและป้อนเวลาใหม่

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

การแทรกขั้นตอน GOTO

หมายเหตุ: คุณไม่สามารถแทรกขั้นตอนคำสั่ง GOTO ภายในชุดคำสั่ง GOTO ได้ คุณไม่สามารถสร้างลูปคำสั่ง GOTO ซ้อนในได้

วิธีแทรกขั้นตอนคำสั่ง GOTO

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

2 ในกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอนคำสั่ง GOTO

3 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Insert GOTO (แทรกคำสั่ง GOTO)

4 ในการแก้ไขหมายเลขขั้นตอนคำสั่ง GOTO หรือจำนวนคำสั่ง GOTO ซ้ำกัน ให้เลือกหมายเลขเริ่มต้นในกรอบกราฟหรือบานหน้าต่างโครงร่างและป้อนค่าใหม่

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

การแทรกขั้นตอน Melt Curve

เคล็ดลับ: คุณไม่สามารถแทรกขั้นตอน Melt Curve ภายในลูปคำสั่ง GOTO ได้

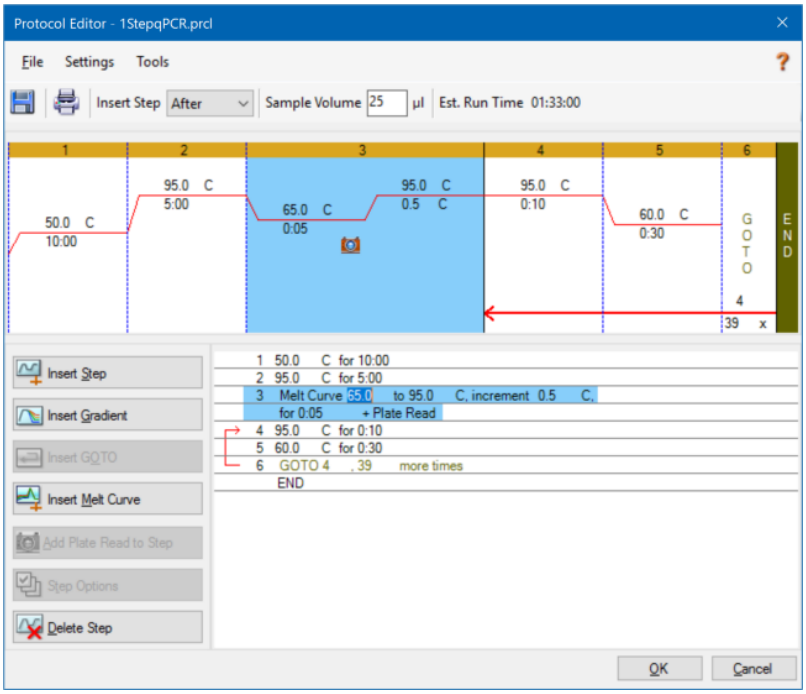
หมายเหตุ: ขั้นตอน Melt Curve จะรวมถึงการระงับเป็นเวลา 30 วินาทีเมื่อเริ่มต้นขั้นตอนที่ไม่ได้แสดงไว้ในโปรโตคอล

วิธีแทรกขั้นตอน Melt Curve

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

2 บนกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังจากที่คุณวางแผนที่จะแทรกขั้นตอน Melt Curve

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



4 ในการแก้ไขช่วงอุณหภูมิหลอมละลายหรือเวลาที่เพิ่มขึ้น ให้เลือกหมายเลขเริ่มต้นในกราฟหรือบานหน้าต่างโครงร่างและป้อนค่าใหม่

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

การเพิ่มหรือการนำขั้นตอนการอ่านเพลตออก

เคล็ดลับ: หลังเพิ่มคำสั่งการอ่านจานในขั้นตอนแล้ว ปุ่มจะเปลี่ยนเป็น Remove Plate Read (ลบการอ่านจานออก) เมื่อคุณเลือกขั้นตอน

วิธีเพิ่มการอ่านเพลตในขั้นตอน

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

2 ในกราฟ ให้เลือกขั้นตอนก่อนหรือหลังที่คุณต้องการใส่ขั้นตอนการอ่านเพลต

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

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

วิธีนำการอ่านเพลตออกจากขั้นตอน

▶ ในกราฟ ให้เลือกขั้นตอนที่มีการอ่านเพลต จากนั้นคลิก Remove Plate Read (นำการอ่านเพลตออก) ในบานหน้าต่างด้านซ้าย

การเปลี่ยนตัวเลือกขั้นตอน

หากต้องการเปลี่ยนตัวเลือกขั้นตอนสำหรับขั้นตอนที่เลือก

1 เลือกขั้นตอนเป้าหมายในกราฟหรือบานหน้าต่างโครงร่าง

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

   หรือคลิกขวาที่ขั้นตอนเป้าหมายในบานหน้าต่างหนึ่งแล้วเลือก Step Options (ตัวเลือกขั้นตอน) ในเมนูที่ปรากฏขึ้น

3 วิธีเพิ่ม ปรับเปลี่ยนหรือลบตัวเลือกออก

   - ป้อนค่าในกล่องข้อความที่ถูกต้อง
   - แก้ไขค่าในกล่องข้อความที่เจาะจง
   - เลือกหรือล้างกล่องข้อความ

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

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

การลบขั้นตอน

วิธีการลบขั้นตอนในโปรโตคอล

1 เลือกขั้นตอนในบานหน้าต่างกราฟหรือโครงร่าง

2 ในบานหน้าต่างด้านซ้าย ให้คลิก Delete Step (ลบขั้นตอน) เพื่อลบขั้นตอนที่เลือก

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

การคัดลอก การส่งออก หรือการพิมพ์โปรโตคอล

วิธีการคัดลอกโปรโตคอล

▶ คลิกขวาที่โครงร่างโปรโตคอลและเลือก Copy Protocol (คัดลอกโปรโตคอล)

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

วิธีการส่งออกโปรโตคอล

1 คลิกขวาที่โครงร่างโปรโตคอลและเลือก Export Protocol (ส่งออกโปรโตคอล)

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

2 (ไม่บังคับ) ใน Windows Explorer ให้ไปที่โฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์โปรโตคอล

3 ใน File name (ชื่อไฟล์) ให้พิมพ์ชื่อไฟล์โปรโตคอลที่จะส่งออก

4 คลิก Save (บันทึก)

วิธีการพิมพ์โปรโตคอล

▶ คลิกขวาที่โครงร่างโปรโตคอลและเลือก Print (พิมพ์)

คุณสามารถพิมพ์โครงร่างโปรโตคอลไปยังเครื่องพิมพ์ที่คุณตั้งเป็นค่าเริ่มต้นได้

การสร้างโปรโตคอลด้วย Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ)

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

Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ของCFX Manager Dxจะสร้างรอบโปรโตคอลขึ้นมาโดยอัตโนมัติตามพารามิเตอร์ที่ป้อนข้อมูลต่อไปนี้

- **ความยาวของ Amplicon** ความยาวของผลิตภัณฑ์ PCR ที่คาดไว้
- **อุณหภูมิการหลอม** ปฏิกิริยา T_a สำหรับไพรเมอร์ที่ใช้

  หากไม่ทราบค่า T_a คุณสามารถใช้เครื่องคำนวณค่า T_a เพื่อคำนวณโดยอัตโนมัติตามลำดับไพรเมอร์ของคุณได้

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

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

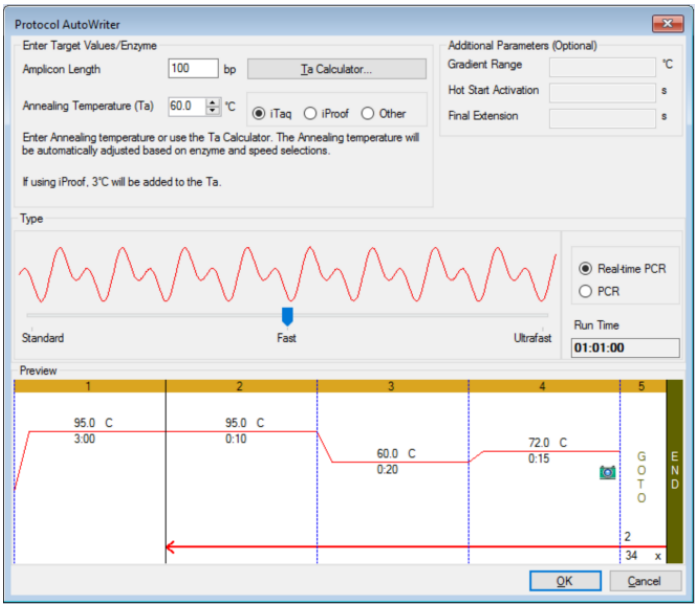
  Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะเพิ่มประสิทธิภาพโปรโตคอลตามการตั้งค่าความเร็วที่เลือก ระยะเวลาในการทำงานโดยรวมจะกำหนดจากจำนวนขั้นตอนและรอบ ระยะเวลาการบ่มในแต่ละขั้นตอน และเวลาที่ใช้เพื่อให้รวมเป็นหนึ่งเดียวกันที่อุณหภูมิเป้าหมาย

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

วิธีการสร้างโปรโตคอลใหม่โดยใช้ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) ของ CFX Manager Dx

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

กล่องโต้ตอบ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) จะปรากฏขึ้นมา



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

- ป้อนอุณหภูมิการหลอม (T_a) สำหรับไพรเมอร์ที่ใช้หากทราบ

  เคล็ดลับ: ดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่การใช้ Ta Calculator (เครื่องคำนวณ Ta) ในหน้า 96

  หมายเหตุ: โปรดดูข้อมูลเกี่ยวกับการคำนวณที่ใช้ในT_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) ได้ที่ Breslauer et al 1986.

- ป้อนความยาว Amplicon ในคู่เบส (bp)

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

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

3 หากคุณเลือก Other (อื่น ๆ) เป็นประเภทของเอนไซม์ คุณสามารถเพิ่มพารามิเตอร์ใด ๆ หรือทั้งหมดต่อไปนี้ในโปรโตคอลได้

- ช่วงการไล่ระดับสี
- อุณหภูมิในการเปิดใช้งานเริ่มร้อน
- เวลาต่อขยายขั้นสุดท้าย

4 ในหัวข้อ Type (พิมพ์) ให้เลื่อนแถบเลื่อนเพื่อเลือกความเร็วของโปรโตคอล (มาตรฐาน, เร็ว, หรือเร็วมาก) CFX Manager Dx ปรับเวลาการทำงานทั้งหมด

5 เลือกประเภทของ PCR ที่จะดำเนินการ (PCR แบบเรียลไทม์เป็นค่าเริ่มต้น)

CFX Manager Dx จะเพิ่มขั้นตอนการอ่านเพลตเพื่อเก็บข้อมูลสารเรืองแสงด้วย PCR แบบเรียลไทม์

6 ในหัวข้อ Preview (แสดงตัวอย่าง) ให้ตรวจสอบโปรโตคอล คุณสามารถทำการเปลี่ยนแปลงได้ตามต้องการ

7 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

การใช้ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a)

เมื่อไม่ทราบอุณหภูมิการหลอมสำหรับไพรเมอร์ คุณสามารถใช้ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) ในการคำนวณค่าได้ คุณสามารถใช้ค่าใน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) หรือใน Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) เพื่อสร้างโปรโตคอลของคุณ

เกี่ยวกับ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a)

T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) คำนวณค่า T_m สำหรับแต่ละไพรเมอร์ รวมถึงค่า T_a สำหรับโปรโตคอลที่ความเร็วมาตรฐาน

ค่า T_a สำหรับโปรโตคอลจะขึ้นอยู่กับค่าเฉลี่ยไพรเมอร์ T_m โดยใช้กฎต่อไปนี้:

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

วิธีการนับคู่เบส

สำหรับแต่ละไพรเมอร์ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) จะใช้วิธีการนับคู่เบสสำหรับลำดับ 14 คู่เบสหรือน้อยกว่า

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

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

การจำแนกประเภทด้วย Nearest Neighbor Method

จะต้องใช้การจำแนกประเภทด้วย Nearest Neighbor Method สำหรับลำดับที่ยาวกว่า 14 คู่เบส ในการจำแนกประเภทด้วย Nearest Neighbor Method การคำนวนอุณหภูมิในการละลายอยู่นั้นขึ้นอยู่กับความสัมพันธ์ทางเทอร์โมไดนามิกส์ระหว่างเอนโทรปี (ลำดับหรือระดับความยุ่งเหยิงของโอลิโกนิวคลีโอไทด์) เอนทัลปี (ความร้อนที่ถูกปล่อยออกมาหรือซึมซับโดยโอลิโกนิวคลีโอไทด์) พลังงานเสรี และอุณหภูมิ

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

โดย

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

การเปลี่ยนแปลงในเอนโทรปีและเอนทัลปีจะถูกคำนวนโดยตรงด้วยการรวมค่าของคู่นิวคลีโอไทด์ที่แสดงอยู่ในตาราง 12 (Breslauer et al. 1986)

ความสัมพันธ์ระหว่างพลังงานเสรีและความเข้มข้นของตัวทำปฏิกริยาและสารในสภาพคงตัวนั้นกำหนดโดย:

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

โดย R เป็นค่าคงที่ของก๊าซ (1.986 Cal/Mole*K)

การสลับ G ในสมการทั้งสองและการหาค่าของ T

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

คาดได้ว่าความเข้มข้นของ DNA และ DNA ไพรเมอร์คอมเพล็กซ์นั้นเท่ากัน

โดยสามารถกำหนดด้วยการเฝ้าสังเกตได้ว่ามีพลังงานเสรี 5 kcal (3.4 kcal) (Sugimoto et al. 1996) เปลี่ยนแปลงไประหว่างการเปลี่ยนผ่านจาก DNA สายเดี่ยวเป็น DNA แบบ B ซึ่งคาดเดาได้ว่าเป็นพลังงานที่มีต้นตอเป็นไฮโดรเจน สุดท้ายแล้ว การเพิ่มการปรับเปลี่ยนเกลือทำให้เกิดสมการที่การคำนวน T_a ใช้งาน:

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

ไม่จำเป็นต้องมีการปรับเปลี่ยนค่าคงที่ของความเข้มข้นของเหลือ เนื่องจากความหลากหลายของพารามิเตอร์ได้ถูกกำหนดไว้ที่ 1 M NaCl และ Log_{10} ของ 1 คือศูนย์

การคำนวนเทอร์โมไดนามิกส์พบว่าการหลอมจะเกิดขึ้นที่ค่า pH 7.0 การคำนวน T_m แสดงให้เห็นว่าลำดับนั้นไม่มีลักษณะสมมาตรและประกอบไปด้วยหนึ่ง G หรือ C เป็นอย่างน้อย

ลำดับโอลิโกนิวคลีโอไทด์ควรมีความยาวอยู่ที่อย่างน้อย 14 เบสเพื่อให้มีค่า T_m ที่เหมาะสม ความยาวที่น้อยกว่า 14 เบสจะใช้วิธีการนับคู่เบส (ดูที่ ตาราง 12 ต่อมา)

ตาราง 12 ค่าคงที่ของปฏิกริยา Breslauer

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

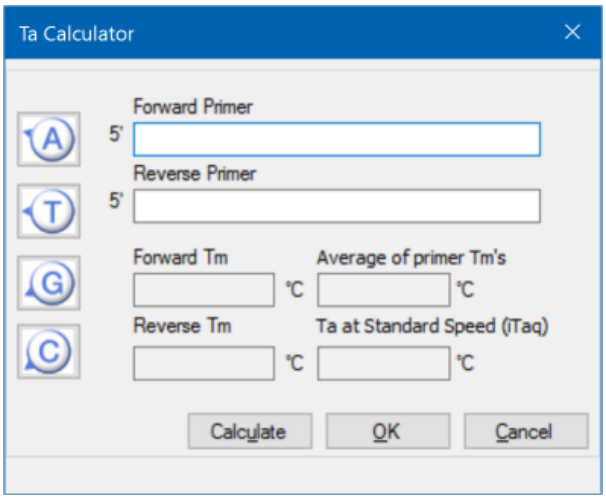
การใช้ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a)

วิธีใช้ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a)

1 หากต้องการเปิด T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) ให้ทำตามข้อใดข้อหนึ่งต่อไปนี้

- หากคุณอยู่ใน Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) คลิกที่ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a)
- นหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก Tools (เครื่องมือ) > T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a)

กล่องโต้ตอบ T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) จะปรากฏขึ้น



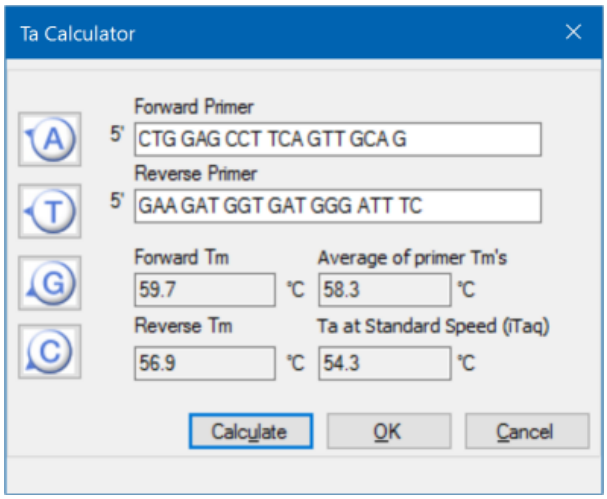
2 ในกล่องข้อความ Forward Primer (ส่งต่อไพรเมอร์) พิมพ์หรือวางลำดับส่งต่อไพรเมอร์

เคล็ดลับ: นอกจากนี้คุณสามารถใช้ปุ่ม A, T, G, C ทางด้านซ้ายของกล่องโต้ตอบเพื่อป้อนลำดับ

3 พิมพ์หรือวางลำดับย้อนกลับไพรเมอร์ในกล่องข้อความ Reverse Primer (ย้อนกลับไพรเมอร์)

4 คลิก Calculate (คำนวณ)

T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) คำนวณและแสดง T_m ของแต่ละไพรเมอร์และ T_m เฉลี่ยและค่า T_a เช่น:



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

เครื่องคำนวณ T_a สร้างอุณหภูมิการหลอมสำหรับความเร็วมาตรฐานกับ iTaq DNA polymerase เมื่อใช้เอนไซม์อื่น การตั้งค่าความเร็วจะปรับ T_a โดยอัตโนมัติ

5 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- หากคุณเปิด T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) จาก Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) คลิก OK (ตกลง) คุณกลับไปที่ Protocol AutoWriter (ระบบเขียนโปรโตคอลอัตโนมัติ) อุณหภูมิการหลอมจะได้รับการแก้ไขโดยอัตโนมัติ
- หากคุณเปิด T_a Calculator (เครื่องคำนวณ T_a) จากเมนู Tools (เครื่องมือ) บันทึกการคำนวณ และคลิก Cancel (ยกเลิก) เพื่อปิดเครื่องคำนวณ

บท 7 การเตรียมเพลต

ไฟล์เพลตจะมีข้อมูลเกี่ยวกับพารามิเตอร์การทำงาน เช่น โหมดการสแกน ฟลูออโรฟอร์ และสารในหลุม หลังจากการทำงาน CFX Manager™ Dx ซอฟต์แวร์ จะเชื่อมโยงสารในหลุมกับข้อมูลฟลูออโรฟอร์ที่เก็บรวบรวมได้ระหว่างการทำงานและใช้การวิเคราะห์ที่เหมาะสมในหน้าต่างการวิเคราะห์ข้อมูล ตัวอย่างเช่น หลุมที่มีประเภทตัวอย่างมาตรฐานที่ใช้ในการสร้างกราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะมีสองตัวเลือกสำหรับการสร้างเพลต: Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) สำหรับ PCR แบบเรียลไทม์เรียกใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) สำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

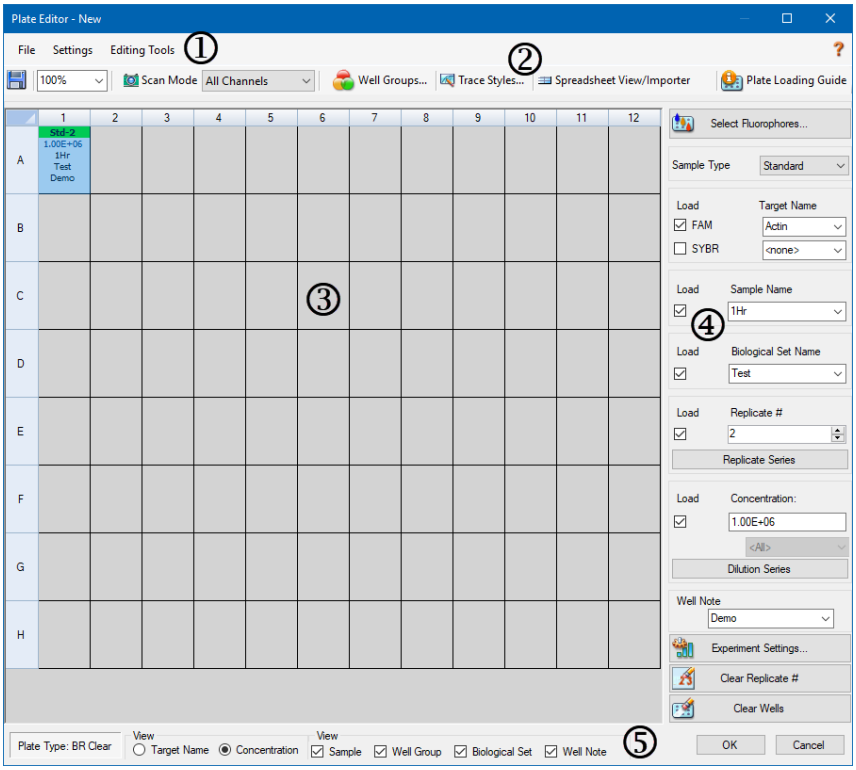
Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) มีคุณลักษณะต่อไปนี้

- ฟลูออโรฟอร์มาตรฐานและประเภทตัวอย่างสำหรับกำหนดให้กับหลุมเพลต
- ความสามารถในการตั้งค่าเป้าหมายอ้างอิงและตัวอย่างควบคุมสำหรับการวิเคราะห์การเน้นยีน
- ความสามารถในการแก้ไขการตั้งค่าเพลตก่อน ระหว่าง หรือหลังจากการทำงาน
- ความสามารถในการบันทึกไฟล์เพลตสำหรับการใช้ซ้ำ
- ความสามารถในการพิมพ์ไฟล์เพลตที่เครื่องพิมพ์เริ่มต้น

Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) จะช่วยคุณสร้างโครงร่างเพลตสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนแบบมาตรฐาน คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ก่อน ระหว่าง หรือหลังการทำงานได้

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

คุณใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ในการสร้างเพลตแบบกำหนดเองหรือแก้ไขเพลตที่มีอยู่



คำอธิบายสัญลักษณ์

1	แถบเมนูจะช่วยให้สามารถเข้าถึงคำสั่งเมนู File (ไฟล์) และ Settings (การตั้งค่า) รวมทั้งตัวเลือกเครื่องมือแก้ไขเพลตได้อย่างรวดเร็ว
2	แถบเครื่องมือจะช่วยให้สามารถเข้าถึงฟังก์ชันการโหลดเพลตที่สำคัญได้อย่างรวดเร็ว
3	บานหน้าต่างหลักจะแสดงโครงร่างเพลตและตัวเลือกเพลตตามที่คุณใช้
4	บานหน้าต่างด้านขวาแสดงตัวเลือกที่คุณใช้ในการกำหนดเพลตของคุณด้วยตัวเอง
5	บานหน้าต่างด้านล่างแสดงประเภทของเพลตและช่วยให้สามารถเข้าถึงตัวเลือกการดูอย่างรวดเร็ว

คำสั่งเมนู File (ไฟล์)

Save (บันทึก) — บันทึกไฟล์ข้อมูลเพลตในตำแหน่งที่ระบุไว้ในแท็บ File (ไฟล์) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดูที่ การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 62 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม รายการเมนูนี้จะสามารถใช้งานได้เมื่อสร้างไฟล์เพลตใหม่เท่านั้น

Save As (บันทึกเป็น) — บันทึกไฟล์ข้อมูลเพลตที่เปิดอยู่ในชื่อใหม่ที่คุณกำหนดให้ รายการเมนูนี้จะสามารถใช้งานได้เมื่อสร้างไฟล์เพลตใหม่เท่านั้น

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

Print (พิมพ์) — พิมพ์ไฟล์ข้อมูลเพลตที่เปิดอยู่

Close (ปิด) ปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

คำสั่งเมนู Settings (การตั้งค่า)

Plate Size (ขนาดของเพลต) — มีตัวเลือกที่คุณสามารถเลือกขนาดของเพลตสำหรับการทดสอบได้

> **หมายเหตุ:** ระบบ CFX Dxสามารถใช้ได้แค่เพลตแบบ 96 หลุม

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

Number Convention (การรวบรวมตัวเลข) — ช่วยให้คุณสามารถเลือกหรือยกเลิกการเลือกตัวเลือกเพื่อแสดงหน่วยในสัญกรณ์ทางวิทยาศาสตร์ ค่าเริ่มต้นคือการแสดงหน่วยในสัญกรณ์ทางวิทยาศาสตร์

Units (หน่วย) — ช่วยให้คุณสามารถเลือกหน่วยที่จะแสดงในสเปรดชีตเมื่อดำเนินการนับจำนวนของเส้นโค้งที่ไม่รู้จักและเส้นโค้งมาตรฐาน

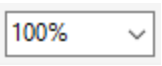
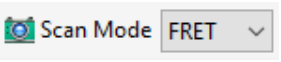
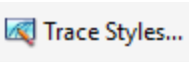
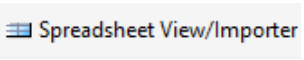
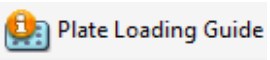
การแก้ไขคำสั่งเมนู Tools (เครื่องมือ)

Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) เปิด Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ซึ่งคุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์โครงร่างและการวิเคราะห์สำหรับเพลตปัจจุบันได้ คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ก่อน ระหว่าง หรือหลังทำการทดสอบเสร็จสิ้นได้

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

Flip Plate (พลิกเพลต) พลิกสารในเพลต 180°

คำสั่งต่าง ๆ บนแถบเครื่องมือ

	บันทึกไฟล์เพลตนี้
	แสดงรายการแบบเลื่อนลงที่ซึ่งคุณสามารถเพิ่มหรือลดการขยายมุมมองเพลตได้
	แสดงรายการแบบเลื่อนลงที่ซึ่งคุณสามารถเลือกโหมดสแกน ที่ควบคุมเครื่องมือจากช่องทางใดๆ เพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลของสารเรืองแสงระหว่างการทดลอง
	เปิด Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) ที่คุณสามารถใช้งานเพื่อสร้างกลุ่มหลุมให้กับเพลตปัจจุบันที่ใช้งาน
	แสดงกล่องโต้ตอบที่ซึ่งคุณสามารถเลือกสีและสัญลักษณ์สำหรับการติดตามการเพิ่มปริมาณ
	เปิดกล่องโต้ตอบ View (มุมมอง) ซึ่งจะแสดงเค้าโครงเพลตเป็นเทมเพลตในรูปแบบสเปรดชีต คุณสามารถใช้กล่องโต้ตอบนี้เพื่อส่งออกหรือนำเข้าข้อมูลเทมเพลตของเพลตในรูปแบบ .csv
	แสดงขั้นตอนที่จำเป็นสำหรับการตั้งค่าเพลตและการโหลดหลุม

การสร้างไฟล์เพลตโดยใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ช่วยให้คุณสามารถสร้างไฟล์เพลตที่กำหนดเองได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถแก้ไขและบันทึกไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้หรือไฟล์เพลตที่จัดส่งมาพร้อมกับ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ได้

หากต้องการสร้างไฟล์เพลตใหม่ ให้ทำดังต่อไปนี้

- เปิดไฟล์เพลตใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
- เลือกประเภทของเพลต

  หมายเหตุ: ประเภทของเพลตสำหรับไฟล์เพลตจะต้องเป็นประเภทเดียวกับเพลตในโมดูลปฏิกิริยา
- เลือกโหมดสแกนที่จะใช้ในโปรโตคอล
- เลือกสารเรืองแสงที่จะใช้ในเพลต
- เลือกประเภทตัวอย่าง เป้าหมาย และตัวอย่าง
- เลือกการจำลองหากเหมาะสม
- บันทึกเค้าโครงเพลต

เคล็ดลับ: หากต้องการสร้างเพลตใหม่จากไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้หรือตัวอย่างไฟล์เพลต โปรดดูการเปิดไฟล์เพลตที่มีอยู่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ในหน้า 107

การเปิดไฟล์เพลตใหม่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dxสร้างตัวเลือกที่หลากหลายในการเปิดไฟล์เพลตใหม่:

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

หากต้องการเปิดไฟล์เพลตใหม่จากหน้าต่าง Home (หลัก)

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

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะเปิดและแสดงไฟล์เพลตเริ่มต้นสำหรับเครื่องมือที่เลือก

เคล็ดลับ: สำหรับข้อมูลเกี่ยวกับการตั้งค่าไฟล์เพลตเริ่มต้นของคุณ โปรดดูที่ การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 62

หากต้องการเปิดไฟล์เพลตใหม่จาก Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้เพื่อเปิด Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) หากไม่ได้อยู่ในมุมมอง:

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

โดยค่าเริ่มต้น Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) จะแสดงแท็บ Run setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่มีเครื่องมือ CFX96™ ที่เลือก

2 หากจำเป็น ให้เลือกประเภทอุปกรณ์จากรายการแบบเลื่อนลง

3 หากต้องการสร้างเพลตใหม่ ให้คลิก User-defined (กำหนดโดยผู้ใช้) เป็นประเภทการทดสอบ

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะแสดงขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล)

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

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะเปิดและแสดงรูปแบบเพลตเริ่มต้นสำหรับเครื่องมือที่เลือก

หากต้องการเปิดไฟล์เพลตใหม่จากกล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)

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

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

กล่องโต้ตอบ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะเปิดขึ้นมาที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล)

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

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะเปิดและแสดงรูปแบบเพลตเริ่มต้นสำหรับเครื่องมือที่เลือก

การเปิดไฟล์เพลตที่มีอยู่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx มีตัวอย่างไฟล์เพลตที่คุณสามารถแก้ไขและบันทึกเป็นเพลตใหม่ได้ นอกจากนี้ คุณยังสามารถสร้างไฟล์เพลตใหม่จากไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้ได้

วิธีการเปิดตัวอย่างไฟล์เพลต

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

Windows Explorer จะเปิดไปที่ตำแหน่งของโฟลเดอร์ตัวอย่างไฟล์ CFX Manager Dx

2 เปิดโฟลเดอร์ไฟล์ตัวอย่างแล้วเปิดโฟลเดอร์ Plates (เพลต)

3 เลือกเพลตที่ต้องการและคลิก Open (เปิด)

ตัวอย่างไฟล์เพลตจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

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

วิธีการเปิดไฟล์เพลตที่บันทึกไว้ก่อนหน้านี้

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Plate (เพลต) ค้นหาและเลือกเพลตเป้าหมาย แล้วคลิก Open (เปิด)

เพลตเป้าหมายจะเปิดขึ้นในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล)

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

การตั้งค่าไฟล์เพลตใหม่

เคล็ดลับ: หากไฟล์เพลตของคุณมีพารามิเตอร์ที่จำเป็น (ตัวอย่างเช่น หากคุณกำลังแก้ไขตัวอย่างหรือไฟล์เพลตที่มีอยู่) คุณสามารถข้ามส่วนนี้ได้ ดำเนินการต่อที่การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต ในหน้า 114

ไฟล์แผ่นใหม่ต้องการพารามิเตอร์ต่อไปนี้

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

การเลือกขนาดและประเภทของเพลต

สำคัญ: คุณต้องเลือกขนาดเพลตระหว่างตั้งค่าเพลต คุณไม่สามารถเปลี่ยนขนาดเพลตระหว่างหรือหลังจากการทดสอบได้

ซอฟต์แวร์จะใช้ขนาดและประเภทของเพลตกับทุกหลุมระหว่างการทดสอบ ตรวจสอบว่าขนาดเพลตที่เลือกเท่ากับเพลตที่คุณจะใช้ในการทดสอบ

เครื่องมือต่าง ๆ ของ Bio-Radได้แก่ CFX96 และ CFX96 Deep Well ได้รับการปรับเทียบจากโรงงานสำหรับการรวมสารย้อมสีและเพลตสารเรืองแสงต่างๆ การปรับเทียบดำเนินการเฉพาะเจาะจงกับประเภทเครื่องมือ สารย้อมสี และเพลต ตรวจสอบว่าฟลูออโรฟอร์ที่คุณวางแผนจะใช้ได้รับการปรับเทียบกับประเภทของเพลตที่คุณเลือก

การเลือกโหมดสแกน

ระบบ CFX96 และ CFX96 Deep Well จะกระตุ้นและตรวจจับสารเรืองแสงใน ห้า ช่อง ระบบทั้งหมดใช้โหมดสแกนหลายโหมดในการเก็บรวบรวมข้อมูลสารเรืองแสงระหว่างการทดสอบ

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx มีโหมดสแกนสามโหมด ได้แก่

- ทุกช่อง
  - สแกนช่อง 1 ถึง 5 ในระบบ CFX96 และ CFX96 Deep Well
- SYBR® /FAM
  - สแกนช่อง 1 เท่านั้น
  - สแกนได้อย่างรวดเร็ว
- FRET
  - สแกนเฉพาะช่อง FRET เท่านั้น
  - สแกนได้อย่างรวดเร็ว

การเลือกฟลูออโรฟอร์

สำคัญ: ก่อนเริ่มต้นการทำงาน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ตรวจสอบว่าฟลูออโรฟอร์ที่คุณระบุในเพลตได้รับการปรับเทียบบนอุปกรณ์นั้น คุณไม่สามารถเรียกใช้เพลตหากมีฟลูออโรฟอร์ที่ยังไม่ได้ปรับเทียบบนอุปกรณ์นั้น

คุณต้องโหลดฟลูออโรฟอร์อย่างน้อยหนึ่งชุดไปยังโครงร่างเพลตก่อนการทำงาน คุณสามารถเพิ่มฟลูออโรฟอร์ได้มากเท่าที่จำเป็นในเวลานี้ แต่เพลตต้องมีฟลูออโรฟอร์อย่างน้อยหนึ่งชุด ฟลูออโรฟอร์ที่เลือกปรากฏเป็นตัวเลือกสำหรับเป้าหมายในชื่อเป้าหมาย

คุณใช้กล่องโต้ตอบเลือกฟลูออโรฟอร์ในการโหลดฟลูออโรฟอร์ (หรือสารย้อมสีเพลต) ลงในชุดควบคุมการโหลดหลุม Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ฟลูออโรฟอร์ที่ปรากฏในกล่องโต้ตอบเลือกฟลูออโรฟอร์ขึ้นอยู่กับโหมดที่คุณเลือก:

- ทุกช่อง

  ฟลูออโรฟอร์ที่มีทั้งหมดปรากฏ

  เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มฟลูออโรฟอร์ได้มากตามที่จำเป็น แต่คุณสามารถโหลดได้เฉพาะฟลูออโรฟอร์หนึ่งชุดต่อช่องในแต่ละหลุม

- SYBR®/FAM

  เฉพาะฟลูออโรฟอร์ช่อง 1 ที่ปรากฏ

- FRET

  เฉพาะฟลูออโรฟอร์ช่อง 6 ที่ปรากฏ

  เคล็ดลับ: ฟลูออโรฟอร์ FRET ช่อง 6 จะปรากฏเมื่อโหมดการสแกนที่เลือกเป็น FRET เท่านั้น ไม่สามารถใช้ได้สำหรับโหมดการสแกนทุกช่อง

หมายเหตุ: คุณไม่สามารถเพิ่มฟลูออโรฟอร์โดยตรงหรือนำออกจากกล่องโต้ตอบเลือกฟลูออโรฟอร์ คุณต้องปรับเทียบฟลูออโรฟอร์ใหม่บนอุปกรณ์โดยใช้ Calibration Wizard (ตัวช่วยสร้างการปรับเทียบ) หลังจากการปรับเทียบ ฟลูออโรฟอร์ใหม่จะถูกเพิ่มไปยังรายการนี้โดยอัตโนมัติ

การเลือกประเภทตัวอย่าง

สำคัญ: คุณต้องเลือกประเภทตัวอย่างอย่างน้อยหนึ่งประเภทเพื่อกำหนดหลุมของเพลตก่อนการทดสอบ

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx มีห้าประเภทตัวอย่างดังนี้

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

คุณกำหนดประเภทตัวอย่างสำหรับหลุมของเพลต

การตั้งค่าเพลตใหม่

วิธีการตั้งค่าเพลตใหม่

1 เปิดเพลตใหม่ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

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

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

4 หรืออีกทางเลือกหนึ่ง จากเมนู Settings (การตั้งค่า) คุณสามารถเปลี่ยนรูปแบบตัวเลขและหน่วยแสดงผลได้

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

     เคล็ดลับ: สัญกรณ์วิทยาศาสตร์จะถูกเลือกไว้เป็นค่าเริ่มต้น ในกรณีนี้ การเลือก Scientific Notation (สัญกรณ์วิทยาศาสตร์) จะเป็นการเคลียร์ค่าเริ่มต้นและกำหนดรูปแบบตัวเลขเป็นรูปแบบมาตรฐาน

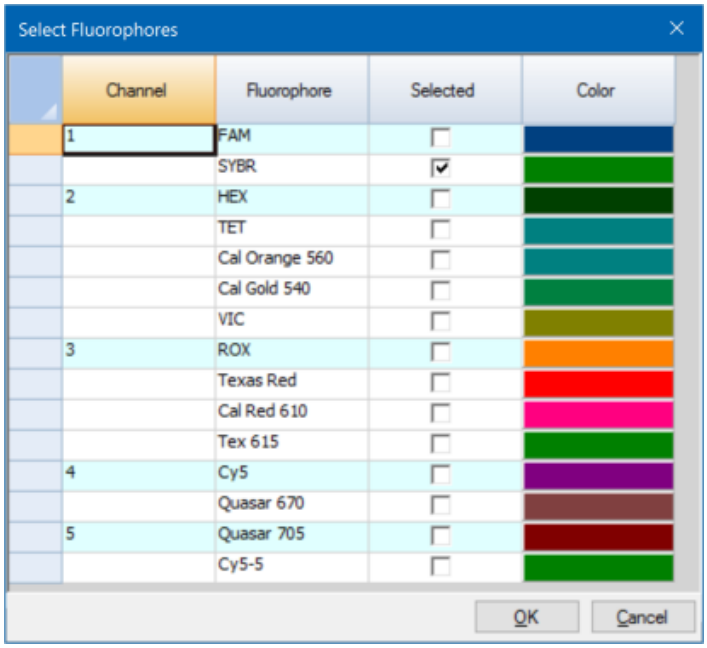
   - หากต้องการเปลี่ยนหน่วยแสดงผล ให้เลือก Settings (การตั้งค่า) > Units (หน่วย) และเลือกค่าหน่วยใหม่

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

6 เลือกสารเรืองแสงที่จำเป็นสำหรับเพลต

a ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้คลิก Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง)

กล่องโต้ตอบ Select Fluorophores (เลือกสารเรืองแสง) จะปรากฏขึ้นมา คุณจะเห็นสารเรืองแสงที่พร้อมใช้งานสำหรับประเภทของโหมดสแกนที่คุณเลือกไว้ในขั้นตอนที่ 5 ตัวอย่างเช่น



b หากต้องการเลือกสารเรืองแสง ให้คลิกที่ช่องทำเครื่องหมาย Selected (ที่เลือก)

เคล็ดลับ: หากต้องการนำสารเรืองแสงออกจากรายการ ให้เคลียร์ช่องทำเครื่องหมาย Selected (ที่เลือก)

c หากต้องการเปลี่ยนสีของสารเรืองแสง คลิกที่กล่อง Color (สี)

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

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

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

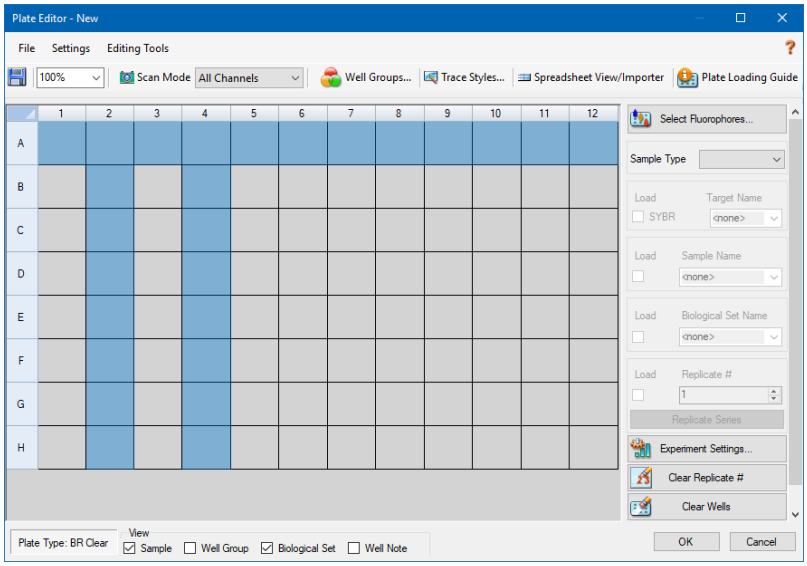
7 คุณต้องเลือกหลุมอย่างน้อยหนึ่งหลุมที่จะโหลดประเภทตัวอย่าง โดยค่าเริ่มต้น หลุม A1 จะถูกเลือกไว้

ในบานหน้าต่างเพลต ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

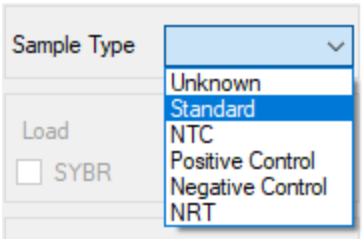
- หากต้องการโหลดหลุมหลายหลุมที่อยู่ติดกัน ให้คลิกที่หลุมและลากไปยังหลุมเป้าหมาย

- หากต้องการโหลดหลุมหลายหลุมที่ไม่ได้อยู่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control (ควบคุม) และคลิกที่แต่ละหลุม
- หากต้องการโหลดทั้งคอลัมน์ที่มีตัวอย่างประเภทเดียวกัน ให้คลิกที่หมายเลขคอลัมน์
- หากต้องการโหลดทั้งแถว ให้คลิกที่หมายเลขแถว
- หากต้องการโหลดทั้งเพลต ให้คลิกที่มุมบนซ้ายของเพลต

ตัวอย่างเช่น



8 กำหนดประเภทตัวอย่างให้กับหลุมที่เลือกหรือหลุมจากเมนูแบบเลื่อนลง Sample Type (ประเภทตัวอย่าง)

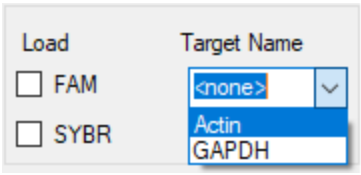


9 กำหนดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิดให้กับหลุมทั้งหมดที่มีประเภทตัวอย่าง คุณสามารถกำหนดสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

หมายเหตุ: คุณสามารถกำหนดสารเรืองแสงเพียงหนึ่งชนิดต่อหนึ่งช่องเท่านั้น คุณไม่สามารถกำหนดสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดจากช่องเดียวกันให้กับหลุมเดียวกันได้

เคล็ดลับ: คุณสามารถเชื่อมโยงเป้าหมายกับสารเรืองแสง หรือคุณสามารถกำหนดสารเรืองแสงให้กับหลุมได้ในเวลานี้และเชื่อมโยงเป้าหมายกับสารเรืองแสงหลังจากที่คุณทำการทดสอบเท่านั้น

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



10 สำหรับหลุมที่มีตัวอย่างประเภทมาตรฐาน คุณต้องโหลดความเข้มข้น หลุมแต่ละหลุมสามารถมีค่าความเข้มข้นที่แตกต่างกันได้ โดยค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx โหลดความเข้มข้น 1.00E + 06 ลงในหลุมทั้งหมดที่มีประเภทตัวอย่างมาตรฐาน คุณสามารถเปลี่ยนค่าได้หากจำเป็น

a ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุมมาตรฐาน

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

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

d ทำขั้นตอนนี้สำหรับหลุมทั้งหมดที่มีตัวอย่างประเภทมาตรฐาน

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

11 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกเพลตใหม่

การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต

ไฟล์เพลตจะมีข้อมูลเกี่ยวกับสารในแต่ละหลุมที่โหลดไว้ด้วยตัวอย่างเพื่อการดำเนินการ หลังดำเนินการแล้ว ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะเชื่อมโยงสารในหลุมกับข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บรวบรวมระหว่างโปรโตคอล และจะนำการวิเคราะห์ที่เหมาะสมในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ไปใช้

