

Novembre 2017

# Manuale utente dell' QIAxcel Advanced

per l'uso con i QIAxcel ScreenGel Software v1.6



# Contenuto

Informazioni di sicurezza .....	1
Uso corretto.....	1
Sicurezza elettrica .....	2
Ambiente.....	3
Agenti chimici.....	4
Smaltimento dei materiali di scarto.....	5
Pericoli meccanici .....	5
Simboli sul QIAxcel Advanced .....	6
Introduzione .....	7
Informazioni sul presente manuale utente.....	7
Informazioni generali.....	8
Uso previsto del QIAxcel Advanced.....	8
Requisiti per gli utenti di QIAxcel Advanced .....	9
Descrizione generale.....	10
Principio del QIAxcel Advanced .....	10
Caratteristiche esterne del QIAxcel Advanced.....	11
Cartucce gel.....	12
Computer e software.....	13
Procedure di installazione .....	15
Requisiti.....	15
Sito .....	15
Requisiti di alimentazione .....	16
Requisiti di messa a terra .....	16
Disimballaggio del QIAxcel Advanced.....	17
Installazione del QIAxcel Advanced .....	18

Rilascio del bloccaggio per il trasporto .....	18
Configurazione dello strumento .....	18
Installazione del cavo di alimentazione CA .....	19
Installazione del cilindro N2 .....	19
Installazione del software QIAxcel ScreenGel .....	20
Prima installazione da CD.....	20
Aggiornamento del software QIAxcel ScreenGel .....	22
Reinstallazione da un CD.....	25
Disinstallazione del software.....	27
Guida introduttiva al software QIAxcel ScreenGel .....	28
Imballaggio del QIAxcel Advanced.....	29
Procedure di funzionamento.....	30
Disimballaggio di un Kit QIAxcel.....	30
Configurazione del QIAxcel Advanced .....	32
Preparazione del vassoio dei tamponi .....	32
Caricamento del vassoio per tamponi .....	34
Installazione di una cartuccia gel e smart key QIAxcel .....	35
Rimozione di una cartuccia gel QIAxcel .....	36
Conservazione di una cartuccia gel QIAxcel .....	37
Funzionamento del QIAxcel Advanced.....	38
Prima di iniziare .....	38
Avvio di un processo .....	39
Software QIAxcel ScreenGel.....	51
Concetti .....	51
Modalità .....	52
Ruoli utente .....	53
Ambienti .....	54
Profili .....	55
Uso generale del software .....	56

Modifica dei dati nelle tabelle.....	58
Visualizzazione di errori e avvertenze.....	59
Visualizzazione delle modifiche.....	62
Come ricevere aiuto.....	66
Autenticazione utente.....	68
Processo.....	72
Esecuzione di un processo con le opzioni avanzate .....	73
Fornire informazioni sui campioni.....	82
Modifica di un profilo di processo .....	88
Opzioni profilo di processo .....	91
Selezione delle opzioni generali di processo.....	94
Selezione dei parametri di processo.....	96
Selezione dei parametri di analisi.....	100
Selezione del marcatore.....	101
Selezione delle istruzioni di individuazione dei picchi .....	104
Selezione dei profili di distribuzione.....	105
Selezione dei parametri di referto/esportazione.....	109
Parametri di processo e struttura dei risultati.....	111
Creazione di un nuovo profilo di processo .....	115
Visualizzazione dei dettagli di un metodo .....	117
Riquadro informazioni di stato .....	118
Analisi.....	122
Introduzione all'analisi .....	124
Gestione di campioni ed esperimenti .....	124
Significato delle icone dei campioni .....	126
Caricamento dei dati dei campioni.....	127
Selezione dei campioni.....	129
Selezione dei campioni per analisi o referto.....	131
Espansione e ridimensionamento.....	132

Attivazione di un esperimento.....	132
Salvataggio di un esperimento.....	133
Chiusura di un esperimento.....	135
Importazione dei dati dal BioCalculator.....	135
Revisione delle informazioni sui campioni.....	137
Gestione di un esperimento incompleto.....	138
Visualizzazione dati dei campioni .....	139
Aggiunta di campioni alle viste.....	139
Rimozione dei campioni dalle viste.....	143
Esportazione delle viste negli appunti.....	144
Vista stampa diretta.....	146
Tabella dei risultati.....	146
Visualizzazione su gel.....	155
Vista elettroferogramma .....	159
Panoramica degli elettroferogrammi.....	168
Vista degli elettroferogrammi sovrapposti.....	173
Controllo delle proprietà dei campioni.....	177
Segnali saturi.....	179
Rilevamento dei picchi .....	180
Procedura di rilevamento picchi.....	181
Modifica di un profilo di analisi.....	185
Creazione di un nuovo profilo di analisi.....	191
Determinazione della dimensione e della concentrazione .....	191
Procedura per la determinazione della dimensione e della concentrazione.....	193
Creazione di un marcatore di riferimento.....	198
Creazione di una nuova tabella di marcatori dimensionali.....	202
Individuazione dei picchi .....	204
Attivazione delle funzioni di individuazione dei picchi .....	209

Modifica di un'istruzione di individuazione dei picchi .....	209
Creazione di una nuova istruzione di individuazione dei picchi .....	212
Abbinamento modelli dei picchi.....	213
Analisi dei campioni di DNA .....	214
Analisi standard del DNA.....	216
Analisi del DNA con Analisi rapida.....	218
Analisi striscio di DNA.....	221
Analisi del DNA genomico.....	225
Analisi della distribuzione .....	228
Analisi dei campioni di RNA .....	240
Analisi standard del RNA.....	242
Analisi di controllo qualità RNA.....	244
Modifica manuale dei risultati di analisi .....	248
Modifica della soglia.....	248
Eliminazione di un picco .....	248
Aggiunta di un picco.....	249
Eliminazione dei risultati di analisi.....	250
Controllo del marcatore di allineamento.....	251
Modifica di un'area di interesse.....	251
Riutilizzo di parametri di analisi usati.....	252
Rianalisi di esperimenti multipli .....	253
Personalizzazione degli esperimenti .....	255
Creazione di un nuovo esperimento.....	256
Modifica di un esperimento.....	257
Referto/Esportazione .....	260
Generazione di un referto.....	261
Opzioni del referto.....	262
Esportazione dei dati.....	287
Opzioni di esportazione.....	288

Modifica di un profilo di referto/esportazione .....	301
Creazione di un nuovo profilo di referto/esportazione .....	302
Assistenza .....	303
Calibrazione di una cartuccia .....	304
Esecuzione della procedura guidata di calibrazione .....	304
Ricalibrazione di una cartuccia.....	307
Controllo del sistema .....	307
Controllo completo.....	307
Test rilevatore.....	309
Controllo del filtro.....	310
Controllo del movimento.....	311
Test perdite .....	312
Manutenzione .....	313
Spurgo .....	313
Spurgo prolungato.....	314
Svuota flacone N2.....	315
Impostazione dell'ID strumento.....	317
Cartella di risoluzione dei problemi e file di registro .....	317
Configurazione.....	320
Impostazioni .....	320
Gestione dei profili .....	328
Gestione utenti .....	329
Procedure di manutenzione .....	331
Pulizia del QIAxcel Advanced.....	331
Manutenzione correttiva minore .....	332
Sostituzione e pulizia dei fusibili .....	332
Sostituzione cilindro di N2 .....	333
Rifornimento alternativo di N2 .....	333

---

Filtro di scarico ostruito .....	334
Risoluzione dei problemi.....	336
Configurazione del sistema .....	336
Funzionamento .....	338
Applicazioni DNA.....	339
Applicazioni RNA.....	343
Glossario.....	346
Appendici.....	348
Appendice A.....	348
Appendice B.....	352
Appendice C.....	360
Appendice D.....	363
Appendice E.....	368
Appendice F.....	369
Appendice G.....	375
Appendice H.....	381

## Informazioni di sicurezza

Prima di utilizzare il QlAxcel Advanced , è fondamentale leggere attentamente il presente manuale utente e prestare particolare attenzione alle informazioni sulla sicurezza. Le istruzioni e le informazioni sulla sicurezza contenute nel manuale utente devono essere rispettate per garantire il funzionamento sicuro dello strumento e per mantenere lo stesso in condizioni di sicurezza.

Il presente manuale contiene le seguenti informazioni sulla sicurezza.

<b>ATTENZIONE</b> 	<p>Il termine <b>ATTENZIONE</b> segnala situazioni che possono avere come conseguenza lesioni personali per l'utente o per terzi.</p> <p>I dettagli di queste circostanze sono segnalati in un riquadro come quello raffigurato.</p>
--	--

<b>CAUTELA</b> 	<p>Il termine <b>CAUTELA</b> segnala situazioni che potrebbero avere come conseguenza un danno allo strumento o ad altre apparecchiature.</p> <p>I dettagli di queste circostanze sono segnalati in un riquadro come quello raffigurato.</p>
---	--

Le linee guida fornite nel presente manuale sono volte ad integrare, e non a sostituire, i normali requisiti di sicurezza in vigore nel paese dell'utilizzatore.

### Uso corretto

<b>ATTENZIONE/ CAUTELA</b> 	<p><b>Rischio di lesioni personali e danni all'apparecchiatura [W1]</b></p> <p>L'uso improprio del QlAxcel Advanced può causare lesioni personali o danni allo strumento.</p> <p>Il QlAxcel Advanced deve essere azionato soltanto da personale tecnico qualificato, appositamente addestrato.</p> <p>Gli interventi di manutenzione sul QlAxcel Advanced devono essere eseguiti unicamente dal personale del centro di assistenza in loco QIAGEN.</p>
---	--

Eseguire la manutenzione come descritto nella sezione [Procedure di manutenzione](#). QIAGEN addebiterà i costi delle riparazioni dovute all'errata manutenzione.

<b>ATTENZIONE/ CAUTELA</b>  	<b>Rischio di lesioni personali e danni all'apparecchiatura [W2]</b>  Il QIAxcel Advanced è troppo pesante per essere sollevato da una persona sola. Per evitare il rischio di lesioni personali o danni allo strumento, non sollevare lo strumento da soli.
---	--

In caso d'emergenza, spegnere il QIAxcel Advanced in corrispondenza dell'interruttore sul retro dello strumento e scollegare il cavo di alimentazione dalla presa di corrente.

<b>CAUTELA</b>  	<b>Danni allo strumento [C1]</b>  Se lo stato Pressione 1 è basso, aumentare la pressione del sistema prima di eseguire il comando di sblocco. La rimozione della cartuccia e lo sblocco con pressione ridotta possono danneggiare lo strumento.
---	--

<b>CAUTELA</b>  	<b>Danni allo strumento [C2]</b>  Non utilizzare candeggina, solventi o reagenti contenenti acidi, alcali o sostanze abrasive per pulire il QIAxcel Advanced.
---	---

## Sicurezza elettrica

Scollegare il cavo di alimentazione dalla presa prima di effettuare gli interventi di manutenzione.

<b>ATTENZIONE</b>  	<b>Pericolo elettrico [W3]</b>  Eventuali interruzioni del conduttore di protezione (conduttore di terra/massa) all'interno o all'esterno dello strumento o la disconnessione del morsetto del conduttore di protezione potrebbero rendere pericoloso lo strumento.  È vietato procurare un'interruzione intenzionale.  <b>Tensioni letali all'interno dello strumento</b>  Quando lo strumento è connesso alla linea di alimentazione, i morsetti potrebbero essere sotto tensione e l'apertura di coperchi o la rimozione di componenti potrebbero esporre parti sotto tensione.
--	--

Per garantire un funzionamento soddisfacente e sicuro del QIAxcel Advanced, seguire le raccomandazioni riportate di seguito.

- Il cavo di alimentazione deve essere connesso ad una presa di alimentazione di rete dotata di conduttore di protezione (terra/massa).
- È vietato regolare o sostituire parti interne dello strumento.
- Non mettere in funzione lo strumento dopo aver rimosso coperchi o componenti.
- In caso di penetrazione di liquidi nello strumento, spegnerlo e scollegarlo dalla presa di corrente, quindi contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.
- Quando si sostituisce il fusibile principale, sostituirlo soltanto con il tipo di fusibile e con la corrente nominale specificati nell'etichetta di identificazione.

Se la sicurezza elettrica dello strumento è stata compromessa, impedire al resto del personale di usare lo strumento e contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN. La sicurezza elettrica dello strumento potrebbe essere stata compromessa se:

- il cavo di alimentazione appare danneggiato;
- lo strumento è stato conservato in condizioni inappropriate per un periodo prolungato;
- lo strumento è stato trasportato in condizioni difficili.

## Ambiente

### Condizioni operative

<b>ATTENZIONE</b> 	<b>Atmosfera esplosiva [W4]</b> Il QIAxcel Advanced non è destinato all'uso in atmosfera esplosiva.
--	--

<b>ATTENZIONE</b> 	<b>Rischio di esplosione [W5]</b> Il QIAxcel Advanced è destinato all'uso con i reagenti e le sostanze forniti in dotazione con i QIAGEN QIAxcel Kits. L'uso di altri reagenti e altre sostanze potrebbe causare incendi o esplosioni.
--	---

<b>CAUTELA</b> 	<b>Danni allo strumento [C3]</b> La luce solare diretta può scolorire le parti esposte dello strumento e danneggiare gli elementi in plastica. Il QIAxcel Advanced deve essere posizionato al riparo dai raggi solari diretti.
---	--

<p><b>CAUTELA</b></p> 	<p><b>Danni alla cartuccia [C4]</b></p> <p>Durante l'utilizzo, la cartuccia gel non deve essere lasciata fuori dalla posizione <b>Wash park</b> (Sosta lavaggio) per più di 15 minuti, altrimenti le punte dei capillari si asciugherebbero e ciò si ripercuoterebbe sul corretto funzionamento della cartuccia stessa. La presenza di punte asciutte annulla la validità della garanzia.</p> <p>Le punte dei capillari sono fatte di vetro e sono molto fragili. Fare attenzione a non far urtare le punte contro una superficie dura, altrimenti le punte dei capillari si romperebbero e ciò si ripercuoterebbe sul corretto funzionamento della cartuccia. La presenza di punte rotte annulla la validità della garanzia.</p>
---	---

<p><b>CAUTELA</b></p> 	<p><b>Danni alla cartuccia [C5]</b></p> <p>Se si elaborano meno di 12 campioni, riempire i pozzetti vuoti con i tamponi QX DNA Dilution Buffer o QX RNA Dilution Buffer. In caso contrario, possono verificarsi danni ai canali capillari.</p>
---	--

## Agenti chimici

<p><b>ATTENZIONE</b></p> 	<p><b>Agenti chimici pericolosi [W6]</b></p> <p>Alcuni agenti chimici utilizzati con lo strumento possono essere pericolosi o diventarlo al termine del protocollo.</p> <p>Indossare sempre occhiali protettivi, guanti e un camice da laboratorio.</p> <p>L'organo responsabile (per esempio il responsabile di laboratorio) deve prendere tutte le precauzioni necessarie per garantire che l'area circostante il luogo di lavoro sia sicura e che gli operatori non siano esposti a livelli pericolosi di sostanze tossiche (chimiche o biologiche), come definito nelle schede tecniche di sicurezza (Safety Data Sheets, SDS) o nei documenti OSHA<sup>*</sup>, ACGIH<sup>†</sup> o COSHH<sup>‡</sup>.</p> <p>Lo sfianto dei fumi e lo smaltimento dei rifiuti devono avvenire nel rispetto di tutti i regolamenti e le leggi su salute e sicurezza vigenti a livello nazionale, statale e locale.</p>
--	---

\* OSHA: Occupational Safety and Health Administration (Autorità per la salute e la sicurezza nei luoghi di lavoro, Stati Uniti d'America).

† ACGIH: American Conference of Government Industrial Hygienists (Conferenza governativa americana degli igienisti industriali, Stati Uniti d'America).

‡ COSHH: Control of Substances Hazardous to Health (Controllo delle sostanze pericolose per la salute, Regno Unito).

<b>ATTENZIONE</b> 	<b>Rischio di incendio [W7]</b> Se si pulisce il QIAxcel Advanced con disinfettante a base di alcol, lasciare aperti gli sportelli del QIAxcel Advanced per permettere la dispersione dei vapori infiammabili.
--	---

## Smaltimento dei materiali di scarto

Materiale da laboratorio e contenitori usati possono contenere agenti chimici pericolosi. Tali materiali di scarto devono essere raccolti ed eliminati correttamente secondo le norme di sicurezza locali.

Per informazioni su come smaltire il QIAxcel Advanced, consultare l'[Appendice A](#).

## Pericoli meccanici

Lo sportello della cartuccia e lo sportello dei campioni del QIAxcel Advanced devono restare chiusi mentre lo strumento è in funzione.

<b>ATTENZIONE</b> 	<b>Parti in movimento [W8]</b> Per evitare il contatto con parti in movimento durante il funzionamento del QIAxcel Advanced, lo strumento deve essere azionato con lo sportello cartucce e lo sportello campioni chiusi.  Se i sensori degli sportelli non funzionano correttamente, rivolgersi al servizio di assistenza tecnica QIAGEN.
--	--

## Simboli sul QIAxcel Advanced

Simbolo	Posizione	Descrizione
	Targhetta identificativa sul retro dello strumento	Marchio CE per la Conformità Europea
	Targhetta identificativa sul retro dello strumento	Marchio CSA per il Canada e gli USA
	Targhetta identificativa sul retro dello strumento	Produttore legale
	Targhetta identificativa sul retro dello strumento	Direttiva sullo smaltimento dei rifiuti elettrici ed elettronici (WEEE)
	Targhetta identificativa sul retro dello strumento	Marchio FCC della Federal Communications Commission degli Stati Uniti
	Targhetta identificativa sul retro dello strumento	Marchio RCM per Australia e Nuova Zelanda.

---

# Introduzione

Grazie di aver scelto il QIAxcel Advanced . Siamo certi che diventerà parte integrante del vostro laboratorio.

Prima di utilizzare il QIAxcel Advanced , è fondamentale leggere attentamente il presente manuale utente e prestare particolare attenzione alle informazioni sulla sicurezza. Le istruzioni e le informazioni sulla sicurezza contenute nel manuale utente devono essere rispettate per garantire il funzionamento sicuro dello strumento e per mantenere lo stesso in condizioni di sicurezza.

## Informazioni sul presente manuale utente

Questo manuale utente fornisce informazioni sul QIAxcel Advanced nelle seguenti sezioni:

- [Informazioni di sicurezza](#)
- [Introduzione](#)
- [Descrizione generale](#)
- [Procedure di installazione](#)
- [Procedure di funzionamento](#)
- [Software QIAxcel ScreenGel](#)
- [Procedure di manutenzione](#)
- [Risoluzione dei problemi](#)
- [Glossario](#)
- [Appendici](#)

Le appendici contengono quanto segue:

- Dati tecnici
- QIAxcel Advanced metodi e accessori
- Descrizioni degli algoritmi per l'analisi dei dati
- Clausola sugli obblighi derivanti dalla garanzia

## Informazioni generali

### Assistenza tecnica

QIAGEN è orgogliosa della qualità e della disponibilità del proprio supporto tecnico. I nostri reparti di assistenza tecnica sono composti da personale qualificato, con una lunga esperienza pratica e teorica nell'uso delle tecnologie relative all'analisi e ai campioni e nell'impiego dei prodotti QIAGEN. In caso di domande o difficoltà riguardanti il QIAxcel Advanced o i prodotti QIAGEN in generale, non esitate a contattarci.

I clienti QIAGEN sono la fonte principale di informazioni relative all'uso avanzato o specializzato dei nostri prodotti. Tali informazioni sono utili sia agli altri ricercatori che a quelli della QIAGEN. Pertanto, qualora abbiate suggerimenti sulle prestazioni dei prodotti o su nuove applicazioni e tecniche, vi esortiamo a contattarci.

Per assistenza tecnica e maggiori informazioni, vi invitiamo a visitare il nostro centro di assistenza tecnica all'indirizzo [www.qiagen.com/goto/TechSupportCenter](http://www.qiagen.com/goto/TechSupportCenter) oppure a chiamare uno dei reparti di assistenza tecnica QIAGEN o il distributore locale (consultate il retro della copertina o visitate il sito [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com)).

Per informazioni aggiornate sul QIAxcel Advanced system, vi invitiamo a visitare il sito [www.qiagen.com/p/QIAxcel](http://www.qiagen.com/p/QIAxcel).

### Politica aziendale

La politica di QIAGEN è quella di ottimizzare i propri prodotti non appena si rendono disponibili tecniche e componenti nuovi. QIAGEN si riserva il diritto di modificare le specifiche in qualsiasi momento.

Nell'intento di produrre una documentazione utile e appropriata, saremo lieti di ricevere i vostri commenti sul presente manuale utente. Contattate il servizio tecnico QIAGEN.

### Gestione delle versioni

Il presente documento è il *QIAxcel Advanced User Manual*, versione 7.0. Versioni aggiornate sono reperibili sul sito [www.qiagen.com/p/QIAxcel](http://www.qiagen.com/p/QIAxcel).

## Uso previsto del QIAxcel Advanced

Il QIAxcel Advanced è uno strumento per elettroforesi multicapillare, ideato per eseguire l'analisi rapida e totalmente automatizzata di frammenti di DNA, oppure l'analisi qualitativa e quantitativa dell'RNA.

Lo QIAxcel Advanced strumento è destinato a essere usato solo in combinazione con i QIAxcel Kits per le applicazioni descritte nei rispettivi manuali dei QIAxcel Kits.

Lo QIAxcel Advanced strumento è rivolto a utenti professionisti, quali tecnici e medici esperti nelle tecniche di biologia molecolare e nel funzionamento dello QIAxcel Advanced strumento.

## Requisiti per gli utenti di QIAxcel Advanced

In questa tabella è illustrato il livello generale di competenza e di addestramento richiesti per il trasporto, l'installazione, l'uso, la manutenzione e la riparazione del QIAxcel Advanced.

<b>Attività</b>	<b>Personale</b>	<b>Formazione ed esperienza</b>
Trasporto	Nessun requisito particolare	Nessun requisito particolare
Installazione	Tecnici di laboratorio o personale equivalente	Personale che abbia ricevuto una formazione adeguata e che abbia familiarità con l'uso del computer e in generale con l'automazione
Amministrazione dello strumento	Tecnici di laboratorio o personale equivalente	Personale che abbia ricevuto una formazione adeguata e che abbia familiarità con l'uso del computer e in generale con l'automazione
Uso di routine (esecuzione dei profili)	Tecnici di laboratorio o personale equivalente	Personale che abbia ricevuto una formazione adeguata e che abbia familiarità con l'uso del computer e in generale con l'automazione
Analisi dei dati	Tecnici di laboratorio o personale equivalente	Personale che abbia ricevuto una formazione adeguata e che abbia familiarità con l'uso del computer e in generale con l'automazione
Manutenzione dello strumento	Tecnici di laboratorio o personale equivalente	Personale che abbia ricevuto una formazione adeguata e che abbia familiarità con l'uso del computer e in generale con l'automazione
Interventi di manutenzione	Solo tecnici dell'assistenza in loco QIAGEN	

## Descrizione generale

Il QIAxcel Advanced system esegue la separazione totalmente automatica dei frammenti di DNA e RNA a seconda del loro peso molecolare ed è in grado di elaborare fino a 96 campioni senza l'intervento dell'utente. Il QIAxcel Advanced system è composto dallo QIAxcel Advanced strumento, da un QIAxcel Kit (contenente una QIAxcel gel cartridge e i reagenti), da un computer e dal software QIAxcel ScreenGel , che sono stati ottimizzati per funzionare insieme in una vasta gamma di applicazioni e fornire risoluzione, velocità e produttività ineguagliabili per l'analisi dei frammenti di DNA e RNA.

Il software QIAxcel ScreenGel fornito in dotazione con il QIAxcel Advanced offre sia elettroferogrammi che immagini gel della separazione degli acidi nucleici e può essere usato per eseguire i seguenti tipi di analisi:

- determinazione delle dimensioni e della concentrazione dei frammenti di DNA
- determinazione del rapporto 28S/18S, della concentrazione e della qualità dell'RNA totale, nonché della qualità di RNA/DNA complementare (complementary RNA/DNA, cRNA/cDNA) e di RNA/DNA frammentato

**Nota:** raccomandiamo di determinare la concentrazione degli acidi nucleici con il QIAxcel DNA Fast Analysis Kit.

## Principio del QIAxcel Advanced

Il QIAxcel Advanced utilizza elettroforesi capillare per consentire la separazione sensibile e ad alta risoluzione dei campioni di DNA e RNA . Lo strumento di elettroforesi capillare a 12 canali utilizza cartucce monouso e multiuso per l'analisi di un massimo di 96 campioni in meno di 25 minuti, mantenendo così i costi contenuti.

1. Il QIAxcel Advanced è configurato come una cartuccia gel, in grado di processare tamponi e tamponi di lavaggio, e calibrato mediante marcatori di intensità.
2. I campioni di analisi (in una piastra a 96 pozzetti o strisce a 12 provette) sono posizionati su un semplice portapiastre.
3. Le impostazioni di raccolta dati richiesti sono selezionate e i campioni passano attraverso i capillari della cartuccia gel QIAxcel.
4. I dati vengono analizzati mediante il software QIAxcel ScreenGel .

## Caratteristiche esterne del QIAxcel Advanced



Caratteristiche esterne del QIAxcel Advanced.

- |   |   |
|---|---|
| 1 Sportello campioni  | 8 Sportello N <sub>2</sub>                        |
| 2 Sportello cartuccia   | 9 Fermo di trasporto e posizione vassoio campioni |
| 3 Sportello di servizio   | 10 Portapiastre per campioni                      |
| 4 Collegamento alimentazione per presa CA                       | 11 Alloggiamento cartuccia                        |
| 5 Raccordo provetta per alimentazione di N <sub>2</sub> esterna | 12 Slot per smart key                             |
| 6 Collegamento RS232  | 13 Display a pressione digitale                   |
| 7 Regolatore e cilindro N <sub>2</sub>                          | 14 Filtro di scarico                              |

**Nota:** se si usa un'alimentazione di N<sub>2</sub> esterna, la pressione in uscita non deve superare i 75 psi. Il QIAxcel Advanced è dotato di un regolatore interno che regola la pressione fornita dall'alimentazione di N<sub>2</sub> esterna a circa 40 psi (37–45 psi), che è la pressione operativa dello strumento.

## Cartucce gel

Il QIAxcel Advanced può funzionare usando uno dei QIAxcel Kits elencati nella tabella sottostante. Ogni kit contiene una cartuccia gel che è stata sviluppata appositamente per applicazioni particolari. Ogni cartuccia gel è composta da una matrice gel con un polimero lineare di proprietà riservata con colorante intercalante al bromuro di etidio.

Kit	Applicazione
QIAxcel DNA High Resolution Kit (1200)	Analisi del DNA 15 bp – 10 kb di dimensioni. 96 campioni possono essere analizzati in <1,5 ore.
QIAxcel DNA Screening Kit (2400)	Analisi rapida del DNA 15 bp – 5 kb di dimensioni. 96 campioni possono essere analizzati in solo 40 minuti.
QIAxcel DNA Fast Analysis Kit (3000)	Valutazione abituale dei frammenti di DNA in applicazioni qualitative per reazione a catena della polimerasi (Polymerase Chain Reaction, PCR) singola o multiplex. 96 campioni possono essere analizzati in circa 25 minuti.
QIAxcel RNA QC Kit v2.0 (1200)	Analisi della qualità e della quantità di RNA. 96 campioni possono essere analizzati in <1,5 ore

Ogni QIAxcel Kit contiene i seguenti reagenti supplementari che sono richiesti per l'uso del QIAxcel Advanced :

- QX Intensity Calibration Marker – calibra l'intensità del segnale per ogni nuova cartuccia gel
- QX DNA o RNA Separation Buffer (QIAxcel DNA o RNA Kits) – consente la separazione delle molecole di DNA o RNA
- QX FA DNA Separation Buffer (QIAxcel DNA Fast Analysis Kit) – consente la separazione delle molecole di DNA (da usare solo con la QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge)
- QX Wash Buffer – per il lavaggio delle punte dei capillari per evitare la contaminazione crociata
- QX DNA o RNA Dilution Buffer – per l'ottimizzazione della concentrazione dei campioni
- QX Mineral Oil – per coprire soluzioni e/o campioni per evitare l'evaporazione
- QX Alignment Marker – usato in ogni processo per uniformare la variazione del tempo di migrazione in tutti i canali (incluso solo nel QIAxcel RNA QC Kit v2.0 e nel QIAxcel Fast Analysis Kit; per tutti gli altri kit, consultare le informazioni per gli ordini, [Appendice C](#))

**Nota:** il QIAxcel DNA Size Marker è richiesto solo per l'uso con i QIAxcel DNA Kits. Questo consente la creazione di una tabella di marcatori di riferimento che permette di determinare le dimensioni e la concentrazione del DNA (non incluso nel kit; vedere informazioni per gli ordini, [Appendice C](#)). Il QIAxcel RNA Size Marker è fornito in dotazione con il QIAxcel RNA QC Kit v2.0.

## Computer e software

Il QIAxcel Advanced viene inviato con il software QIAxcel ScreenGel .

Un computer con le specifiche corrette per il funzionamento dello QIAxcel Advanced strumento e del software QIAxcel ScreenGel viene inviato in dotazione con il QIAxcel Advanced system . Se invece si usa un computer diverso per il funzionamento dello QIAxcel Advanced strumento o per l'esecuzione del software QIAxcel ScreenGel , allora sono necessari i seguenti requisiti.

### Specifiche del computer:

- almeno 2,3 GHz di CPU
- capacità minima di 80 GB liberi sul disco rigido, formattato in NTFS (New Technology File System, file system dei sistemi operativi basati su kernel NT)
- almeno 2 GB di RAM (consigliati 4 GB di RAM)
- 1024 x 768 di risoluzione dello schermo o superiore
- porta seriale a 9 pin o scheda I/O (non fornita in dotazione, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN per maggiori informazioni)
- DVD/CD-ROM
- dispositivo di puntamento (mouse o simile)
- Windows® 7 Professional (32 o 64 bit) con Service Pack 1 o superiore; Windows 10 (64 bit) con versione minima richiesta 1607
- Software Adobe® Reader® 8.2 o superiore (per leggere i referto PDF)

Per visualizzare i referti in formato PDF, sul computer deve essere installato un programma di lettura PDF. Adobe Reader può essere scaricato da [www.adobe.com](http://www.adobe.com).

Altri passaggi di configurazione:

- disattivare tutti i processi o servizi automatici, come indicizzazione o simili, che potrebbero creare un alto carico di lavoro, soprattutto quando ci si collega allo QIAxcel Advanced strumento;
- verificare che le opzioni di risparmio energetico e l'ibernazione siano disattivate durante il funzionamento del QIAxcel Advanced ;
- solo per Windows 10: se si usa l'avvio in modalità UEFI, l'opzione di avvio sicuro deve essere disabilitata, altrimenti l'installazione Driver Dispositivo del QIAxcel Advanced driver del dispositivo fallirà durante l'installazione del software QIAxcel ScreenGel .

**Nota:** in caso di dubbi sulla configurazione di Windows, rivolgersi al proprio servizio di assistenza IT locale.

---

Se si collega il computer a una rete, accertarsi di aver preso in considerazione quanto segue:

- verificare che gli aggiornamenti siano programmati in modo tale da essere scaricati e installati soltanto al di fuori dei tempi operativi del QIAxcel Advanced ;
- disattivare il riavvio automatico dopo l'installazione delle patch di sicurezza di Windows per evitare il riavvio automatico del computer durante i tempi operativi del QIAxcel Advanced .

**Nota:** per completare l'installazione degli aggiornamenti in sicurezza, eseguire un riavvio manuale in un secondo tempo.

Se occorre un software anti-virus, verificare che le seguenti operazioni siano programmate in modo tale da essere eseguite al di fuori dei tempi operativi del QIAxcel Advanced :

- scansioni (verificare anche che i file che vengono creati dal QIAxcel ScreenGel non vengano scansionati durante la creazione o all'accesso);
- tutti i tipi di aggiornamenti (download e installazione).

**Nota:** il QIAxcel ScreenGel è testato da QIAGEN tramite l'immagine originale fornita con il laptop dell'utente senza collegare il laptop a Internet. Gli aggiornamenti sul sistema operativo dell'utente potrebbero causare un comportamento inaspettato del QIAxcel ScreenGel . In questi casi contattare il proprio servizio di assistenza IT locale.

**Nota:** è possibile usare la risoluzione minima dello schermo in combinazione con dimensioni dei caratteri piccole. È però possibile usare dimensioni dei caratteri medie in combinazione con una risoluzione migliore (ad esempio l'impostazione delle dimensioni dei caratteri media (125%) in Windows 7 richiede una risoluzione minima dello schermo di 1400 x 1050). Dimensioni dei caratteri più grandi non sono supportate.

# Procedure di installazione

Questa sezione fornisce le istruzioni su come disimballare e installare il QIAxcel Advanced .

## Requisiti

Questa sezione del *QIAxcel Advanced User Manual* specifica i requisiti per il funzionamento del QIAxcel Advanced .

### Sito

Il QIAxcel Advanced deve essere installato lontano da raggi solari diretti, lontano da fonti di calore e di vibrazione e lontano da interferenze elettriche. Fare riferimento all'[Appendice A](#) per le condizioni di funzionamento (temperatura e umidità). Il sito di installazione non deve essere esposto a correnti eccessive, polvere e umidità eccessiva, né a notevoli escursioni termiche.

Usare un banco di lavoro orizzontale che sia largo a sufficienza per ospitare QIAxcel Advanced e il computer. Consultare l'Appendice A per il peso e le dimensioni del QIAxcel Advanced .

Verificare che il banco di lavoro sia asciutto, pulito, resistente alle vibrazioni e dotato di spazio supplementare per gli accessori. Si consiglia uno spazio libero di circa 72 cm (28 in.) al di sopra del banco di lavoro per consentire il caricamento delle cartucce.

Il QIAxcel Advanced deve essere posizionati entro 1,5 m circa di una presa elettrica CA adeguatamente messa a terra. La linea elettrica deve avere un sistema di regolazione della tensione ed un sistema di protezione contro i picchi di tensione.

Assicurarsi che l'interruttore e la presa principale di alimentazione sul retro dello strumento siano facilmente raggiungibili. Mantenere sufficiente spazio libero sul retro per scollegare la linea elettrica dalla presa principale di alimentazione.

**Nota:** si raccomanda di collegare la spina dello strumento direttamente alla rispettiva presa a parete e di non condividere le prese con altre apparecchiature da laboratorio. Per ottenere la corretta separazione di elettroforesi capillare, non posizionare il QIAxcel Advanced su una superficie soggetta a vibrazioni o accanto ad oggetti vibranti.

#### ATTENZIONE



#### Atmosfera esplosiva [W9]

Il QIAxcel Advanced non è destinato all'uso in atmosfera esplosiva.

<b>ATTENZIONE</b> 	<b>Rischio di surriscaldamento [W10]</b> Per garantire una corretta ventilazione, mantenere una distanza minima di 10 cm ai lati e sul retro del QIAxcel Advanced. Le fessure e le aperture che garantiscono la ventilazione del QIAxcel Advanced non devono essere coperte.
--	--

#### Requisiti di alimentazione

Il QIAxcel Advanced funziona a 100–240 V CA, 50–60 Hz, 360 VA.

Accertarsi che la tensione nominale del QIAxcel Advanced sia compatibile con la tensione in CA disponibile presso il sito di installazione. Le fluttuazioni principali della tensione di rete non devono essere superiori al 10% delle tensioni di alimentazione nominali.

#### Requisiti di messa a terra

Per proteggere il personale operativo, lo strumento è dotato di un cavo di alimentazione a corrente alterna a 3 fili. Per tutelare questa funzione di protezione, non collegare lo strumento a prese di corrente alterna che non siano dotate di messa a terra (collegamento a massa).

Per la sostituzione del cavo di alimentazione a corrente alterna a 3 fili, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN per ordinare il pezzo di ricambio autorizzato.

## Disimballaggio del QIAxcel Advanced

Prima di disimballare il QIAxcel Advanced, spostare l'imballaggio nel sito di installazione e controllare che le frecce su di esso siano rivolte verso l'alto. Inoltre, controllare se l'imballaggio è danneggiato. In caso di danni, contattare il trasportatore dell'imballaggio.

Nel sollevare il QIAxcel Advanced, far scorrere le dita al di sotto di entrambi i lati dello strumento e mantenere la schiena diritta.

<p><b>ATTENZIONE/ CAUTELA</b></p> 	<p><b>Rischio di lesioni personali e danni all'apparecchiatura [W2]</b></p> <p>Il QIAxcel Advanced è troppo pesante per essere sollevato da una persona sola. Per evitare il rischio di lesioni personali o danni allo strumento, non sollevare lo strumento da soli.</p>
---	---

Dopo aver disimballato il QIAxcel Advanced, controllare che siano presenti i seguenti documenti:

- Bolla di accompagnamento
- Modulo di registrazione per la garanzia
- Guida di avvio rapido

Leggere la bolla di accompagnamento per controllare di aver ricevuto tutti gli articoli. In caso di articoli mancanti, rivolgersi al servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

Il *QIAxcel Advanced User Manual* (Manuale utente avanzato QIAxcel) è disponibile sul CD del software in formato PDF.

Controllare che il QIAxcel Advanced non sia danneggiato e che non ci siano parti staccate. In caso di parti danneggiate, rivolgersi al servizio di assistenza tecnica QIAGEN. Assicurarsi che il QIAxcel Advanced sia stato equilibrato a temperatura ambiente prima di metterlo in funzione.

Conservare l'imballaggio in caso sia necessario trasportare o spedire il QIAxcel Advanced in futuro. Le istruzioni per l'imballaggio del QIAxcel Advanced sono fornite nella sezione [Imballaggio del QIAxcel Advanced](#). L'utilizzo dell'imballaggio originale riduce i danni durante il trasporto del QIAxcel Advanced.

Posizionare con cautela il QIAxcel Advanced sul banco di lavoro dove verrà utilizzato. Per i requisiti del sito, consultare la sezione [Requisiti](#).

## Installazione del QIAxcel Advanced

Prima di mettere in funzione il QIAxcel Advanced :

- deve essere rimosso il blocco di trasporto
- deve essere installato il cavo dell'alimentazione
- deve essere installato il cilindro N<sub>2</sub> o una fonte di alimentazione di N<sub>2</sub> esterna

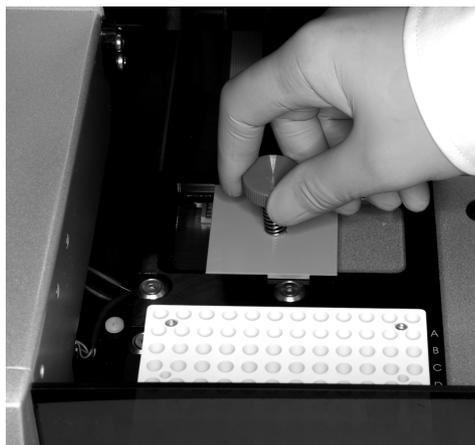
### Rilascio del bloccaggio per il trasporto

Il QIAxcel Advanced viene fornito con un bloccaggio per il trasporto che fissa il meccanismo del vassoio/di trasporto durante la spedizione. Tale bloccaggio per il trasporto deve essere rimosso prima che il QIAxcel Advanced possa essere azionato.

**Nota:** Rimontare il bloccaggio per il trasporto ogni volta che si spedisce lo strumento.

Rimuovere il bloccaggio per il trasporto come segue:

1. Aprire lo sportello dei campioni.
2. Rilasciare il bloccaggio per il trasporto fissando il vassoio dei tamponi/il portapiastre dei campioni.
3. Conservare il bloccaggio per il trasporto in caso sia necessario trasportare il QIAxcel Advanced in futuro.



Rimozione del bloccaggio per il trasporto.

### Configurazione dello strumento

Configurare il QIAxcel Advanced come segue.

1. Configurare il computer e il monitor come descritto nelle istruzioni di installazione del computer fornite in dotazione con il computer.

2. Collegare il cavo seriale RS232 dallo strumento al computer.

#### Installazione del cavo di alimentazione CA

Collegare il QIAxcel Advanced alla presa di corrente come descritto di seguito.

1. Verificare che l'interruttore di alimentazione del QIAxcel Advanced sia in posizione Off (Spento).
2. Controllare che la tensione nominale indicata sull'etichetta situata nella parte posteriore del QIAxcel Advanced corrisponda alla tensione disponibile nel sito d'installazione.
3. Collegare il cavo dell'alimentazione all'apposita presa di alimentazione nella parte posteriore dello strumento.
4. Inserire il cavo dell'alimentazione in una presa di corrente messa a terra.

#### Installazione del cilindro N<sub>2</sub>

**Importante:** usare solo i cilindri N<sub>2</sub> forniti da QIAGEN (n. cat. 929705).

1. Verificare che l'interruttore di alimentazione del QIAxcel Advanced sia in posizione Off (Spento).
2. Aprire lo sportello N<sub>2</sub> e tirare delicatamente verso l'alto l'alloggiamento del cilindro N<sub>2</sub>. Non tirare oltre il foro di arresto.
3. Avvitare il cilindro N<sub>2</sub> nell'alloggiamento in senso orario.
4. Girare finché l'ago all'interno dell'apertura non fori il cilindro di N<sub>2</sub>. Non serrare eccessivamente: il cilindro deve essere serrato manualmente.
5. Premere delicatamente verso il basso il cilindro N<sub>2</sub> finché non è stivato nella sua posizione (in basso).
6. Chiudere lo sportello N<sub>2</sub>.

In alternativa, usare una fonte di alimentazione di N<sub>2</sub> esterna e collegarla alla parte posteriore dello strumento.

## Installazione del software QIAxcel ScreenGel

La QIAxcel ScreenGel versione 1.6 è la prima versione che supporta Windows 10 (64 bit). Il QIAxcel ScreenGel deve essere installato prima di collegare il QIAxcel Advanced al computer per la prima volta. Per installare il QIAxcel ScreenGel, è necessario un utente con privilegi di amministratore, ma tali privilegi sono richiesti solo per l'installazione del software.

Per i requisiti di sistema del computer, consultare la sezione [Computer e software](#).

1. Configurare il computer come descritto nelle istruzioni di installazione del computer fornite in dotazione con il computer.
2. Prima di installare il QIAxcel ScreenGel, chiudere tutti gli altri software e accertarsi che il QIAxcel Advanced non sia collegato al computer.
3. Se nel computer è già installata una versione precedente del software QIAxcel ScreenGel, consultare la sezione [Aggiornamento del software QIAxcel ScreenGel](#). Per aggiornare il software è disponibile un apposito pacchetto di aggiornamento. In tal caso non è possibile installare il QIAxcel ScreenGel software da CD. Se il software viene installato per la prima volta, seguire le istruzioni fornite in [Prima installazione da CD](#). La prima installazione è possibile soltanto da CD. Se è stata installata una versione del software QIAxcel ScreenGel in precedenza e si vuole reinstallarlo da CD, seguire la procedura [di](#) reinstallazione.

**Nota:** dove opportuno sono consigliate le impostazioni predefinite per tutte le fasi dell'installazione.

Si raccomanda di non avere altri software installati nel computer che controllino il QIAxcel Advanced oltre al QIAxcel ScreenGel. In particolare, non deve essere installato il BioCalculator Software.

Ciononostante, se è necessario avere entrambi i software installati nello stesso computer per un periodo di tempo, prendere in considerazione quanto segue.

- Assicurarsi di aprire un solo software per volta.
- Se si passa da QIAxcel ScreenGel al BioCalculator Software per eseguire il QIAxcel Advanced, chiudere il software aperto, spegnere QIAxcel Advanced l'interruttore di alimentazione, attendere 20 secondi e riaccenderlo prima di lanciare l'altro software. Potrebbe essere necessario un riavvio del computer se il collegamento allo strumento non funziona.

### Prima installazione da CD

Per installare il software QIAxcel ScreenGel da CD per la prima volta, procedere come descritto di seguito.

Se nel computer è installata una versione precedente del software, non è possibile installare il software QIAxcel ScreenGel da CD. Consultare la sezione [Installazione del software QIAxcel ScreenGel](#).

Prima di iniziare:

1. Verificare che il computer soddisfi i requisiti minimi (vedere [Computer e software](#)).
2. Utilizzare un account Windows con privilegi di amministratore.

**Nota:** i privilegi di amministratore Windows sono necessari solo per l'installazione del software.

3. Chiudere qualunque programma in esecuzione sul computer e assicurarsi che il QIAxcel Advanced non sia collegato al computer (scollegare cioè il cavo dal computer).

Per installare il software da CD per la prima volta, procedere come segue.

4. Posizionare il CD nell'unità CD-ROM del computer.
5. La procedura di configurazione guidata comincerà a installare il software QIAxcel ScreenGel automaticamente e guiderà l'utente attraverso il processo di configurazione. Selezionare la lingua dall'elenco a discesa.

**Importante:** se la procedura di configurazione guidata non si avvia automaticamente, fare doppio clic su My Computer (Gestione risorse) e fare doppio clic sul lettore CD-ROM. Lanciare il programma setup.exe. Si avvierà così l'installazione del software QIAxcel ScreenGel .

**Nota:** dove opportuno sono consigliate le impostazioni predefinite per tutte le fasi dell'installazione.

**Nota:** è possibile cambiare successivamente la lingua del software installato mediante il menu **File**.

6. Selezionare l'opzione Install QIAxcel ScreenGel Software (Installa software) per avviare la procedura di installazione effettiva.

**Nota:** selezionare l'opzione **User Manual** (Manuale utente) per leggere il manuale utente nella lingua selezionata.

7. Se non è già presente, sarà installato Microsoft Visual C++ 2010 x 86 Redistributable. In tal caso si apre un'altra finestra di dialogo. Accettare il contratto di licenza e fare clic su **Install** (Installa). Fare clic su **Finish** (Fine) per completare l'installazione di questo pacchetto. Se si annulla o si chiude prima la finestra di dialogo, il QIAxcel ScreenGel non potrà funzionare.
8. La versione appropriata del Microsoft .NET Framework verrà installata all'inizio della configurazione del software QIAxcel ScreenGel , se non già presente. In tal caso si apre un'altra finestra di dialogo. Fare clic su **Install** (Installa) per installare il Microsoft .NET Framework. Ciò potrebbe richiedere un po' di tempo. Se si annulla o si chiude la finestra di dialogo, il QIAxcel ScreenGel non potrà funzionare.
9. Un aggiornamento del software Microsoft .NET Framework Redistributable verrà installato se non già presente. In tal caso si apre un'altra finestra di dialogo. Fare clic su **Next** (Avanti) per avviare l'installazione di questo pacchetto. Accettare il contratto di licenza e fare clic su **Next** (Avanti). Fare clic su **Finish** (Fine) per completare l'installazione di questo pacchetto. Se si annulla o si chiude prima la finestra di dialogo, il QIAxcel ScreenGel non potrà funzionare.
10. A seconda dei pacchetti software installati dai passaggi 8–10, potrebbe essere necessario riavviare il computer prima di procedere alla configurazione. Dopo il riavvio, la procedura di installazione riprende automaticamente.
11. Si apre la procedura guidata di configurazione QIAxcel ScreenGel . Fare clic su **Next** (Avanti).
12. Accettare il contratto di licenza e fare clic su **Next** (Avanti).
13. Selezionare il percorso di installazione del programma. Il percorso predefinito è C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel . Fare clic su **Next** (Avanti).