ใน CFX Manager Dx คุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์ให้แต่ละหลุมในเพลตของคุณก่อน ระหว่าง หรือแม้แต่หลังดำเนินการทดลองได้ คุณสามารถกำหนดพารามิเตอร์ให้ไฟล์เพลตที่มีอยู่หรือไฟล์เพลตใหม่ก็ได้ พารามิเตอร์เหล่านี้ได้แก่

- **Target names (ชื่อเป้าหมาย)** — เป้าหมายที่สนใจ (ยีนหรือลำดับ) ในแต่ละหลุมที่โหลด
- **Sample names (ชื่อตัวอย่าง)** — ตัวระบุหรือสภาวะที่สอดคล้องกับตัวอย่างในแต่ละหลุมที่โหลด เช่น 0Hr, 1Hr หรือ 2Hr

  เคล็ดลับ: ชื่อชื่อเป้าหมายและตัวอย่างกลุ่มชีวภาพต้องเป็นชื่อเดียวกันในหลุ่มต่างๆ เพื่อเปรียบเทียบข้อมูลในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ของหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แต่ละชื่อต้องมีตัวพิมพ์เล็ก-ใหญ่ เครื่องหมายวรรคตอน และเว้นวรรคที่เหมือนกัน ตัวอย่างเช่น “Actin” จะไม่เหมือนกับ “actin” “2Hr” จะไม่เหมือนกับ “2 hr.” และ “Mouse 1” จะไม่เหมือนกับ “mouse1” เพื่อตรวจสอบว่าชื่อจะมีความสอดคล้องกัน ให้ป้อนชื่อในส่วน Libraries (ไลบรารี) ใน User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าผู้ใช้) > Plate (เพลต) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)
- **Biological sets (ชุดชีวภาพ)** — ตัวระบุหรือสภาวะที่สอดคล้องกับชุดของหลุม
- **Replicates (ทางเทคนิค)** — แต่ละหลุมที่ใช้เพื่อวิเคราะห์คู่ตัวอย่างและเป้าหมายเดียวกัน กล่าวคือปฏิกิริยา qPCR จำลอง
- **Dilution series (ชุดเจือจาง)** — จำนวนความเข้มข้นของชนิดตัวอย่างมาตรฐานที่ต้องเปลี่ยนภายในกลุ่มจำลองเพื่อสร้างข้อมูลเส้นโค้งมาตรฐานในการวิเคราะห์

การกำหนดเป้าหมายให้กับหลุม

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชื่อเป้าหมายเดียวกันให้กับหลุมดียวหรือหลายๆ หลุมได้ คุณยังสามารถกำหนดหลายๆ เป้าหมายให้กับหลุมเดียวกันได้ด้วย

วิธีกำหนดเป้าหมายให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบว่ามีการกำหนดชนิดตัวอย่างให้กับหลุมหรือกลุ่มของหลุม

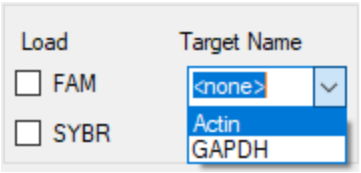
  โปรดดู การเลือกประเภทตัวอย่าง ในหน้า 110 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการกำหนดชนิดตัวอย่างให้กับหลุม

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุม:

  - ในการเลือกหลุมเดียว ให้คลิกที่หลุมนั้น
  - หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หลุมหนึ่งและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
  - หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control ค้างไว้และคลิกที่แต่ละหลุม

- หากต้องการเลือกทั้งคอลัมน์ที่มีประเภทตัวอย่างเดียวกัน ให้คลิกที่หมายเลขคอลัมน์
- หากต้องการเลือกทั้งแถว ให้คลิกที่หมายเลขแถว

3 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้เลือกชื่อจากรายการ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) แบบเลื่อนลงสำหรับฟลูออโรฟอร์ที่เลือกแต่ละรายการ



4 ทำขั้นตอนที่ 3 ซ้ำสำหรับแต่ละหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่คุณต้องกำหนดเป้าหมายให้

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชื่อเป้าหมายเดียวกันหรือต่างกันให้กับฟลูออโรฟอร์ที่เลือกแต่ละรายการได้

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

วิธีลบชื่อเป้าหมาย

▶ ในการลบชื่อเป้าหมายออกจากหลุมหรือกลุ่มหลุมที่เลือก ให้ล้างกล่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด)

สำคัญ: หากลบชื่อเป้าหมายออกจากหลุม ฟลูออโรฟอร์ที่เกี่ยวข้องกันก็จะถูกลบออกด้วย โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อลบชื่อเป้าหมายออกจากหลุม

วิธีเพิ่มชื่อเป้าหมายในรายการ

▶ ในการเพิ่มชื่อเป้าหมายในรายการแบบเลื่อนลง ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- พิมพ์ชื่อในรายการ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) แบบเลื่อนลงแล้วกด Enter

  เคล็ดลับ: ชื่อเป้าหมายที่คุณเพิ่มในรายการหนึ่งจะปรากฏในรายการเป้าหมายอื่นๆ ทั้งหมด

- คลิกสัญลักษณ์ + สีเขียวที่ด้านขวาของรายการแบบเลื่อนลง พิมพ์ชื่อเป้าหมาย แล้วกด Enter
- คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ แล้วเพิ่มชื่อให้ไลบรารี Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ในแท็บ Plate (เพลต)

สำคัญ: ชื่อเป้าหมายที่คุณเพิ่มในรายการแบบเลื่อนลงจะใช้ได้กับเพลตปัจจุบันเท่านั้น และหากคุณกำหนดชื่อให้หลุมและบันทึกเค้าโครงเพลตเท่านั้น หากคุณไม่กำหนดชื่อให้หลุมแล้วบันทึกเค้าโครงของเพลต ชื่อจะไม่ถูกบันทึกและจะไม่สามารถใช้ได้ในอนาคต ในการเพิ่มชื่อเป้าหมายอย่างถาวร ให้เพิ่มชื่อในไลบรารี Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ด้วยโดยใช้กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ชื่อที่คุณเพิ่มในไลบรารีจะใช้ได้หลังจากคุณเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) อีกครั้ง โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น ในหน้า 64

วิธีลบชื่อเป้าหมายออกจากรายการ

1 คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Plate (เพลต)

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

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

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

การกำหนดชื่อตัวอย่างให้กับหลุม

หมายเหตุ: ในการกำหนดชื่อตัวอย่าง คุณต้องกำหนดฟลูออโรฟอร์อย่างน้อยหนึ่งชนิดให้หลุมที่เลือก หากไม่มีการกำหนดสารเรืองแสงให้กับหลุมที่เลือก รายการ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) แบบเลื่อนลงจะถูกปิดใช้งาน โปรดดู การกำหนดเป้าหมายให้กับหลุม ในหน้า 114 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการกำหนดหลุมให้กับฟลูออโรฟอร์

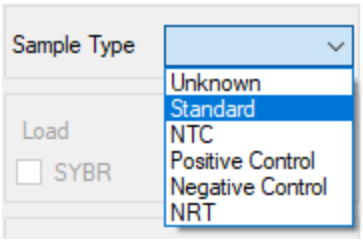
เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดชุดชื่อตัวอย่างเพียงหนึ่งชื่อให้กับแต่ละหลุมหรือกลุ่มหลุม

วิธีกำหนดชื่อตัวอย่างให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบว่ามีการกำหนดฟลูออโรฟอร์ให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุม

3 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้เลือกรายการ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) แบบเลื่อนลง



4 ทำขั้นตอนที่ 3 ซ้ำสำหรับแต่ละหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่คุณต้องกำหนดชื่อตัวอย่างให้

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

วิธีลบชื่อตัวอย่าง

▶ ในการลบชื่อตัวอย่างออกจากหลุมหรือกลุ่มหลุมที่เลือก ให้ล้างกล่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด)

วิธีเพิ่มชื่อตัวอย่างในรายการ

▶ ในการเพิ่มชื่อตัวอย่างในรายการแบบเลื่อนลง ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

สำคัญ: ชื่อตัวอย่างที่คุณเพิ่มในรายการแบบเลื่อนลงจะใช้ได้กับเพลตปัจจุบันเท่านั้น และหากคุณกำหนดชื่อให้หลุมและบันทึกเค้าโครงเพลตเท่านั้น หากคุณไม่กำหนดชื่อให้หลุมแล้วบันทึกเค้าโครงของเพลต ชื่อจะไม่ถูกบันทึกและจะไม่สามารถใช้ได้ในอนาคต ในการเพิ่มชื่อตัวอย่างอย่างถาวร ให้เพิ่มชื่อในไลบรารี Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) ด้วยโดยใช้กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ชื่อที่คุณเพิ่มในไลบรารีจะใช้ได้หลังจากคุณเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) อีกครั้ง โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น ในหน้า 64

วิธีลบชื่อตัวอย่างออกจากรายการ

1 คลิก User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ในแถบเครื่องมือ

กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Plate (เพลต)

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

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

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

การกำหนดชีวภาพให้กับหลุม

หมายเหตุ: ในการกำหนดชีวภาพ คุณต้องกำหนดฟลูออโรฟอร์อย่างน้อยหนึ่งชนิดให้หลุมที่เลือก การกำหนดฟลูออโรฟอร์จะเปิดใช้งานรายการ Biological Set Name (ชื่อชุดกลุ่ม) แบบเลื่อนลง โปรดดู การกำหนดเป้าหมายให้กับหลุม ในหน้า 114 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการกำหนดหลุมให้กับฟลูออโรฟอร์

เคล็ดลับ: คุณสามารถกำหนดกลุ่มชีวภาพหนึ่งให้กับแต่ละหลุมหรือกลุ่มหลุม

ในการกำหนดกลุ่มชีวภาพให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

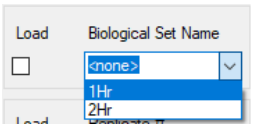
1 ในตัวเลือก View (ดู) ที่ด้านล่างของหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้เลือกช่องทำเครื่องหมาย Biological Set (ชุดชีวภาพ)

2 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบว่ามีการกำหนดฟลูออโรฟอร์ให้กับหลุมหรือกลุ่มหลุม

3 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มหลุม

4 ในบางหน้าต่างด้านขวาในรายการ Set Name (ชื่อชุดกลุ่ม) แบบเลื่อนลง

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะเลือกช่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด) ของฟลูออโรฟอร์นั้นโดยอัตโนมัติ



5 ทำขั้นตอนที่ 4 ซ้ำสำหรับแต่ละหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่คุณต้องกำหนดกลุ่มชีวภาพให้

6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

เคล็ดลับ: การกำหนดชื่อชุดชีวภาพให้หลุมจะเปิดใช้งาน Biological Set Analysis Options (ตัวเลือกการวิเคราะห์ชุดชีวภาพ) ในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดลอง) ที่คุณสามารถทำการวิเคราะห์ตัวอย่างในการกำหนดค่าใดๆ ในการกำหนดค่าทั้งสี่ โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ ในหน้า 123

วิธีลบกลุ่มชีวภาพ

▶ ในการลบกลุ่มชีวภาพออกจากหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่เลือก ให้ล้างกล่องทำเครื่องหมาย Load (โหลด)

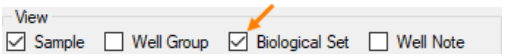
วิธีเพิ่มชื่อกลุ่มชีวภาพในรายการ

▶ ในการเพิ่มชื่อกลุ่มชีวภาพในรายการแบบเลื่อนลง ให้ พิมพ์ชื่อลงในกล่องรายการ Biological Set Name (ชื่อชุดชีวภาพ) แบบเลื่อนลงแล้วกด Enter:

สำคัญ: ชื่อกลุ่มชีวภาพที่คุณเพิ่มในรายการแบบเลื่อนลงจะใช้ได้กับเพลตปัจจุบันเท่านั้น และหากคุณกำหนดชื่อให้หลุมและบันทึกเค้าโครงเพลตเท่านั้น หากคุณไม่กำหนดชื่อให้หลุมแล้วบันทึกเค้าโครงของเพลต ชื่อจะไม่ถูกบันทึกและจะไม่สามารถใช้ได้ในอนาคต ที่ การตั้งค่าพารามิเตอร์เพลตเริ่มต้น ในหน้า 64

วิธีดูกลุ่มชีวภาพในเพลต

▶ เลือกหลุมทำเครื่องหมาย Biological Set (ชุดชีวภาพ) ในตัวเลือก View (ดู) ที่ด้านล่างของหน้าต่าง Editor (ตัวแก้ไข)



หลุมทั้งหมดจะแสดงชื่อชุดชีวภาพที่สอดคล้อง หากมีการกำหนด การควบคุมชื่อชุดชีวภาพจะปรากฏในบานหน้าต่างด้านขวา

ในการซ่อนกลุ่มทางชีวภาพ ให้ล้างหลุมทำเครื่องหมาย Biological Set (ชุดชีวภาพ) ในตัวเลือก View (ดู)

การกำหนดหมายเลขจำลองให้กับหลุม

สำคัญ: ในการกำหนดหมายเลขจำลอง หลุมที่เลือกจะต้องมีสารในหลุมที่เหมือนกัน กล่าวคือ หลุมที่เลือกต้องมีตัวอย่างและสารเรืองแสงชนิดเดียวกัน หากจำเป็น ให้กำหนดชื่อเป้าหมายและชื่อตัวอย่างเดียวกันและกลุ่มชีวภาพเดียวกัน หากไม่เหมือนกัน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะไม่สามารถใช้ตัวเลือกนี้ได้

ในการกำหนดหมายเลขจำลองให้กับกลุ่มของหลุมหนึ่งกลุ่ม

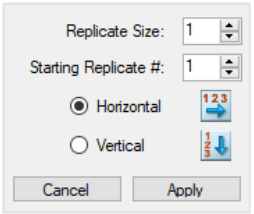
1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบให้แน่ใจว่าสารของกลุ่มของหลุมเหมือนกันทั้งหมด

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกกลุ่มเป้าหมายของหลุม

3 หากต้องการกำหนดหมายเลขจำลองเดียวกันให้กับหลุมทั้งหมดที่เลือก ในส่วน Replicate # (การจำลอง #) ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้พิมพ์หมายเลขจำลองในช่องและเลือกโหลด

4 (ไม่บังคับ) วิธีการใช้ชุดการจำลองกับชุดของหลุมที่เลือก

a คลิก Replicate Series (ชุดการจำลอง) ส่วน Replicate # (การจำลอง #) จะเปลี่ยนไปแสดงตัวเลือกต่อไปนี้



- **Replicate size (ขนาดการจำลอง)** ตัวเลขที่แสดงจำนวนของหลุมในแต่ละกลุ่มของการจำลอง
- **Starting replicate # (การจำลองเริ่มต้น #)** ตัวเลขแรกในชุดการจำลองสำหรับกลุ่มการจำลองที่เลือก

หมายเหตุ: โดยค่าเริ่มต้น ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะแสดงหมายเลขจำลองเริ่มต้นเป็นตัวเลขหนึ่งที่มากกว่าหมายเลขจำลองสุดท้ายที่กำหนดในเพลต ยกตัวอย่างเช่น หากหมายเลขจำลองในเพลตครั้งก่อนคือห้า หมายเลขเริ่มต้นครั้งถัดไปจะเป็นหก คุณสามารถเปลี่ยนหมายเลขเริ่มต้นเป็นหมายเลขใด ๆ ที่ยังไม่ได้กำหนดไว้ได้

- ทิศทางการโหลด (แนวนอนหรือแนวตั้ง)

b คลิก Apply (ใช้) เพื่อใช้พารามิเตอร์กับชุดจำลองและกลับไปที่หน้าจอ Replicate # (การจำลอง #)

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

วิธีการลบหลุมออกจากชุดจำลอง

▶ ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่จะลบออก แล้วเคลียร์ช่องทำเครื่องหมาย Replicate # Load (โหลดการจำลอง #)

อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถคลิก Clear Replicate # (เคลียร์การจำลอง #) เพื่อเคลียร์หมายเลขจำลองออกจากหลุมหรือกลุ่มของหลุมที่เลือกได้

การกำหนดชุดเจือจางให้กับประเภทตัวอย่างมาตรฐาน

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

หมายเหตุ: ในการกำหนดชุดเจือจางให้กับกลุ่มของหลุม หลุมจะต้องรวมอยู่ในการจำลองชุด จำลอง โปรดดู การกำหนดหมายเลขจำลองให้กับหลุม ในหน้า 119 เพื่อดูข้อมูลเกี่ยวกับการเพิ่มหลุมให้กับชุดจำลอง

ในการกำหนดชุดเจือจางให้กับกลุ่มของหลุมตัวอย่าง Standard (มาตรฐาน)

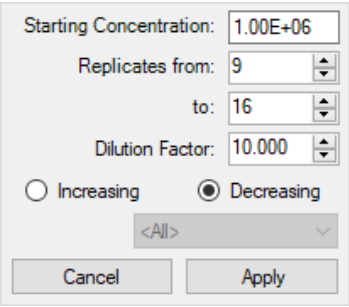
1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ตรวจสอบให้แน่ใจว่าได้ปฏิบัติตามข้อกำหนดต่อไปนี้

- ประเภทตัวอย่างสำหรับกลุ่มของหลุมเป็น Standard (มาตรฐาน)
- หลุมทั้งหมดในกลุ่มได้รับการกำหนดสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิด และทั้งหมดมีสารเรืองแสงชนิดเดียวกัน
- หลุมทั้งหมดในกลุ่มจะรวมเข้าไปในชุดจำลองชุด จำลอง

  หมายเหตุ: ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ใช้ตัวเลือก Dilution Series (ชุดเจือจาง) เฉพาะเมื่อหลุมทั้งหมดที่เลือกมีคุณสมบัติตรงตามเกณฑ์เหล่านี้

2 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกกลุ่มเป้าหมายของหลุม

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



- **Starting concentration (ความเข้มข้นเริ่มต้น)** ค่าความเข้มข้นที่ชุดจะเริ่มต้น
- **Replicates from and to (จำลองตั้งแต่และถึง)** การจำลองในชุดที่จะใช้ปัจจัยการเจือจาง
- **Dilution factor (ปัจจัยการเจือจาง)** ปริมาณที่จะเปลี่ยนแปลงความเข้มข้นภายในแต่ละกลุ่มจำลอง

4 ตั้งค่าสำหรับตัวเลือกหรือยอมรับค่าเริ่มต้น

5 โดยค่าเริ่มต้น ชุดเจือจางจะลดลงตามปัจจัยการเจือจาง เลือก Increasing (เพิ่มขึ้น) เพื่อเพิ่มชุดเจือจาง

6 (ไม่บังคับ) โดยค่าเริ่มต้น ปัจจัยการเจือจางจะใช้กับสารเรืองแสงทั้งหมดในชุดจำลอง หากชุดของคุณมีสารเรืองแสงมากกว่าหนึ่งชนิดและคุณต้องการใช้การเจือจางกับสารเรืองแสงหนึ่งชนิด ให้เลือกจากรายการแบบเลื่อนลง

7 คลิก Apply (นำไปใช้) เพื่อใช้ชุดการเจือจางกับกลุ่มของหลุมและกลับไปที่มุมมอง Concentration (ความเข้มข้น)

8 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

การคัดลอกสารในหลุมไปยังหลุมอื่น

คุณสามารถคัดลอกสารที่อยู่ในหลุมและวางลงในหลุมเดี่ยวหรือหลุมหลายหลุมได้ อย่างไรก็ตาม คุณสามารถคัดลอกสารที่อยู่ในหลุมได้เพียงหลุมเดียวเท่านั้น คุณไม่สามารถเลือกหลายหลุมและคัดลอกสารในหลุมเหล่านั้นได้

วิธีการคัดลอกสารในหลุมไปยังหลุมอื่น

1 ในบานหน้าต่างเพลต ให้เลือกหลุมที่จะทำการคัดลอก

2 คลิกขวาที่หลุมและเลือก Copy Well (คัดลอกหลุม)

3 เลือกหนึ่งหลุมหรือหลายหลุมที่จะวางสารนั้น

- หากต้องการเลือกหลุมเดี่ยว ให้คลิกที่หลุมนั้น
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หลุมหนึ่งและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control ค้างไว้และคลิกที่แต่ละหลุม

4 เมื่อเลือกหลุมเป้าหมายแล้ว ให้คลิกขวาและเลือก Paste Well (วางหลุม)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะวางสารในหลุมแรกลงในหลุมที่เลือก

การเพิ่มโน้ตให้กับหลุม

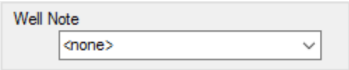
คุณสามารถเพิ่มโน้ตอธิบายในหลุมได้ คุณสามารถดูโน้ตสำหรับหลุมได้ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

วิธีเพิ่มโน้ตในหลุม

1 ในบานหน้าต่างของเพลต ให้เลือกหลุมที่คุณต้องการจะเพิ่มโน้ต

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

พื้นที่ Well Note จะปรากฏขึ้นในบานหน้าต่างด้านขวา



3 พิมพ์เนื้อหาของโน้ตในกล่องข้อความแล้วกด Enter

ข้อความจะปรากฏที่ด้านล่างของหลุมที่เลือก

เคล็ดลับ: หากคุณเคยสร้างโน้ตสำหรับหลุมมาก่อน คุณสามารถเลือกโน้ตได้จากรายการแบบเลื่อนลง จากนั้นนำไปใช้กับหลุมที่เลือก

การเคลียร์สารทั้งหมดออกจากหลุม

คุณสามารถเคลียร์สารในแต่ละหลุม กลุ่มของหลุม หรือทั้งเพลตของสารทั้งหมดได้ การเคลียร์หลุมจะไม่ลบข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บรวบรวมไว้ในระหว่างการอ่านเพลต

การเคลียร์หลุมจะเป็นการลบสารออกจากหลุมอย่างถาวร โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อทำการเคลียร์หลุม

วิธีการเคลียร์การตั้งค่าทั้งหมดจากหลุม

1 ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้เลือกหลุมหรือกลุ่มของหลุมในบานหน้าต่างเพลต

- หากต้องการเลือกหลุมเดี่ยว ให้คลิกที่หลุมนั้น
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หลุมหนึ่งและลากไปยังหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control ค้างไว้และคลิกที่แต่ละหลุม
- หากต้องการเลือกทั้งคอลัมน์ที่มีประเภทตัวอย่างเดียวกัน ให้คลิกที่หมายเลขคอลัมน์
- หากต้องการเลือกทั้งแถว ให้คลิกที่หมายเลขแถว

2 ในบานหน้าต่างด้านขวา ให้คลิก Clear Wells (เคลียร์หลุม)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx เคลียร์การตั้งค่าทั้งหมดจากหลุมที่เลือก

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยอมรับการเปลี่ยนแปลงและบันทึกเพลต

การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ

ใช้กล่อง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เพื่อดูหรือเปลี่ยนรายการของเป้าหมายหรือตัวอย่าง หรือเ
พื่อเลือกกลุ่มการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน และตัวเลือกการวิเคราะห์ที่จะช่วยบ่งชี้ว่าคุณได้กำหนดชุดทางชี
วภาพให้กับหลุมต่างๆ บนเพลตแล้วหรือไม่

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

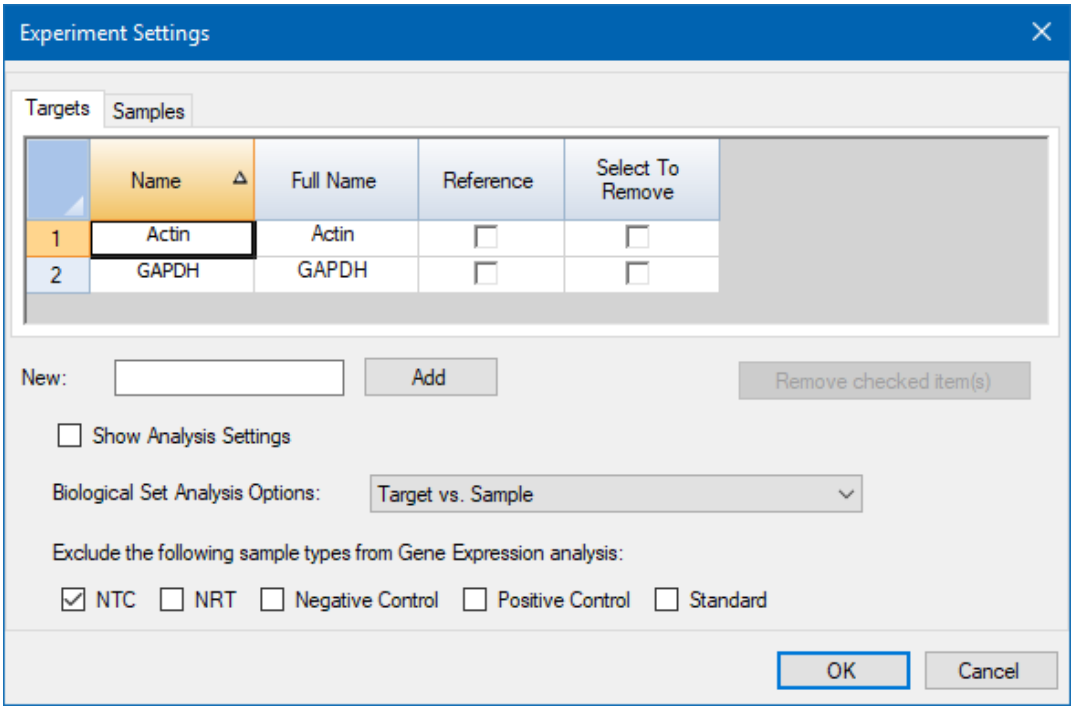
แท็บ Samples and Biological Groups (ตัวอย่างแสดงรายชื่อของตัวอย่าง ที่บ่งบอกถึงแหล่งที่มาของเป้าหมาย เ
ช่น เก็บตัวอย่างที่ 1 ชั่วโมง (1 ชม.) หรือจากแต่ละรายการที่ระบุ (เมาส์1)

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าเพลตโดยใช้กล่องข้อความ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

1 หากต้องการเปิดกล่องข้อความ Experiment Settings (ตั้งค่าการทดสอบ) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

กล่องข้อความ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) จะแสดงเนื้อหาของแท็บ Target (เป้าหมาย)



2 หากต้องการเพิ่มรายการใหม่ของชื่อเป้าหมายหรือชื่อตัวอย่างให้พิมพ์ชื่อในแท็บที่เหมาะสมในกล่องข้อความ New (ใหม่) แล้วคลิก Add (เพิ่ม)

3 หากต้องการลบชื่อเป้าหมายหรือชื่อตัวอย่างมากกว่าหนึ่งรายการ ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายของรายการในคอลัมน์ Select to Remove (เลือกเพื่อลบ) ในแท็บที่เหมาะสม แล้วคลิก Remove (ลบออก) รายการที่ทำเครื่องหมายไว้

4 ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ไม่รวมตัวอย่างประเภท NTC (ไม่มีการควบคุมเทมเพลต) จากการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

หากต้องการรวมประเภทตัวอย่าง NTC ให้ล้างช่องทำเครื่องหมาย “ยกเว้น” ของ NTC ในส่วนประเภทตัวอย่างต่อไปนี้ คุณเลือกยกเว้นประเภทตัวอย่างต่อไปนี้ได้โดยการเลือกช่องทำเครื่องหมายที่เหมาะสม

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

5 ในแท็บ Targets (เป้าหมาย)

a ในการเลือกเป้าหมายเป็นการอ้างอิงสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ให้เลือกในคอลัมน์ Reference (การอ้างอิง)

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

ซอฟต์แวร์จะซ่อนคอลัมน์ต่อไปนี้

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

c หากต้องการเปลี่ยนสีกราฟของเป้าหมายในแผนภูมิการแสดงออกของยีน ให้คลิกที่เซลล์ในคอลัมน์ Color (สี) เลือกสีใหม่ในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น แล้วคลิก OK (ตกลง)

d หากต้องการแสดงเป้าหมายในสีที่เลือกในแผนภูมิการแสดงออกของยีน ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายของเป้าหมายในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

e ตามค่าเริ่มต้น CFX Manager Dx จะคำนวณค่าประสิทธิภาพสัมพัทธ์ให้กับเป้าหมาย หากข้อมูลเป้าหมายมีกราฟมาตรฐานรวมอยู่ด้วย

หากต้องการใช้ค่าประสิทธิภาพที่กำหนดไว้ก่อนหน้านี้ ให้พิมพ์ค่าในเซลล์ของเป้าหมายในคอลัมน์ Efficiency (%) (ประสิทธิภาพ) แล้วกดปุ่ม Enter CFX Manager Dx ล้างช่องทำเครื่องหมาย Auto Efficiency (ประสิทธิภาพอัตโนมัติ)

6 ในแท็บ Samples

a หากต้องการเลือกตัวอย่างเป็นตัวอย่างควบคุมสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายของตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพในคอลัมน์ Control (ควบคุม)

b หากต้องการกำหนดเงื่อนไขการควบคุมให้กับตัวอย่าง สำหรับการทดสอบ ให้คลิกช่องทำเครื่องหมายของตัวอย่างหรือกลุ่มชีวภาพในคอลัมน์ Control (ควบคุม)

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

7 หากคุณกำหนดชุดทางชีวภาพมากกว่าหนึ่งชุดให้กับหลุมในเพลต (โปรดดู การกำหนดชีวภาพให้กับหลุม ในหน้า 117) เลือกหนึ่งในตัวเลือกต่อไปนี้จากรายการ “ตัวเลือกการวิเคราะห์ชุดทางชีวภาพ”

- **Target vs. Sample (เป้าหมายเทียบกับตัวอย่าง)** ใช้เฉพาะชื่อตัวอย่างหลุมเท่านั้นในการคำนวณการแสดงออกของยีน
- **Target vs. Sample (เป้าหมายเทียบกับชุดชีวภาพ)** ใช้เพียงชื่อชุดชีวภาพเท่านั้นในการคำนวณ
- **Target vs. Sample_Biological Set (เป้าหมายเทียบกับตัวอย่าง_ชุดชีวภาพ)** ชื่อตัวอย่างและชื่อชุดชีวภาพจะรวมเป็นชื่อเดียวที่ใช้ในการคำนวณ
- **Target vs. Biological Set_Sample (เป้าหมายเทียบกับชุดชีวภาพ_ตัวอย่าง)** ชื่อชุดชีวภาพและชื่อตัวอย่างจะรวมเป็นชื่อเดียวที่ใช้ในการคำนวณ

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

การสร้างกลุ่มหลุม

กลุ่มของหลุมจะแบ่งเพลตๆ หนึ่งออกเป็นส่วนหลุมย่อยๆ ที่สามารถแยกวิเคราะห์ได้ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เมื่อตั้งค่ากลุ่มหลุมแล้วให้เลือกหนึ่งกลุ่มในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลในรูปแบบของกลุ่มอิสระ ยกตัวอย่างเช่น ตั้งค่ากลุ่มหลุมเพื่อวิเคราะห์การทดสอบหลายรายการที่ดำเนินการในหนึ่งเพลต หรือเพื่อวิเคราะห์กลุ่มหลุมแต่ละกลุ่มด้วยเส้นโค้งมาตรฐานที่ต่างกัน

หมายเหตุ: กลุ่มหลุมเริ่มต้นคือ All Wells (หลุมทั้งหมด)

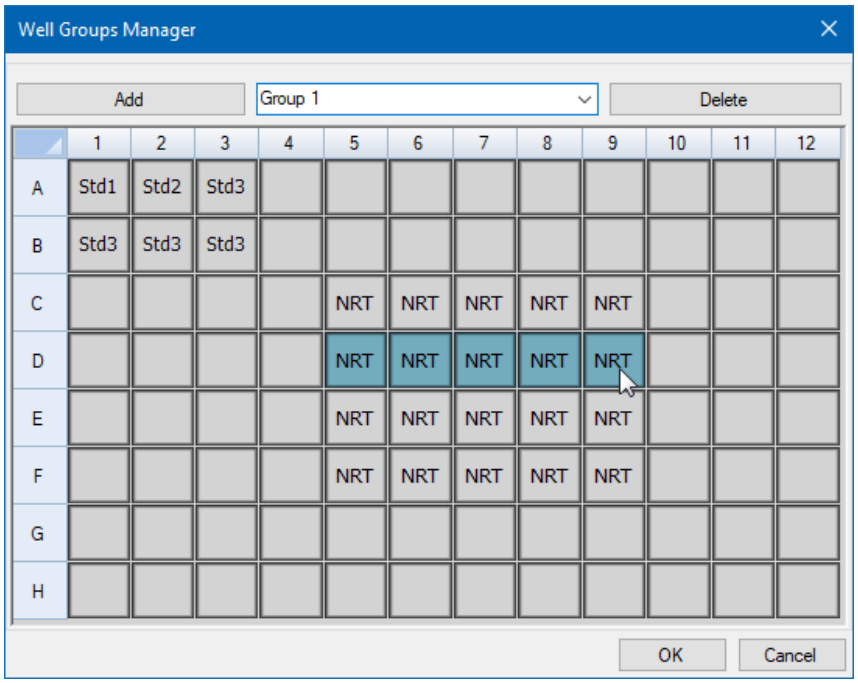
วิธีสร้างกลุ่มหลุม

1 หากต้องการเปิด Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- ในแถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ให้คลิก Well Groups (กลุ่มหลุม)

- ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้คลิก Manage Well Groups (จัดการกลุ่มหลุม)

กล่องโต้ตอบ Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) จะปรากฏขึ้น



2 คลิก Add (เพิ่ม) เพื่อสร้างกลุ่มใหม่ เมนูแบบเลื่อนลงจะแสดงชื่อกลุ่มเป็น Group 1 สำหรับกลุ่มแรก

3 เลือกหลุมให้กับกลุ่มหลุมในมุมมองเพลตโดยการคลิกและลากข้ามกลุ่มหลุมต่างๆ หลุมที่เลือกจะปรากฏใน Manager (ตัวจัดการ)

4 (ไม่บังคับ) หากต้องการเปลี่ยนชื่อกลุ่ม ให้เลือกชื่อในเมนูแบบเลื่อนลง แล้วพิมพ์ชื่อใหม่

5 (ไม่บังคับ) หากต้องการลบกลุ่มหลุม ให้เลือกชื่อในรายการแบบเลื่อนลงแล้วคลิก Delete (ลบ)

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

สำคัญ: หากต้องการแสดงกลุ่มหลุม ให้เลือก Well Group (กลุ่มหลุม) ในตัวเลือก View (ดู) ที่ด้านล่างของหน้าต่าง Plagte Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

คลิกขวาที่รายการเมนูสำหรับกล่องโต้ตอบ Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม)

ตาราง 13 แสดงรายการเมนูที่มีอยู่ในกล่องโต้ตอบ Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) เมื่อคุณคลิกขวาที่หลุมใดๆ

ตาราง 13 คลิกขวาที่รายการเมนูในกล่องโต้ตอบ Plate Editor Well Selector (ตัวเลือกหลุมในตัวแก้ไขเพลต)

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

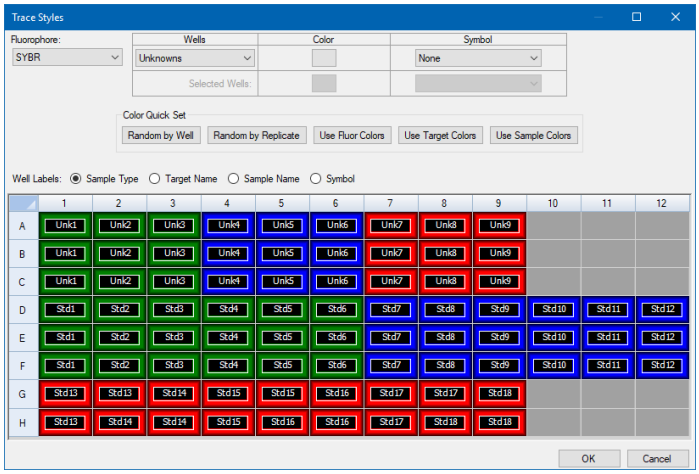
การเปลี่ยนลักษณะการติดตาม

ในระหว่างการตั้งค่าเพลตและขณะที่กำลังดำเนินการอยู่ คุณสามารถปรับเปลี่ยนสีและลักษณะการติดตามการเพิ่มปริมาณได้ จากนั้นคุณสามารถดูการติดตามได้อย่างง่ายดายในหน้าต่างสถานะแบบเรียลไทม์ในขณะที่กำลังรวบรวมข้อมูล

วิธีการเปลี่ยนลักษณะการติดตาม

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

กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) จะปรากฏขึ้นมาสำหรับเพลตที่เปิด ตัวอย่างเช่น



2 หากต้องการแสดงลักษณะการติดตามด้วยสารเรืองแสงที่ระบุ ให้เลือกสารเรืองแสงจากเมนูแบบเลื่อนลง Fluorophores (สารเรืองแสง)

3 วิธีการเปลี่ยนการแสดงการติดตาม

a เลือกประเภทการติดตามจากรายการแบบเลื่อนลง Wells (หลุม)

b คลิกที่สีในคอลัมน์ Color (สี)

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

การเปลี่ยนแปลงประเภทของหลุมจะปรากฏขึ้นมาในตารางด้านล่าง

d (ไม่บังคับ) เลือกสัญลักษณ์สำหรับการติดตามจากรายการแบบเลื่อนลง Symbols (สัญลักษณ์)

4 หากต้องการเปลี่ยนชุดสีอย่างรวดเร็ว ให้คลิกตัวเลือกที่เหมาะสมในหัวข้อ Color Quick Set (ชุดสีด่วน)

5 หากต้องการดูป้ายกำกับหลุมในตาราง ให้เลือกประเภทของป้ายกำกับในหัวข้อ Well Labels (ป้ายกำกับหลุม)

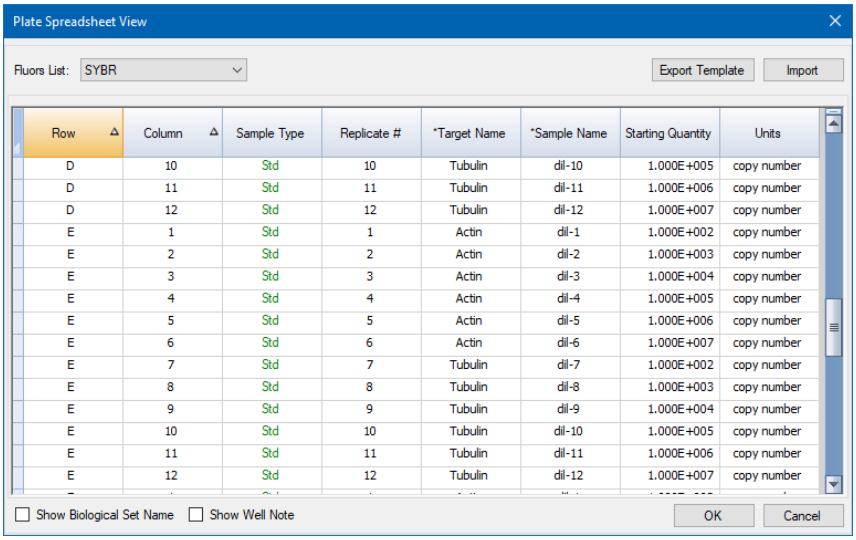
6 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลง หรือ Cancel (ยกเลิก) เพื่อยกเลิกการเปลี่ยนแปลง

การดูเพลตในรูปแบบสเปรดชีต

Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าแผ่นงาน) จะแสดงข้อมูลสารของเพลตในรูปแบบแผ่นงาน คุณสามารถใช้ Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าแผ่นงาน) ในการนำข้อมูลสารในหลุมในรูปแบบคั่นด้วยแท็บออกไปยังโปรแกรมเช่น Microsoft Excel คุณยังสามารถนำเข้าข้อมูลของสารในหลุมจากโปรแกรมที่เป็นรูปแบบคั่นด้วยแท็บได้เช่นกัน

หากต้องการใช้งาน Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าแผ่นงาน)

1 ที่แถบเครื่องมือ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) คลิกที่ Spreadsheet View/Importer (มุมมอง/ตัวนำเข้าแผ่นงาน) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Plate Spreadsheet View (มุมมองแผ่นงานของเพลต)



2 กล่องโต้ตอบ Plate Spreadsheet View (มุมมองแผ่นงานของเพลต) จะแสดงสารในเพลตที่เป็นฟลูออโรฟอร์ชนิดเดี่ยว หากต้องการดูสารในเพลตที่เป็นฟลูออโรฟอร์ชนิดอื่น ให้เลือกจากรายการแบบเลื่อนลง Fluors List (รายการฟลูออโรฟอร์)

3 คลิกที่ Export Template (นำออกเทมเพลต) เพื่อนำออกเทมเพลตของแผ่นงานเพลตเป็นไฟล์ Excel (สกุล .csv) คุณสามารถแก้ไขเทมเพลตนี้เพื่อนำเข้าข้อมูลสารในหลุม

4 (ตัวเลือก) คลิก Import (นำเข้า) เพื่อนำเข้าข้อมูลสารในหลุมจากไฟล์ที่เป็นรูปแบบคั่นด้วยลูกน้ำ

5 เพื่อจัดประเภทแผ่นงานตามข้อมูลในคอลัมน์นั้นๆ ให้คลิกที่รูปสามเหลี่ยมที่อยู่ถัดจากชื่อคอลัมน์

เคล็ดลับ: คุณสามารถแก้ไขสารของเซลล์ต่างๆ ในคอลัมน์ที่มีเครื่องหมายดอกจัน (*) ถัดจากชื่อของคอลัมน์ได้ (เช่น *ชื่อเป้าหมาย)

หมายเหตุ: เลือกหน่วยสำหรับข้อมูลเส้นโค้งมาตรฐานในคอลัมน์ Quantity (ปริมาณ) โดยการเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) และเลือก Settings (การตั้งค่า) > Units (หน่วย) ในแถบเมนู หลังจากที่การทดลองของเพลตเสร็จสิ้น ข้อมูลจากเส้นโค้งมาตรฐานเหล่านี้จะปรากฏในกราฟเส้นโค้งมาตรฐานที่แท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) โดยอยู่ในรูปแบบหน่วยที่คุณเลือก

รายการเมนูคลิกขวาสำหรับเครื่องมือดู/นำเข้าสเปรดชีตของเพลต

ตาราง 14 แสดงรายการเมนูที่มีในมุมมองแผ่นงาน/เครื่องมือนำเข้าหากคุณคลิกขวาที่ใดก็ตามบนเพลตในเครื่องมือ

ตาราง 14 คลิกขวารายการเมนูในมุมมองแผ่นงานเพลต/เครื่องมือที่นำเข้า

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

การสร้างเค้าโครงเพลตโดยใช้ Plate Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต)

คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ในการป้อนข้อมูลโครงร่างเพลตที่จำเป็นสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกยีนที่เป็นบรรทัดฐาน เช่น:

- ชื่อเป้าหมาย
- ชื่อตัวอย่าง
- ตำแหน่งของเป้าหมายและตัวอย่างบนเพลต
- ยีนอ้างอิง
- Control Sample (ตัวอย่างควบคุม)

คุณสามารถใช้ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ก่อน ระหว่าง หรือหลังการทำงานได้

การใช้ Plate Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต)

บทนี้อธิบายถึงวิธีการสร้างเค้าโครงเพลตโดยใช้ Plate Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต) หากต้องการดูสารของแต่ละหลุมในเพลตได้ง่ายขึ้น ให้คลิก Zoom (ซูม) เพลตที่ด้านบนของ Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า)

สำคัญ: หากกลับไปที่แท็บเค้าโครงอัตโนมัติในขณะที่อยู่ในแท็บอื่น ๆ ใน Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) จะเป็นการรีเซ็ตเค้าโครงเพลต โปรดใช้ความระมัดระวังเมื่อเลือกแท็บนี้

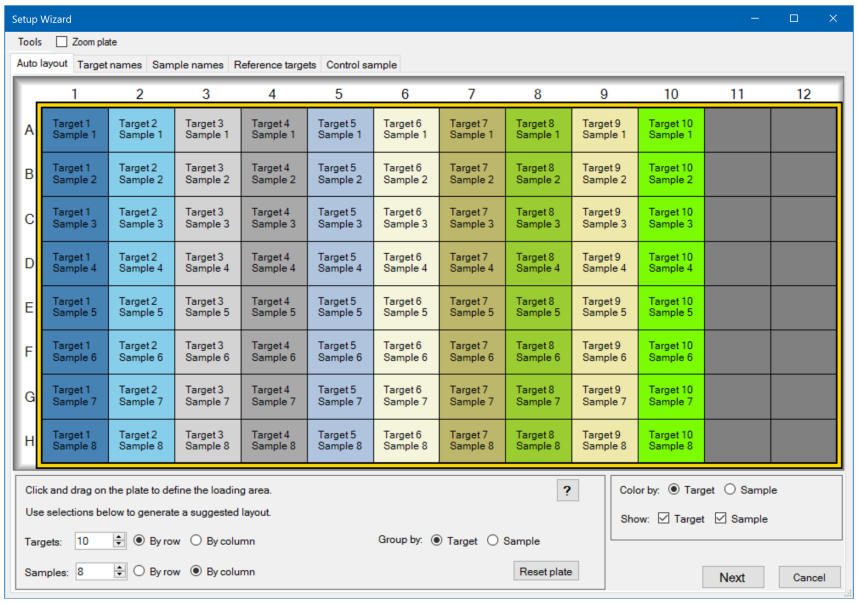
เคล็ดลับ: คุณสามารถรีเซ็ตเค้าโครงโดยเลือก Tools (เครื่องมือ) > Clear Plate (เคลียร์เพลต) ใน Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) ได้

วิธีการใช้ตัวช่วยสร้างการตั้งค่าเพลต

1 เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

2 หากต้องการเปิด Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) เลือก Editing Tools (เครื่องมือแก้ไข) > Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า)

Setup Wizard (ตัวช่วยสร้างการตั้งค่า) จะปรากฏขึ้นโดยแสดงแท็บ Auto layout (เค้าโครงอัตโนมัติ)



3 ในแท็บ Auto Layout (เค้าโครงอัตโนมัติ) ให้ทำดังต่อไปนี้

a คลิกที่หลุมหนึ่งในตารางและลากผ่านลงเพื่อระบุพื้นที่บนเพลตที่คุณวางแผนจะโหลดตัวอย่าง

b ป้อนจำนวนเป้าหมายและตัวอย่างที่จะโหลด

เคล็ดลับ: จำนวนเป้าหมายและตัวอย่างที่จะโหลดจะต้องเท่ากับจำนวนเซลล์ที่เลือก หากตัวเลขที่ป้อนไม่พอดีกับพื้นที่ที่เลือก ให้ปรับเปลี่ยนตัวเลขหรือพื้นที่การเลือกเพลต คุณสามารถระบุการจัดวางรายการบนเพลตและจัดกลุ่มได้

c (ไม่บังคับ) เปลี่ยนการจัดวางเพลต ตัวอย่างเช่น คุณสามารถกำหนดเป้าหมายในคอลัมน์และตัวอย่างในแถว หรือจัดกลุ่มตามตัวอย่าง

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

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

4 ในแท็บ Target Names (ชื่อเป้าหมาย) ให้กำหนดชื่อเป้าหมายสำหรับกลุ่มเป้าหมาย

a ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

b เลือกกลุ่มเป้าหมายหรือหลุมในตาราง และพิมพ์ชื่อในรายการแบบเลื่อนลง Target Name (ชื่อเป้าหมาย)

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

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

5 ในแท็บ Sample Names (ชื่อตัวอย่าง) ให้กำหนดชื่อตัวอย่างสำหรับกลุ่มตัวอย่าง

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

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

8 ในแท็บ Control Sample (ตัวอย่างควบคุม) ให้เลือกตัวอย่างหนึ่งตัวอย่างเพื่อใช้เป็นตัวควบคุมสำหรับการคำนวณการแสดงออกของยีนสัมพัทธ์

9 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกเค้าโครงเพลตและกลับไปที่ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ซึ่งคุณสามารถกำหนดค่าพารามิเตอร์เพลตเพิ่มเติมได้ โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่การกำหนดพารามิเตอร์เพิ่มเติมให้กับไฟล์เพลต ในหน้า 114

หรืออีกวิธีหนึ่ง คลิก Previous (ก่อนหน้า) เพื่อกลับไปยังแท็บก่อนหน้าเพื่อทำการเปลี่ยนแปลง

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

บท 8 การดำเนินการทดสอบ

บทนี้จะอธิบายถึงวิธีเรียกใช้การทดสอบเชิงทดลองแบบกำหนดเอง (ผู้ใช้กำหนด) หรือ PrimePCR™ โดยใช้ซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx

ไฟล์ข้อมูลทดสอบจะมีข้อมูลโปรโตคอลและข้อมูลเพลตสำหรับการทดสอบ นอกจากนี้ ไฟล์ยังประกอบด้วยข้อมูลจากการวิเคราะห์ที่ CFX Manager Dx ดำเนินการหลังจากทำการทดสอบเสร็จสิ้นด้วย

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ทำให้การตั้งค่าและการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนดหรือการทดสอบ PrimePCR ทำได้โดยง่าย หน้าต่าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) จะแนะนำให้ทราบถึงขั้นตอนทั่วไปในการตั้งค่าการทดสอบ ซึ่งจะนำคุณไปที่กล่องโต้ตอบ Start Run (เริ่มต้นการทดสอบ) จากนั้นคุณจะเริ่มต้นการทดสอบได้

การเข้าสู่หน้าต่างการตั้งค่าการทดสอบ

วิธีการเข้าสู่หน้าต่างการตั้งค่าการทดสอบ

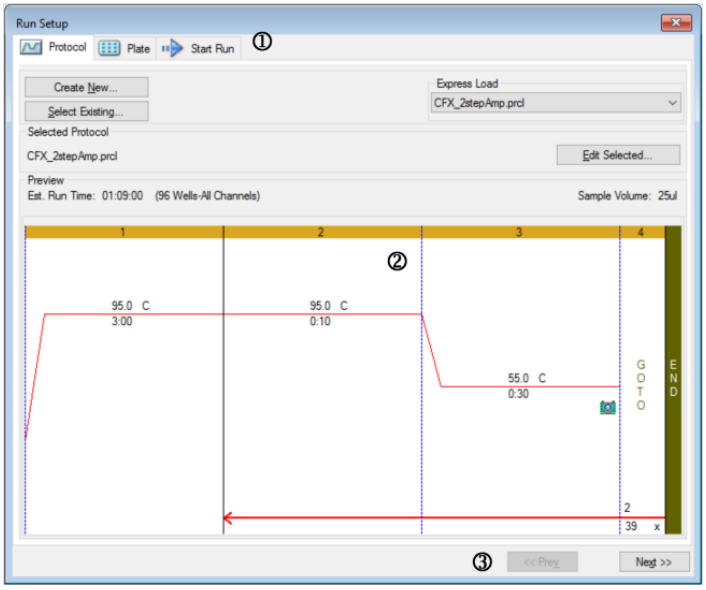
▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

หน้าต่าง Run Setup (ตั้งค่าการทดสอบ)

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

เคล็ดลับ: ดูข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับ PrimePCR ที่ การดำเนินการทดสอบ PrimePCR ในหน้า 151 ดูข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในหน้า 142

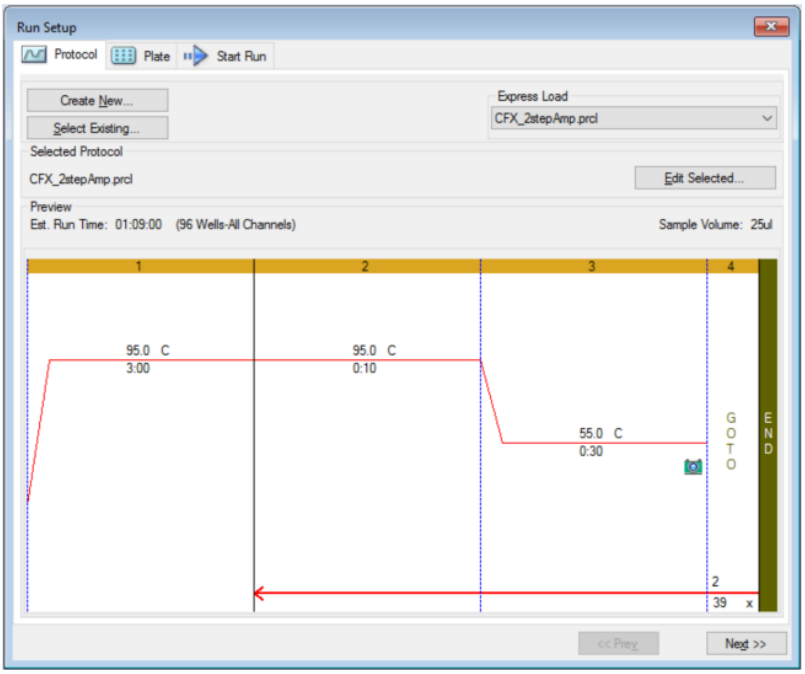


คำอธิบายสัญลักษณ์

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

แท็บ Protocol (โปรโตคอล)

แท็บ Protocol (โปรโตคอล) จะแสดงตัวอย่างของไฟล์โปรโตคอลที่คุณวางแผนจะดำเนินการ ไฟล์โปรโตคอลมีคำแนะนำสำหรับขั้นตอนของอุณหภูมิของอุปกรณ์รวมทั้งตัวเลือกอุปกรณ์ที่ควบคุมอัตราการเอียง ปริมาตรตัวอย่าง และอุณหภูมิฝา



สำหรับค่าเริ่มต้นซอฟต์แวร์จะแสดงโปรโตคอลที่ระบุไว้ในการเลือกไฟล์สำหรับส่วนการตั้งค่าการทำงานในแท็บไฟล์ในกล่องโต้ตอบ User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถเปลี่ยนโปรโตคอลเริ่มต้นของฝาได้ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดูที่ การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 62 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

ในแท็บ Protocal (โปรโตคอล) คุณสามารถ:

- สร้างโปรโตคอลใหม่สำหรับทำงาน
- เลือกโปรโตคอลที่มีอยู่สำหรับทำงานหรือแก้ไข

สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการสร้างและการแก้ไขโปรโตคอลโปรดดู บท 6, การสร้างโปรโตคอล

วิธีสร้างโปรโตคอลใหม่

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

Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) จะปรากฏขึ้น

2 ใช้ Protocol Editor (ตัวแก้ไขโปรโตคอล) ในการสร้างโปรโตคอลใหม่

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

4 ดูรายละเอียดของโปรโตคอล และให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

วิธีเลือกโปรโตคอลที่มีอยู่

1 บนแท็บ Protocal (โปรโตคอล) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

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

2 ดูรายละเอียดของโปรโตคอล และให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดโปรโตคอลด่วน

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

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

วิธีการปรับเปลี่ยนรายการ Express Load (โหลดด่วน) ของโปรโตคอล

1 ค้นหาและเปิดโฟลเดอร์ ExpressLoad

2 ตรวจดูไฟล์โปรโตคอล (.pcrl) ในโฟลเดอร์

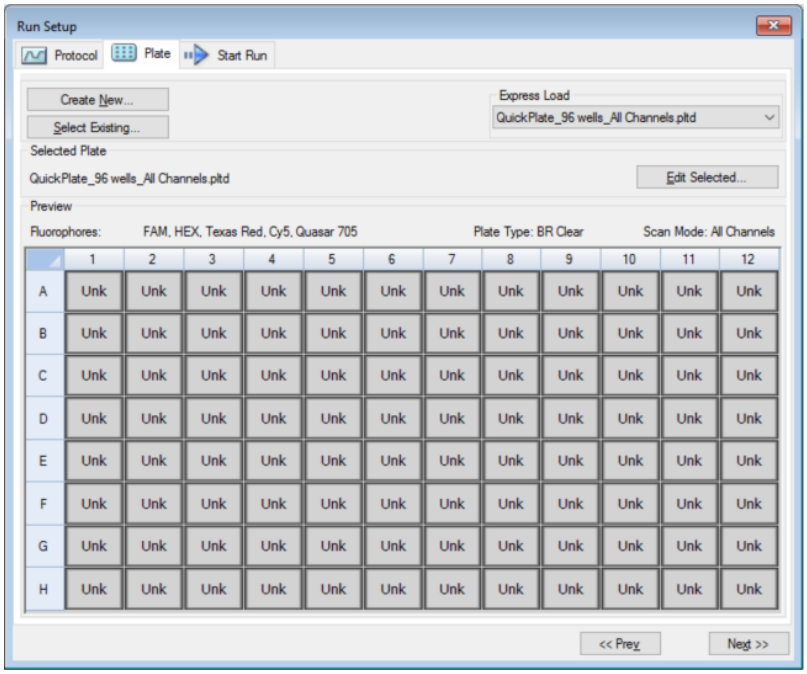
3 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- ลบโปรโตคอลออกจากโฟลเดอร์เพื่อนำไฟล์เหล่านั้นออกจากรายการแบบเลื่อนลง
- คัดลอกโปรโตคอลลงในโฟลเดอร์เพื่อเพิ่มไฟล์เหล่านั้นลงในรายการแบบเลื่อนลง

แท็บเพลต

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

แท็บ Plate (เพลต) จะแสดงตัวอย่างของไฟล์เพลตที่คุณวางแผนเพื่อโหลด ในการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์ ไฟล์เพลตที่ประกอบไปด้วยคำอธิบายสารของแต่ละหลุม ซึ่งประกอบไปด้วยฟลูออโรฟอร์ โหมดสแกน และประเภทของเพลต ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ใช้คำอธิบายนี้ในการเก็บรวบรวมข้อมูลและวิเคราะห์



โดยค่าเริ่มต้นแล้ว ซอฟต์แวร์จะแสดงเพลตที่ระบุไว้ใน File Selection (การเลือกไฟล์) สำหรับหัวข้อ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ในแท็บ File (ไฟล์) ใน User (ผู้ใช้) > กล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) คุณสามารถเปลี่ยนเพลตเริ่มต้นได้ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) โปรดดูที่ การเปลี่ยนการตั้งค่าไฟล์เริ่มต้น ในหน้า 62 สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม

ที่แท็บ Plate (เพลต) คุณสามารถ:

- สร้างเพลตใหม่เพื่อโหลด
- เลือกเพลตที่มีอยู่เดิมเพื่อโหลดหรือแก้ไข

สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการสร้างและแก้ไขเพลต โปรดดูที่บท 7, การเตรียมเพลต

วิธีสร้างเพลตใหม่

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

Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะปรากฏขึ้นมา

2 ใช้ Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ในการสร้างเพลตใหม่

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

4 ดูรายละเอียดของเพลต จากนั้นดำเนินการสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

วิธีเลือกไฟล์เพลตที่มีอยู่เดิม

1 ที่แท็บ Plate (เพลต) ให้ดำเนินการสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

  เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มหรือลบเพลตออกจากรายการแบบเลื่อนลง Express Load (โหลดด่วน) ได้ โปรดดูที่การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดเพลตด่วน ที่ตามมาเพื่อข้อมูลเพิ่มเติม

2 ดูรายละเอียดของเพลต จากนั้นดำเนินการสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

การเพิ่มและการลบไฟล์โหลดเพลตด่วน

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

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

วิธีการปรับเปลี่ยนรายการ Express Load (โหลดด่วน) ของไฟล์เพลต

1 ค้นหาและเปิดโฟลเดอร์ ExpressLoad

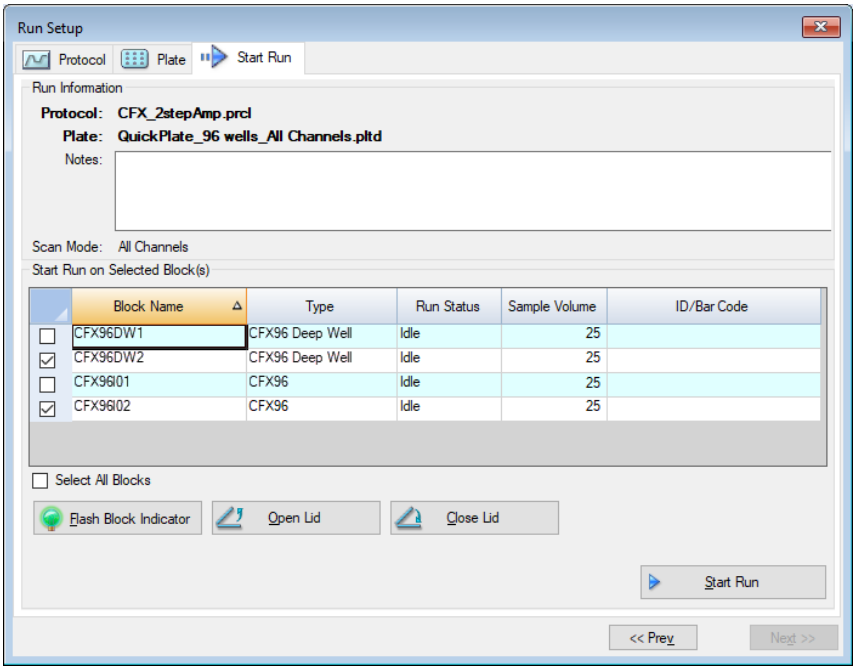
2 ตรวจดูไฟล์เพลต (.pltd) ในโฟลเดอร์

3 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- ลบไฟล์เพลตออกจากโฟลเดอร์เพื่อนำไฟล์เหล่านั้นออกจากรายการแบบเลื่อนลง
- คัดลอกไฟล์เพลตลงในโฟลเดอร์เพื่อเพิ่มไฟล์เหล่านั้นลงในรายการแบบเลื่อนลง

แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ)

แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) แสดงข้อมูลเกี่ยวกับการทดลองที่จะดำเนินการ นอกจากนี้ยังแสดงบล็อกเครื่องมือที่เชื่อมต่อที่คุณสามารถทำการทดลองได้



ในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) คุณสามารถทำสิ่งต่อไปนี้ได้

- ดูข้อมูลการทดสอบในรายละเอียด รวมถึงไฟล์โปรโตคอลที่เลือก ไฟล์เพลตและโหมดสแกน
- เพิ่มหมายเหตุเกี่ยวกับการทดสอบ
- ดูรายละเอียดเกี่ยวกับเครื่องมือที่เชื่อมต่อทั้งหมด รวมถึงสถานะการทดสอบ (ที่ดำเนินการหรือที่ไม่ดำเนินการ) ปริมาณตัวอย่างในหน่วย µl อุณหภูมิฝา โหมดการเลียนแบบ และ ID หรือบาร์โค้ดถ้ามี

  หมายเหตุ: คุณสามารถแก้ไขคอลัมน์ที่ปรากฏใน Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในตาราง Selected Blocks (บล็อกที่เลือก) ดูข้อมูลเพิ่มเติมที่ การปรับเปลี่ยนรายละเอียดในตารางบล็อกที่เลือก ในหน้า 143
- เลือกบล็อกหรือหลายบล็อกที่จะทำการทดสอบ
- เปิดหรือปิดฝาเครื่องมือที่เลือกจากระยะไกล
- เริ่มการทดสอบ

การปรับเปลี่ยนรายละเอียดในตารางบล็อกที่เลือก

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

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

▶ คลิกขวาที่ตารางและเลือกตัวเลือกในเมนูที่ปรากฏขึ้นมา

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

▶ คลิกขวาที่ตารางและเคลียร์ตัวเลือกในเมนูที่ปรากฏขึ้นมา

วิธีการแก้ไขปริมาตรตัวอย่างหรือค่าอุณหภูมิของฝาครอบสำหรับบล็อก

▶ เลือกปริมาตรตัวอย่างหรือเซลล์อุณหภูมิฝาครอบสำหรับบล็อกเป้าหมายและพิมพ์ค่าใหม่ลงในเซลล์

วิธีการเพิ่ม ID หรือบาร์โค้ดสำหรับบล็อก

▶ เลือกเซลล์ ID/บาร์โค้ดสำหรับบล็อกเป้าหมายและพิมพ์ ID หรือสแกนบล็อกด้วยเครื่องอ่านบาร์โค้ด

การดำเนินการทดสอบ

สำคัญ: ก่อนที่จะดำเนินการทดสอบ ให้ตรวจสอบให้แน่ใจว่าซอฟต์แวร์ป้องกันไวรัสของคอมพิวเตอร์ของคุณจะไม่เริ่มการสแกนในระหว่างการดำเนินการ

วิธีการดำเนินการทดสอบ

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

2 (ไม่บังคับ) เพิ่มบันทึกเกี่ยวกับการดำเนินการหรือการทดสอบในกล่องข้อความ Notes (บันทึก)

3 เลือกช่องทำเครื่องหมายอย่างน้อยหนึ่งบล็อกที่จะดำเนินการทดสอบ

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

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

5 ใส่เพลตที่จะทำการทดสอบลงในบล็อก

   a คลิก Open Lid (เปิดฝา) ฝาครอบมอเตอร์ของแต่ละบล็อกที่เลือกจะเปิดขึ้น

   b ใส่บล็อกที่จะทำการทดสอบลงในแต่ละบล็อกที่เลือก

   c คลิก Open Lid (เปิดฝา)

   เคล็ดลับ: นอกจากนี้ คุณยังสามารถกดปุ่มที่ด้านหน้าของแต่ละบล็อกเพื่อเปิดและปิดฝาได้

6 คลิก Open Lid (เปิดฝา) และ Close Lid (ปิดฝา) เพื่อเปิดและปิดฝาครอบมอเตอร์ของแต่ละบล็อกเครื่องมือที่เลือก

7 ดูรายละเอียดการดำเนินการทดสอบ และทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

หากต้องการเริ่มต้นการทำการทดสอบใหม่จากการทดสอบก่อนหน้า

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

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

กล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ)

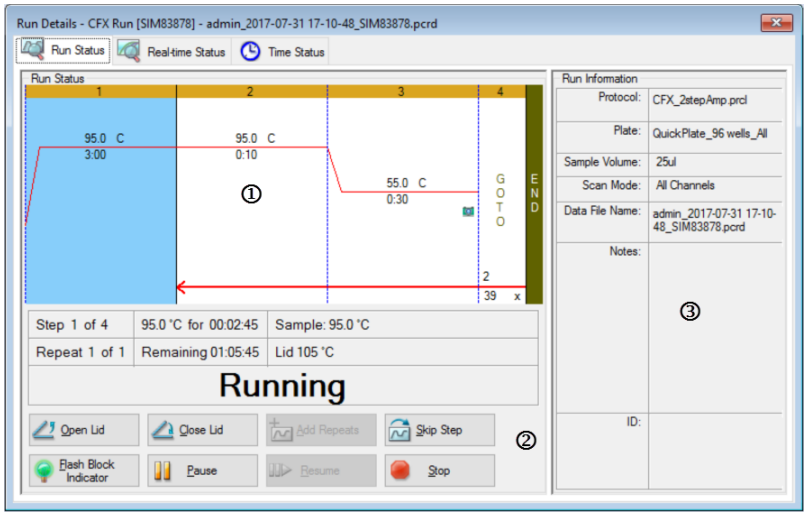
เมื่อคุณคลิก Start Run (เริ่มการทดสอบ) ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะแจ้งให้คุณบันทึกไฟล์ข้อมูล (.pcrd), เริ่มการทดสอบ และเปิดกล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) กล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทดสอบ) ประกอบด้วยแท็บสถานะสามแท็บ

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

คำอธิบายโดยละเอียดสำหรับแท็บเหล่านี้อยู่ในหัวข้อต่อไป

แท็บ Run Status (สถานะการทดสอบ)

แท็บ Run Status (สถานะการทดสอบ) จะแสดงสถานะปัจจุบันของการทดสอบที่กำลังดำเนินการอยู่ ในมุมมองนี้คุณยังสามารถควบคุมฝาครอบและเปลี่ยนการทดสอบที่กำลังดำเนินการอยู่ได้



คำอธิบายสัญลักษณ์

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

คำสั่ง Run Status (เรียกดูสถานะการทำงาน)

ใช้คำสั่งในแท็บ Run Status (เรียกดูสถานะการทำงาน) เพื่อใช้งานอุปกรณ์จากซอฟต์แวร์หรือเปลี่ยนการทำงานที่อยู่ในกระบวนการ

หมายเหตุ: ทำการเปลี่ยนแปลงโปรโตคอลระหว่างการทำงาน เช่น การเพิ่มการทำซ้ำ ไม่เปลี่ยนไฟล์โปรโตคอลที่เกี่ยวข้องกับการทำงาน กิจกรรมเหล่านี้จะถูกบันทึกใน Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ)

— เปิดฝาแบบมีมอเตอร์บนอุปกรณ์ที่เลือก

สำคัญ: การเปิดฝาระหว่างการทำงานจะหยุดการทำงานชั่วคราวระหว่างขั้นตอนปัจจุบันและอาจเปลี่ยนแปลงข้อมูล

— ปิดฝาแบบมีมอเตอร์บนอุปกรณ์ที่เลือก

— เพิ่มการทำซ้ำให้กับขั้นตอนคำสั่ง GOTO ปัจจุบันในโปรโตคอล มีตัวเลือกนี้ในกรณีที่ขั้นตอนคำสั่ง GOTO กำลังทำงานเท่านั้น

— ข้ามขั้นตอนปัจจุบันในโปรโตคอล

หมายเหตุ: หากคุณข้ามขั้นตอนคำสั่ง GOTO ซอฟต์แวร์จะแจ้งเตือนคุณเพื่อให้ยืนยันว่าคุณต้องการข้ามลูปคำสั่ง GOTO ทั้งหมดและดำเนินต่อไปยังขั้นตอนถัดไปในโปรโตคอล

— ทำให้ไฟ LED กระพริบบนอุปกรณ์ที่เลือกเพื่อระบุบล็อกที่เลือก

— หยุดโปรโตคอลชั่วคราว

หมายเหตุ: กิจกรรมนี้จะถูกบันทึกใน Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ)

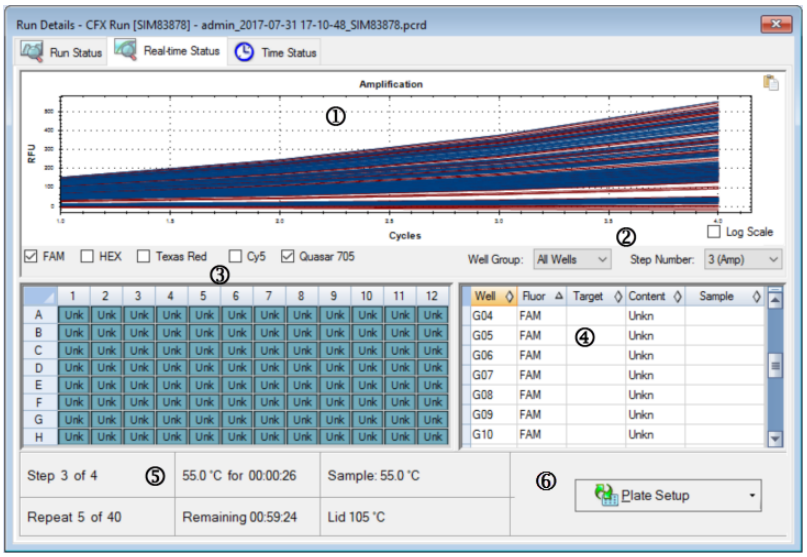
— คืนค่าโปรโตคอลที่หยุดชั่วคราว

— หยุดการทำงานก่อนโปรโตคอลสิ้นสุด

หมายเหตุ: การหยุดการทำงานก่อนโปรโตคอลสิ้นสุดอาจเปลี่ยนแปลงข้อมูลของคุณ

แท็บ Real-time Status (สถานะเรียลไทม์)

แท็บ Real-time Status (สถานะเรียลไทม์) แสดงข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์ที่เก็บรวบรวมได้ในแต่ละรอบในระหว่างการทำการทดสอบหลังจากที่มีการอ่านเพลตแรก



คำอธิบายสัญลักษณ์

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

5	Run Details Pane (บานหน้าต่างรายละเอียดการทดสอบ) แสดงสถานะเรียลไทม์ของการทำการทดสอบ ซึ่งประกอบด้วย ■ Current Step (ขั้นตอนปัจจุบัน) ■ Current Repeat (การทำซ้ำปัจจุบัน) ■ Current Temperature (อุณหภูมิปัจจุบัน) ■ Time Remaining (เวลาที่เหลืออยู่) ■ Sample Temperature (อุณหภูมิของตัวอย่าง) ■ Lid Temperature (อุณหภูมิของฝาครอบ)
6	Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) เปิดกล่องโต้ตอบ Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) ซึ่งผู้ใช้สามารถปรับเปลี่ยนการตั้งค่าเพลตปัจจุบันในระหว่างการทำการทดสอบได้

ในแท็บ Real-time Status (สถานะเรียลไทม์) คุณสามารถ

- แสดงหรือซ่อนการติดตามแบบเรียลไทม์โดยเลือกการติดตามในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุมหรือตารางการตั้งค่าเพลต
- ดูการติดตามหนึ่งรายการหรือเป็นกลุ่มโดยเลือกการติดตามในกลุ่มหลุมแบบหเลื่อนลง
- แก้ไขเพลตหรือเปลี่ยนไฟล์เพลต
- ใช้ไฟล์ PrimePCR ในการทดสอบ

การแสดงหรือซ่อนการติดตามแบบเรียลไทม์

โดยค่าเริ่มต้น หลุมที่มีสารอยู่ทั้งหมดจะทำงานและปรากฏในตารางการตั้งค่าเพลต หลุมที่ทำงานจะปรากฏเป็นสีน้ำเงินในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม หลุมที่ซ่อนอยู่จะปรากฏเป็นสีเทาอ่อน และหลุมที่ไม่ได้ใช้จะปรากฏเป็นสีเทาเข้มในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม

คุณสามารถซ่อนการติดตามจากหลุมที่ทำงานได้ในระหว่างที่ทำการทดสอบ CFX Manager Dx จะยังคงเก็บรวบรวมข้อมูลสำหรับหลุมทั้งหมด เมื่อคุณซ่อนหลุม ข้อมูลของหลุมจะไม่ปรากฏในตารางการตั้งค่าเพลต

วิธีการซ่อนการติดตามแบบเรียลไทม์

▶ ในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม ให้คลิกหลุมที่ทำงาน (สีฟ้า) ที่คุณต้องการจะซ่อน

วิธีการแสดงการติดตามแบบเรียลไทม์

▶ ในบานหน้าต่างตัวเลือกหลุม ให้คลิกหลุมที่ซ่อน (สีเทาอ่อน) ที่คุณต้องการจะแสดง

โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับตัวเลือกหลุมได้ที่ ตัวเลือกหลุม ในหน้า 163

การแก้ไข Plate Setup (การตั้งค่าเพลต)

วิธีแก้ไขตั้งค่าเพลต

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

หน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะแสดงขึ้น ซึ่งคุณสามารถแก้ไขเพลตได้ขณะที่กำลังดำเนินการอยู่ สำหรับข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับการแก้ไขเพลต โปรดดู บท 7, การเตรียมเพลต

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

การเปลี่ยนไฟล์เพลต

เคล็ดลับ: การเปลี่ยนไฟล์เพลตจะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งหากคุณเริ่มทำการทดสอบด้วยไฟล์ Quick Plate (เพลตด่วน) ในโฟลเดอร์ ExpressLoad

วิธีการเปลี่ยนไฟล์เพลต

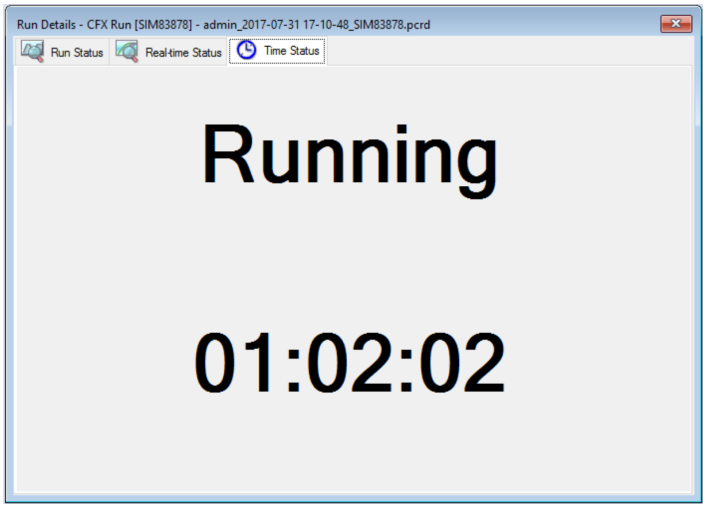
▶ คลิก Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) แล้วเลือกตัวเลือกใดตัวเลือกหนึ่งต่อไปนี้

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

หมายเหตุ: CFX Manager Dx ตรวจสอบโหมดการสแกนและขนาดเพลตสำหรับไฟล์เพลต ซึ่งจะต้องเป็นไปในลักษณะเดียวกันกับการตั้งค่าการทดสอบที่การทดสอบเริ่มทำงาน

แท็บ Time Status (สถานะเวลา)

แท็บ Time Status (สถานะเวลา) แสดงเวลาที่เหลืออยู่ที่จะทำการทดสอบปัจจุบันให้เสร็จสิ้น



การดำเนินการทดสอบ PrimePCR

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

- แผงอเนกประสงค์ — คือเพลตที่ประกอบไปด้วยการวิเคราะห์เฉพาะสำหรับเส้นทางหรือโรคทางชีววิทยา ซึ่งประกอบไปด้วยการควบคุม PrimePCR และยีนอ้างอิง
- แผงกำหนดค่าตามประสงค์ — คือเพลตที่สามารถตั้งค่าได้ในเค้าโครงที่กำหนดโดยผู้ใช้ พร้อมกับตัวเลือกในการเลือกการวิเคราะห์ตามความประสงค์ การควบคุม และการอ้างอิงที่ต้องการ
- การวิเคราะห์แบบแยก — คือหลอดแก้วที่ประกอบไปด้วยการไพรเมอร์เฉพาะสำหรับการใช้งานในการทำปฏิกิริยาแบบเรียลไทม์

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

หากต้องการเริ่มต้นใช้งาน PrimePCR

▶ หากต้องการเริ่มต้นใช้งาน PrimePCR ให้ดำเนินการสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- ที่ Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น) เลือก PrimePCR ที่แท็บ Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) ให้เลือกสารเคมีใดๆ ที่เหมาะสม (SYBER หรือโพรบ)
- เลือกการทดลอง PrimePCR จากรายการ Recent Runs (การทดสอบล่าสุด) ที่แท็บ Repeat Run (การทดสอบที่ทำซ้ำ) ใน Startup Wizard (ตัวช่วยสร้างการเริ่มต้น)
- เลือก File (ไฟล์) > New (ใหม่) > PrimePCR Run (การทดลอง PrimePCR) ที่หน้าต่าง Home (หลัก)
- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > PrimePCR Run (การทดลอง PrimePCR) ที่หน้าต่าง Home (หลัก)
- ลากและวางไฟล์การทดลอง PrimePCR ที่หน้าต่าง Home (หลัก)

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

หากต้องการลบขั้นตอนการหลอมละลายในโปรโตคอล

▶ ที่แท็บ Protocol (โปรโตคอล) ให้ยกเลิกการทำเครื่องหมายที่กล่องที่อยู่ติดกับรายการ Include Melt Step (ประกอบด้วยขั้นตอนการหลอมละลาย)

วิธีนำเข้าข้อมูลเป้าหมายสำหรับเพลต PrimePCR ไปยังเค้าโครงเพลต

1 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- ที่แท็บ Real-time Status (สถานะแบบเรียลไทม์) ในกล่องโต้ตอบ Run Details (รายละเอียดการทำงาน) ให้เลือก Plate Setup (ตั้งค่าเพลต) > Apply PrimePCR File (เพิ่มไฟล์ PrimePCR)
- ในหน้าต่างวิเคราะห์ข้อมูล ให้เลือก Plate Setup (ตั้งค่าเพลต) > Apply PrimePCR File (เพิ่มไฟล์ PrimePCR)

2 ใน PrimePCR ให้เปิดใช้งานกล่องโต้ตอบ คลิก Browse (ค้นหา) เพื่อไปยังไฟล์ PrimePCR (.csv) ที่เหมาะสม

3 เลือกไฟล์ PrimePCR ที่ต้องการและคลิก Open (เปิด)

CFX Manager Dx นำเข้าข้อมูลเป้าหมายไปยังเค้าโครงเพลต

บท 9 ภาพรวมการวิเคราะห์ข้อมูล

CFX Manager™ Dx มีวิธีในการเปิดและดูไฟล์ข้อมูลหลายวิธี คุณสามารถ

- เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > Data File (ไฟล์ข้อมูล) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) และเรียกดูไฟล์ .pcrd เป้าหมาย
- เลือก File (ไฟล์) > Recent Data Files (ไฟล์ข้อมูลล่าสุด) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เพื่อเลือกจากรายการไฟล์ข้อมูลที่เปิดล่าสุดสิบรายการ

หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แสดงแท็บหลายแท็บ แต่ละแท็บแสดงข้อมูลที่มีการวิเคราะห์สำหรับวิธีการวิเคราะห์เฉพาะหรือข้อมูลที่มีการเรียกใช้เฉพาะ แท็บจะปรากฏขึ้นเฉพาะเมื่อมีข้อมูลที่รวบรวมในการเรียกใช้สำหรับการวิเคราะห์ประเภทดังกล่าวเท่านั้น

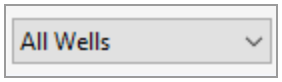
เคล็ดลับ: เพื่อเลือกแท็บให้แสดงผล เลือกแท็บจากเมนูแบบเลื่อนลง View (ดู) ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ในการกลับสู่เค้าโครงของแท็บเดิม เลือก Settings (การตั้งค่า) > Restore Default Window Layout (เรียกคืนรูปแบบหน้าต่างเริ่มต้น)

แถบเครื่องมือ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

แถบเครื่องมือในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) จะมีการเข้าถึงด่วนสำหรับฟังก์ชันการวิเคราะห์ข้อมูลที่สำคัญ

ตาราง 15 แสดงฟังก์ชันของปุ่มต่างๆ ในแถบเครื่องมือ

ตาราง 15 แถบเครื่องมือในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

Button (ปุ่ม)	Name (ชื่อ)	Function (ฟังก์ชัน)
	Plate Setup (ตั้งค่าเพลต)	ดู/แก้ไขเพลต: เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) เพื่อดูและแก้ไขสารที่อยู่ในหลุม แทนที่ไฟล์เพลต: เลือกไฟล์เพลตเพื่อแทนที่รูปแบบเพลต นำไฟล์ PrimePCR ไปใช้: เลือกไฟล์ทดสอบเพื่อแทนที่รูปแบบเพลตสำหรับการทดสอบ PrimePCR™
	Manage Well Groups (จัดการกลุ่มหลุม)	เปิดหน้าต่าง Well Groups Manager (ตัวจัดการกลุ่มหลุม) เพื่อสร้าง แก้ไข และลบกลุ่มหลุม
	Well Group (กลุ่มหลุม)	เลือกชื่อกลุ่มหลุมที่มีอยู่จากเมนูแบบเลื่อนลง การเลือกเริ่มต้นคือ All Wells (ทุกหลุม) ปุ่มนี้จะแสดงขึ้นเฉพาะเมื่อมีการสร้างกลุ่มหลุมขึ้น
	Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)	วิเคราะห์ข้อมูลในโหมด Fluorophore (ฟลูออโรฟอร์) หรือ Target (เป้าหมาย)
	Help (ช่วยเหลือ)	จะเปิด สำเนาดิจิทัลของคู่มือนี้ในรูปแบบ Acrobat PDF

แถบเมนู Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ตาราง 16 แสดงรายการแถบเมนูในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ตาราง 16 รายการแถบเมนูการวิเคราะห์ข้อมูล

รายการเมนู	Command (คำสั่ง)	Function (ฟังก์ชัน)
File (ไฟล์)	Save (บันทึก)	บันทึกไฟล์
	Save As (บันทึกเป็น)	บันทึกไฟล์ด้วยชื่อใหม่
	Repeat Run (ทำการทดสอบซ้ำ)	แยกโปรโตคอลและไฟล์เพลตออกจากการดำเนินการทดสอบปัจจุบันเพื่อทำการทดสอบใหม่
	Close (ปิด)	ปิดหน้าต่างการวิเคราะห์ข้อมูล
View (ดู)	Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ)	เปิดหน้าต่าง Run Log (ประวัติการทำการทดสอบ) เพื่อดูประวัติการทำการทดสอบของไฟล์ข้อมูลปัจจุบัน
	Quantification (การหาปริมาณ), Melt Curve, Gene Expression (การแสดงออกของยีน), End Point (จุดสิ้นสุด), Custom Data View (ดูข้อมูลแบบกำหนดเอง), QC (ควบคุมคุณภาพ), Run Information (ข้อมูลการทำการทดสอบ)	แสดงข้อมูลที่วิเคราะห์ในแท็บที่เลือกในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ต้องเลือกแท็บอย่างน้อยหนึ่งแท็บ

ตาราง 16 รายการแถบเมนูการวิเคราะห์ข้อมูล (ต่อ)

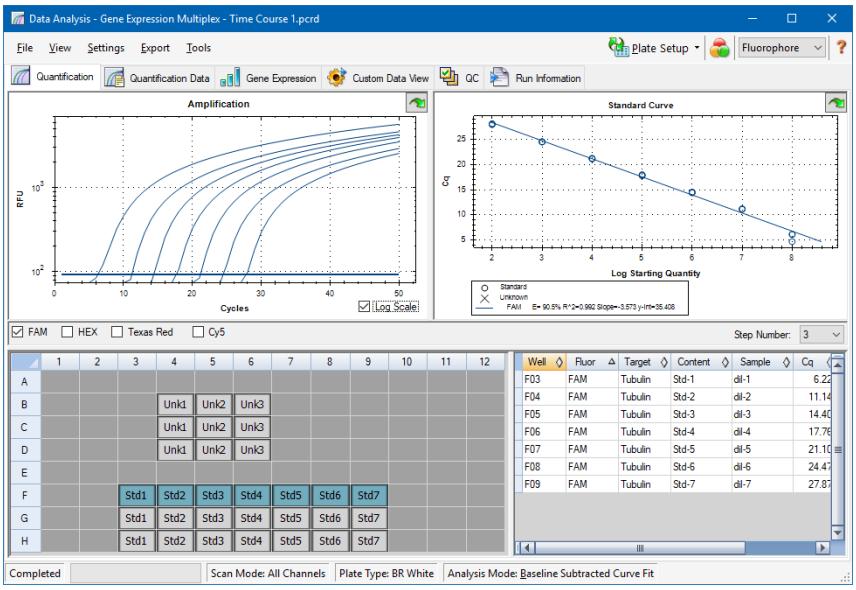
รายการเมนู	Command (คำสั่ง)	Function (ฟังก์ชัน)
Settings (การตั้งค่า)	C_q Determination Mode (โหมดการกำหนด C_q)	เลือกโหมดรีเกรสชันหรือขีดจำกัดเดี่ยวเพื่อกำหนดวิธีการคำนวณค่า C_q สำหรับแต่ละการติดตาม
	Baseline Setting (การตั้งค่าพื้นฐาน)	เลือกวิธีการลบค่าพื้นฐานสำหรับกลุ่มหลุมที่เลือก
	Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)	เลือกที่จะทำการวิเคราะห์ข้อมูลโดยสารเรืองแสงหรือโดยเป้าหมาย
	Cycles to Analyze (วงรอบที่จะวิเคราะห์)	เลือกวงรอบที่จะทำการวิเคราะห์
	Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน)	เปิดหน้าต่าง Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน) เพื่อปรับค่าพื้นฐานหรือขีดจำกัด
	Trace Styles (รูปแบบการติดตาม)	เปิดหน้าต่าง Trace Styles (รูปแบบการติดตาม)
	Plate Setup (ตั้งค่าเพลต)	เปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) เพื่อดูและแก้ไขเพลต แทนที่เพลตปัจจุบันด้วยเพลตหนึ่งจากไฟล์เพลตที่ผู้ใช้กำหนดหรือไฟล์เรียกใช้ PrimePCR
	Include All Excluded Wells (รวมหลุมที่ยกเว้นทั้งหมด)	รวมหลุมที่ยกเว้นทั้งหมดเข้าไปในการวิเคราะห์
	Mouse Highlighting (การไฮไลต์ด้วยเมาส์)	เปิดหรือปิดการไฮไลต์ข้อมูลพร้อมกันโดยใช้ตัวชี้เมาส์ **เคล็ดลับ:** หากการไฮไลต์ด้วยเมาส์ปิดใช้งานอยู่ ให้กดปุ่ม Control (ควบคุม) เพื่อเปิดการไฮไลต์ชั่วคราว
	Restore Default Window Layout (เรียกคืนรูปแบบหน้าต่างเริ่มต้น)	เรียกคืนค่าการจัดหน้าต่างให้เป็นค่าเริ่มต้น