**Nota:** se si seleziona C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel su un sistema Windows a 64 bit, l'installazione apparirà in C:\Program Files\x86\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel .

14. Selezionare il percorso dati per dati acquisiti e tutti i dati dell'applicazione. Il percorso predefinito è C:\ProgramData\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel . Fare clic su **Next** (Avanti).

**Nota:** non è possibile scegliere C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel anche come percorso dati. Non è inoltre possibile scegliere il percorso radice di sistema (ad es. C:\Windows) come percorso dati.

**Nota:** tutti i percorsi nel presente manuale si riferiscono ai percorsi dati come %DATA\_DIR% .

**Nota:** la %DATA\_DIR% directory e le sue sottodirectory possono essere aperte in Esplora risorse di Windows direttamente dal software QIAxcel ScreenGel tramite la voce di menu **File/Open Data Directory** (File/Apri directory dati).

15. Fare clic su Install (Installa) per avviare l'installazione. Ciò potrebbe richiedere un po' di tempo.

16. Si apre la finestra di dialogo del programma di installazione driver QIAGEN QIAxcel Advanced , se il driver non è già presente sul computer. Fare clic su Next (Avanti). Il driver viene installato. Fare clic su Finish (Fine) per completare l'installazione del driver.

17. Fare clic su Finish (Fine) per completare la QIAxcel ScreenGel procedura di configurazione guidata.

18. Fare clic su Exit (Esci) per chiudere la finestra di installazione.

19. Collegare il QIAxcel Advanced al computer.

20. Dopo l'installazione, il software QIAxcel ScreenGel può essere avviato sia dal menu di avvio di Windows alla voce **QIAGEN/QIAxcel** che utilizzando l'icona posta sul desktop. Il manuale utente è accessibile nelle lingue disponibili dal menu di avvio di Windows.

## Aggiornamento del software QIAxcel ScreenGel

Per aggiornare il software QIAxcel ScreenGel , una versione precedente del software deve essere già installata sul computer e deve essere utilizzato un pacchetto di aggiornamento. Il pacchetto di aggiornamento è disponibile tra le "Product Resources" (Risorse di prodotto) al sito [www.qiagen.com/p/QIAxcel](http://www.qiagen.com/p/QIAxcel). Prima dell'aggiornamento, leggere le informazioni fornite sul sito web. Gli esperimenti e le impostazioni utente verranno conservate.

L'aggiornamento può essere eseguito da qualunque versione precedente del software QIAxcel ScreenGel direttamente alla versione più recente. Inoltre, è possibile aggiornare da una versione inglese precedente ad una versione in un'altra lingua disponibile (e viceversa).

**Nota:** i programmi di installazione per versioni software inferiori a 1.4 consentono l'installazione del software per l'utente corrente o per tutti gli utenti del computer. Se la versione attualmente installata è stata installata con un'opzione selezionata per l'utente corrente, un aggiornamento diretto non può essere eseguito. In questo caso, [disinstallare prima il software](#) (tutti gli esperimenti, i referti e i profili creati dall'utente sono conservati). Quindi reinstallare qualunque versione disponibile di QIAxcel ScreenGel da un CD, assicurandosi di installare questa versione per tutti gli utenti del computer. Seguire le istruzioni nella sezione [Reinstallazione da un CD](#). Dopo l'installazione della versione più vecchia da un CD, non lanciare il software. Proseguire direttamente con la procedura di aggiornamento inferiore ad una versione software maggiore utilizzando il pacchetto di aggiornamento. Non è possibile lanciare l'installazione intermedia se la versione del software è inferiore a quella inizialmente installata sul computer.

Prima di iniziare:

1. Verificare che il computer soddisfi i requisiti minimi (vedere [Computer e software](#)).
2. Utilizzare un account Windows con privilegi di amministratore.

**Nota:** i privilegi di amministratore Windows sono necessari solo per l'installazione del software.

3. Chiudere qualunque programma in esecuzione sul computer e assicurarsi che il QIAxcel Advanced non sia collegato al computer (scollegare cioè il cavo dal computer).

Per aggiornare il software da un download da internet:

4. Scaricare il pacchetto di aggiornamento per la versione più recente dal sito internet di QIAGEN sul proprio computer. Il pacchetto è disponibile tra le "Product Resources" (Risorse di prodotto) al sito [www.qiagen.com/p/QIAxcel](http://www.qiagen.com/p/QIAxcel).
5. Decomprimere il pacchetto di aggiornamento.
6. Lanciare il programma setup.exe. Si avvierà così l'installazione del software QIAxcel ScreenGel .
7. Selezionare la lingua in cui il software QIAxcel ScreenGel deve essere installato dalla casella a discesa.

**Nota:** è possibile cambiare successivamente la lingua del software installato mediante il menu **File**.

8. Selezionare l'opzione Install QIAxcel ScreenGel Software (Installa software) per avviare la procedura di installazione effettiva.
9. Se non è già presente, sarà installato Microsoft Visual C++ 2010 x 86 Redistributable. In tal caso si apre un'altra finestra di dialogo. Accettare il contratto di licenza e fare clic su Install (Installa). Fare clic su **Finish** (Fine) per completare l'installazione di questo pacchetto. Se si annulla o si chiude prima la finestra di dialogo, il QIAxcel ScreenGel non potrà funzionare.
10. La versione appropriata del Microsoft .NET Framework verrà installata all'inizio della configurazione del software QIAxcel ScreenGel , se non già presente. In tal caso si apre un'altra finestra di dialogo. Fare clic su **Install** (Installa) per installare il Microsoft .NET Framework. Ciò potrebbe richiedere un po' di tempo. Se si annulla o si chiude la finestra di dialogo, il QIAxcel ScreenGel non potrà funzionare.

11. Un aggiornamento del software Microsoft .NET Framework Redistributable verrà installato se non già presente. In tal caso si apre un'altra finestra di dialogo. Fare clic su **Next** (Avanti) per avviare l'installazione di questo pacchetto. Accettare il contratto di licenza e fare clic su **Next** (Avanti). Fare clic su **Finish** (Fine) per completare l'installazione di questo pacchetto. Se si annulla o si chiude prima la finestra di dialogo, il QIAxcel ScreenGel non potrà funzionare.
  12. A seconda dei pacchetti software installati dai passaggi 8–10, potrebbe essere necessario riavviare il computer prima di procedere alla configurazione. Dopo il riavvio, lanciare nuovamente il programma setup.exe e selezionare Install QIAxcel ScreenGel Software (Installa software).
  13. Si apre la procedura guidata di configurazione QIAxcel ScreenGel . Fare clic su **Next** (Avanti).
  14. Accettare il contratto di licenza e fare clic su **Next** (Avanti).
  15. Selezionare il percorso di installazione del programma. Il percorso predefinito è C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel . Fare clic su **Next** (Avanti).
- Nota:** se si seleziona C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel su un sistema Windows a 64 bit, l'installazione apparirà in C:\Program Files\x86\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel .
16. Selezionare il percorso dati per dati acquisiti e tutti i dati dell'applicazione. Utilizzare lo stesso percorso dati di quello della versione del software installato. Il percorso predefinito è C:\ProgramData\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel . Fare clic su **Next** (Avanti).
- Nota:** non è possibile scegliere C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel anche come percorso dati. Non è inoltre possibile scegliere il percorso radice di sistema (ad es. C:\Windows) come percorso dati.
- Nota:** tutti i percorsi nel presente manuale si riferiscono ai percorsi dati come %DATA\_DIR% .
- Nota:** la directory %DATA\_DIR% e le sue sottodirectory possono essere aperte in Esplora risorse di Windows direttamente dal software QIAxcel ScreenGel tramite la voce di menu File/Open Data Directory (File/Apri directory dati).
17. Fare clic su Install (Installa) per avviare l'installazione. Ciò potrebbe richiedere un po' di tempo.
- Nota:** i marcatori di riferimento che sono stati creati con versioni 1.0.0 o 1.0.2 del software QIAxcel ScreenGel verranno eliminati durante l'installazione. Se necessario, creare nuovamente i marcatori di riferimento dai processi dei marcatori di dimensione appropriati.
18. Si apre la finestra di dialogo del programma di installazione driver QIAGEN QIAxcel Advanced , se il driver non è già presente sul computer. Fare clic su **Next** (Avanti). Il driver viene installato. Fare clic su **Finish** (Fine) per completare l'installazione del driver.
  19. Fare clic su **Finish** (Fine) per completare la QIAxcel ScreenGel procedura di configurazione guidata. Fare clic su **Exit** (Esci) per chiudere la finestra di installazione.
  20. Collegare il QIAxcel Advanced al computer.
  21. Dopo l'installazione, il software QIAxcel ScreenGel può essere avviato sia dal menu di avvio di Windows alla voce **QIAGEN/QIAxcel** che utilizzando l'icona posta sul desktop. Il manuale utente è accessibile nelle lingue disponibili dal menu di avvio di Windows.
  22. Utilizzare uno degli ID precedentemente creati per effettuare l'accesso.

**Nota:** non è possibile eseguire l'aggiornamento dal BioCalculator Software al software QlAxcel ScreenGel . Tuttavia, i file di processo del Biocalculator Software possono essere importati. Fare riferimento alla sezione [Importazione dei dati BioCalculator](#) per maggiori informazioni. Non è possibile importare la configurazione di processo o i file di metodo creati per il BioCalculator Software.

#### Reinstallazione da un CD

**Nota:** I programmi di installazione per versioni software inferiori a 1.4 consentono l'installazione del software per l'utente corrente o per tutti gli utenti del computer. Usare sempre l'opzione per tutti gli utenti del computer.

**Nota:** Il downgrading (ossia la sostituzione di una versione più recente con una versione più vecchia del software) del software QlAxcel ScreenGel non è consigliato. Gli esperimenti e i profili creati con la versione più recente non possono essere utilizzati con la versione più vecchia. In ogni caso, potrebbe essere necessario reinstallare una versione più vecchia del software da un CD per eseguire un aggiornamento. In questo caso, non lanciare il software dopo averlo reinstallato da un CD. Continuare invece direttamente con la procedura di aggiornamento descritta sopra. Non è possibile lanciare l'installazione intermedia se la versione del software è inferiore a quella inizialmente installata sul computer.

Se è stata installata qualsiasi versione del software QlAxcel ScreenGel in precedenza ed è necessario installare nuovamente il software QlAxcel ScreenGel da un CD, seguire i passaggi di seguito.

Prima di iniziare:

1. Verificare che il computer soddisfi i requisiti minimi (vedere [Computer e software](#)).
2. Utilizzare un account Windows con privilegi di amministratore.

**Nota:** i privilegi di amministratore Windows sono necessari solo per l'installazione del software.

3. Chiudere qualunque programma in esecuzione sul computer e assicurarsi che il QlAxcel Advanced non sia collegato al computer (scollegare cioè il cavo dal computer).

Per reinstallare da CD:

4. Assicurarsi di conoscere il percorso dati del software QlAxcel ScreenGel installato. In alternativa, lanciare il software QlAxcel ScreenGel installato e accedere. Selezionare la **Open Data Directory** nel menu **File**. Mantenere aperto Windows Explorer e chiudere il software.
5. [Disinstallare](#) l'installazione esistente del software QlAxcel ScreenGel mediante il pannello di controllo di Windows.
6. Se si effettua un downgrading del software QlAxcel ScreenGel , rinominarlo o spostare la directory dei dati della versione esistente.
7. Posizionare il CD nell'unità CD-ROM del computer.
8. La procedura guidata di configurazione avvierà automaticamente l'installazione del software QlAxcel ScreenGel e guiderà l'utente attraverso il processo di configurazione. Supporta l'installazione del software QlAxcel ScreenGel . Selezionare la lingua dall'elenco a discesa.

**Importante:** se la procedura di configurazione guidata non si avvia automaticamente, fare doppio clic su My Computer (Gestione risorse) e fare doppio clic sul lettore CD-ROM. Lanciare il programma setup.exe. Si avvierà così l'installazione del software QlAxcel ScreenGel .

**Nota:** è possibile cambiare successivamente la lingua del software installato mediante il menu **File**.

9. QIAxcel ScreenGel utilizza diversi pacchetti software forniti da Microsoft. Qualora non siano installati nel sistema, questi pacchetti software vengono installati automaticamente all'inizio della configurazione del software QIAxcel ScreenGel. Quando viene visualizzata la rispettiva finestra di dialogo, fare clic sul pulsante Install (Installa) per installare questi pacchetti software richiesti. A seconda dei pacchetti software installati potrebbe essere necessario rilanciare il sistema prima di procedere alla configurazione. Dopo il riavvio, la procedura di installazione riprende automaticamente.
10. Selezionare l'opzione Install QIAxcel ScreenGel Software (Installa software) per avviare la procedura di installazione effettiva.
11. I programmi di installazione per versioni software inferiori a 1.4 consentono l'installazione del software per l'utente corrente o per tutti gli utenti del computer. Usare sempre l'opzione per tutti gli utenti del computer.
12. Accettare il contratto di licenza.
13. Selezionare il percorso di installazione del programma. Il percorso predefinito è C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel.
14. Selezionare il percorso dati per dati acquisiti e tutti i dati dell'applicazione. Il percorso predefinito è:
- C:\Documents and Settings\All Users\Application Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel per Microsoft Windows XP Professional
  - C:\ProgramData\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel per Microsoft Windows 7 Professional
- Se si reinstalla una versione più vecchia del software da un CD, come prerequisito per un aggiornamento alla versione corrente, selezionare il percorso citato nel passaggio 4.
- In caso di downgrading, è importante che il percorso dati selezionato non contenga alcun file della versione installata precedentemente. In particolare, non selezionare la directory rinominata dal passaggio 6.
- Nota:** Non è possibile scegliere C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel anche come percorso dati. Non è inoltre possibile scegliere il percorso radice di sistema (ad es. C:\Windows) come percorso dati.
- Nota:** I marcatori di riferimento che sono stati creati con versioni 1.0.0 o 1.0.2 del software QIAxcel ScreenGel non possono essere utilizzati con altre versioni del software. Se necessario, creare nuovamente i marcatori di riferimento dai processi dei marcatori di dimensione appropriati.
- Nota:** tutti i percorsi nel presente manuale si riferiscono ai percorsi dati come %DATA\_DIR%.
- Nota:** la directory %DATA\_DIR% e le sue sottodirectory possono essere aperte in Esplora risorse di Windows direttamente dal QIAxcel ScreenGel, tramite la voce menu **File/Open Data Directory (File/Apri directory dati)**.
15. Dopo il completamento dell'installazione, fare clic su **Exit** (Esci) per chiudere la finestra di installazione.
16. Se si reinstalla una versione più vecchia del software da un CD, come prerequisito per un aggiornamento alla versione corrente, non lanciare il software. Continuare direttamente con la [procedura di aggiornamento](#). Nella procedura di aggiornamento, utilizzare lo stesso percorso dati utilizzato nel passaggio 14.

17. Dopo l'installazione, il software QlAxcel ScreenGel può essere avviato sia dal menu di avvio di Windows alla voce **QIAGEN/QlAxcel** che utilizzando l'icona posta sul desktop. Il manuale utente è accessibile nelle lingue disponibili dal menu di avvio di Windows.

**Nota:** In caso di downgrading, possono comparire messaggi di errore che indicano che uno dei pacchetti di Microsoft non possono essere installati o che il software QlAxcel ScreenGel non può essere lanciato dopo l'installazione. Se si prevede di utilizzare il computer solo per il software QlAxcel ScreenGel, accedere al pannello di controllo di Windows e disinstallare il software QlAxcel ScreenGel, tutte le voci che iniziano con "Microsoft Visual C++ 20xx Redistributable - ...," e le voci "Microsoft.NET Framework". Quindi, provare nuovamente a installare il software QlAxcel ScreenGel. Se il problema persiste, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN. Se non si prevede di utilizzare il computer solo per il software QlAxcel ScreenGel, prestare attenzione nella disinstallazione degli elementi elencati. Essi possono essere utilizzati da altri software installati sul computer. Tenere a portata di mano il(i) pacchetto(i) di installazione degli altri software in caso di riparazione, se necessario.

Disinstallazione del software

**Nota:** non disinstallare il software se si desidera aggiornarlo. Seguire le istruzioni in [Aggiornamento del software QlAxcel ScreenGel](#).

Quando si disinstalla il software QlAxcel ScreenGel, tutti i dati all'interno della cartella dei dati vengono conservati.

Se si desidera disinstallare il software QlAxcel ScreenGel insieme con tutti i dati (esperimenti, referti) dal % DATA\_DIR%, assicurarsi di conoscere il percorso dati del software QlAxcel ScreenGel installato. In alternativa, lanciare il software QlAxcel ScreenGel installato e accedere. Selezionare la **Open Data Directory** nel menu **File**. Mantenere aperto Windows Explorer.

Per disinstallare il QlAxcel ScreenGel, seguire queste fasi:

1. Chiudere il software QlAxcel ScreenGel.
2. Aprire il **pannello di controllo** facendo clic sul menu **Start** di Windows e selezionare **Pannello di controllo**.
3. A seconda delle proprie impostazioni di layout, fare clic su **Programmi e funzioni** o su **Aggiungi/disinstalla programmi**.
4. Selezionare QlAxcel ScreenGel da disinstallare e fare clic su **Disinstalla**.

**Nota:** a seconda della configurazione di Windows, potrebbe comparire un messaggio a comparsa che chiede se si desidera consentire l'installazione del programma. Consentire l'installazione del programma.

5. Si apre la finestra di installazione. Fare clic su **Disinstalla**.
6. Seguire le istruzioni della finestra di installazione per eseguire la disinstallazione.
7. Infine, fare clic su **Esci** per chiudere la finestra di installazione.

Se si desidera disinstallare il software QlAxcel ScreenGel insieme con tutti i dati, passare a Windows Explorer prima di disinstallare il software. Cancellare i dati dalla cartella dati.

---

## Guida introduttiva al software QIAxcel ScreenGel

Prima di usare il software, leggere i [Concetti](#) di QIAxcel ScreenGel . Quindi configurare il software. Questa operazione può essere eseguita solo da un utente con ruolo di **Amministratore**.

1. Lanciare il software QIAxcel ScreenGel dal menu di avvio di Windows nella cartella **QIAGEN/QIAxcel** o dall'icona presente sul desktop.
2. Effettuare il Login come **Amministratore** e fare clic su **OK** (per questo primo login non è richiesta alcuna password).
3. Fornire una password valida per l'account **Amministratore**. Lasciare vuoto il campo per la vecchia password, quindi fornire una nuova password valida e inserirla una seconda volta.

**Nota:** la password deve contenere un carattere maiuscolo, uno minuscolo e un numero. La dimensione minima della password è di otto caratteri.

4. Appare l'ambiente **Configuration** (Configurazione) per impostazione predefinita. Selezionare la scheda **User Manager** (Gestione utenti).
5. Creare account utenti per tutti i relativi utenti. Per maggiori informazioni consultare [User management](#) (Gestione utenti) e [User roles](#) (Ruoli utenti).
6. Configurare quale porta **COM** dovrà essere usata per il collegamento al QIAxcel Advanced system . La regolazione predefinita è COM1. Per informazioni più dettagliate, consultare [Settings](#) (Impostazioni).
7. Configurare le impostazioni complessive del software QIAxcel ScreenGel . Per ulteriori dettagli, consultare [Settings](#) (Impostazioni).

## Imballaggio del QIAxcel Advanced

<p><b>ATTENZIONE/ CAUTELA</b></p> 	<p><b>Rischio di lesioni personali e danni all'apparecchiatura [W2]</b></p> <p>Il QIAxcel Advanced è troppo pesante per essere sollevato da una persona sola. Per evitare il rischio di lesioni personali o danni allo strumento, non sollevare lo strumento da soli.</p>
---	---

Se è necessario trasportare il QIAxcel Advanced, imballare lo strumento come segue:

1. Accendere il QIAxcel Advanced.
2. Accendere il computer e lanciare il software QIAxcel ScreenGel .
3. Fare clic  nel riquadro [Status Information](#) (Informazioni di stato) per spostare il vassoio tampone sulla parte anteriore dello strumento.
4. Aprire lo sportello campioni e togliere il vassoio tampone.
5. Rimuovere la cartuccia gel QIAxcel dal QIAxcel Advanced e conservarla nel QX Cartridge Stand (supporto cartucce QX) come descritto nella sezione [Unpacking a QIAxcel Kit](#)(Disimballaggio di un kit QIAxcel).
6. Rimuovere il flacone di N<sub>2</sub> come descritto nella sezione [N2 cylinder replacement](#)(Sostituzione cilindro di N2).
7. Chiudere il software QIAxcel ScreenGel e spegnere il QIAxcel Advanced.
8. Scollegare il cavo seriale RS232 dallo strumento al computer e rimuovere il cavo di alimentazione CA.
9. Rimontare il bloccaggio per il trasporto mantenendo abbassato il portapiastre dei campioni (vedere la sezione [Installing the QIAxcel Advanced](#)(Installazione del QIAxcel Advanced)).
10. Posizionare il QIAxcel Advanced nell'imballaggio originale in cui era stato spedito.

## Procedure di funzionamento

La presente sezione descrive le modalità di funzionamento di QIAxcel Advanced .

Prima di procedere, si raccomanda di acquisire familiarità con le funzioni di QIAxcel Advanced consultando la sezione [General Description](#)(Descrizione generale).

Lo sportello cartucce, lo sportello campioni e lo sportello di servizio di QIAxcel Advanced devono rimanere chiusi durante il funzionamento dello strumento. Aprire gli sportelli solo quando lo strumento non è in funzione o se il software lo richiede.

**Nota:** l'apertura dello sportello cartucce o dello sportello campioni durante il funzionamento di QIAxcel Advanced provoca l'arresto dell'operazione in corso da parte del sistema. Qualunque processazione del campione in corso non può essere recuperata. In ogni caso, grazie al piccolo volume di campioni utilizzati, può essere eseguita una nuova processazione.

<p><b>ATTENZIONE/ CAUTELA</b></p> 	<p><b>Rischio di lesioni personali e danni all'apparecchiatura [W2]</b></p> <p>Non tentare di spostare il QIAxcel Advanced mentre è in funzione.</p>
--	--

<p><b>ATTENZIONE</b></p> 	<p><b>Parti in movimento [W8]</b></p> <p>Per evitare il contatto con parti in movimento durante il funzionamento del QIAxcel Advanced, lo strumento deve essere azionato con lo sportello cartucce e lo sportello campioni chiusi.</p> <p>Se i sensori degli sportelli non funzionano correttamente, rivolgersi al servizio di assistenza tecnica QIAGEN.</p>
--	---

## Disimballaggio di un Kit QIAxcel

1. Leggere attentamente il manuale fornito con il Kit QIAxcel prima di iniziare.
2. Rimuovere tutti i flaconi di tampone dal kit. Fare riferimento al manuale per una descrizione dettagliata del contenuto del kit.
3. Aggiungere 10 ml di QX Wash Buffer in entrambi i contenitori del serbatoio del supporto cartucce QX (fornito con lo strumento QIAxcel) e coprirli con 2 ml di olio minerale.
4. Togliere la cartuccia gel QIAxcel dalla sua confezione e rimuovere accuratamente ogni detrito morbido di gel dalle punte del capillare mediante un panno morbido.

**Nota:** La cartuccia gel QIAxcel è fornita insieme con una smart key, utilizzata per il rilevamento delle cartucce completamente automatico. Non togliere la smart key dalla cartuccia.

5. Rimuovere la guarnizione del tappo di sfianto dal retro della cartuccia gel QIAxcel e posizionarla nel supporto cartucce QX.

**Nota:** Utilizzare un panno morbido per rimuovere il gel fuoriuscito dall'apertura.

**Nota:** Assicurarsi che le punte del capillare siano immerse nel QX Wash Buffer.

6. **Importante:** Lasciare equilibrare le nuove cartucce a temperatura ambiente per almeno 20 minuti prima dell'uso. Posizionare la cartuccia gel nel supporto cartucce QX, al riparo dalla luce con l'apposito coperchio, o conservare la cartuccia inserita nello strumento in posizione di sosta con tampone di lavaggio in posizione di sosta di lavaggio (WP), e lasciarla a temperatura ambiente (15–25°C) per almeno 20 minuti. Non equilibrare le cartucce gel all'interno della scatola del kit o nel blister nero della cartuccia.

**Nota:** La gestione errata della cartuccia o tempi di equilibratura inferiori possono provocare danni allo strumento QIAxcel, con conseguente perdita della garanzia.



Cartuccia gel QIAxcel nel supporto cartucce QX.

---

## Configurazione del QIAxcel Advanced

I passaggi necessari per la corretta configurazione dello strumento QIAxcel Advanced prima di ogni utilizzo sono descritti in questa sezione.

Preparazione del vassoio dei tamponi

### Punti importanti prima di iniziare

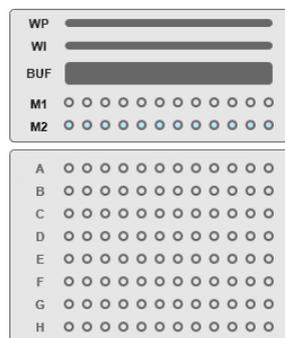
- Se si utilizzato marcatori di allineamento pre-aliquotati, la striscia a 12 provette contenente il marcatore di allineamento QX deve essere equilibrata a temperatura ambiente (15–25°C) e brevemente centrifugata prima dell'uso.
- Nell'utilizzare i QIAxcel DNA Kit, raccomandiamo di cambiare i marcatori di allineamento ogni 50 processi o 3 giorni, a seconda della condizione che si verifichi per prima. Potrebbe essere necessario acquistare marcatori e tamponi aggiuntivi (vedere [Appendice C](#)).
- Nell'utilizzare il QIAxcel RNA QC Kit v2.0, raccomandiamo di cambiare i marcatori di allineamento ogni 15-20 processi o 3 giorni, a seconda della condizione che si verifichi per prima. Potrebbe essere necessario acquistare marcatori e tamponi aggiuntivi (vedere [Appendice C](#)).
- Quando non in uso, conservare la striscia a 12 provette con il marcatore di allineamento QX a -20°C.
- I volumi del QX Separation Buffer e del QX Wash Buffer forniti sono sufficienti per il numero massimo di processi dichiarati sulla cartuccia gel.
- La striscia a 12 provette dovrebbe alloggiare larga nella posizione **MARKER1**. Le strisce di provette che alloggiavano strette o che sono troppo larghe potrebbero provocare problemi di iniezione e danneggiare i capillari della cartuccia.
- Consentire a tutti i reagenti di equilibrare a temperatura ambiente prima dell'uso.

### Procedura

1. Lavare il vassoio dei tamponi in acqua calda utilizzando un detergente delicato e sciacquare accuratamente con acqua deionizzata o osmotizzata.
2. Riempire le posizioni del vassoio dei tamponi come elencato di seguito:

Tipo di cartuccia	Posizione vassoio tamponi		
	Sosta di lavaggio (WP, "wash park")	Iniezione di lavaggio (WI, "wash inject")	Tampone (BUF)
DNA ad alta risoluzione	QX Wash Buffer 8 ml	QX Wash Buffer 8 ml	QX DNA Separation Buffer 18 ml
Screening del DNA	QX Wash Buffer 8 ml	QX Wash Buffer 8 ml	QX DNA Separation Buffer 18 ml
Analisi rapida del DNA	QX Wash Buffer 8 ml	QX Wash Buffer 8 ml	QX FA DNA Separation Buffer 18 ml
RNA	QX Wash Buffer 8 ml	QX Wash Buffer 8 ml	QX RNA Separation Buffer 18 ml

3. Aggiungere olio minerale QX per coprire tutte le 3 posizioni ed evitare l'evaporazione. Aggiungere 2 ml di olio minerale QX sulle posizioni WP e WI, e aggiungere 4 ml di olio minerale sulla posizione BUF.
4. Caricare il marcatore di allineamento QX da 15 µl in ciascun pozzetto di una striscia da 12 provette da 0,2 ml QX o utilizzare una striscia prealiquotata.
5. Aggiungere una goccia di olio minerale QX in ciascun pozzetto e inserire la striscia nella posizione M1 del vassoio dei tamponi.
6. Se la cartuccia non è ancora calibrata, caricare il marcatore di calibrazione intensità QX da 15 µl in ciascun pozzetto di una striscia a 12 provette da 0,2 ml Color QX. Aggiungere una goccia di olio minerale QX e inserire la striscia nella posizione M2 del vassoio dei tamponi.



Vassoio per tamponi.

## Caricamento del vassoio per tamponi

Se non è già stato fatto:

1. Accendere il QIAxcel Advanced con l'interruttore di alimentazione.
2. Accendere il computer, lanciare il software QIAxcel ScreenGel dal menu start di Windows sotto **QIAGEN/QIAxcel** o dall'icona del desktop.
3. Nel software QIAxcel ScreenGel, selezionare una modalità (DNA o RNA) e accedere (per informazioni dettagliate, fare riferimento alla [sezione Autenticazione utente](#)). L'ambiente **Process** (Processo) si apre e visualizza la prima schermata del profilo di processo della procedura guidata di processo.

**Nota:** L'icona  indica che la connessione è stata stabilita e l'icona  mostra che il QIAxcel Advanced è connesso. Nel caso in cui lo strumento non possa essere connesso, verrà visualizzato un messaggio che notificherà che lo strumento non è disponibile. Se non si accende lo strumento immediatamente, fare clic su **Instrument not needed** (Strumento non necessario). Se si necessita dello strumento, fare clic su **Troubleshoot** (Risoluzione dei problemi).

Seguire le istruzioni nel messaggio. Per maggiori istruzioni dettagliate, fare riferimento alla sezione di risoluzione dei problemi [Configurazione sistema](#). Chiudere il messaggio. Per riprovare a connettere lo strumento, fare clic sull'icona .

**Nota:** il software QIAxcel ScreenGel è dotato di un software strumento aggiornato per gli strumenti QIAxcel Advanced con numero di serie 30281 e superiore. Se il software si connette allo strumento per la prima volta, esso verifica se il software sullo strumento è aggiornato. In caso contrario, aggiorna il software strumento. Questo processo può richiedere qualche minuto. Un messaggio viene visualizzato nel frattempo. Lasciare che l'aggiornamento venga completato. Non spegnere lo strumento o non scollegare il cavo tra il computer e lo strumento, e non chiudere il software QIAxcel ScreenGel fino a completamento dell'aggiornamento. Dopo un aggiornamento concluso con successo, il software QIAxcel ScreenGel si connette automaticamente allo strumento.

Per caricare il vassoio per tamponi, procedere come segue.

1. chiudere lo sportello della cartuccia e lo sportello dei campioni.

**Nota:** lo sportello della cartuccia e lo sportello dei campioni del QIAxcel Advanced devono rimanere chiusi mentre lo strumento è in funzione. L'apertura di uno dei due sportelli durante il funzionamento comporterà l'arresto da parte del sistema di qualsiasi azione si stia svolgendo in quel momento.

2. Fare clic su  nel  [riquadro Status Information \(Informazioni sullo stato\)](#) a sinistra per spostare il portavassoio per tamponi nella parte anteriore dello strumento. Attendere finché il portavassoio per campioni non raggiunge la posizione di arresto.
3. Aprire lo sportello dei campioni.
4. Posizionare con cautela il vassoio per tamponi pieno nel portavassoio per tamponi. Fare attenzione a non versare soluzioni nello strumento e a non provocare contaminazioni crociate fra i tamponi caricati sul vassoio per tamponi.

**Nota:** le strisce a 12 provette devono essere posizionate rivolte verso la parte anteriore dello strumento con i tamponi rivolti verso la parte posteriore.

5. Chiudere lo sportello dei campioni e fare clic su  nel riquadro [Status Information \(Informazioni sullo stato\)](#) per spostare il portavassoio per campioni nella posizione **Wash Park** (Sosta lavaggio).

**Nota:** lasciare aperto lo sportello dei campioni se si desidera caricare i propri campioni subito dopo.

**Nota:** se si chiude lo sportello dei campioni, il vassoio per campioni si sposta automaticamente nella posizione **Wash Park** (Sosta lavaggio) dopo un periodo di 5 minuti.

Installazione di una cartuccia gel e smart key QIAxcel

**Nota:** prima di eseguire questa procedura, leggere la sezione [Disimballaggio di un QIAxcel Kit](#).

1. Rimuovere la QIAxcel gel cartridge dal QX Cartridge Stand.
2. Aprire lo sportello della cartuccia e inserire la QIAxcel gel cartridge nel QIAxcel Advanced. L'etichetta descrittiva della cartuccia deve essere rivolta verso il lato frontale e il foro di spurgo deve essere rivolto verso la parte posteriore dello strumento.

**Nota:** verificare che la tenuta del tappo di spurgo sia stata rimossa come descritto in [Disimballaggio di un QIAxcel Kit](#).

3. Inserire la smart key nell'apposita presa vicino alla cartuccia. La smart key può essere inserita in entrambe le direzioni.

**Nota:** se la smart key non è inserita, il sistema non riconoscerà la cartuccia e non funzionerà.

**Nota:** se nelle impostazioni è selezionata l'opzione **Latch cartridge automatically** (Blocca cartuccia automaticamente), la cartuccia sarà bloccata automaticamente dopo il rilevamento della smart key. Perciò è importante inserire la smart key non appena è stata inserita la cartuccia e chiuso il relativo sportello. Fare riferimento alla sezione [Impostazioni](#) per informazioni sulle impostazioni.

4. Chiudere lo sportello della cartuccia. L'ID cartuccia e il tipo di cartuccia saranno visualizzati automaticamente in **Cartridge Status** (Stato cartuccia) nel riquadro [Status Information](#) (Informazioni sullo stato).

▼ Cartridge Status

Cartridge ID  
C110414C99

Cartridge Type  
RNA Quality Control

Remaining Runs  
83

Remaining Cal. Runs  
3

Expiration Status  
Valid

Calibration Status  
OK

▼ Calibration Details

Calibration Date  
14.04.2011 13:07:10

Accepted By  
JohnSmith

Ch.	Area	Cal. Factor	Result
1	0.0053	0.5762	Passed
2	0.0051	0.6114	Passed
3	0.0050	0.9239	Passed
4	0.0053	0.8302	Passed
5	0.0053	0.4594	Passed
6	0.0053	0.9902	Passed
7	0.0050	1.8963	Passed
8	0.0043	0.7028	Passed
9	0.0045	0.5612	Passed
10	0.0053	0.7647	Passed
11	0.0042	0.7104	Passed
12	0.0051	1.2754	Passed

Area di stato della cartuccia.

### Rimozione di una cartuccia gel QIAxcel

Per rimuovere una cartuccia gel QIAxcel dal QIAxcel Advanced procedere come segue:

1. Preparare il supporto cartucce QX come descritto nella sezione [Disimballaggio del QIAxcel Kit](#).
2. Aprire lo sportello della cartuccia.
3. Rimuovere la smart key.

**Nota:** Se è selezionata l'opzione di impostazione **Latch cartridge automatically** (Blocca automaticamente cartuccia), la cartuccia verrà sbloccata automaticamente dopo la rimozione della smart key. Pertanto, è importante rimuovere innanzitutto la smart key prima di provare a rimuovere la cartuccia. Fare riferimento alla sezione [Impostazioni](#) per informazioni sulle impostazioni.

**Nota:** se il QIAxcel Advanced è acceso e **Latch cartridge automatically** (Blocca automaticamente cartuccia) è deselezionata, assicurarsi che la cartuccia gel QIAxcel sia sbloccata. Se è bloccata, sbloccarla. Vedere la sezione [Riquadro informazioni di stato](#) per informazioni su come eseguire tale procedura.

4. Rimuovere la cartuccia gel QIAxcel.
5. Montare la guarnizione del tappo di sfiato chiudere l'apertura di sfiato.
6. Posizionare la cartuccia gel nel supporto cartucce QX.

**Nota:** Assicurarsi che le punte del capillare siano immerse nel QX Wash Buffer.

Conservazione di una cartuccia gel QIAxcel

### **Conservazione delle cartucce gel DNA QIAxcel dopo la consegna**

Tutti i componenti del QIAxcel DNA High Resolution Kit, e del QIAxcel DNA Screening Kit, tranne che per le cartucce gel e per il marcatore di calibrazione dell'intensità QX, possono essere conservati in luogo asciutto a temperatura ambiente (15–25°C) e sono stabili fino alla data di scadenza in tali condizioni.

La cartuccia gel QIAxcel e il marcatore di calibrazione dell'intensità QX devono essere conservati a 2–8°C subito dopo l'arrivo e sono stabili fino alla data di scadenza in tali condizioni.

Tutti i componenti del QIAxcel DNA Fast Analysis Kit possono essere conservati in luogo asciutto a temperatura ambiente, tranne che per la cartuccia gel QIAxcel, il marcatore di calibrazione dell'intensità QX, il marcatore di dimensione DNA QX 50 bp – 1.5 kb, e il marcatore di allineamento QX 15 bp/3 kb. La cartuccia gel QIAxcel e i marcatori devono essere conservati a 2–8°C subito dopo l'arrivo. I componenti sono stabili fino alla data di scadenza in tali condizioni.

### **Conservazione della cartuccia gel RNA QIAxcel dopo la consegna**

Il marcatore di dimensione RNA QX 200–6000 deve essere conservato ad una temperatura da -20° a -80° C ed è stabile fino alla data di scadenza in tali condizioni.

Il tampone di denaturazione RNA QX deve essere conservato a 2–8°C ed è stabile fino alla data di scadenza in tali condizioni.

Tutti i componenti del QIAxcel RNA QC Kit v2.0, tranne la cartuccia gel QIAxcel, possono essere conservati in un luogo asciutto a temperatura ambiente (15–25°C) e sono stabili fino alla data di scadenza in tali condizioni.

La cartuccia gel QIAxcel deve essere conservata a 2–8°C ed è stabile fino alla data di scadenza in tali condizioni.

### **Utilizzo occasionale**

Conservare le cartucce gel DNA e RNA QIAxcel a 2–8°C fino al primo utilizzo. Se la cartuccia gel QIAxcel non viene utilizzata quotidianamente, chiudere l'apertura di sfiato con l'apposita guarnizione, rimettere la cartuccia gel nella confezione blister, inserendo le punte del capillare nel gel morbido. Conservare la cartuccia gel DNA o RNA QIAxcel a 2–8°C in posizione verticale (vedere l'etichetta di orientamento sulla confezione blister).

**Nota:** la conservazione della cartuccia gel DNA o RNA QIAxcel ad una temperatura inferiore a 2°C può gravemente danneggiare la cartuccia.

Prima dell'uso, la cartuccia gel QIAxcel deve essere posizionata nel Supporto cartucce QIAxcel e protetta con la copertura se esportata alla luce, e lasciata a temperatura ambiente per almeno 20 minuti.

### Utilizzo quotidiano

Se la cartuccia gel QIAxcel viene utilizzata quotidianamente, conservare la cartuccia bloccata nel QIAxcel Advanced in "Posizione di sosta."

**Nota:** il QIAxcel Advanced deve essere lasciato acceso se la cartuccia viene conservata in "posizione di sosta" e la cartuccia deve essere bloccata. Non spegnere il QIAxcel Advanced .

Se viene utilizzata più di una cartuccia gel QIAxcel quotidianamente, conservare la seconda cartuccia nel Supporto cartucce QX al buio o protetta con la copertura. Assicurarsi che il contenitore di supporto cartucce sia riempito con tampone di lavaggio e coperto con olio minerale (fare riferimento a [Disimballaggio del Kit QIAxcel](#)). In alternativa, chiudere l'apertura di sfianto con l'apposita guarnizione, rimettere la cartuccia gel QIAxcel nella confezione blister, inserendo le punte del capillare nel gel morbido e conservare la cartuccia gel QIAxcel a temperatura ambiente in posizione verticale (vedere l'etichetta di orientamento sulla confezione blister).

La cartuccia gel QIAxcel può essere conservata in questo modo fino alla data di scadenza indicata sull'etichetta del kit.

## Funzionamento del QIAxcel Advanced

I campioni vengono processati utilizzando l'ambiente **Process** (Processo) del software QIAxcel ScreenGel .

A seconda del ruolo dell'utente collegato, gli ambienti si comportano in maniera diversa. Gli utenti con il ruolo di **Utente di routine** vengono guidati gradualmente all'avvio di un processo. Gli utenti con il ruolo di **Utente avanzato** non saranno guidati gradualmente, ma potranno liberamente definire parametri di analisi e di profilo di processo quando avviano una processazione.

Questa sezione descrive la procedura di funzionamento del QIAxcel Advanced per l'utente di routine. Funzioni avanzate del software QIAxcel ScreenGel , che non sono disponibili per l'utente di routine, sono descritte nella sezione [Process](#) (Processo).

Prima di iniziare

- Leggere attentamente il manuale fornito con il Kit QIAxcel.
- Preparare i reagenti e il marcatore di allineamento QX da utilizzare. Per istruzioni su come eseguire tale operazione, vedere la sezione [Configurazione del QIAxcel Advanced](#), o fare riferimento al manuale del *Kit QIAxcel*.

**Nota:** fare riferimento alle fasi 1, 2, 3, 4, 7 e 8 in [Esecuzione della procedura](#) per informazioni sul marcatore di allineamento o di dimensione. Tali fasi possono essere successivamente saltate. Il marcatore di allineamento richiesto è visualizzato nel software e può essere a questo punto preparato.

- Preparare i campioni. Fare riferimento al manuale fornito con il Kit QIAxcel per istruzioni su come eseguire questa operazione. Per risultati ottimali, la soluzione dei campioni deve avere un pH 6–9 e non avere un contenuto di ioni maggiore rispetto a un tipico tampone PCR.

**Nota:** se si necessita di un marcatore di dimensione accanto ai campioni, prepararlo nella posizione richiesta sulla piastra dei campioni. Fare riferimento al manuale fornito con il Kit QIAxcel per istruzioni su come eseguire questa operazione.

<p><b>CAUTELA</b></p> 	<p><b>Danni alla cartuccia [C5]</b></p> <p>Se si elaborano meno di 12 campioni, riempire i pozzetti vuoti con i tamponi QX DNA Dilution Buffer o QX RNA Dilution Buffer. In caso contrario, possono verificarsi danni ai canali capillari.</p>
---	--

#### Avvio di un processo

Gli utenti abituali possono eseguire un processo predefinito solo tramite l'apposita procedura guidata del software QIAxcel ScreenGel (per le opzioni avanzate di processo, consultare la sezione [Esecuzione di un processo con le opzioni avanzate](#)). Per eseguire processi come utente abituale, procedere come illustrato di seguito.

1. Accendere il QIAxcel Advanced con l'interruttore di alimentazione.
2. Accendere il computer, lanciare il software QIAxcel ScreenGel dal menu start di Windows sotto **QIAGEN/QIAxcel** o dall'icona del desktop.
3. Nel software QIAxcel ScreenGel, selezionare una modalità (DNA o RNA) e accedere (per informazioni dettagliate, fare riferimento alla [sezione Autenticazione utente](#)). L'ambiente **Process** (Processo) si apre e visualizza la prima schermata del profilo di processo della procedura guidata di processo.

**Nota:** l'icona  indica che la connessione è stata stabilita e l'icona  mostra che il QIAxcel Advanced è connesso. Nel caso in cui lo strumento non possa essere connesso, verrà visualizzato un messaggio che notificherà che lo strumento non è disponibile. Se non si accende lo strumento immediatamente, fare clic su **Instrument not needed** (Strumento non necessario). Se si necessita dello strumento, fare clic su **Troubleshoot** (Risoluzione dei problemi).

Seguire le istruzioni nel messaggio. Per maggiori istruzioni dettagliate, fare riferimento alla sezione di risoluzione dei problemi [Configurazione sistema](#). Chiudere il messaggio. Per riprovare a connettere lo strumento, fare clic sull'icona .

**Nota:** il software QIAxcel ScreenGel è dotato di un software strumento aggiornato per gli strumenti QIAxcel Advanced con numero di serie 30281 e superiore. Se il software si connette allo strumento per la prima volta, esso verifica se il software sullo strumento è aggiornato. In caso contrario, aggiorna il software strumento. Questo processo può richiedere qualche minuto. Un messaggio viene visualizzato nel frattempo. Lasciare che l'aggiornamento venga completato. Non spegnere lo strumento o non scollegare il cavo tra il computer e lo strumento, e non chiudere il software QIAxcel ScreenGel fino a completamento dell'aggiornamento. Dopo un aggiornamento concluso con successo, il software QIAxcel ScreenGel si connette automaticamente allo strumento.

4. Installare la cartuccia gel QIAxcel da utilizzare come descritto in [Installazione di una cartuccia gel QIAxcel e di una smart key](#).

**Nota:** è possibile verificare lo stato della cartuccia nel riquadro **Status Information** (Informazioni di stato) a sinistra dell'ambiente **Process** (Processo). Fare riferimento alla sezione [Riquadro delle informazioni di stato](#) per informazioni dettagliate.

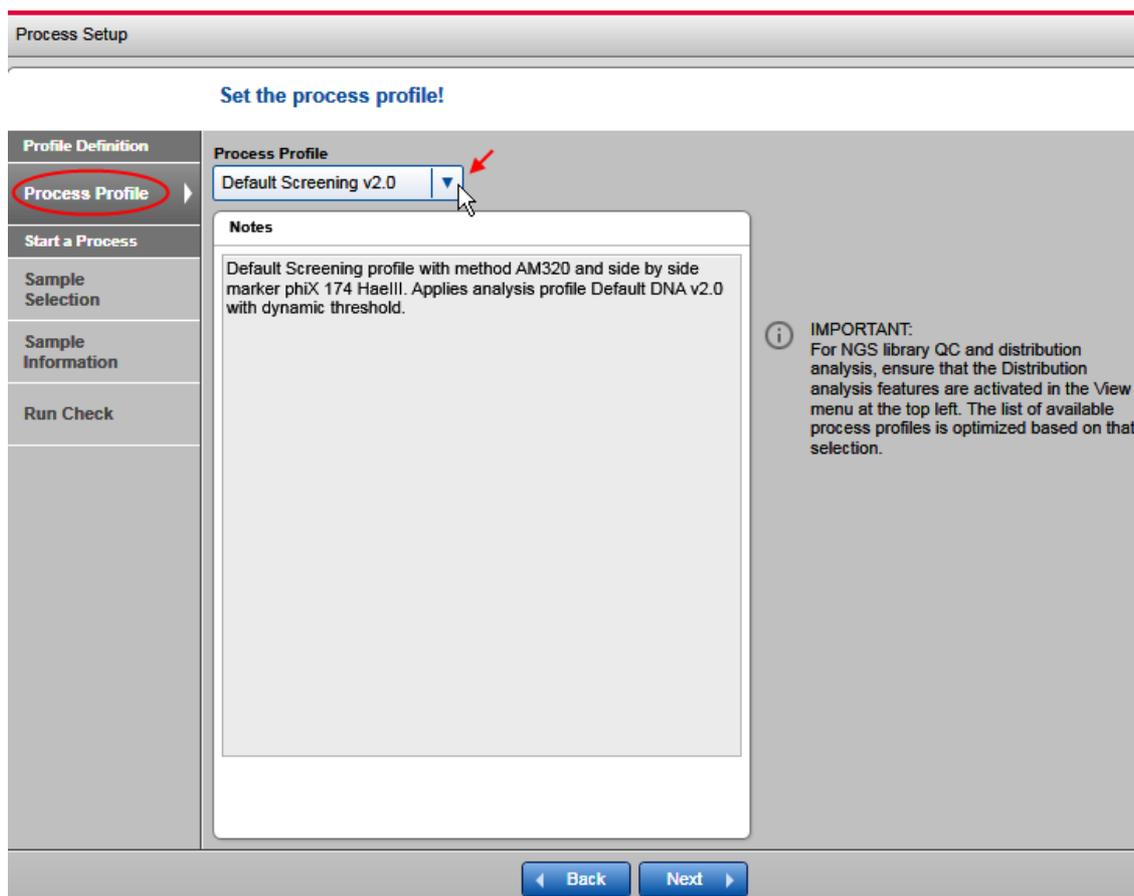
5. Posizionare il vassoio dei tamponi contenente il marcatore di allineamento QX sul supporto del vassoio tamponi come descritto in [Caricamento del vassoio dei tamponi](#).