ตาราง 16 รายการแถบเมนูการวิเคราะห์ข้อมูล (ต่อ)

รายการเมนู	Command (คำสั่ง)	Function (ฟังก์ชัน)
Export (ส่งออก)	Export All Data Sheets to Excel (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมดไปยัง Excel)	ส่งออกมุมมองสเปรดชีตทั้งหมดจากทุกแท็บไปยังไฟล์ Excel ที่แยกต่างหาก
	Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง)	เปิดหน้าต่าง Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง) ซึ่งจะมีการระบุขอบเขตข้อมูลที่จะส่งออกและสามารถระบุรูปแบบไฟล์ได้
	Export to LIMS Folder (ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS)	เปิดหน้าต่างเพื่อบันทึกข้อมูลในรูปแบบที่กำหนดไว้ล่วงหน้าไปยังโฟลเดอร์ LIMS
	Seegene Export (การส่งออก Seegene)	เปิดหน้าต่างเพื่อระบุตำแหน่งที่จะบันทึกข้อมูลจากมุมมองสเปรดชีตทั้งหมดไปยังไฟล์ Excel ที่มีโครงสร้างสำหรับให้ Seegene, Inc. ใช้งานโดยเฉพาะ
Tools (เครื่องมือ)	Reports (รายงาน)	เปิดรายงานสำหรับไฟล์ข้อมูลนี้
	Well Group Reports (รายงานกลุ่มหลุม)	เปิดหน้าต่าง Well Group Reports (รายงานกลุ่มหลุม) เพื่อสร้างรายงานสำหรับกลุ่มหลุมที่ระบุ
	Import Fluorophore Calibration (นำเข้าการปรับเทียบสารเรืองแสง)	เลือกไฟล์การปรับเทียบที่จะใช้กับไฟล์ข้อมูลปัจจุบัน
	qbase+	เปิดใช้ qbase + v2.5 โดยตรงจากไฟล์ .pcrd ปัจจุบัน หากมีการติดตั้งไว้

รายละเอียดแท็บ

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

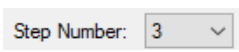


หมายเหตุ: ซอฟต์แวร์จะเชื่อมโยงข้อมูลในบานหน้าต่างของแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) แต่ละแท็บ ตัวอย่างเช่น หากไฮไลต์หลุมหนึ่งโดยวางตัวชี้เมาส์ไว้บนหลุมในมุมมองตัวเลือกหลุม ข้อมูลในทุกบานหน้าต่างอื่น ๆ ก็จะไฮไลต์ไปด้วย

ตัวเลือกหมายเลขขั้นตอน

ระบบ CFX96 และ CFX96 Deep Well สามารถรับข้อมูลสารเรืองแสงได้ในหลายขั้นตอนโปรโตคอล ซอฟต์แวร์จะเก็บรักษาข้อมูลที่ได้รับมาในแต่ละขั้นตอนอย่างเป็นอิสระจากกัน ซอฟต์แวร์จะแสดง Step Number selector (ตัวเลือกหมายเลขขั้นตอน) เมื่อโปรโตคอลมีขั้นตอนการรวบรวมข้อมูลอย่างน้อยหนึ่งขั้นตอน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะแสดงข้อมูลจากขั้นตอนการรวบรวมข้อมูลครั้งแรก

หากโปรโตคอลมีขั้นตอนการรวบรวมข้อมูลมากกว่าหนึ่งขั้นตอน คุณสามารถเลือกขั้นตอนอื่นจากรายการแบบเลื่อนลงได้ ตัวอย่างเช่น



เมื่อคุณเลือกขั้นตอน ซอฟต์แวร์จะใช้การเลือกดังกล่าวกับข้อมูลทั้งหมดที่แสดงในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

การดูกลุ่มหลุมในการวิเคราะห์ข้อมูล

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

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

หมายเหตุ: หากคุณไม่ได้สร้างกลุ่มหลุม รายการแบบเลื่อนลง Well Groups (กลุ่มหลุม) จะไม่ปรากฏในแถบเครื่องมือ

การเปลี่ยนสารในหลุมหลังจากทำการทดสอบ

ระหว่างทำการวิเคราะห์ข้อมูล การเปลี่ยนวิธีการแสดงข้อมูลโดยการเปลี่ยนสารในหลุมใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะไม่เปลี่ยนแปลงข้อมูลสารเรืองแสงที่เก็บไว้จากแต่ละหลุมในระหว่างการดำเนินการทดสอบ หลังจากที่โมดูลรวบรวมข้อมูลสารเรืองแสงแล้ว คุณจะไม่สามารถลบข้อมูลเหล่านั้นได้ แต่คุณสามารถเลือกที่จะลบข้อมูลออกจากมุมมองและการวิเคราะห์ได้

วิธีการเปลี่ยนสารในหลุมหลังจากทำการทดสอบ

▶ ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ให้คลิก Plate Setup (ตั้งค่าเพลต) และเลือกตัวเลือกใดตัวเลือกหนึ่งต่อไปนี้

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

เคล็ดลับ: คุณสามารถเพิ่มหรือแก้ไขข้อมูลเกี่ยวกับสารในหลุมก่อนที่จะดำเนินการทดสอบ ระหว่างการดำเนินการทดสอบ หรือหลังจากที่ดำเนินการทดสอบ PCR เสร็จสิ้นได้ คุณต้องกำหนดโหมดการสแกนและขนาดของเพลตก่อนดำเนินการทดสอบ พารามิเตอร์เหล่านี้ไม่สามารถเปลี่ยนแปลงได้หลังจากที่ดำเนินการทดสอบ

การตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูล

ข้อมูลแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) แสดงสารเรืองแสงสัมพัทธ์ (RFU) สำหรับแต่ละหลุมในทุกรอบ การติดตามแต่ละครั้งในแผนภูมิแสดงข้อมูลจากสารเรืองแสงเดี่ยวในหนึ่งหลุม ข้อมูลเหล่านี้ใช้ในการกำหนดค่า C_q สำหรับหลุมแต่ละหลุมตามฟลูออโรฟอร์ ซอฟต์แวร์ใช้หนึ่งในสองโหมดเพื่อกำหนดค่า C_q :

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

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

การปรับขีดจำกัด

ในโหมด Single Threshold (ขีดจำกัดเดียว) คุณสามารถปรับขีดจำกัดสารเรืองแสงได้โดยคลิกที่เส้นขีดจำกัดในแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) และเลื่อนตัวชี้เมาส์ในแนวตั้ง อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถระบุขีดจำกัดการข้ามที่แน่นอนสำหรับสารเรืองแสงที่เลือกได้

การตั้งค่าพื้นฐาน

ซอฟต์แวร์จะกำหนดค่าพื้นฐานแต่ละรายการให้กับแต่ละหลุมโดยอัตโนมัติ การตั้งค่าพื้นฐานจะประเมินวิธีการลบค่าพื้นฐานให้กับการติดตามฟลูออโรฟอร์ทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะให้ตัวเลือกการลบค่าพื้นฐานสามตัวเลือกดังนี้

- **No Baseline Subtraction (ไม่มีการลบค่าพื้นฐาน)** — แสดงข้อมูลเป็นการติดตามฟลูออโรฟอร์สัมพัทธ์ การวิเคราะห์บางส่วนไม่สามารถทำได้ในโหมดการวิเคราะห์ ดังนั้นซอฟต์แวร์จะไม่แสดงแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) End Point (จุดสิ้นสุด) และ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล)
- **Baseline Subtracted (ลบค่าพื้นฐาน)** — แสดงข้อมูลเป็นการติดตามที่มีการลบค่าพื้นฐานให้กับฟลูออโรฟอร์แต่ละรายการในหลุม ซอฟต์แวร์ต้องมีการลบค่าพื้นฐานกับข้อมูลเพื่อประเมินรอบการหาปริมาณ สร้างเส้นโค้งมาตรฐาน และประเมินความเข้มข้นของตัวอย่างที่ไม่รู้จัก ในการสร้างการติดตามที่มีการลบค่าพื้นฐาน ซอฟต์แวร์จะปรับเส้นตรงที่เหมาะสมที่สุดกับข้อมูลฟลูออโรฟอร์ที่บันทึกไว้ของแต่ละหลุมในระหว่างรอบพื้นฐาน แล้วลบข้อมูลที่เหมาะสมที่สุดออกจากข้อมูลที่มีการลบเบื้องหลังในแต่ละรอบ
- **Baseline Subtracted Curve Fit (การปรับเส้นโค้งที่มีการลบค่าพื้นฐาน)** — แสดงข้อมูลเป็นการติดตามที่มีการลบค่าพื้นฐาน และซอฟต์แวร์จะปรับเส้นโค้งที่มีการลบค่าพื้นฐานให้เรียบโดยใช้ตัวกรองค่าเฉลี่ยแบบแทนที่ตรงกลาง กระบวนการนี้จะได้รับการดำเนินการเพื่อปล่อยให้ C_q แต่ละค่าเป็นค่าคงที่

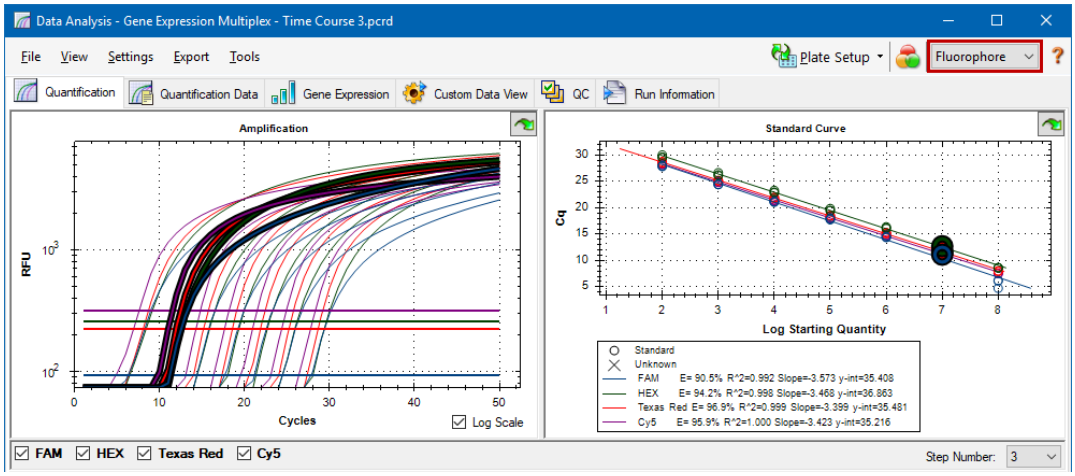
นอกเหนือไปจากตัวเลือกเหล่านี้ คุณยังสามารถเลือก Apply Fluorescent Drift Correction (ใช้การแก้ไขการเบี่ยงเบนของฟลูออโรฟอร์) ได้อีกด้วย ในส่วนของหลุมที่มีค่า RFU ที่เบี่ยงเบนอย่างผิดปกติในระหว่างรอบการทดสอบช่วงต้น ซอฟต์แวร์จะได้ค่าพื้นฐานโดยประมาณมาจากหลุมที่อยู่ติดกัน ซึ่งมีการสร้างค่าพื้นฐานในแนวนอนเสร็จสมบูรณ์ไปแล้ว

วิธีเปลี่ยนการตั้งค่าการลบค่าพื้นฐาน

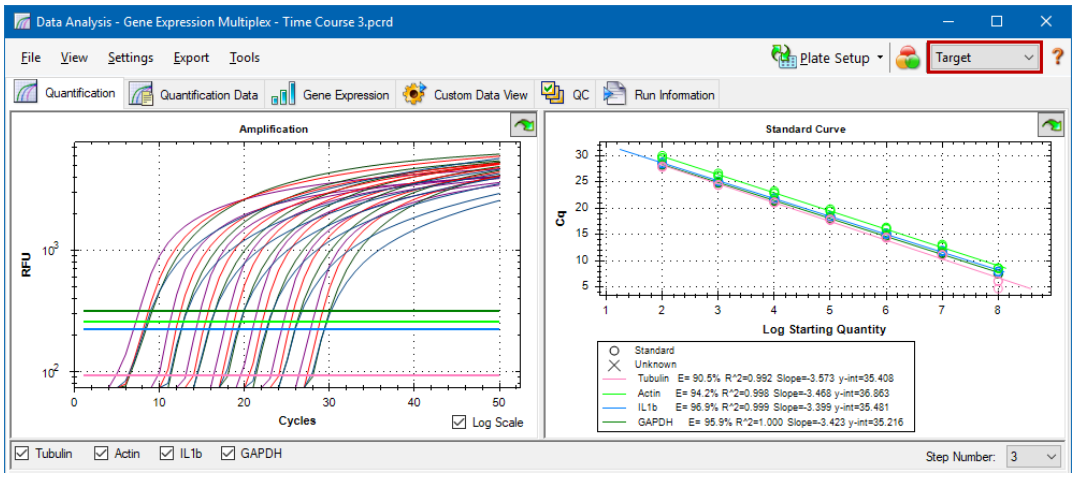
▶ เลือก Settings (การตั้งค่า) > Baseline Setting (การตั้งค่าพื้นฐาน)

Analysis Mode (โหมดการวิเคราะห์)

คุณสามารถจัดกลุ่มและวิเคราะห์ข้อมูลตามฟลูออโรฟอร์หรือชื่อเป้าหมายได้ ในกรณีการจัดกลุ่มตามฟลูออโรฟอร์ จะมีการแสดงการติดตามข้อมูลตามฟลูออโรฟอร์ตามที่ระบุไว้ในการตั้งค่าเพลตสำหรับการทดสอบดังกล่าว ข้อมูลฟลูออโรฟอร์แต่ละรายการจะปรากฏในการเพิ่มปริมาณและแผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน (ถ้ามี) หากมีการเลือกช่องทำเครื่องหมายตัวเลือกฟลูออโรฟอร์ที่เหมาะสม ซึ่งอยู่ด้านล่างแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ



ในกรณีการจัดกลุ่มตามเป้าหมาย จะมีการแสดงการติดตามข้อมูลตามชื่อเป้าหมายตามที่ป้อนไว้ในการตั้งค่าเพลตสำหรับการทดสอบดังกล่าว



วิธีเลือกโหมดการวิเคราะห์ข้อมูล

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

วงรอบที่จะวิเคราะห์

คุณสามารถจำกัดจำนวนรอบที่จะทำการวิเคราะห์ได้ และคุณยังสามารถวิเคราะห์ข้อมูลจากชุดรอบที่กำหนดได้อีกด้วย จำนวนรอบสูงสุดที่คุณสามารถทำการวิเคราะห์ได้คือ 50

หมายเหตุ: การลบรอบออกจากการเริ่มต้นการทดสอบอาจมีผลกระทบเป็นอย่างมากกับการกำหนดค่าพื้นฐาน

วิธีจำกัดการวิเคราะห์ข้อมูลให้อยู่ที่ช่วงของรอบที่กำหนด

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

กล่องโต้ตอบ Cycles to Analyze (วงรอบที่จะวิเคราะห์) จะปรากฏขึ้น

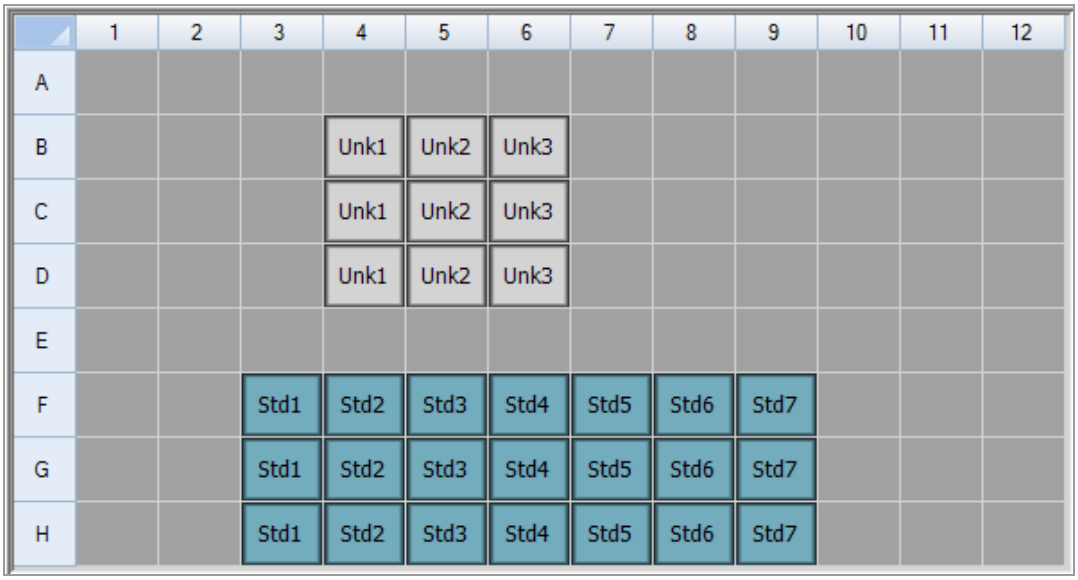
2 ป้อนค่าของรอบเริ่มต้นและรอบสิ้นสุด แล้วคลิก OK (ตกลง)

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

ตัวเลือกหลุม

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

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



วิธีการแสดงหรือซ่อนข้อมูลหลุม

▶ ในตัวเลือกหลุม ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- หากต้องการซ่อนหลุมหนึ่งหลุม ให้คลิกที่หลุมนั้น หากต้องการแสดงหลุมนั้น ให้คลิกที่หลุมนั้นอีกครั้ง
- หากต้องการซ่อนหลุมหลายหลุม ให้ลากผ่านหลุมที่คุณต้องการเลือก หากต้องการแสดงหลุมเหล่านั้น ให้ลากผ่านหลุมเหล่านั้นอีกครั้ง
- คลิกที่มุมซ้ายบนของเพลตเพื่อซ่อนหลุมทั้งหมด คลิกที่มุมบนซ้ายอีกครั้งเพื่อแสดงหลุมทั้งหมด
- คลิกที่จุดเริ่มต้นของคอลัมน์หรือแถวเพื่อซ่อนหลุมเหล่านั้น คลิกที่คอลัมน์หรือแถวอีกครั้งเพื่อแสดงหลุมเหล่านั้น

รายการเมนูคลิกขวาตัวเลือกหลุม

ตาราง 17 แสดงตัวเลือกคลิกขวาที่มีอยู่ในมุมมองตัวเลือกหลุม

ตาราง 17 รายการเมนูคลิกขวาในตัวเลือกหลุม

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

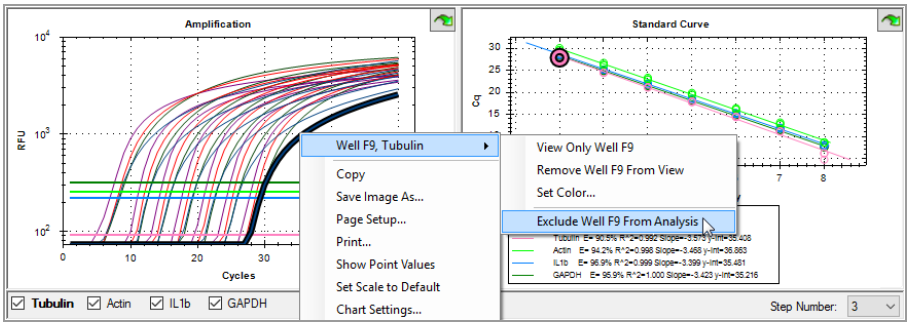
การแยกหลุมออกจากการวิเคราะห์ชั่วคราว

วิธีแยกหลุมออกจากการวิเคราะห์ข้อมูลชั่วคราว

1 คลิกขวาที่หลุมในตัวเลือกหลุม เมื่อต้องการแยกหลุมหลายหลุม คลิกขวาและลากเพื่อเน้นหลายหลุม การติดตามหรือจุดต่างๆ

2 จากเมนูคลิกขวา เลือกตัวเลือกที่เหมาะสม:

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



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

สำคัญ: คุณต้องป้อนสารในหลุมที่ถูกล้างแล้วอีกครั้ง

วิธีรวมหลุมที่ตัดออก

▶ คลิกขวาหลุมที่เหมาะสมในตัวเลือกหลุมและเลือก Well (หลุม) > Include Well in Analysis (รวมหลุมในการวิเคราะห์)

แผนภูมิ

แต่ละแผนภูมิในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)แสดงข้อมูลเป็นกราฟในรูปแบบอื่น และมีตัวเลือกสำหรับการปรับแก้และการส่งออกข้อมูลหรือกราฟิกแผนภูมิ

รายการเมนูคลิกขวาโดยทั่วไปสำหรับแผนภูมิ

ตาราง 18 มีรายการเมนูคลิกขวาที่พร้อมให้ใช้งานบนแผนภูมิ บางรายการมีให้ใช้งานสำหรับแผนภูมิทั้งหมด และรายการเหล่านี้ใช้เปลี่ยนวิธีแสดงข้อมูลได้หรือสามารถนำเข้าข้อมูลได้อย่างง่ายดายจากแผนภูมิ

ตาราง 18 รายการเมนูคลิกขวาสำหรับแผนภูมิ

Item (รายการ)	Function (ฟังก์ชัน)
Copy (คัดลอก)	คัดลอกแผนภูมิลงในคลิปบอร์ด
Save Image As (บันทึกรูปภาพเป็น)	บันทึกรูปภาพในขนาด ความละเอียด และประเภทไฟล์ที่ระบุ รูปแบบภาพที่พร้อมใช้งานคือ PNG (ค่าเริ่มต้น) JPG และ BMP
Page Setup (ตั้งค่าหน้ากระดาษ)	ดูภาพตัวอย่างและเลือกการตั้งค่าหน้าสำหรับพิมพ์
Print (พิมพ์)	พิมพ์แผนภูมิ
Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)	กลับสู่แผนภูมิไปยังมุมมองเริ่มต้นหลังจากขยายแผนภูมิ
Chart Options (ตัวเลือกแผนภูมิ)	เปิดหน้าต่าง Chart Options (ตัวเลือกแผนภูมิ) เพื่อเปลี่ยนแผนภูมิ รวมถึงเปลี่ยนชื่อ เลือกขีดจำกัดสำหรับแกน x และแกน y แสดงเส้นตาราง และแสดงเครื่องหมายย่อยในแกน

หมายเหตุ: รายการเมนูที่นำไปใช้กับแผนภูมิที่เฉพาะเจาะจงมีรายละเอียดอยู่ใน บท 10, รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล

การคัดลอกข้อมูลแผนภูมิลงในคลิปบอร์ด

คุณสามารถคัดลอกเนื้อหาของมุมมองแผนภูมิแล้ววางในแอปพลิเคชันใดๆ ที่ยอมรับไฟล์รูปภาพ bitmap

วิธีคัดลอกข้อมูลแผนภูมิลงในคลิปบอร์ด

1 จาก เมนูคลิกขวาของแผนภูมิ เลือก Copy (คัดลอก)

2 เปิดแอปพลิเคชันที่ยอมรับไฟล์ bitmap เช่น Microsoft Word

3 คลิกขวาแล้วเลือก Paste (วาง) เพื่อวางรูปภาพ bitmap จากคลิปบอร์ดลงในแอปพลิเคชัน

การปรับเปลี่ยนการตั้งค่าขีดจำกัดพื้นฐาน

ในโหมด Single Threshold (ขีดจำกัดเดียว) คุณสามารถปรับขีดจำกัดสารเรืองแสงได้โดยคลิกที่เส้นขีดจำกัดในแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) และเลื่อนตัวชี้เมาส์ในแนวตั้ง อีกวิธีหนึ่ง คุณสามารถระบุขีดจำกัดการข้ามที่แน่นอนสำหรับสารเรืองแสงที่เลือกได้

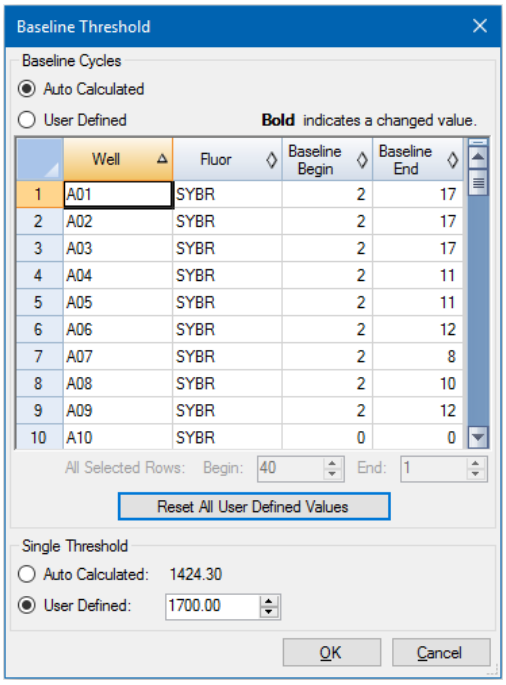
เคล็ดลับ: คุณสามารถระบุช่วงรอบเพื่อพิจารณาพื้นฐานสำหรับไฟล์ข้อมูลทั้งหมดได้ในแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ใน User (ผู้ใช้) > User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้)

วิธีการปรับรอบการเริ่มต้นและสิ้นสุดพื้นฐานสำหรับแต่ละหลุม

1 ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) ให้เลือกสารเรืองแสงเดี่ยวภายใต้แผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

2 จาก เมนูคลิกขวาของแผนภูมิ ให้เลือก Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน)

กล่องโต้ตอบ Baseline Threshold (ขีดจำกัดพื้นฐาน) จะปรากฏขึ้นมา



3 ในหัวข้อ Baseline Cycles (รอบพื้นฐาน) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

- หากต้องการเลือกหลุมหนึ่งหลุม ให้คลิกที่หมายเลขแถว
- หากต้องการเลือกหลุมที่อยู่ติดกันหลายหลุม ให้คลิกที่หมายเลขแถวของหลุมแรกและลากคอลัมน์ไปจนถึงหลุมสุดท้าย
- หากต้องการเลือกหลุมหลายหลุมที่ไม่ติดกัน ให้กดปุ่ม Control และคลิกที่หมายเลขแถวของแต่ละหลุมเป้าหมาย
- หากต้องการเลือกหลุมทั้งหมด ให้คลิกมุมบนซ้ายบนตาราง

4 ปรับรอบเริ่มต้นพื้นฐานและรอบสิ้นสุดพื้นฐานสำหรับหลุมที่เลือกทั้งหมด หรือเปลี่ยนหมายเลขรอบเริ่มต้นและสิ้นสุดที่ด้านล่างของสเปรดชีต

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

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและกลับไปที่แผนภูมิ

วิธีการระบุช่วงรอบสำหรับไฟล์ข้อมูลทั้งหมด

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

การเรียงลำดับข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่าง

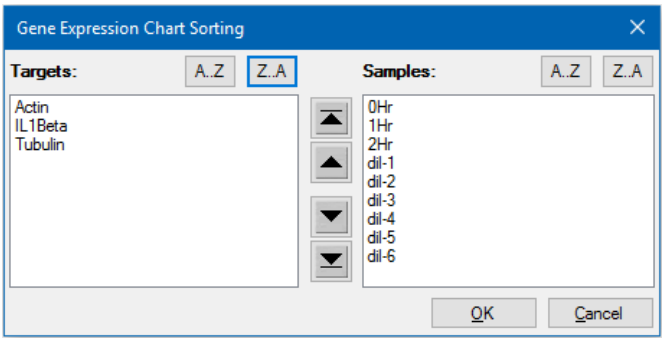
หมายเหตุ: ตัวเลือกนี้มีให้ใช้งานบนแผนภูมิการแสดงออกของยีนเท่านั้น

โดยค่าเริ่มต้น รายชื่อเป้าหมายและตัวอย่าง จะปรากฏตามลำดับตัวอักษร ใช้กล่องโต้ตอบ Sort (จัดเรียง) เพื่อจัดเรียงหน้าจอตามลำดับอักษรแบบย้อนกลับ หรือเพื่อย้ายคำๆ หนึ่งไปยังตำแหน่งอื่นในรายชื่อด้วยตนเอง

หากต้องการจัดเรียง ข้อมูลเป้าหมายและข้อมูลตัวอย่าง

1 จาก เมนูคลิกขวาของแผนภูมิ เลือก Sort (จัดเรียง)

กล่องโต้ตอบการจัดเรียงแผนภูมิการแสดงออกของยีนจะปรากฏขึ้น



2 ในกล่องโต้ตอบ คลิก Z-A เพื่อจัดเรียงรยการตามลำดับตัวอักษร

3 หากต้องการย้ายคำด้วยตนเอง ให้เลือกแล้วคลิกปุ่มที่เหมาะสมระหว่างแผนภูมิ ดังนี้

- คลิกลูกศร Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งหนึ่งๆ
- คลิกลูกศรบนแถบ Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งบนสุดหรือล่างสุดของรายชื่อ

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

การขยายพื้นที่ในแผนภูมิ

วิธีการขยายพื้นที่ในแผนภูมิ

▶ คลิกและลากผ่านแผนภูมิแล้วคลิก Zoom* (ซูม) ซอฟท์แวร์จะลดขนาดแผนภูมิลงและวางตำแหน่งพื้นที่ที่เลือกไว้ตรงกลาง

หมายเหตุ: * แผนภูมิแท่งไม่จำเป็นต้องคลิกที่คำสั่งป๊อปอัปซูม

วิธีการรีเซ็ตแผนภูมิเป็นมุมมองแบบเต็ม

▶ คลิกขวาที่แผนภูมิและเลือก Set Scale to Default (ตั้งค่าขนาดเป็นค่าเริ่มต้น)

การคัดลอกแผนภูมิไปยังไฟล์ Microsoft

คุณสามารถคัดลอกแผนภูมิข้อมูลลงในเอกสาร Microsoft Word, Excel หรือ PowerPoint ความละเอียดของรูปภาพจะเป็นไปตามความละเอียดของหน้าจออันเป็นที่มาของภาพดังกล่าว

วิธีคัดลอกแผนภูมิลงในไฟล์ Microsoft

1 ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) เลือก Copy (คัดลอก) จากเมนูคลิกขวาของแผนภูมิ

2 เปิดไฟล์ Microsoft ที่ยังว่างเปล่า แล้ววางเนื้อหาจากคลิปบอร์ด

อีกวิธีหนึ่งคือ คลิกที่ไอคอนคลิกแล้วลาก จากนั้นลากแผนภูมิไปวางลงในไฟล์ Microsoft

สเปรดชีต

สเปรดชีตที่แสดงใน Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ประกอบด้วยตัวเลือกสำหรับการเรียงลำดับและการถ่ายโอนข้อมูล จัดเรียงคอลัมน์ด้วยวิธีการใดวิธีการหนึ่งต่อไปนี้

- คลิกและลากคอลัมน์ไปยังตำแหน่งใหม่ในตารางที่เลือก
- คลิกที่หัวคอลัมน์เพื่อเรียงลำดับข้อมูลตามลำดับจากน้อยไปมากหรือมากไปน้อย

วิธีการจัดเรียงข้อมูลสูงสุดสามคอลัมน์ในหน้าต่าง Sort (เรียงลำดับ)

1 คลิกขวาที่สเปรดชีตและเลือก Sort (เรียงลำดับ)

2 ในกล่องโต้ตอบ Sort (เรียงลำดับ) ให้เลือกชื่อคอลัมน์แรกเพื่อทำการเรียงลำดับ เรียงลำดับข้อมูลตามลำดับจากน้อยไปมากหรือมากไปน้อย

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

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

ทำไฮไลต์ข้อมูลในแผนภูมิที่เกี่ยวข้องและตัวเลือกหลุมโดยนำตัวชี้เมาส์ไปไว้บนเซลล์ คลิกในเซลล์เพื่อคัดลอกและวางเนื้อหาลงในโปรแกรมซอฟต์แวร์อื่น

รายการเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับสเปรดชีต

ตาราง 19 แสดงรายการเมนูคลิกขวาที่มีอยู่ในมุมมองสเปรดชีต

ตาราง 19 รายการเมนูคลิกขวาสำหรับสเปรดชีต

Item (รายการ)	Function (ฟังก์ชัน)
Copy (คัดลอก)	คัดลอกสารในหลุมที่เลือกไปยังคลิปบอร์ด แล้ววางสารลงในสเปรดชีต เช่น Excel
Copy as Image (คัดลอกเป็นภาพ)	คัดลอกมุมมองสเปรดชีตเป็นไฟล์รูปภาพและวางในไฟล์ที่รับไฟล์รูปภาพ เช่น ไฟล์ข้อความ ไฟล์รูปภาพ หรือไฟล์สเปรดชีต
Print (พิมพ์)	พิมพ์มุมมองปัจจุบัน
Print Selection (พิมพ์การเลือก)	พิมพ์การเลือกปัจจุบัน
Export to Excel (ส่งออกเป็น Excel)	ส่งออกข้อมูลไปยังสเปรดชีต Excel

ตาราง 19 รายการเมนูคลิกขวาสำหรับสเปรดชีต (ต่อ)

Item (รายการ)	Function (ฟังก์ชัน)
Export to CSV (ส่งออกไปยัง CSV)	ส่งออกข้อมูลไปยังไฟล์ที่คั่นด้วยเครื่องหมายจุลภาค (.csv)
Export to Xml (ส่งออกไปยัง Xml)	ส่งออกข้อมูลไปยังไฟล์ Xml
Export to Html (ส่งออกไปยัง Html)	ส่งออกข้อมูลไปยังไฟล์ Html
Find (ค้นหา)	ค้นหาข้อความ
Sort (จัดเรียง)	เรียงข้อมูลสูงสุดสามคอลัมน์
Select Columns (เลือกคอลัมน์)	เลือกคอลัมน์ที่จะแสดงในสเปรดชีต

Export (ส่งออก)

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx มีสี่ตัวเลือกการส่งออกจากเมนูแบบเลื่อนลง Export (ส่งออก):

- Export All Data Sheets (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด)
- Custom Export (การส่งออกที่กำหนดเอง)
- Export to LIMS (ส่งออกไป LIMS)
- Seegene Export (การส่งออก Seegene)

Exporting All Data Sheets (ส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด)

คุณสามารถส่งออกมุมมองแผ่นงานทั้งหมดจากทุกแท็บของ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ไปยังแต่ละไฟล์ได้

วิธีส่งออกชุดข้อมูลทั้งหมด

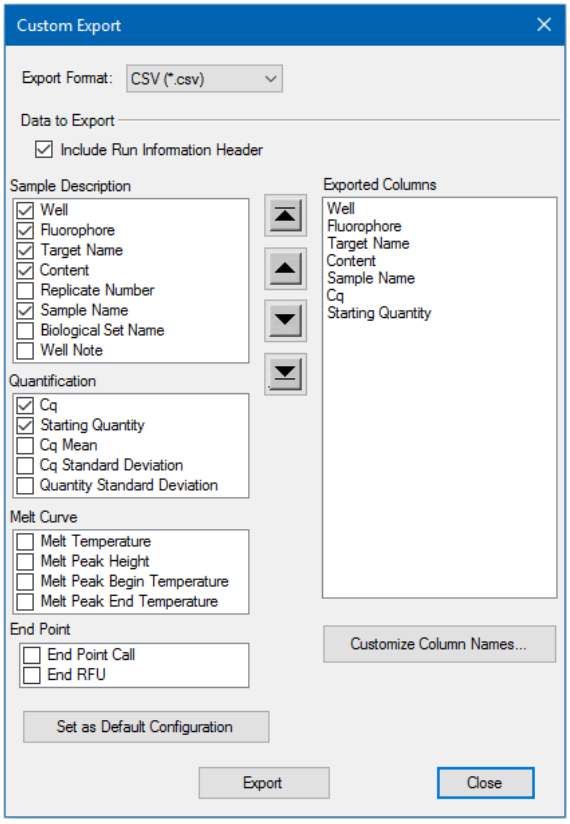
▶ เลือก Export (ส่งออก) > Export All Data Sheets (ชุดข้อมูลทั้งหมด) และเลือกประเภทไฟล์ที่คุณต้องการ:

- CSV (*.csv)
- Text (*.txt)
- Excel 2007 (*.xlsx)
- Excel 2003 (*.xls)
- XML (*.xml)

การสร้างไฟล์ส่งออกที่กำหนดเอง

วิธีสร้างไฟล์ส่งออกที่กำหนดเอง

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



2 เลือกรูปแบบการส่งออกจากรายการแบบเลื่อนลงที่แสดง

3 เลือกช่องทำเครื่องหมายที่รายการที่ต้องการส่งออก

4 (ไม่บังคับ) คลิก Custom Export (ส่งออกแบบกำหนดเอง) เพื่อเปลี่ยนชื่อคอลัมน์

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

6 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้ระบุชื่อไฟล์และตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ที่ส่งออก

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

ส่งออกไปยังโฟลเดอร์ LIMS

คุณสามารถส่งออกข้อมูลในรูปแบบไฟล์ที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้

วิธีการส่งออกข้อมูลในรูปแบบ LIMS

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

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

2 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้ระบุชื่อไฟล์และตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ที่ส่งออก

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

การส่งออกออกข้อมูลในรูปแบบ Seegene

คุณสามารถส่งออกข้อมูลได้จากมุมมองแผ่นงานทั้งหมดไปยังไฟล์ Excel ที่มีโครงสร้างสำหรับให้ Seegene, Inc. ใช้งานโดยเฉพาะ

วิธีส่งออกข้อมูลในรูปแบบเฉพาะของ Seegene

1 เลือก Export (ส่งออก) > Seegene Export (การส่งออก Seegene)

กล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) จะปรากฏขึ้น

2 ในกล่องโต้ตอบ Save As (บันทึกเป็น) ให้ระบุตำแหน่งโฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์ Seegene-formatted Excel (.xlsx) ที่ส่งออก

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกไฟล์ส่งออก

บท 10 รายละเอียดการวิเคราะห์ข้อมูล

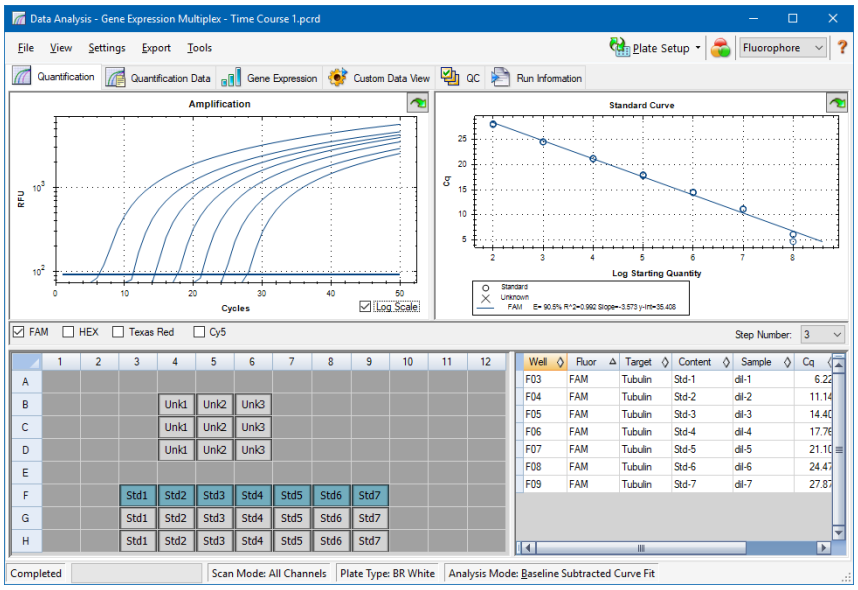
หน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx ประกอบด้วยแท็บสำหรับดูข้อมูลหลายแท็บ บทนี้จะอธิบายแท็บเหล่านี้โดยละเอียด

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

แท็บ Quantification (การหาปริมาณ)

ใช้ข้อมูลในแท็บการหาปริมาณเพื่อตั้งเงื่อนไขการวิเคราะห์ข้อมูล รวมทั้งการตั้งค่าพื้นฐานสำหรับแต่ละหลุมและการตั้งค่าขีดจำกัด แท็บ Quantification (การหาปริมาณ) จะแสดงข้อมูลในมุมมองสี่มุมมองต่อไปนี้

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



ตัวเลือกสารเรืองแสง

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

กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม)

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

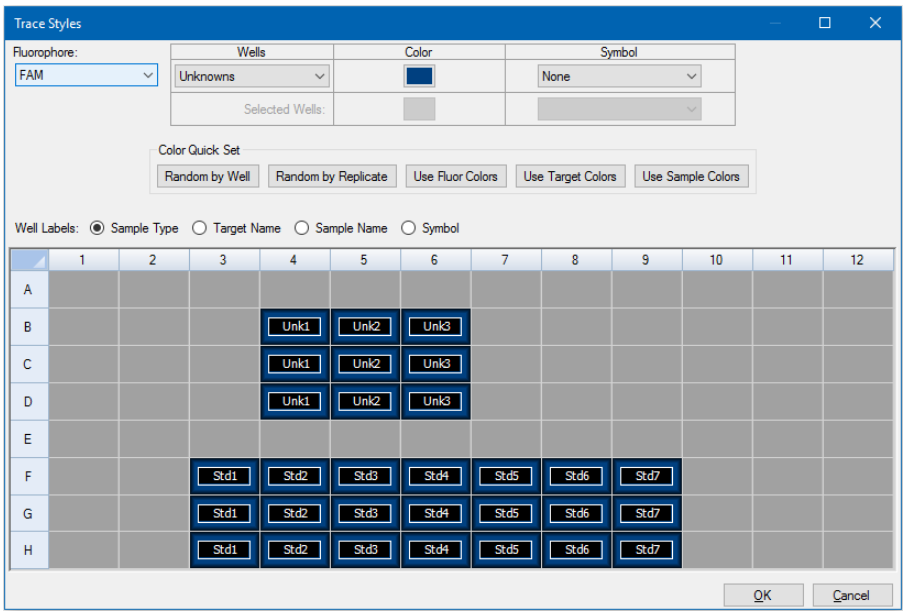
วิธีการปรับลักษณะการติดตาม

1 เลือกสารเรืองแสงเพียงหนึ่งชนิดภายใต้แผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ)

2 หากต้องการเปิดกล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) ให้ทำอย่างใดอย่างหนึ่งต่อไปนี้

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

กล่องโต้ตอบ Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) จะปรากฏขึ้นมา



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

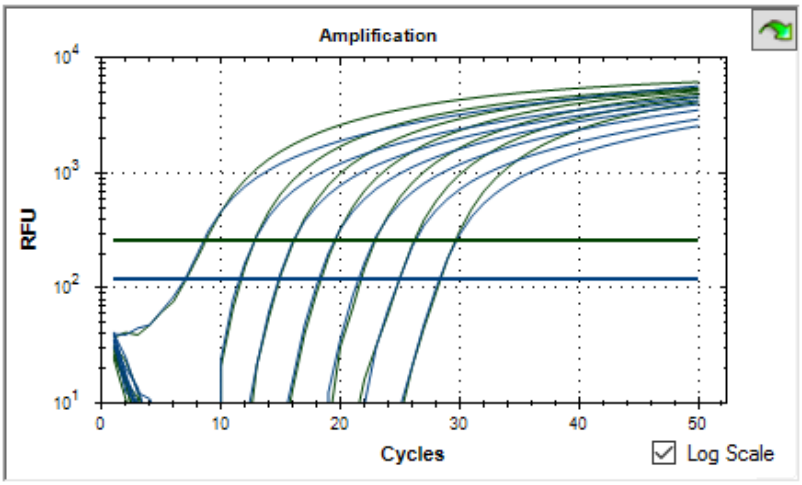
4 ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- หากต้องการเลือกสีสำหรับหลุมที่เลือก ให้คลิกกล่องในคอลัมน์ Color (สี)

- หากต้องการกำหนดสัญลักษณ์ให้กับหลุมที่เลือก ให้เลือกสัญลักษณ์จากรายการแบบเลื่อนลง Symbol (สัญลักษณ์)
- หากต้องการใส่สีให้กับหลุมอย่างรวดเร็วโดยใช้ปุ่มป้ายชื่อ ให้คลิกชุดด่วนที่เหมาะสม
  - Random by Well (สุ่มด้วยหลุม)
  - Random by Replicate (สุ่มด้วยการจำลอง)
  - Use Fluor Colors (ใช้สีของสารเรืองแสง)
  - Use Target Colors (ใช้สีของเป้าหมาย)
  - Use Sample Colors (ใช้สีของตัวอย่าง)
- หากต้องการกำหนดป้ายกำกับหลุม ให้เลือกระหว่างSample Type (ประเภทตัวอย่าง), Target Name (ชื่อเป้าหมาย), Sample Name (ชื่อตัวอย่าง) หรือ Symbol (สัญลักษณ์)

ตัวเลือก Log Scale (ขนาดการบันทึก)

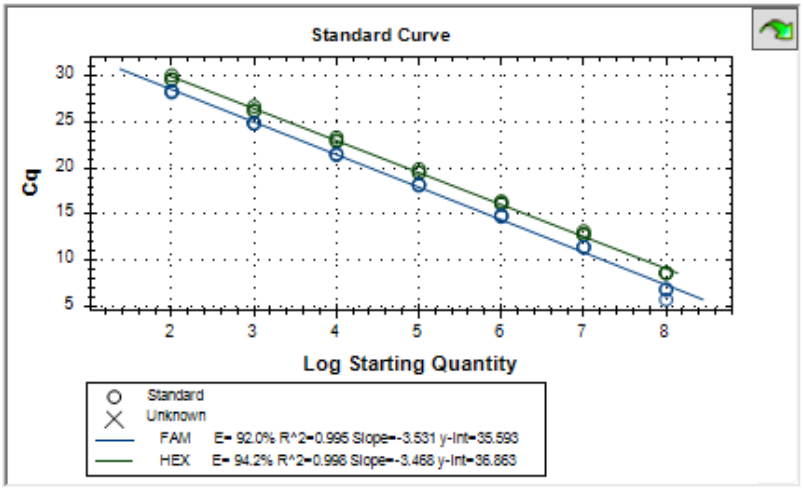
เลือก Log Scale (ขนาดการบันทึก) ใต้แผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) เพื่อดูการติดตามสารเรืองแสงในขนาด semilog:



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

แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน

ซอฟต์แวร์จะสร้างแผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐานในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) หากข้อมูลมีประเภทตัวอย่างที่กำหนดเป็น Std สำหรับสารเรืองแสงอย่างน้อยหนึ่งชนิดในการทดสอบ



แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐานแสดงข้อมูลต่อไปนี้

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

  หมายเหตุ: ประสิทธิภาพของปฏิกิริยาจะอธิบายว่าเป้าหมายของคุณมีการผลิตเท่าใดในแต่ละรอบในโปรโตคอล ประสิทธิภาพ 100% บ่งชี้ว่าคุณจะเพิ่มเป้าหมายเป็นสองเท่าในแต่ละรอบ
- ค่าสัมประสิทธิ์ของการกำหนด R^2 (เขียนเป็น R^2) ใช้สถิตินี้ในการพิจารณาว่าเส้นอธิบายข้อมูลได้ถูกต้องเพียงใด (ภาวะความพอดี)
- Slope (ความชัน)
- Y-intercept

ตัวเลือกเมนูแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

นอกเหนือไปจากตัวเลือกเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ (โปรดดู รายการเมนูคลิกขวาโดยทั่วไปสำหรับแผนภูมิ ในหน้า 166) ตาราง 20จะแสดงตัวเลือกเมนูที่มีอยู่ในแผนภูมิการเพิ่มปริมาณเท่านั้น

หมายเหตุ: แผนภูมิกราฟเส้นโค้งมาตรฐานจะให้เฉพาะตัวเลือกเมนูคลิกขวาที่ใช้บ่อย

ตาราง 20 รายการเมนูคลิกขวาและซ้ายของแผนภูมิการเพิ่มปริมาณ

ตัวเลือกเมนู	Function (ฟังก์ชัน)
Show Threshold Values (แสดงค่าขีดจำกัด)	แสดงค่าขีดจำกัดสำหรับกราฟเส้นโค้งการเพิ่มปริมาณแต่ละเส้นบนแผนภูมิ
Trace Styles (รูปแบบการติดตาม)	เปิดหน้าต่าง Trace Styles (ลักษณะการติดตาม) เพื่อเปลี่ยนลักษณะการติดตามที่ปรากฏบนแท็บ Quantification (การเพิ่มปริมาณ) และแท็บ Melt Curve
Baseline Thresholds (ขีดจำกัดพื้นฐาน)	จะเปิดหน้าต่าง Baseline Thresholds (ขีดจำกัดพื้นฐาน) เพื่อเปลี่ยนพื้นฐานหรือขีดจำกัดของฟลูออโรฟอร์แต่ละชุด (การเปลี่ยนแปลงจะปรากฏในแผนภูมิ Amplification (การเพิ่มปริมาณ) ในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ))

สเปรดชีตแท็บการหาปริมาณ

ตาราง 21 กำหนดข้อมูลที่จะแสดงในสเปรดชีตในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ)

ตาราง 21 เนื้อหาสเปรดชีตแท็บการหาปริมาณ

ข้อมูล	คำอธิบาย
Well (หลุม)	ตำแหน่งของหลุมในเพลต
Fluor (สารเรืองแสง)	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
Target (เป้าหมาย)	ชื่อเป้าหมายที่โหลดในหลุม Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
Content (สาร)	การรวมกันของประเภทตัวอย่าง (จำเป็น) และการจำลอง # (ไม่บังคับ) ที่โหลดไว้ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
Sample (ตัวอย่าง)	ชื่อตัวอย่างที่โหลดในหลุม Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
C_q	รอบการหาปริมาณสำหรับแต่ละการติดตาม

การเปลี่ยนเป้าหมาย เนื้อหา หรือข้อมูลตัวอย่าง

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

วิธีการเปลี่ยนข้อมูลในคอลัมน์ Content (เนื้อหา) Target (เป้าหมาย) และ Sample (ตัวอย่าง)

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

แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ)

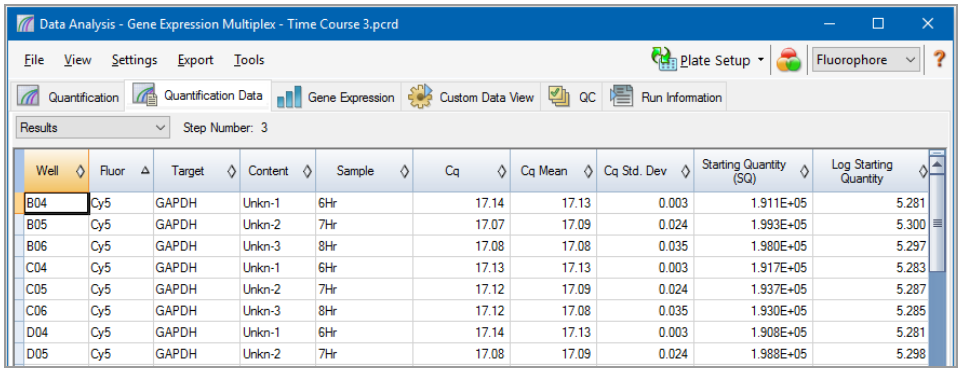
แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ) แสดงข้อมูลการหาปริมาณที่รวบรวมได้ในแต่ละหลุม ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx แสดงข้อมูลในมุมมองสเปรดชีตสี่แบบ

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

เลือกแต่ละสเปรดชีตจากรายการแบบเลื่อนลงที่ปรากฏใต้แท็บ Quantification Data (ข้อมูลการหาปริมาณ)

สเปรดชีตผลการทดสอบ

สเปรดชีตผลการทดสอบแสดงข้อมูลสำหรับแต่ละหลุมในเพลต



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

หมายเหตุ: Std. ทั้งหมด Dev (ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน) ใช้กับกลุ่มการจำลองที่กำหนดในหลุมในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) การคำนวณจะเฉลี่ยค่า C_q สำหรับแต่ละหลุมในกลุ่มการจำลอง

ตาราง 22 กำหนดข้อมูลที่จะปรากฏในสเปรดชีตผลการทดสอบ

ตาราง 22 เนื้อหาในสเปรดชีตผลการทดสอบ

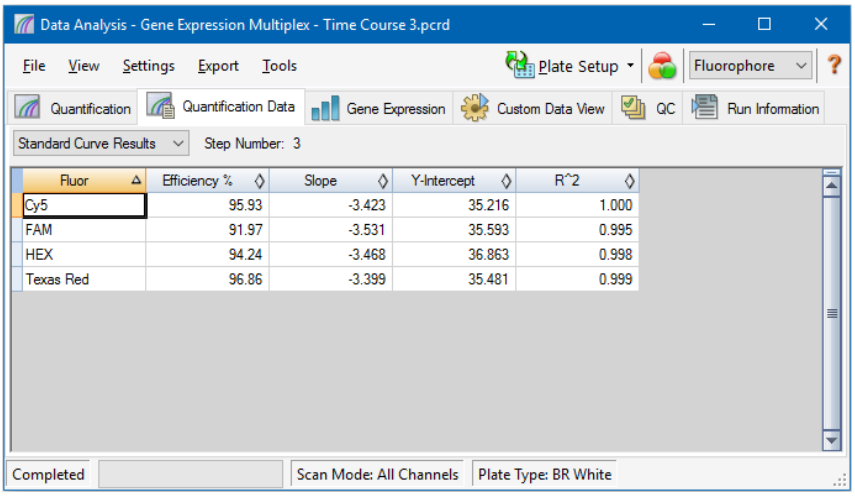
ข้อมูล	คำอธิบาย
Well (หลุม)	ตำแหน่งของหลุมในเพลต
Fluor (สารเรืองแสง)	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
Target (เป้าหมาย)	ชื่อเป้าหมายการเพิ่มปริมาณ (ยีน)

ตาราง 22 เนื้อหาในสเปรดชีตผลการทดสอบ (ต่อ)

ข้อมูล	คำอธิบาย
Content (สาร)	ประเภทตัวอย่างและการจำลอง #
Sample (ตัวอย่าง)	คำอธิบายตัวอย่าง
Biological Set Name (ชื่อชุดทางชีวภาพ)	ชื่อของชุดชีวภาพ
C_q	รอบการหาปริมาณ
C_q Mean (ค่าเฉลี่ย C_q)	ค่าเฉลี่ยของรอบการหาปริมาณของกลุ่มการจำลอง
C_q Std. Dev	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของรอบการหาปริมาณสำหรับกลุ่มการจำลอง
Starting Quantity (ปริมาณเริ่มต้น) (SQ)	การปริมาณเริ่มต้นของเป้าหมายโดยประมาณ
Log Starting Quantity (บันทึกปริมาณเริ่มต้น)	บันทึกของปริมาณเริ่มต้น
SQ Mean (ค่าเฉลี่ย SQ)	ค่าเฉลี่ยของปริมาณเริ่มต้น
SQ Std. Dev	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณเริ่มต้นในทุกการจำลอง

สเปรดชีตผลการทดสอบสำหรับเส้นโค้งมาตรฐาน

แผ่นงานผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐานแสดงพารามิเตอร์กราฟเส้นโค้งมาตรฐานที่คำนวณได้



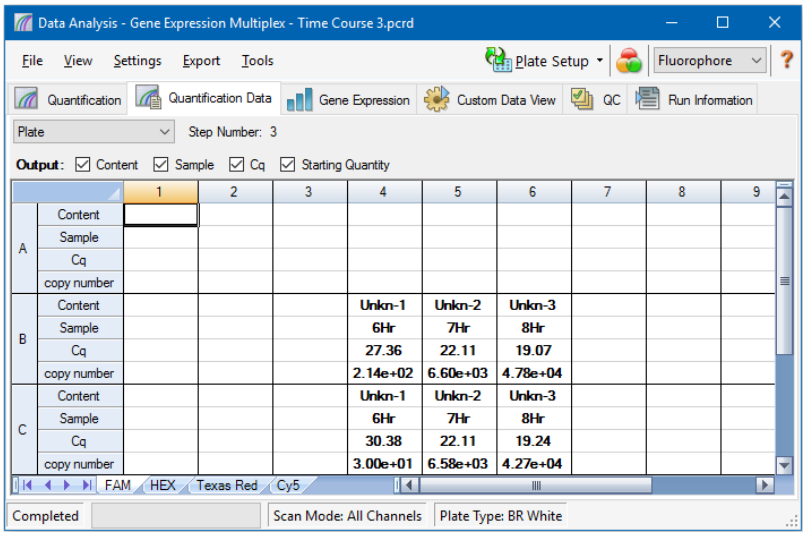
ตาราง 23 จะระบุข้อมูลที่ปรากฏในแผ่นงานชีตผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

ตาราง 23 เนื้อหาแผ่นงานผลลัพธ์กราฟเส้นโค้งมาตรฐาน

ข้อมูล	คำอธิบาย
Fluor (หรือ Target)	ฟลูออโรฟอร์ (หรือเป้าหมาย) ที่ตรวจพบ
Efficiency (%)	ค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา
Slope (ความชัน)	ความชันของกราฟเส้นโค้งมาตรฐาน
Y-intercept	จุดที่กราฟเส้นโค้งตัดกับแกน y
R^2	สัมประสิทธิ์ในการคำนวณ

สเปรดชีตเพลต

แผ่นงานเพลตจะแสดงแผนที่เพลตของข้อมูลสำหรับฟลูออโรฟอร์หนึ่งชุดในเวลาหนึ่ง



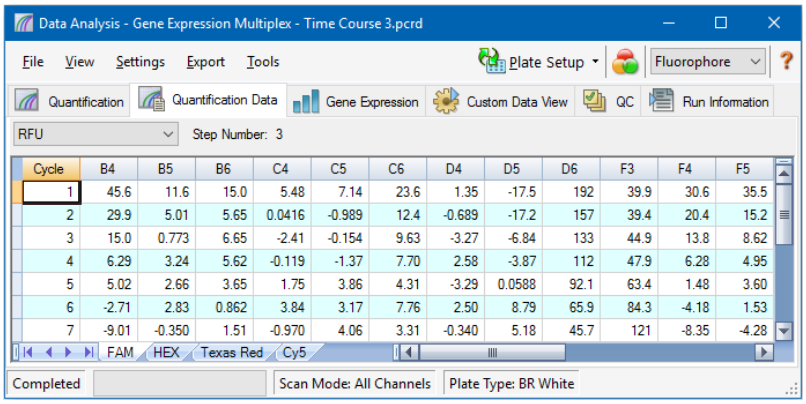
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
A	Content									
	Sample									
	Cq									
	copy number									
B	Content				Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3			
	Sample				6Hr	7Hr	8Hr			
	Cq				27.36	22.11	19.07			
	copy number				2.14e+02	6.60e+03	4.78e+04			
C	Content				Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3			
	Sample				6Hr	7Hr	8Hr			
	Cq				30.38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

วิธีดูข้อมูลสำหรับฟลูออโรฟอร์หนึ่งๆ

▶ คลิกที่แท็บของฟลูออโรฟอร์ที่ด้านล่างของแผ่นงาน

สเปรดชีต RFU

แผ่นงาน RFU จะแสดงหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์ (RFU) ที่อ่านสำหรับแต่ละหลุมที่ได้รับในแต่ละรอบของการทำงาน หมายเลขหลุมจะปรากฏที่ด้านบนของแต่ละคอลัมน์และหมายเลขรอบจะปรากฏที่ด้านซ้ายของแต่ละแถว



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

แท็บ Melt Curve

Disclaimer (ขีดจำกัดความรับผิดชอบ): Bio-Rad ไม่ให้สิทธิ์ในการใช้การวิเคราะห์ Melt Curve ในการวิเคราะห์อุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่ด้วยความละเอียดสูงในงานด้านการวินิจฉัยโรคภายนอกร่างกายในมนุษย์หรือสัตวแพทย์ นอกจากนี้ ผู้ซื้อยังมีหน้าที่รับผิดชอบในการขอรับสิทธิ์ในทรัพย์สินทางปัญญาซึ่งอาจจำเป็นสำหรับการใช้งานเฉพาะ

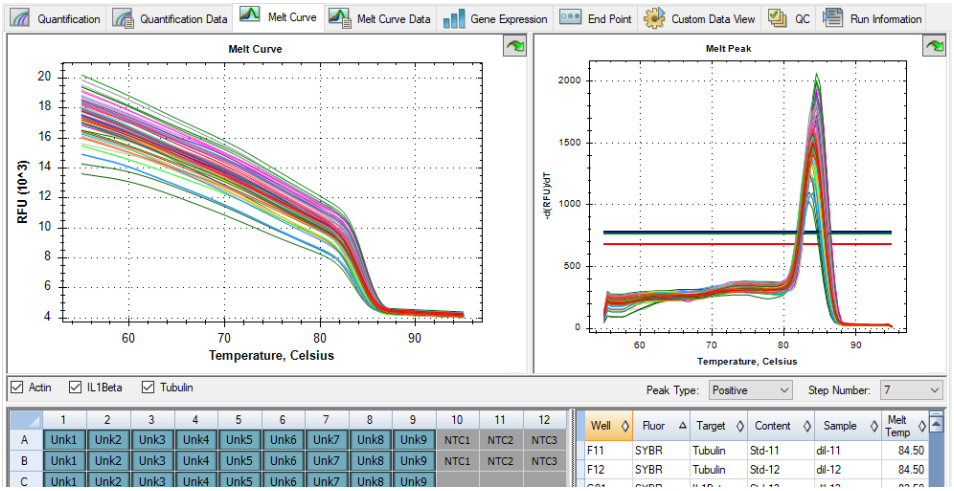
สำหรับสีย้อมการจับคู่ของดีเอ็นเอและโพรบตรวจสอบกระบวนการไฮบริไดเซชันแบบตัดย่อยไม่ได้ สารเรืองแสงจะมีความสว่างที่สุดเมื่อดีเอ็นเอสองสายหลอมรวมกัน ดังนั้น ขณะที่อุณหภูมิเพิ่มขึ้นไปจนถึงอุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่ (T_m) สารเรืองแสงจะลดลงในอัตราคงที่ (ความลาดชันคงที่) ที่ T_m มีการลดลงของสารเรืองแสงอย่างมากพร้อมกับการเปลี่ยนแปลงของความลาดชันที่สังเกตได้ อัตราการเปลี่ยนแปลงนี้จะถูกกำหนดโดยการพล็อตรีเกรสชันแรกของสารเรืองแสงที่มีค่าเป็นลบเทียบกับอุณหภูมิ (-d(RFU)/dT) อัตราการเปลี่ยนแปลงที่มากที่สุดในผลการทดสอบสารเรืองแสงใน Peaks ที่มองเห็นและแสดงถึง T_m ของโครงสร้างเชิงซ้อนของดีเอ็นเอเกลียวคู่

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะพล็อตข้อมูล RFU ที่เก็บรวบรวมระหว่างทำ Melt Curve ในฐานะที่เป็นฟังก์ชันของอุณหภูมิ หากต้องการวิเคราะห์ข้อมูล Melt Peak ซอฟต์แวร์จะกำหนดอุณหภูมิเริ่มต้นและอุณหภูมิสิ้นสุดของจุดสูงสุดแต่ละจุดโดยการเลื่อนแถบขีดจำกัด พื้นของพื้นที่จุดสูงสุดระบุด้วยตำแหน่งของแถบขีดจำกัดอุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่ จุดสูงสุดที่ถูกต้องจะต้องมีความสูงต่ำสุดเมื่อเทียบกับระยะห่างระหว่างแถบขีดจำกัดและความสูงของจุดที่สูงที่สุด

แท็บ Melt Curve จะแสดง T_m (อุณหภูมิที่ใช้แยกสายคู่) ของผลิตภัณฑ์ PCR ที่เพิ่มปริมาณขึ้นในสี่มุมมอง

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

  หมายเหตุ: สเปรดชีตนี้แสดงจุดสูงสุดได้มากที่สุดสองจุดสำหรับแต่ละการติดตาม หากต้องการดูจุดสูงสุดเพิ่มเติม ให้คลิกแท็บ Melt Curve Data (ข้อมูล Melt Curve)



ตาราง 24 ในหน้า 186 จะกำหนดข้อมูลที่ปรากฏในสเปรดชีต Melt Curve

ตาราง 24 เนื้อหาสเปรดชีต Melt Curve

ข้อมูล	คำอธิบาย
Well (หลุม)	ตำแหน่งของหลุมในเพลต
Fluor (สารเรืองแสง)	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
Content (สาร)	การรวมกันของประเภทตัวอย่างและจำนวนการจำลอง
Sample (ตัวอย่าง)	ชื่อของตัวอย่างที่โหลดลงในตัวแก้ไขเพลต
Melt Temp (อุณหภูมิที่แยกสายคู่)	อุณหภูมิของ Melt Peak สำหรับแต่ละหลุม **หมายเหตุ:** เฉพาะจุดที่สูงที่สุดเพียง 2 จุดเท่านั้นที่จะปรากฏในสเปรดชีตนี้

การปรับข้อมูล Melt Curve

หากต้องการปรับข้อมูล Melt Curve

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

แท็บข้อมูล Melt Curve

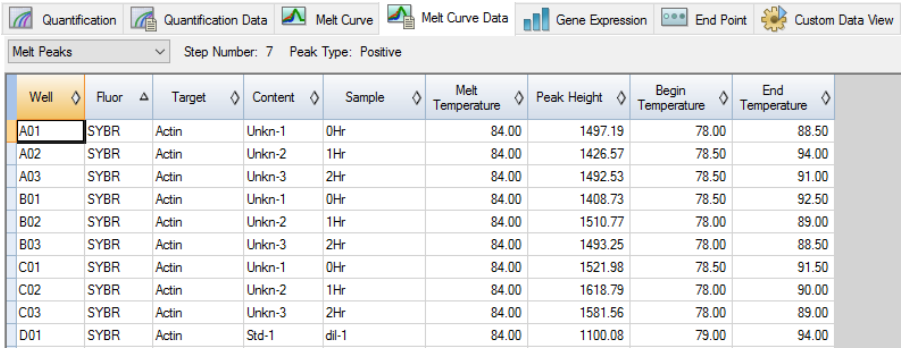
แท็บข้อมูล Melt Curve จะแสดงข้อมูลจากแท็บ Melt Curve ในสเปรดชีตหลายแผ่น ซึ่งรวมถึง Melt Peak ทั้งหมดสำหรับแต่ละการติดตาม มีตัวเลือกสเปรดชีตสี่ตัวเลือกเพื่อดูข้อมูล Melt Curve

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

เลือกแต่ละสเปรดชีตจากรายการแบบเลื่อนลงที่อยู่ใต้แท็บข้อมูล Melt Curve

สเปรดชีต Melt Peak

แผ่นงาน Melt Peak แสดงข้อมูล Melt Curve ทั้งหมด



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

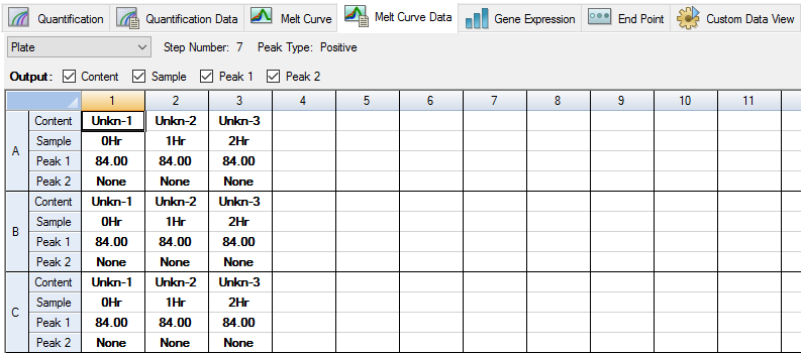
ตาราง 25 ในหน้า 189 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในแผ่นงานการเลือกปฏิบัติของสเปรดชีต Melt Peak

ตาราง 25 เนื้อหาในแผ่นงาน Melt Peak

ข้อมูล	คำอธิบาย
Well (หลุม)	ตำแหน่งของหลุมในเพลต
Fluor (สารเรืองแสง)	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
Content (สาร)	ประเภทสารตัวอย่างได้ถูกทำรายการไว้ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
Target (เป้าหมาย)	เป้าหมายในการเพิ่มปริมาณ (ยีน)
Sample (ตัวอย่าง)	ชื่อสารตัวอย่างได้ถูกทำรายการไว้ในหน้าต่าง Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)
Melt Temperature (อุณหภูมิหลอมละลาย)	อุณหภูมิหลอมละลายของสารแต่ละประเภท ได้ถูกทำรายการไว้เป็นหนึ่งพีค (สูงสุด) ต่อแถวในแผ่นงาน
Peak Height (ความสูงของพีค)	Height of the peak (ความสูงของพีค)
Begin Temperature (อุณหภูมิเริ่มต้น)	อุณหภูมิเริ่มต้นของพีค
End Temperature (อุณหภูมิสิ้นสุด)	อุณหภูมิสิ้นสุดของพีค

สเปรดชีตเพลต

แผ่นงานเพลตแสดงข้อมูล Melt Curve ในรูปแบบเพลต



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

หมายเหตุ: หาต้องการปรับพีคตามความต้องการของซอฟต์แวร์ ให้ปรับเส้นเกณฑ์ในแผนภูมิ Melt Peak ที่แท็บ Melt Curve

ตาราง 26 ในหน้า 190 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในแผ่นงานการเลือกปฏิบัติของสเปรดชีตเพลต

ตาราง 26 เนื้อหาในแผ่นงานเพลต

ข้อมูล	คำอธิบาย
Content (สาร)	การรวมประเภทตัวอย่าง (จำเป็น) และการจำลอง # (ไม่จำเป็น)
Sample (ตัวอย่าง)	คำอธิบายตัวอย่าง
Peak 1	Melt Peak อันดับหนึ่ง (สูงสุด)
Peak 2	Melt Peak อันดับสอง (รองมา)

สเปรดชีต RFU

สเปรดชีต RFU แสดงการเรืองแสงสำหรับแต่ละหลุมในแต่ละรอบที่ได้รับระหว่างที่ทำ Melt Curve

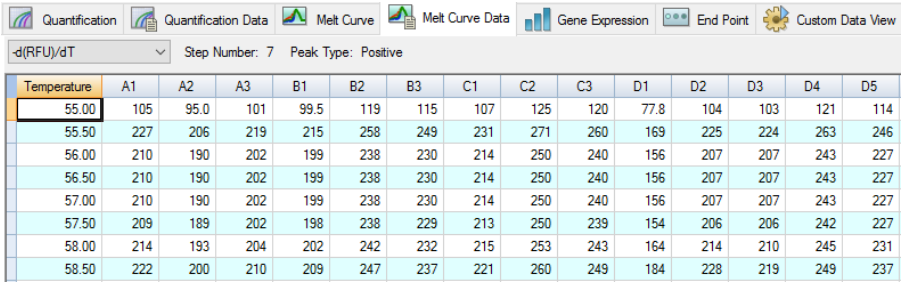
ตาราง 27 กำหนดข้อมูลที่จะแสดงในสเปรดชีต RFU

ตาราง 27 เนื้อหาในสเปรดชีต RFU

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

สเปรดชีต -d(RFU)/dT

แผ่นงาน -d(RFU)/dT — แสดงอัตราการเปลี่ยนแปลงที่เป็นลบใน RFU เมื่ออุณหภูมิ (T) เปลี่ยนแปลง



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

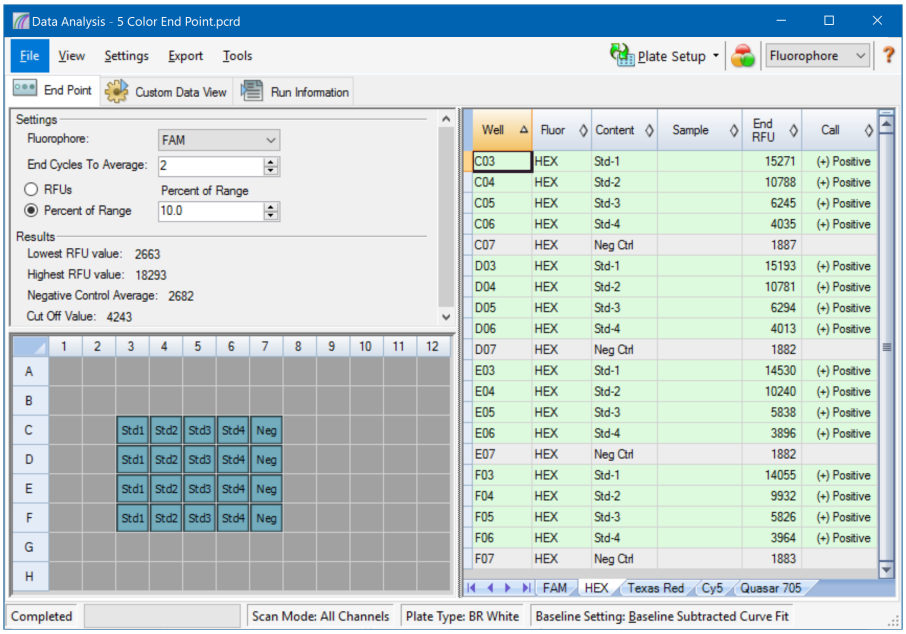
ตาราง 28 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในแผ่นงาน -d(RFU)/dT

ตาราง 28 เนื้อหาในแผ่นงาน -d(RFU)/dT

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

แท็บ End Point (จุดสิ้นสุด)

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



ในการวิเคราะห์ข้อมูลจุดสิ้นสุด เพลตจะต้องมีตัวอย่างควบคุมผลลบ ไม่เช่นนั้นซอฟต์แวร์จะไม่สามารถบอกค่าได้ เรียกใช้หนึ่งในโปรโตคอลสองประเภทนี้

- เรียกใช้โปรโตคอล Quantification (การหาปริมาณ) ตั้งค่าโปรโตคอลมาตรฐาน หลังจากเสร็จสิ้นการทดสอบ ให้เปิดหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ปรับการตั้งค่าการวิเคราะห์ข้อมูลในแท็บ Quantification (การหาปริมาณ) แล้วคลิกแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) เพื่อเลือกรอบจุดสิ้นสุด
- เรียกใช้โปรโตคอล End Point Only (จุดสิ้นสุดเท่านั้น) โหลดโปรโตคอล End Point Only (จุดสิ้นสุดเท่านั้น) ในแท็บ Plate (เพลต) ของหน้าต่าง Run Setup (เรียกใช้การตั้งค่า) เลือกหรือสร้างเพลต และเริ่มทำการทดสอบ

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

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

เมื่อการดำเนินการเสร็จสิ้น ไฟล์ข้อมูลจะเปิดขึ้นที่แท็บ End Point (จุดสิ้นสุด) ซึ่ง ประกอบด้วยหัวข้อต่าง ๆ ต่อไปนี้

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

Results Data (ข้อมูลผลลัพธ์)

ส่วน Results (ผลลัพธ์) จะแสดงข้อมูลต่อไปนี้

- ค่า Lowest RFU (RFU ต่ำสุด) — ค่า RFU ต่ำสุดในข้อมูล
- ค่า Highest RFU (RFU สูงสุด) — ค่า RFU สูงสุดในข้อมูล
- Negative Control Average (ค่าเฉลี่ยตัวอย่างควบคุมผลลบ) — ค่า RFU เฉลี่ยสำหรับหลุมที่มีตัวอย่างควบคุมผลลบ
- Cut Off Value (ค่า Cut Off) — คำนวณโดยการเพิ่มความคลาดเคลื่อน (ค่า RFU หรือ Percentage of Range (ค่าร้อยละของช่วง) ที่แสดงใน Settings (การตั้งค่า)) และค่าเฉลี่ยของตัวอย่างควบคุมผลลบ ตัวอย่างที่มีค่า RFU ที่มากกว่าค่า Cut Off จะเรียกว่า “ผลบวก” วิธีปรับค่า Cut Off ให้เปลี่ยนแปลงค่า RFU หรือ Percentage of Range (ค่าร้อยละของช่วง)

ค่า Cut Off จะคำนวณโดยใช้สูตรนี้:

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

เลือกความคลาดเคลื่อนโดยวิธีการหนึ่งในวิธีการเหล่านี้:

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

การปรับการวิเคราะห์ข้อมูลจุดสิ้นสุด

วิธีการปรับข้อมูลในแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด)

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- เลือกสารเรืองแสงจากรายการแบบเลื่อนลง
- เลือก End Cycle (รอบสิ้นสุด) เป็นค่า Average (เฉลี่ย) เพื่อกำหนดจำนวนรอบที่จะคำนวณ RFU จุดสิ้นสุดเฉลี่ย
- เลือก RFU เพื่อดูข้อมูลในหน่วยสารเรืองแสงสัมพัทธ์
- เลือก Percentage of Range (ค่าร้อยละของช่วง) เพื่อดูข้อมูลเป็นเปอร์เซ็นต์ของช่วง RFU
- เลือกหลุมในตัวเลือกหลุมเพื่อมุ่งเน้นไปที่ชุดย่อยของข้อมูล
- เลือกกลุ่มหลุมเพื่อดูและวิเคราะห์ส่วนย่อยของหลุมในเพลต เลือกกลุ่มหลุมแต่ละกลุ่มด้วยชื่อในเมนูแบบเลื่อนลง Well Group (กลุ่มหลุม) ในแถบเครื่องมือ

สเปรดชีต RFU สำหรับ End Point Analysis (การวิเคราะห์จุดสิ้นสุด)

ตาราง 29 กำหนดข้อมูลที่จะแสดงในแผ่นงาน RFU ในแท็บ End Point (จุดสิ้นสุด)

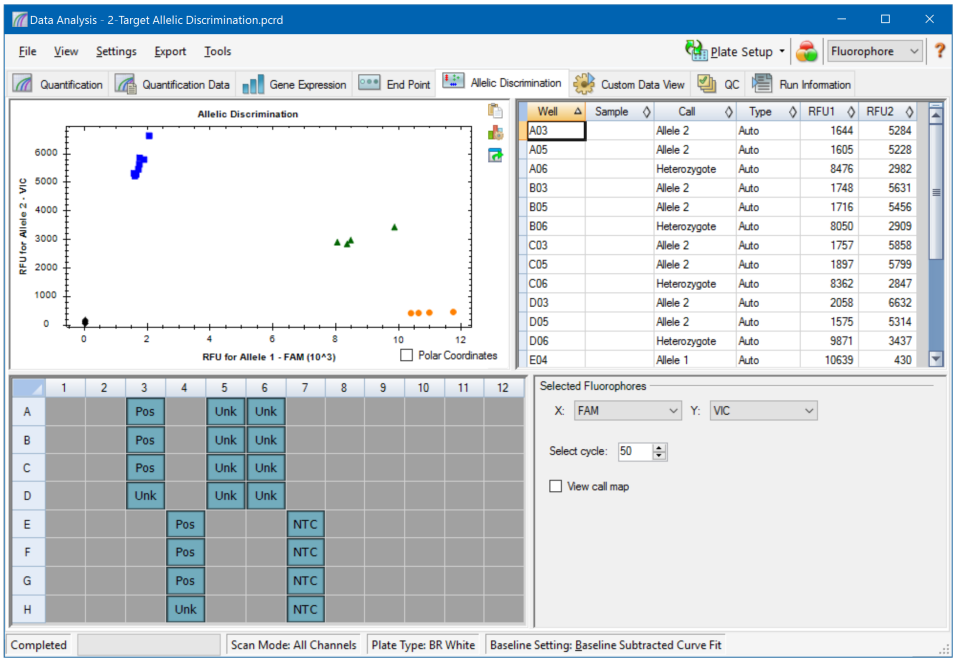
ตาราง 29 เนื้อหาแผ่นงาน End Point (จุดสิ้นสุด)

ข้อมูล	คำอธิบาย
Well (หลุม)	ตำแหน่งของหลุมในเพลต
Fluor (สารเรืองแสง)	สารเรืองแสงที่ตรวจจับได้
Content (สาร)	การรวมกันของประเภทตัวอย่างกับ Replicate # (การจำลอง #)
End RFU (RFU สิ้นสุด)	RFU ที่รอบจุดสิ้นสุด
Call (บอก)	ค่าบวกหรือค่าลบ โดยตัวอย่างที่เป็นบวกมีค่า RFU ที่มากกว่า RFU เฉลี่ยของตัวอย่างควบคุมผลลบบวกด้วย Cut Off Value (ค่า Cut Off)
Sample (ตัวอย่าง)	ชื่อตัวอย่างที่โหลดไว้ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต)

แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล)

แท็บ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล) กำหนดจีโนไทป์ลงในหลุมที่มีตัวอย่างที่ไม่ทราบที่มา ใช้ข้อมูลเหล่านี้เพื่อระบุตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ที่แตกต่างกัน ได้แก่ Allele 1 (อัลลีล 1), Allele 2 (อัลลีล 2), Heterozygote (เฮเทอโรไซโกต), No Call (no amplification) (ไม่บอกค่า (ไม่มีการเพิ่มปริมาณ)) หรือ Undetermined (ระบุไม่ได้)

หมายเหตุ: ข้อมูลสำหรับการแยกอัลลีลต้องมาจากการใช้เทคนิคมัลติเพล็กซ์ที่มีสารเรืองแสงอย่างน้อยสองชนิด สารเรืองแสงแต่ละชนิดจะเป็นตัวระบุหนึ่งอัลลีลในทุกตัวอย่าง



การวิเคราะห์ด้วยการแยกอัลลีลจำเป็นต้องมีสารในหลุมต่อไปนี้เป็นอย่างน้อย

- สารเรืองแสงสองชนิดในแต่ละหลุม
- ตัวอย่าง NTC (ไม่มีการควบคุมเทมเพลต) สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลที่ดีที่สุด

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx มีสี่ตัวเลือกในการที่จะดูข้อมูลการแยกอัลลีล ดังนี้

- Allelic Discrimination chart (แผนภูมิการแยกอัลลีล) — แสดงข้อมูลในกราฟ RFU สำหรับอัลลีล 1/อัลลีล2 แต่ละจุดในกราฟแสดงข้อมูลจากสารเรืองแสงทั้งสองชนิดในหนึ่งหลุม คุณสามารถสลับระหว่างพิกัดคาร์ทีเซียนกับพิกัดเชิงขั้วได้โดยเลือกและเคลียร์ช่องทำเครื่องหมายพิกัดเชิงขั้ว Cartesian Coordinates (พิกัดคาร์ทีเซียน) แสดง RFU สำหรับอัลลีล 1 บนแกน x และ RFU สำหรับอัลลีล 2 บนแกน y Polar Coordinates (พิกัดเชิงขั้ว) แสดงมุมบนแกน x และระยะห่างของ RFU บนแกน y จากต้นกำเนิด (ค่ามัธยฐานของ NTC ทั้งหมด)
- Well spreadsheet (สเปรดชีทของหลุม) แสดงข้อมูลการแยกอัลลีลที่เก็บรวบรวมไว้ในแต่หลุมของเพลต

- Well selector (ตัวเลือกหลุม) เลือกหลุมที่มีข้อมูลอัลลีลที่คุณต้องการแสดง
- แผง Selected Fluorophores (สารเรืองแสงที่เลือก) เปลี่ยนป้ายกำกับแกน x และแกน y ในแผนภูมิ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีน) วงรอบที่จะทำการวิเคราะห์ และกำหนดว่าจะแสดงแผนที่การบอกค่าหรือไม่

การปรับข้อมูลสำหรับการแยกอัลลีล

ซอฟต์แวร์จะกำหนดจีโนไทป์ให้กับหลุมที่มีตัวอย่างที่ไม่ทราบที่มาโดยอัตโนมัติตามตำแหน่งของ NTC และมุมแลระยะห่างของจุดข้อมูลที่ไม่รทราบจาก NTC

วิธีการปรับข้อมูลการแยกอัลลีล

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- หากต้องการแสดงพิกัดเชิงขั้ว ให้เลือกช่องทำเครื่องหมายในแผนภูมิ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีน)
- หากต้องการดูสารเรืองแสงอื่น ให้เลือกจากรายการแบบเลื่อนลงในแผงควบคุม Selected Fluorophores (สารเรืองแสงที่เลือก)
- หากต้องการเปลี่ยนการบอก ให้ลากผ่านจุดข้อมูลแผนภูมิ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีน) และเลือกตัวเลือกในรายการ Selected Wells (หลุมที่เลือก):
  - ☐ Allele 1 (อัลลีล 1)
  - ☐ Allele 2 (อัลลีล 1)
  - ☐ Heterozygote (เฮเทอโรไซโกต)
  - ☐ Undetermined (ระบุไม่ได้)
  - ☐ No Call (ไม่มีการบอก)
  - ☐ Auto Call (การบอกอัตโนมัติ)

  เคล็ดลับ: เลือก Auto Call (บอกอัตโนมัติ) เพื่อกลับไปใช้ค่าการบอกเริ่มต้น

ตัวเลือกเมนูแผนภูมิ

นอกเหนือไปจากตัวเลือกเมนูคลิกขวาทั่วไปสำหรับแผนภูมิ (โปรดดูรายการเมนูคลิกขวาโดยทั่วไปสำหรับแผนภูมิ ในหน้า 166) ตาราง 30 จะแสดงรายการตัวเลือกเมนูที่มีอยู่ในแผนภูมิ Allelic Discrimination (การแยกอัลลีน)

ตาราง 30 ตัวเลือกเมนูแผนภูมิการแยกอัลลีลขวาและซ้าย

ตัวเลือกเมนู	Function (ฟังก์ชัน)
Zoom (ซูม)	โฟกัสมุมมองแผนภูมิไปยังพื้นที่ที่เลือก (โดยคลิกและลากเคอร์เซอร์ในแผนภูมิ) **เคล็ดลับ:** ในการเรียกคืนการซูมเพื่อแสดงจุดข้อมูลทั้งหมด ให้คลิกขวาและเลือก Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)
Well (หลุม)	สำหรับหลุมที่เลือก มีตัวเลือกคือ แสดงเฉพาะหลุมนี้, ลบหลุมนี้ออกจากมุมมอง ตั้งค่าสีสำหรับการติดตามนี้ หรือไม่รวมหลุมนี้ในการวิเคราะห์
Selected Wells (หลุมที่เลือก)	สำหรับหลุมที่เลือก (เลือกโดยคลิกและลากเคอร์เซอร์ในแผนภูมิ) มีตัวเลือกคือ แสดงเฉพาะหลุมเหล่านี้ ลบหลุมเหล่านี้ออกจากมุมมอง ตั้งค่าสีสำหรับการติดตามเหล่านี้ หรือไม่รวมหลุมเหล่านี้ในการวิเคราะห์

สเปรดชีตการแยกอัลลีล

ตาราง 31 แสดงข้อมูลที่จะปรากฏในแผ่นงานการแยกอัลลีล

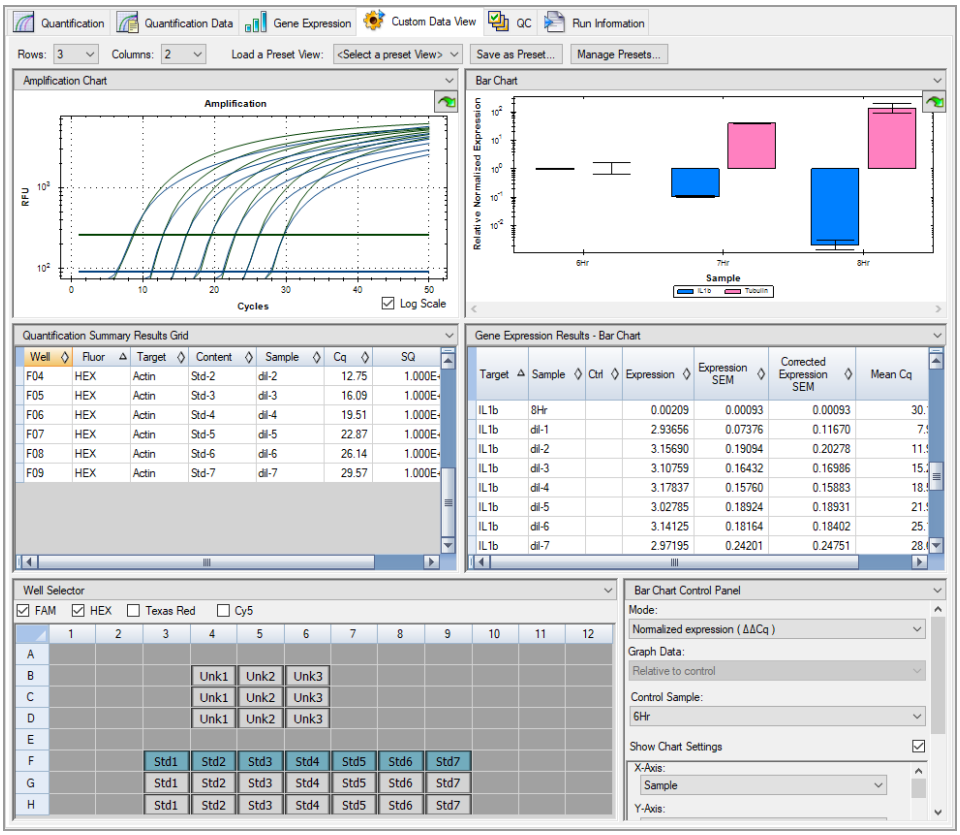
ตาราง 31 เนื้อหาแผ่นงานการแยกอัลลีล

ข้อมูล	คำอธิบาย
Well (หลุม)	ตำแหน่งของหลุมในเพลต
Sample (ตัวอย่าง)	คำอธิบายชื่อตัวอย่าง
Call (บอก)	ลักษณะของอัลลีล รวมถึงอัลลีล1 อัตโนมัติ, อัลลีล 2, เฮเทอโรไซโกต, No Call (ไม่มีการบอก) หรือระบุไม่ได้
Type (ชนิด)	Auto (อัตโนมัติ) หรือ Manual (แบบแมนนวล) จะอธิบายถึงวิธีการบอก อัตโนมัติจะหมายถึงว่า ซอฟต์แวร์เลือกการบอก Manual จะหมายถึงว่า ผู้ใช้เลือกการบอก
RFU1	RFU สำหรับ Allele1
RFU2	RFU สำหรับ Allele2