6. Collocare le strisce dei campioni (nella posizione A) o una piastra a 96 pozzetti sul portapiastre dei campioni.

7. Chiudere lo sportello dei campioni.

**Nota:** se gli sportelli dello strumento sono chiusi, il vassoio dei tamponi automaticamente si sposta nella posizione di **Sosta di lavaggio** dopo 5 minuti.

8. Nel software QIAxcel ScreenGel , selezionare un profilo di processo predefinito nella schermata **Process Profile** (Profilo di processo).



Schermata Process Profile (Profilo di processo).

**Nota:** in modalità DNA l'elenco a discesa **Process Profile** (Profilo di processo) non mostra i profili che contengono l'individuazione dei picchi e quelli che contengono la distribuzione dell'analisi allo stesso tempo. Se si nota la mancanza di un profilo nell'elenco, attivare le funzioni di analisi della distribuzione, per i campioni contenenti librerie di DNA o DNA genomico, e le funzioni di individuazione dei picchi, per Fast Analysis (Analisi rapida) o Standard DNA analysis (Analisi standard del DNA). Per farlo, selezionare **Activate Distribution Analysis Features** (Attiva funzioni di analisi della distribuzione) o **Activate Peak Calling Features** (Attiva funzioni di individuazione dei picchi) dal menu **View** (Vista) in alto a sinistra. Questa impostazione è specifica dell'utente. Può cambiare automaticamente quando si apre un esperimento per la revisione nell'ambiente **Analysis** (Analisi) che conteneva l'individuazione dei picchi o la distribuzione dell'analisi.

9. Fare clic sul pulsante **Next** (Avanti) per passare alla schermata successiva, **Sample Selection** (Selezione dei campioni).

Schermata Sample Selection (Selezione dei campioni).

10. Esiste anche la possibilità di modificare la directory in cui verrà salvato l'esperimento. Può essere una directory locale o una directory sulla rete.

**Nota:** la directory può essere modificata solo se il profilo di processo utilizzato lo consente (consultare la sezione [Selezione delle opzioni di processo generali](#)).

11. Come opzione, modificare l'ID piastra.

**Nota:** l'ID della piastra verrà utilizzato per denominare tutti i risultati di questo processo, per l'archiviazione dei dati dei campioni dell'esperimento nonché per i file di referto/esportazione generati. Pertanto, è necessario un ID della piastra univoco. Vedere [Parametri di processo e struttura dei risultati](#) per ulteriori informazioni.

**Nota:** per l'ID della piastra, il software consente caratteri alfanumerici. Caratteri speciali come /&!%\$§ '"" @\*+~#=<>|,; ecc. non possono essere utilizzati. Il software elimina automaticamente gli spazi vuoti all'inizio e alla fine.

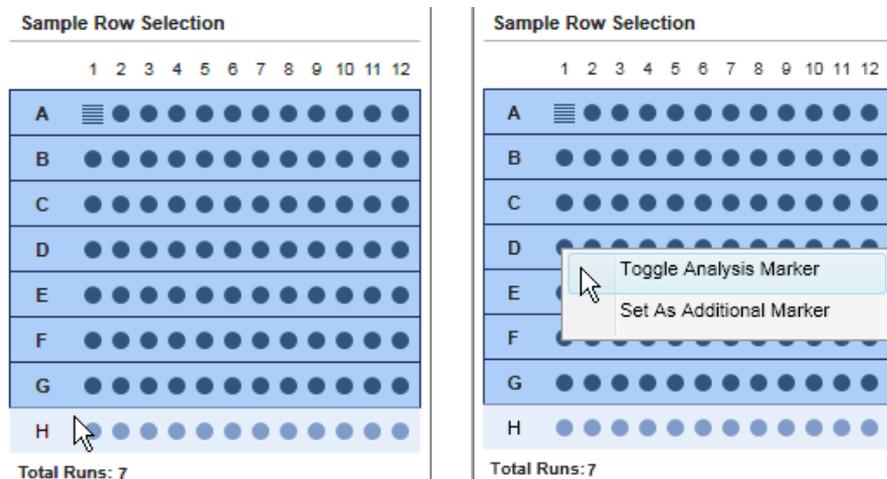
**Nota:** dopo il processo, l'ID della piastra non può essere modificato.

**Nota:** se l'opzione delle impostazioni **Generate plate ID** (Genera ID piastra) è selezionata, il sistema genera automaticamente un ID della piastra seguendo le regole specificate nelle impostazioni. Fare riferimento alla sezione [Impostazioni](#) per maggiori informazioni. Tuttavia è possibile modificare l'ID della piastra.

12. Esiste la possibilità di modificare la selezione delle righe dei campioni da elaborare. Usare questa opzione se si desidera elaborare meno righe di quelle specificate nel profilo di processo. Fare clic sulla riga da deselezionare/selezionare con il pulsante sinistro del mouse.

**Nota:** modificare le righe dei campioni è possibile solo se il profilo di processo utilizzato lo consente (consultare la sezione [Selezione dei parametri di processo](#)).

**Nota:** non è possibile deselezionare una riga contenente il marcatore dimensionale. Se si desidera farlo, occorre prima passare alla fase successiva e poi deselezionare la riga.



È stata deselezionata la riga H dei campioni.

Modifica della posizione del marcatore dimensionale in D1.

13. Esiste la possibilità di modificare la posizione del marcatore dimensionale sulla piastra facendo clic sulla nuova posizione del marcatore con il pulsante destro del mouse. Selezionare l'opzione **Toggle Analysis Marker** (Attiva marcatore analisi) nel menu contestuale che appare. Questo marcatore dimensionale sarà usato per l'analisi automatica durante il processo, se l'analisi è inclusa nel profilo di processo.

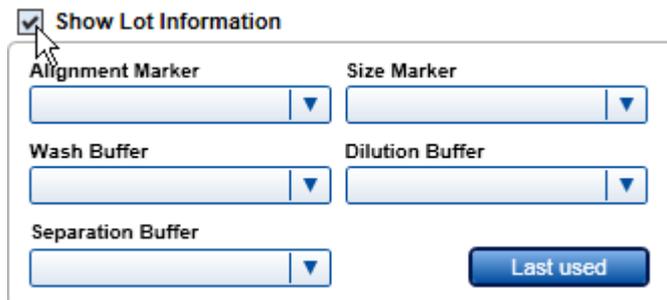
**Nota:** la posizione del marcatore dimensionale può essere cambiata solo se il profilo di processo utilizzato lo consente (consultare la sezione [Selezione dei parametri di processo](#)).

---

**Opzionale:** se si ha un marcatore dimensionale aggiuntivo nella piastra dei campioni, fare clic sulla posizione con il pulsante destro del mouse e selezionare l'opzione **Set As Additional Marker** (Imposta come marcatore aggiuntivo) nel menu contestuale. Appare il simbolo di una scala ruotata. Fare di nuovo clic con il pulsante destro del mouse e selezionare **Size Marker Name** (Nome marcatore dimensionale) dal menu contestuale. È possibile usare queste informazioni per l'analisi manuale, ma non saranno usate per l'analisi automatica durante il processo.

14. Se è selezionata l'opzione **No Marker** (Nessun marcatore), selezionare il marcatore di allineamento preparato dall'elenco a discesa **Alignment Marker** (Marker di allineamento). Se si lascia vuoto l'elenco a discesa **Alignment Marker** (Marker di allineamento), successivamente si dovrà accettare un messaggio di avvertenza nella schermata **Run Check** (Controllo processo).

15. **Opzionale:** fornire informazioni sui lotti di tamponi e marcatori spuntando la casella **Show Lot Information** (Mostra informazioni sui lotti) e modificando le informazioni sui lotti nei campi visualizzati.

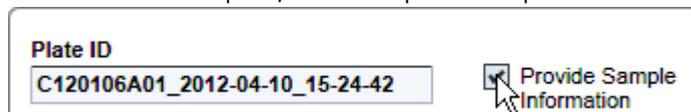


Campi visualizzati per le informazioni sui lotti.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo se è selezionata l'opzione **Enable input fields** (Abilita campi di immissione) per **Buffer lot IDs** (ID lotti tamponi) o **Marker lot IDs** (ID lotti marcatori) (consultare la sezione [Impostazioni](#)).

**Nota:** è possibile selezionare negli elenchi a discesa i valori delle ultime informazioni sui lotti utilizzate. Ripristinare l'ultima combinazione utilizzata di informazioni sui lotti facendo clic sul pulsante **Last used** (Ultime utilizzate).

16. **Opzionale:** se si desidera fornire informazioni sui campioni, spuntare la casella **Provide Sample Information** (Fornisci informazioni sui campioni). Altrimenti passare al punto 19.



Casella Provide Sample Information (Fornisci informazioni sui campioni) spuntata.

**Nota:** la schermata **Sample Information** (Informazioni sui lotti) è abilitata solo se è selezionata la casella di spunta.

17. Fare clic sul pulsante **Next** (Avanti) per passare alla schermata successiva, **Sample Information** (Informazioni sui campioni).

## Set or import sample information!

Profile Definition	Sample Information	Sample Comments										
Process Profile	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Start a Process	A											
Sample Selection	B											
<b>Sample Information</b>	C											
Run Check	D											
	E											
	F											
	G											
	H											

Schermata Sample Information (Informazioni sui campioni).

18. **Opzionale:** fornire informazioni sui campioni, inserite manualmente o importate da file.

Per creare manualmente le informazioni sui campioni, inserirle nella griglia. Come impostazione predefinita è preselezionata la posizione A1. Confermare le informazioni per ciascuna posizione premendo il pulsante **Invio** o **Tab**; la posizione successiva verrà selezionata automaticamente per l'input successivo. Per creare informazioni sui campioni per una posizione specifica, fare clic sulla posizione e inserire le informazioni sui campioni.

Per salvare le informazioni sui campioni fornite in formato **file rack**, per poterle riutilizzare successivamente, fare clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome). Nella finestra di dialogo che appare, andare sulla directory in cui devono essere memorizzate le informazioni, inserire un nome unico per il file e fare clic su **OK**.

Per importare informazioni sui campioni da un file, fare clic sul pulsante **Import** (Importa). Nella parte inferiore della finestra di dialogo che appare, selezionare il tipo di file da importare. La finestra di dialogo elenca tutti i file disponibili di questo tipo. In alternativa, andare sulla directory in cui sono state memorizzate le informazioni sui campioni, selezionare il file e fare clic su **OK**. I dati importati sovrascrivono tutte le informazioni sui campioni fornite in precedenza.

Per inserire i commenti sui campioni, fare clic su **Sample Comments** (Commenti sui campioni). Per inserire un commento per una posizione specifica, fare clic sulla rispettiva cella nella scheda **Sample Comments** (Commenti sui campioni) e inserire il testo.

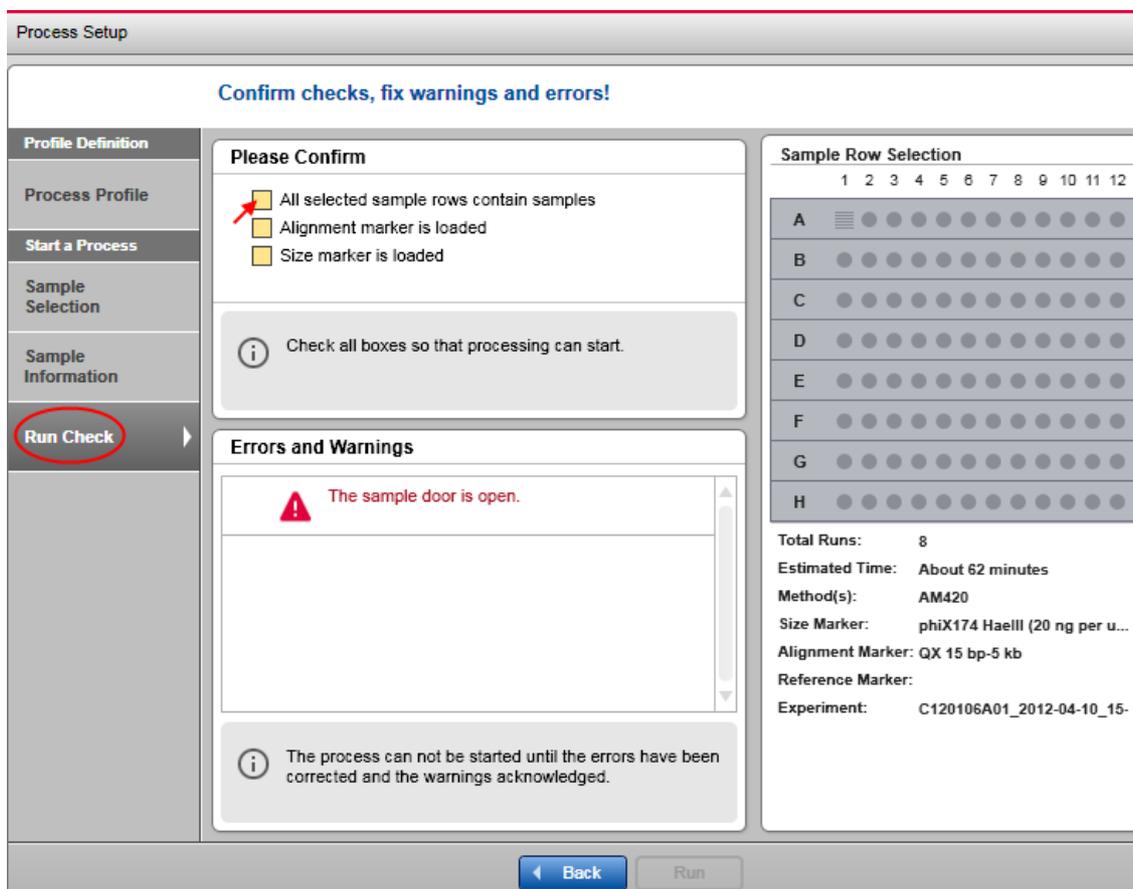
**Nota:** i commenti sui campioni possono anche essere importati da un file insieme alle informazioni sui campioni.

Per maggiori dettagli consultare la sezione [Fornire informazioni sui campioni](#) o fare clic su una posizione nella griglia e premere il pulsante F1.

**Nota:** le posizioni dei marcatori dimensionali sono contrassegnate dal simbolo di una "scala".

**Nota:** fare clic sul pulsante **Reset** per cancellare le informazioni sui campioni; usare la freccia e i pulsanti Tab/Maiusc+Tab per scorrere le posizioni.

19. Fare clic sul pulsante **Next** (Avanti) per passare alla schermata successiva, **Run Check** (Controllo processo).



Schermata Run Check (Controllo processo) con il messaggio di errore "Sample door is open" ("Lo sportello dei campioni è aperto").

20. Confermare tutte le caselle di spunta. Risolvere i problemi indicati da messaggi di avvertenza e messaggi di errore. Usare i pulsanti **Back** (Indietro) e **Next** (Avanti) per navigare.

**Nota:** è possibile avviare il processo solo quando tutti i controlli di processo sono confermati e non sono più visualizzati messaggi di errore o di avvertenza.

**Nota:** potrebbe essere necessaria la [cessione](#) a un Utente avanzato.

**Nota:** se il pulsante **Run** (Esegui) è ancora disattivato, controllare il riquadro [Status Information](#) (Informazioni sullo stato) per verificare lo stato della cartuccia e dello strumento, oppure consultare la sezione [Risoluzione dei problemi](#).

Process Setup

Confirm checks, fix warnings and errors!

**Profile Definition**

**Process Profile**

**Start a Process**

**Sample Selection**

**Sample Information**

**Run Check**

**Please Confirm**

- All selected sample rows contain samples
- Alignment marker is loaded
- Size marker is loaded

Confirmation successful!

**Errors and Warnings**

No errors or warnings!

**Sample Row Selection**

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

Total Runs: 8  
Estimated Time: About 62 minutes  
Method(s): AM420  
Size Marker: phiX174 HaeIII (20 ng per u...  
Alignment Marker: QX 15 bp-5 kb  
Reference Marker:  
Experiment: C120106A01\_2012-04-10\_15-

Back Run

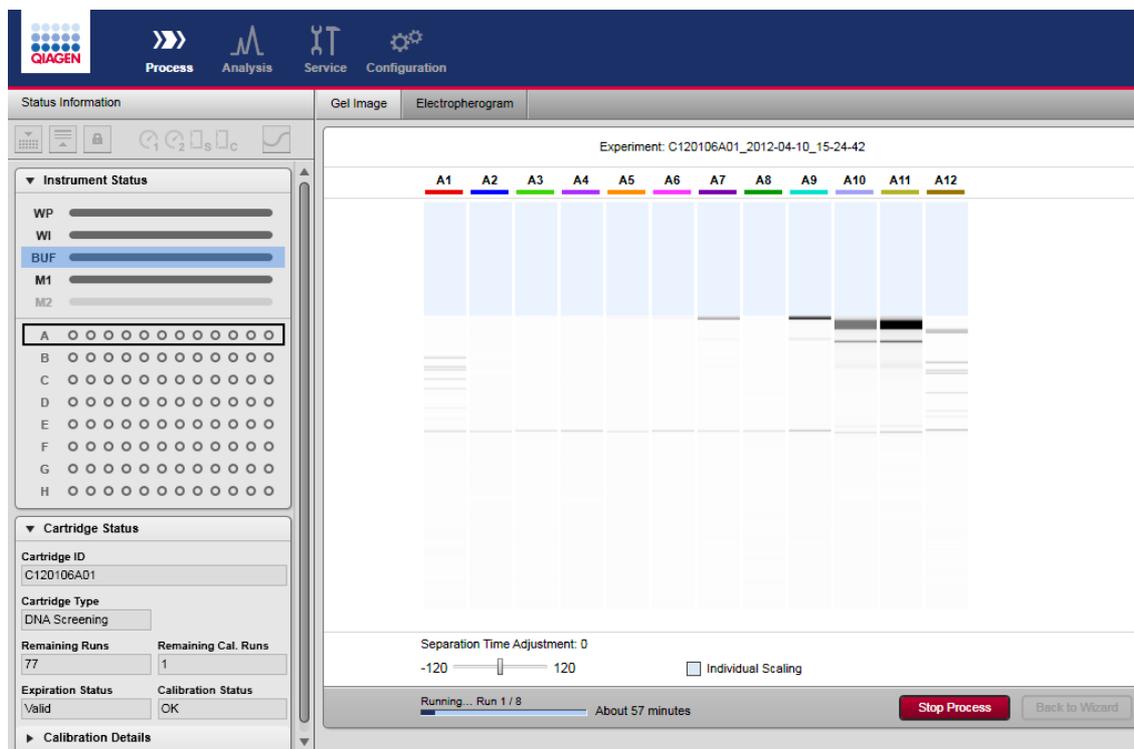
Schermata Run Check (Controllo processo) con tutte le caselle di conferma spuntate e tutti i problemi risolti.

21. Avviare il processo facendo clic sul pulsante **Run** (Esegui).

La procedura guidata del processo verrà chiusa e verrà visualizzata un'anteprima per ciascuna fila in corso di elaborazione. Le azioni eseguite dallo strumento sono mostrate nel riquadro **Instrument Status** (Stato strumento) a sinistra. Una barra di progresso sotto l'anteprima mostra il progresso dell'intero processo e il tempo di processo rimanente stimato.

A seconda delle impostazioni di referti, può essere visualizzato il referto generato.

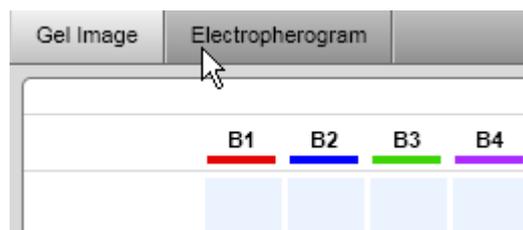
**Nota:** l'apertura dello sportello cartucce o dello sportello campioni durante il funzionamento del QIAxcel provoca l'arresto dell'operazione in corso da parte del sistema. Il processo è arrestato e non può essere ripreso. Nessun dato verrà archiviato per la fila in corso di elaborazione. I dati sui campioni sono archiviati solo per le file completate. Non sono eseguite analisi, individuazione dei picchi o referto/esportazione. Pertanto, i dati dei campioni archiviati contengono solo dati grezzi.



Processo attualmente in esecuzione sulla riga A.

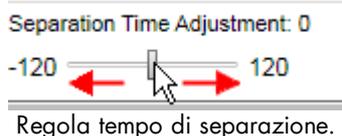
### Azioni durante l'esecuzione del processo:

- Si può passare dall'anteprima gel all'anteprima elettroferogramma e viceversa facendo clic sulle rispettive schede.



Passaggio dall'immagine gel all'elettroferogramma.

- A scelta, regolare il tempo di separazione. Per fare ciò, muovere il cursore **Adjust Separation Time** (Regola tempo di separazione) sotto l'anteprima. Spostandolo nella posizione all'estrema sinistra, si accorcerà il tempo di separazione di 120 secondi, spostandolo nella posizione all'estrema destra, si allungherà il tempo di separazione di 120 secondi. Lo spostamento del cursore ha effetto per un'attuale separazione in corso nonché per tutte le seguenti separazioni durante il processo.



Regola tempo di separazione.

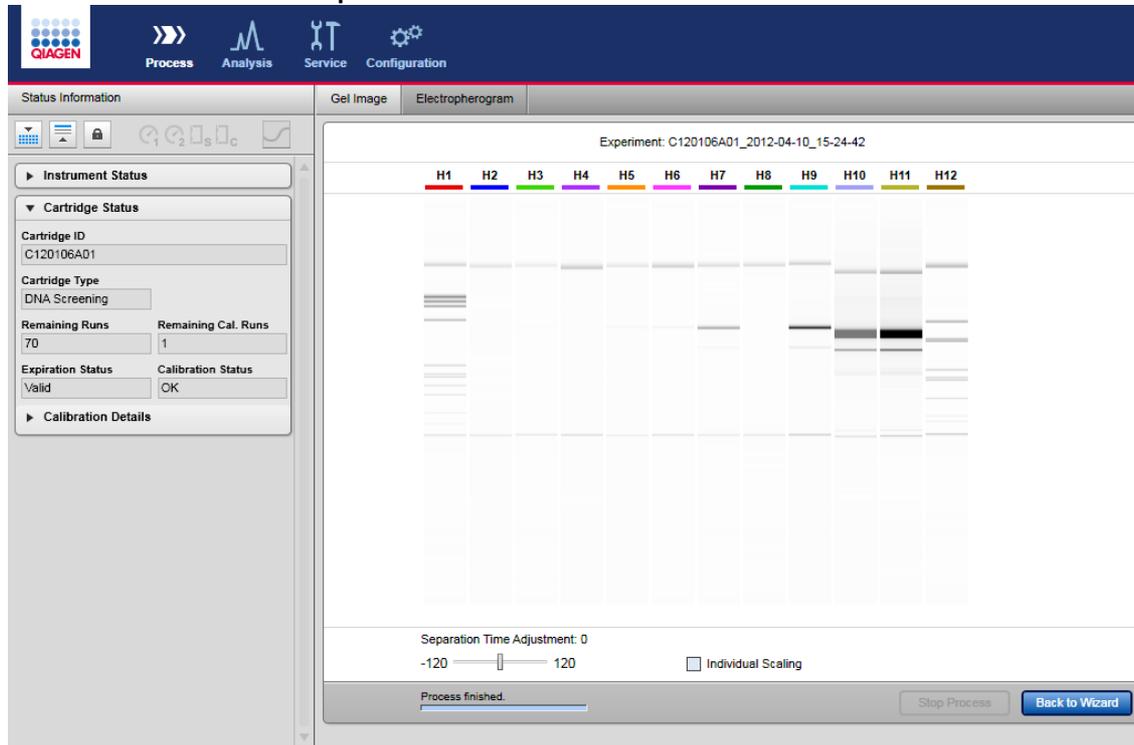
**Nota:** quando si avvia il processo successivo facendo clic sul pulsante **Run** (Esegui), il cursore viene riportato automaticamente in posizione centrale e il tempo di separazione verrà applicato come definito nel metodo.

- A scelta, attivare o disattivare la casella di spunta **Individual Scaling** (Ridimensionamento singolo) ai colori adattati all'altezza di segnale massima di tutti i campioni. Vedere [Vista gel](#) per maggiori informazioni sul ridimensionamento individuale. La casella di spunta **Individual Scaling** (Ridimensionamento singolo) è inizialmente impostata su off.
- Il processo può essere arrestato facendo clic sul pulsante **STOP** sotto l'anteprima.

**Nota:** se i motori dello strumento sono attualmente in movimento, il processo si arresterà dopo tale movimento.

**Nota:** nessun dato sui campioni verrà archiviato per la fila processata. I dati sui campioni sono archiviati solo per le file completate. Non sono eseguite analisi, individuazione dei picchi o referto/esportazione. Pertanto, i dati dei campioni archiviati contengono solo dati grezzi.

## Azioni successive al termine del processo:



Il processo è terminato.

- Il processo successivo può essere avviato ritornando alla procedura guidata facendo clic sul pulsante **Back to Wizard** (Tornare alla procedura guidata) sotto l'anteprima.
- Per verificare i dati dei campioni, passare all'ambiente **Analysis** (Analisi). Per informazioni su tale procedura, fare riferimento alle sezioni [Ambienti](#), [Gestione dei campioni e degli esperimenti](#) e [Visualizzazione dati campioni](#), rispettivamente. Tornare all'ambiente **Process** (Processo) e fare clic sul pulsante **Back to Wizard** (Tornare alla procedura guidata) per avviare il processo successivo.

---

## Software QIAxcel ScreenGel

Il Software, QIAxcel ScreenGel facile da usare, è stato sviluppato appositamente per essere usato con il sistema QIAxcel Advanced. Il software offre strumenti interattivi che semplificano l'analisi dei dati, consentono una rapida interpretazione dei dati e offrono flessibilità nella visualizzazione dei dati e dei risultati, sia in formato elettroferogramma che come immagine gel.

Il software offre la possibilità di eseguire la configurazione seguendo una procedura guidata, oltre a fornire analisi pratiche e modelli di profili per l'elaborazione standardizzata dei campioni; inoltre mette a disposizione documenti comodi e personalizzabili per i risultati.

Il Software QIAxcel ScreenGel si basa su un algoritmo unico, che è stato testato per analizzare i dati di separazione in modo più riproducibile e più accurato rispetto ad altri pacchetti di analisi cromatografica. Esso calcola una vasta gamma di proprietà dei picchi, come il numero dei picchi, l'altezza dei picchi, la larghezza dei picchi e l'area dei picchi.

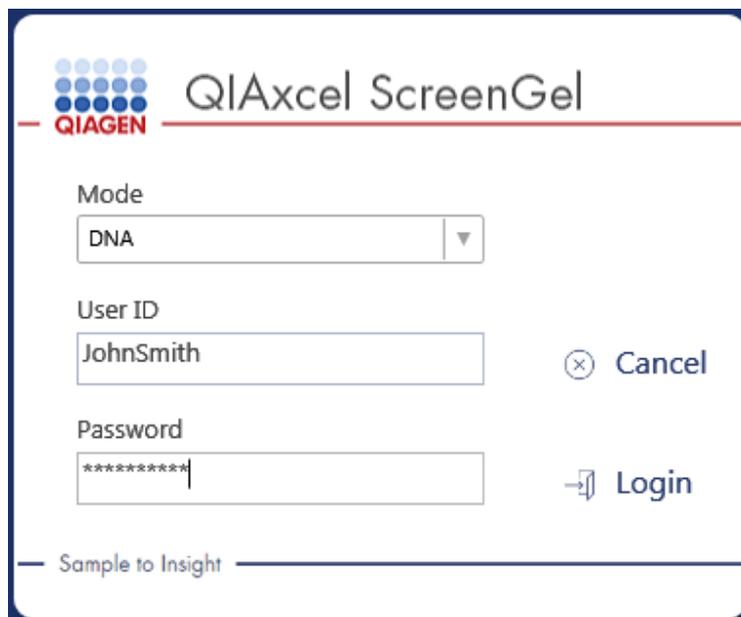
### Concetti

Questa sezione spiega i concetti fondamentali con cui deve acquisire familiarità ogni utente che lavora con il software QIAxcel ScreenGel :

- modalità
- gestione utenti
- ambienti
- profili
- interfaccia utente

## Modalità

Il software QIAxcel ScreenGel è dotato di due modalità: una per l'analisi del DNA e una per l'analisi dell'RNA. Lo scopo principale delle modalità è adattare gli algoritmi di analisi dei dati alle proprietà degli analiti. Inoltre le modalità garantiscono l'uso di tipi di cartuccia validi e la possibilità di caricare dai file solo dati del tipo giusto.



QIAGEN QIAxcel ScreenGel

Mode  
DNA

User ID  
JohnSmith

Password  
\*\*\*\*\*

Cancel

Login

Sample to Insight

Selezione della modalità nella finestra di dialogo Login.

## Ruoli utente

Il software QlAxcel ScreenGel distingue quattro diversi ruoli utente, che differiscono per le autorizzazioni. A ciascun utente è assegnato uno di questi quattro ruoli utente. Questa sezione fornisce una breve panoramica dell'uso e delle autorizzazioni di ciascun ruolo utente:

<b>Ruolo</b>	<b>Utilizzato per</b>	<b>Attività</b>	<b>Accesso</b>
Amministratore	Gestione utenti Configurazione del software	Installazione del software Configurazione delle impostazioni generali Amministrazione degli account utente	Ambiente Configuration (Configurazione)
Utente di routine	Elaborazione campioni di routine e visualizzazione dati	Elaborazione campioni Ispezione campioni	Tutti gli ambienti (accesso limitato)
Utente base	Elaborazione campioni e analisi dei dati senza l'opzione di modifica dei profili	Elaborazione campioni Analisi dei campioni Referto/Esportazione	Tutti gli ambienti (accesso limitato)
Utente avanzato	Elaborazione campioni Analisi dei dati con accesso completo ai parametri di analisi Creazione e modifica dei profili	Creazione/modifica dei profili Elaborazione campioni Analisi dei campioni Referto/Esportazione	Tutti gli ambienti (accesso completo)

- **Amministratore**

Questo ruolo è destinato alla gestione delle impostazioni e degli utenti.

Gli utenti a cui sia stato assegnato questo ruolo possono modificare le impostazioni generali ed eseguire la gestione utenti, ossia la gestione degli account utente (diritti, ruolo utente, ecc.). Gli utenti che non hanno accesso ai profili, all'ambiente **Process** (Processo), all'ambiente **Analysis** (Analisi), o all'ambiente **Service** (Assistenza).

- [Il passaggio](#) ad un utente con il ruolo di **Amministratore** è possibile.

- **Utente avanzato**

Questo ruolo è destinato a utenti esperti.

Gli utenti ai quali sia stato assegnato questo ruolo hanno accesso alle complete funzionalità del software, tranne che la gestione utenti. Gli utenti possono creare profili di analisi, di processo e di referto e quindi preparare la base di lavoro per altri utenti. Essi possono eseguire analisi avanzate, come il confronto di risultati da diversi processi (vedere [Personalizzazione degli esperimenti](#)) e modificare i parametri dei profili, se necessario.

- [Il passaggio](#) ad un utente con il ruolo di **Avanzato** è possibile.

- **Utente base**

Questo ruolo garantisce l'uso di profili predefiniti, in particolare profili di analisi.

Gli utenti ai quali sia stato assegnato questo ruolo hanno accesso a tutti gli ambienti del software; tuttavia, non possono creare profili nuovi o modificare quelli predefiniti, come i profili di analisi o di processo. Nel configurare un nuovo processo mediante profili di processo predefiniti, possono modificare le impostazioni dei marcatori e le fine da processare. Nell'ambiente di analisi, possono aprire esperimenti esistenti ed eseguire analisi di routine utilizzando profili di analisi predefiniti, ma non possono modificare parametri di analisi individuali. Possono eseguire referti ed esportazioni utilizzando profili predefiniti di referto/esportazione con l'opzione di modificare i parametri di referto/esportazione, ma senza l'opzione di salvare tali modifiche.

- [Il passaggio](#) ad un utente con il ruolo di **Utente base** o **Utente avanzato** è possibile.

- **Utente di routine**

Questo ruolo è destinato a laboratori che processano regolarmente grandi numeri di campioni. Gli utenti sono guidati da una procedura guidata per una corretta configurazione del processo.

Gli utenti ai quali sia stato assegnato questo ruolo sono limitati all'esecuzione di processi utilizzando profili di processo predefiniti. Nell'ambiente di analisi, possono aprire esperimenti esistenti esclusivamente per scopi di visualizzazione.

- [Il passaggio](#) ad un utente con il ruolo di **Utente di routine**, **Utente base** o **Utente avanzato** è possibile.

**Nota:** ad una persona possono essere assegnati diversi ruoli utente mediante la creazione di diversi account utente con ruoli differenti.

Consultare la sezione [Gestione utenti](#) per informazioni su come creare gli account utente.

## Ambienti

Il software QIAxcel ScreenGel è composto da quattro ambienti che forniscono funzionalità diverse. È possibile usare un solo ambiente alla volta.



Icone degli ambienti con l'ambiente "Process" (Processo) attivo.

Per passare a un ambiente, fare clic sull'icona corrispondente. La funzionalità degli ambienti è brevemente descritta nella seguente tabella:



Process

Ambiente che abilita l'esecuzione di processi sul QIAxcel Advanced system .

Supporta l'acquisizione di dati, consentendo l'analisi integrata dei dati e l'attività di referto. Per informazioni dettagliate, consultare la sezione [Processo](#).



Analysis

Ambiente che mostra e consente l'analisi dei dati dei campioni.

Fornisce strumenti di visualizzazione avanzata e analisi per i dati dei campioni, oltre alle funzionalità di referto ed esportazione. Per informazioni dettagliate, consultare la sezione [Analisi](#).



Service

Ambiente per la manutenzione o l'assistenza del QIAxcel Advanced system .

Contiene tutte le funzioni necessarie per la manutenzione e la risoluzione dei problemi dello strumento e delle cartucce. Per informazioni dettagliate, consultare la sezione [Assistenza](#).



Configuration

Ambiente per l'amministrazione degli utenti e la configurazione del sistema.

Fornisce accesso alla gestione degli utenti, alla gestione dei profili e alle preferenze del software (impostazioni). Per informazioni dettagliate, consultare la sezione [Configurazione](#).

## Profili

L'acquisizione e l'analisi dei dati nel software QIAxcel ScreenGel sono controllate dai **Profili**. I Profili combinano impostazioni e parametri e possono essere opportunamente riutilizzati per scopi diversi (vedere tabella sottostante).

La procedura standard si basa sull'uso dei profili predefiniti. Il software QIAxcel ScreenGel sarà installato con una serie di profili predefiniti che non possono essere modificati. Ciononostante, se è necessario apportare modifiche, gli utenti esperti possono creare profili nuovi o modificare le impostazioni dei profili a seconda delle necessità. Vedere la tabella seguente:

Profilo	Descrizione
<a href="#">Process profile</a> (Profilo di processo)	Definire le impostazioni per l'acquisizione dei dati. Definisce tutti i parametri per il processo di elettroforesi.
<a href="#">Analysis profile</a> (Profilo di analisi)	Definire le impostazioni per l'analisi dei dati dei campioni (parametri di analisi).
<a href="#">Peak calling instruction</a> (Istruzione di individuazione dei picchi)	Definire i criteri di ricerca per i picchi d'interesse. <b>Nota:</b> in modalità DNA, le istruzioni di individuazione dei picchi sono disponibili solo se <a href="#">sono attive le funzioni di individuazione dei picchi</a> .
<a href="#">Distribution profile</a> (Profilo di distribuzione)	Definire i criteri per la valutazione della qualità di una libreria di DNA, come la distribuzione della libreria, compresi i controlli qualità del rapporto molare o dell'altezza, nonché la molarità o la concentrazione. <b>Nota:</b> i profili di distribuzione sono disponibili solo in modalità DNA e solo se <a href="#">sono attive le funzioni di analisi della distribuzione</a> .

[Report/export profile](#)  
(Profilo di  
referto/esportazione)

Definire il referto e l'esportazione dei dati dei campioni e dei risultati in vari formati.

**Nota:** i profili **Process** (Processo) possono includere un profilo **Analysis** (Analisi), un profilo **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi) o un profilo **Distribution** (Distribuzione), e un profilo **Report/Export** (Referto/Esportazione), il che consente un'elaborazione totalmente automatica che comprende analisi e referto.

**Nota:** i profili **Analysis (Analisi)**, **Distribution (Distribuzione)** e **Report/Export (Referto/Esportazione)** e le **Istruzioni di individuazione dei picchi** vengono inclusi in un profilo di processo copiando il nome del profilo e tutti i parametri del profilo nel profilo di processo. Ciò significa che le modifiche ai profili originali non sono automaticamente presenti nel profilo di processo. Questo impedisce di modificare i profili di processo per errore e garantisce la stabilità del processo. Se le modifiche devono essere presenti anche nel profilo di processo, includere nuovamente il profilo modificato.

I profili e i metodi disponibili vengono caricati una volta, all'avvio del software.

I profili creati con una precedente versione del software QlAxcel ScreenGel vengono convertiti automaticamente nella nuova versione (migrazione).

**Nota:** un profilo creato o salvato con una versione più recente del software QlAxcel ScreenGel non può essere aperto nelle precedenti versioni del software.

**Nota:** i nomi profilo dei profili predefiniti che sono installati insieme al software sono visualizzati nella lingua del software selezionata. I nomi profilo dei profili creati dagli utenti sono visualizzati nella lingua in cui sono stati creati i profili. Per informazioni su come cambiare la lingua del software, consultare la parte finale della sezione [Impostazioni](#).

## Uso generale del software

QlAxcel ScreenGel Il software è un software moderno con un'interfaccia utente grafica all'avanguardia. I controlli dell'interfaccia utente si comportano nello stesso modo dei controlli Windows standard. In questa sezione sono spiegati i termini frequenti e vari concetti specifici dell'interfaccia utente del software QlAxcel ScreenGel .

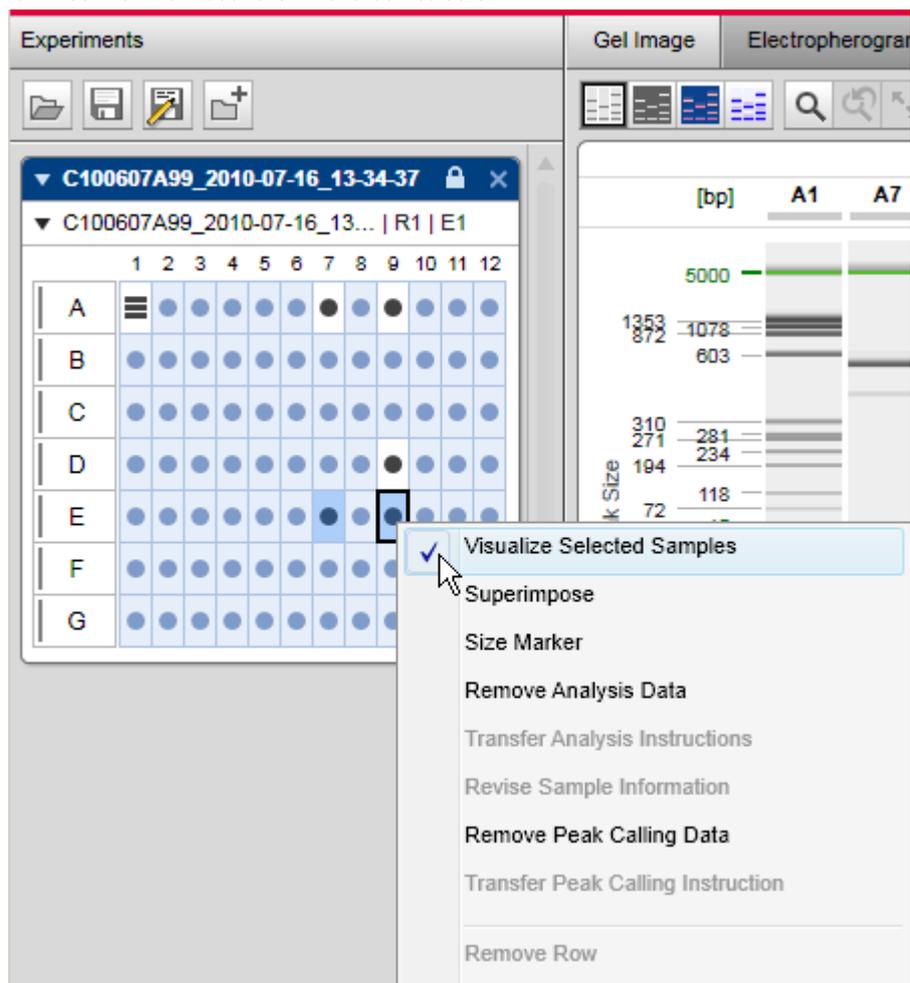
Nella tabella seguente sono spiegati i termini relativi all'interfaccia utente che sono usati nel presente manuale.

Clic sinistro	Premere il pulsante sinistro del mouse o del touchpad di un computer.
Clic destro	Premere il pulsante destro del mouse o del touchpad di un computer.
Doppio clic	Clic sinistro due volte molto rapidamente.
Drag-and-drop (Trascina e rilascia)	Spostare un oggetto (campione, colonna) da un posto all'altro tramite il mouse o il touchpad. Clic sinistro per prendere un oggetto. Tenere premuto il pulsante sinistro del mouse mentre si trascina l'oggetto nella nuova posizione. Rilasciare il pulsante del mouse per rilasciare l'oggetto nella nuova posizione.  Se è stato selezionato più di un oggetto, il clic sinistro prende tutti gli oggetti selezionati.

Ctrl clic Premere e tenere premuto il pulsante **Ctrl** mentre si preme il pulsante sinistro del mouse.

Ctrl+A Premere e tenere premuto il pulsante **Ctrl** mentre si preme il pulsante **A**.

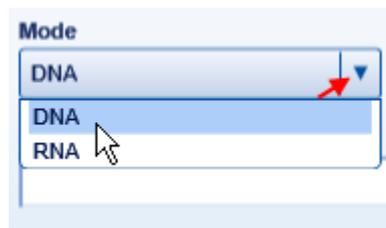
Menu contestuale Quando si fa clic destro su determinati controlli, appare un menu contestuale. Non tutti i controlli forniscono un menu contestuale.



Menu contestuale in Experiment Explorer (Scorri esperimenti).

Tooltip Quando si passa il puntatore del mouse sopra un controllo senza fare clic, appare una piccola finestra di testo. Non tutti i controlli forniscono un tooltip. Di solito un tooltip offre informazioni utili sulla funzionalità di un controllo, oppure informazioni utili su eventuali problemi (errori o avvertenze).

Box con elenco a discesa Gli elenchi a discesa consentono la selezione di una voce da un elenco predefinito di voci. Prima fare clic sul triangolino con il pulsante sinistro del mouse per aprire l'elenco. Poi scorrere in giù con il mouse fino alla voce desiderata. Fare clic con il pulsante sinistro del mouse per selezionare la voce.



Esempio di elenco a discesa.

Pulsante di commutazione

Fare clic sul pulsante con il pulsante sinistro del mouse per attivare. Quando il pulsante è premuto, la funzionalità è attiva. Fare di nuovo clic sul pulsante con il pulsante sinistro del mouse per disattivare la funzionalità.

Funzione "rettangolo di selezione"

Aprire un "rettangolo di selezione" per definire una zona rettangolare (da ingrandire). Fare clic con il pulsante sinistro del mouse per definire il punto di partenza e tenerlo premuto durante il trascinamento. Durante il trascinamento appare un "rettangolo di selezione" per delineare la zona rettangolare. Rilasciare il pulsante del mouse per definire la zona. Il "rettangolo di selezione" scompare. Il sistema esegue la funzionalità di ingrandimento in base alla zona definita.

La barra di stato (cioè la riga informativa situata in basso nella finestra di applicazione) mostra l'utente attualmente registrato, la data e l'ora, il nome di login dell'utente e la modalità di applicazione (DNA o RNA).



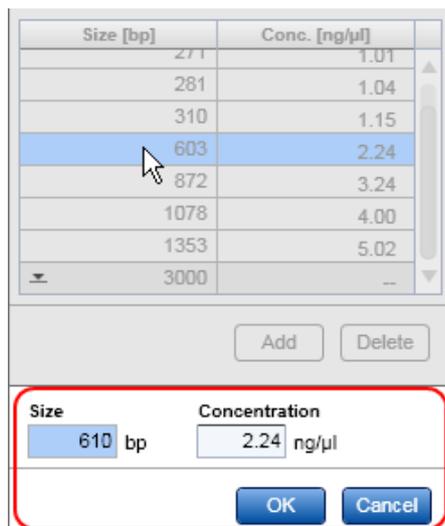
Barra di stato.

Alcune aree nel software possono essere ingrandite o ridotte; ad esempio ridurre **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) e **Parameters Panel** (Pannello parametri) nell'ambiente **Analysis** (Analisi) facendo clic su ▼ e ingrandirli di nuovo facendo clic su ►.

## Modifica dei dati nelle tabelle

L'interfaccia grafica di QIAxcel ScreenGel contiene numerose tabelle. Quando la tabella dati è modificabile, le modifiche possono essere eseguite in un'apposita area di modifica situata nella parte bassa della tabella. Le celle della tabella in sé non sono modificabili.

Un esempio di tabella modificabile è la tabella **Size Marker** (Marcatore dimensionale) nell'ambiente **Process** (Processo).



Area speciale per modificare i contenuti della tabella.

Ad esempio, per cambiare le dimensioni delle coppie di basi da 603 a 610:

1. evidenziare la fila desiderata facendo clic con il pulsante sinistro del mouse.
2. Fare clic sul campo **Size** (Dimensioni) sotto la tabella.
3. Inserire 610. Durante la modifica sono abilitati soltanto i controlli dell'area di modifica. In questo caso i campi **Size** (Dimensioni) e **Concentration** (Concentrazione), come pure i pulsanti **OK** e **Cancel** (Annulla), sono tutti abilitati.
4. Per accettare i valori immessi nei campi **Size (Dimensioni)** e **Concentration** (Concentrazione), fare clic su **OK**. Per annullare la modifica ed eliminare i cambiamenti, fare clic su **Cancel** (Annulla).

**Nota:** i pulsanti **OK** e **Cancel** (Annulla) sono abilitati soltanto se sono stati cambiati i valori nei campi modificabili e se tali valori sono validi.