แท็บมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง

แท็บ Custom Data View (มุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง) แสดงบานหน้าต่างหลายบานพร้อมกันในรูปแบบที่ปรับแต่งได้

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



การสร้างมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง

หากต้องการสร้างมุมมองข้อมูลที่กำหนดเอง

▶ ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

- เลือกมุมมองที่กำหนดไว้ล่วงหน้าจากรายการแบบเลื่อนลง
- เลือกมุมมองแผนภูมิอื่นจากรายการแบบเลื่อนลงที่อยู่ด้านบนของแต่ละบานหน้าต่าง
- เปลี่ยนจำนวนแถวและคอลัมน์ในแท็บ
- เปลี่ยนขนาดของแต่ละบานหน้าต่าง ลากแถบที่ด้านนอกของแต่ละบานหน้าต่าง

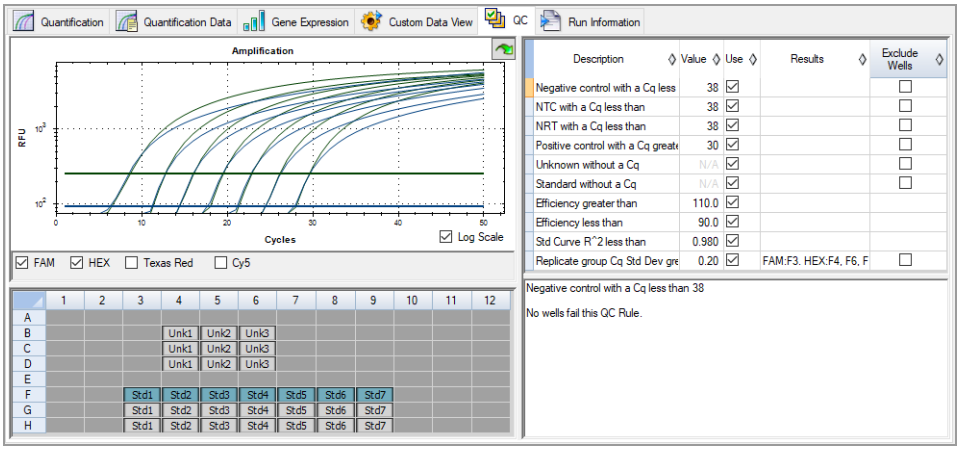
คลิก Save as Preset (บันทึกเป็นค่าที่กำหนดไว้ล่วงหน้า) เพื่อบันทึกมุมมองที่ปรับแต่งเป็นเทมเพลตที่กำหนดไว้ล่วงหน้า คลิก Manage Presets (จัดการค่าที่กำหนดไว้ล่วงหน้า) เพื่อลบ เปลี่ยนชื่อ หรือคืนค่ามุมมองที่กำหนดไว้ล่วงหน้าที่มีอยู่

แท็บ QC

ใช้แท็บ QC เพื่อเข้าถึงคุณภาพของข้อมูลที่ทำงานโดยขึ้นกับกฎที่ระบุไว้ในแท็บ QC

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ให้ตัวเลือกสี่ข้อสำหรับการดูข้อมูล QC:

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



การเปลี่ยนเกณฑ์การควบคุมคุณภาพ

หากต้องการเปลี่ยนเกณฑ์การควบคุมคุณภาพ

▶ เลือกหรือเคลียร์ช่องทำเครื่องหมาย Use (ใช้) เพื่อบังคับใช้หรือยกเว้นกฎในการควบคุมคุณภาพ

การตัดหลุมที่ไม่ผ่านการควบคุมคุณภาพออก

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx แสดงหลุมที่ไม่ผ่านเกณฑ์การควบคุมคุณภาพในคอลัมน์ Results (ผลลัพธ์) ในตารางกฎการควบคุมคุณภาพและในบานหน้าต่างสรุป

วิธีการตัดหลุมที่ไม่ผ่านเกณฑ์การควบคุมคุณภาพออก

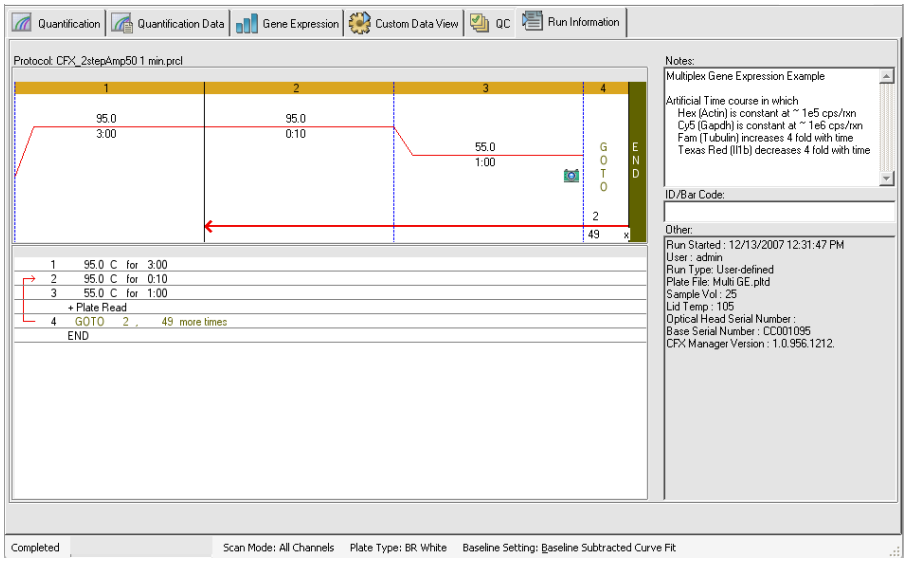
▶ เลือก Exclude Wells (ตัดหลุมออก) สำหรับแต่ละหลุมที่ต้องการตัดออก

แท็บ Run Information (เรียกใช้ข้อมูล)

แท็บ Run Information (เรียกใช้ข้อมูล) จะแสดงโปรโตคอลและข้อมูลอื่น ๆ เกี่ยวกับแต่ละการทดสอบ ใช้แท็บนี้เพื่อดำเนินการดังต่อไปนี้

- ดูโปรโตคอล
- ป้อนหรือแก้ไขบันทึกเกี่ยวกับการทดสอบ
- ป้อนหรือแก้ไข ID หรือบาร์โค้ดสำหรับการทดสอบ
- ดูเหตุการณ์ที่อาจเกิดขึ้นระหว่างทำการทดสอบ ใช้ข้อความเหล่านี้เพื่อช่วยแก้ไขปัญหาในการทดสอบ

เคล็ดลับ: คลิกขวาที่ Protocol (โปรโตคอล) เพื่อคัดลอก ส่งออก หรือปริ้นท์ คลิกขวาที่ Notes (บันทึก), ID/Bar Code (ID/บาร์โค้ด) หรือบานหน้าต่างอื่น ๆ เพื่อ ตัด คัดลอก วาง ลบ หรือเลือกข้อความ

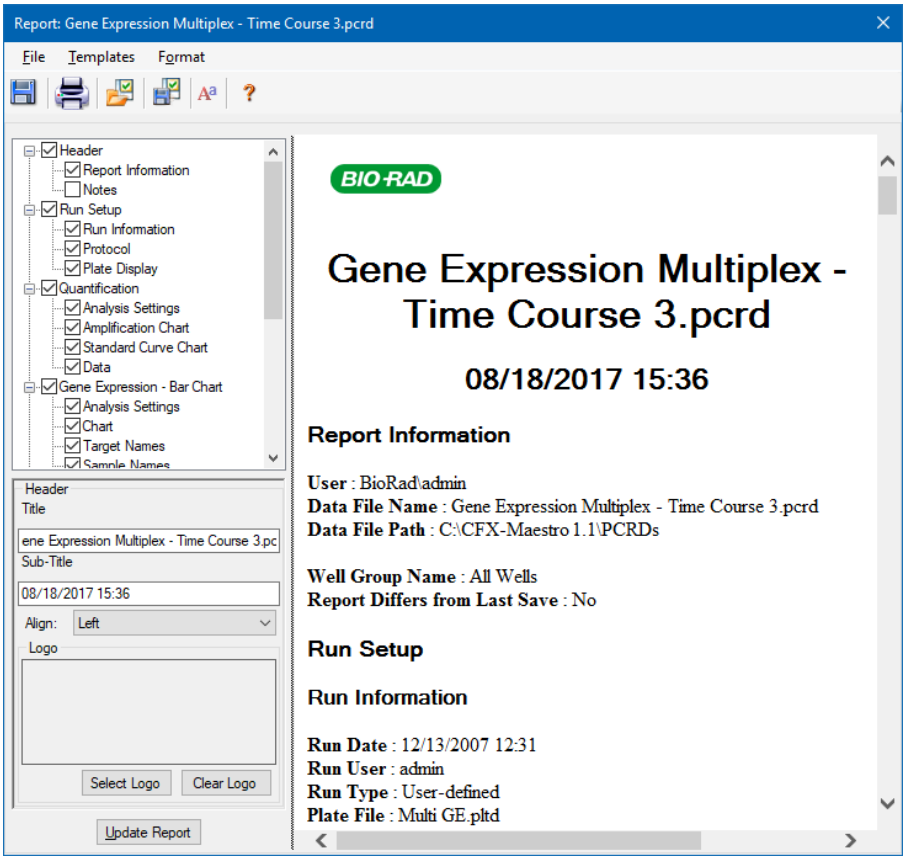


รายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

กล่องโต้ตอบการรายงานแสดงผลข้อมูลเกี่ยวกับไฟล์ข้อมูลปัจจุบันในหน้าต่าง Data Analysis Melt Study (การศึกษาการหลอมละลาย) ในการเปิดรายงาน ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reports (รายงาน)

กล่องโต้ตอบ Report (รายงาน) ประกอบด้วยส่วนต่างๆ ดังต่อไปนี้

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



ประเภทรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

ตาราง 32 แสดงรายการตัวเลือกทั้งหมดที่พร้อมใช้งานสำหรับรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล โดยขึ้นอยู่กับชนิดของข้อมูลในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

ตาราง 32 ประเภทรายงานรายงานการวิเคราะห์ข้อมูลในรายการตัวเลือก

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
Header (หัวข้อ)		
		ชื่อเรื่อง คำบรรยาย และโลโก้สำหรับรายงาน
	Report Information (ข้อมูลรายงาน)	วันที่ทำการทดสอบ ชื่อผู้ใช้ ชื่อไฟล์ข้อมูล เส้นทางไฟล์ข้อมูล และกลุ่มของหลุมที่เลือก
	Audit Information (ข้อมูลการตรวจสอบ)	ข้อมูลเสริมที่จำเป็นสำหรับการตรวจสอบ ซึ่งรวมถึงลายเซ็น
	Notes (บันทึก)	บันทึกเกี่ยวกับรายงานข้อมูล
Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ)		
	Run Information (ข้อมูลการเรียกใช้)	วันที่ทำการทดสอบ ชื่อผู้ใช้ ชื่อไฟล์ข้อมูล เส้นทางไฟล์ข้อมูล และกลุ่มของหลุมที่เลือก
	Protocol (โปรโตคอล)	มุมมองข้อความของขั้นตอนและตัวเลือกโปรโตคอล
	Plate Display (การแสดงเพลต)	มุมมองเพลตของข้อมูลในแต่ละหลุมของเพลต
Quantification (การหาปริมาณ)		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	หมายเลขขั้นตอนการเก็บข้อมูล โหมดการวิเคราะห์ และวิธีการลบพื้นฐาน
	Amplification Chart (แผนภูมิการเพิ่มปริมาณ)	แผนภูมิการเพิ่มปริมาณสำหรับบำการทดสอบที่มีข้อมูลการหาปริมาณ
	Standard Curve Chart (แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน)	แผนภูมิเส้นโค้งมาตรฐาน
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม

ตาราง 32 ประเภทรายงานรายงานการวิเคราะห์ข้อมูลในรายการตัวเลือก (ต่อ)

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — แผนภูมิแท่ง		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	โหมดการวิเคราะห์ ข้อมูลแผนภูมิ ตัวเลือกการปรับขนาด และข้อผิดพลาดของแผนภูมิ
	Chart (แผนภูมิ)	สำเนาแผนภูมิแท่ง
	Target Names (ชื่อเป้าหมาย)	แผนภูมิของชื่อเป้าหมาย
	Sample Names (ชื่อตัวอย่าง)	แผนภูมิของชื่อตัวอย่าง
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
	Target Stability (ความคงตัวของเป้าหมาย)	แผนภูมิแสดงค่าความคงตัวของเป้าหมาย
Gene Expression (การแสดงออกของยีน) — คลัสเตอร์แกรมและแผนภาพกระจาย		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	การตั้งค่าสำหรับแผนภูมิแต่ละประเภท
	Chart (แผนภูมิ)	สำเนาแผนภูมิ
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละเป้าหมาย
Melt Curve (เส้นโค้งอุณหภูมิที่แยกสายคู่)		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	การตั้งค่าหมายเลขขั้นตอนอุณหภูมิที่แยกสายคู่และแถบขีดจำกัด
	Melt Curve Chart (แผนภูมิ Melt Curve)	แผนภูมิ Melt curve
	Melt Peak Chart (แผนภูมิ Melt Peak)	แผนภูมิ Melt peak
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
Allelic Discrimination (การแยกอัลลีล)		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	แสดงสารเรืองแสง วงรอบ และดูแผนที่การบอกค่า

ตาราง 32 ประเภทรายงานรายงานการวิเคราะห์ข้อมูลในรายการตัวเลือก (ต่อ)

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
	Allelic Discrimination Chart (แผนภูมิการแยกอัลลีล)	สำเนาแผนภูมิการแยกอัลลีล
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
End Point (จุดสิ้นสุด)		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	สารเรืองแสง หยุดวงรอบไปที่ค่าเฉลี่ย โหมด ค่า RFU ต่ำสุด ค่า RFU สูงสุด และค่า Cut Off
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละหลุม
QC Parameters (พารามิเตอร์การควบคุมคุณภาพ)		
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการพารามิเตอร์สำหรับกฎการควบคุมคุณภาพแต่ละกฎ

การสร้างรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

คุณสามารถบันทึกเค้าโครงของรายงานให้เป็นเทมเพลต ซึ่งคุณสามารถนำกลับมาใช้งานกับรายงานที่คล้ายคลึงกันได้

วิธีการสร้างรายงานการวิเคราะห์ข้อมูล

1 ทำการปรับสารที่อยู่ในหลุมครั้งสุดท้าย หลุมที่เลือก แผนภูมิ และใบงานในหน้าต่างการวิเคราะห์ข้อมูลก่อนที่จะจัดทำรายงาน

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

3 เลือกตัวเลือกที่คุณต้องการใส่ไว้ในรายงาน รายงานจะเปิดขึ้นโดยตัวเลือกเริ่มต้นที่เลือกไว้ เลือกหรือล้างช่องทำเครื่องหมายเพื่อเปลี่ยนทั้งหมวดหมู่หรือตัวเลือกต่าง ๆ ภายในหมวดหมู่

หมายเหตุ: ข้อมูลที่ปรากฏในรายงานจะขึ้นอยู่กับการเลือกปัจจุบันภายในแท็บของหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ตัวอย่างเช่น การคำนวณเชิงปริมาณอาจไม่มีเส้นโค้งมาตรฐาน และข้อมูลเหล่านี้จึงไม่ปรากฏในหน้าต่างการวิเคราะห์ข้อมูลหรือในรายงานข้อมูล

4 เปลี่ยนลำดับของหมวดหมู่และรายการในรายงาน ลากตัวเลือกไปยังตำแหน่งสัมพัทธ์ สามารถจัดเรียงรายการใหม่ภายในหมวดหมู่ที่รายการนั้นอยู่เท่านั้น

5 (ไม่บังคับ) ในหน้าต่าง Report Options (ตัวเลือกรายงาน) ให้ป้อนข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับตัวเลือกที่เลือก

- เลือกส่วนย่อยของข้อมูลที่จะแสดงในรายงาน
- เลือกการตั้งค่าเฉพาะสำหรับตัวเลือกที่เลือก
- เปลี่ยนข้อความเพื่อแสดงตัวเลือกที่เลือก

6 คลิก Update Report (อัปเดตรายงาน) เพื่ออัปเดต Report Preview (รายงานตัวอย่าง) เมื่อมีการเปลี่ยนแปลงใดๆ

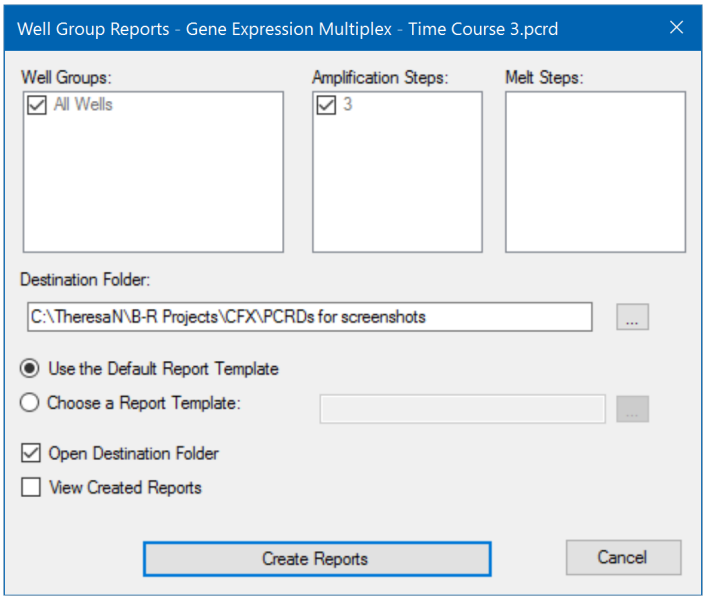
7 พิมพ์หรือบันทึกรายงาน คลิกปุ่ม Print Report (พิมพ์รายงาน) ในแถบเครื่องมือเพื่อพิมพ์รายงานปัจจุบัน เลือก File (ไฟล์) > Save (บันทึก) เพื่อบันทึกรายงานในรูปแบบไฟล์ PDF (ไฟล์ Adobe Acrobat Reader) และเลือกตำแหน่งที่จะบันทึกไฟล์ เลือก File (ไฟล์) > Save As (บันทึกเป็น) เพื่อบันทึกรายงานด้วยชื่อใหม่หรือในตำแหน่งใหม่

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

การสร้างรายงานกลุ่มหลุม

วิธีสร้างรายงานกลุ่มหลุม

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



2 ในกล่องโต้ตอบ Well Group Reports (รายงานกลุ่มหลุม) ให้เลือกกลุ่มช่อง ขั้นตอนการเพิ่มปริมาณ และขั้นตอนการหลอมที่ต้องการเพิ่มลงในรายงาน

3 ป้อนพาธหรือไปที่โฟลเดอร์ปลายทางที่ต้องการให้บันทึกรายงานไว้

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

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

6 คลิก Create Reports (สร้างรายงาน)

บท 11 การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

คุณสามารถใช้ซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx เพื่อทำการทดสอบการแสดงออกของยีนเพื่อปรับความแตกต่างสัมพัทธ์ในความเข้มข้นเป้าหมายของตัวอย่างให้เป็นบรรทัดฐานโดยใช้การควบคุมที่มีคุณภาพอย่างเข้มงวดในปฏิกิริยาของคุณได้ โดยปกติแล้ว จะใช้ระดับการแสดงออกสำหรับยีนอ้างอิงอย่างน้อยหนึ่งยีนในการปรับระดับการแสดงออกของยีนที่สนใจให้เป็นบรรทัดฐาน ยีนอ้างอิงจะคำนึงถึงความแตกต่างในการโหลดหรือตัวแปรอื่น ๆ ที่แสดงในแต่ละตัวอย่าง และระดับการแสดงออกของตัวอย่างเหล่านั้นไม่ควรได้รับผลกระทบในระบบชีวภาพที่กำลังศึกษาอยู่

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

ซอฟต์แวร์จะคำนวณระดับการแสดงออกสัมพัทธ์ของเป้าหมายด้วยสถานการณ์ใดสถานการณ์หนึ่งต่อไปนี้

- ระดับการแสดงออกสัมพัทธ์ของลำดับพันธุกรรมเป้าหมาย (เป้าหมาย 1) เทียบกับเป้าหมายอื่น (เป้าหมาย 2) ตัวอย่างเช่น จำนวนยีนหนึ่งยีนที่สัมพันธ์กับยีนอีกหนึ่งยีนภายใต้การควบคุมตัวแปรสำหรับตัวอย่างแบบเดียวกัน
- ระดับการแสดงออกสัมพัทธ์ของลำดับพันธุกรรมเป้าหมายหนึ่งในหนึ่งตัวอย่างเทียบกับเป้าหมายเดียวกันภายใต้การควบคุมตัวแปรสำหรับตัวอย่างที่ต่างกัน ตัวอย่างเช่น ปริมาณสัมพัทธ์ของยีนหนึ่งยีนเมื่อเทียบกับตัวมันเองภายใต้สภาวะเวลา ภูมิศาสตร์ หรือการพัฒนาที่แตกต่างกัน

การตั้งค่าเพลตสำหรับการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

วิธีการดำเนินการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน สารในหลุมต้องมีดังต่อไปนี้

- อย่างน้อยสองเป้าหมาย — สองเป้าหมายที่แสดงถึงยีนที่เพิ่มปริมาณขึ้นที่แตกต่างกันหรือลำดับในตัวอย่างของคุณ
- อย่างน้อยหนึ่งเป้าหมายอ้างอิง — อย่างน้อยหนึ่งเป้าหมายต้องเป็นเป้าหมายอ้างอิงสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐาน กำหนดเป้าหมายอ้างอิงทั้งหมดในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลในโหมด Normalized Expression (การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน) ($\Delta\Delta C_q$) การทดสอบที่ไม่มีการอ้างอิงต้องวิเคราะห์โดยใช้โหมด Relative Expression mode (การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานสัมพัทธ์) (ΔC_q)

- ตัวอย่างทั่วไป — ปฏิกิริยาของคุณต้องมีตัวอย่างทั่วไป (ต้องมีอย่างน้อยสองตัวอย่าง) เพื่อดูข้อมูลที่พล็อตไว้ในแท็บ (Gene Expression) การแสดงออกของยีน ตัวอย่างเหล่านี้ควรแสดงการควบคุมหรือเงื่อนไขที่แตกต่างกันสำหรับแต่ละลำดับเป้าหมายของคุณ กำหนดตัวอย่างควบคุม (ตัวเลือก) ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) หากไม่เลือกตัวควบคุม ซอฟต์แวร์จะใช้ C_q ต่ำสุดเป็นตัวควบคุม

ข้อกำหนดสำหรับการตั้งค่า Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) จะขึ้นอยู่กับว่าสารในปฏิกิริยาเป็น singleplex PCR ที่มีฟลูออโรฟอร์ชนิดหนึ่งในปฏิกิริยา หรือ multiplex PCR ที่มีฟลูออโรฟอร์มากกว่าหนึ่งชนิดในปฏิกิริยา

การตั้งค่าเพลตที่แนะนำ

หากการตั้งค่าเพลตของข้อมูลไฟล์ไม่ประกอบด้วยข้อมูลที่จำเป็นสำหรับการวิเคราะห์และมีการเลือกแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ช่องว่างที่มักมีแผนภูมิแท่งแสดงอยู่จะมีด้วยคำแนะนำในการป้อนข้อมูลนี้ สำหรับการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน ให้ดำเนินการขั้นตอนต่อไปนี้:

1 กำหนดชื่อ Target (เป้าหมาย) และ Sample (ตัวอย่าง) โดยใช้สิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้:

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

2 เลือกอย่างน้อยหนึ่งเป้าหมายอ้างอิงรายการและตัวอย่างควบคุมโดยใช้กล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

   หากเค้าโครงเพลตมีข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่างแล้ว จำเป็นต้องใช้เฉพาะขั้นตอนที่สองเท่านั้นและจะเน้นเป็นสีส้ม ขั้นตอนนี้ต้องเสร็จสิ้นก่อนที่การวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานจะเกิดขึ้นได้

   หมายเหตุ: ข้อมูลสำหรับ คลัสเตอร์แกรมและแผนภาพกระจาย จะปรากฏเฉพาะเมื่อเป็นไปตามข้อกำหนดทั้งหมดสำหรับการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานภายใต้ Plate Setup (การตั้งค่าเพลต) สำหรับ Gene Expression Analysis (การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน)

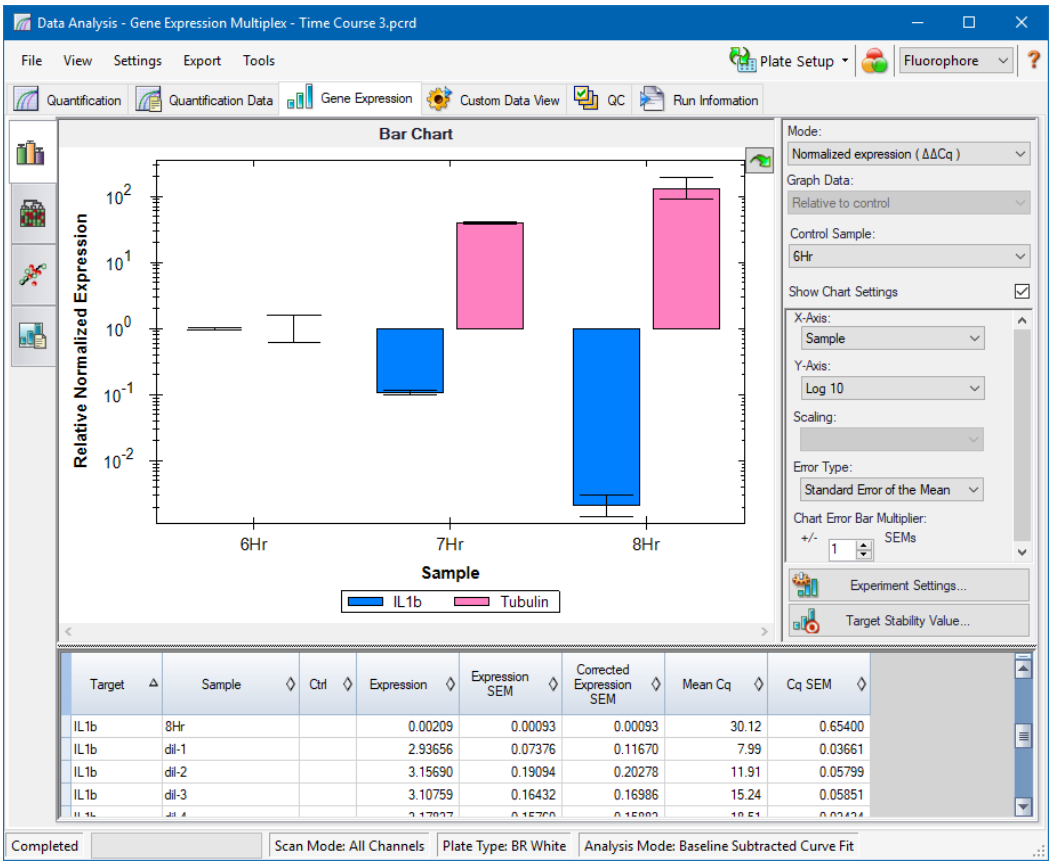
แผนภูมิการแสดงออกของยีน

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนในหลายมุมมอง ตาราง 33 แสดงรายการตัวเลือกที่มีอยู่ในซอฟต์แวร์

ตาราง 33 ตัวเลือกแผนภูมิการแสดงออกของยีน

Button (ปุ่ม)	Name (ชื่อ)	Function (ฟังก์ชัน)
	แผนภูมิแท่ง	แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานในรูปแบบแผนภูมิแท่ง
	คลัสเตอร์แกรม	แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานในลำดับชั้นตามระดับความคล้ายคลึงกันของการแสดงออกสำหรับเป้าหมายและตัวอย่างต่างๆ
	แผนภาพกระจาย	แสดงการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานของเป้าหมายสำหรับตัวอย่างควบคุมเทียบกับตัวอย่างทดสอบ
	ผลลัพธ์	สรุปข้อมูลจากแผนภูมิทั้งหมด

แผนภูมิแท่ง



การแสดงออกสัมพัทธ์ของเป้าหมายจะแสดงในมุมมองสองแบบดังนี้

- แผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) จะแสดงข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์ในรูปแบบใดรูปแบบหนึ่งดังต่อไปนี้
  - $\Delta\Delta C_q$ — การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานสัมพัทธ์ที่คำนวณโดยใช้ตัวอย่างควบคุมและเป้าหมายอ้างอิง
  - ΔC_q — ปริมาณสัมพัทธ์ของยีนเป้าหมายในตัวอย่างที่สัมพันธ์กับตัวอย่างควบคุม
- แผ่นงาน — แสดงแผ่นงานของข้อมูลการแสดงออกของยีน

  เคล็ดลับ: คลิกขวาที่แผนภูมิหรือแผ่นงานใดๆ เพื่อดูตัวเลือก เลือก View/Edit Plate (ดู/แก้ไขเพลต) จากเมนูเลื่อนลง Plate Setup (ตั้งค่าเพลต) เพื่อเปิด Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) แล้วเปลี่ยนเนื้อหาหลุมในเพลตดังกล่าว

  เคล็ดลับ: เลือก Sort (จัดเรียง) จากเมนูคลิกขวาเพื่อจัดเรียงลำดับชื่อเป้าหมายและตัวอย่างในแผนภูมิ

การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน

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

หากต้องการตั้งค่าการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน ($\Delta\Delta C_q$)

1 ให้เปิดไฟล์ข้อมูล (.pcrd extension)

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

3 เลือกแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีนส์)

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

5 ในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ให้ทำดังต่อไปนี้

   a เลือกแท็บ Samples (ตัวอย่าง) และเลือกตัวควบคุม เมื่อมีการกำหนดตัวควบคุมแล้ว ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะปรับให้ปริมาณสัมพัทธ์ของยีนทั้งหมดเป็นบรรทัดฐานต่อการปริมาณการควบคุม ซึ่งตั้งไว้ที่ 1

   b เลือกแท็บ Target (เป้าหมาย) และเลือกยีนอ้างอิง การวิเคราะห์การแสดงออกของยีนจำเป็นต้องใช้การอ้างอิงหนึ่งรายการในบรรดาเป้าหมายภายในตัวอย่างของคุณ

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

Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์)

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

- ตัวอย่างแต่ละตัวมีจำนวนเทมเพลตเท่ากัน อาจจะมีมวล RNA และ cDNA ในเทมเพลตแต่ละชุดเท่ากันด้วย
- ค่าความแปรปรวนในปริมาณตัวอย่างชีวภาพที่โหลดจะถูกกำหนดเป็นบรรทัดฐานหลังการทดสอบด้วยวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลภายนอกซอฟต์แวร์ ตัวอย่างเช่น ผู้วิจัยอาจเลือกที่จะแบ่งค่าปริมาณสัมพัทธ์ด้วยตัวคูณปรับบรรทัดฐาน อาจเป็นมวลของกรดนิวคลีอิกสำหรับแต่ละเป้าหมาย หรือเป็นจำนวนเซลล์จากแหล่งที่แยกกรดนิวคลีอิกออกมา

วิธีทำการวิเคราะห์ Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) (ΔC_q)

▶ ในแท็บ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้เลือก Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์) (ΔC_q) จากรายการแบบเลื่อนลงในบานหน้าต่างด้านขวา

เคล็ดลับ: วิธีเปรียบเทียบผลลัพธ์กับข้อมูลจากการทดสอบการแสดงออกของยีนอื่นๆ ให้เปิดการศึกษายีนอื่นหรือเพิ่มไฟล์ข้อมูลไปยังการศึกษายีนที่มีอยู่แล้ว

การเรียงลำดับข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่าง

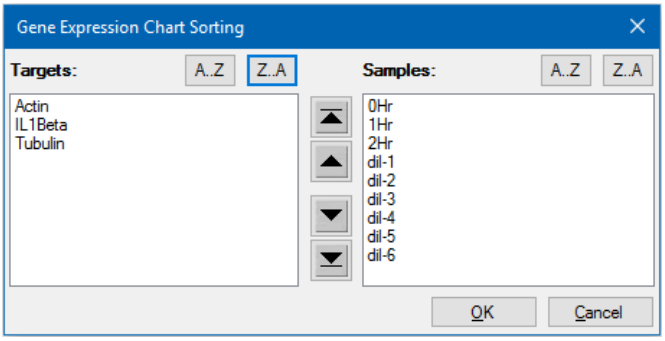
หมายเหตุ: ตัวเลือกนี้มีให้ใช้งานบนแผนภูมิการแสดงออกของยีนเท่านั้น

โดยค่าเริ่มต้น รายชื่อเป้าหมายและตัวอย่าง จะปรากฏตามลำดับตัวอักษร ใช้กล่องโต้ตอบ Sort (จัดเรียง) เพื่อจัดเรียงหน้าจอตามลำดับอักษรแบบย้อนกลับ หรือเพื่อย้ายคำๆ หนึ่งไปยังตำแหน่งอื่นในรายชื่อด้วยตนเอง

หากต้องการจัดเรียง ข้อมูลเป้าหมายและข้อมูลตัวอย่าง

1 จาก เมนูคลิกขวาของแผนภูมิ เลือก Sort (จัดเรียง)

กล่องโต้ตอบการจัดเรียงแผนภูมิการแสดงออกของยีนจะปรากฏขึ้น



2 ในกล่องโต้ตอบ คลิก Z-A เพื่อจัดเรียงรยการตามลำดับตัวอักษร

3 หากต้องการย้ายคำด้วยตนเอง ให้เลือกแล้วคลิกปุ่มที่เหมาะสมระหว่างแผนภูมิ ดังนี้

- คลิกลูกศร Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งหนึ่งๆ
- คลิกลูกศรบนแถบ Up (ขึ้น) หรือ Down (ลง) เพื่อย้ายคำที่เลือกไปยังตำแหน่งบนสุดหรือล่างสุดของรายชื่อ

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

การปรับข้อมูลการแสดงออกของยีน

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

เคล็ดลับ: คุณสามารถตั้งค่าตัวเลือกข้อมูล Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ในกล่องโต้ตอบ User Preferences (การกำหนดค่าของผู้ใช้) ได้ (ดู การตั้งค่าพารามิเตอร์ไฟล์ข้อมูลการแสดงออกของยีนเริ่มต้น ในหน้า 69)

Graph Data (ข้อมูลกราฟ)

ตั้งค่าแกน y เป็นระยะเชิงเส้นเพื่อเปิดใช้ตัวเลือกข้อมูลกราฟ ตัวเลือกข้อมูลกราฟช่วยให้คุณสามารถนำเสนอข้อมูลในกราฟโดยใช้ตัวเลือกใดตัวเลือกหนึ่งต่อไปนี้

- Relative to control(เปรียบเทียบกับตัวควบคุม) กราฟข้อมูลที่แกนมีระยะจาก 0 ถึง 1 หากคุณกำหนดตัวควบคุมในการทำงานของคุณ ให้เลือกตัวเลือกนี้เพื่อแสดงภาพการแสดงออกมากขึ้นและการแสดงออกลดลงของเป้าหมายได้อย่างรวดเร็ว
- Relative to zero (เปรียบเทียบกับค่าศูนย์) กราฟข้อมูลที่มีจุดเริ่มต้นที่ศูนย์

Control Sample (ตัวอย่างควบคุม)

ใช้เมนูแบบเลื่อนลงของ Control Sample (ตัวอย่างควบคุม) เพื่อเลือกตัวอย่าง ซึ่งจะใช้เพื่อทำให้ Relative Quantity (จำนวนสัมพัทธ์) เป็นปกติ

การตั้งค่าแผนภูมิ

ตัวเลือกต่อไปนี้ (อธิบายด้านล่าง) จะปรากฏขึ้นเมื่อทำเครื่องหมายในช่อง Show Chart Settings (แสดงการตั้งค่าแผนภูมิ): X-Axis (แกน X), Y-Axis (แกน Y), Scaling (การปรับขนาด), Error Type (ประเภทข้อผิดพลาด) และ Chart Error Multiplier (ตัวคูณข้อผิดพลาดของแผนภูมิ)

ตัวเลือกแกน X

ตัวเลือกแกน x ช่วยให้คุณสามารถเลือกข้อมูลแกน x ของแผนภูมิการแสดงออกของยีนได้

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

ตัวเลือกแกน Y

ตัวเลือกแกน Y ทำให้คุณสามารถแสดงแผนภูมิการแสดงออกของยีนได้ในสามระดับ:

- เส้นตรง — เลือกตัวเลือกนี้เพื่อแสดงระยะเชิงเส้น

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

- Log 2 — เลือกตัวเลือกนี้เพื่อประเมินตัวอย่างในช่วงไดนามิกที่กว้าง
- Log 10 — เลือกตัวเลือกนี้เพื่อประเมินตัวอย่างในช่วงไดนามิกที่กว้างมาก

ตัวเลือกการปรับขนาด

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

การปรับขนาดเหล่านี้เพื่อคำนวณและนำเสนอข้อมูลของคุณในลักษณะที่เหมาะสมกับรูปแบบในการเรียกใช้ของคุณที่สุด

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

  ตัวเลือกการปรับขนาดนี้ใช้สูตรการปรับขนาดให้สูงที่สุด
- Lowest (ต่ำสุด) ปรับขนาดการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับแต่ละเป้าหมายโดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างด้วยระดับการแสดงออกต่ำสุดในทุกตัวอย่าง

  ตัวเลือกการปรับขนาดนี้ใช้สูตรการปรับขนาดให้ต่ำที่สุด
- Average (เฉลี่ย) ปรับขนาดการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับแต่ละเป้าหมายโดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างด้วยค่าเฉลี่ยเรขาคณิตของระดับการแสดงออกสำหรับทุกตัวอย่าง

  ตัวเลือกการปรับขนาดนี้ใช้สูตรการปรับขนาดเป็นค่าเฉลี่ย

Error Type (ประเภทข้อผิดพลาด)

เลือกตัวเลือกสำหรับประเภทของการคำนวณข้อผิดพลาด (แถบข้อผิดพลาด) ในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)

- Standard error of the mean (ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย) (ค่าเริ่มต้น)
- Standard deviation (ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Chart Error Bar Multiplier (ตัวคูณแถบข้อผิดพลาดของแผนภูมิ)

เลือกตัวคูณสำหรับแถบข้อผิดพลาดของแผนภูมิใน Gene Expression (การแสดงออกของยีน) เลือกหนึ่งในจำนวนเต็มเหล่านี้
+/- 1 (ค่าเริ่มต้น), 2, หรือ 3 ชนิดของตัวคูณจะเปลี่ยนแปลงไปเมื่อคุณเลือกประเภทข้อผิดพลาด

- SEM สำหรับข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย
- Std Dev สำหรับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

การตั้งค่าการทดสอบ

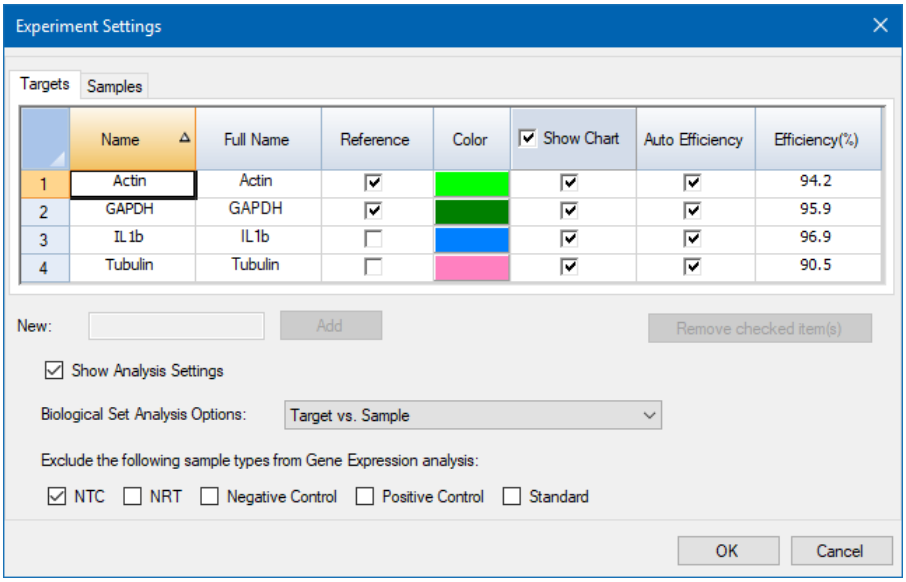
เคล็ดลับ: กล่องโต้ตอบนี้มีอยู่ใน Plate Editor (ตัวแก้ไขเพลต) ด้วยเช่นกัน โปรดดูข้อมูลเพิ่มเติมที่การเปลี่ยนการตั้งค่าการทดสอบ ในหน้า 123

ในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) คุณสามารถดูหรือเปลี่ยนแปลงรายการในเป้าหมายหรือตัวอย่าง เลือกยีนอ้างอิง เลือกตัวควบคุม หรือตั้งค่ากลุ่มการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนที่จะทำการวิเคราะห์หากมีการเพิ่มกลุ่มทางชีวภาพลงในหลุม

วิธีการเปิดกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

▶ ในแท็บ Bar Chart (เขียนกราฟแผนภูมิแท่ง) ให้คลิก Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ที่ด้านล่างของบานหน้าต่างด้านขวา

กล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) จะปรากฏขึ้นและแสดงแท็บ Targets (เป้าหมาย)



เมื่อต้องการปรับการตั้งค่า Targets (เป้าหมาย)

▶ ในแท็บ Targets (เป้าหมาย) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

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

  การเปลี่ยนสีจะปรากฏขึ้นในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)
- หากต้องการใช้ค่าประสิทธิภาพที่กำหนดก่อนหน้านี้ ให้เคลียร์ช่องทำเครื่องหมายของเป้าหมายในคอลัมน์ Auto Efficiency (ประสิทธิภาพโดยอัตโนมัติ) และป้อนตัวเลขสำหรับเปอร์เซ็นต์ประสิทธิภาพของเป้าหมาย

  ซอฟต์แวร์จะคำนวณประสิทธิภาพเชิงเปรียบเทียบของเป้าหมายโดยใช้ Auto Efficiency (ประสิทธิภาพโดยอัตโนมัติ) หากข้อมูลสำหรับเป้าหมายมีเส้นโค้งมาตรฐาน

หากต้องการปรับการตั้งค่า Sample (ตัวอย่าง)

▶ ในแท็บ Samples (ตัวอย่างและกลุ่มชีวภาพ) ให้ทำสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

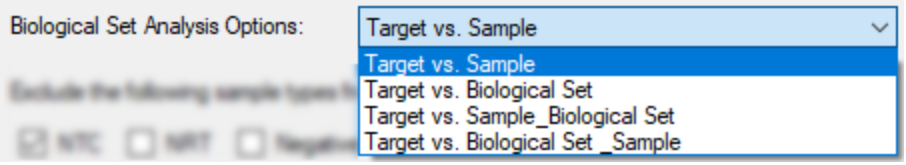
- หากต้องการเลือกให้ตัวอย่างเป็นตัวควบคุมสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน ให้เลือกชื่อนั้นในคอลัมน์ Control (ควบคุม)
- หากต้องการเปลี่ยนสีของตัวอย่าง ให้คลิกที่ช่องนั้นในคอลัมน์ Color (สี) และเปลี่ยนสีในกล่องโต้ตอบ Color (สี) ที่ปรากฏขึ้น

  การเปลี่ยนสีจะปรากฏขึ้นในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน)
- หากต้องการแสดงตัวอย่างในแผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้เลือกในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)
- หากต้องการลบตัวอย่างออกจาก Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ให้เคลียร์ในคอลัมน์ Show Chart (แสดงแผนภูมิ)

  เคล็ดลับ: ข้อมูลตัวอย่าง จะยังคงอยู่ในตาราง Results (ผลลัพธ์)