### Visualizzazione di errori e avvertenze

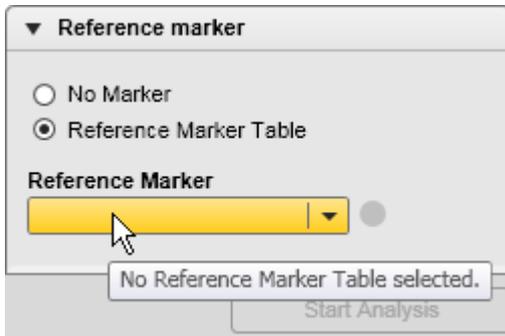
In QIAxcel ScreenGel , i controlli gialli indicano un errore, un'avvertenza o un'incongruenza/incompletezza nei dati immessi.

### Convalida durante la modifica

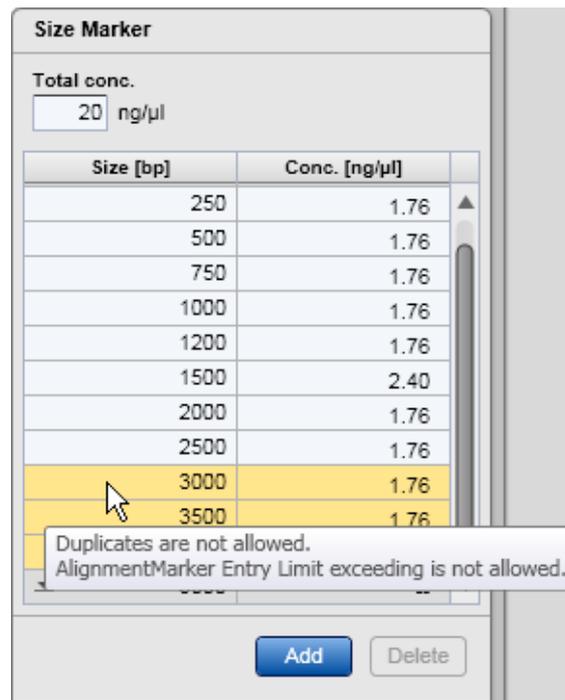
Se è stato inserito un valore non corretto in un campo modificabile, lo sfondo diventa giallo. Inoltre appare una finestrella "tooltip" che spiega il problema. Gli screenshot sottostanti mostrano esempi di errori e relativi tooltip.



Non sono ammessi numeri negativi.



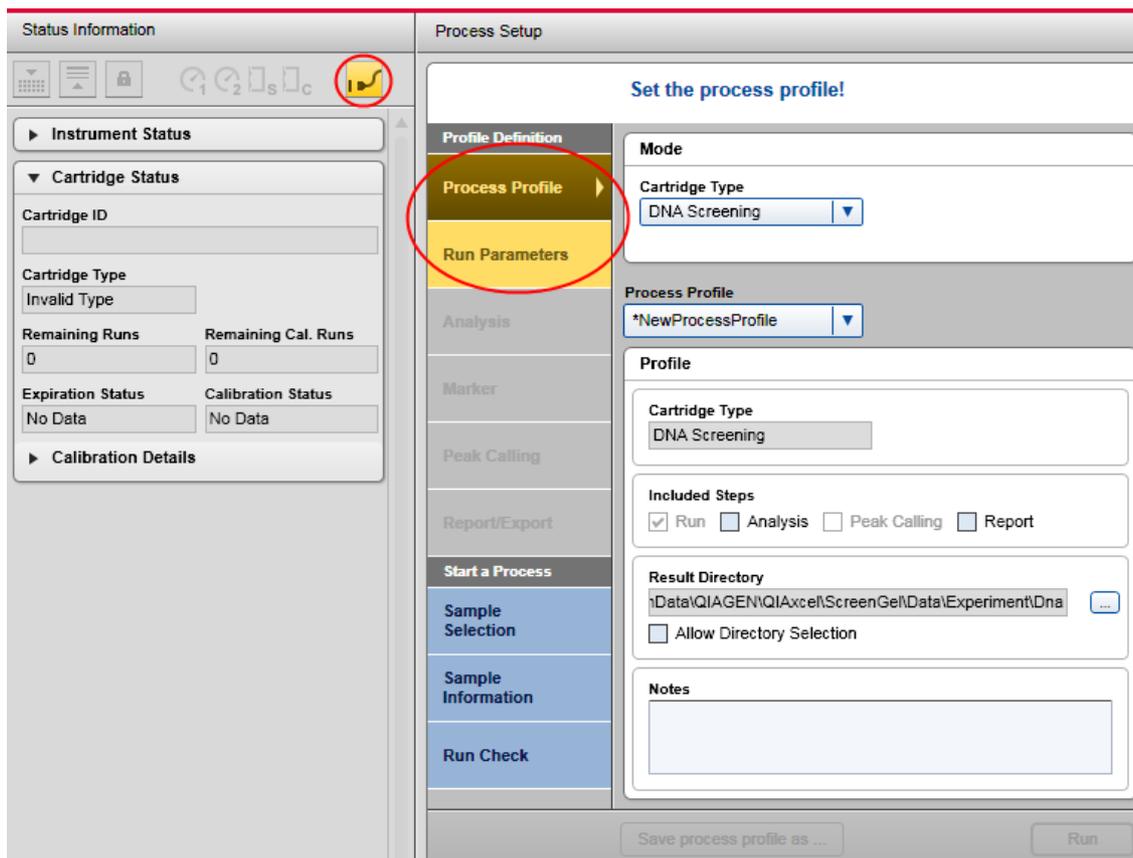
Occorre selezionare una voce.



1. Non sono ammessi inserimenti doppi.
2. Non è consentito superare il range del Marcatore di allineamento.

### Schermate di processo

Se una schermata di **procedura guidata** di un processo contiene un errore o un'avvertenza, lo sfondo del marcatore della schermata diventa giallo. Occorre controllare i dati in questa schermata e correggere il problema.



La schermata Run Parameters (Parametri di processo) è incompleta e quindi il profilo del processo non è valido. Inoltre lo strumento non è collegato.

**Nota:** il marcatore della schermata **Run Check** (Controllo processo) rimane blu (stato normale) anche se sono stati rilevati errori/avvertenze. Per avviare un processo, procedere come descritto nella sezione [Esecuzione della procedura](#) per gli utenti abituali o nella sezione [Esecuzione di un processo con opzioni avanzate](#).

## Finestre di messaggio

La maggior parte dei problemi in QIAxcel ScreenGel vengono indicati tramite finestre di messaggio.

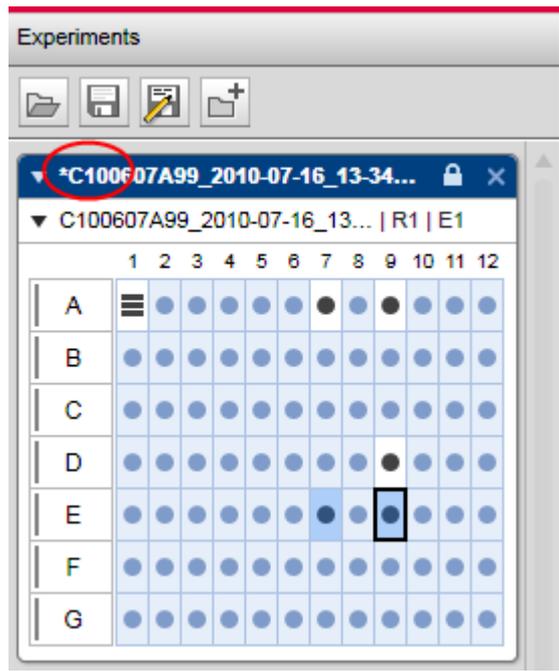


Finestra di messaggio d'errore.

## Visualizzazione delle modifiche

Il QIAxcel ScreenGel visualizza le modifiche in modo conforme a Windows, tramite un asterisco posto a sinistra del nome dell'oggetto modificato. Questo è dimostrato da alcuni esempi.

**Ambiente di analisi/modifica** di un esperimento (applicare o rimuovere analisi, cambiare l'ordine delle colonne, ecc.). Il nome dell'esperimento apparirà con un asterisco.



Esperimento modificato.

**Nota:** un profilo modificato sarà visualizzato nello stesso modo.

## Ambiente di processo/modifica di qualche parametro nella procedura guidata del processo

Il profilo di processo selezionato apparirà con un asterisco.

The screenshot shows the 'Process Setup' window with the following details:

- Process Setup** (Title Bar)
- Set the process profile!** (Section Header)
- Profile Definition** (Tab)
- Process Profile** (Tab, selected)
- Run Parameters** (Tab)
- Analysis** (Tab)
- Marker** (Tab)
- Peak Calling** (Tab)
- Report/Export** (Tab)
- Start a Process** (Section Header)
- Sample Selection** (Tab)
- Sample Information** (Tab)
- Run Check** (Tab)

**Mode**

**Cartridge Type**  
DNA Screening

**Process Profile**  
\*AM320\_variant 1

**Profile**

**Cartridge Type**  
DNA Screening

**Included Steps**  
 Run  Analysis  Peak Calling  Report

**Result Directory**  
I:\Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel\Data\Experiment\Dna ...  
 Allow Directory Selection

**Notes**  
Default Screening profile with method AM320 and side by side marker phiX 174 HaellI

Buttons: Save process profile as ..., Run

Profilo di processo modificato.

### Modifica dei parametri nella schermata Peak Calling (Individuazione picchi)

Sarà visualizzata con un asterisco anche l'istruzione di individuazione dei picchi selezionata nell'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi).

Process Setup

Set the peak calling definition table!

Profile Definition

Process Profile

Run Parameters

Analysis

Marker

Peak Calling

Report/Export

Start a Process

Sample Selection

Sample Information

Run Check

Peak Calling Instruction

\*Look for 46 bp and 500 bp Save as ...

Find centered peak in interval  
 Find highest peak in interval

Table Definition

Name	Position	Tolerance
46 bp	46.00 bp	5.00 %
500 bp	500.00 bp	3.00 %

Add Delete

Name

Position Tolerance

OK Cancel

► Calculated Columns

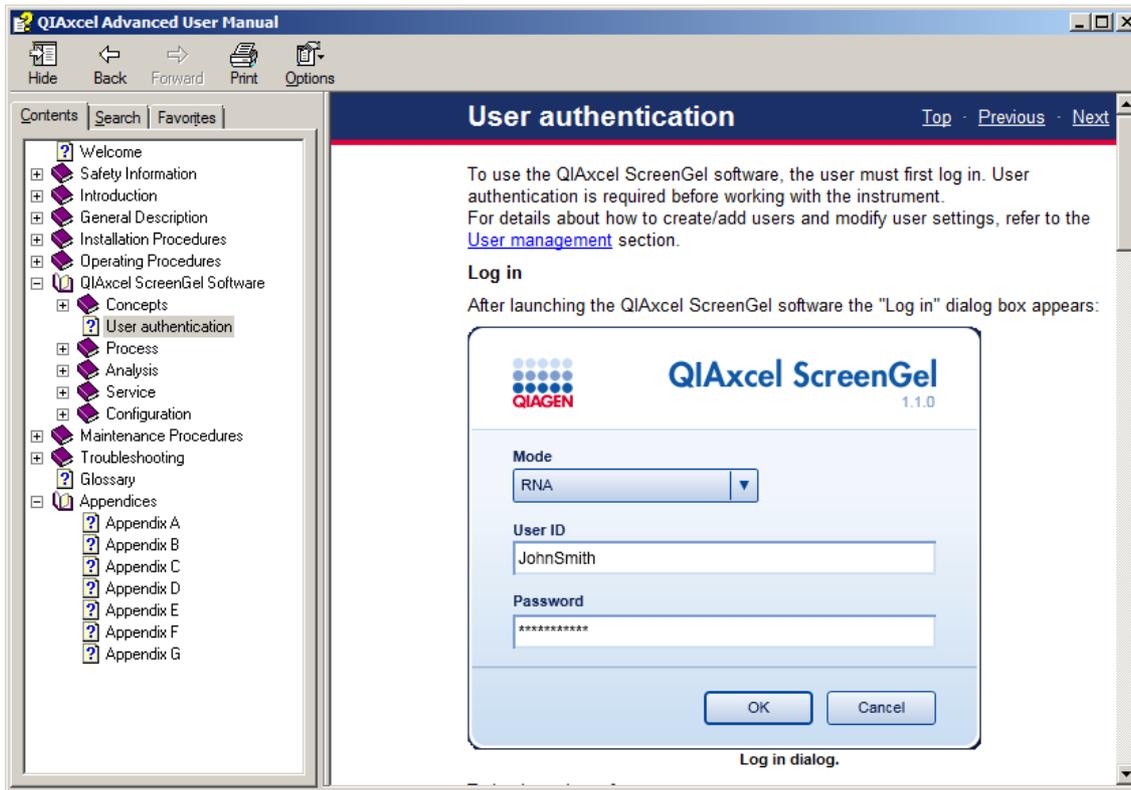
Save process profile as ... Run

Istruzione di individuazione dei picchi modificata.

**Nota:** è possibile avviare un processo oppure lasciare l'ambiente **Process** (Processo) senza salvare le modifiche. QIAXcel ScreenGel Il software non ricorderà all'utente di salvare un profilo di processo nonché il relativo profilo di analisi, il relativo profilo di referto/esportazione o la relativa istruzione di individuazione dei picchi. Se si decide di lasciare l'ambiente **Process** (Processo), di eseguire il logout o di uscire dall'applicazione, occorre salvare le modifiche se si desidera riutilizzarle.

Come ricevere aiuto

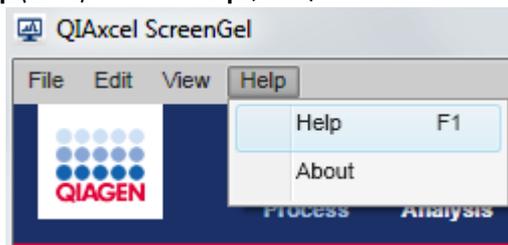
Il software QIAxcel ScreenGel è dotato di un sistema di guida sensibile al contesto. Premendo il pulsante **F1**, si visualizza una pagina della guida specifica per il contesto. L'immagine seguente mostra la pagina di aiuto corrispondente alla schermata di login:



Pagina di aiuto che appare premendo il pulsante F1 mentre ci si trova nella schermata di login.

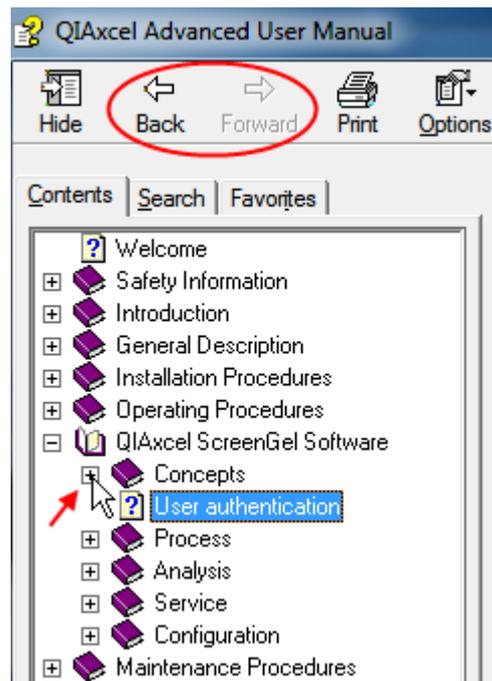
**Nota:** la cartella del menu di avvio in **QIAGEN/QIAxcel** contiene anche link al manuale utente in formato **PDF** e **CHM**.

In alternativa selezionare **Help** (Aiuto) nel menu **Help (Aiuto)**.



Accesso al sistema di aiuto dal menu Help (Aiuto).

Nella sezione [Software QIAxcel ScreenGel](#) è reperibile una descrizione delle caratteristiche del software, organizzata in sezioni corrispondenti ai rispettivi ambienti del software. Usare l'albero dei contenuti a sinistra per navigare all'interno del sistema di aiuto.



Fare clic per ingrandire l'albero dei contenuti.

Il sistema di aiuto fornisce vari link ad altre sezioni. Usare i link o i pulsanti di navigazione del sistema di aiuto per tornare all'argomento precedente.



Fare clic per tornare indietro.

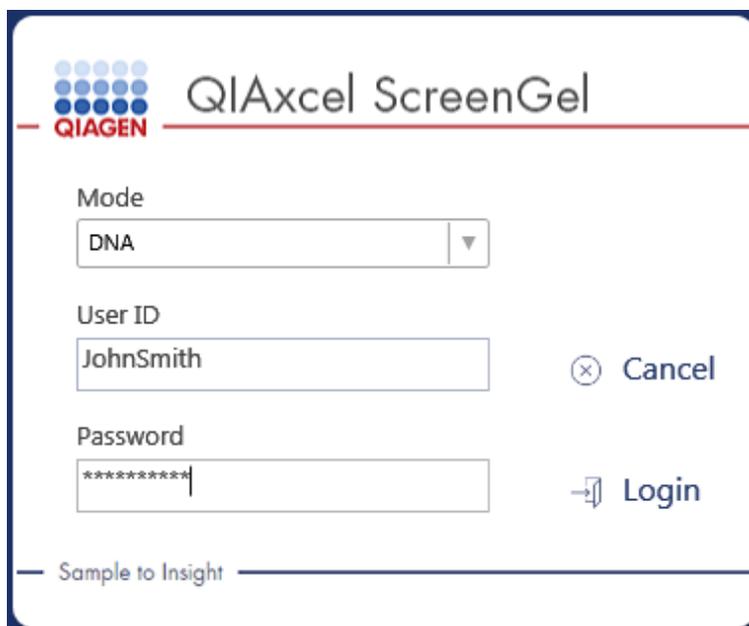
## Autenticazione utente

Per usare il software QIAxcel ScreenGel , l'utente deve per prima cosa accedere. L'autenticazione utente è necessaria per poter lavorare con lo strumento.

Per i dettagli su come creare/aggiungere utenti e modificare le impostazioni utente, consultare la sezione [Gestione utenti](#).

### Login

Dopo aver lanciato il software QIAxcel ScreenGel , appare la finestra di dialogo **Login**:



Finestra di dialogo Login.

Per eseguire il login nel software, procedere come segue.

1. Selezionare la modalità di applicazione (modalità DNA o RNA).
2. Inserire l'ID utente.
3. Inserire la password.
4. Fare clic su **Login**.

**Nota:** nell'elenco a discesa Mode (Modalità) è preselezionata l'ultima modalità usata.

**Nota:** per cambiare modalità, uscire e poi rientrare, oppure riavviare l'applicazione.

**Nota:** se nelle [Settings](#) (Impostazioni) è attivato il supporto del Titolo 21 del Regolamento CFR Sezione 11 ed è impostato il numero massimo di accessi falliti, il numero di tentativi di accesso è limitato. Se si supera il limite di tentativi di accesso, l'account dell'utente viene bloccato. L'amministratore può sbloccare l'account dell'utente in [user manager](#) (gestione utenti). Se l'account dell'amministratore è bloccato, contattare il Servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

**Nota:** consultare la sezione [Gestione utenti](#) per informazioni su come creare gli account utente.

**Nota:** consultare la sezione [Iniziare a usare il software QIAxcel ScreenGel](#) per informazioni sul primo login.

## Logout

Per uscire, procedere come segue.

1. Selezionare **File/Logout** dalla barra delle applicazioni.
2. Appare una finestra di dialogo che chiede se si vuole davvero uscire. Fare clic sul pulsante **Yes** (Sì) per confermare il logout.
3. Una volta eseguita l'uscita, appare la finestra di dialogo di login.

**Nota:** se si vuole uscire dal software QIAxcel ScreenGel , prima occorre annullare la finestra di login.

## Cessione

L'utente può cedere la sessione in corso a un altro utente. La cessione è particolarmente utile in quanto l'ambiente di lavoro attuale, compresi tutti gli esperimenti aperti, può essere ceduto a un utente diverso con pari o maggiori diritti utente, ad esempio al cambio di turno, per un'analisi avanzata o a scopi di manutenzione.

**Nota:** la cessione può avvenire solamente a utenti con ruolo utente [pari o superiore](#).

Per effettuare la cessione, procedere come segue.

1. Selezionare **File/Handover** (File/Cessione) dalla barra delle applicazioni.
2. Appare la finestra di dialogo **Handover** (Cessione).
3. Inserire **User ID** (ID Utente) e **password** e fare clic su **Login**.

## Modifica della password utente

Per modificare la propria password, procedere come segue.

1. Selezionare **File/Change Password** (File/Modifica password) dalla barra delle applicazioni.
2. Appare la finestra di dialogo **Change password** (Modifica password).
3. Inserire la vecchia password.
4. Inserire la nuova password.

**Nota:** la password deve contenere un carattere maiuscolo, uno minuscolo e un numero. La dimensione minima della password è di otto caratteri.

5. Confermare la nuova password.
6. Fare clic su **OK**.



Change password for user John Smith.

Re-enter your old password.

Enter a new password.

Confirm the new password.

OK Cancel

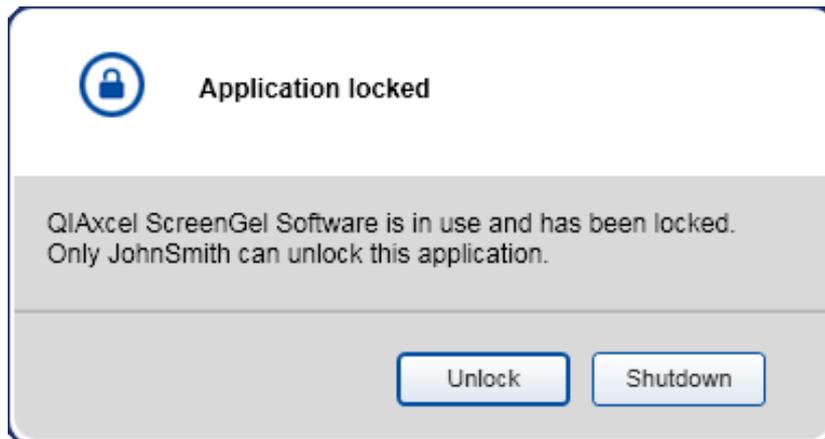
Finestra di dialogo che consente di modificare la password utente.

### Blocco del software

È possibile bloccare il software per impedire l'accesso agli utenti se il computer viene lasciato senza sorveglianza.

Per bloccare il software, procedere come segue.

1. Selezionare **File/Lock Application** (File/Blocca applicazione) dalla barra delle applicazioni.
2. Quando l'applicazione è bloccata, appare la seguente finestra di dialogo:



Finestra di dialogo che consente di sbloccare l'applicazione.

### **Blocco automatico del software**

Per rispettare i requisiti del Titolo 21 del Regolamento CFR Sezione 11, il software si può bloccare automaticamente dopo un determinato arco di tempo senza l'intervento di un utente. È possibile attivare il supporto del Titolo 21 del Regolamento CFR Sezione 11 e specificare il periodo di tempo previsto per il blocco automatico in **Settings** (Impostazioni). Per maggiori dettagli, consultare la sezione [Impostazioni](#).

### **Sblocco del software**

Per sbloccare il software, procedere come segue.

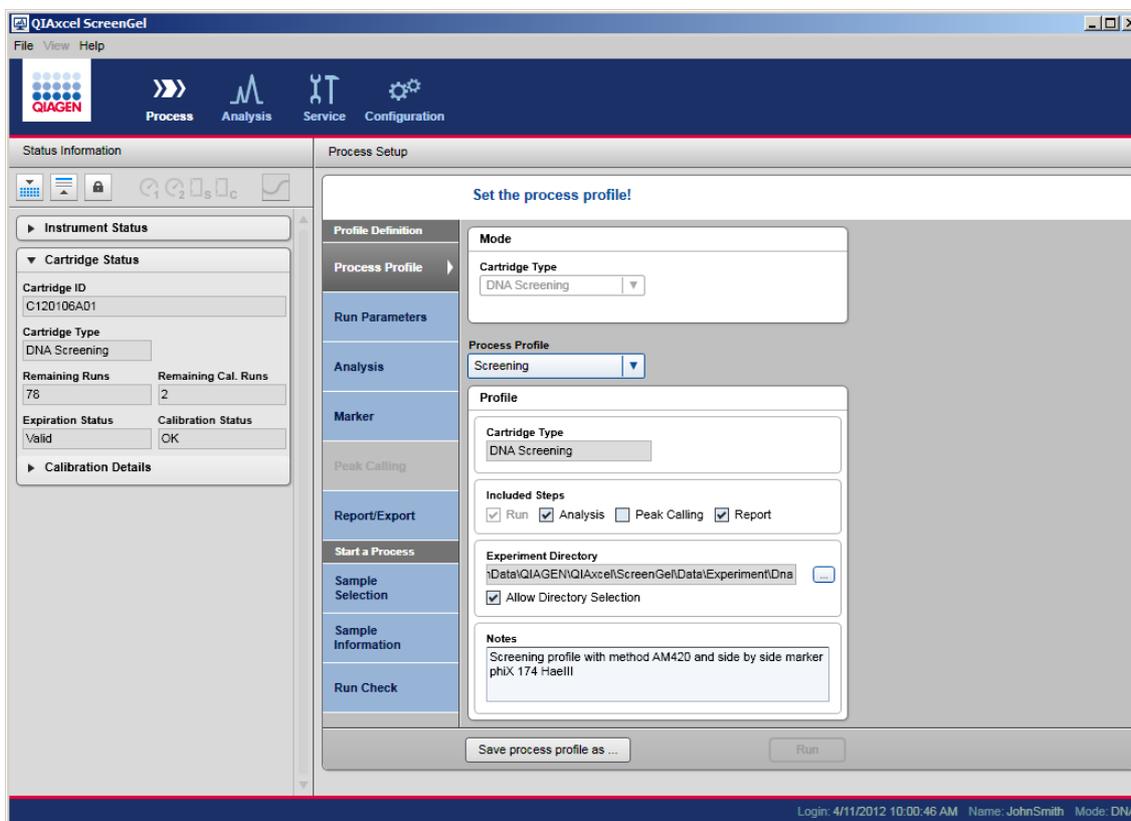
1. Fare clic sul pulsante **Unlock** (Sblocca).
2. Appare la finestra di dialogo **Login**.
3. Inserire **User ID** (ID Utente) e **password**, fare clic su **Login**.

**Nota:** solo un utente con ruolo utente [pari o superiore](#) può sbloccare l'applicazione.

## Processo

L'ambiente **Process** (Processo) fornisce tutte le funzioni richieste per l'acquisizione dei dati:

- Definisce i parametri di processo
- Avvia il processo dei campioni
- Esamina il processo di acquisizione dei dati



Ambiente Process (Processo) con schermata Process Profile (Profilo di processo) attiva e riquadro Status Information (Informazioni di stato) a sinistra (vista Utente avanzato).

I parametri per il processo possono essere archiviati per il riutilizzo in un profilo di processo.

Fare riferimento alla sezione [Avvio di un processo](#) per informazioni su come avviare l'acquisizione dei dati utilizzando un profilo di processo predefinito. Ciò significa che tutti i parametri per l'acquisizione dei dati e anche per l'analisi e il referto sono già definiti. Le informazioni specifiche sui campioni devono essere inserite e il processo avviato. Tali operazioni possono essere eseguite da utenti ai quali siano stati assegnati i ruoli di **Utente di routine**, **Utente base**, o **Utente avanzato**.

Fare riferimento alla sezione [Esecuzione di un processo con opzioni avanzate](#) per informazioni dettagliate su come definire i parametri di processo e avviare un processo. Ciò richiede i ruoli utente **Utente base** o **Utente avanzato**; in ogni caso, ci sono alcune restrizioni per gli utenti con il ruolo di **Utente base** in merito ai parametri e ai metodi di analisi.

Per automatizzare completamente un processo, definire un [profilo di processo](#) che includa, a scelta, un profilo **Analisi** per i parametri di analisi e le informazioni sui marcatori, nonché un'istruzione di individuazione dei picchi, e un profilo **Referto** per i parametri di referto/esportazione. Fare riferimento alle sezioni [Creazione di un nuovo profilo di processo](#) e [Modifica di un profilo di processo](#) per informazioni su come preparare e salvare i profili di processo per il riutilizzo. Questa operazione richiede il ruolo di **Utente avanzato**.

I dati acquisiti durante l'elaborazione saranno archiviati in un esperimento. Fare riferimento alle sezioni [Parametri di processo e struttura dei risultati](#) e [Gestione dei campioni e degli esperimenti](#) per informazioni dettagliate.

Esecuzione di un processo con le opzioni avanzate

Gli utenti con i ruoli utente **Advanced User** (Utente avanzato) o **Basic User** (Utente base) possono modificare i profili di processo, se necessario. Gli utenti con ruolo utente **Basic User** (Utente base) hanno alcune restrizioni: ad esempio possono avviare un profilo di processo modificato, ma non possono salvarlo. Le restrizioni sono indicate dove applicabili.

**Nota:** per informazioni su come avviare un processo come utente con ruolo **Routine User** (Utente abituale), consultare la sezione [Avvio di un processo](#).

Per eseguire processi con le opzioni avanzate, procedere come illustrato di seguito.

1. Accendere il QIAxcel Advanced con l'interruttore di alimentazione.
2. Accendere il computer, lanciare il software QIAxcel ScreenGel dal menu start di Windows sotto **QIAGEN/QIAxcel** o dall'icona del desktop.
3. Nel software QIAxcel ScreenGel, selezionare una modalità (DNA o RNA) e accedere (per informazioni dettagliate, fare riferimento alla [sezione Autenticazione utente](#)). L'ambiente **Process** (Processo) si apre e visualizza la prima schermata del profilo di processo della procedura guidata di processo.

**Nota:** l'icona  indica che la connessione è stata stabilita e l'icona  mostra che il QIAxcel Advanced è connesso. Nel caso in cui lo strumento non possa essere connesso, verrà visualizzato un messaggio che notificherà che lo strumento non è disponibile. Se non si accende lo strumento immediatamente, fare clic su **Instrument not needed** (Strumento non necessario). Se si necessita dello strumento, fare clic su **Troubleshoot** (Risoluzione dei problemi).

Seguire le istruzioni nel messaggio. Per maggiori istruzioni dettagliate, fare riferimento alla sezione di risoluzione dei problemi [Configurazione sistema](#). Chiudere il messaggio. Per riprovare a connettere lo strumento, fare clic sull'icona .

**Nota:** il software QIAxcel ScreenGel è dotato di un software strumento aggiornato per gli strumenti QIAxcel Advanced con numero di serie 30281 e superiore. Se il software si connette allo strumento per la prima volta, esso verifica se il software sullo strumento è aggiornato. In caso contrario, aggiorna il software strumento. Questo processo può richiedere qualche minuto. Un messaggio viene visualizzato nel frattempo. Lasciare che l'aggiornamento venga completato. Non spegnere lo strumento o non scollegare il cavo tra il computer e lo strumento, e non chiudere il software QIAxcel ScreenGel fino a completamento dell'aggiornamento. Dopo un aggiornamento concluso con successo, il software QIAxcel ScreenGel si connette automaticamente allo strumento.

---

4. Installare la cartuccia gel QIAxcel da utilizzare come descritto in [Installazione di una cartuccia gel QIAxcel e di una smart key](#).

**Nota:** è possibile verificare lo stato della cartuccia nel riquadro **Status Information** (Informazioni di stato) a sinistra dell'ambiente **Process** (Processo). Fare riferimento alla sezione [Riquadro delle informazioni di stato](#) per informazioni dettagliate.

5. Posizionare il vassoio dei tamponi contenente il marcatore di allineamento QX sul supporto del vassoio tamponi come descritto in [Caricamento del vassoio dei tamponi](#).

6. Collocare le strisce dei campioni (nella posizione A) o una piastra a 96 pozzetti sul portapiastre dei campioni.

7. Chiudere lo sportello dei campioni.

**Nota:** se gli sportelli dello strumento sono chiusi, il vassoio dei tamponi automaticamente si sposta nella posizione di **Sosta di lavaggio** dopo 5 minuti.

8. Nell'ambiente **Process** (Processo) QIAxcel ScreenGel , selezionare un profilo di processo nella schermata **Process Profile** (Profilo di processo). Nell'elenco a discesa **Process Profile** (Profilo di processo) sono presenti i profili di processo disponibili per la modalità e il tipo di cartuccia attuali. Il software QIAxcel ScreenGel è dotato di una serie di profili di processo predefiniti. Come punto di partenza, selezionare il profilo di processo che meglio si adatta al proprio tipo di campione.

Process Setup

**Set the process profile!**

**Profile Definition**

**Process Profile**

**Run Parameters**

**Analysis**

**Marker**

Peak Calling

**Report/Export**

**Start a Process**

Sample Selection

Sample Information

Run Check

**Mode**

**Cartridge Type**  
DNA Screening

**Process Profile**  
Default Screening v2.0

**Profile**

**Cartridge Type**  
DNA Screening

**Included Steps**  
 Run  Analysis  Peak Calling  Report

**Experiment Directory**  
AGEN\QI\Excel\ScreenGel 1.6.0\Data\Experiment\DNA ...

Allow Directory Selection

**Notes**  
Default Screening profile with method AM320 and side by side marker phiX 174 HaellI. Applies analysis profile Default DNA v2.0 with dynamic threshold.

**IMPORTANT:**  
For NGS library QC and distribution analysis, ensure that the Distribution analysis features are activated in the View menu at the top left. The list of available process profiles is optimized based on that selection.

Save process profile as ... Run

Schermata Process Profile (Profilo di processo) con selezionato Screening Profile (Profilo di screening).

**Nota:** in modalità DNA l'elenco a discesa **Process Profile** (Profilo di processo) non mostra i profili che contengono l'individuazione dei picchi e l'analisi della distribuzione in parallelo. Se si nota la mancanza di un profilo nell'elenco, attivare le funzioni di analisi della distribuzione, per i campioni contenenti **librerie di DNA** o **DNA genomico**, e le funzioni di individuazione dei picchi, per **Fast Analysis** (Analisi rapida) o **Standard DNA analysis** (Analisi standard del DNA). Per farlo, selezionare **Activate Distribution Analysis Features** (Attiva funzioni di analisi della distribuzione) o **Activate Peak Calling Features** (Attiva funzioni di individuazione dei picchi) dal menu **View** (Vista) in alto a sinistra. Questa impostazione è specifica dell'utente. Può cambiare automaticamente quando si apre un esperimento per l'analisi nell'ambiente **Analysis** (Analisi) che conteneva l'individuazione dei picchi o la distribuzione dell'analisi.

**Nota:** selezionare **NewProcessProfile** (Nuovo profilo di processo) per creare un profilo di processo da zero. Il sistema mostrerà **NewProcessProfile** (Nuovo profilo di processo) dopo la selezione. Questo è possibile soltanto per gli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato). Ciononostante, potrebbe essere più facile selezionare un profilo di processo predefinito che si avvicini alle proprie necessità e modificarlo solo leggermente.

9. **Opzionale:** se necessario, modificare le opzioni del profilo di processo come descritto nella sezione [Opzioni dei profili di processo](#); qui sono descritte le restrizioni per i **Basic Users** (Utenti base).

**Nota:** è possibile modificare la directory dell'esperimento, i marcatori e le righe dei campioni nella sottostante schermata **Sample Selection** (Selezione dei campioni), se il profilo di processo lo consente. Poiché queste modifiche sovrascrivono le opzioni definite nel profilo di processo, modificare queste opzioni nel profilo di processo solo se si desidera salvarle per riutilizzarle.

10. **Opzionale:** passare alla schermata **Sample Selection** (Selezione dei campioni).

Schermata Sample Selection (Selezione dei campioni).

11. **Opzionale:** modificare l'ID piastra.

**Nota:** l'ID della piastra verrà utilizzato per denominare tutti i risultati di questo processo, per l'archiviazione dei dati dei campioni dell'esperimento nonché per i file di referto/esportazione generati. Pertanto, è necessario un ID della piastra univoco. Vedere [Parametri di processo e struttura dei risultati](#) per ulteriori informazioni.

**Nota:** per l'ID della piastra, il software consente caratteri alfanumerici. Caratteri speciali come /&!%\$\$ "' @\*+~#=#<>|;, ecc. non possono essere utilizzati. Il software elimina automaticamente gli spazi vuoti all'inizio e alla fine.

**Nota:** dopo il processo, l'ID della piastra non può essere modificato.

**Nota:** se l'opzione delle impostazioni **Generate plate ID** (Genera ID piastra) è selezionata, il sistema genera automaticamente un ID della piastra seguendo le regole specificate nelle impostazioni. Fare riferimento alla sezione [Impostazioni](#) per maggiori informazioni. Tuttavia è possibile modificare l'ID della piastra.

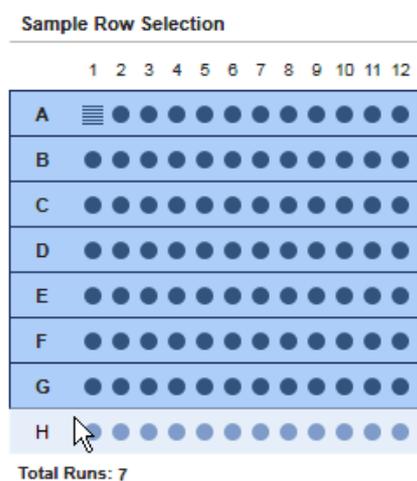
12. **Opzionale:** modificare la directory in cui verrà salvato l'esperimento.

**Nota:** può essere una directory sulla rete. Ciononostante, durante il processo l'esperimento prima sarà salvato sempre in una directory locale (consultare [Impostazioni](#)), poi sarà copiato nell'apposita directory qui definita, alla fine del processo.

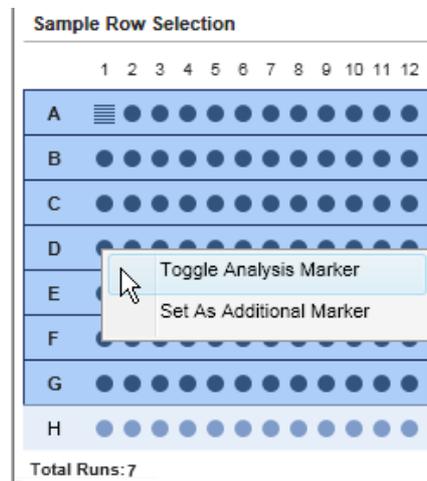
**Nota:** modificare qui la directory dell'esperimento è possibile solo se il profilo di processo lo consente (consultare la sezione [Selezione delle opzioni di processo generali](#)); è tuttavia possibile passare alla schermata **Process Profile** (Profilo di processo) per modificare questo particolare.

13. **Opzionale:** modificare la selezione delle righe dei campioni da elaborare. Usare questa opzione se si desidera elaborare meno righe di quelle specificate nella schermata **Run Parameters** (Parametri di processo). Fare clic sulla riga da deselectionare/selezionare con il pulsante sinistro del mouse.

**Opzionale:** modificare la posizione del marcatore dimensionale sulla piastra facendo clic sulla nuova posizione del marcatore con il pulsante destro del mouse. Selezionare l'opzione **Toggle Analysis Marker** (Attiva marcatore analisi) nel menu contestuale che appare. Questo marcatore dimensionale sarà usato per l'analisi automatica durante l'elaborazione, se l'analisi è inclusa nel profilo di processo.



È stata deselectionata la riga H dei campioni.



Modifica della posizione del marcatore dimensionale in D1.

**Nota:** modificare qui le righe dei campioni o la posizione del marcatore dimensionale è possibile solo se il profilo di processo lo consente (consultare la sezione [Selezione dei parametri di processo](#)); è tuttavia possibile passare alla schermata **Run Parameters** (Parametri di processo) per modificare questo particolare.

**Nota:** non è possibile deselectionare una riga contenente il marcatore dimensionale.

**Opzionale:** se si ha un marcatore dimensionale aggiuntivo nella piastra dei campioni, fare clic sulla posizione con il pulsante destro del mouse e selezionare l'opzione **Set As Additional Marker** (Imposta come marcatore aggiuntivo) nel menu contestuale che appare. Appare il simbolo di una scala ruotata. Fare di nuovo clic con il pulsante destro del mouse e selezionare **Size Marker Name** (Nome marcatore dimensionale) dal menu contestuale. È possibile usare queste informazioni per l'analisi manuale, ma non saranno usate per l'analisi automatizzata durante l'elaborazione.

14. **Opzionale:** selezionare il marcatore dimensionale e il marcatore di allineamento negli elenchi a discesa **Size Marker** (Marcatore dimensionale) e **Alignment Marker** (Marcatore di allineamento) a seconda delle necessità. Queste informazioni saranno usate per l'analisi automatizzata durante il processo.

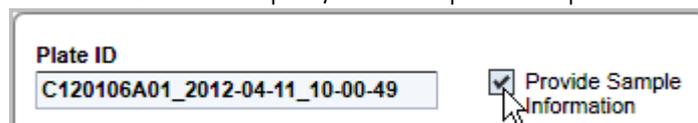
**Nota:** se è selezionata l'opzione **No Marker** (Nessun marcatore), selezionare il marcatore di allineamento preparato. Se non si seleziona alcun marcatore di allineamento nell'elenco a discesa **Alignment Marker** (Marker di allineamento), successivamente si dovrà accettare un messaggio di avvertenza nella schermata **Run Check** (Controllo processo).

15. **Opzionale:** fornire informazioni sui lotti di tamponi e marcatori spuntando la casella **Show Lot Information** (Mostra informazioni lotti).

Le informazioni relative, al massimo, agli ultimi cinque lotti utilizzati sono memorizzate separatamente per ogni tipo di lotto. Questi ultimi valori usati possono essere selezionati dall'elenco a discesa per usarli di nuovo. In alternativa è possibile digitare i numeri di lotto nel campo di modifica del combo box. Ripristinare l'ultima combinazione utilizzata di informazioni sui lotti facendo clic sul pulsante **Last used** (Ultime utilizzate).

**Nota:** questa opzione è disponibile solo se nelle impostazioni è selezionata l'opzione **Enable input fields** (Abilita campi di immissione) per **Buffer lot IDs** (ID lotti tamponi) o **Marker lot IDs** (ID lotti marcatori) (consultare la sezione [Impostazioni](#)).

16. **Opzionale:** se si desidera fornire informazioni sui campioni, spuntare la casella **Provide Sample Information** (Fornisci informazioni sui campioni). Altrimenti passare al punto 18.



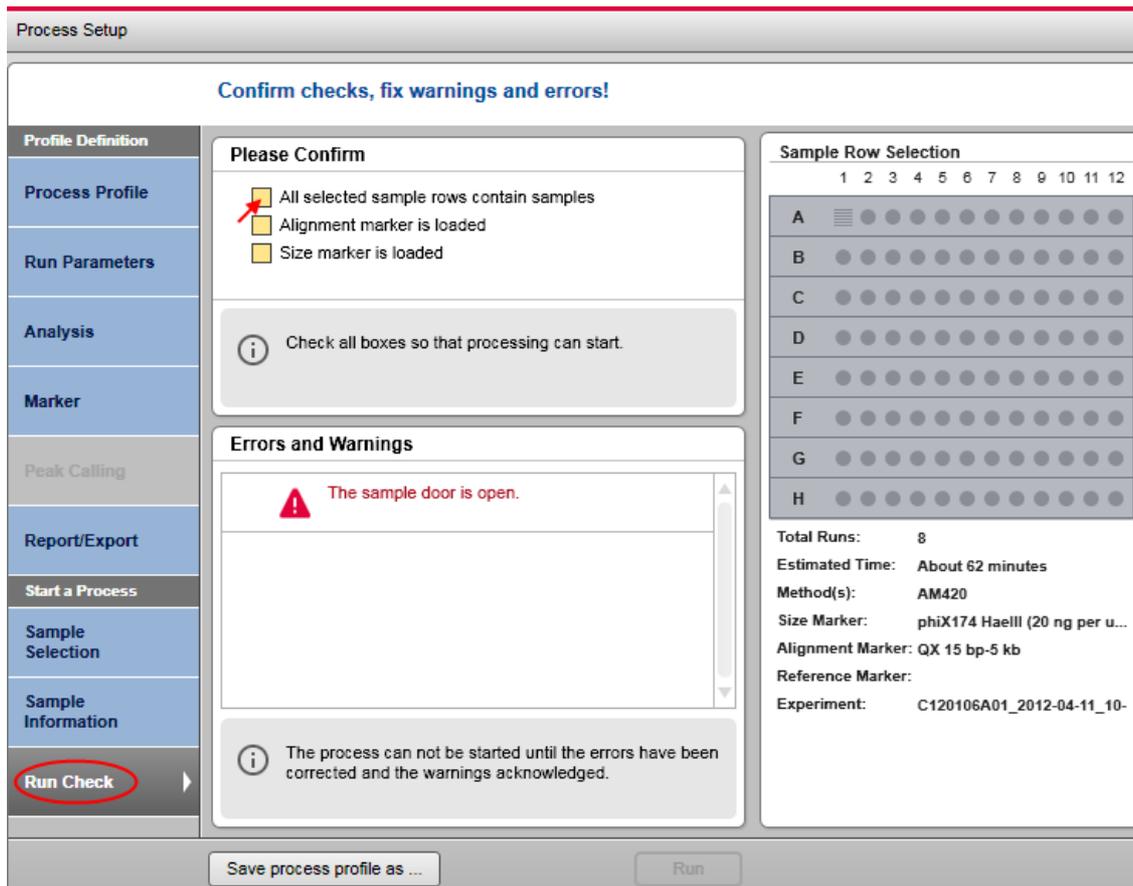
The image shows a screenshot of a software interface. On the left, there is a text input field labeled 'Plate ID' containing the text 'C120106A01\_2012-04-11\_10-00-49'. To the right of this field is a checkbox that is checked, with the label 'Provide Sample Information' next to it. A mouse cursor is pointing at the checkbox.

Casella Provide Sample Information (Fornisci informazioni sui campioni) spuntata.

17. **Opzionale:** fornire informazioni sui campioni nella schermata **Sample Information** (Informazioni sui campioni), inserite manualmente o importate da file. Per informazioni dettagliate consultare la sezione [Fornire informazioni sui campioni](#) o fare clic su una delle posizioni nella griglia e premere il pulsante **F1**.

**Nota:** per poter accedere a questa schermata deve essere spuntata la casella **Provide Sample Information** (Fornisci informazioni sui campioni) nella schermata **Sample Selection** (Selezione dei campioni).

18. Passare alla schermata **Run Check** (Controllo processo). Confermare tutte le caselle di spunta. Risolvere i problemi indicati da messaggi di avvertenza e messaggi di errore.



Schermata Run Check (Controllo processo) con messaggio di errore.

**Nota:** è possibile avviare il processo solo quando tutti i controlli di processo sono confermati e non sono più visualizzati messaggi di errore. Anche i messaggi di avvertenza devono essere stati controllati o rimossi eliminandone le cause.

**Nota:** gli **Advanced Users** (Utenti avanzati) possono accettare una cartuccia non calibrata e un marcatore di riferimento contrassegnato in rosso (i **Basic Users** (Utenti di base) possono accettarne uno contrassegnato in giallo).

**Nota:** se il pulsante Run (Esegui) è ancora disattivato, controllare il riquadro [Status Information](#) (Informazioni sullo stato) per verificare lo stato della cartuccia e dello strumento.