วิธีการเปลี่ยนแปลงการเลือก Biological Set Analysis Options (ตัวเลือกการวิเคราะห์ชุดชีวภาพ)

▶ หากคุณกำหนดชุดชีวภาพอย่างน้อยหนึ่งชุดให้กับหลุมในเพลต (โปรดดูการกำหนดชีวภาพให้กับหลุม ในหน้า 117) รายการ Biological Set Analysis Options (ตัวเลือกการวิเคราะห์ชุดชีวภาพ) จะปรากฏขึ้นในกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) เพื่อให้คุณสามารถเปลี่ยนการเลือกได้ตามต้องการ



- **Target vs. Sample (เป้าหมายเทียบกับตัวอย่าง)** ใช้เฉพาะชื่อตัวอย่างหลุมเท่านั้นในการคำนวณการแสดงออกของยีน
- **Target vs. Sample (เป้าหมายเทียบกับชุดชีวภาพ)** ใช้เพียงชื่อชุดชีวภาพเท่านั้นในการคำนวณ
- **Target vs. Sample_Biological Set (เป้าหมายเทียบกับตัวอย่าง_ชุดชีวภาพ)** ชื่อตัวอย่างและชื่อชุดชีวภาพจะรวมเป็นชื่อเดียวที่ใช้ในการคำนวณ
- **Target vs. Biological Set_Sample (เป้าหมายเทียบกับชุดชีวภาพ_ตัวอย่าง)** ชื่อชุดชีวภาพและชื่อตัวอย่างจะรวมเป็นชื่อเดียวที่ใช้ในการคำนวณ

วิธีการตัดประเภทตัวอย่างออกจากการคำนวณการวิเคราะห์

▶ เลือกช่องทำเครื่องหมายนั้นที่ด้านล่างของกล่องโต้ตอบ Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)

หมายเหตุ: ซึ่งจะตัดตัวควบคุมและ/หรือมาตรฐานออกจากการวิเคราะห์การแสดงออกของยีน

ค่าความคงตัวของเป้าหมาย

ค่าความคงตัวของเป้าหมายจะคำนวณเมื่อมีการใช้ยีนอ้างอิงตั้งแต่หนึ่งตัวขึ้นไป CFX Manager Dx ซอฟต์แวร์จะคำนวณพารามิเตอร์คุณภาพสองตัวสำหรับยีนอ้างอิง:

- **สัมประสิทธิ์การแปรผัน (CV)** ของปริมาณสัมพัทธ์ของยีนอ้างอิง ค่า CV ที่ต่ำที่สุดหมายถึงความคงตัวที่สูงขึ้น
- **ค่า M (M)** คือการวัดความคงตัวการแสดงออกของยีนอ้างอิง

ค่า CV และ M ที่แนะนำจะแสดงที่ด้านล่างกล่องโต้ตอบ Stability Value (ค่าความคงตัว)

วิธีดูค่าความคงตัวของเป้าหมาย

▶ ในแท็บ Gene Expression Bar Chart (แผนภูมิแท่งการแสดงออกของยีน) ให้คลิก Target Stability Value (ค่าความคงตัวของเป้าหมาย) ที่ด้านล่างของบานหน้าต่างด้านขวา

กล่องโต้ตอบ Stability Value (ค่าความคงตัว) จะปรากฏขึ้น

ตัวเลือกเมนูคลิกขวา

คลิกขวาที่แผนภูมิการแสดงออกของยีนเพื่อเลือกรายการที่แสดงในตาราง 34

ตาราง 34 รายการคลิกขวาของการแสดงออกของยีน

Item (รายการ)	Function (ฟังก์ชัน)
Copy (คัดลอก)	คัดลอกแผนภูมิไปยังคลิปบอร์ด
Save Image As (บันทึกรูปภาพเป็น)	บันทึกแผนภูมิเป็นไฟล์รูปภาพ ตั้งค่าความละเอียดและขนาดของรูปภาพ จากนั้นเลือกประเภทไฟล์ (PNG, GIF, JPG, TIF, หรือ BMP)
Page Setup (ตั้งค่าหน้ากระดาษ)	เลือกการตั้งค่าหน้ากระดาษสำหรับพิมพ์
Print (พิมพ์)	พิมพ์แผนภูมิ
Set Scale to Default (ตั้งค่าการปรับขนาดไปที่ค่าเริ่มต้น)	Show All (แสดงทั้งหมด) จะแสดงข้อมูลทั้งหมดในแผนภูมิแท่ง Scroll Bar (แถบเลื่อนหน้าจอ) จะแสดงแถบเลื่อนหน้าจอหากมีตัวอย่างที่จะแสดงมากเกินไปในกรอบแผนภูมิ โดยความกว้างของแผนภูมิแท่งจะยังคงเท่าเดิม
การตั้งค่าแผนภูมิ	เปิดหน้าต่างการตั้งค่า เพื่อปรับแผนภูมิ
Sort (จัดเรียง)	จัดเรียงลำดับของตัวอย่างหรือเป้าหมายที่ปรากฏบนแกน X ของแผนภูมิ
Use Corrected Std Devs (ใช้ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แก้ไข)	คำนวณแถบข้อผิดพลาดโดยใช้สูตรค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แก้ไข

ตาราง 34 รายการคลิกขวาของการแสดงออกของยีน (ต่อ)

Item (รายการ)	Function (ฟังก์ชัน)
Use Solid Bar Colors (ใช้แถบสีทึบ)	แสดงแถบสีทึบในแผนภูมิ
X–Axis Labels (ป้ายแกน X)	แสดงป้ายแกน X แนวนอนหรือทำมุม

สเปรดชีตข้อมูล

ตาราง 35 กำหนดข้อมูลที่จะแสดงในตารางข้อมูลการแสดงออกของยีน

หมายเหตุ: ค่าในตารางจะคำนวณตามประเภทกราฟและการตั้งค่าที่เลือกในบ้านหน้าต่างขวามือ

ตาราง 35 คำอธิบายข้อมูลในแผ่นงานในแท็บ Bar Chart (การเขียนกราฟแผนภูมิแท่ง)

ข้อมูล	คำอธิบาย
Target (เป้าหมาย)	ชื่อเป้าหมาย (ยีนที่เพิ่มขึ้น) ที่เลือกไว้ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
Sample (ตัวอย่าง)	ชื่อตัวอย่างที่เลือกไว้ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
Ctrl	ชื่อการควบคุมที่เลือกไว้ในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ)
Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์)หรือ Expression (การแสดงออก)	ปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) หรือการแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน ($\Delta\Delta C_q$) ขึ้นอยู่กับโหมดที่เลือก
ปริมาณสัมพัทธ์หรือ SEM (หรือ SD)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย (SEM) หรือค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของปริมาณสัมพัทธ์หรือการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน ขึ้นอยู่กับตัวเลือกที่เลือก
Corrected Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์ที่แก้ไข) หรือ SEM การแสดงออก (หรือ SD)	การคำนวณแก้ไข SEM หรือ SD ของปริมาณสัมพัทธ์หรือการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน ขึ้นอยู่กับตัวเลือกที่เลือก
Mean C_q (ค่าเฉลี่ย C_q)	ค่าเฉลี่ยของวงจรการหาปริมาณ
C_q SEM (หรือ SD)	SEM หรือ SD ของวงจรการหาปริมาณ ขึ้นอยู่กับตัวเลือกที่เลือก

ตัวเลือกการแสดงรายละเอียด

ตาราง 36 ระบุถึงข้อมูลที่แสดงขึ้นเมื่อเลือก “Show Details” (แสดงรายละเอียด) จากเมนูคลิกขวาของแผ่นงานแผนภูมิแท่ง

ตาราง 36 ข้อมูลในแผ่นงานแผนภูมิแท่งที่เลือก Show Details (แสดงรายละเอียด) ไว้

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

ตาราง 36 ข้อมูลในแผ่นงานแผนภูมิแท่งที่เลือก Show Details (แสดงรายละเอียด) ไว้ (ต่อ)

ข้อมูล	คำอธิบาย
Corrected Unscaled Expression SEM (SEM การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่แก้ไข)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาดที่คำนวณ
Unscaled Expression (การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (lg))	Log_2 ของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด
SD Unscaled Expression (SD การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (lg))	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (log_2)
SEM Unscaled Expression (SEM การแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (lg))	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออกที่ไม่มีการปรับขนาด (Log_2)
Expression (การแสดงออก)	การแสดงออกของยีนที่เป็นบรรทัดฐาน
Corrected Expression SD (SD การแสดงออกที่แก้ไข)	Calculated standard deviation (ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณ)
Expression SEM (SEM การแสดงออก)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ย
Corrected Expression SEM (SEM การแสดงออกที่แก้ไข)	ข้อผิดพลาดการคำนวณมาตรฐานของค่าเฉลี่ย
Expression(lg)	Log_2 ของการแสดงออก (การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน) ซึ่งใช้สำหรับการวิเคราะห์เชิงสถิติ
SD Expression(lg) (SD การแสดงออก(lg))	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของการแสดงออก (log_2)
SEM Expression(lg)	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของการแสดงออก (Log_2)
Mean C_q (ค่าเฉลี่ย C_q)	ค่าเฉลี่ยของวงจรการหาปริมาณ
C_q SD	ค่าเบี่ยนเบนมาตรฐานของวงจรการหาปริมาณ
C_q SEM	ข้อผิดพลาดมาตรฐานของค่าเฉลี่ยของวงจรการหาปริมาณ

Clustergram (คลัสเตอร์แกรม)

คลัสเตอร์แกรมแสดงข้อมูลเป้าหมายและตัวอย่างในลำดับขั้นที่อิงตามปริมาณความเหมือนของการแสดงออก

หมายเหตุ: คุณต้องเลือกเป้าหมายอ้างอิงเพื่อนำข้อมูลที่ไม่ใช่นิพจน์สัมพัทธ์มาพล็อตเป็นแผนภูมิแท่ง

รูปภาพคลัสเตอร์แกรมอธิบายนิพจน์สัมพัทธ์ของตัวอย่างหรือเป้าหมาย ดังนี้

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

ยิ่งเฉดสีอ่อนมากเท่าไร การแสดงออกสัมพัทธ์ก็ต่างกันมากขึ้นเท่านั้น หากสามารถคำนวณค่า C_q มาตรฐานได้ รูปสี่เหลี่ยมจัตุรัสจะเป็นสีดำและมีตัว X สีขาว

ที่ขอบด้านนอกของการพล็อตข้อมูลคือเดนโดรแกรม ซึ่งจะระบุลำดับขั้นของการคลัสเตอร์ เป้าหมายหรือตัวอย่างที่มีรูปแบบการแสดงออกใกล้เคียงกัน จะมีกิ่ง (branch) อยู่ใกล้กัน แต่หากมีรูปแบบการแสดงออกต่างกัน กิ่งก็จะอยู่ห่างกันมากขึ้น

Settings (การตั้งค่า)

คุณสามารถตั้งค่าตัวเลือกต่อไปนี้

- Cluster By (รวมกลุ่มโดย) เลือกจากเป้าหมาย ตัวอย่าง ทั้งสอง หรือไม่เลือกเลย
- Size (ขนาด) ปรับขนาดภาพและเปลี่ยนระดับการขยายแผนภูมิ
- Split Out Replicates (แยกการจำลอง) แสดงค่าสำหรับแต่ละการจำลอง

เคล็ดลับ: คุณสามารถเปลี่ยนแบบแผนชุดสีสำหรับ แกรมคลัสเตอร์และแผนภาพกระจายจากค่าเริ่มต้นสีแดง/เขียวเป็นแดง/น้ำเงินได้โดยเลือกตัวเลือกนี้จากเมนูคลิกขวาที่จุดของแผนภูมิเหล่าน

ตัวเลือกเมนูคลิกขวา

ตัวเลือกเมนูคลิกขวาสำหรับคลัสเตอร์แกรมมีลักษณะเหมือนกับตัวเลือกของกราฟแท่ง โปรดดูตัวเลือกที่พร้อมใช้งานได้ที่ตาราง 34 ในหน้า 219 นอกจากนี้ ให้เลือก Color Scheme (แบบแผนชุดสี) เพื่อเปลี่ยนการแสดงออกที่ลดลงจากค่าเริ่มต้นสีแดง/เขียวเป็นสีแดง/น้ำเงินในแผนภูมิ

สเปรดชีตข้อมูล

แผ่นงานข้อมูลจะแสดงค่าสำหรับเป้าหมาย ตัวอย่าง และการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน คลิกที่ช่องทำเครื่องหมายที่อยู่ติดกับเป้าหมายเพื่อรวมหรือแยกข้อมูลนั้น ๆ ออกจากพล็อต

Scatter Plot (แผนภาพกระจาย)

แผนภาพกระจายจะแสดงการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานของเป้าหมายสำหรับตัวอย่างควบคุมกับตัวอย่างทดสอบ เส้นในแผนภาพแสดงถึงขีดจำกัดขีดจำกัดการควบคุม จุดข้อมูลระหว่างเส้นแสดงว่าความแตกต่างในการแสดงออกของเป้าหมาย (ยีน) นั้นไม่สำคัญระหว่างตัวอย่างทั้งสอง จุดข้อมูลที่อยู่นอกเส้นจะเกินขีดจำกัดขีดจำกัดการควบคุม และอาจเป็นจุดที่น่าสนใจ

ภาพของแผนภาพแสดงการเปลี่ยนแปลงต่อไปนี้ในการแสดงออกของเป้าหมายตามขีดจำกัดขีดจำกัดการควบคุม

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

คลิกและลากเส้นขีดจำกัดเพื่อปรับค่าขีดจำกัดขีดจำกัดการควบคุม

Settings (การตั้งค่า)

คุณสามารถตั้งค่าตัวเลือกต่อไปนี้

- Control Sample (ตัวอย่างควบคุม)
- Experimental Sample (ตัวอย่างทดสอบ)
- ขีดจำกัด ขีดจำกัดการควบคุม เมื่อคุณเพิ่มหรือลดค่าค่าการควบคุม เส้นขีดจำกัดในแผนภาพจะย้ายไปตามการเปลี่ยนแปลง

ตัวเลือกเมนูคลิกขวา

ตัวเลือกเมนูคลิกขาสำหรับแผนภาพกระจายจะเหมือนกับตัวเลือกของแผนภูมิแท่ง โปรดดูตัวเลือกที่พร้อมใช้งานได้ที่ตาราง 34 ในหน้า 219 นอกจากนี้ ให้เลือก Symbol (สัญลักษณ์) เพื่อเปลี่ยนสัญลักษณ์ที่จะใช้ในแผนภาพจากวงกลมเริ่มต้นให้เป็นแบบใดแบบหนึ่งต่อไปนี้

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

สเปรดชีตข้อมูล

สเปรดชีตจะแสดงค่าสำหรับเป้าหมายและการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับตัวอย่างควบคุมและตัวอย่างทดสอบ นอกจากนี้ ยังระบุว่าเป้าหมายมีการเพิ่มขึ้นหรือลดลงเมื่อเทียบกับ เป้าหมายขีดจำกัดการควบคุม คลิกที่ช่องทำเครื่องหมายที่อยู่ติดกับเป้าหมายเพื่อรวมหรือแยกข้อมูลนั้น ๆ ออกจากพล็อต

สเปรดชีต

แผ่นงาน แท็บ Results (ผลการทดสอบ) จะมีแผ่นงานที่ สรุปข้อมูลจากแผนภูมิทั้งหมด ตาราง 37 กำหนดข้อมูลที่จะแสดงในแผ่นงาน Results (ผลการทดสอบ)

ตาราง 37 ข้อมูลในแท็บ Results (ผลการทดสอบ)

ข้อมูล	คำอธิบาย
Target (เป้าหมาย)	ชื่อเป้าหมาย (ยีนที่เพิ่มปริมาณขึ้น)
Sample (ตัวอย่าง)	Sample Name (ชื่อตัวอย่าง)
Mean C_q (ค่าเฉลี่ย C_q)	ค่าเฉลี่ยของรอบการเพิ่มปริมาณ
Mean Efficiency Corrected C_q (ค่าเฉลี่ยประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q)	ค่าเฉลี่ยของรอบการเพิ่มปริมาณหลังจากปรับค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา
Normalized Expression (การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน)	นิพจน์เป้าหมายปรับให้เป็นบรรทัดฐานกับเป้าหมายอ้างอิง ($\Delta\Delta C_q$)
Relative Normalized Expression (การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานสัมพัทธ์)	การแสดงออกบรรทัดฐานที่สัมพันธ์กับตัวอย่างควบคุม เรียกอีกอย่างว่า Fold Change (สัดส่วนการเปลี่ยนแปลง)
Regulation (กฎระเบียบ)	การเปลี่ยนแปลงการแสดงออกที่สัมพันธ์กับตัวอย่างควบคุม
Compared to Regulation Threshold (เมื่อเทียบกับขีดจำกัดการควบคุม)	การแสดงออกที่มากขึ้นหรือลดลงของตัวอย่างทดสอบขึ้นอยู่กับการตั้งค่าขีดจำกัด

หมายเหตุ: ข้อมูลสำหรับการจำลองจะพบได้เฉพาะในแผ่นงานของแท็บวิเคราะห์ข้อมูลซึ่งมีการเลือก Split Out Replicates (แยกการจำลอง) (กล่าวคือ คลัสเตอร์แกรม) อาจมีข้อแตกต่างระหว่างข้อมูลการแสดงออกในแผ่นงานการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนหากคุณเลือก “ไม่มี” เป็นตัวอย่างควบคุมบนแผนภูมิแท่ง

Gene Study (การศึกษายีน)

สร้างการศึกษายีนเพื่อเปรียบเทียบข้อมูลการแสดงออกของยีนจากการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์อย่างน้อยหนึ่งการทดสอบโดยใช้สารปรับเทียบระหว่างการทดสอบเพื่อให้เป็นบรรทัดฐานระหว่างการทดสอบ สร้างการศึกษายีนโดยการเพิ่มข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลอย่างน้อยหนึ่งไฟล์ (นามสกุล. pcrd) ไปยังการศึกษายีน ซอฟต์แวร์จะแบ่งกลุ่มไฟล์ข้อมูลออกเป็นไฟล์เดียว (นามสกุล. Mgxd)

หมายเหตุ: จำนวนตัวอย่างสูงสุดที่คุณสามารถวิเคราะห์ในการศึกษายีนจำกัดไว้ด้วยขนาดของแรมและหน่วยความจำเสมือนของคอมพิวเตอร์

Inter-run Calibration (การปรับเทียบระหว่างการทดสอบ)

การปรับเทียบระหว่างการทดสอบจะดำเนินการโดยอัตโนมัติในการศึกษายีนทั้งหมดสำหรับแต่ละเป้าหมายเพื่อปรับความแตกต่างระหว่างการทดสอบระหว่างเป้าหมายที่ทำการวิเคราะห์ในการทดสอบ PCR แบบเรียลไทม์ที่แยกต่างหาก (กล่าวคือ ไฟล์ .pcrd ที่สร้างขึ้นจากเพลตต่างๆ)

สำหรับซอฟต์แวร์ที่จะจดจำตัวอย่างเป็นสารปรับเทียบระหว่างการทดสอบ ต้องร่วมใช้ชื่อเป้าหมาย ชื่อตัวอย่างเดียวกัน และหากมีการใช้ ต้องใช้ชื่อชุดชีวภาพในทุกเพลตที่เปรียบเทียบ

หมายเหตุ: ต้องมีตัวอย่างสารปรับเทียบระหว่างการทดสอบอย่างน้อยหนึ่งตัวในการศึกษายีนสำหรับการปรับเทียบระหว่างการทดสอบที่เกิดขึ้น เป้าหมายที่ไม่มีตัวอย่างสารปรับเทียบระหว่างการทดสอบที่เหมาะสมจะได้รับการประมวลผลโดยไม่มีการแก้ไขในการศึกษายีน (ไม่แนะนำ)

สารปรับเทียบระหว่างการทดสอบสามารถใช้งานได้สองวิธี:

- ต่อเป้าหมาย — ไพรเมอร์ PCR ที่แตกต่างกันสามารถมีประสิทธิภาพที่แตกต่างกัน โดยค่าเริ่มต้น สารปรับเทียบระหว่างการทดสอบจะนำไปใช้กับหลุมทั้งหมดบนเพลตเดียวกันที่มีชื่อเป้าหมายเดียวกัน เช่น C_q สร้างขึ้นด้วยการตรวจวิเคราะห์เดียวกัน
- การศึกษาทั้งหมด — ผู้ใช้เลือกสารปรับเทียบระหว่างการทดสอบและนำไปใช้กับการศึกษายีนทั้งหมด

กล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน)

กล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน) ประกอบด้วยแท็บสองแท็บ

- แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) จัดการการทดสอบในการศึกษายีน

  สำคัญ: การเพิ่มหรือลบไฟล์ข้อมูลในการศึกษายีนจะไม่มีการเปลี่ยนแปลงข้อมูลในไฟล์ต้นฉบับ

- แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) แสดงข้อมูลการแสดงออกของยีนสำหรับการทดสอบร่วมกัน

แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา)

ตาราง 38 แสดงข้อมูลที่ปรากฏในแท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา)

ตาราง 38 แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) ในกล่องโต้ตอบ Gene Study (การศึกษายีน)

Column Title (ชื่อคอลัมน์)	คำอธิบาย
File Name (ชื่อไฟล์)	ชื่อของไฟล์ข้อมูลการทดสอบ (นามสกุล .pcrd)
File Folder (โฟลเดอร์ไฟล์)	ไดเรกทอรีที่จัดเก็บไฟล์ข้อมูลสำหรับแต่ละการทดสอบในการศึกษายีน
Date Created (วันที่สร้าง)	วันที่รวบรวมข้อมูลการทดสอบ
Well Group Name (ชื่อกลุ่มหลุม)	ชื่อกลุ่มหลุมที่เลือกเมื่อมีการเพิ่มไฟล์ลงในการศึกษายีน **เคล็ดลับ:** วิธีการวิเคราะห์กลุ่มหลุมหนึ่งกลุ่มในการศึกษายีน คุณต้องเลือกกลุ่มหลุมในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ก่อนที่จะนำเข้าไฟล์ข้อมูลไปในการศึกษายีน
Step (ขั้นตอน)	ขั้นตอนโปรโตคอลที่รวมถึงการอ่านเพลตเพื่อเก็บข้อมูล PCR แบบเรียลไทม์
Run Type (ประเภทการทดสอบ)	ทั้งการทดสอบที่ผู้ใช้กำหนดหรือ PrimePCR™
Protocol Edited (แก้ไขโปรโตคอลแล้ว)	หากเลือก แสดงว่าโปรโตคอลที่ใช้สำหรับการทดสอบ PrimePCR ได้รับการแก้ไขแล้ว
View Plate (ดูเพลต)	เปิดแผนที่เพลตของเพลตที่มีข้อมูลในแต่ละการทดสอบที่รวมอยู่ใน Gene Study (การศึกษายีน)

การเตรียมการศึกษายีน

วิธีการเตรียมการศึกษายีน

1 ก่อนนำเข้าข้อมูลลงในการศึกษายีน ให้ทำดังต่อไปนี้ในหน้าต่าง Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล)

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

  ในการแสดงข้อมูลจากกลุ่มหลุมกลุ่มหนึ่งในการศึกษายีน จะต้องเลือกกลุ่มดังกล่าวก่อนที่จะนำเข้าไฟล์ข้อมูล

แท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) จะแสดงรายการการทดสอบทั้งหมดในการศึกษายีน

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

3 คลิก Add Data Files (เพิ่มไฟล์ข้อมูล) เพื่อเลือกไฟล์จากหน้าต่างเบราว์เซอร์

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

4 ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะทำการวิเคราะห์เพื่อศึกษายีนโดยอัตโนมัติเมื่อคุณเพิ่มไฟล์ข้อมูล เลือกแท็บ Study Setup (การตั้งค่าการศึกษา) เพื่อดูผลลัพธ์

วิธีการลบการทดสอบออกจากการศึกษายีน

▶ เลือกไฟล์อย่างน้อยหนึ่งไฟล์ในรายการและคลิก Remove (ลบ)

วิธีการเพิ่มบันทึกเกี่ยวกับการศึกษายีน

▶ ป้อนบันทึกเกี่ยวกับไฟล์และการวิเคราะห์ในกล่องข้อความ Notes (บันทึก)

แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา)

แท็บ Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา) จะแสดงข้อมูลจากการทดสอบทั้งหมดในการศึกษายีน ตัวเลือกการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีนจะเหมือนกับไฟล์ข้อมูลเดี่ยว ข้อยกเว้น

- สำหรับแผนภูมิแท่ง ค่าการปรับเทียบระหว่างการทดสอบ (หากคำนวณ) จะปรากฏขึ้นเมื่อคุณคลิกการปรับเทียบระหว่างการทดสอบ

  หมายเหตุ: เฉพาะประเภทตัวอย่างต่อไปนี้ที่สามารถใช้เป็นสารปรับเทียบระหว่างการทดสอบได้

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

  Negative control (ตัวอย่างควบคุมค่าลบ) ไม่มีการควบคุมเทมเพลต (NTC) และไม่มีตัวอย่างการควบคุมรีเวิร์สแทรนสคริปเทส (NRT) ไม่สามารถใช้เป็นสารปรับเทียบระหว่างการทดสอบได้

การสร้างรายงานการศึกษายีน

วิธีการสร้างรายงานการศึกษายีน

1 ปรับข้อมูลรายการการศึกษายีนและแผนภูมิตามต้องการก่อนสร้างรายงาน

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

3 เลือกตัวเลือกที่คุณต้องการใส่ไว้ในรายงาน รายงานจะเปิดขึ้นโดยตัวเลือกเริ่มต้นที่เลือกไว้ เลือกหรือล้างช่องทำเครื่องหมายเพื่อเปลี่ยนทั้งหมวดหมู่หรือตัวเลือกต่าง ๆ ภายในหมวดหมู่

ประเภทรายงานการศึกษายีน ในหน้า 229 แสดงตัวเลือกที่พร้อมใช้งานในการแสดงผล

4 เปลี่ยนลำดับของหมวดหมู่และรายการในรายงาน ลากตัวเลือกไปยังตำแหน่งที่ต้องการ สามารถจัดเรียงรายการใหม่ภายในหมวดหมู่ที่รายการนั้นอยู่เท่านั้น

5 คลิก Update Report (อัปเดตรายงาน) เพื่ออัปเดต Report Preview (รายงานตัวอย่าง) เมื่อมีการเปลี่ยนแปลงใดๆ

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

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

ประเภทรายงานการศึกษายีน

ใช้กล่องโต้ตอบ Gene Study Report (รายงานการศึกษายีน) เพื่อจัดเตรียมข้อมูลการศึกษายีนไว้ในรายงาน ตาราง 39 แสดงตัวเลือกทั้งหมดที่พร้อมใช้งานสำหรับรายงานการศึกษายีน

ตาราง 39 ประเภทรายงาน Gene Study (การศึกษายีน)

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
หัวข้อ		
		ชื่อเรื่อง คำบรรยาย และโลโก้สำหรับรายงาน
	Report Information (ข้อมูลรายงาน)	วันที่ ชื่อผู้ใช้ ชื่อไฟล์ข้อมูล เส้นทางไฟล์ข้อมูล และกลุ่มของหลุมที่เลือก

ตาราง 39 ประเภทรายงาน Gene Study (การศึกษายีน) (ต่อ)

ประเภท	ตัวเลือก	คำอธิบาย
	Gene Study File List (รายการไฟล์การศึกษายีน)	รายการไฟล์ข้อมูลทั้งหมดใน Gene Study (การศึกษายีน)
	Notes (บันทึก)	บันทึกเกี่ยวกับรายงานข้อมูล
Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา): แผนภูมิแท่ง		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	รายการพารามิเตอร์การวิเคราะห์ที่เลือก
	Chart (แผนภูมิ)	แผนภูมิแท่ง Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ที่แสดงข้อมูล
	Target Names (ชื่อเป้าหมาย)	รายการเป้าหมายใน Gene Study (การศึกษายีน)
	Sample Names (ชื่อตัวอย่าง)	รายการตัวอย่างใน Gene Study (การศึกษายีน)
	Data (ข้อมูล)	แผ่นงานที่แสดงข้อมูล
	Target Stability (ความคงตัวของเป้าหมาย)	ข้อมูลความคงตัวของเป้าหมาย
	Inter-run Calibration (การปรับเทียบระหว่างการทดสอบ)	ข้อมูลการปรับเทียบระหว่างการทดสอบ
Study Analysis (การวิเคราะห์การศึกษา): คลัสเตอร์แกรมและแผนภาพกระจาย		
	Analysis Settings (การตั้งค่าการวิเคราะห์)	การตั้งค่าสำหรับแผนภูมิแต่ละประเภท
	Chart (แผนภูมิ)	แผนภูมิ Gene Expression (การแสดงออกของยีน) ที่แสดงข้อมูล
	Data (ข้อมูล)	สเปรดชีตที่แสดงรายการข้อมูลในแต่ละเป้าหมาย

ภาคผนวก A การคำนวณการวิเคราะห์ข้อมูล

CFX Manager™ Dx เป็นซอฟต์แวร์ที่คำนวณสูตรโดยอัตโนมัติและแสดงผลลัพธ์ในแท็บ Data Analysis (การวิเคราะห์ข้อมูล) ภาคผนวกนี้อธิบายวิธีการที่ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx คำนวณสูตรโดยละเอียด

ค่าประสิทธิภาพของปฏิกิริยา

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

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

- E = (% Efficiency * 0.01) + 1
- % Efficiency = (E – 1) * 100

Relative Quantity (ปริมาณสัมพัทธ์)

สูตรสำหรับปริมาณสัมพัทธ์ (ΔC_q) สำหรับตัวอย่างใด ๆ (GOI) คือ

$$\text{Relative Quantity}_{\text{sample (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{\left(C_{q\ (\text{min})} - C_{q\ (\text{sample})}\right)}$$

หมายเหตุ: สูตรนี้ใช้ในการคำนวณปริมาณสัมพัทธ์เมื่อไม่มีการกำหนดตัวอย่างควบคุม

โดย

- E = ประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบ ประสิทธิภาพนี้คำนวณด้วยสูตร (% Efficiency * 0.01) + 1 โดยที่ประสิทธภาพ 100% = 2
- $C_{q\ (min)}$ = Cq เฉลี่ยสำหรับตัวอย่างที่มีค่าเฉลี่ย C_q ต่ำสุดสำหรับ GOI
- $C_{q\ (sample)}$ = C_q เฉลี่ยสำหรับตัวอย่าง
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ปริมาณสัมพัทธ์เมื่อมีการเลือกตัวควบคุม

เมื่อมีการกำหนดตัวอย่างควบคุม จะมีการคำนวณปริมาณสัมพัทธ์ (RQ) สำหรับตัวอย่างที่มียีนที่สนใจ (GOI) โดยใช้สูตรดังต่อไปนี้

$$\text{Relative Quantity}_{\text{sample (GOI)}} = E_{\text{GOI}}^{\left(C_{q\ (\text{control})} - C_{q\ (\text{sample})}\right)}$$

โดย

- E = ประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบ ประสิทธิภาพนี้คำนวณด้วยสูตร (% Efficiency * 0.01) + 1 โดยที่ประสิทธิภาพ 100% = 2
- $C_{q\ (ควบคุม)}$ = ค่าเฉลี่ย C_q สำหรับตัวอย่างควบคุม
- $C_{q\ (ตัวอย่าง)}$ = ค่าเฉลี่ย C_q สำหรับตัวอย่างใดๆ ที่มี GOI
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์

สูตรสำหรับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์คือ

$$\text{SD Relative Quantity} = \text{SD Cq}_{\text{GOI}} \times \text{Relative Quantity}_{\text{sample (GOI)}} \times \text{Ln}\left(E_{\text{GOI}}\right)$$

โดย

- ปริมาณสัมพัทธ์ SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณสัมพัทธ์
- SD C_{qGOI} ตัวอย่าง = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของ C_q สำหรับตัวอย่าง (GOI)
- ปริมาณสัมพัทธ์ = ปริมาณสัมพัทธ์สำหรับตัวอย่าง
- E = ประสิทธิภาพของไพรเมอร์และชุดโพรบ ประสิทธิภาพนี้คำนวณด้วยสูตร (% Efficiency * 0.01) + 1 โดยที่ประสิทธิภาพ 100% = 2
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

C_q ที่ปรับให้มีประสิทธิภาพ (C_{qE})

สูตรคำนวณสำหรับ C_q ที่ปรับให้มีประสิทธิภาพ คือ

$$\text{Cq}_E = \text{Cq} \times (\log(E)/\log(2))$$

โดย

- E = ประสิทธิภาพ

ค่าเฉลี่ย C_q ที่ปรับให้มีประสิทธิภาพ (MC_{qE})

สูตรคำนวณสำหรับค่าเฉลี่ยประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q คือ

$$\text{MCq}_E = \frac{\text{Cq}_{E\ (\text{Rep 1})} + \text{Cq}_{E\ (\text{Rep 2})} + \ldots + \text{Cq}_{E\ (\text{Rep n})}}{n}$$

โดย

- C_{qE} = ประสิทธิภาพที่แก้ไข C_q
- n = จำนวนการจำลอง

ตัวคูณการปรับให้เป็นบรรทัดฐาน

โดยมีการอ้างถึงตัวหารของสมการการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานเป็นตัวคูณปรับบรรทัดฐาน ตัวคูณปรับบรรทัดฐานเป็นค่าเฉลี่ยของปริมาณสัมพัทธ์ของเป้าหมายอ้างอิง (ยีน) ทั้งหมด สำหรับตัวอย่างที่กำหนด ตามที่อธิบายในสูตรดังต่อไปนี้

$$\text{Normalization Factor}_{\text{sample (GOI)}} = (\text{RQ}_{\text{sample (Ref 1)}} \times \text{RQ}_{\text{sample (Ref 2)}} \times \ldots \times \text{RQ}_{\text{sample (Ref n)}})^{\frac{1}{n}}$$

โดย

- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์
- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน

Normalized expression (การแสดงออกบรรทัดฐาน) ($\Delta\Delta C_q$) เป็นปริมาณสัมพัทธ์ของเป้าหมายของคุณ (ยีน) ที่ปรับให้เป็นบรรทัดฐานกับปริมาณเป้าหมายอ้างอิง (ยีนหรือลำดับ) ในระบบชีวภาพของคุณ หากต้องการเลือกเป้าหมายอ้างอิง ให้เปิดหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) และคลิกคอลัมน์อ้างอิงสำหรับแต่ละเป้าหมายที่ทำหน้าที่เป็นยีนอ้างอิง

สูตรสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐาน ซึ่งใช้การคำนวณปริมาณสัมพัทธ์ (RQ) ที่คำนวณได้ คือ

$$\text{Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}} = \frac{RQ_{\text{sample (GOI)}}}{\left(RQ_{\text{sample (Ref 1)}} \times RQ_{\text{sample (Ref 2)}} \times \ldots \times RQ_{\text{sample (Ref n)}}\right)^{\frac{1}{n}}}$$

โดย

- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์ของตัวอย่าง
- Ref = เป้าหมายอ้างอิงในการทำงานที่มีเป้าหมายการอ้างอิงอย่างน้อยหนึ่งรายการในแต่ละตัวอย่าง
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

โดยมีเงื่อนไขว่า เป้าหมายอ้างอิงจะไม่เปลี่ยนแปลงระดับการแสดงออกในระบบชีวภาพของคุณ การคำนวณการแสดงออกบรรทัดฐานจะพิจารณาถึงความแตกต่างในการโหลดหรือความแตกต่างของจำนวนเซลล์ที่เป็นตัวแทนในแต่ละตัวอย่างของคุณ

การแสดงออกบรรทัดฐานเมื่อมีการเลือกตัวควบคุม

เมื่อคุณเลือกตัวอย่างควบคุมในหน้าต่าง Experiment Settings (การตั้งค่าการทดสอบ) ซอฟต์แวร์จะกำหนดระดับการแสดงออกของตัวอย่างการควบคุมเป็น 1 ในสถานการณ์เช่นนี้ ซอฟต์แวร์จะทำการปรับบรรทัดฐานปริมาณสัมพัทธ์ของการแสดงออกเป้าหมายทั้งหมด (ยีน) เป็นปริมาณการควบคุม (ค่าเท่ากับ 1) การแสดงออกบรรทัดฐานนี้เทียบเท่ากับการวิเคราะห์การแสดงออกบรรทัดฐานที่ไม่มีการปรับขนาดเมื่อเลือกตัวควบคุม

หมายเหตุ: ซึ่งเป็นที่รู้จักกันในชื่อการแสดงออกสัมพัทธ์บรรทัดฐาน (RNE) และสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง

ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน

การปรับค่าการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน (NE) ทำได้โดยการหารค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานด้วยค่าการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานสำหรับระดับการแสดงออกสูงสุดหรือต่ำสุดโดยขึ้นอยู่กับตัวเลือกการปรับที่คุณเลือก สูตรสำหรับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของตัวคูณปรับบรรทัดฐานคือ

$$\mathrm{SD\ NF}_n = \mathrm{NF}_n \times \sqrt{\left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\mathrm{sample\ (Ref\ 1)}}}{n \times \mathrm{RQ}_{\mathrm{sample\ (Ref\ 1)}}}\right)^2 + \left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\mathrm{sample\ (Ref\ 2)}}}{n \times \mathrm{RQ}_{\mathrm{sample\ (Ref\ 2)}}}\right)^2 + \ldots + \left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\mathrm{sample\ (Ref\ n)}}}{n \times \mathrm{RQ}_{\mathrm{sample\ (Ref\ n)}}}\right)^2}$$

โดย

- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์ของตัวอย่าง
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
- NF = ตัวคูณปรับบรรทัดฐาน
- Ref = เป้าหมายอ้างอิง
- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง

เมื่อมีการกำหนดตัวอย่างควบคุม คุณไม่จำเป็นต้องใช้ฟังก์ชันการปรับขนาดกับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ตามที่แสดงในสูตรดังต่อไปนี้

$$\mathrm{SD\ NE}_{\mathrm{sample\ (GOI)}} = \mathrm{NE}_{\mathrm{sample\ (GOI)}} \times \sqrt{\left(\frac{\mathrm{SD\ NF}_{\mathrm{sample}}}{\mathrm{NF}_{\mathrm{sample}}}\right)^2 + \left(\frac{\mathrm{SD\ RQ}_{\mathrm{sample\ (GOI)}}}{\mathrm{RQ}_{\mathrm{sample\ (GOI)}}}\right)^2}$$

โดย

- NE = การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน
- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์ของตัวอย่าง
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)

ปรับขนาดการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานให้เป็นระดับการแสดงออกสูงสุด

เมื่อการดำเนินการไม่รวมตัวควบคุม ให้ปรับการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน (NE) สำหรับแต่ละเป้าหมาย (ยีน) โดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างโดยใช้การแสดงออกระดับสูงสุดในตัวอย่างทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะกำหนดการแสดงออกระดับสูงสุดให้เป็นค่าเท่ากับ 1 และจะปรับระดับการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมดอีกครั้ง สูตรสำหรับการปรับสูงสุดคือ

$$\text{Scaled Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}} = \frac{\text{Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}}}{\text{Normalized Expression}_{\text{Highest sample (GOI)}}}$$

โดย

- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)

ปรับขนาดการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานให้เป็นระดับการแสดงออกต่ำสุด

เมื่อการดำเนินการไม่รวมตัวควบคุม ให้ปรับการแสดงออกบรรทัดฐาน (NE) สำหรับแต่ละเป้าหมาย (ยีน) โดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างโดยใช้การแสดงออกระดับต่ำสุดในตัวอย่างทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะกำหนดการแสดงออกระดับต่ำสุดให้เป็นค่าเท่ากับ 1 และจะปรับระดับการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมดอีกครั้ง สูตรสำหรับการปรับต่ำสุดคือ

$$\text{Scaled Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}} = \frac{\text{Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}}}{\text{Normalized Expression}_{\text{Lowest sample (GOI)}}}$$

โดย

- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)

ปรับขนาดการแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐานให้เป็นระดับการแสดงออกเฉลี่ย

เมื่อการดำเนินการไม่รวมตัวควบคุม ให้ปรับขนาดการแสดงออกบรรทัดฐาน (NE) สำหรับแต่ละเป้าหมาย (ยีน) โดยแบ่งระดับการแสดงออกของแต่ละตัวอย่างโดยใช้ค่าเฉลี่ยเรขาคณิตของการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมด ซอฟต์แวร์จะกำหนดระดับเฉลี่ยของการแสดงออกเป็นค่าเท่ากับ 1 และจะปรับขนาดระดับการแสดงออกของตัวอย่างทั้งหมด สูตรคำนวณการปรับขนาดเฉลี่ยคือ

$$\text{Scaled Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}} = \frac{\text{Normalized Expression}_{\text{sample (GOI)}}}{\text{Normalized Expression}_{\text{GM (GOI)}}}$$

โดย

- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)
- GM = ค่าเฉลี่ยเรขาคณิตของการแสดงออกบรรทัดฐานสำหรับตัวอย่างทั้งหมด

ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับการแสดงออกบรรทัดฐานที่มีการปรับขนาด

การปรับขนาดค่าการแสดงออกบรรทัดฐาน (NE) ที่มีการปรับขนาด จะทำได้โดยการหารค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ของการแสดงออกบรรทัดฐานด้วยค่าการแสดงออกบรรทัดฐานสำหรับระดับการแสดงออกสูงสุด (MAX) หรือต่ำสุด (MIN) โดยขึ้นอยู่กับตัวเลือกการปรับขนาดที่คุณเลือก

หมายเหตุ: เมื่อมีการกำหนดตัวอย่างควบคุม คุณไม่จำเป็นต้องใช้ฟังก์ชันการปรับขนาดกับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

การคำนวณสูตรนี้คือ

$$\text{SD Scaled NE}_{\text{sample (GOI)}} = \frac{\text{SD NE}_{\text{sample (GOI)}}}{\text{NE}_{\text{MAX or MIN (GOI)}}}$$

โดย

- NE = การแสดงออกที่เป็นบรรทัดฐาน
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
- GOI = ยีนที่สนใจ (เป้าหมาย)
- MAX = ระดับการแสดงออกสูงสุด
- MIN = ระดับการแสดงออกต่ำสุด

Regulation (การควบคุมสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง)

Regulation (การควบคุมสัดส่วนการเปลี่ยนแปลง) เป็นการวัดการเพิ่มหรือลดการแสดงออกของเป้าหมายสำหรับตัวอย่างทดลองเทียบกับตัวอย่างควบคุม และประเมินดังนี้

หากการแสดงออก (ทดสอบ) > การแสดงออก (ควบคุม)

$$\text{Regulation} = \frac{\text{Expression (experimental)}}{\text{Expression (control)}}$$

หากการแสดงออก (ทดสอบ) < การแสดงออก (ควบคุม)

$$\text{Regulation} = -1 \,/\, \left(\frac{\text{Expression (experimental)}}{\text{Expression (control)}}\right)$$

หมายเหตุ: สำหรับ แผนภูมิแท่ง *การแสดงออก*จะเปลี่ยนไปตามปริมาณสัมพัทธ์หรือการแสดงออกบรรทัดฐานที่ขึ้นอยู่กับโหมดที่เลือก (โปรดดู แผนภูมิแท่ง ในหน้า 212) อย่างไรก็ตาม สำหรับแผนภาพกระจาย และ คลัสเตอร์แกรม สัดส่วนการเปลี่ยนแปลงจะคำนวณจากการแสดงออกบรรทัดฐานเสมอ

สูตรคำนวณค่าที่มีการแก้ไข

โดยจะเห็นความแตกต่างระหว่างค่าที่มีการแก้ไขเฉพาะเมื่อสร้างเส้นโค้งมาตรฐานเป็นส่วนหนึ่งของการทำ PCR แบบเรียลไทม์ ซอฟต์แวร์ใช้สมการสามแบบเพื่อกำหนดการแพร่กระจายที่ผิดพลาดคือ

- ข้อผิดพลาดมาตรฐาน
- ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับนิพจน์บรรทัดฐาน
- ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับยีนที่สนใจ (เป้าหมาย) ที่เป็นบรรทัดฐาน