19. Avviare il processo facendo clic sul pulsante **Run** (Esegui).

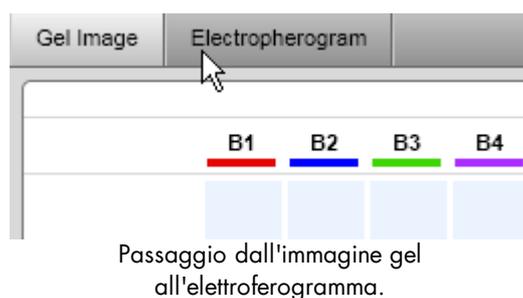
La procedura guidata del processo verrà chiusa e verrà visualizzata un'anteprima per ciascuna fila in corso di elaborazione. Le azioni eseguite dallo strumento sono mostrate nel riquadro **Instrument Status** (Stato strumento) a sinistra. Una barra di progresso sotto l'anteprima mostra il progresso dell'intero processo e il tempo di processo rimanente stimato.

A seconda delle impostazioni di referti, può essere visualizzato il referto generato.

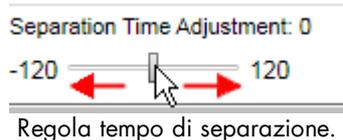
**Nota:** l'apertura dello sportello cartucce o dello sportello campioni durante il funzionamento del QIAxcel provoca l'arresto dell'operazione in corso da parte del sistema. Il processo è arrestato e non può essere ripreso. Nessun dato verrà archiviato per la fila in corso di elaborazione. I dati sui campioni sono archiviati solo per le file completate. Non sono eseguite analisi, individuazione dei picchi o referto/esportazione. Pertanto, i dati dei campioni archiviati contengono solo dati grezzi.

#### Azioni durante l'esecuzione del processo:

- Si può passare dall'anteprima gel all'anteprima elettroferogramma e viceversa facendo clic sulle rispettive schede.



- A scelta, regolare il tempo di separazione. Per fare ciò, muovere il cursore **Adjust Separation Time** (Regola tempo di separazione) sotto l'anteprima. Spostandolo nella posizione all'estrema sinistra, si accorcerà il tempo di separazione di 120 secondi, spostandolo nella posizione all'estrema destra, si allungherà il tempo di separazione di 120 secondi. Lo spostamento del cursore ha effetto per un'attuale separazione in corso nonché per tutte le seguenti separazioni durante il processo.



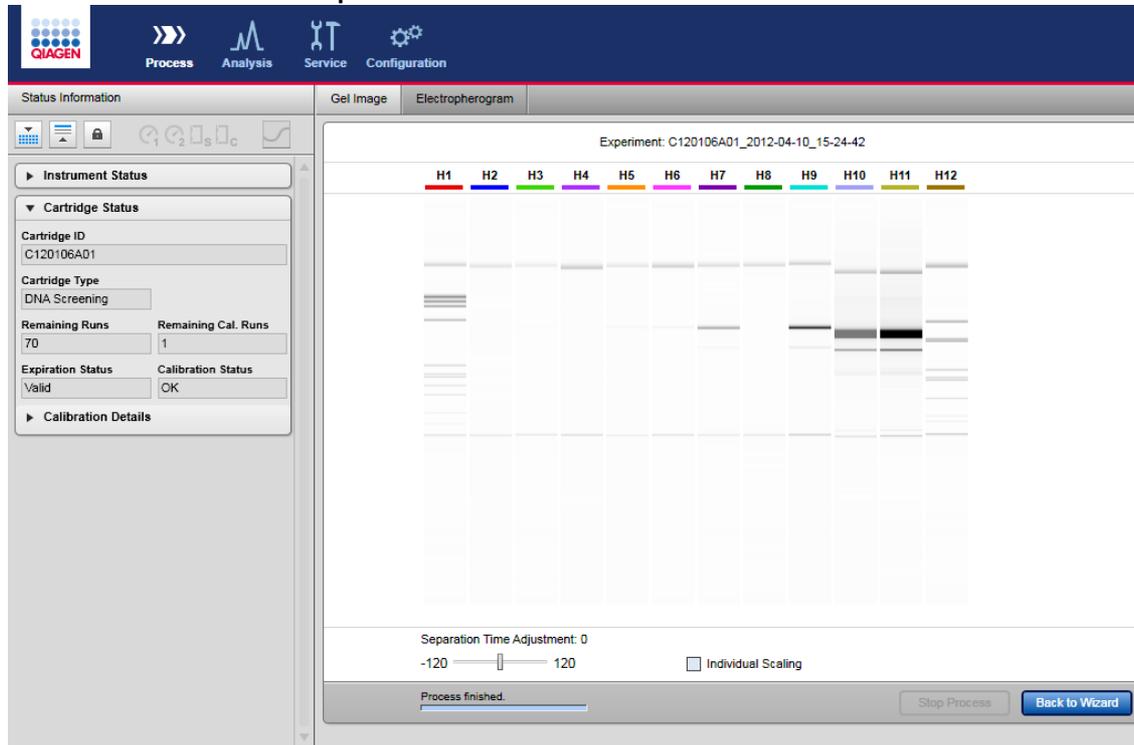
**Nota:** quando si avvia il processo successivo facendo clic sul pulsante **Run** (Esegui), il cursore viene riportato automaticamente in posizione centrale e il tempo di separazione verrà applicato come definito nel metodo.

- A scelta, attivare o disattivare la casella di spunta **Individual Scaling** (Ridimensionamento singolo) ai colori adattati all'altezza di segnale massima di tutti i campioni. Vedere [Vista gel](#) per maggiori informazioni sul ridimensionamento individuale. La casella di spunta **Individual Scaling** (Ridimensionamento singolo) è inizialmente impostata su off.
- Il processo può essere arrestato facendo clic sul pulsante **STOP** sotto l'anteprima.

**Nota:** se i motori dello strumento sono attualmente in movimento, il processo si arresterà dopo tale movimento.

**Nota:** nessun dato sui campioni verrà archiviato per la fila processata. I dati sui campioni sono archiviati solo per le file completate. Non sono eseguite analisi, individuazione dei picchi o referto/esportazione. Pertanto, i dati dei campioni archiviati contengono solo dati grezzi.

## Azioni successive al termine del processo:



Il processo è terminato.

- Il processo successivo può essere avviato ritornando alla procedura guidata facendo clic sul pulsante **Back to Wizard** (Tornare alla procedura guidata) sotto l'anteprima.
- Per verificare i dati dei campioni, passare all'ambiente **Analysis** (Analisi). Per informazioni su tale procedura, fare riferimento alle sezioni [Ambienti](#), [Gestione dei campioni e degli esperimenti](#) e [Visualizzazione dati campioni](#), rispettivamente. Tornare all'ambiente **Process** (Processo) e fare clic sul pulsante **Back to Wizard** (Tornare alla procedura guidata) per avviare il processo successivo.

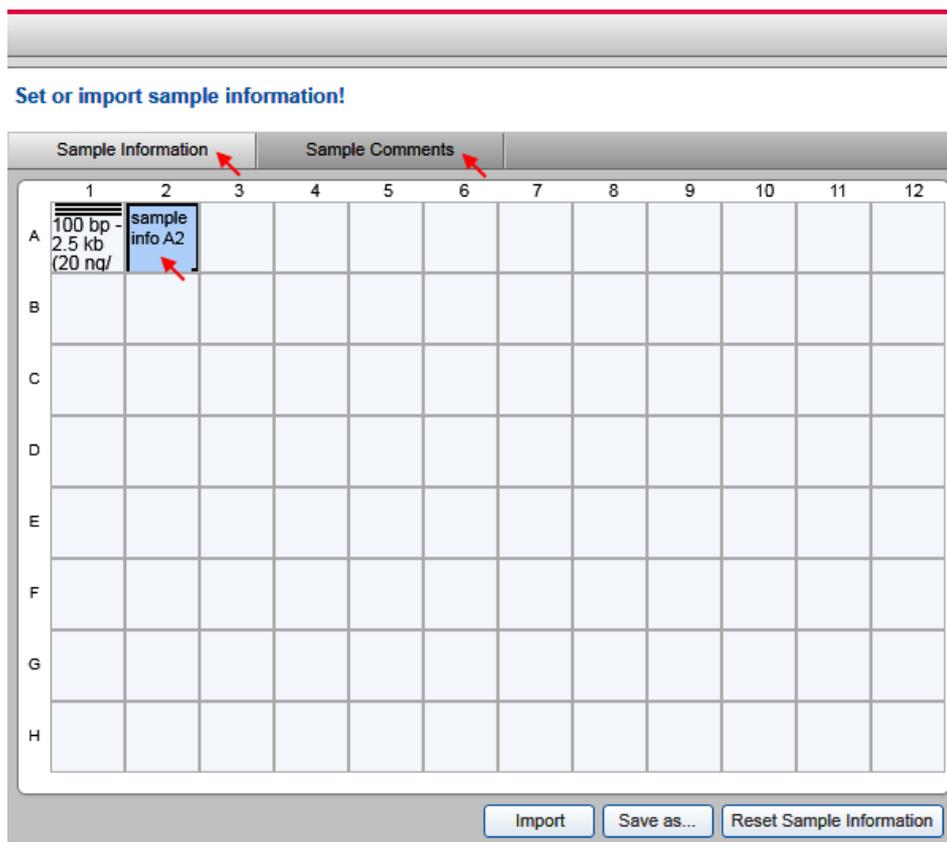
Fornire informazioni sui campioni

Per accedere alla schermata **Sample Information** (Informazioni sui campioni), la casella di spunta **Provide Sample Information** (Fornisci informazioni sui campioni) deve essere selezionata nella schermata **Sample Selection** (Selezione campioni).

Utilizzare la schermata **Sample Information** (Informazioni sui campioni) per:

- inserire informazioni sui campioni, in genere gli ID
- inserire dei commenti
- importare informazioni sui campioni e commenti per tutte le posizioni delle piastre da un file
- salvare informazioni sui campioni (senza commenti) per un riutilizzo successivo

La griglia delle informazioni sui campioni diventa automaticamente attiva con l'inserimento del passaggio **Sample Information** (Informazioni sui campioni). Per passare ai commenti sui campioni, fare clic sulla scheda **Sample Comments** (Commenti sui campioni). Per tornare alla griglia delle informazioni sui campioni, fare clic sulla scheda **Sample Comments** (Commenti sui campioni).



Inserimento delle informazioni sui campioni nella schermata Sample Information (Informazioni sui campioni); marcatore di dimensione su A1.

---

**Nota:** le posizioni dei marcatori dimensionali sono contrassegnate dal simbolo di una "scala".

### Modifica delle informazioni sui campioni

Per creare manualmente le informazioni sui campioni, inserirle nella griglia. Come impostazione predefinita è preselezionata **la posizione A1**. Confermare le informazioni per ciascuna posizione premendo il pulsante **Invio** o **Tab**; la posizione successiva verrà selezionata automaticamente per l'input successivo. Per creare informazioni sui campioni per una posizione specifica, fare clic sulla posizione e inserire le informazioni sui campioni.

La griglia delle informazioni sui campioni supporta una funzionalità di incremento automatico. **Per numerare i testi delle informazioni sui campioni consecutivamente:**

1. Scrivere le informazioni sui campioni principali nella cella superiore sinistra.
2. Trascinare il quadratino nero nell'angolo inferiore destro del bordo della cella per estendere la selezione a tutte le celle desiderate.
3. Rilasciare il quadrato della selezione. Tutte le celle selezionate verranno riempite con le informazioni sui campioni principali inserite nella fase 1. Le celle verranno numerate consecutivamente, a partire dal numero 1.

Per navigare nella griglia dell'informazioni sui campioni, usare la freccia e i pulsanti **Tab/Maiusc+Tab** (proprio come in una tabella Microsoft Excel<sup>®</sup>).

### Per selezionare celle multiple:

- A partire da una o più celle selezionate, tenere premuto **Ctrl** e fare clic con il pulsante sinistro del mouse per aggiungere o rimuoverle dalla selezione.
- Fare clic con il pulsante sinistro del mouse in una cella e, iniziando nella cella con il cursore, trascinare per selezionare un'area rettangolare delle celle.

### Per copiare il testo di una cella selezionata in celle multiple:

1. Selezionare la cella (di origine).
2. Utilizzare la voce del menu contestuale **Copy** (Copia) o premere la combinazione di pulsanti **Ctrl-C** per copiare il testo negli appunti.
3. Selezionare la cella target.
4. Fare clic con il pulsante destro del mouse su una delle celle selezionate, ma non su quella con il cursore, e utilizzare la voce del menu contestuale **Paste**(Incolla). Il testo verrà incollato dagli appunti in tutte le celle selezionate. Inoltre, la prima cella selezionata rimarrà evidenziata dopo che il testo sarà stato incollato.

### Per copiare una colonna:

1. Selezionare tutte le celle della colonna che si desidera copiare.
2. Utilizzare la voce del menu contestuale **Copy** (Copia) per copiare il testo di tutte le celle selezionate negli appunti.

**Nota:** la combinazione di pulsanti **Ctrl-C** cattura il testo solo dell'ultima cella selezionata.

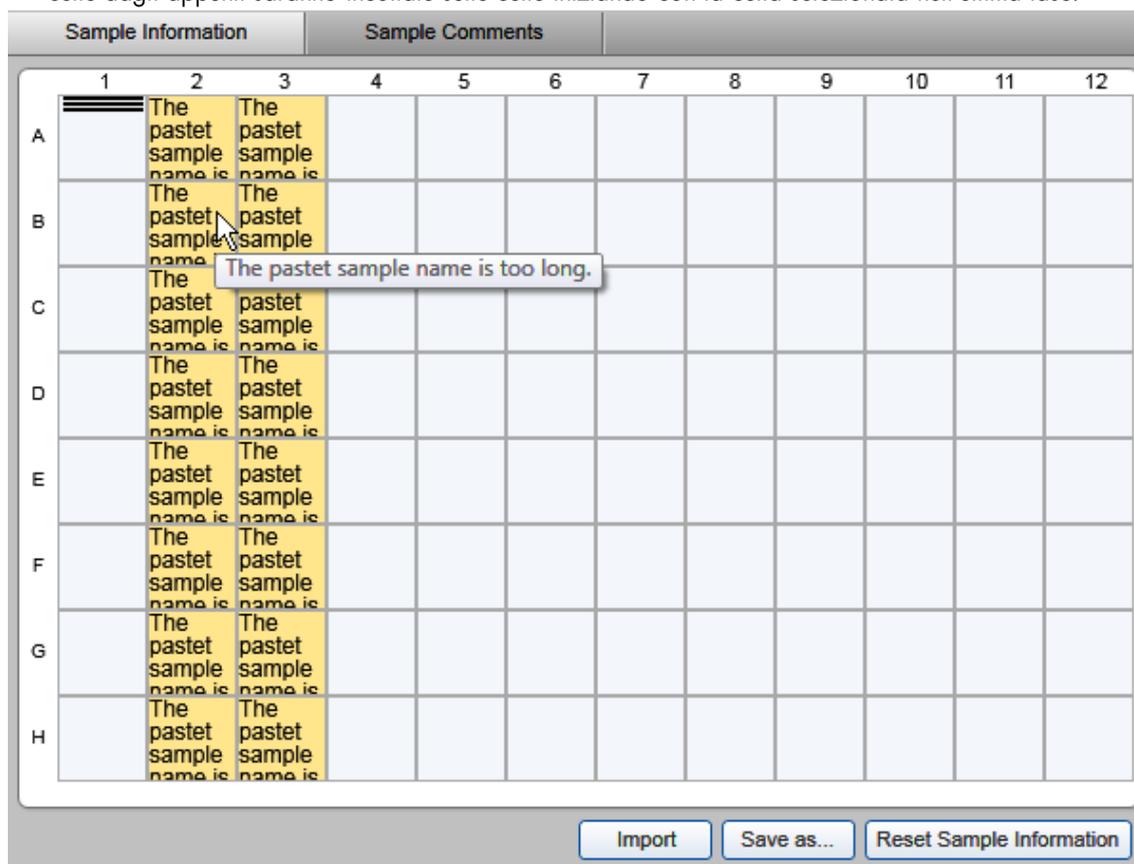
3. Fare clic con il pulsante sinistro del mouse sulla prima cella della colonna dalla quale si desidera incollare il testo.

4. Usare la voce del menu contestuale **Paste** (Incolla) o premere la combinazione di pulsanti **Ctrl-V**. Le celle dagli appunti saranno incollate nella colonna iniziando con la cella selezionata nell'ultima fase.

**Nota:** allo stesso modo, è possibile copiare le file o altre aree selezionate. Per iniziare ad incollare, fare clic sulla cella in alto a sinistra.

#### Per copiare celle multiple da una tabella Microsoft Excel:

1. Copiare le celle dalla tabella **Microsoft Excel** negli appunti.
2. Nella schermata **Sample Information** (Informazioni sui campioni), fare clic sulla cella all'estrema sinistra da incollare.
3. Usare la voce del menu contestuale **Paste** (Incolla) o premere la combinazione di pulsanti **Ctrl-V**. Le celle dagli appunti saranno incollate sulle celle iniziando con la cella selezionata nell'ultima fase.



Testo troppo lungo (più di 30 caratteri) incollato nelle celle.

**Nota:** se la lunghezza del testo incollato supera il valore massimo (30), lo sfondo della cella cambierà.

Per eliminare le informazioni sui campioni, fare clic sul pulsante **Reset Sample Information** (Resetta informazioni sui campioni).

**Nota:** gli utenti a cui sia consentito di revisionare le informazioni sui campioni (vedere [Gestione utenti](#)) possono modificare le informazioni sui campioni dopo il processo utilizzando il menu contestuale di **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti). Nell'ambiente di analisi, selezionare il campione in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti), fare clic con il pulsante destro del mouse sul campione e selezionare l'opzione del menu contestuale **Revise Sample Information** (Revisiona informazioni sui campioni), quindi inserire le nuove informazioni sui campioni.

### Modifica dei commenti sui campioni

Per inserire i commenti sui campioni, fare clic su **Sample Comments** (Commenti sui campioni). Per inserire un commento per una posizione specifica, fare clic sulla rispettiva cella nella scheda **Sample Comments** (Commenti sui campioni) e inserire il testo.

Per classificare le posizioni della piastra per fila o per colonna, fare clic sui titoli delle colonne **Row** (Fila) e **Col**, rispettivamente.

### Per copiare un commento da una cella in un'altra:

1. Fare clic sulla cella (di origine).
2. Selezionare il testo da copiare mediante il mouse o tenendo premuto il pulsante **Maiusc** utilizzando contemporaneamente il pulsante freccia sinistra o freccia destra.
3. Selezionare la voce del menu contestuale **Copy** (Copia) o premere la combinazione di pulsanti **Ctrl-C** per copiare il testo negli appunti.
4. Fare clic sulla cella target.
5. Selezionare la voce del menu contestuale **Paste** (Incolla) o premere la combinazione di pulsanti **Ctrl-V**. Il testo verrà incollato dagli appunti nella cella.

Per eliminare tutti i commenti sui campioni, fare clic sul pulsante **Reset Sample Comment** (Resetta commenti sui campioni).

I commenti sui campioni possono essere anche importati da un file insieme con le informazioni sui campioni.

**Nota:** i commenti sui campioni sono limitati a **150 caratteri**.

### Importazione delle informazioni sui campioni

Il software QIAxcel ScreenGel offre la possibilità di importare informazioni sui campioni, con o senza commenti sui campioni, dai file. Tre tipi di file sono supportati: File Microsoft Excel (Excel 97–2003 Workbook (\*.xls), Excel Workbook 2007–2010 (\*.xlsx)), file rack QIAGEN, e file qdef QIAGEN, il formato di scambio dati QIAGEN utilizzato nelle due applicazioni QIASymphony® e QIAgility®.

**Nota:** il formato **file dei rack QIAGEN** non supporta i commenti sui campioni.

Per importare informazioni e/o commenti sui campioni da un file fare clic sul pulsante **Import** (Importa). Nella parte inferiore della finestra di dialogo che appare, selezionare il tipo di file da importare. La finestra di dialogo elenca tutti i file disponibili di questo tipo. In alternativa, andare sulla directory in cui sono state memorizzate le informazioni sui campioni, selezionare il file e fare clic su **OK**. I dati importati sovrascrivono tutte le informazioni sui campioni e i commenti precedentemente forniti.

**Nota:** esempi di tutti i tipi di file sono disponibili nel menu **File** selezionando **Open Data Directory** e quindi **Sample Information** (Informazioni sui campioni).

**Nota:** le informazioni sui campioni sono in modalità di sola lettura se è selezionata l'opzione delle impostazioni **Prevent modification of imported sample information** (Previene modifiche delle informazioni sui campioni importate) (vedere [Impostazioni](#)).

Per l'importazione delle informazioni sui campioni da file Microsoft Excel, sono disponibili le seguenti opzioni:

Row-wise	Selezionare l'opzione se l'elenco dei campioni nel file Microsoft Excel segue questo ordine: A1, A2, ..., A12, B1, B2, ..., B12, ..., H1, ..., H12. Tutti i nomi dei campioni devono essere elencati nella prima colonna, a partire dalla prima linea della tabella. I nomi dei campioni per tutte le posizioni della piastra devono essere elencati nel file. I commenti sui campioni opzionali devono essere elencati nella seconda colonna.
Column-wise	Selezionare l'opzione se l'elenco dei campioni nel file Microsoft Excel segue questo ordine: A1, B1, ..., H1, A2, B2, ..., H2, ... , A12, ... H12. Tutti i nomi dei campioni devono essere elencati nella prima colonna, a partire dalla prima linea della tabella. I nomi dei campioni per tutte le posizioni della piastra devono essere elencati nel file. I commenti sui campioni opzionali devono essere elencati nella seconda colonna.
Matrice	Selezionare questa opzione se le informazioni sui campioni nel file Microsoft Excel sono scritte in celle comprendenti il formato matrice da A1 a L8 nella tabella. Ossia: A1, A2, ..., A8 nella prima riga, e A1, B1, ... ,H1 nella prima colonna.  Questa opzione non supporta i commenti sui campioni.

**Nota:** il software QIAxcel ScreenGel importa le informazioni sui campioni dal primo foglio di lavoro in un elenco alfabetico di tutti i fogli di lavoro del file Microsoft Excel. Ciò significa che se si rinomina il foglio di lavoro del file Microsoft Excel, assicurarsi che le informazioni sui campioni pertinenti siano inserite nel foglio di lavoro che si desidera che compaia per primo, se disposto in ordine alfabetico per nome dei fogli di lavoro.

### Salvataggio delle informazioni sui campioni

Per salvare le informazioni sui campioni fornite in formato file rack, per poterle riutilizzare successivamente, fare clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome). Nella finestra di dialogo che appare, andare sulla directory in cui devono essere memorizzate le informazioni, inserire un nome unico per il file e fare clic su **OK**.

**Nota:** il pulsante **Save as** (Salva come) verrà disabilitato se una o più celle contengono più di 30 caratteri.

---

**Nota:** il formato **file dei rack QIAGEN** non supporta i commenti sui campioni.

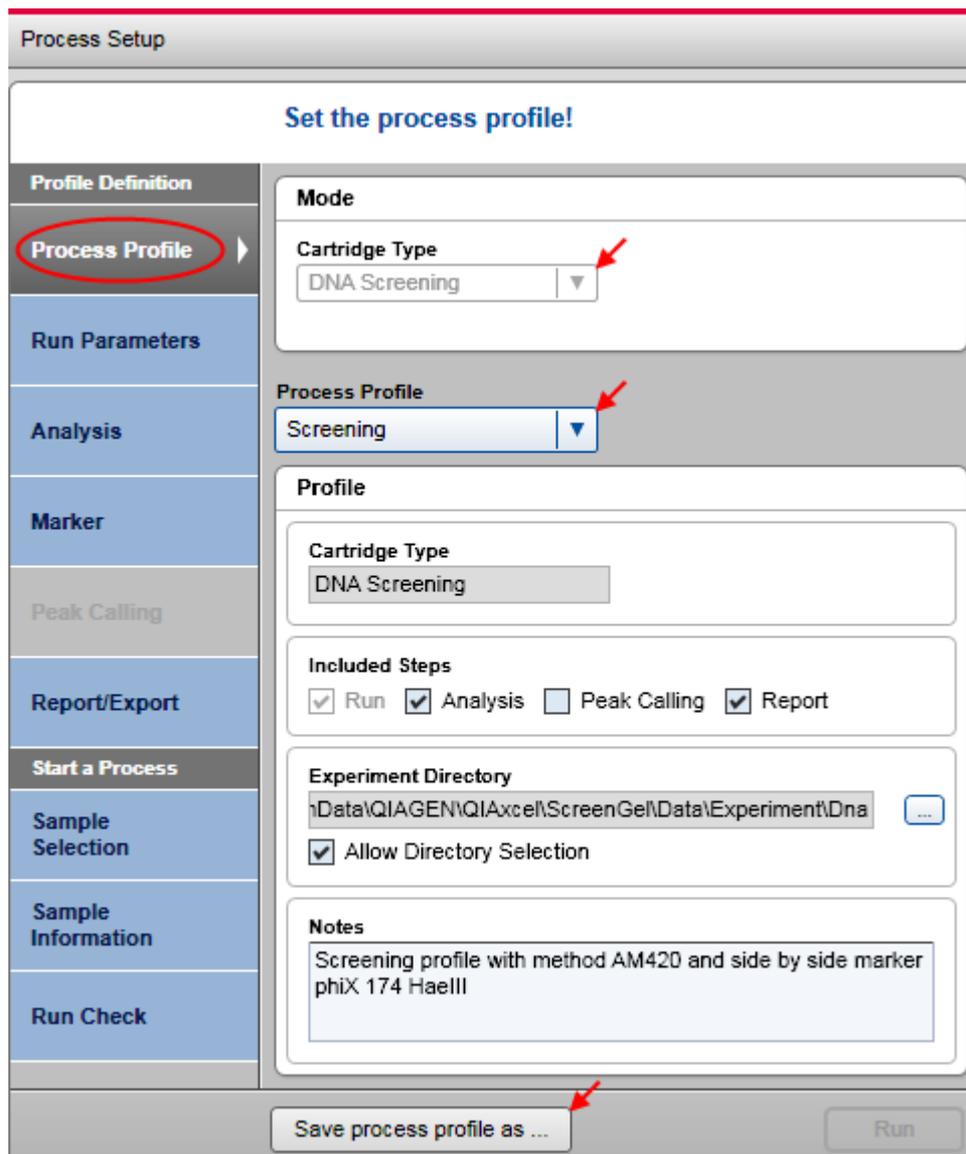
#### Modifica di un profilo di processo

**Nota:** Solo gli utenti a cui è assegnato il ruolo di **Utente avanzato** e **Utente Base** possono modificare i profili di processo. Limitazioni si applicano ad utenti con il ruolo di **Utente Base** come gli utenti, ad esempio, che non possono salvare il profilo di processo modificato. Le limitazioni sono annotate nel presente manuale, ove applicate.

Per modificare un profilo di processo, procedere come segue:

1. Lanciare l'ambiente **Process** (Processo).

Se non è già aperto, passare all'ambiente **Process** (Processo) facendo clic sulla corrispondente icona **Process** (Processo). Selezionare la schermata **Process Profile** (Profilo di processo).



Passaggi per modificare un profilo di processo.

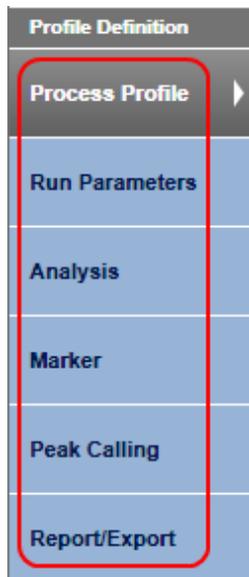
**Nota:** Se solo l'ultimo processo è appena terminato, fare clic sul pulsante **Back to Wizard** (Tornare alla procedura guidata) in basso a destra.

2. Selezionare il profilo di processo da modificare.

Utilizzare l'elenco a discesa **Process Profile** (Profilo di processo) per selezionare un profilo.

**Nota:** ciascun profilo di processo è legato ad un determinato tipo di cartuccia. Pertanto, il sistema può garantire l'avvio di un processo (ad es., acquisizione di dati) solo se è inserito il tipo corretto di cartuccia. Se il profilo di processo che si desidera selezionare non è elencato, assicurarsi che sia selezionato il tipo corretto di cartuccia. Se lo strumento è collegato, il sistema rileva automaticamente il tipo di cartuccia inserita. Se si desidera modificare un profilo di processo per utilizzare un altro tipo di cartuccia, rimuovere la cartuccia, o almeno la rispettiva chiave. Selezionare il tipo di cartuccia corretto. Il profilo di processo che si desidera modificare dovrebbe essere ora presente nell'elenco a discesa **Process Profile** (Profilo di processo). Selezionare il profilo di processo e procedere.

3. Modificare le opzioni del profilo di processo come richiesto.



Schermate per la definizione del profilo di processo.

Vedere la sezione [Process profile options](#) (Opzioni del profilo di processo) per informazioni dettagliate.

4. Salvare il profilo di processo modificato con un nuovo nome.

Fare clic sul pulsante **Save Process Profile as** (Salva profilo di processo come) sotto la configurazione del processo e immettere un nuovo nome profilo univoco nella finestra di dialogo apparsa.

**Nota:** Questa operazione è possibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

**Nota:** se sono presenti schermate di profilo di processo contenenti dati incompleti o incoerenti evidenziati in giallo, il pulsante **Save process profile as** (Salva profilo di processo con nome) è disabilitato. Selezionare le schermate di profilo di processo contrassegnate e correggere i dati. Se tutti i dati sono corretti, il pulsante **Save process profile as** (Salva profilo di processo con nome) viene abilitato e il profilo del processo può essere salvato.

**Nota:** è possibile avviare un processo oppure lasciare l'ambiente **Process** (Processo) senza salvare le modifiche. QIAxcel ScreenGel Il software non ricorderà all'utente di salvare un profilo di processo o il profilo di analisi integrato, il profilo del referto/di esportazione, o le istruzioni per l'individuazione dei picchi. Se si decide di lasciare l'ambiente **Process** (Processo), di eseguire il logout o di uscire dall'applicazione, occorre salvare le modifiche se si desidera riutilizzarle.

## Opzioni profilo di processo

Le opzioni del profilo di processo sono raggruppate in varie schermate. Per specificare il profilo di processo completo, seguire l'ordine delle schermate come descritto di seguito. Per passare alla schermata **Run Parameters** (Parametri di processo) fare clic sul nome della schermata:

The screenshot displays the 'Process Setup' window. On the left, a vertical sidebar contains several menu items: 'Profile Definition', 'Process Profile' (highlighted with a red box and a mouse cursor), 'Run Parameters', 'Analysis', 'Marker', 'Peak Calling', 'Report/Export', 'Start a Process', 'Sample Selection', 'Sample Information', and 'Run Check'. The main content area is titled 'Set the process profile!' and contains several sections: 'Mode' with a dropdown set to 'DNA Screening'; 'Process Profile' with a dropdown set to '\*NewProcessProfile'; 'Profile' with a dropdown set to 'DNA Screening'; 'Included Steps' with checkboxes for 'Run' (checked), 'Analysis', 'Peak Calling', and 'Report'; 'Experiment Directory' with a text field containing '\\GEN\QIAxcel\ScreenGel Preview\Data\Experiment\DNA' and a file selection button; and a 'Notes' text area. At the bottom, there are two buttons: 'Save process profile as ...' and 'Run'.

Definizione di un profilo di processo.

---

**Nota:** Si può tornare a ciascuna schermata facendo clic sul nome della schermata. È possibile saltare le schermate se non sono necessarie modifiche.

**Nota:** Le schermate con opzioni incomplete o errate sono evidenziate in giallo. Non c'è bisogno di correggerle immediatamente, ma non è possibile salvare o avviare un profilo di processo incompleto o errato.

Le opzioni della schermata **Process Profile** (Profilo di processo) sono descritte di seguito.

Process Profile (Profilo di processo)	Specifica l'ambito del processo. In aggiunta all'acquisizione dei dati, è possibile includere fasi aggiuntive come analisi e referto. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione delle opzioni di processo generali</a> .
Run Parameters (Parametri di processo)	Specifica i dettagli di acquisizione dati come il metodo utilizzato, le file da processare e la posizione del marcatore di dimensione. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione dei parametri di processo</a> .
Analysis Parameters (Parametri di analisi)	Specifica i parametri di analisi per un'analisi completamente automatizzata dopo l'acquisizione dei dati. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione dei parametri di analisi</a> .  <b>Nota:</b> Questa schermata è disabilitata se l'analisi non fa parte dell'ambito del processo.
Marker (Marcatore)	Specifica i marcatori, il marcatore di allineamento e il marcatore di dimensione utilizzati per l'analisi. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione del marcatore</a> .  <b>Nota:</b> Questa schermata è disabilitata se l'analisi non fa parte dell'ambito del processo.
Peak Calling (Individuazione dei picchi)	Specifica i parametri per l'individuazione dei picchi in base alla tabella dei risultati dei picchi. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione delle istruzioni di individuazione dei picchi</a> .  <b>Nota:</b> Questa schermata è disabilitata se l'individuazione dei picchi non fa parte dell'ambito del processo.
Distribution Analysis (Analisi di distribuzione)	Specifica i parametri per l'analisi della distribuzione in base alla tabella dei risultati dello striscio. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione dei profili di distribuzione</a> .  <b>Nota:</b> Questa schermata è disabilitata se l'analisi della distribuzione non fa parte dell'ambito del processo.
Referto/Esportazione	Specifica i parametri di referto/esportazione per il referto e l'esportazione completamente automatiche come ultima fase durante il processo. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione <a href="#">Selezione dei parametri di referto/esportazione</a> .  <b>Nota:</b> Questa schermata è disabilitata se il referto/esportazione non fanno parte dell'ambito del processo.

**Nota:** In modalità **DNA**, la schermata di individuazione dei picchi o dell'analisi di distribuzione sono disponibili solo se le funzioni corrispondenti (individuazione dei picchi o analisi della distribuzione) sono attive. Per attivarle, selezionare l'opzione corrispondente dal menu **View** (Vista). Notare che solo un insieme di funzioni può essere attivo in un dato momento.

## Selezione delle opzioni generali di processo

1. Selezionare la schermata **Process Profile** (Profilo di processo).

Fare riferimento alla schermata [Process profile options](#) (Opzioni profilo di processo) per informazioni su come selezionare la schermata.

2. Specificare l'ambito del processo.

Selezionare le fasi aggiuntive:

**Analisi** Include l'analisi nel processo. Ciò significa che dopo che l'acquisizione dei dati è completa, il software analizza i dati del campione automaticamente sullo sfondo, in base alle opzioni di processo impostate nelle schermate **Analysis** (Analisi) e **Marker** (Marcatore) (descritte nelle sezioni [Selezione dei parametri di analisi](#) e [Selezione del marcatore](#)).

Le schermate **Analysis Parameters** (Parametri di analisi) e **Marker** (Marcatore) diventano attive.

**Peak Calling**  
(Individuazione dei picchi)

Include l'individuazione dei picchi nel processo, in base alla tabella dei risultati dei picchi di analisi. Ciò significa che dopo l'analisi, l'individuazione dei picchi verrà eseguita automaticamente, in base alle opzioni di processo impostate nella schermata **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) (descritta nella sezione [Selezione delle istruzioni di individuazione dei picchi](#)).

**Nota:** questa fase è disabilitata se l'**analisi** non rientra nell'ambito del processo.

**Nota:** in modalità DNA, questa opzione è disponibile solo se le funzioni di individuazione dei picchi sono attive. Per attivare le funzioni di individuazione dei picchi, selezionare **Activate Peak Calling Features** (Attiva funzioni di individuazione dei picchi) dal menu **View** (Visualizza).

**Distribution Analysis**  
(Analisi di distribuzione)

Include l'analisi di distribuzione nel processo, in base alla tabella dei risultati di striscio dell'analisi. Ciò significa che dopo l'analisi, l'analisi di distribuzione verrà eseguita automaticamente, in base alle opzioni di processo impostate nella schermata **Distribution Analysis** (Analisi di distribuzione) (descritta nella sezione [Selezione dei profili di distribuzione](#)).

**Nota:** questa fase è disabilitata se l'**analisi** non rientra nell'ambito del processo. Inoltre, il profilo di analisi utilizzato deve avere l'opzione **Smear Analysis Profile** (Profilo analisi striscio) selezionata.

**Nota:** in modalità DNA, questa opzione è disponibile solo se le funzioni di analisi di distribuzione sono attive. Per attivare le funzioni di analisi di distribuzione, selezionare **Activate Distribution Analysis Features** (Attiva funzioni di analisi di distribuzione) dal menu **View** (Visualizza).

**Referto**

Include referto e/o esportazioni come ultima fase del processo. Ciò significa che il software genera automaticamente referto ed esportazioni.

3. **Opzionale:** Cambiare la directory dove verrà salvato l'esperimento.

**Nota:** può essere una directory sulla rete. Durante il processo, tuttavia, l'esperimento verrà sempre salvato prima in una directory locale (fare riferimento a [Impostazioni](#)), e quindi copiato nella directory dell'esperimento definita in questa fase, quando il processo è terminato.

4. **Opzionale:** Consentire la selezione della directory.

Selezionare l'opzione per consentire la selezione della directory nella schermata **Sample Selection** (Selezione campioni) durante la preparazione di un processo. Mediante questa opzione, il processo può essere personalizzato anche da un utente a cui sia stato assegnato il ruolo **Utente di routine**.

5. **Opzionale:** Modificare una nota nel profilo di processo.

Utilizzare questo campo nota per aggiungere una breve descrizione circa l'uso previsto del profilo. Questa nota è visualizzata ogni volta che il processo viene selezionato. Il campo nota è limitato ad un massimo di 2.000 caratteri e 25 righe.

Process Setup

Set the process profile!

**Profile Definition**

**Process Profile**

Run Parameters

Analysis

Marker

Peak Calling

Report/Export

Start a Process

Sample Selection

Sample Information

Run Check

**Mode**

Cartridge Type  
DNA Screening

**Process Profile**  
Screening

**Profile**

Cartridge Type  
DNA Screening

**Included Steps**  
 Run  Analysis  Peak Calling  Report

**Experiment Directory**  
\\Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel\Data\Experiment\Dna ...  
 Allow Directory Selection

**Notes**  
Screening profile with method AM420 and side by side marker phiX 174 HaeIII

Save process profile as ... Run

## Selezione dei parametri di processo

Definire i metodi e le file che devono essere processate con i metodi. Selezionare almeno un metodo. Inoltre, può essere specificata la posizione del marcatore di dimensione.

**Nota:** Durante l'elaborazione, l'elenco verrà processato in successione. Per informazioni sulla correlazione tra i parametri di processo e la struttura dei risultati, fare riferimento alla sezione [Parametri di processo e struttura dei risultati](#).

Procedere come segue:

- 1a. Se l'elenco **Method Details** (Dettagli metodo) è vuoto, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) per iniziare la prima definizione. Una nuova voce vuota compare nell'elenco **Method Details** (dettagli metodo). Procedere con la fase 2 per specificare la voce.

**Nota:** Questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

The screenshot displays the 'Process Setup' window with the 'Set methods and parameters!' dialog box open. The dialog is divided into several sections:

- Profile Definition:** Includes 'Process Profile', 'Run Parameters' (circled in red), 'Analysis', 'Marker', 'Peak Calling', and 'Report/Export'.
- Plate Definition:** The active tab, containing:
  - Method Details:** A table with columns: Method, Range, M, Inj. Time, RpR, Runs, Preview. The table is currently empty. Below it are 'Insert', 'Add', and 'Delete' buttons. A red arrow points to the 'Add' button.
  - Sample Row Selection:** A grid with 8 rows (A-H) and 12 columns (1-12). A red arrow points to the first column header '1'.
  - Instructions:** 'Left-click to add or remove sample rows' and 'Right-click to define marker position'.
- Start a Process:** Includes 'Sample Selection', 'Sample Information', and 'Run Check'.
- Configuration Fields:** Below the 'Method Details' table, there are fields for 'Method' (with a dropdown menu and a red arrow pointing to it), 'Range', 'Marker', 'Injection Time' (0 sec), and 'Runs per Row' (1). 'OK' and 'Cancel' buttons are at the bottom.

Elenco Method Details (Dettagli metodo) vuoto dopo aver fatto clic sul pulsante Add (Aggiungi).

1b. Se l'elenco **Method Details** (Dettagli metodo) non è vuoto, sono disponibili le seguenti opzioni:

- Aggiungi** Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) per aggiungere una nuova voce nella parte inferiore dell'elenco. Procedere con la fase 2 per specificare la voce.
- Nota:** Questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.
- Inserisci** Selezionare una voce facendo clic sul pulsante sinistro del mouse e quindi fare clic sul pulsante **Insert** (Inserisci) per inserire una nuova voce prima di quella selezionata. Procedere alla fase 2 per specificare la voce.
- Nota:** Questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.
- Modifica** Selezionare la voce che si desidera modificare. Procedere alla fase 2 per modificare la voce.
- Elimina** Selezionare la voce che si desidera eliminare, quindi fare clic sul pulsante **Delete** (Elimina). La voce verrà eliminata dall'elenco. Passare al punto 6.
- Nota:** Questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

2. Selezionare le file da processare.

Nella vista **Sample Row Selection** (Selezione fila campioni) a destra, fare clic con il pulsante sinistro del mouse su questa vista per aggiungere o eliminare una fila di campioni dalla piastra. Il campo **Range** (Gamma) mostra la selezione di file eseguita.

**Nota:** Solo **per** modalità DNA. Se successivamente si perfeziona un profilo di processo che utilizza l'analisi di **distribuzione**, notare i punti seguenti:

- Se si riducono le file da processare nella selezione delle file dei campioni in questa schermata, tali file saranno automaticamente eliminate anche nella schermata **Distribution analysis** (Analisi di distribuzione) per garantire un profilo di processo coerente.
- Se successivamente si aggiungono file, non c'è adattamento automatico nella schermata **Distribution Analysis** (Analisi di distribuzione).

**Opzionale:** Definire il numero di processi per fila nel campo editabile **Runs per row** (Processi per fila). Il metodo verrà applicato con la frequenza qui specificata.

3. **Opzionale:** Definire la posizione del marcatore di dimensione.

**Nota:** Questa posizione verrà utilizzata per l'analisi automatica se il marcatore di dimensione deve essere processato insieme con i campioni.

Fare clic con il pulsante destro del mouse per definire la posizione che conterrà il marcatore di dimensione. Il campo **Marker** (Marcatore) mostra la posizione del marcatore impostato.

**Nota:** Solo una posizione di marcatore può essere definita per una voce nell'elenco **Method Details** (Dettagli metodo). Se si desidera specificare il profilo di processo per il processo di una piastra contenente un marcatore di dimensione in ciascuna fila, creare una voce per ciascuna fila separatamente nell'elenco **Method Details** (Dettagli metodo).

4. Selezionare il metodo appropriato dall'elenco a discesa **Method** (Metodo).

**Nota:** Questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

**Nota:** L'elenco a discesa **Method** (Metodo) contiene solo metodi consentiti per il tipo di cartuccia per cui viene definito il profilo di processo.

**Nota:** Un numero di metodi predefiniti è disponibile per ciascun kit QIAxcel. Per un elenco completo, consultare l' [Appendice B](#). Consultare la sezione [Dettagli sui metodi di visualizzazione](#) se si desidera vedere i dettagli del metodo selezionato.

Se necessario, modificare il tempo di iniezione campioni nel campo editabile **Injection Time** (Tempo di iniezione). Tale tempo verrà applicato al posto del tempo di iniezione campioni definito nel metodo.

**Process Setup**

**Set methods and parameters!**

**Profile Definition** | **Plate Definition** | **Method Details**

**Method Details**

Method	Range	M	Inj. Time	RpR	Runs	Preview
AM420	A - C,E,G,H	E7	10	1	6	
AM320	F	F2	10	1	1	
APH600	D	D2	5	3	3	

Buttons: Insert, Add, Delete

Allow row deselection  Allow marker definition

Method: AM420 | Range: A - C,E,G,H | Marker: E7

Injection Time: 20 sec (Modified value) | Runs per Row: 1

Buttons: OK, Cancel

**Sample row selection**

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12

A

B

C

D

E

F

G

H

**Legend:**  
Left-click to add or remove sample rows  
Right-click to define marker position

Tempo di iniezione campioni modificato.

5. Fare clic su **OK** per confermare.

**Nota:** Il pulsante **OK** si attiva appena le file sono definite e viene selezionato un metodo.

I parametri specificati compaiono nella voce creata nell'elenco **Method Details** (Dettagli metodo).

**Nota:** fare clic su **Cancel** (Annulla) per eliminare tutte le specifiche eseguite durante le fasi da 2 a 5. La voce non sarà creata/la voce selezionata non sarà modificata.

**Nota:** la colonna **Runs** (Processi) nell'elenco **Method Details** (Dettagli metodo) contiene il numero totale di processi specificati da questa voce: se la **Gamma** è A-C e **RpR** ("Runs per Row", (Processi per fila)) è 2, i **processi** saranno quindi  $3 \times 2 = 6$ .

6. Definire tutte le voci nell'elenco **Method Details** (Dettagli metodo) ripetendo le fasi da 1 a 5.

7. **Opzionale:** Consentire la deselegione delle file.

Selezionare l'opzione per consentire la deselegione delle file nella schermata **Sample Selection** (Selezione campioni) durante la preparazione di un processo. Mediante questa opzione, il processo può essere personalizzato anche da un utente a cui sia stato assegnato il ruolo **Utente di routine**. Questa opzione è utile, ad esempio, per preparare il profilo di processo per una piastra completa ma è necessaria solo l'elaborazione delle file.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

8. **Opzionale:** Consentire la definizione del marcatore.