สูตรสำหรับข้อผิดพลาดมาตรฐานคือ

$$\textbf{Standard Error} = \frac{\text{SD}}{\sqrt{n}}$$

โดย

- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง (ยีน)
- SD = ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับตัวคูณปรับบรรทัดฐานในสูตรนิพจน์บรรทัดฐานคือ

$$\text{SE NF}_n = \text{NF}_n \times \sqrt{\left(\frac{\text{SE RQ}_{\text{sample (Ref 1)}}}{n \times \text{SE RQ}_{\text{sample (Ref 1)}}}\right)^2 + \left(\frac{\text{SE RQ}_{\text{sample (Ref 2)}}}{n \times \text{SE RQ}_{\text{sample (Ref 2)}}}\right)^2 + \ldots + \left(\frac{\text{SE RQ}_{\text{sample (Ref n)}}}{n \times \text{SE RQ}_{\text{sample (Ref n)}}}\right)^2}$$

โดย

- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง
- SE = ข้อผิดพลาดมาตรฐาน
- NF = นิพจน์บรรทัดฐาน
- RQ = ปริมาณสัมพัทธ์

ข้อผิดพลาดมาตรฐานสำหรับสูตรยีนที่สนใจ (GOI) ที่เป็นบรรทัดฐานคือ

$$\text{SE GOI}_n = \text{GOI}_n \times \sqrt{\left(\frac{\text{SE NF}_n}{\text{NF}_n}\right)^2 + \left(\frac{\text{SE GOI}}{\text{GOI}}\right)^2}$$

โดย

- SE = ข้อผิดพลาดมาตรฐาน
- GOI = ยีนที่สนใจ (หนึ่งเป้าหมาย)
- NF = ตัวคูณปรับบรรทัดฐาน
- n = จำนวนเป้าหมายอ้างอิง

ภาคผนวก B การจัดการผู้ใช้และบทบาทสำหรับ CFX Manager Dx

ในซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx คุณสามารถสร้างผู้ใช้และกำหนดบทบาทให้กับผู้ใช้เหล่านั้นได้ บทบาทจะจำกัดการเข้าถึงคุณลักษณะของ CFX Manager Dx โดยสามารถกำหนดบทบาทเดียวให้กับผู้ใช้ในแต่ละครั้งเท่านั้น อย่างไรก็ตาม ผู้ดูแลระบบซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx สามารถเปลี่ยนบทบาทของผู้ใช้ได้ตลอดเวลา

เคล็ดลับ: โดยไม่จำเป็นต้องสร้างผู้ใช้ในการใช้ CFX Manager Dx หากคุณไม่ได้สร้างผู้ใช้ กิจกรรมทั้งหมดจะดำเนินการโดย *ผู้ดูแล*บัญชีผู้ใช้เริ่มต้น

สำคัญ: ผู้ดูแลผู้ใช้คือบัญชีผู้ดูแลเริ่มต้น ซึ่งคุณใช้เพื่อเข้าสู่ระบบ CFX Manager Dx ในครั้งแรก แนะนำให้คุณสร้างผู้ใช้เฉพาะเพื่อบริหารจัดการ CFX Manager Dx มอบหมายผู้ใช้รายนี้ให้ดูแลบทบาทของผู้ดูแลระบบและดำเนินการการดูแลระบบทั้งหมดกับผู้ใช้รายนี้

สำคัญ: ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ไม่มีคุณลักษณะหมดเวลาเมื่อไม่มีการใช้งานในเซสชันผู้ใช้ ดังนั้น จึงแนะนำให้คุณใช้ Windows หรือมาตรการรักษาความปลอดภัยจากบุคคลที่สาม (ตัวอย่างเช่น ใช้โปรแกรมรักษาหน้าจอที่ต้องทำการเข้าสู่ระบบ)

การจัดการผู้ใช้

ใน ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ฉบับมาตรฐาน บัญชีผู้ใช้สามารถใช้ชื่อหรือรหัสผ่านใดก็ได้

หากต้องการกำหนดบทบาทให้กับผู้ใช้แต่ละราย ให้เลือกจากรายการบทบาทในหน้าต่าง User Administration (การบริหารผู้ใช้) ในตัวอย่างนี้ ผู้ใช้ที่เป็นผู้เยี่ยมชมจะได้รับสิทธิ์เพิ่มให้บันทึกไฟล์ได้

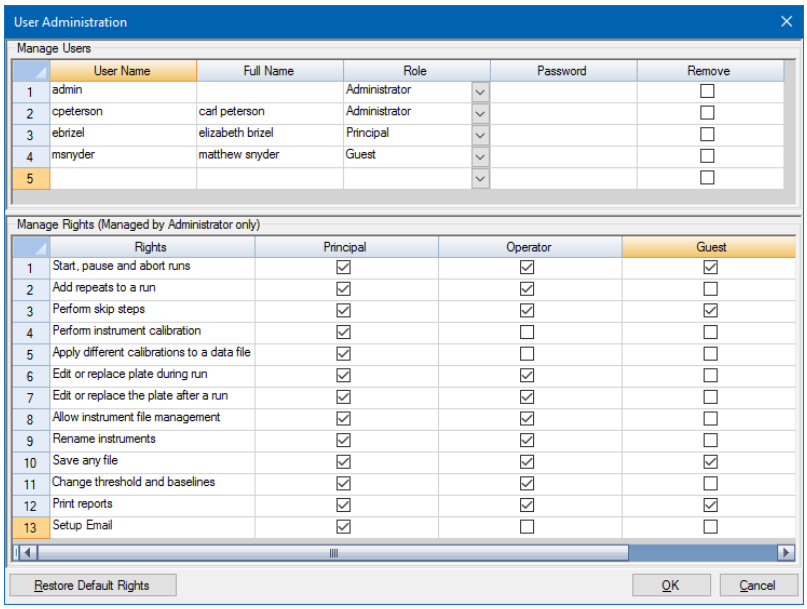
การเพิ่มและลบผู้ใช้

หมายเหตุ: เฉพาะผู้ดูแลระบบ CFX Manager Dx เท่านั้นที่สามารถเพิ่มและลบผู้ใช้ได้

วิธีการเพิ่มบัญชีผู้ใช้ไปยัง CFX Manager Dx

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

กล่องโต้ตอบ User Administration (การจัดการผู้ใช้) จะปรากฏขึ้น



2 ในบานหน้าต่าง Manage Users (จัดการผู้ใช้) ให้พิมพ์ชื่อผู้ใช้สำหรับผู้ใช้

3 เลือกบทบาทของผู้ใช้

บทบาทจะจำกัดสิทธิ์ของผู้ใช้ ค่าเริ่มต้นคือค่าหลัก

เคล็ดลับ: คุณสามารถเปลี่ยนแปลงสิทธิ์สำหรับแต่ละบทบาทได้ การเปลี่ยนแปลงสิทธิ์สำหรับบทบาทจะมีผลกับผู้ใช้ทั้งหมดที่ได้รับมอบหมายให้รับบทบาทนั้น ๆ สำหรับข้อมูลเพิ่มเติม โปรดดูการจัดการสิทธิ์ของบทบาท ในหน้า 243

4 (ไม่บังคับ) พิมพ์ชื่อเต็มและรหัสผ่านสำหรับผู้ใช้

5 คลิก OK (ตกลง) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบและยืนยันว่าคุณต้องการปิดหน้าต่าง

6 คลิก Yes (ใช่) เพื่อปิดกล่องโต้ตอบและหน้าต่าง

หากต้องการลบผู้ใช้

1 ในบานหน้าต่าง Manage Users (จัดการผู้ใช้) ให้เลือก Remove (ลบ) สำหรับผู้ใช้แต่ละรายที่คุณต้องการลบออก

2 คลิก OK (ตกลง) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบและยืนยันว่าคุณต้องการปิดหน้าต่าง

3 คลิก Yes (ใช่) เพื่อปิดกล่องโต้ตอบและหน้าต่าง

หมายเหตุ: รายชื่อผู้ใช้ซอฟต์แวร์จะต้องมีผู้ดูแลระบบหนึ่งรายเสมอ

การจัดการสิทธิ์ของบทบาท

CFX Manager Dxประกอบไปด้วยสี่บทบาทต่อไปนี้+

- ผู้ดูแล (จำเป็นต้องมี) — ผู้ดูแลจะมีสิทธิ์ทั้งหมดและไม่สามารถถูกเปลี่ยนแปลงสิทธิ์ได้ ผู้ดูแลยังสามารถเพิ่มและลบผู้ใช้ อีกทั้งเปลี่ยนแปลงสิทธิ์สำหรับแต่ละบทบาทได้อีกด้วย

  หมายเหตุ: มีเพียงผู้ดูแลเท่านั้นที่สามารถเปลี่ยนแปลงสิทธิ์ของบทบาทใดๆ ก็ได้

- หัวหน้า — ผู้ใช้ที่เป็นหัวหน้าจะมีสิทธิ์ทั้งหมดโดยค่าเริ่มต้น
- ผู้ปฏิบัติงาน — โดยค่าเริ่มต้นแล้ว ผู้ใช้ที่เป็นผู้ปฏิบัติงานจะมีสิทธิ์ทั้งหมดยกเว้นการข้ามขั้นตอน
- ผู้เยี่ยมชม — โดยค่าเริ่มต้น ผู้ใช้ที่เป็นผู้เยี่ยมชมจะสามารถอ่านไฟล์ได้เท่านั้น

สำคัญ: การเปลี่ยนแปลงสิทธิ์ของบทบาทจะมีผลกับผู้ใช้ทั้งหมดที่ได้รับมอบหมายให้รับบทบาทนั้นๆ คุณไม่สามารถปรับเปลี่ยนบทบาทของผู้ใช้เฉพาะรายได้ โปรดระมัดระวังเมื่อปรับเปลี่ยนสิทธิ์ของบทบาท

วิธีกำหนดสิทธิ์ให้แก่แต่ละบทบาท

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

2 ที่หน้าต่างจัดการสิทธิ์ (Manage Rights) ให้ดำเนินการสิ่งใดสิ่งหนึ่งต่อไปนี้

   - หากต้องการลบสิทธิ์ออกจากบทบาท ให้ยกเลิกการทำเครื่องหมายที่ช่องทำเครื่องหมาย
   - หากต้องการเพิ่มสิทธิ์ให้กับบทบาท ให้ทำเครื่องหมายที่ช่องทำเครื่องหมาย

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบและยืนยันว่าคุณต้องการปิดหน้าต่าง

4 คลิก Yes (ใช่) เพื่อปิดกล่องโต้ตอบและหน้าต่าง

หากต้องการรีเซ็ตสิทธิ์ของบทบาททั้งหมด

▶ ที่กล่องโต้ตอบ User Administration (การจัดการผู้ใช้) ให้คลิกที่คืนค่าสิทธิ์ตามค่าเริ่มต้น

เข้าสู่ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะบริหารจัดการผู้ที่เข้าสู่ซอฟต์แวร์ผ่านทางกล่องโต้ตอบ Login (เข้าสู่ระบบ) เมื่อคุณเริ่มใช้งานซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx จะแสดงกล่องโต้ตอบ Login (เข้าสู่ระบบ) โดยอัตโนมัติเมื่อมีผู้ใช้สองรายขึ้นไปที่อยู่ในรายการในหน้าต่าง User Administration (การดูแลผู้ใช้)

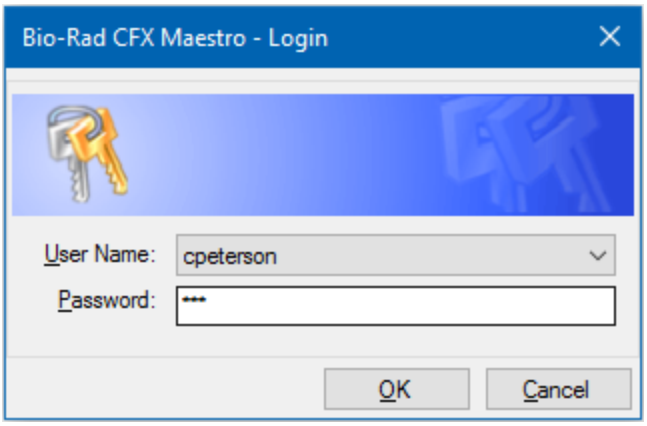
CFX Manager Dx จะแสดงชื่อของผู้ใช้ที่เข้าสู่ระบบไว้ที่ด้านบนของหน้าต่าง Home (หน้าหลัก)

วิธีการเข้าสู่ระบบ CFX Manager Dx

1 ในกล่องโต้ตอบ Login (เข้าสู่ระบบ) ให้เลือกชื่อของคุณจากรายการแบบเลื่อนลง User Name (ชื่อผู้ใช้)

2 พิมพ์รหัสผ่านของคุณ

3 คลิก OK (ตกลง) เพื่อปิดกล่องโต้ตอบ Login (เข้าสู่ระบบ) และเปิดซอฟต์แวร์



การเปลี่ยนผู้ใช้

คุณสามารถเปลี่ยนผู้ใช้ในขณะที่ซอฟต์แวร์กำลังทำงานได้

วิธีเปลี่ยนผู้ใช้

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก User (ผู้ใช้) > Select User (เลือกผู้ใช้) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Loging (เข้าสู่ระบบ)

2 เลือกชื่อจากรายการ User Name (ชื่อผู้ใช้) แบบเลื่อนลง

3 พิมพ์รหัสผ่านของผู้ใช้ใหม่

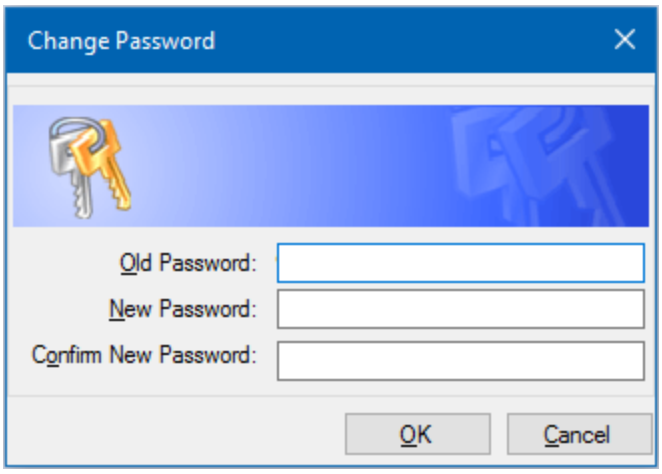
4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อปิดกล่องโต้ตอบ Login (เข้าสู่ระบบ) และเปิดซอฟต์แวร์

การเปลี่ยนรหัสผ่านของผู้ใช้

CFX Manager Dx ผู้ใช้สามารถเปลี่ยนรหัสผ่านของตนเองได้ตลอดเวลา

วิธีการเปลี่ยนรหัสผ่านของผู้ใช้

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก User (ผู้ใช้) > Change Password (เปลี่ยนรหัสผ่าน) เพื่อเปิดกล่องโต้ตอบ Change Password (เปลี่ยนรหัสผ่าน)



2 ใน Old Password (รหัสผ่านเดิม) ให้พิมพ์รหัสผ่านปัจจุบันของคุณ

3 ใน New Password (รหัสผ่านใหม่) ให้พิมพ์รหัสผ่านใหม่และพิมพ์อีกครั้งใน Confirm New Password (ยืนยันรหัสผ่านใหม่)

4 คลิก OK (ตกลง) เพื่อยืนยันการเปลี่ยน

การดูบทบาทและสิทธิ์ของคุณ

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

วิธีการดูบทบาทและสิทธิ์ผู้ใช้ปัจจุบันของคุณ

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

ติดต่อผู้ดูแลระบบ CFX Manager Dx ของคุณเพื่อแก้ไขการตั้งค่า สิทธิ์และบทบาทผู้ใช้ที่แสดงในหน้าต่าง User Administration (การดูแลระบบของผู้ใช้)

ภาคผนวก C การรวมระบบ LIMS

คุณสามารถกำหนดค่าซอฟต์แวร์ CFX Manager™ Dx เพื่อใช้กับระบบการจัดการข้อมูลทางห้องปฏิบัติการ (LIMS) ได้ สำหรับการรวมระบบ LIMS CFX Manager Dx ต้องการข้อมูลการตั้งค่าเพลตที่สร้างขึ้นโดยแพลตฟอร์ม LIMS (ไฟล์ LIMS, *.plrn) ไฟล์โปรโตคอลที่สร้างขึ้นโดยใช้ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx (*.prcl) ตำแหน่งการส่งออกข้อมูลที่กำหนดไว้ และรูปแบบการส่งออกที่กำหนดไว้

หลังจากทำการทดสอบเสร็จสิ้น CFX Manager Dx จะสร้างไฟล์ข้อมูล (.pcrd) และบันทึกไว้ในตำแหน่งโฟลเดอร์ส่งออกข้อมูลที่กำหนดไว้ นอกจากนี้ CFX Manager Dx ยังสามารถสร้างไฟล์ข้อมูลที่สอดคล้องกับระบบ LIMS ในรูปแบบ .csv และบันทึกไว้ในตำแหน่งเดียวกัน

การสร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้

ภาคผนวกนี้จะอธิบายวิธีการตั้งค่าซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx เพื่อสร้าง บันทึก และส่งออกไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้

การตั้งค่าโฟลเดอร์ LIMS และตัวเลือกการส่งออกข้อมูล

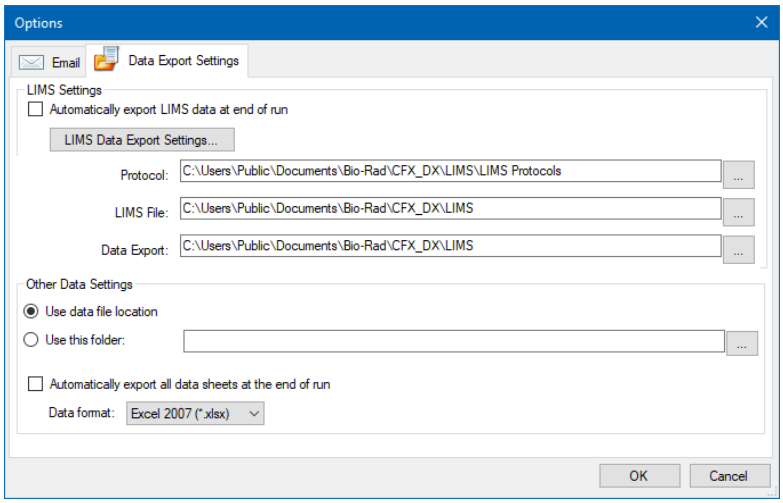
โดยค่าเริ่มต้น CFX Manager Dx จะบันทึกโปรโตคอล ไฟล์ และไฟล์ส่งออกข้อมูล LIMS ไปยังโฟลเดอร์นี้
C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX_Dx\LIMS

คุณสามารถกำหนดค่า CFX Manager Dx เพื่อบันทึกไฟล์ลงในโฟลเดอร์อื่น และสามารถเปลี่ยนตัวเลือกการส่งออกข้อมูล LIMS ได้

วิธีการตั้งค่าโฟลเดอร์ LIMS และตัวเลือกการส่งออกข้อมูล

1 บนหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Options (ตัวเลือก)

2 ในกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก) ให้เลือก Data Export Settings (การตั้งค่าการส่งออกข้อมูล)



3 (ไม่บังคับ) เลือกส่งออกข้อมูล LIMS โดยอัตโนมัติเมื่อสิ้นสุดการทดสอบ

ซอฟต์แวร์จะส่งออกข้อมูล LIMS หลังจากการทดสอบแต่ละครั้งและบันทึกลงในตำแหน่งที่ระบุโดยอัตโนมัติ

4 หากต้องการเปลี่ยนตัวเลือกการส่งออกเริ่มต้นสำหรับข้อมูล LIMS ให้คลิก LIMS Data Export Settings (การตั้งค่าการส่งออกข้อมูล LIMS)

สำคัญ: เฉพาะข้อมูล LIMS ที่ส่งออกเป็นไฟล์ .csv เท่านั้นที่จะสามารถนำกลับเข้ามาใน CFX Manager Dx ได้

5 ในกล่องโต้ตอบ LIMS Data Export Format Settings (การตั้งค่ารูปแบบการส่งออกข้อมูล LIMS) ให้เลือกตัวเลือกการส่งออกที่ต้องการและคลิก OK (ตกลง)

6 ในกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก) ให้ค้นหาและเลือกโฟลเดอร์เริ่มต้นที่คุณต้องการบันทึกไฟล์ข้อมูล LIMS คุณสามารถเลือกตำแหน่งที่แตกต่างกันสำหรับไฟล์แต่ละประเภทได้

- Protocol (โปรโตคอล)
- LIMS File (ไฟล์ LIMS)
- Data export (การส่งออกข้อมูล)

7 คลิก OK (ตกลง) เพื่อบันทึกการเปลี่ยนแปลงและปิดกล่องโต้ตอบ Options (ตัวเลือก)

การสร้างโปรโตคอลระบบ LIMS

หากต้องการเริ่มดำเนินการ LIMS ให้สร้างไฟล์โปรโตคอลสำหรับ CFX Manager Dx (*.prcl) และบันทึกลงในโฟลเดอร์โปรโตคอล LIMS ที่กำหนด

ดูข้อมูลเพิ่มเติมในบท 6, การสร้างโปรโตคอล

การสร้างไฟล์ LIMS

ไฟล์ LIMS (*.plrn) ประกอบด้วยรายละเอียดการตั้งค่าเพลตและชื่อไฟล์โปรโตคอล ไฟล์นี้สร้างขึ้นโดย LIMS ภายในของคุณ CFX Manager Dx ใช้ไฟล์ LIMS เพื่อสร้างไฟล์เพลตสำหรับใช้กับไฟล์โปรโตคอล

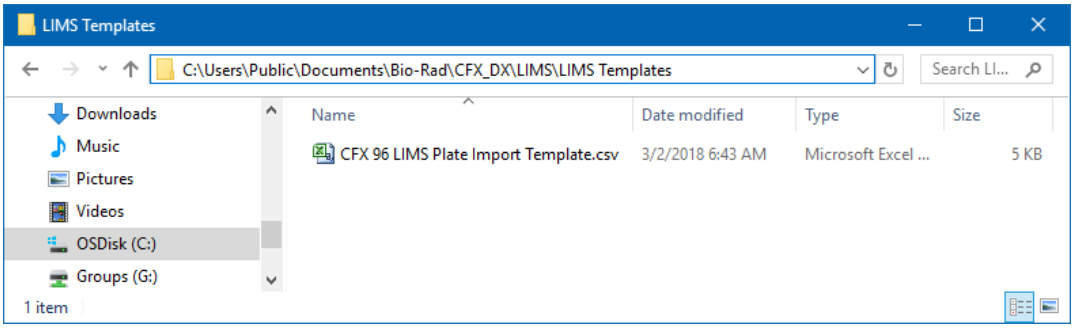
CFX Manager Dx มี ที่คุณสามารถแก้ไขเพื่อสร้างไฟล์เพลต LIMS แบบกำหนดเองได้

เคล็ดลับ: ผู้เชี่ยวชาญ LIMS ต้องเป็นผู้ดำเนินการนี้

วิธีสร้างไฟล์ LIMS

1 ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก View (ดู) > Show (แสดง) > LIMS File Folder (โฟลเดอร์ไฟล์ LIMS)

2 เปิดโฟลเดอร์ LIMS Templates (เทมเพลต LIMS) แล้วเลือกไฟล์ .csv เพื่อนำเข้า LIMS ภายในของคุณ



3 ใช้ LIMS แก้ไขไฟล์เทมเพลตโดยการกรอกลงในช่องที่กำหนดที่ระบุไว้ในตาราง 40

4 บันทึกเทมเพลตให้เป็นไฟล์นามสกุล .plrn ไปยังโฟลเดอร์ LIMS File (ไฟล์ LIMS)

สำคัญ: CFX Manager Dx เปิดได้เฉพาะไฟล์ .plrn เท่านั้น คุณต้องบันทึกไฟล์ .csv เป็น .plrn เพื่อเริ่มดำเนินการ LIMS

ตาราง 40 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMS

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	สาร	วัตถุประสงค์
A	1	Plate Header (ส่วนหัวของเพลต)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
A,B,C	2	Field/Data/Instruction (ช่อง/ข้อมูล/คำแนะนำ)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B	3	Version (เวอร์ชัน)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า

ตาราง 40 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMS (ต่อ)

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	สาร	วัตถุประสงค
B	4	Plate Size (ขนาดของเพลต)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B	5	Plate Type (ประเภทของเพลต)	ป้อน BR White (BR ขาว) BR Clear (BR ใส) หรือประเภทของเพลตที่ปรับเทียบค่าแล้วอื่นๆ	ต้องระบุ
B	6	Scan Mode (โหมดสแกน)	ป้อน “SYBR/FAM Only:” “All Channels” หรือ “FRET”	ต้องระบุ
B	7	Units (หน่วย)	ป้อนข้อมูลใดข้อมูลหนึ่งต่อไปนี้ “copy number” “fold dilution” “micromoles” “nanomoles” “picomoles” “femtomoles” “attomoles” “milligrams” “micrograms” “nanograms” “picograms” “femtograms” “attograms” หรือ “percent”	ต้องระบุ
B	8	Run ID (ID การดำเนินการ)	ป้อนคำอธิบายสั้นๆ หรือบาร์โค้ดที่ระบุการดำเนินการนี้ (ความยาวไม่เกิน 30 อักขระ ต้องไม่มีเครื่องหมายจุลภาค)	ตัวเลือก
B	9	Run Note (หมายเหตุการดำเนินการ)	ป้อนคำอธิบายการดำเนินการ	ตัวเลือก
B	10	Run Protocol (โปรโตคอลการดำเนินการ)	ป้อนชื่อไฟล์โปรโตคอลตามที่แสดงในรายชื่อ	ต้องระบุ
A	11	Data File (ไฟล์ข้อมูล)	ป้อนชื่อไฟล์ข้อมูล	ตัวเลือก
A	12-15	TBD/Empty (ว่าง)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
A	16	Plate Data (ข้อมูลเพลต)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า

ตาราง 40 คำจำกัดความของเนื้อหาในไฟล์ .csv ของ LIMS (ต่อ)

คอลัมน์	แถว	คำอธิบาย	สาร	วัตถุประสงค์
A	17-113	Well Position (ตำแหน่งหลุม)	ห้ามแก้ไข	กำหนดค่าล่วงหน้า
B-G		Ch1 Dye, Ch2 Dye, Ch3 Dye, Ch4 Dye, Ch5 Dye, FRET	ป้อนชื่อสีย้อมที่ปรับเทียบค่าแล้วหนึ่งชื่อ (เช่น “FAM”) สำหรับแต่ละช่องที่ใช้	ต้องระบุ
H		Sample Type (ประเภทตัวอย่าง)	ป้อนประเภทตัวอย่างต่อไปนี้หนึ่งประเภท “Unknown,” “Standard” “Positive Control” “Negative Control” “NTC” หรือ “NRT”	ต้องระบุ
I		Sample Name (ชื่อตัวอย่าง)	ป้อนชื่อตัวอย่าง	ตัวเลือก
J-O		CH1 Target, CH2 Target, CH3 Target, CH4 Target, CH5 Target, FRET Target,	ป้อนชื่อเป้าหมายสำหรับแต่ละช่องที่ใช้	ตัวเลือก
P		Biological Set Name (ชื่อชุดทางชีวภาพ)	ป้อนชื่อชุดทางชีวภาพ	ตัวเลือก
Q		Replicate (ทำซ้ำ)	ป้อนจำนวนเต็มบวกสำหรับแต่ละชุดของการทำซ้ำ ค่าต้องไม่เป็นศูนย์	ตัวเลือก
R-W		CH1 Quantity, CH2 Quantity, CH3 Quantity, CH4 Quantity, CH5 Quantity, FRET Quantity	ป้อนค่าคุณภาพสำหรับมาตรฐานใดๆ ป้อนค่าความเข้มข้นในรูปแบบทศนิยม	ต้องระบุสำหรับทุกมาตรฐาน
X		Well Note (โน้ตของหลุม)	ป้อนหมายเหตุของหลุม (ไม่เกิน 20 อักขระ)	ตัวเลือก
Y-AD		Ch1 Well Color, Ch2 Well Color, Ch3 Well Color, Ch4 Well Color, Ch5 Well Color, FRET Well Color	ป้อนสีลอกรูปแบบที่ผู้ใช้กำหนดเองเป็นจำนวนเต็มแบบ 32 บิท (argb) ในรูปแบบจุดทศนิยม	ตัวเลือก

การเริ่มการทำงานระบบ LIMS

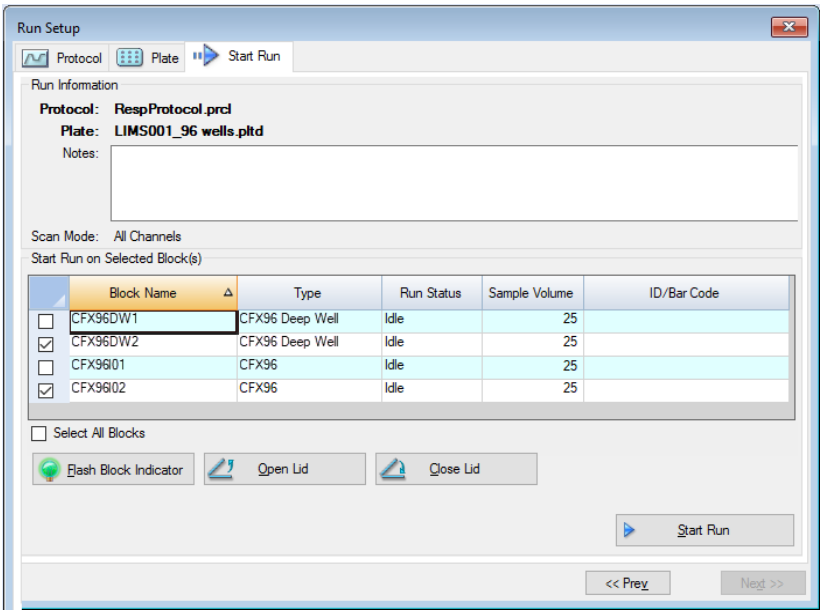
วิธีเริ่มการทดสอบ LIMS

1 ทำตามข้อใดข้อหนึ่งต่อไปนี้เพื่อเปิดไฟล์ LIMS .plrn:

- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก View (ดู) > Show (แสดง) > LIMS File Folder (โฟลเดอร์ไฟล์ LIMS) และเปิดไฟล์ .plrn เป้าหมาย
- ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก File (ไฟล์) > Open (เปิด) > LIMS File (ไฟล์ LIMS) และเปิดไฟล์ .plrn เป้าหมาย

ไฟล์จะเปิดในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) ในตัวช่วยสร้าง Run Setup (การตั้งค่าการทดสอบ) แท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) แสดงข้อมูลเกี่ยวกับการทดลองที่จะดำเนินการ นอกจากนี้ยังแสดงบล็อกเครื่องมือที่เชื่อมต่อที่คุณสามารถทำการทดลองได้

2 ในแท็บ Start Run (เริ่มการทดสอบ) เลือกเครื่องมือและคลิก Start Run (เริ่มการทดสอบ)



การส่งออกข้อมูลไปยังระบบ LIMS

เมื่อดำเนินการเสร็จสิ้น CFX Manager Dx สร้างไฟล์ข้อมูล (.pcrd) ไฟล์จะบันทึกไว้ในตำแหน่งโฟลเดอร์ส่งออกข้อมูลที่กำหนดไว้

วิธีส่งออกข้อมูลไประบบ LIMS

▶ เปิดไฟล์ .pcrd และเลือก Export (ส่งออก) > Export to LIMS Folder (ส่งออกไปโฟลเดอร์ LIMS)

เคล็ดลับ: หากคุณเลือก Automatically Export Data (ส่งออกข้อมูลอัตโนมัติ) หลัง Run in LIMS Options (ดำเนินการในตัวเลือกระบบ LIMS) CFX Manager Dx ให้สร้างไฟล์ข้อมูลที่ใช้งานร่วมกับระบบ LIMS ได้ในรูปแบบ .csv และบันทึกไว้ในโฟลเดอร์เดิม

ภาคผนวก D การแก้ไขปัญหาการเชื่อมต่อซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx

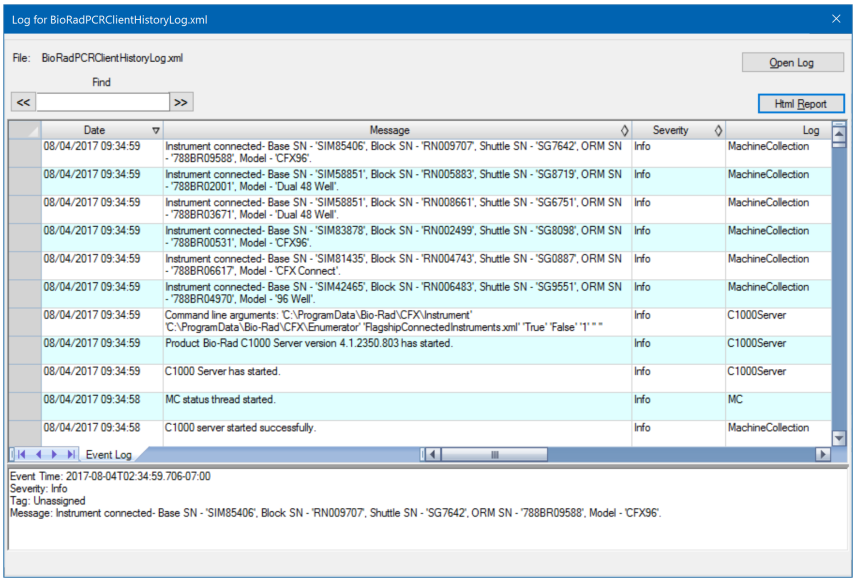
บันทึกการใช้งาน

ก่อนเริ่มการทดสอบใหม่ เครื่องมือ CFX96™ และ CFX96 Deep Well จะเริ่มการทดสอบวิเคราะห์ตัวเองเพื่อตรวจสอบว่ากำลังทำงานภายในข้อมูลจำเพาะ ซอฟต์แวร์จะบันทึกผลการทดสอบนี้ในไฟล์ Run Log (บันทึกการทดสอบ) และไฟล์ Application Log (บันทึกการใช้งาน) หากคุณสังเกตเห็นปัญหาในการทดลองอย่างใดอย่างหนึ่งหรือหลายการทดลอง เปิดบันทึกการทดสอบและบันทึกการใช้งานเพื่อค้นหาว่าปัญหาเริ่มต้นขึ้นเมื่อใด

CFX Manager™ Dx จะติดตามข้อมูลสถานะเครื่องมือระหว่างการทดสอบใน Application Log (บันทึกการใช้งาน) ใช้บันทึกเหล่านี้ติดตามกิจกรรมที่เกิดขึ้นกับเครื่องมือและในซอฟต์แวร์และเพื่อการแก้ไขปัญหา

วิธีเปิด Application log (บันทึกการใช้งาน)

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) เลือก View (ดู) > Application Log (บันทึกการใช้งาน)



การแก้ไขปัญหา

โดยทั่วไป ปัญหาซอฟต์แวร์และการสื่อสารกับเครื่องมือสามารถแก้ไขได้โดยการรีสตาร์ทคอมพิวเตอร์และระบบของคุณ ตรวจสอบให้แน่ใจว่าได้บันทึกงานใดๆ ที่กำลังทำอยู่ก่อนทำการรีสตาร์ท

หมายเหตุ: ตรวจสอบว่าคอมพิวเตอร์ของคุณมี RAM เพียงพอและมีพื้นที่ดิสก์ว่าง RAM ขั้นต่ำคือ 4 GB และพื้นที่ฮาร์ดดิสก์ขั้นต่ำคือ 128 GB

ไฟฟ้าขัดข้อง

เมื่อไฟฟ้าขัดข้อง เครื่องมือและคอมพิวเตอร์จะปิดลง หากไฟฟ้าดับเพียงครู่เดียว เครื่องมือจะกลับมาใช้งานโปรโตคอลอีกครั้ง แต่ Application Log (บันทึกการทำงาน) จะบันทึกว่าเกิดไฟฟ้าขัดข้อง เครื่องมือและซอฟต์แวร์จะพยายามทำงานต่อไปตามการตั้งค่าคอมพิวเตอร์และระยะเวลาที่เครื่องมือปิดไป โดยจะขึ้นอยู่กับขั้นตอนของโปรโตคอล

- หากโปรโตคอลอยู่ในขั้นตอนที่ไม่มีการอ่านเพลต โปรโตคอลจะทำงานต่อโดยเร็วที่สุดที่เครื่องมือสามารถเรียกคืนพลังงานไฟฟ้าได้
- หากโปรโตคอลอยู่ในขั้นตอนที่มีการอ่านเพลต เครื่องมือจะรอให้ซอฟต์แวร์รีสตาร์ทและกลับมาทำการสื่อสารเพื่อเก็บรวบรวมข้อมูล ในสถานการณ์เช่นนี้ โปรโตคอลจะดำเนินต่อไปก็ต่อเมื่อคอมพิวเตอร์ไม่ได้ปิดซอฟต์แวร์ด้วย เมื่อคอมพิวเตอร์และซอฟต์แวร์เริ่มทำงานอีกครั้ง โปรโตคอลจะดำเนินต่อไป

การนำตัวอย่างออกจากโมดูลปฏิกิริยาระหว่างที่เกิดไฟฟ้าดับ

คุณสามารถเปิดฝาครอบมอเตอร์ที่ล็อกไว้ในโมดูลปฏิกิริยาเพื่อนำตัวอย่างของคุณออกในระหว่างที่เกิดไฟฟ้าดับได้

วิธีการนำเพลตที่ล็อกออก

1 กดแถบล็อกลงเพื่อนำโมดูลปฏิกิริยาออกจาก เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม C1000 ™ Dx

2 ตั้งโมดูลปฏิกิริยาไว้บนโต๊ะหรือบนโต๊ะปฏิบัติการอย่างระมัดระวัง

3 วางโมดูลโดยให้ด้านหน้าของโมดูลยื่นออก 2 นิ้วเหนือขอบ

4 ใช้ประแจถอดสกรูใหญ่สองตัวออกจากใต้ขอบด้านหน้าของโมดูลปฏิกิริยา (ด้านล่างปุ่มสำหรับเปิดฝาครอบ)

คุณควรจะได้ยินเสียงปลดสลักล็อกจากภายในโมดูล

สำคัญ: ห้ามถอดสกรูสองตัวเล็ก ๆ ที่อยู่ที่ขอบด้านหน้าของโมดูล

5 ดันฝาครอบโมดูลปฏิกิริยาให้เปิดออก คุณจะสังเกตเห็นว่าสลัก (พลาสติกสีเข้ม) ไม่ติดอยู่แล้ว นำตัวอย่างของคุณออกจากบล็อก

6 ใส่สลักล็อกกลับเข้าไปและยึดให้แน่นด้วยสกรูตัวใหญ่เพื่อประกอบโมดูลปฏิกิริยาในขณะที่ฝาครอบเปิดอยู่

การเรียกไฟล์ไปยังคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx

คุณสามารถเรียกข้อมูลและล็อกไฟล์ที่อยู่ในเครื่องมือ และถ่ายโอนข้อมูลไปยังฮาร์ดไดรฟ์ของคอมพิวเตอร์ที่ต่ออยู่ได้

หมายเหตุ: ไฟล์ทั้งหมดในโฟลเดอร์ข้อมูลเรียลไทม์บนฐานของเครื่องมือจะถูกเรียกไปยังคอมพิวเตอร์

วิธีการเรียกไฟล์จากเครื่องมือ

1 ในบานหน้าต่าง Detected Instruments (เครื่องมือที่ตรวจพบ) ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) คลิกขวาที่เครื่องมือเป้าหมายและเลือกรายการใดรายการหนึ่งต่อไปนี้

- Retrieve Log Files (เรียกล็อกไฟล์)
- Retrieve Data Files (เรียกไฟล์ข้อมูล)

2 เลือกตำแหน่งของโฟลเดอร์ที่จะบันทึกไฟล์ที่เรียก

3 คลิก Okay (ตกลง)

การติดตั้งซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ด้วยตนเอง

วิธีการติดตั้งซอฟต์แวร์ ซอฟต์แวร์ CFX Manager Dx ด้วยตนเอง

1 หากจำเป็น ให้ถอดอุปกรณ์ที่เชื่อมต่ออยู่ออกจากคอมพิวเตอร์

ค้นหาตำแหน่งและปลดสาย USB ของอุปกรณ์บนคอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx ปลายด้านที่เสียบอยู่ในเครื่องสามารถเสียบคาไว้ได้

2 ลงชื่อเข้าใช้คอมพิวเตอร์ CFX Manager Dx ด้วยสิทธิ์ระดับผู้ดูแลระบบ

3 ใส่แผ่นซีดีซอฟต์แวร์

4 ใน Windows Explorer ให้ไปที่ซีดี คลิกขวาที่ไอคอนซีดีซอฟต์แวร์ แล้วเลือก Explore เพื่อเปิดหน้าต่างซีดี

5 ดับเบิลคลิกที่โฟลเดอร์ CFX_Manager เพื่อเปิดโฟลเดอร์ จากนั้นดับเบิลคลิกที่ setup.exe เพื่อเริ่มต้นตัวช่วยสร้างการติดตั้งซอฟต์แวร์

6 ทำตามคำแนะนำในตัวช่วยสร้างเพื่อติดตั้งซอฟต์แวร์ แล้วคลิก Finish (เสร็จสิ้น)

การติดตั้งไดรเวอร์อีกครั้ง

วิธีการติดตั้งไดรฟ์เวอร์ของเครื่องมืออีกครั้ง

▶ ในหน้าต่าง Home (หน้าหลัก) ให้เลือก Tools (เครื่องมือ) > Reinstall Instrument Drivers (ติดตั้งไดรฟ์เวอร์ของเครื่องมืออีกครั้ง)

หมายเหตุ: หากคุณมีปัญหาเกี่ยวกับการสื่อสารของซอฟต์แวร์กับระบบเรียลไทม์หลังจากที่คุณติดตั้งไดรฟ์เวอร์อีกครั้งและตรวจสอบการเชื่อมต่อ USB แล้ว โปรดติดต่อฝ่ายสนับสนุนด้านเทคนิคของ Bio-Rad

ภาคผนวก E เอกสารอ้างอิง

1 Sugimoto et al. (1996) Improved thermodynamic parameters and helix initiation factor to predict stability of DNA duplexes. Nucleic Acids Research 24, 4,501–4,505.

2 Breslauer KJ et al. (1986) Predicting DNA duplex stability from the base sequence. Proc Nat Acad Sci 83, 3,746–3,750.

3 Hellemans J et al. (2007) qBase relative quantification framework and software for management and automated analysis of real-time quantitative PCR data. Genome Biol 8, R19.

4 Livak JL et al. (1995) Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. Nature Genetics 9, 341–342.

5 Pfaffl MW (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. Nucleic Acids Research 29, 2,002-2,007.

6 Vandesompele J et al. (2002) Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. Genome Biology 3, 1–12.

7 Fox J (2008). Applied Regression Analysis and Generalized Linear Models. 2nd ed (New York: SAGE Publications, Inc.).

คำประกาศเกี่ยวกับลิขสิทธิ์ Minpack (1999) University of Chicago. สงวนลิขสิทธิ์

การเผยแพร่ซ้ำและการใช้งานแหล่งข้อมูลและรูปแบบทวิบท โดยมีหรือไม่มีการดัดแปลง จะได้รับอนุญาตโดยมีเงื่อนไขดังต่อไปนี้

1 การเผยแพร่ซ้ำซึ่งรหัสต้นฉบับต้องคงคำประกาศเกี่ยวกับลิขสิทธิ์ข้างต้น รายการเงื่อนไขนี้ และข้อจำกัดความรับผิดชอบต่อไปนี้

2 การเผยแพร่ซ้ำในรูปแบบทวิบทต้องทำซ้ำคำประกาศเกี่ยวกับลิขสิทธิ์ข้างต้นรายการเงื่อนไขนี้ และข้อจำกัดความรับผิดชอบต่อไปนี้ในเอกสารและ/หรือสื่ออื่น ๆ ที่ให้มาพร้อมกับการเผยแพร่

3 เอกสารสำหรับผู้ใช้ปลายทางที่มาพร้อมกับการเผยแพร่ซ้ำ (ถ้ามี) จะต้องมีการรับทราบต่อไปนี้

"ผลิตภัณฑ์นี้มีซอฟต์แวร์ที่พัฒนาโดยมหาวิทยาลัยชิคาโกในฐานะผู้ดำเนินการห้องปฏิบัติการแห่งชาติอาร์กอน"

Bio-Rad Laboratories, Inc.
5731 W Las Positas Blvd
Pleasanton, CA 94588
USA

EC REP

Bio-Rad
3, boulevard Raymond Poincaré
92430 Marnes-la-Coquette, France

Tel.: +33 (0)1 47 95 60 00

Fax: +33 (0)1 47 41 91 33

bio-rad.com

BIO-RAD

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