Selezionare l'opzione per consentire la ridefinizione della posizione del marcatore di dimensione nella schermata **Sample Selection** (Selezione campioni) durante la preparazione di un processo. Mediante questa opzione, il processo può essere personalizzato anche da un utente a cui sia stato assegnato il ruolo **Utente di routine**.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

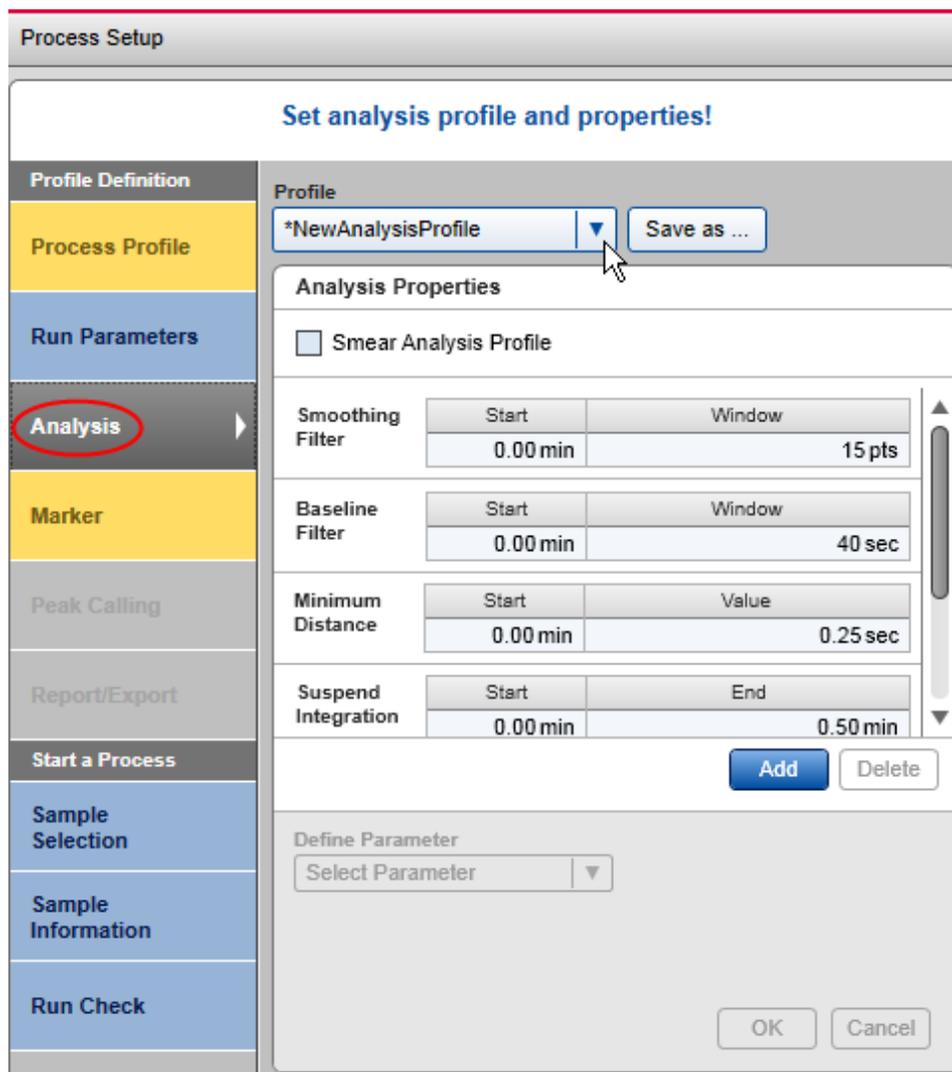
## Selezione dei parametri di analisi

**Nota:** la schermata **Analysis** (Analisi) è abilitata solo se l'analisi rientra nell'ambito del profilo di processo. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione [Selezione delle opzioni di processo generali](#).

Specificare i parametri di analisi come segue:

1. Selezionare un profilo di analisi.

Utilizzare l'elenco a discesa **Profile** (Profilo) per selezionare il profilo di analisi. I parametri di analisi del profilo selezionato sono mostrati sotto l'elenco a discesa.



Selezione di un profilo di analisi da modificare.

**Nota:** il profilo di analisi verrà utilizzato per l'analisi completamente automatica di tutti i campioni.

**Nota:** per eseguire un'analisi di distribuzione nel processo, il profilo di analisi utilizzato deve avere l'opzione **Smear Analysis Profile** (Profilo di analisi striscio) selezionata.

**Nota:** selezionare **NewAnalysisProfile** (Nuovo profilo di analisi) per definire [i parametri di analisi](#) a partire da zero. Questa operazione è possibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

**Nota:** tutti i parametri di analisi attualmente impostati nel profilo di analisi selezionato verranno copiati nel profilo di processo. Ulteriori modifiche del profilo di analisi sottostante non interessano i parametri di analisi in questo profilo di processo. Ciò evita modifiche indesiderate del profilo di processo e assicura la stabilità del processo. Se devono essere incluse anche delle modifiche nel profilo di analisi sottostante, includere nuovamente il profilo di analisi modificato selezionandolo dall'elenco a discesa **Profile** (Profilo).

2. **Opzionale:** Modificare i parametri di analisi. È possibile modificare i parametri di analisi secondo le proprie necessità in questa schermata come descritto nella sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).

**Nota:** questa operazione è possibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

**Nota:** se si definiscono gli **Intervalli di integrazione di sospensione** mediante il tempo relativo di migrazione, assicurarsi che i tempi relativi di migrazione combacino con la modalità marcatore. Vedere [Modifica di un profilo di analisi](#) per i dettagli.

**Nota:** le modifiche saranno incluse solo in questo profilo di processo. Se anche i parametri modificati devono essere inclusi nel profilo di analisi selezionato, salvare il profilo di analisi come descritto di seguito:

3. **Opzionale:** Salvare i parametri di analisi modificati.

**Nota:** questa operazione è possibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

I parametri di analisi modificati possono essere salvati facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva come). Compare una finestra di dialogo, che include il nome del profilo di analisi selezionato. Si hanno due opzioni:

Fare clic su **OK** se si desidera salvare le modifiche nel profilo di analisi selezionato; inserire un nuovo nome di profilo di analisi univoco per salvare i parametri di analisi modificati come un nuovo profilo di analisi, quindi fare clic su **OK**. Il nome di questo nuovo profilo di analisi e tutti i suoi parametri di analisi saranno inclusi nel profilo di processo.

## Selezione del marcatore

**Nota:** la schermata **Marker** (Marcatore) è abilitata solo se l'analisi rientra nell'ambito del profilo di processo. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione [Selezione delle opzioni di processo generali](#).

Process Setup

**Set the size/reference and alignment markers!**

**Profile Definition**

Process Profile

Run Parameters

Analysis

**Marker**

Peak Calling

Report/Export

Start a Process

Sample Selection

Sample Information

Run Check

**Marker Selection**

No Marker  
 Reference Marker Table  
 Run size marker side by side with sample

Size Marker  
 phiX174 HaeIII (20 ng per ul)

Save as ...

Alignment Marker  
 QX 15 bp-5 kb

**Size Marker**

Total conc.  
 20 ng/ul

[bp]	Conc. [ng/ul]
15	--
72	0.27
118	0.44
194	0.72
234	0.87
271	1.01
281	1.04
310	1.15
603	2.24
872	3.24
1078	4.00
1353	5.02
5000	--

Add Delete

Concentration  
 [ ] bp [ ] ng/ul

OK Cancel

Selezione del marcatore.

Definire il marcatore da utilizzare durante l'elaborazione di questo profilo di processo.

1. Selezionare una delle opzioni del marcatore di dimensione.
2. Selezionare il marcatore corretto per l'opzione selezionata.

Per informazioni sulle opzioni del marcatore, vedere la descrizione di seguito:

Nessun marcatore      Selezionare questa opzione se l'analisi automatica è solo per il rilevamento dei picchi.

**Nota:** nessun marcatore di dimensione verrà utilizzato durante l'analisi automatica, pertanto la determinazione della dimensione e della concentrazione non è possibile.

Tabella dei marcatori di riferimento      Se deve essere eseguita l'analisi di dimensione e/o determinazione della concentrazione, selezionare questa opzione. La determinazione di dimensione e/o concentrazione si basa sulla tabella dei marcatori di riferimento precedentemente salvata.

Selezionare la tabella dei marcatori di riferimento da utilizzare dall'elenco a discesa **Reference Marker Table** (Tabella dei marcatori di riferimento).

**Nota:** per garantire la compatibilità, l'elenco a discesa contiene solo tabelle dei marcatori di riferimento i cui marcatori di dimensione sono stati processati con lo stesso metodo di quello definito in questo profilo di processo. L'elenco a discesa è contrassegnato come non valido e vuoto se non c'è alcuna tabella dei marcatori di riferimento compatibile. In questo caso, elaborare un processo con marcatore di dimensione affiancato ai campioni o creare una tabella dei marcatori di riferimento da un processo precedente (fare riferimento alla sezione [Creazione di un marcatore di riferimento](#)).

**Nota:** se non è attualmente inserita alcuna cartuccia, il sistema non può controllare la compatibilità della tabella dei marcatori di riferimento selezionata. L'elenco a discesa è contrassegnato come non valido e vuoto o contiene solo una tabella dei marcatori di riferimento precedentemente selezionata. Inserire la cartuccia che il profilo dovrà processare e selezionare una tabella dei marcatori di riferimento compatibile per questa cartuccia e il metodo definito in questo profilo di processo.

**Nota:** vedere la tabella di seguito per la spiegazione del simbolo a destra della casella a discesa **Reference Marker Table** (Tabella dei marcatori di riferimento):

●	La tabella dei marcatori di riferimento selezionata è completamente compatibile.  Ciò significa che il marcatore di dimensione utilizzato per la tabella dei marcatori di riferimento era stato processato non oltre 90 giorni (DNA)/60 giorni (RNA) prima con la cartuccia attualmente inserita e con lo stesso metodo definito in questo profilo di processo.
●	Il marcatore di dimensione utilizzato per la tabella dei marcatori di riferimento era stato processato oltre 90 giorni (DNA)/60 giorni (RNA) prima con la cartuccia attualmente inserita e con lo stesso metodo definito in questo profilo di processo.
●	Il marcatore di dimensione utilizzato per la tabella dei marcatori di riferimento era stato processato con lo stesso metodo definito in questo profilo di processo ma con una cartuccia diversa da quella attualmente inserita.
●	La tabella dei marcatori di riferimento non è compatibile con il metodo definito in questo profilo di processo. Ciò può succedere se il metodo era stato cambiato nella schermata <b>Run Parameters</b> (Parametri di processo) e la tabella dei marcatori di riferimento non era stata ancora modificata in maniera corrispondente. Selezionare un'altra tabella dei marcatori di riferimento dall'elenco a discesa che sia compatibile con il nuovo metodo selezionato.

Processa marcatore di dimensione affiancato al campione

Selezionare questa opzione se la piastra richiede un marcatore di dimensione.

Selezionare il marcatore di dimensione da utilizzare dall'elenco a discesa **Size Marker** (Marcatore di dimensione).

**Opzionale:** Modificare la concentrazione totale del marcatore di dimensione sopra la tabella **Size Marker** (Marcatore di dimensione) a destra, se necessario. Le concentrazioni individuali dei frammenti sono quindi ricalcolate automaticamente.

**Nota:** questa operazione è possibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

Nell'elenco a discesa **Alignment Marker** (Marcatore di allineamento), selezionare il marcatore di allineamento da utilizzare nella posizione **MARKER1** nel vassoio tamponi.

**Nota:** se si seleziona l'opzione **Run size marker side by side with sample** (Processa marcatore di dimensione affiancato al campione), ma il marcatore di dimensione e/o di allineamento non è specificato, la schermata **Marker** (Marcatore) verrà considerata non valida.

**Nota:** solo per la modalità **DNA**: L'utilizzo del marcatore di dimensione corretto aumenterà l'accuratezza della determinazione di dimensione e concentrazione. Selezionare il marcatore contenente frammenti di DNA prossimi alla dimensione dei propri frammenti di DNA target. I frammenti di DNA da analizzare devono rientrare nella dimensione minima e massima dei frammenti del marcatore di dimensione.

**Nota:** solo per la modalità **DNA**: Inoltre il range del marcatore di allineamento deve coprire il range del marcatore dimensionale. In caso contrario, la tabella **Size Marker** (Marcatore dimensionale) a destra mostra tale discrepanza con file evidenziate in giallo e la schermata **Marker** (Marcatore) verrà considerata non valida.

**Nota:** fare riferimento alla sezione [Selezione dei parametri di processo](#) per informazioni su come definire la posizione del marcatore di dimensione.

## Selezione delle istruzioni di individuazione dei picchi

**Nota:** la schermata **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) è abilitata solo se l'analisi e l'individuazione dei picchi rientrano nell'ambito del profilo di processo. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione [Selezione delle opzioni di processo generali](#).

Fare riferimento alla sezione [Individuazione dei picchi](#) per una spiegazione del concetto di individuazione dei picchi.

Definire l'istruzione per l'individuazione dei picchi:

1. Selezionare un'istruzione per l'individuazione dei picchi.

Utilizzare l'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione per l'individuazione dei picchi) per selezionare un'istruzione per l'individuazione dei picchi predefinita. La definizione dell'istruzione è mostrata sotto all'elenco a discesa.

**Nota:** tutti i parametri attualmente impostati nell'istruzione per l'individuazione dei picchi selezionata verranno copiati nel profilo di processo. Ulteriori modifiche dell'istruzione per l'individuazione dei picchi sottostante non interessano i parametri di individuazione dei picchi in questo profilo di processo. Ciò protegge da modifiche indesiderate del profilo di processo e assicura la stabilità del processo. Se devono essere incluse anche delle modifiche nell'istruzione per l'individuazione dei picchi sottostante, includere nuovamente l'istruzione per l'individuazione dei picchi modificata selezionandola dall'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione per l'individuazione dei picchi).

**Nota:** selezionare **NewPeakCallingInstruction** (Nuova istruzione per l'individuazione dei picchi) per creare una nuova istruzione (solo per **Utenti avanzati**). La schermata **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) è evidenziata in giallo poiché la nuova istruzione per l'individuazione dei picchi è ancora vuota. Procedere alla fase 2 per definire l'istruzione.

2. Modificare l'istruzione per l'individuazione dei picchi. L'istruzione per l'individuazione dei picchi può essere modificata come richiesto in questa schermata come descritto nella sezione [Modifica di un'istruzione per l'individuazione dei picchi](#).

**Nota:** questo può essere fatto soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

**Nota:** se la posizione di un picco è definita per essere trovata mediante il tempo relativo di migrazione, assicurarsi che i tempi relativi di migrazione combacino con la modalità marcatore. Vedere [Modifica di un'istruzione per l'individuazione dei picchi](#) per i dettagli.

**Nota:** le modifiche saranno incluse solo in questo profilo di processo. Se anche le modifiche devono essere incluse nell'istruzione per l'individuazione dei picchi selezionata, salvare l'istruzione per l'individuazione dei picchi come descritto di seguito:

3. Salvare l'istruzione per l'individuazione dei picchi.

**Nota:** questo può essere fatto soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

L'istruzione per l'individuazione dei picchi modificata può essere salvata facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva come). Compare una finestra di dialogo contenente il nome dell'istruzione per l'individuazione dei picchi selezionata. Si hanno due opzioni: Fare clic su **OK** se le modifiche devono essere archiviate nell'istruzione per l'individuazione dei picchi selezionata; inserire un nuovo nome univoco per l'istruzione per salvare le modifiche in una nuova istruzione per l'individuazione dei picchi, quindi fare clic su **OK**. Il nome di questa nuova istruzione per l'individuazione dei picchi e tutti i suoi parametri di analisi saranno inclusi nel profilo di processo.

## Selezione dei profili di distribuzione

Definire i profili di distribuzione da utilizzare nel processo e assegnare le file da analizzare con tali profili. Selezionare almeno un profilo di distribuzione. Una fila di campioni può essere analizzata solo con un profilo di distribuzione. Le selezioni eseguite sono elencate nell'elenco **Assignment of Distribution Profiles** (Assegnazione dei profili di distribuzione), dove ciascuna fila definisce l'uso di un profilo di distribuzione.

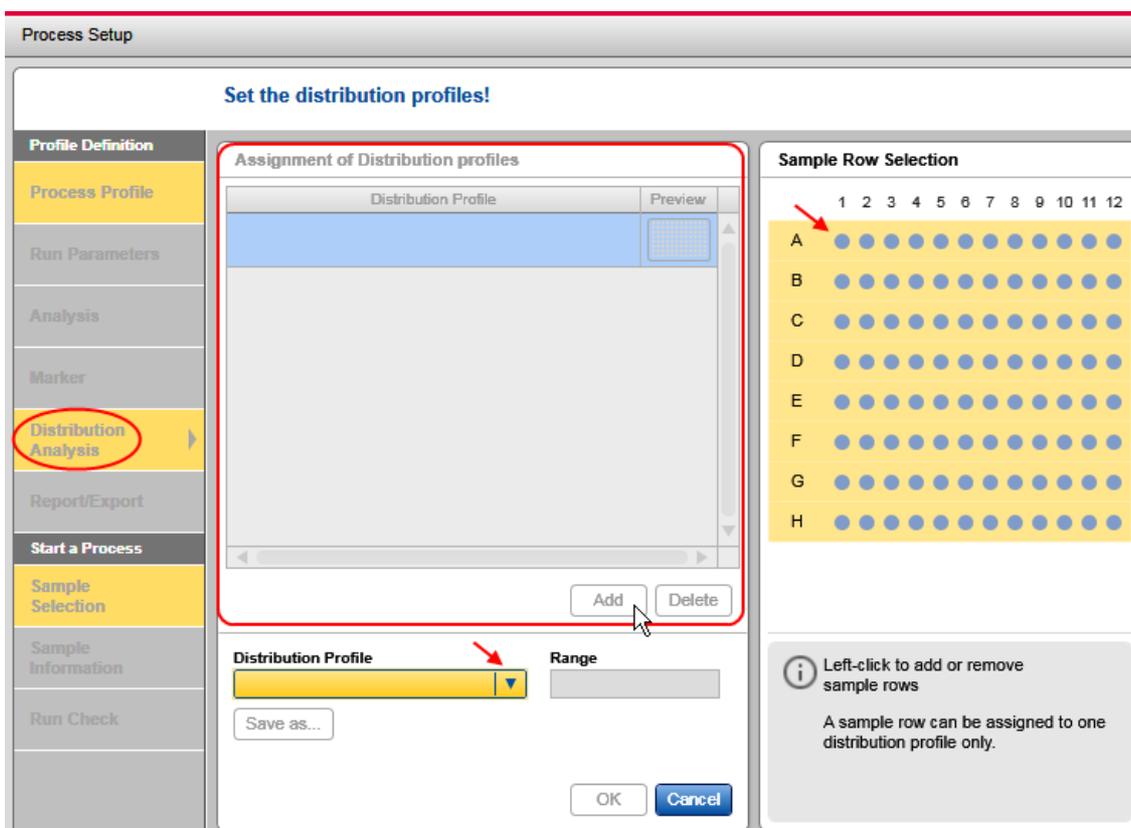
L'analisi di distribuzione viene eseguita automaticamente nel processo dopo l'analisi dello striscio. Pertanto, il profilo **Default Smear DNA** (Striscio di DNA predefinito) deve essere stato selezionato nella schermata **Analysis** (Analisi), e un marcatore di dimensione o di riferimento deve essere stato selezionato nella schermata **Marker** (Marcatore). Per maggiori informazioni, fare riferimento a [Analisi di distribuzione](#).

**Nota:** questa schermata in **Process Setup** (Configurazione processo) è abilitata solo se l'analisi e l'analisi di distribuzione rientrano nell'ambito del profilo di processo. Per informazioni dettagliate, fare riferimento a [Selezione delle opzioni di processo generali](#).

Per definire l'uso dei profili di distribuzione:

- 1a. Se l'elenco **Assignment of Distribution Profiles** (Assegnazione dei profili di distribuzione) è vuoto, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) per eseguire la prima assegnazione. Una voce vuota compare nell'elenco delle assegnazioni. Procedere con la fase 2 per specificare la voce.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.



Elenco Assignment of Distribution Profiles (Assegnazione dei profili di distribuzione) vuoto dopo aver fatto clic sul pulsante Add (Aggiungi).

- 1b. Se l'elenco **Assignment of Distribution Profiles** (Assegnazione dei profili di distribuzione) non è vuoto, sono disponibili le seguenti opzioni:

**Aggiungi** Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) per aggiungere una nuova assegnazione nella parte inferiore dell'elenco. Procedere con la fase 2 per specificare l'assegnazione.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

Modifica      Selezionare l'assegnazione da modificare. Procedere alla fase 2 per modificare l'assegnazione.

Elimina        Selezionare l'assegnazione e fare clic sul pulsante **Delete** (Elimina) per eliminarla dall'elenco. Passare al punto 6.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

2. Selezionare il profilo di distribuzione desiderato dall'elenco a discesa del profilo **Distribution** (Distribuzione).

**Nota:** Questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

**Nota:** tutti i parametri impostati nel profilo di distribuzione selezionato verranno copiati nel profilo di processo. Ulteriori modifiche del profilo **Distribution** (Distribuzione) nell'ambiente **Analysis** (Analisi) non interessano i parametri di distribuzione in questo profilo di processo. Ciò protegge da modifiche indesiderate del profilo di processo e assicura la stabilità del processo. Se devono essere incluse anche delle modifiche nel profilo di distribuzione sottostante, includere nuovamente il profilo di distribuzione modificato selezionandolo dall'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione).

3. Selezionare le file di campioni da analizzare con il profilo di distribuzione.

Nel riquadro **Sample Row Selection** (Selezione fila campioni), fare clic con il pulsante sinistro del mouse sulle file di campioni per selezionarle o deselectionarle. Il campo **Range** (Gamma) mostra la selezione di file eseguita. Si possono selezionare solo file da elaborare nel processo, cioè che sono state già selezionate nella schermata **Run Parameters** (Parametri di processo).

**Nota:** una fila che è stata già assegnata ad un profilo di distribuzione nell'elenco delle assegnazioni, non può essere più selezionata.

**Nota:** se le file da processare sono state ridotte nella schermata **Run Parameters** (Parametri di processo) durante il perfezionamento di un profilo di processo, tali file vengono automaticamente eliminate in questa schermata. Se sono state aggiunte file nella schermata **Run Parameters** (Parametri di processo), potrebbe rendersi necessario adattare la selezione file in questa schermata se si desidera utilizzare anche l'analisi di **distribuzione** per le file aggiunte.

4. Fare clic su **OK** per confermare.

**Nota:** il pulsante **OK** si attiva appena le file sono definite e viene selezionato un profilo di distribuzione.

I parametri specificati compaiono nella voce creata nell'elenco **Assignment of Distribution Profiles** (Assegnazione dei profili di distribuzione).

**Nota:** fare clic su **Cancel** (Annulla) per eliminare tutte le voci create durante le fasi 2 e 3. La voce non sarà creata o la voce selezionata non sarà modificata.

5. Ripetere le fasi da 1 a 4 per definire tutte le assegnazioni nell'elenco **Assignment of Distribution Profiles** (Assegnazione dei profili di distribuzione).

I parametri dei profili di distribuzione non possono essere visualizzati o modificati in questa schermata. Per visualizzare o modificare i [parametri del profilo di distribuzione](#), passare all'ambiente **Analysis** (Analisi).

---

Se il profilo di distribuzione sottostante viene modificato dopo essere stato selezionato per il profilo di processo, il nome del profilo di distribuzione è preceduto da un "\*\*". Questo indica che i parametri che saranno usati da questo profilo di processo non sono gli stessi visibili nell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per visualizzare i parametri del profilo di distribuzione che sono definiti per il profilo di processo corrente:

1. Selezionare la fila con il profilo di distribuzione modificato.
2. Fare clic sul pulsante **Save as** (Salva come) sotto la casella a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione) e salvare i parametri di distribuzione utilizzando un nuovo nome del profilo di distribuzione.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

3. Passare all'ambiente **Analysis** (Analisi) per esaminare i parametri del profilo di distribuzione salvato.
4. Si possono eliminare profili di distribuzione obsoleti utilizzando il [Profile Manager](#) nell'ambiente **Configuration** (Configurazione).

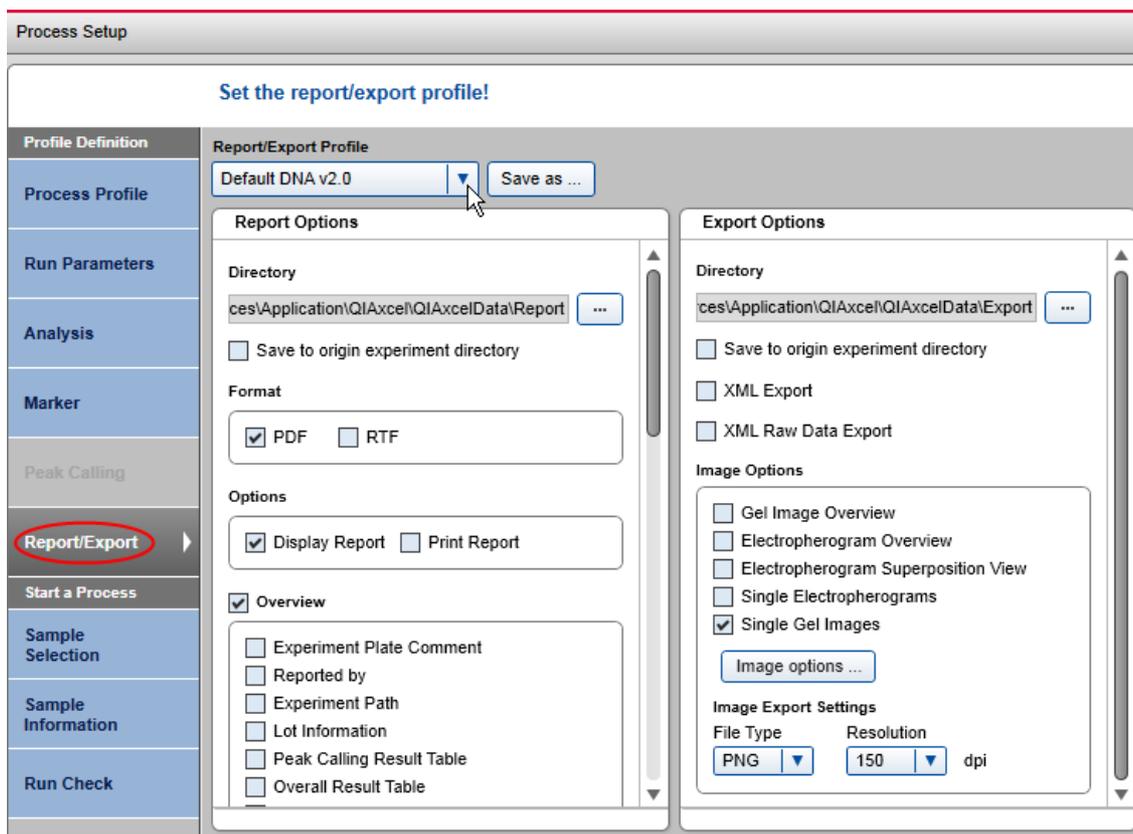
## Selezione dei parametri di referto/esportazione

**Nota:** la schermata **Report/Export** (Referto/Esportazione) è abilitata solo se il **referto** rientra nell'ambito del profilo di processo. Per informazioni dettagliate, fare riferimento alla sezione [Selezione delle opzioni di processo generali](#).

Specificare i parametri di referto ed esportazione come segue:

1. Selezionare un profilo di referto/esportazione.

Utilizzare l'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione) per selezionare il profilo di referto/esportazione. I parametri di analisi del profilo selezionato sono mostrati al di sotto dell'elenco a discesa.



Selezione di un profilo di referto/esportazione.

**Nota:** tutti i parametri di referto/esportazione attualmente impostati nel profilo di referto/esportazione selezionato verranno copiati nel profilo di processo. Ulteriori modifiche del profilo di referto/esportazione sottostante non interessano i parametri di referto/esportazione in questo profilo di processo. Ciò evita modifiche indesiderate del profilo di processo e assicura la stabilità del processo. Se devono essere incluse anche delle modifiche nel profilo di referto/esportazione sottostante, includere il profilo di referto/esportazione modificato selezionandolo dall'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione).

**Nota:** I profili di referto/esportazione con l'opzione Use **Images as Displayed** (Usa immagini come visualizzate) selezionata non sono elencati nell'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione). Questa opzione è disponibile solo nell'ambiente di analisi. Fare riferimento alla sezione [Opzioni di referto/esportazione](#) per maggiori informazioni.

**Nota:** in modalità **DNA**, i profili di referto/esportazione che includono le opzioni di analisi di distribuzione selezionate non sono elencate nell'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione) se le funzioni di individuazione dei picchi sono attive. Allo stesso modo, i profili di referto/esportazione con le opzioni di individuazione dei picchi selezionate non sono elencate se le funzioni di analisi di distribuzione sono attive.

## 2. Modificare i parametri di referto/esportazione.

I parametri di referto/esportazione possono essere modificati come richiesto in questa schermata. Fare riferimento alla sezione [Opzioni di referto/esportazione](#) per maggiori informazioni.

**Nota:** le modifiche saranno incluse solo in questo profilo di processo. Se anche i parametri modificati devono essere inclusi nel profilo di referto/esportazione selezionato, salvare il profilo di referto/esportazione come descritto di seguito:

**Nota:** un profilo di referto/esportazione è applicabile solo se almeno una casella di spunta del formato (**PDF** o **RTF**) e una delle opzioni contenuto (**Overview** (Panoramica) o **Sample Details**(Dettagli campione)) è selezionata per il referto, o se una casella di spunta è selezionata per l'esportazione. Le caselle di spunta e la schermata **Report/Export** (Referto/Esportazione) sono evidenziate in giallo se non è stata effettuata alcuna selezione.

## 3. Salvare i parametri di referto/esportazione modificati.

**Nota:** questo può essere fatto soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

I parametri di referto/esportazione modificati possono essere salvati facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva come). Compare una finestra di dialogo, che include il nome del profilo di referto/esportazione selezionato. Si hanno due opzioni: Fare clic su **OK** se le modifiche devono essere archiviate nel profilo di referto/esportazione selezionato; inserire un nuovo nome di profilo di referto/esportazione univoco per salvare i parametri di referto/esportazione modificati come un nuovo profilo di referto/esportazione, quindi fare clic su **OK**. Il nome di questo nuovo profilo di referto/esportazione e tutti i suoi parametri saranno inclusi nel profilo di processo.

## Parametri di processo e struttura dei risultati

Questa sezione fornisce un esempio in modo che la relazione tra la definizione del processo e la struttura dei risultati possano essere descritti:

Con una **cartuccia di screening DNA QIAxcel**:

- Le file A e B saranno processate due volte con il Metodo AM320, con il marcatore di dimensione nella posizione A1
- Le file A e B saranno processate 3 volte con il Metodo AH420, con lo stesso marcatore di dimensione nella posizione C1

Lo stesso marcatore di allineamento verrà utilizzato per entrambi i metodi.

Vedere le schermate **Run Parameters** (Parametri di processo) e **Sample Selection** (Selezione dei campioni) della definizione di processo:

Method	Range	M	Inj. Time	RpR	Runs	Preview
AM320	A,B	A1	10	2	4	
AH420	C,D	C1	20	3	6	

Allow row selection     Allow marker definition

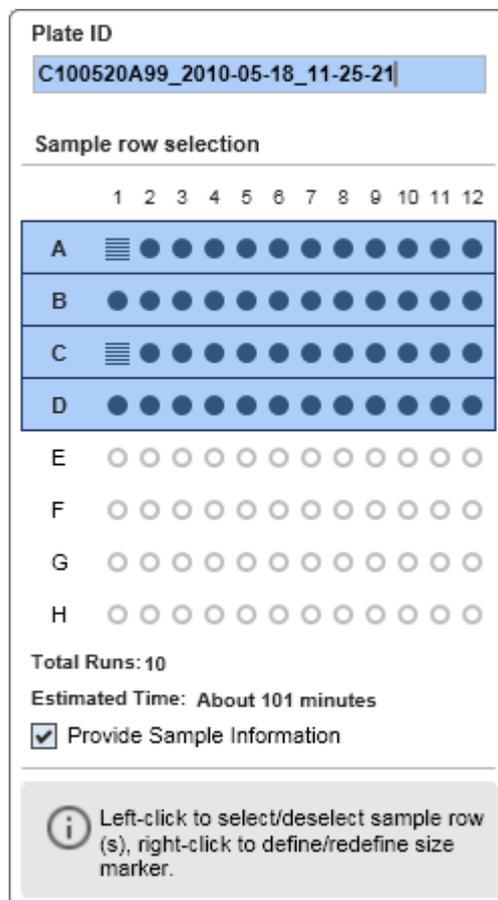
Method: AH420    Range: C,D    Marker: C1  
Injection Time: 20 sec    Runs per Row: 3

OK    Cancel

Schermata Run Parameters (Parametri di processo).

Sono state definite due voci a causa dei metodi diversi. Le file e le posizioni del marcatore di dimensione sono state definite per ciascun metodo, nonché per i processi per fila (colonna **RpR** nell'elenco **Method Details** (Dettagli metodo)). Nella colonna **Runs** (Processi) è elencato il numero totale di processi per ciascun metodo.

Durante il processo, il software prima elabora il metodo AM320 nell'ordine fila A e B (primo processo), e fila A e B (secondo processo). Quindi elabora il metodo AH420 nell'ordine fila C e D (primo processo), fila C e D (secondo processo) e fila C e D (terzo processo).



Schermata Sample Selection (Selezione dei campioni).

L'**ID piastra** verrà utilizzato come nome dei risultati.

La selezione fila **campioni** mostra un riepilogo della definizione di processo nella schermata **Run Parameters** (Parametri di processo).

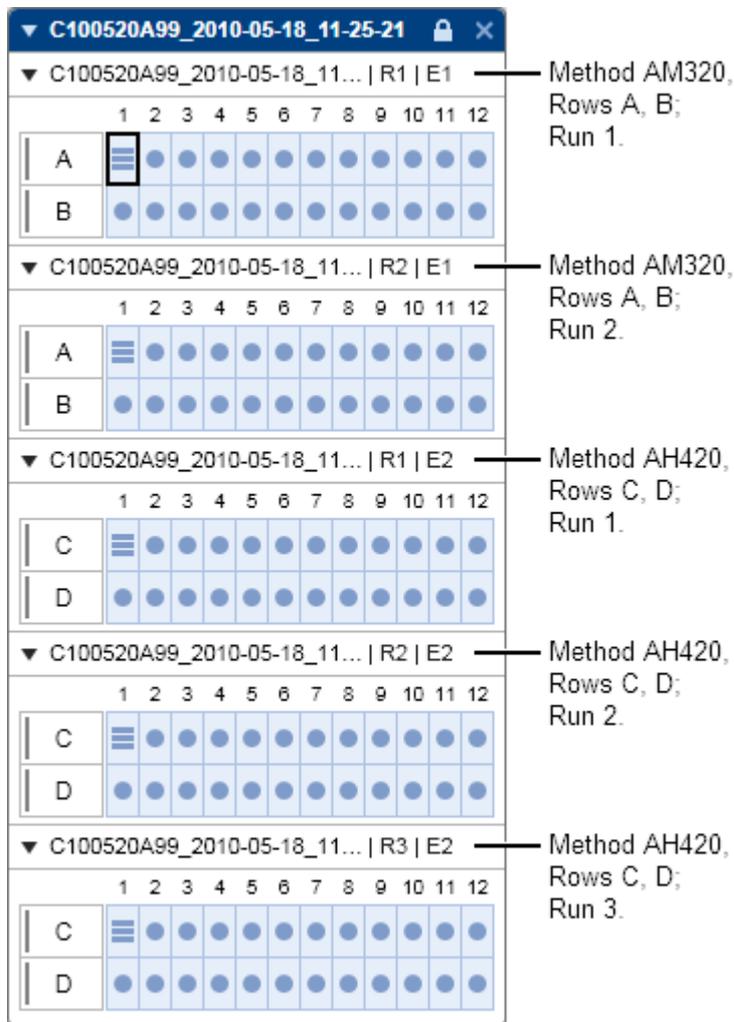
Il numero totale di processi (**Processi totali**) in questo esempio è 10:

2 volte A e B = 4 processi per Metodo AM320

3 volte C e D = 6 processi per Metodo AH420



Quando il processo è completato, i dati del campione sono presentati nell'ambiente **Analysis** (Analisi) in **Experiment Explorer**(Scorri esperimenti):



Esperimento generato dal processo.

Tutti i dati campione generati dal processo sono combinati in un esperimento e denominati secondo l'**ID piastra**, che era stato specificato nella schermata **Sample Selection** (Selezione dei campioni).

Tutti i dati del campione sono raggruppati per le cosiddette "**piastre**" dal momento che sono stati generati dal processo.

---

Il nome della piastra identifica il processo. È una combinazione di:

Nome dell'esperimento	Il nome dell'esperimento è creato dall' <b>ID piastra</b> specificato nella schermata <b>Sample Selection</b> (Selezione dei campioni).
R#	Numero processo, dove "#" rappresenta un numero, a partire da 1. In questo esempio per il metodo AM320, sono generati i numeri di processo R1 e R2.
E#	Numero voce (voce nell'elenco <b>Method Details</b> (Dettagli metodo) della schermata <b>Run Parameters</b> (Parametri di processo)), dove "#" rappresenta un numero a partire da 1. In questo esempio, sono generati i numeri delle voci E1 e E2, poiché l'elenco <b>Method Details</b> (Dettagli metodo) conteneva 2 voci.

Pertanto i dati dei campioni per il Metodo AM320 per le file A e B sono elencati per primi e separatamente per ciascun processo.

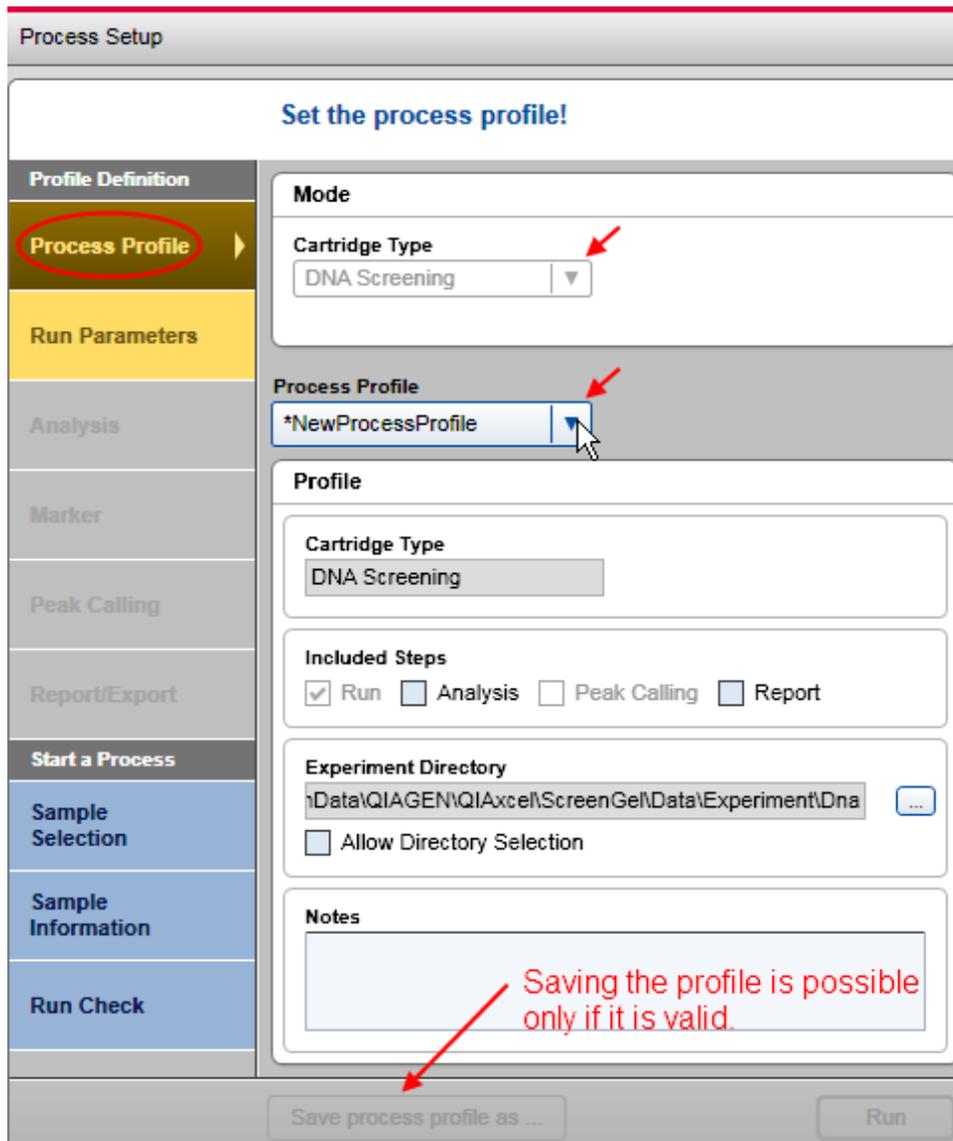
#### Creazione di un nuovo profilo di processo

**Nota:** solo gli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato) possono creare un nuovo profilo di processo.

Per creare un nuovo profilo di processo, procedere come segue.

1. Aprire l'ambiente **Process** (Processo).

Se non è aperto, passare all'ambiente **Process** (Processo) facendo clic sull'icona dell'ambiente **Process** (Processo). Selezionare la schermata **Process Profile** (Profilo di processo).



Passaggi principali per la creazione di un nuovo profilo di processo.

**Nota:** se l'ultimo processo è stato appena completato, fare clic sul pulsante **Back to Wizard** (Torna alla procedura guidata) in basso a destra.

2. Selezionare il tipo di cartuccia.

Selezionare il tipo di cartuccia da usare per il nuovo profilo di processo.

**Nota:** ciascun profilo di processo è legato ad un determinato tipo di cartuccia. Perciò il sistema può garantire che un processo (cioè l'acquisizione dei dati) può essere avviato soltanto se è inserita una cartuccia del tipo corretto.

**Nota:** se lo strumento è collegato, il sistema rileva automaticamente la cartuccia inserita e il tipo di cartuccia non può essere cambiato. Se si desidera creare il profilo di processo per un altro tipo di cartuccia, rimuovere la cartuccia, o almeno l'indicativo della cartuccia, o scollegarla dallo strumento.

3. Selezionare un profilo di processo.

Usare l'elenco a discesa **Process Profile** (Profilo di processo) per selezionare un profilo di processo. Il profilo selezionato serve da modello per la creazione del profilo nuovo.

**Nota:** Selezionare **NewProcessProfile** (Nuovo profilo di processo) per creare un profilo di processo da zero. Il sistema mostrerà **\*NewProcessProfile** (Nuovo profilo di processo) dopo la selezione. questo può essere fatto soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

3. Impostare le opzioni del profilo di processo a seconda delle proprie necessità.

Consultare la sezione [Opzioni del profilo di processo](#) per informazioni dettagliate.

4. Salvare il profilo di processo modificato con un nuovo nome.

Fare clic sul pulsante **Save Process Profile as** (Salva profilo di processo con nome) sotto la configurazione del processo e inserire un nuovo nome unico per il profilo nella finestra di dialogo che appare.

**Nota:** questo può essere fatto soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

**Nota:** se sono presenti schermate di profilo di processo contenenti dati incompleti o incoerenti evidenziati in giallo, il pulsante **Save process profile as** (Salva profilo di processo con nome) è disabilitato. Selezionare le schermate di profilo di processo contrassegnate e correggere i dati. Se tutti i dati sono corretti, il pulsante **Save process profile as** (Salva profilo di processo con nome) viene abilitato ed è possibile salvare il profilo di processo.

## Visualizzazione dei dettagli di un metodo

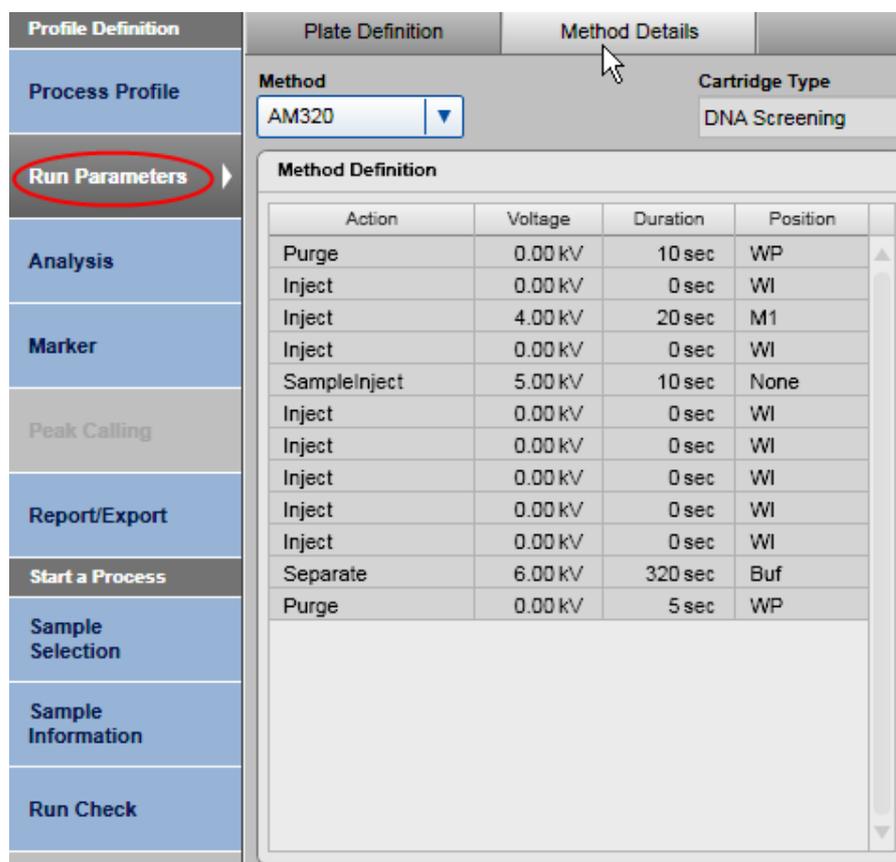
Durante la definizione di un profilo di processo, è possibile visualizzare i dettagli di un metodo.

**Nota:** questa funzione è disponibile solo per gli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato** e **Utente base**.

Procedere come segue:

1. Selezionare un profilo di processo nella schermata **Process Profile** (Profilo di processo).
2. Passare alla schermata **Run Parameters** (Parametri di processo). Selezionare la voce contenente il metodo che si desidera visualizzare nella scheda **Plate Definition** (Definizione piastra).
3. Passare alla scheda **Method Details** (Dettagli metodo).
4. Selezionare un altro metodo da visualizzare, se necessario.

**Nota:** la selezione di un altro metodo modifica la voce nella scheda **Plate Definition** (Definizione piastra) da cui si proviene. Assicurarsi di aver selezionato il metodo corretto che si intende processare.



Schermata Method Details (Dettagli metodo).

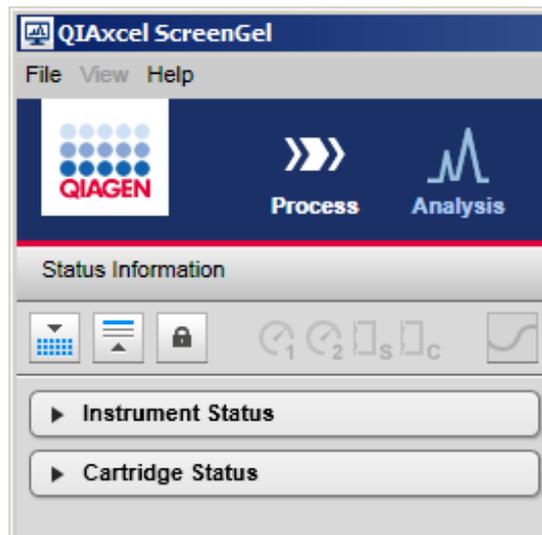
Tutte le azioni definite nel metodo sono elencate. Durante il processo, le azioni saranno eseguite in successione.

Per maggiori informazioni sul significato delle abbreviazioni, vedere la sezione **Stato strumento** del riquadro **Status Information** (Informazioni di stato) a sinistra dell'ambiente **Process** (Processo).

Riquadro informazioni di stato

Il riquadro sinistro della schermata nell'ambiente **Process** (Processo) è chiamato riquadro **Status Information** (Informazioni di stato). Si divide in:

- Una **barra strumenti** nella parte alta
- **Stato dello strumento**
- **Stato della cartuccia**



Riquadro informazioni di stato.

**Stato dello strumento** e **Stato della cartuccia** possono essere rimpiccioliti e ingranditi. I pulsanti della **barra strumenti** e le icone di stato sono spiegate nella tabella seguente:



Pulsante **Load Position** (Posizione di caricamento). Fare clic sul pulsante per spostare il vassoio dei tamponi nella parte anteriore dello strumento per caricare i campioni e il tampone.

**Nota:** i motori non si muoveranno se lo sportello dei campioni o della cartuccia è aperto.



Pulsante **Wash Park Position** (Posizione Sosta di lavaggio). Fare clic sul pulsante per spostare la cartuccia nella posizione di sosta di lavaggio del vassoio dei tamponi.

**Nota:** i motori non si muoveranno se lo sportello dei campioni o della cartuccia è aperto.



Indica che la cartuccia gel QIAxcel attualmente inserita è **bloccata**. Fare clic sul pulsante per sbloccare la cartuccia gel QIAxcel.

**Importante:** se lo stato **Pressione 1** è basso, aumentare la pressione del sistema prima di eseguire lo sblocco. Lo sblocco della cartuccia bloccata con pressione ridotta può danneggiare lo strumento!



Indica che la cartuccia gel QIAxcel attualmente inserita è **sbloccata**. Fare clic sul pulsante per bloccare la cartuccia gel QIAxcel.

**Importante:** Se lo stato **Pressione 1** è basso, aumentare la pressione del sistema prima di eseguire lo sblocco. Lo sblocco della cartuccia bloccata con pressione ridotta può danneggiare lo strumento!



Stato **Pressione 1** : **OK/Low**(Ok/Basso). **OK** indica pressione adeguata per l'elaborazione dei campioni. **LOW** (BASSO) indica che la pressione di N<sub>2</sub> è sufficiente per l'elaborazione dei campioni correnti; tuttavia, il cilindro di N<sub>2</sub> deve essere sostituito una volta terminata l'elaborazione della fila dei campioni correnti.



Stato **Pressione 2** : **OK/Low**(Ok/Basso). **OK** indica pressione adeguata per l'elaborazione dei campioni. **LOW** (BASSO) indica che la pressione di N<sub>2</sub> è insufficiente per l'elaborazione dei campioni correnti e l'analisi non verrà eseguita. Il cilindro di N<sub>2</sub> deve essere sostituito.



**Sportello campioni: Chiuso/Aperto.**



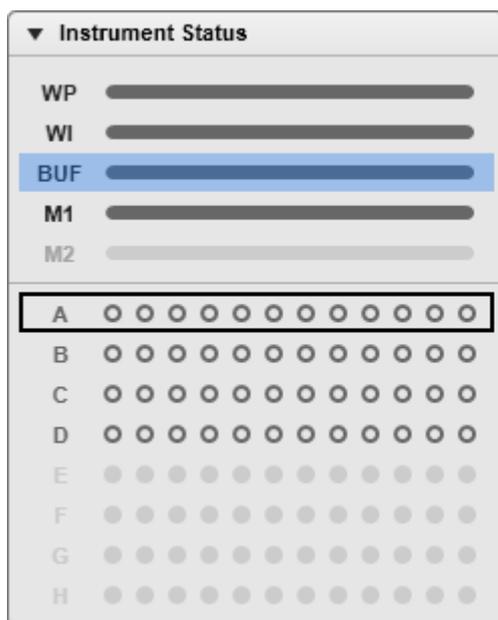
**Sportello cartuccia: Chiuso/Aperto.**



**Stato connessione:** Connesso, non connesso, e connessione in corso con lo strumento QIAxcel Advanced.

**Nota:** se non connesso, è possibile fare clic sull'icona per connettere allo strumento.

Il riquadro **Instrument Status** (Stato strumento) visualizza il vassoio dei tamponi e la piastra dei campioni. La posizione corrente dei capillari della cartuccia gel QIAxcel è evidenziata quando il processo è in corso. Nell'esempio di seguito, le file dei campioni A-D sono processate con lo stesso metodo.



### Position description

- Wash Park
- Wash Inject
- (Separation) Buffer — current capillary position
- Marker 1
- Marker 2
- Sample row A — currently being processed
- Sample row B
- Sample row C
- Sample row D
- Sample row E
- Sample row F
- Sample row G
- Sample row H

Riquadro Stato strumento.

Il riquadro **Cartridge Status** (Stato cartuccia) visualizza informazioni sulla cartuccia gel QIAxcel attualmente inserita, come l'ID della cartuccia, il tipo di cartuccia, il numero rimanente di processi, il numero rimanente di processi di calibrazione, lo stato della scadenza, e lo stato della calibrazione. Quando si apre lo strumento di espansione **Calibration Details** (Dettagli di calibrazione), vengono visualizzati dettagli di calibrazione aggiuntivi.

▼ Cartridge Status			
<b>Cartridge ID</b>			
C110414C99			
<b>Cartridge Type</b>			
RNA Quality Control			
<b>Remaining Runs</b>		<b>Remaining Cal. Runs</b>	
83		3	
<b>Expiration Status</b>		<b>Calibration Status</b>	
Valid		OK	
▼ Calibration Details			
<b>Calibration Date</b>		<b>Accepted By</b>	
14.04.2011 13:07:10		JohnSmith	
Ch.	Area	Cal. Factor	Result
1	0.0053	0.5762	Passed
2	0.0051	0.6114	Passed
3	0.0050	0.9239	Passed
4	0.0053	0.8302	Passed
5	0.0053	0.4594	Passed
6	0.0053	0.9902	Passed
7	0.0050	1.8963	Passed
8	0.0043	0.7028	Passed
9	0.0045	0.5612	Passed
10	0.0053	0.7647	Passed
11	0.0042	0.7104	Passed
12	0.0051	1.2754	Passed

Riquadro Stato della cartuccia.

**Nota:** lo stato di calibrazione **NOT OK** (NON OK) significa che la cartuccia non è calibrata e necessita della calibrazione. Per informazioni sulla calibrazione, fare riferimento alla sezione [Calibrating a cartridge](#) (Calibrazione di una cartuccia).

**Nota:** il riquadro **Status Information** (Informazioni di stato) viene visualizzato nell'ambiente **Process** (Processo) e nell'ambiente **Service** (Assistenza).

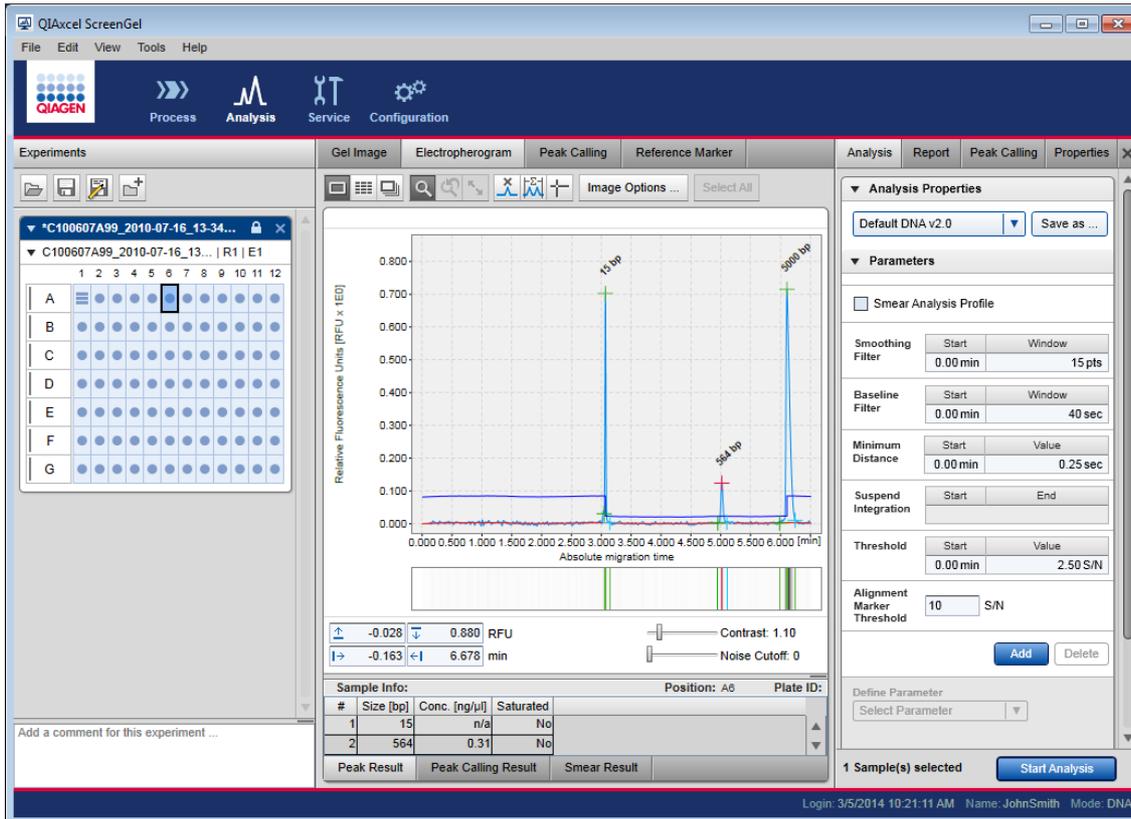
---

## Analisi

L'ambiente **Analysis** (Analisi) fornisce visualizzazioni sofisticate e algoritmi di analisi per gli elettroferogrammi acquisiti dallo QIAxcel Advanced strumento.

Il software fornisce varie viste personalizzabili per i dati grezzi dei campioni, ad esempio una visualizzazione su gel, una vista di un elettroferogramma singolo e una vista di sovrapposizione degli elettroferogrammi. Le viste degli elettroferogrammi mostrano anche i risultati delle analisi, consentendo una rapida valutazione dei risultati.

Gli algoritmi di analisi forniti dal software QIAxcel ScreenGel determinano automaticamente una certa varietà di proprietà di picco. **Gli algoritmi** di analisi possono essere applicati a campioni singoli o a raccolte di campioni (chiamate esperimenti) e possono essere personalizzati dall'utente. È possibile determinare le dimensioni e la concentrazione degli analiti. La modalità **DNA** include funzioni che consentono la valutazione della qualità dei campioni, ad esempio dopo un passaggio di target enrichment in un flusso di lavoro. Queste funzioni includono il controllo della presenza di certe dimensioni di frammenti (individuazione dei picchi) e la determinazione e valutazione della molarità e della distribuzione delle dimensioni dei frammenti di DNA (analisi della distribuzione). La modalità **RNA** fornisce il punteggio di integrità dell'RNA (RNA Integrity Score, RIS) come strumento per valutare in modo obiettivo la qualità dei campioni di RNA eucariotico. Inoltre è possibile calcolare parametri come il rapporto 28S/18S e la concentrazione di RNA totale.



Ambiente Analysis (Analisi) con schermata Electropherogram (Elettroferogramma) attiva, Experiment Explorer (Scorri esperimenti) a sinistra e pannello Analysis (Analisi) a destra.

Il pannello **Experiments** (Esperimenti) a sinistra mostra le funzioni per [Handling samples and experiments](#) (Trattamento di campioni ed esperimenti). Il pannello centrale mostra varie viste grafiche e tabelle di risultati. Per ulteriori informazioni consultare [Visualizzazione dei dati dei campioni](#).

A destra c'è il pannello **Parameters** (Parametri), dove è possibile specificare i parametri di analisi e le opzioni di referto/esportazione.

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters**(Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



## Introduzione all'analisi

Prima di poter avviare una (nuova) analisi, occorre [caricare](#) l'esperimento in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra e i campioni devono essere [visualizzati](#) nell'area centrale. Inoltre i campioni da analizzare dovranno essere [selezionati per l'analisi](#). Per maggiori dettagli consultare le sezioni [Gestione di campioni ed esperimenti](#) e [Visualizzazione dei dati dei campioni](#) e le loro sotto-sezioni.

L'analisi dei campioni si esegue tramite un approccio in due passaggi. Per prima cosa si rilevano i picchi nei dati grezzi. Di conseguenza vengono trovati i picchi dei marcatori di allineamento e sono disponibili le prime ed estremamente basilari proprietà di picco, come inizio e fine del picco, apice del picco come funzione di tempo e area del picco. Dopo il rilevamento dei picchi, è possibile visualizzare e allineare i campioni secondo i picchi dei marcatori di allineamento riscontrati nella [Gel view](#) (Visualizzazione su gel) o nella [Electropherogram overview](#) (Panoramica degli elettroferogrammi). Poiché il rilevamento dei picchi è la base dell'analisi, verificare che i picchi e in particolare i picchi dei marcatori di allineamento siano stati trovati correttamente. Per i dettagli consultare la sezione [Rilevamento dei picchi](#).

Successivamente si determinano le dimensioni dei picchi e le concentrazioni dei picchi mappando i picchi rilevati nel campione in base ai picchi di un marcatore di riferimento, il quale viene creato in base a un marcatore dimensionale usato in questo processo o in un processo precedente. Per usare un marcatore dimensionale da un processo precedente a scopi di analisi, è importante usare la stessa cartuccia, lo stesso metodo, lo stesso strumento e lo stesso marcatore di allineamento. Per le dimensioni e la concentrazione, consultare la sezione [Determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#). Il software consente all'utente di combinare il primo e il secondo passaggio di analisi.

Come opzione è disponibile anche un terzo passaggio di analisi. In base al rilevamento dei picchi e alla determinazione delle dimensioni, si possono usare o l'opzione [Peak Calling](#) (Individuazione dei picchi), o l'opzione [Distribution analysis](#) (Analisi di distribuzione). Queste analisi possono essere usate per verificare se i campioni rispondono a certe aspettative definite.

Seguire le istruzioni fornite in [Analisi dei campioni di DNA](#) e in [Analisi dei campioni di RNA](#) per avere una guida passo a passo sui propri campioni specifici.

È possibile sfruttare i vantaggi dell'elaborazione totalmente automatizzata includendo i passaggi di analisi già presenti nel processo di acquisizione dati. Cominciando dai parametri di analisi forniti inizialmente dal software, personalizzare i parametri in modo che l'analisi dia risultati validi e affidabili per i propri campioni. Salvarli in [Profiles](#) (Profili) e usarli per creare [Process Profiles](#) (Profili di processo) personalizzati totalmente automatizzati.

## Gestione di campioni ed esperimenti

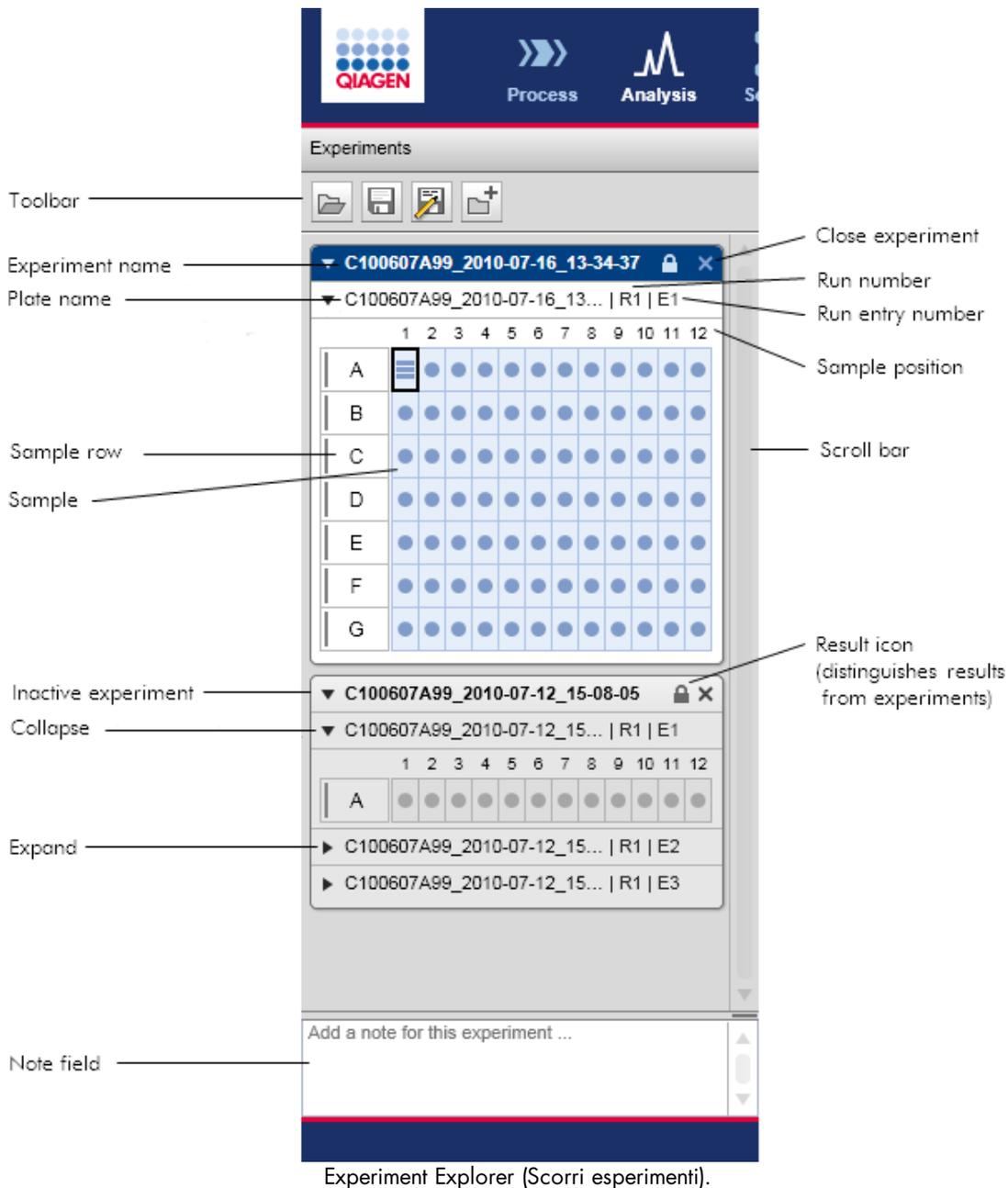
**Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) nell'ambiente **Analysis** (Analisi) visualizza i campioni in modo conciso e fornisce la funzionalità per caricare e gestire i campioni.

Una volta completato un processo, i dati dei risultati vengono salvati in un esperimento. Se è selezionato l'ambiente **Analysis** (Analisi), l'esperimento viene caricato automaticamente in Experiment Explorer (Scorri esperimenti).

Un esperimento raggruppa i campioni per piastre e righe nell'ordine in cui sono stati elaborati. Per informazioni dettagliate consultare la sezione [Parametri di processo e struttura dei risultati](#).

È possibile caricare vari esperimenti, ma può essere attivo un solo esperimento alla volta. I campioni presenti nell'esperimento attivo possono essere visualizzati e analizzati. È possibile inserire una nota per l'esperimento attivo nell'apposito campo, situato nella parte bassa di Experiment Explorer (Scorri esperimenti).

È possibile creare esperimenti personalizzati per combinare dati di risultati di campioni derivanti da esperimenti diversi. Per informazioni dettagliate consultare la sezione [Personalizzazione degli esperimenti](#).



La barra degli strumenti di Experiment Explorer (Scorri esperimenti) contiene i seguenti pulsanti.



Load experiment from disk (Carica esperimento da disco): per informazioni dettagliate consultare la sezione [Caricamento dei dati dei campioni](#).



Save (Salva): salva nel disco l'esperimento attivo. Per informazioni dettagliate consultare la sezione [Salvataggio di un esperimento](#).



Move/rename (Sposta/Rinomina): salva l'esperimento attivo; consente di modificare il nome e la directory. Per informazioni dettagliate consultare la sezione [Salvataggio di un esperimento](#).

**Nota:** questa funzione non crea una copia dell'esperimento.



Create new experiment (Crea nuovo esperimento): per informazioni dettagliate consultare la sezione [Creazione di un nuovo esperimento](#).

Significato delle icone dei campioni

In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti), i campioni sono rappresentati da un pozzetto  e i marcatori dimensionali da una scala .

Questi simboli variano leggermente a seconda dello stato dell'analisi, della visualizzazione e della selezione.

Analizzato	Significato	Non analizzato
	Non visualizzato, non selezionato.	
	Visualizzato, non selezionato.	
	Non visualizzato, selezionato.	
	Visualizzato, selezionato.	

Il campione attivo attuale ha inoltre un margine . Questo campione è visualizzato nella vista dell'elettroferogramma singolo ed è possibile esaminarne le proprietà.

La proprietà **Size Marker** (Marcatore dimensionale)  di un campione può essere modificata tramite il menu contestuale del campione. Usare l'opzione **Size Marker** (Marcatore dimensionale) per attivare.

Successivamente è possibile creare un marcatore di riferimento dai campioni con la proprietà **Size Marker** (Marcatore dimensionale).

## Caricamento dei dati dei campioni

Per caricare i campioni dal disco, procedere come segue.

1. Fare clic su  nella parte superiore di **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
2. Appare una finestra di dialogo che mostra tutti gli esperimenti che sono stati creati nella modalità di processo attuale (ad esempio in modalità DNA non si vedranno gli esperimenti sull'RNA). La navigazione comincia dalla directory aperta più di recente, o altrimenti dalla directory predefinita per l'esperimento. È possibile andare in una directory diversa.

**Nota:** per aprire i risultati di calibrazione, selezionare il percorso che finisce con "[**Calibration Results**]" (Risultati di calibrazione)

3. Selezionare l'esperimento dall'elenco facendo doppio clic su di esso, oppure facendo clic su di esso con il mouse e facendo clic sul file **Load** (Carica).
4. L'esperimento sarà caricato e visualizzato in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

**Nota:** se in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) c'erano esperimenti già caricati, l'esperimento appena aperto sarà visualizzato come l'ultimo esperimento in fondo. Il nuovo esperimento caricato diventerà attivo automaticamente.

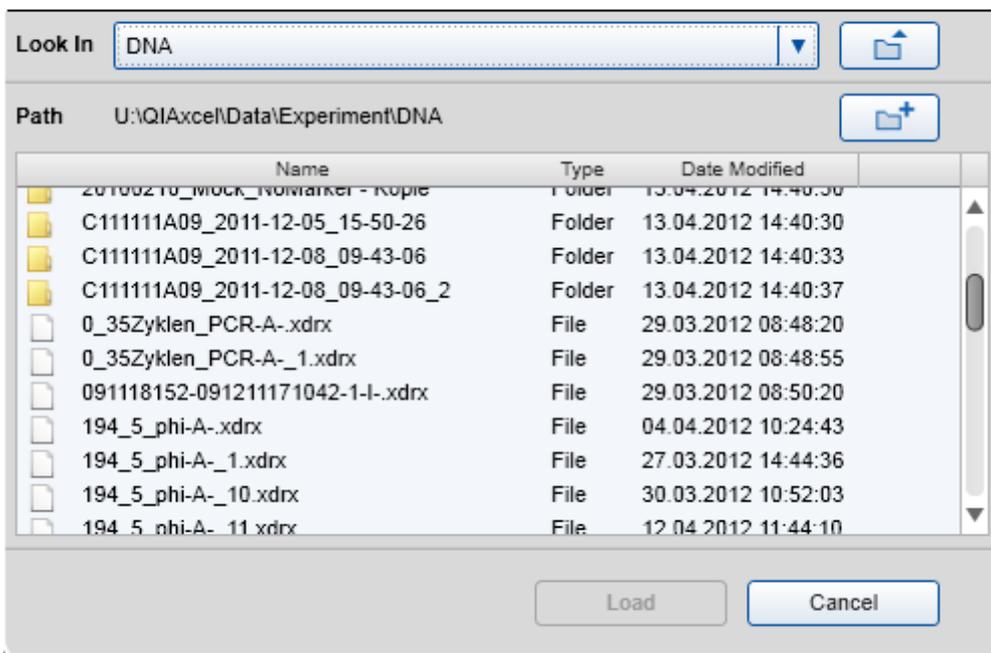
**Nota:** in modalità **DNA**, gli esperimenti caricati che includono l'individuazione dei picchi o l'analisi della distribuzione fanno sì che il software attivi automaticamente le rispettive funzioni di individuazione dei picchi o di analisi della distribuzione.

In alternativa è possibile aprire uno o più esperimenti tramite la funzione drag-and-drop (trascina e rilascia) da Esplora risorse di Windows. Per farlo, andare nella cartella in cui si trovano gli esperimenti da aprire e trascinarli e rilasciarli in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti). Saranno caricati e visualizzati tutti gli esperimenti trascinati e rilasciati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) che possono essere aperti nella modalità definita (ad esempio in modalità DNA possono essere aperti solo gli esperimenti sul DNA). I file che non possono essere aperti dall'applicazione saranno ignorati.

**Nota:** dopo aver completato l'analisi e il referto, chiudere gli esperimenti.



Select experiment to load



Finestra di dialogo del file per caricare un esperimento.

## Rappresentazione di un esperimento sul disco

Un esperimento è rappresentato sul disco come file, con il nome dell'esperimento. L'estensione del file dipende dalla modalità utilizzata per creare l'esperimento (.xdrx per DNA, .xrrx per RNA e, per i dati di calibrazione creati durante la calibrazione della cartuccia, .xcdrx e .xcrrx rispettivamente).

## Caricamento di esperimenti di precedenti versioni del software

Per caricare un esperimento che era stato creato con una versione precedente del software QIAxcel ScreenGel , procedere come sopra descritto. Gli esperimenti caricati saranno convertiti automaticamente nella nuova versione (migrati).

**Nota:** gli esperimenti che erano stati creati dalle precedenti versioni del software in modalità Protein (Proteina) non possono più essere aperti.

**Nota:** un esperimento migrato non può più essere aperto con le precedenti versioni del software.

Nella versione 1.0.x di QIAxcel ScreenGel , un esperimento era rappresentato sul disco come cartella, con il nome dell'esperimento. La cartella conteneva un file con il nome dell'esperimento, che descriveva la struttura dell'esperimento. L'estensione di questo file dipendeva dalla modalità utilizzata per creare l'esperimento (.xdr per DNA, .xrr per RNA, .xcr per i dati di calibrazione creati durante la calibrazione della cartuccia). Inoltre la cartella conteneva vari file, ciascuno dei quali conteneva i dati di una riga di campioni. I nomi dei file erano estesi in base al nome dell'esperimento.

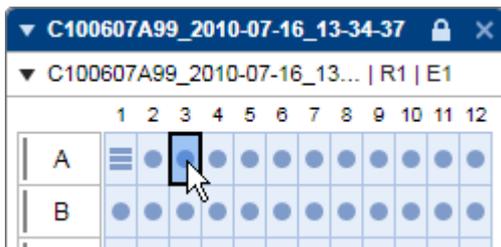
Quando un esperimento creato con la versione 1.0.x del software QIAxcel ScreenGel viene caricato nella versione 1.1 o superiori del software QIAxcel ScreenGel , esso viene convertito automaticamente nella versione più recente (migrato). Dopo aver salvato l'esperimento, la cartella con i file dell'esperimento e dei campioni viene sostituita da un solo file dell'esperimento, con l'opportuna estensione per il nuovo file (vedere sopra).

Quando un esperimento sull'**RNA** creato con la versione 1.0.x del software QIAxcel ScreenGel viene caricato nella versione 1.1 o superiori del software QIAxcel ScreenGel , i criteri di ricerca per il picco 18S e 28S nella tabella dei marcatori di riferimento vengono convertiti automaticamente in un'istruzione di individuazione dei picchi.

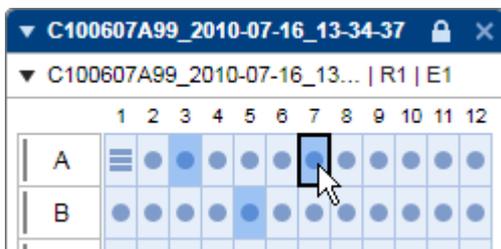
Per caricare esperimenti dal BioCalculator Software, consultare la sezione [Importazione dei dati dal BioCalculator](#).

## Selezione dei campioni

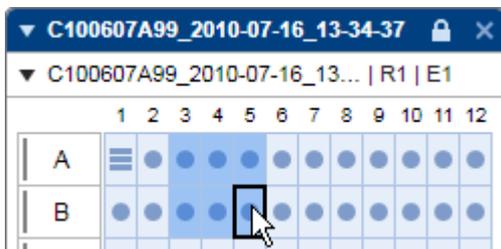
In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) i campioni possono essere selezionati all'interno dell'esperimento attivo. Per maggiori dettagli sull'attivazione di un esperimento, vedere la sezione [Attivazione di un esperimento](#).



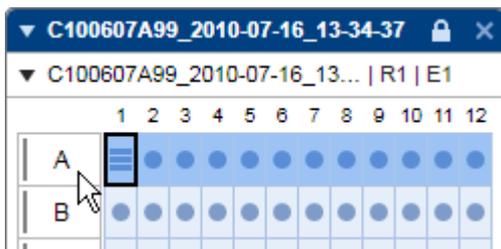
Selezionare un campione individuale facendo clic con il pulsante sinistro del mouse.



Per selezionare campioni singoli multipli, premere contemporaneamente il pulsante **Ctrl** e fare clic con il pulsante sinistro del mouse sui campioni.

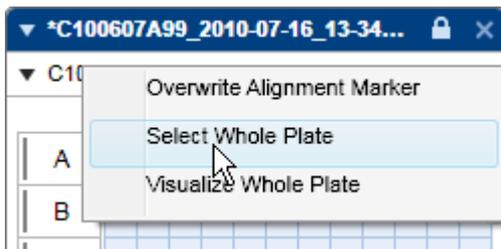


Per selezionare campioni multipli in un'area rettangolare, premere contemporaneamente il pulsante **Maiusc** e — ad esempio — fare clic con il pulsante sinistro del mouse sui campioni A3 e B5.

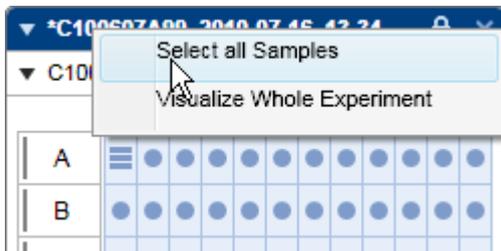


Per selezionare tutti i campioni in una fila, fare clic con il pulsante sinistro del mouse sulla lettera della fila.

Per selezionare file multiple, premere i pulsanti **Ctrl** o **Maiusc** contemporaneamente.



Per selezionare tutti i campioni di una piastra, fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome della piastra e selezionare l'opzione del menu contestuale **Select Whole Plate** (Seleziona piastra intera).



Per selezionare tutti i campioni dell'esperimento, fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome dell'esperimento e selezionare l'opzione del menu contestuale **Select all Samples** (Seleziona tutti i campioni).

Spostare il focus facendo clic con il pulsante sinistro del mouse su un campione. Durante la selezione dei campioni, il focus è sull'ultimo campione selezionato.

Se è necessario selezionare campioni di esperimenti diversi, creare un nuovo esperimento personalizzato contenente tali campioni. Per maggiori dettagli sugli esperimenti personalizzati, vedere la sezione [Personalizzazione degli esperimenti](#).

## Selezione dei campioni per analisi o referto

In questa sezione è pertinente la selezione all'interno della vista — non la selezione in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti). La selezione dei campioni dipende dalla vista. Le descrizioni sono fornite di seguito:

Vista	Selezione campione singolo	Selezione campione multiplo
Immagine gel	Selezionare un campione singolo facendo clic sul titolo della colonna del gel del campione. La selezione di un campione per l'analisi in Experiment Explorer (Scorri esperimenti) non è possibile in questo ambiente.	La selezione di campioni multipli può essere eseguita facendo clic sui titoli della colonna del gel mediante il pulsante <b>Maiusc</b> or <b>Ctrl</b> (proprio come in Windows Explorer). In alternativa, è possibile selezionare tutte le colonne del gel visualizzate facendo clic sul pulsante Seleziona tutto nella barra delle applicazioni.
Elettroferogramma singolo	Selezionare un campione singolo in Experiment Explorer (Scorri esperimenti). In questa vista, il campione visualizzato verrà analizzato.	Non possibile in questa vista.
Panoramica degli elettroferogrammi	Selezionare un campione singolo facendo clic sull'elettroferogramma del campione. La selezione di un campione per l'analisi in Experiment Explorer (Scorri esperimenti) non è possibile in questo ambiente.	La selezione di campioni multipli può essere eseguita facendo clic sugli elettroferogrammi mediante il pulsante <b>Maiusc</b> or <b>Ctrl</b> (proprio come in Windows Explorer). In alternativa, è possibile selezionare tutti gli elettroferogrammi facendo clic sul pulsante Seleziona tutto nella barra delle applicazioni.
Sovrapposizione elettroferogramma	Non possibile in questa vista.	Tutti i campioni inclusi nel diagramma sono selezionati automaticamente.

## Espansione e ridimensionamento

Per una panoramica migliore, è possibile ridimensionare esperimenti o piastre, indipendentemente dal fatto che l'esperimento sia attivo o meno.

Per ridimensionare un esperimento, procedere come segue.

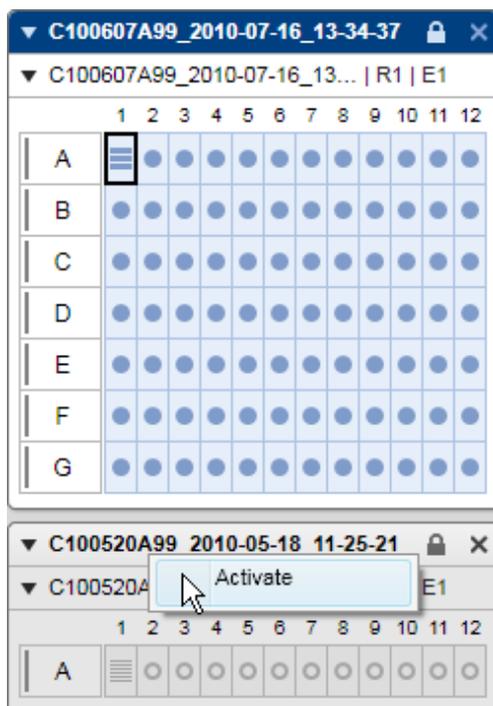
1. Fare clic su ▼ a sinistra del nome dell'esperimento. L'intero esperimento si ridimensiona al nome dell'esperimento soltanto.
2. Fare clic su ► per espanderlo di nuovo.

**Nota:** è possibile ridimensionare una singola piastra all'interno di un esperimento facendo clic su ▼ a sinistra del nome della piastra. La piastra si ridimensiona al nome della piastra soltanto. Fare clic su ► per espanderla di nuovo.

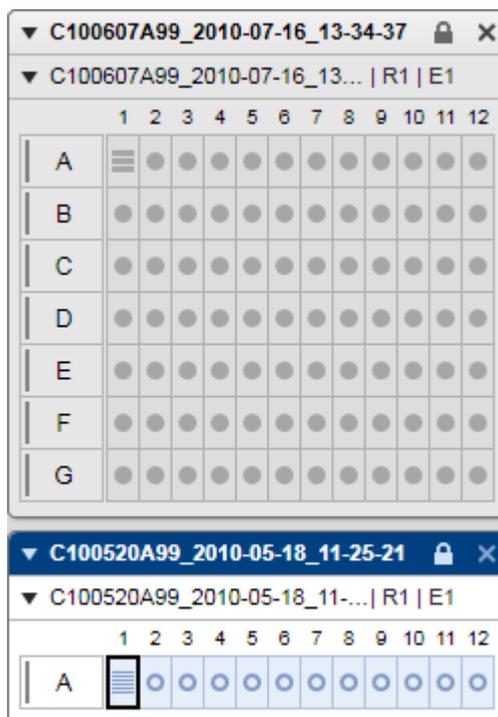
## Attivazione di un esperimento

È possibile attivare un solo esperimento alla volta. È possibile visualizzare e analizzare i campioni nell'esperimento attivo.

Per attivare un esperimento in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti), fare clic sull'esperimento con il pulsante destro del mouse e selezionare **Attiva** nel menu contestuale, oppure fare doppio clic sul titolo dell'esperimento.



Attivazione di un esperimento tramite il menu contestuale.



Ora l'esperimento è attivo.

L'esperimento precedentemente attivo sarà disattivato automaticamente. Se questo esperimento è stato modificato, il sistema chiede se si desidera salvare o meno le modifiche. Fare clic su **Yes (Sì)** per salvare o su **No** per eliminare le modifiche. Selezionare **Cancel (Annulla)** per annullare l'attivazione. Per maggiori informazioni sul salvataggio degli esperimenti, consultare la sezione [Salvataggio di un esperimento](#).

**Nota:** gli esperimenti eseguiti con versioni più vecchie del software non possono essere disattivati, ma saranno chiusi se si attiva un altro esperimento. Per evitare questo, salvare tali esperimenti nel nuovo formato. Si noti tuttavia che una volta salvati con la nuova versione del software, gli esperimenti non potranno più essere aperti con le vecchie versioni.

**Nota:** in modalità DNA, gli esperimenti attivati che includono l'individuazione dei picchi o l'analisi della distribuzione fanno sì che il software attivi automaticamente le rispettive funzioni di individuazione dei picchi o di analisi della distribuzione.

## Salvataggio di un esperimento

Per salvare l'esperimento attivo sul disco, fare clic sul pulsante **Save (Salva)**  sulla parte superiore di **Experiment Explorer**(Scorri esperimenti).

Tutte le modifiche eseguite su questo esperimento verranno salvate, come specificato nelle impostazioni. Ciò include i risultati delle analisi, nonché le informazioni sulla configurazione della visualizzazione.

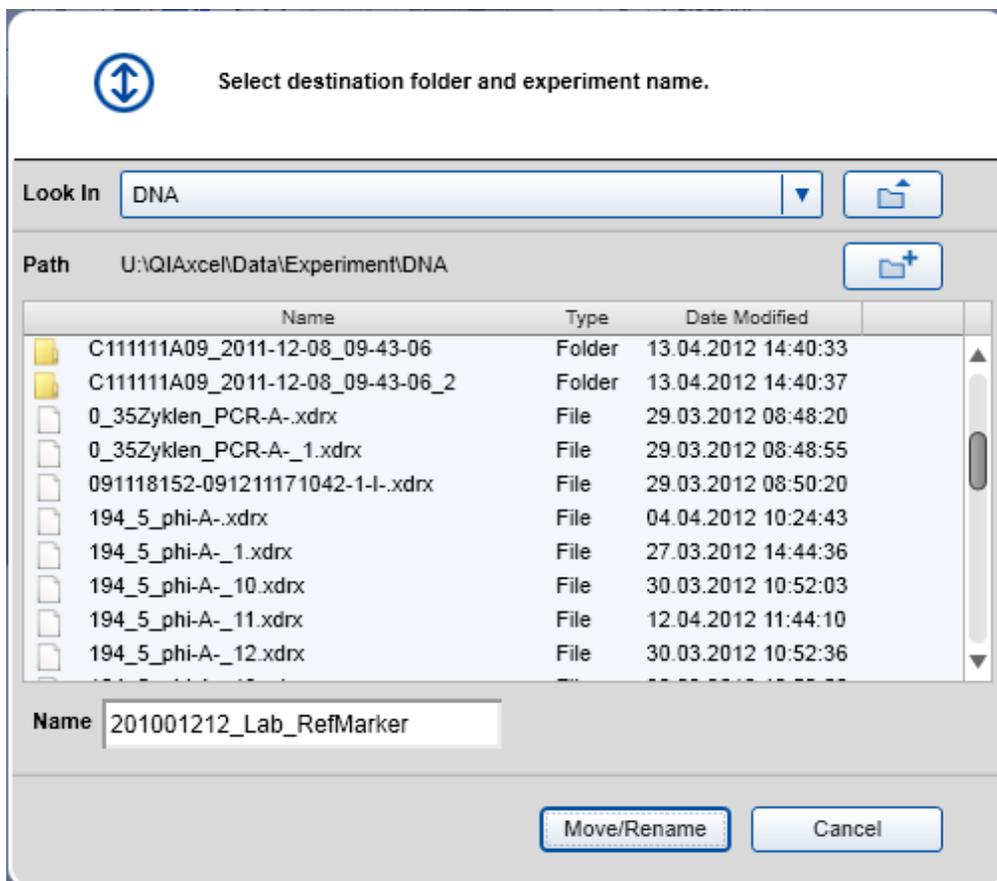
**Nota:** i dati dei campioni non possono essere salvati singolarmente.

Se si desidera salvare l'esperimento attivo in un'altra directory, usare il pulsante **Move/rename**

(Sposta/rinomina) . Si aprirà così una finestra di dialogo del file per scegliere una diversa directory e un diverso nome dell'esperimento.

**Nota:** per evitare ridondanza di dati, il file del precedente esperimento verrà eliminato.

La stessa finestra di dialogo del file si apre se l'esperimento era stato [creato](#) in experiment explorer (scorri esperimenti) e non ancora salvato su disco.



La finestra di dialogo file per il salvataggio di un esperimento.

La finestra di dialogo file consente la navigazione nelle directory del disco, la creazione di una nuova directory e permette all'utente di scegliere il nuovo nome dell'esperimento. L'appropriata estensione del file verrà aggiunta automaticamente.

**Nota:** il nome dell'esperimento è limitato a 40 caratteri.

Informazioni archiviate nell'esperimento

Le seguenti informazioni sono archiviate nell'esperimento:

- Struttura dell'esperimento
- Informazioni di visualizzazione: visualizzazione stato dei campioni (non per sovrapposizione), ordine dei campioni nella visualizzazione.

Le seguenti informazioni vengono salvate in ciascun campione dal momento che possono differire da campione a campione:

- **Informazioni di processo:** tutti i parametri di processo, incluse le informazioni sulla cartuccia, i parametri del metodo utilizzato, il tempo di iniezione campioni, e il tempo di separazione. Le informazioni di processo sono archiviate immediatamente dopo la fine del processo e non verranno successivamente modificate.
- **Informazioni di analisi,** se il campione è stato analizzato; includono i parametri di analisi, la tabella dei marcatori di riferimento utilizzata durante l'analisi, e le informazioni sull'individuazione dei picchi.

Per maggiori dettagli sui campioni, fare riferimento alla sezione [Ispezione proprietà dei campioni](#). Per dettagli sulle impostazioni e sulla configurazione della directory, fare riferimento alla sezione [Impostazioni](#).

### Chiusura di un esperimento

È possibile chiudere un esperimento facendo clic su **X** a destra del nome dell'esperimento, indipendentemente dal fatto che l'esperimento sia attivo o meno.

Se l'esperimento è stato modificato, il sistema chiede se si desidera salvare o meno le modifiche. Fare clic su **Yes (Sì)** per salvare o su **No** per eliminare le modifiche. Selezionare **Cancel (Annulla)** per annullare la chiusura.

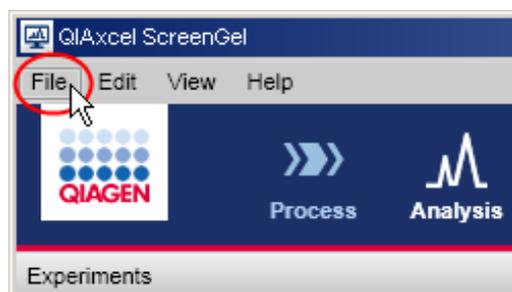
Per maggiori dettagli sul salvataggio degli esperimenti, consultare la sezione [Salvataggio di un esperimento](#).

### Importazione dei dati dal BioCalculator

I file dati del software BioCalculator (la versione del software QIAxcel precedente al software QIAxcel ScreenGel ) possono essere importati nel software QIAxcel ScreenGel .

Procedere come segue:

1. Selezionare **Import BioCalculator Data** (Importa dati da Biocalculator) dal menu **File**.



Apertura del menu File.

**Nota:** questa opzione di menu è disponibile solo in ambiente **Analysis** (Analisi).

- 
2. Appare una finestra di dialogo che consente la selezione dei file dati di BioCalculator da importare. In linea di massima la navigazione inizia dalla directory di importazione di BioCalculator usata più di recente o dalla directory **My Documents** (Documenti) dell'utente. Andare sulla directory da cui saranno importati i file dati di BioCalculator. Usare il tipo di file per filtrare.

3. Selezionare dall'elenco i file da importare e fare clic su **Import** (Importa).

**Nota:** i file di tipo .hff possono essere importati solo uno alla volta. I file di tipo .hda a cui si riferisce il file .hff selezionato si prevede che siano posizionati nella stessa cartella del file .hff.

**Nota:** cambiare il tipo di file in **HDA**, per selezionare vari file .hda.

4. I file saranno convertiti e visualizzati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

Se è stato selezionato un file .hff file, si creerà un esperimento contenente tante righe e tanti campioni quanti ve ne sono nel file .hff. Le ripetizioni saranno rappresentate da piastre separate.

L'esperimento sarà salvato nella directory predefinita per gli esperimenti, secondo quanto definito nelle [User settings](#) (Impostazioni utente).

**Nota:** se vi sono righe incomplete, le posizioni per campioni vuote rimangono vuote.

**Nota:** se ci si riferisce a una posizione per campioni varie volte, si generano anche piastre separate.

**Nota:** se in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) c'erano esperimenti già caricati, il nuovo esperimento aperto sarà visualizzato come l'ultimo esperimento in fondo. Questo esperimento diventa attivo automaticamente.

**Nota:** se la modalità (DNA o RNA) dei file selezionati è diversa dalla modalità attuale, i file non possono essere importati.

5. [Visualizzare](#) i campioni.

**Nota:** per vedere i parametri di analisi importati e la tabella dei marcatori di riferimento nella scheda dei parametri di analisi, fare clic con il pulsante destro del mouse su un campione in Experiment Explorer (Scorri esperimenti) e selezionare l'opzione **Transfer Analysis Instructions** (Trasferisci istruzioni di analisi) dal menu contestuale.

Per caricare un esperimento che è stato creato con il software QIAxcel ScreenGel , usare la funzione **Load** (Carica) come descritto nella sezione [Caricamento dei dati dei campioni](#).

## Revisione delle informazioni sui campioni

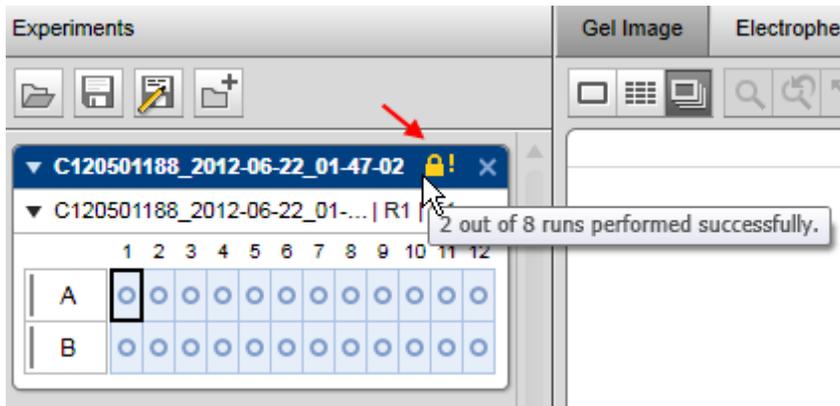
Per revisionare le informazioni sui campioni o i commenti sui campioni dopo il processo, selezionare il campione in experiment explorer (scorri esperimenti), fare clic con il pulsante destro del mouse sul campione e selezionare l'opzione menu contestuale **Revise Sample Information** (Revisiona informazioni sui campioni) o **Sample Comment**(Commenta campioni). Inserire le nuove informazioni e/o commenti sui campioni nella finestra di dialogo apparsa.

**Nota:** L'opzione del menu contestuale **Revise Sample Information** (Revisiona informazioni sui campioni) o **Sample Comment** (Commenta campioni) è attivata solo se l'utente ha il diritto di revisionare le informazioni sui campioni. L'amministratore può concedere il diritto nella [Gestione utenti](#).

**Nota:** Il referto indicherà che un nome campione o un commento è stato revisionato.

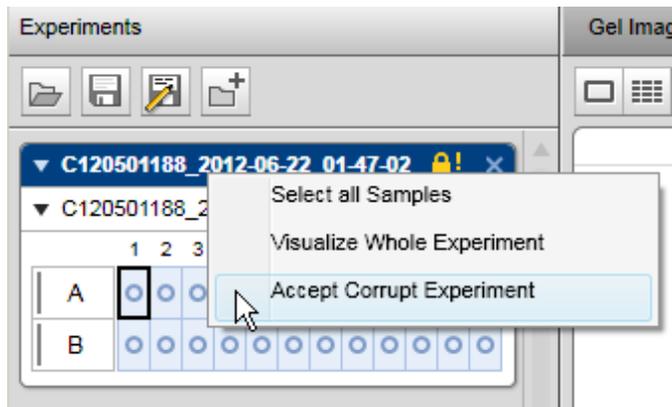
## Gestione di un esperimento incompleto

Un esperimento può essere incompleto se durante l'acquisizione dei dati il processo si è interrotto. Questo viene indicato in Experiment Explorer (Scorri esperimenti) tramite l'icona di un blocco giallo. Passare il mouse sopra l'icona del blocco per visualizzare un tooltip contenente ulteriori informazioni.



Esperimento incompleto.

È possibile rimuovere questa icona dall'esperimento (ad esempio, perché si è riusciti a rielaborare con successo i processi mancanti). Fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome dell'esperimento e selezionare l'opzione del menu contestuale **Accept Corrupt Experiment** (Accetta esperimento corrotto).



Accettare un esperimento incompleto.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo per gli utenti che possiedono questo diritto (in base al loro ruolo utente). L'amministratore può concedere il diritto e può accettare gli esperimenti incompleti tramite il sistema **User Management** (Gestione utenti).

Il referto conterrà informazioni sul processo incompleto e sull'accettazione nella sezione della panoramica dei referto.

## Visualizzazione dati dei campioni

L'ambiente **Analysis** (Analisi) offre diverse opzioni per la visualizzazione dei dati non elaborati e dei risultati di analisi:

- Una vista gel, che può visualizzare diversi campioni — vedere [Vista gel](#).
- Una vista singola dell'elettroferogramma, che visualizza un campione singolo insieme con i suoi risultati di analisi — vedere [Vista dell'elettroferogramma](#).
- Una panoramica dell'elettroferogramma, che visualizza diversi elettroferogrammi in una galleria — vedere [Panoramica degli elettroferogrammi](#).
- Una vista di sovrapposizione dell'elettroferogramma, che visualizza diversi elettroferogrammi in un grafico — vedere [Vista di sovrapposizione dell'elettroferogramma](#).

Tutte le viste consentono l'esplorazione dei dati ingrandendoli e ridimensionandoli.

## Aggiunta di campioni alle viste

**Nota:** è possibile visualizzare un massimo di 97 campioni alla volta nella visualizzazione su gel e nella panoramica degli elettroferogrammi. Se si raggiunge tale limite, la visualizzazione di ulteriori campioni è disabilitata.

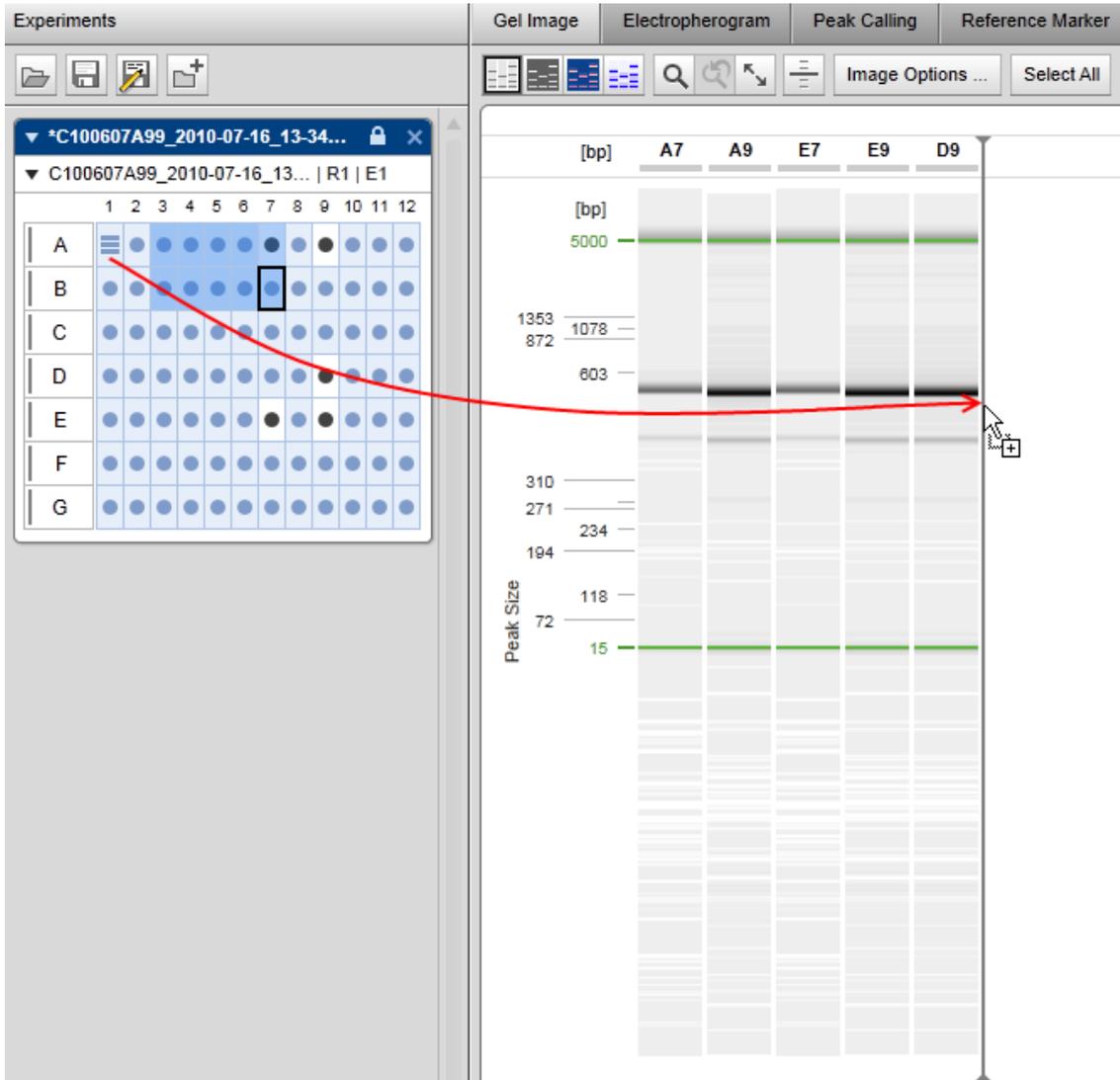
È possibile aggiungere campioni a una vista trascinando i campioni da **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti):

- alla visualizzazione su gel
- alla panoramica degli elettroferogrammi
- alla vista di sovrapposizione degli elettroferogrammi (vedere descrizione alla fine di questa sezione)

Procedere come segue:

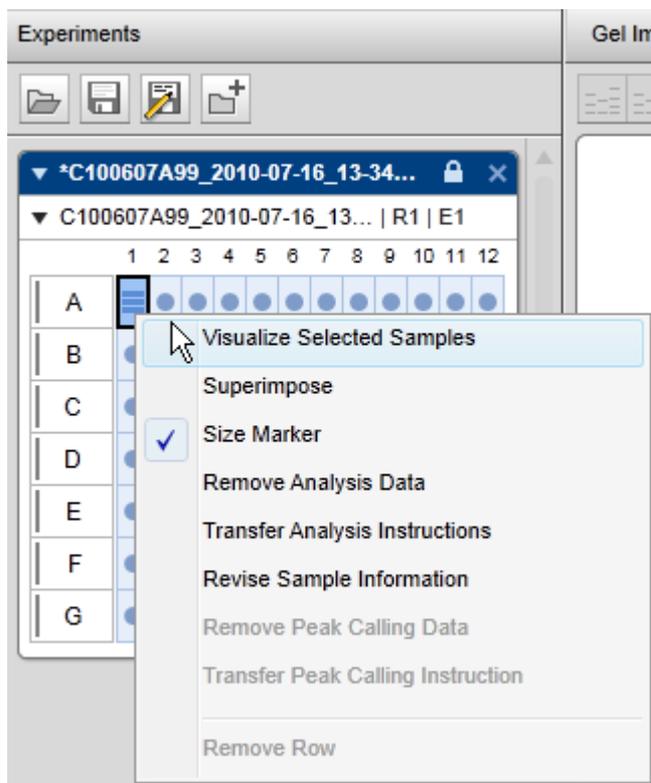
1. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) selezionare i campioni da visualizzare.
2. Fare clic con il pulsante sinistro del mouse sui campioni selezionati, trascinarli nella vista e rilasciare il pulsante. Tutti i campioni selezionati saranno visualizzati nella vista.

**Nota:** nella visualizzazione su gel e nella panoramica degli elettroferogrammi appare un marcatore che indica la posizione al momento del rilascio. Tutti i campioni saranno visualizzati nella posizione selezionata. Vedere anche [Variazione dell'ordine delle colonne](#).



Trascinamento del campione A1 nell'immagine gel, a destra di D9.

In alternativa è possibile aggiungere campioni alle viste tramite il menu contestuale dei campioni che si apre in Experiment Explorer (Scorri esperimenti). Utilizzare l'opzione **Visualize Selected Samples** (Visualizza campioni selezionati) per aggiungere i campioni selezionati alle viste.



Visualize selected samples (Visualizza campioni selezionati).

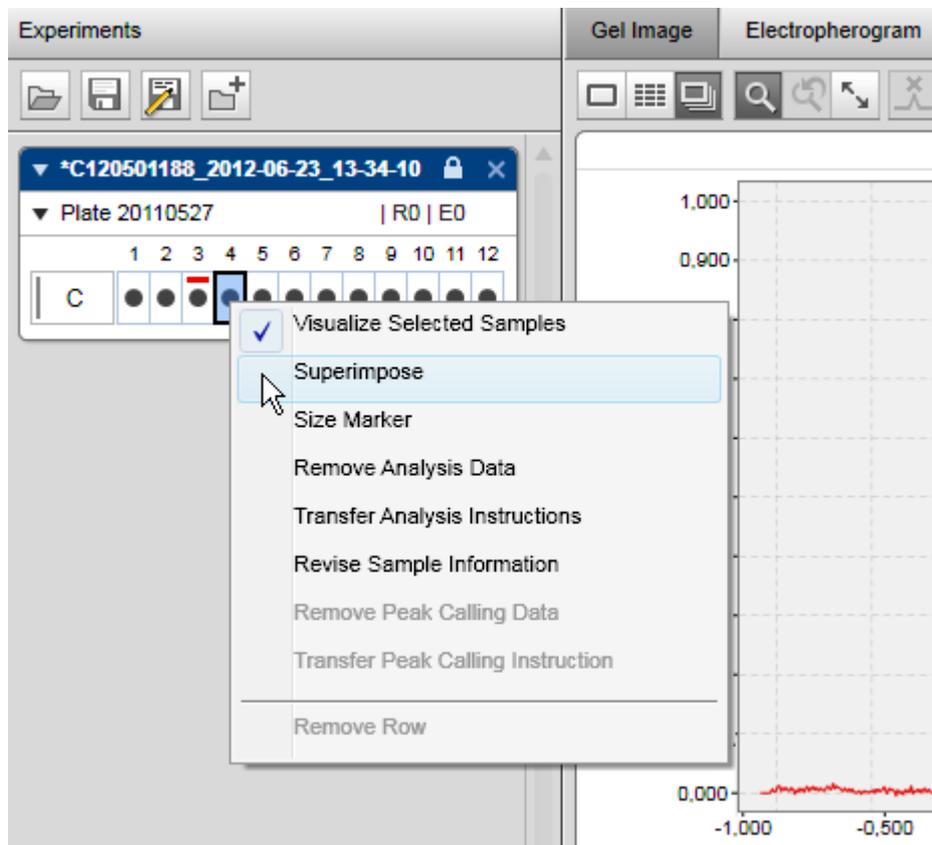
Infine, per visualizzare una piastra, fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome della piastra e selezionare l'opzione del menu contestuale **Visualize Whole Plate** (Visualizza piastra intera). Per visualizzare l'intero esperimento, fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome dell'esperimento e selezionare l'opzione del menu contestuale **Visualize Whole Experiment** (Visualizza intero esperimento).

A differenza delle altre viste, la **vista di sovrapposizione** non visualizza automaticamente tutti i campioni selezionati per la visualizzazione.

**Per aggiungere campioni alla vista di sovrapposizione, procedere come segue:**

1. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) selezionare i campioni da aggiungere.
2. Aprire il menu contestuale dei campioni selezionati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

3. Selezionare l'opzione **Superimpose** (Sovrapponi).



Aggiunta del campione C4 alla sovrapposizione.

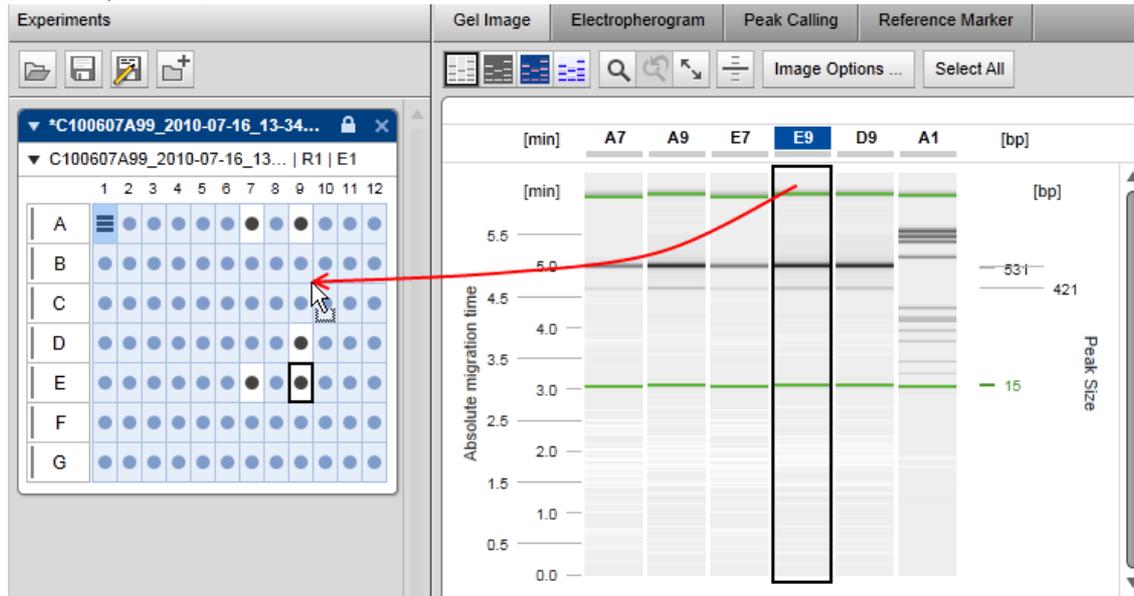
I campioni selezionati saranno aggiunti alla vista di sovrapposizione. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) tutti i campioni che sono mostrati nella vista di sovrapposizione sono contrassegnati da un rettangolo colorato, corrispondente al loro colore nella sovrapposizione.

**Nota:** è possibile sovrapporre un massimo di 12 elettroferogrammi. Se si supera il limite, appare un messaggio di avvertenza.

In alternativa, trascinare e rilasciare fino a 12 campioni selezionati da **Experiment explorer** (Scorri esperimenti) alla **vista di sovrapposizione**.

## Rimozione dei campioni dalle viste

I campioni possono essere rimossi dalle viste riportando i campioni selezionati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) trascinandoli via dalla vista

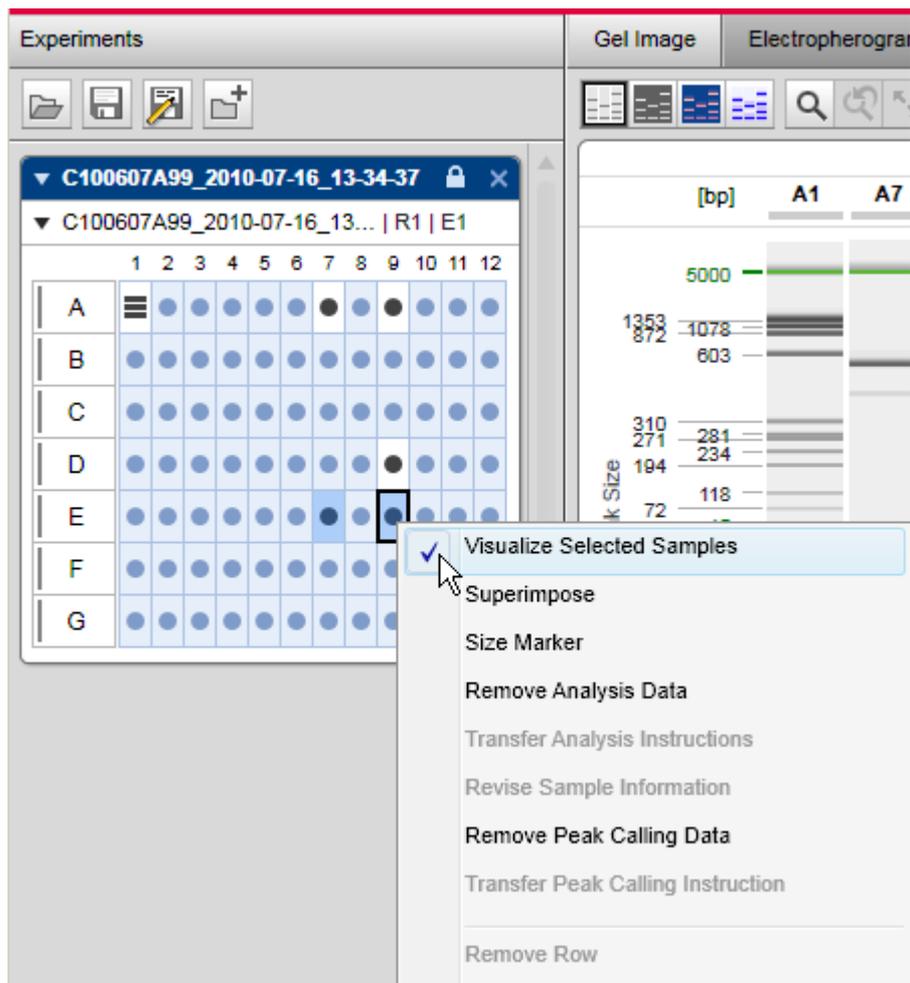


Rimozione dei campioni E7 ed E9 dall'immagine gel.

**Nota:** I campioni possono essere collocati in qualunque punto dell'**Experiment Explorer**.

In alternativa, utilizzare il menu contestuale dei campioni in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

1. Selezionare i campioni che non devono essere più visualizzati.
2. Cliccare con il pulsante destro del mouse su un campione selezionato e deselezionare l'opzione **Visualize Selected Samples** (Visualizza campioni selezionati).



Rimozione dei campioni E7 ed E9 tramite il menu contestuale.

Infine, se sono visualizzati un'intera piastra o un intero esperimento, è possibile rimuovere tutti i campioni dalla vista. Fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome della piastra o sul nome dell'esperimento e deselezionare l'opzione **Visualize Whole Plate** (Visualizza piastra intera) o **Visualize Whole Experiment** (Visualizza esperimento intero) dall'appropriato menu contestuale.

**Per rimuovere i campioni dalla vista di sovrapposizione**, procedere come segue:

1. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) selezionare i campioni da rimuovere.
2. Aprire il menu contestuale dei campioni selezionati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
3. Deselezionare l'opzione **Superimpose** (Sovrapponi).

### Esportazione delle viste negli appunti

Le viste dei campioni possono essere copiate negli appunti.

1. Selezionare le colonne/elettroferogrammi da copiare (nella [visualizzazione su gel](#) o nella [panoramica degli elettroferogrammi](#)).

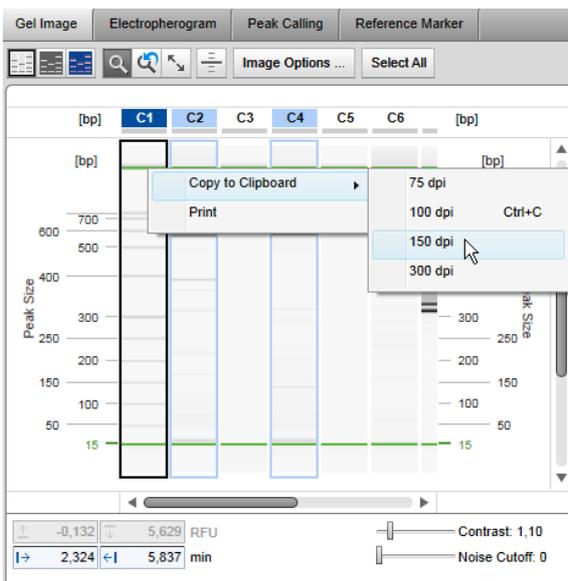
- Fare clic con il pulsante destro del mouse sul campione selezionato e selezionare la risoluzione desiderata per l'immagine dalla voce menu **Copy to clipboard** (Copia negli appunti).
- Passare all'applicazione in cui si desidera che appaia la vista e incollare.

**Nota:** per copiare negli appunti le immagini selezionate è possibile usare il pulsante di scelta rapida **Ctrl+C**. Tenere presente che l'uso del pulsante di scelta rapida è applicabile al valore di risoluzione predefinito (96 dpi) ma non all'ultimo valore usato.

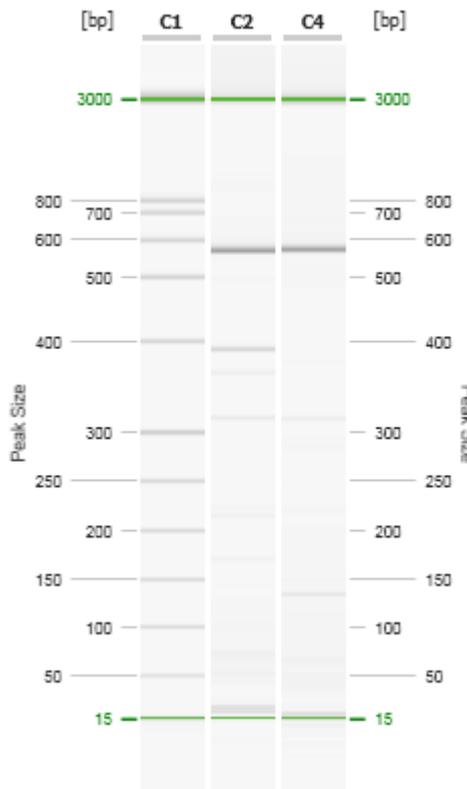
**Nota:** quando si copia l'immagine in un'applicazione, verificare che impieghi la giusta risoluzione. QlAxcel ScreenGel mette sugli appunti la matrice di pixel che è stata adattata per la risoluzione desiderata (ciò significa che l'immagine possiede le dimensioni in pixel appropriate). L'applicazione in cui viene copiata l'immagine deve essere in grado di interpretare correttamente queste informazioni.

**Nota:** i campioni che sono stati copiati negli appunti hanno le stesse impostazioni immagine della vista della visualizzazione (come tavolozza colori, contrasto, esclusione rumore e fattore di zoom).

**Nota:** nella vista [di un elettroferogramma singolo](#) e [nella vista degli elettroferogrammi sovrapposti](#), se nella visualizzazione sono presenti la colonna gel e il diagramma del canale C, saranno anch'essi copiati negli appunti. Se la colonna gel e il diagramma del canale C vengono nascosti, allora negli appunti saranno copiati soltanto i campioni. È possibile accedere al menu pop-up **Copy to clipboard** (Copia negli appunti) anche dalla colonna gel e dal diagramma del canale C.



Copiare negli appunti l'immagine gel dei campioni C1, C2 e C4 selezionati.



C1, C2 e C4 incollati.

## Vista stampa diretta

È possibile stampare direttamente le immagini dei campioni selezionati.

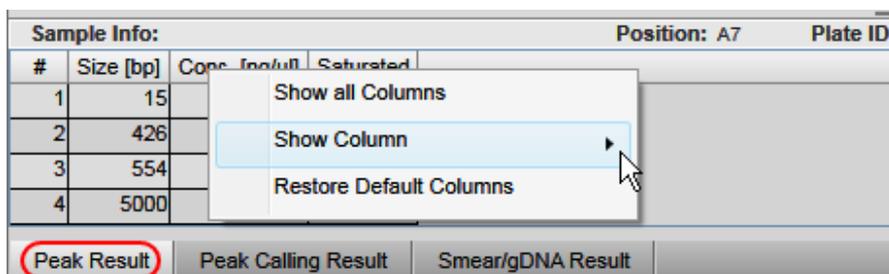
1. Selezionare le colonne/elettroferogrammi da stampare.
2. Fare clic con il pulsante destro del mouse sul campione selezionato e nel menu contestuale selezionare la voce **Print** (Stampa).

Questa funzione funziona in modo simile alla funzione "copying to clipboard" (copia negli appunti) con la risoluzione immagine predefinita; i campioni selezionati saranno inviati alla stampante predefinita. Hanno le stesse impostazioni immagine della vista della visualizzazione (come contrasto, esclusione rumore e fattore di zoom).

L'immagine inviata alla stampante è identica all'immagine che si copierebbe negli appunti; se sono visualizzati la colonna gel e il diagramma del canale C nella [vista di un elettroferogramma singolo](#) e nella [vista di sovrapposizione degli elettroferogrammi](#), vengono stampati anch'essi.

## Tabella dei risultati

La tabella dei risultati di analisi di un campione è visualizzata nell'ambiente **Analysis** (Analisi) sotto alle viste dell'elettroferogramma o alla vista gel. Le informazioni e il commento sul campione (se inserito), la posizione del campione sulla piastra e l'ID piastra sono visualizzati in cima alla tabella dei risultati. Quando viene selezionato un campione analizzato, i risultati sono mostrati nella tabella dei risultati. Le colonne visualizzate dipendono dalla modalità. Fare clic con il pulsante destro del mouse sulla riga del titolo della tabella, selezionare **Show column** (Mostra colonna), e quindi selezionare la proprietà interessata.



The screenshot shows a software window titled "Sample Info:" with a sub-header "Position: A7 Plate ID:". Below this is a table with columns: "#", "Size [bp]", "Cone. Inq/ult.", and "Saturated". The table contains four rows of data:

#	Size [bp]	Cone. Inq/ult.	Saturated
1	15		
2	426		
3	554		
4	5000		

Below the table is a row of buttons: "Peak Result" (circled in red), "Peak Calling Result", and "Smear/gDNA Result". A context menu is open over the table, showing three options: "Show all Columns", "Show Column" (highlighted with a mouse cursor), and "Restore Default Columns".

Tabella dei risultati DNA.

La tabella **Peak Result** (Risultati dei picchi) elenca i picchi rilevati del campione. Utilizzare questa tabella dei risultati per l'[analisi di DNA standard](#), per l'[analisi rapida dei campioni di DNA](#) e per l'[analisi di RNA](#). Fare riferimento alla sezione [Colonne dei risultati dei picchi](#) per informazioni dettagliate sulle proprietà dei picchi disponibili.

La tabella **Peak Calling Result** (Risultati dell'individuazione dei picchi) elenca i risultati dell'individuazione dei picchi del campione. Utilizzare questa tabella dei risultati anche per il [controllo della qualità RNA](#). Fare riferimento alla sezione [Colonne dei risultati dell'individuazione dei picchi](#) per informazioni dettagliate.

In modalità **DNA**, la tabella **Smear/gDNA Result** (Risultati striscio/gDNA) elenca i picchi di striscio rilevati del campione e mostra le proprietà specifiche per i picchi di striscio. I picchi di striscio sono rilevati solo quando l'opzione del profilo di analisi **Smear** (Striscio) o **gDNA** è stata selezionata nel riquadro **Analysis Properties** (Proprietà di analisi) a destra dell'ambiente **Analysis** (Analisi) ([Analisi striscio di DNA](#), [Analisi gDNA](#)). Fare riferimento alla sezione [Colonne dei risultati dello striscio](#) per informazioni dettagliate sulle proprietà dei picchi di striscio.

Se è stata eseguita un'analisi di distribuzione sulla modalità **DNA**, la tabella dei risultati di **distribuzione** è visibile al posto della tabella **Peak Calling Result** (Risultato dell'individuazione dei picchi). Fare riferimento a [Colonne dei risultati di distribuzione](#) per informazioni dettagliate.

**Nota:** L'individuazione dei picchi e l'analisi di distribuzione generano una tabella dei risultati supplementare nel riquadro centrale dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per maggiori informazioni, fare riferimento a [Individuazione dei picchi](#) o [Risultati di distribuzione](#), rispettivamente.

## Modifica di una tabella dei risultati

Le informazioni visualizzate nella tabella dei risultati possono essere personalizzate per la vista singola e la panoramica dell'elettroferogramma indipendentemente. La personalizzazione si applica a tutte le successive visualizzazioni dei risultati.

**Nota:** nella vista di sovrapposizione dell'elettroferogramma, viene visualizzata una piccola tabella dei risultati non personalizzabile.

## Aggiunta di una colonna

Per aggiungere una colonna:

1. Fare clic con il pulsante destro sul titolo della tabella.
2. Selezionare la colonna da visualizzare dalla selezione **Show Column** (Mostra colonna).

**Nota:** selezionare l'opzione **Show all Columns** (Mostra tutte le colonne) per visualizzare tutte le colonne. Selezionare l'opzione **Restore Default Columns** (Ripristina colonne predefinite) per visualizzare il valore predefinito dell'applicazione.

## Eliminazione di una colonna

Per nascondere una colonna:

1. Fare clic con il pulsante destro sul titolo della colonna.
2. Deselezionare la colonna dalla selezione **Show Column** (Mostra colonna).

## Modifica dell'ordine delle colonne

L'ordine delle colonne visualizzate può essere modificato trascinando un titolo colonna nella posizione desiderata. Durante il trascinamento, viene visualizzato un marcatore che indica la posizione della colonna quando la si rilascia.

**Nota:** le colonne delle tabelle dei risultati di individuazione e distribuzione dei picchi non possono essere riordinate.

### Ridimensionamento dell'ampiezza delle colonne

L'ampiezza delle colonne può essere modificata trascinando un bordo della cella verticale nel titolo della tabella.

**Nota:** l'ampiezza delle colonne delle tabelle dei risultati di individuazione e distribuzione dei picchi non possono essere modificate.

### Interazione con la tabella dei risultati

#### Selezione e rimozione di un picco

Quando si seleziona un picco nella tabella dei risultati, il picco viene evidenziato nell'elettroferogramma (vista dell'elettroferogramma singolo e panoramica degli elettroferogrammi). Per selezionare un picco nella tabella dei risultati, fare clic sul numero del picco con il pulsante sinistro del mouse nella colonna # (n.). Per deselegionare il picco, usare l'opzione **Unselect Peak** (Deseleziona picco) del menu contestuale oppure fare semplicemente clic su un'altra cella. Per rimuovere il picco selezionato dalla tabella dei risultati, usare l'opzione **Delete Selected Peak** (Elimina picco selezionato) del menu contestuale. Per rimuovere vari picchi selezionati dalla tabella dei risultati, selezionare i picchi da eliminare tenendo premuto il pulsante **Ctrl** e facendo clic sui numeri dei picchi corrispondenti nella colonna # (n.). In alternativa, tenere premuto il pulsante **Maiusc** e fare clic sul primo e sull'ultimo numero di picco con il pulsante sinistro del mouse nella colonna # (n.). Così si selezioneranno tutti i picchi nel mezzo. Fare clic sulla selezione con il pulsante destro del mouse e poi fare clic su **Delete Selected Peaks** (Elimina picchi selezionati).

#### Esportazione dei risultati di analisi

I contenuti della tabella dei risultati possono essere esportati in altre applicazioni tramite gli appunti di Windows. Vi sono vari modi per selezionare le celle della tabella.

- Selezionare le celle con il mouse tenendo premuto il pulsante sinistro del mouse.
- Fare clic sulla prima colonna di una riga per selezionare una riga. È anche possibile selezionare varie colonne tramite il pulsante **Maiusc** e il pulsante **Ctrl**.
- Fare clic sull'intestazione della colonna per selezionare una colonna.
- Fare clic sull'intestazione della prima colonna per selezionare tutte le celle.

Per copiare la selezione, procedere come segue.

1. Selezionare la/e cella/e.
2. Fare clic sulla cella selezionata con il pulsante destro del mouse.
3. Fare clic su **Copy selected cells to clipboard** (Copia celle selezionate negli appunti).
4. Incollare i dati in altre applicazioni, ad esempio in Microsoft Excel<sup>®</sup>.

**Nota:** i dati dei risultati vengono esportati tramite le impostazioni locali del sistema Windows. Verificare che anche l'applicazione di destinazione utilizzi le impostazioni locali per interpretare i numeri.

## Colonne dei risultati dei picchi

Sono disponibili le seguenti colonne:

#	Numero di picchi nel campione
Dimensione [bp]	Solo <b>per</b> modalità DNA. Dimensione frammento in coppie di basi.
Dimensione [nt]	Solo per modalità <b>RNA</b> . Dimensione frammento in nucleotidi
Conc. [ng/ $\mu$ l]	Concentrazione del frammento in ng/ $\mu$ l. <b>Nota:</b> Questo valore non è calcolato per i picchi del marcatore di allineamento.
Mol. [nmol/l]	Concentrazione molare (molarità) in nmol/l. Il calcolo si basa sulla dimensione e concentrazione del frammento. <b>Nota:</b> Questo valore non è calcolato per i picchi del marcatore di allineamento.
Saturo	Indicatore se l'intensità picco raggiunge l'intensità massima possibile (vedere sezione <a href="#">Segnali saturi</a> ). L'altezza, l'area e la concentrazione calcolate dei picchi saturi non sono corrette.
S/N	Rapporto segnale/rumore del picco. Il rumore è approssimato a tre volte la deviazione standard dei punti dei dati di rumore dalla linea di riferimento.
NA	Area normalizzata, chiamata anche area di picco corretta. Si tratta dell'area di picco divisa per il tempo di migrazione dell'apice di picco.
Area	Area di picco (integrazione dell'area sotto il segnale e sopra la linea di riferimento).
NA %	Area di picco normalizzata relativa alla somma di tutte le aree di picco normalizzate. <b>Nota:</b> Questo valore non è calcolato per i picchi del marcatore di allineamento.
Rapporto NA	Il rapporto dell'area rispetto al picco precedente. I picchi del marcatore di allineamento e il primo picco di dati nella tabella avranno qui un campo vuoto.
Altezza	Altezza di picco al suo massimo.
Altezza %	Altezza di picco relativa alla somma di tutte le altezze di picco. <b>Nota:</b> Questo valore non è calcolato per i picchi del marcatore di allineamento.
Ris.	La risoluzione di separazione relativa al picco successivo. <b>Nota:</b> Questo valore non è calcolato per i picchi del marcatore di allineamento.
FWHM [sec]	La larghezza di picco a metà dell'intensità massima (larghezza a metà altezza), che è un parametro per la risoluzione di picco e quindi la precisione del calcolo della dimensione.

Avvio [min]	Tempo di avvio/valore X del picco in minuti.
Tempo [min]	Tempo/valore X del picco massimo.
Arresto [min]	Tempo di arresto/valore X del picco in minuti.
Tempo relativo	Tempo relativo/valore X del picco massimo. Questo valore è dipendente dalla modalità:

In modalità **DNA**, in caso di 2 picchi del marcatore di allineamento, la posizione relativa del picco tra marcatore di allineamento inferiore e marcatore di allineamento superiore è mappata nell'intervallo da zero a uno, ossia tutti i picchi hanno un **Tempo relativo** tra zero e uno. I marcatori di allineamento hanno un **Tempo relativo** di zero e uno, rispettivamente. In caso di un picco del marcatore di allineamento, il tempo di migrazione relativo è calcolato come in modalità RNA.

In modalità **RNA**, la posizione relativa del picco in relazione al marcatore di allineamento inferiore viene calcolata, ossia il marcatore di allineamento ha un **Tempo relativo** di 1 e tutti gli altri picchi hanno un **Tempo relativo** maggiore di uno.

## Colonne dei risultati di individuazione dei picchi

Ciascuna fila nella tabella corrisponde ad un campione; le colonne **Pos.** e **Sample Info** (Info campione) identificano il campione. La colonna **Pos** è fissa. Le colonne seguenti sono definite dall'istruzione di individuazione dei picchi. Colonne aggregate su tutti i picchi di interesse compaiono se sono state selezionate nel riquadro **Calculated Columns** (Colonne calcolate) dell'istruzione di individuazione dei picchi. Le colonne seguenti sono raggruppate per nome dei picchi di interesse e mostrano diverse proprietà dei picchi. Per modificare le proprietà elencate per ciascun picco di interesse, fare clic con il pulsante destro del mouse sul titolo della tabella e selezionare/deselezionare la proprietà con l'opzione **Show Column** (Mostra colonna). La modifica ha effetto sull'intera tabella.

**Nota:** se un campione non era stato analizzato, non è presente nella panoramica dei risultati dell'individuazione dei picchi.

Parti della tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi possono essere copiate negli appunti. Selezionare le celle da copiare e quindi premere **Ctrl+C**. Per copiare il risultato completo di un'istruzione di individuazione dei picchi, fare clic con il pulsante destro del mouse nella tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi e selezionare l'opzione **Copy Peak Calling Result of [...]** (Copia risultato dell'individuazione dei picchi di [...]).

## Colonne dei risultati striscio

Sono disponibili le seguenti proprietà dei picchi di striscio:

# Numero di picchi nel campione.

**Nota:** dato che i picchi del marcatore di allineamento non sono picchi di striscio, il numero dei picchi in questa tabella solitamente parte da 2.

Dimensione mediana [bp]	Determina la dimensione dei frammenti che corrisponde alla mediana dell'area di interesse. La mediana è il punto nella curva del picco in cui geometricamente la parte sinistra dell'area del picco ha la stessa dimensione della parte destra. Il valore è dato in coppie di basi.
Conc. Area di interesse [ng/µl]	Concentrazione calcolata in maniera continuata dei frammenti corrispondenti all'area di interesse. Il valore è dato in ng/µl.
Mol. Area di interesse [nmol/l]	Concentrazione molare (molarità) dei frammenti corrispondenti all'area di interesse. Questo calcolo si basa sulla dimensione e sulla concentrazione dei frammenti calcolate in maniera continuata, non sulla <b>Dimensione mediana</b> , ed è dato in nmol/l.
Inizio area di interesse [bp]	Inizio dell'area di interesse data in coppie di basi.
Fine area di interesse [bp]	Fine dell'area di interesse data in coppie di basi.
% Conc. Area di interesse	Percentuale di concentrazione di frammenti nell'area di interesse relativa alla concentrazione del picco di striscio (definito dall'inizio e dalla fine del picco).
NA Area di interesse	Area normalizzata basata sull'area di interesse. Area del picco di striscio normalizzata dal tempo di migrazione.
% NA Area di interesse	Percentuale dell'area di interesse relativa all'area normalizzata del picco di striscio (definito dall'inizio e dalla fine del picco).

**Nota:** tutti i valori elencati nella tabella precedente si riferiscono all'area di interesse assegnata al picco di striscio. Lo spostamento dei bordi dell'area di interesse di un picco di striscio attiverà il ricalcolo delle proprietà corrispondenti.

Inoltre, due proprietà sono calcolate per l'intero campione. I valori sono visualizzati appena sopra la tabella dei risultati di striscio:

Concentrazione totale [ng/µl]	Concentrazione totale dei frammenti per l'intero campione. Il calcolo è eseguito in maniera continuata per tutti i punti di dati con un segnale al di sopra della linea di riferimento. Il calcolo inizia dopo la fine del picco del marcatore di allineamento inferiore e termina all'inizio del picco del marcatore di allineamento superiore. Il valore è dato in ng/µl.
Molarità totale [nmol/l]	Molarità totale dei frammenti per l'intero campione. Il calcolo si basa su dimensione e concentrazione dei frammenti calcolati in maniera continuata per tutti i punti di dati con un segnale al di sopra della linea di riferimento. Il calcolo inizia dopo la fine del picco del marcatore di allineamento inferiore e termina all'inizio del picco del marcatore di allineamento superiore. Il valore è dato in nmol/l.

Se il valore non è visibile, scorrere la barra di scorrimento della tabella orizzontale a destra per visualizzare il valore.

## Colonne dei risultati della distribuzione

Ciascuna fila nella tabella corrisponde ad un campione; le colonne **Pos.** e **Sample Info** (Info campione) identificano il campione. Le colonne pertinenti per l'intero campione compaiono per prime. Di conseguenza, le colonne sono raggruppate secondo i nomi delle aree di interesse definite e visualizzano varie proprietà dei picchi di striscio. Le colonne rimanenti sono quindi raggruppate per nome dei rapporti definiti. Un descrizione dettagliata è disponibile nella sezione [Colonne dei risultati di distribuzione](#).

Per modificare le proprietà elencate, fare clic con il pulsante destro del mouse sul titolo della tabella e selezionare/deselezionare la proprietà con l'opzione **Show Column** (Mostra colonna). La modifica ha effetto sull'intera tabella.

**Nota:** se un campione non era stato analizzato con un profilo di analisi striscio o gDNA, non comparirà nella panoramica dei risultati di distribuzione. Se un campione non era stato analizzato con un marcatore di riferimento, i valori di distribuzione non possono essere calcolati. In questo caso, il campione **Quality** (Qualità) è elencato come "**Review**(Revisione)." In entrambi i casi, seguire le istruzioni in [Analisi di campioni di DNA](#) per controllare e correggere le fasi di analisi richieste prima dell'analisi di **distribuzione**. Assicurarsi di utilizzare i parametri di **analisi** come descritto in [Analisi striscio DNA](#) e [analisi gDNA](#), rispettivamente.

La tabella dei risultati di distribuzione può essere copiata negli appunti. Per copiare il risultato completo di un profilo di distribuzione, fare clic con il pulsante destro del mouse nella tabella dei risultati di distribuzione e selezionare l'opzione **Copy Distribution Result of [...]** (Copia risultati di distribuzione di [...]).

Colonne relative all'intero campione:

Pos.	Posizione sulla piastra.
Sample Info	Informazioni sui campioni
Total Conc. [ng/ $\mu$ l]	Concentrazione totale dei frammenti per l'intero campione. Per i dettagli consultare <a href="#">Colonne dei risultati da striscio</a> . La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.
Total Mol. [nmol/l]	Molarità totale dei frammenti per l'intero campione. Per i dettagli consultare <a href="#">Colonne dei risultati da striscio</a> . La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.
Quality (Qualità)	La valutazione della qualità complessiva del campione.  La colonna indica "Passed" (Superato) se sono state superate tutte le valutazioni dei rapporti e i controlli di altezza (se applicabili). Ciò significa che se una sottovalutazione fallisce, allora anche la qualità complessiva riportata sarà contrassegnata con "Review" (Revisione). La colonna indica "Not Analyzed" (Non analizzato) per i campioni con marcatori dimensionali.

**Nota:** se il campione non è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento, cioè se la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) non è riuscita, allora il parametro **Quality** (Qualità) riportato sarà contrassegnato con "Review" (Revisione), mentre i parametri **Total Conc.** (Concentrazione totale) e **Total Mol.** (Molarità totale) saranno indicati con "n/a." (non applicabile).

Colonne relative a un'area di interesse (raggruppate per nome dell'area di interesse):

Mol. [nmol/l]	Concentrazione molare (molarità) dei frammenti corrispondenti all'area di interesse. Per i dettagli consultare <a href="#">Colonne dei risultati da striscio</a> . La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.
Conc. [ng/μl]	Concentrazione dei frammenti corrispondenti all'area di interesse. Per i dettagli consultare <a href="#">Colonne dei risultati da striscio</a> . La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.
Height (Altezza) [S/N]	Segnale di altezza massima dell'area di interesse, dato come un rapporto <b>Signal-to-noise</b> (Segnale-rumore) [S/N]. Il rumore si definisce in modo approssimato prendendo tre volte la deviazione standard dei punti dati del rumore dalla linea di base. La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.
Height Check (Controllo altezza)	Il controllo qualità di un'area di interesse rispetto all'altezza [S/N]. La colonna indica "Not Analyzed" (Non analizzato) se l'altezza dell'area non deve essere controllata; "Passed" (Superato) quando l'altezza controllata dell'area di interesse supera l'altezza minima definita per quell'area; e "Review" (Revisione) quando non è così. La colonna indica "Not Analyzed" (Non analizzato) per i campioni con marcatori dimensionali.
Size Start [bp]	Grandezza iniziale dell'area di interesse data in coppie di basi. La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali. <b>Nota:</b> la grandezza può differire leggermente dalla grandezza iniziale definita nel profilo di distribuzione. L'area di interesse comincia nel punto dati con la grandezza più vicina alla grandezza iniziale definita.
Size End [bp]	Grandezza finale dell'area d'interesse data in coppie di basi. La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali. <b>Nota:</b> la grandezza può differire leggermente dalla grandezza finale definita nel profilo di distribuzione. L'area di interesse finisce nel punto dati con la grandezza più vicina alla grandezza finale definita.

**Nota:** se il campione non è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento, cioè se la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) non è riuscita, allora il parametro **Height Check** (Controllo altezza) riportato sarà contrassegnato con "Not Analyzed" (Non analizzato), mentre tutte le altre colonne indicheranno "n/a" (non applicabile).

**Nota:** se il segnale nell'area di interesse non supera la linea di base in alcun punto (cosa che indica che nel campione non è presente l'area di interesse), il parametro **Height Check** (Controllo altezza) è contrassegnato con "Not Analyzed" (Non analizzato) quando l'altezza dell'area non deve essere controllata e con "Review" (Revisione) quando invece deve essere controllata. Tutte le altre colonne indicano "n/a" (non applicabile).

Colonne relative a un rapporto (raggruppate per nome del rapporto):

Ratio (Molarity)	<p>Questa colonna è presente solo se per i rapporti è stata selezionata la base di calcolo Molarity (Molarità).</p> <p>Il valore del rapporto di molarità. Cioè la molarità dell'area di interesse definita come il Numeratore diviso per il Denominatore, che può essere o la molarità di un'altra area di interesse, o la molarità totale. La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.</p>
Ratio (Concentration)	<p>Questa colonna è presente solo se per i rapporti è stata selezionata la base di calcolo Concentration (Concentrazione).</p> <p>Il valore del rapporto di concentrazione. Cioè la concentrazione dell'area di interesse definita come il Numeratore diviso per il Denominatore, che può essere o la concentrazione di un'altra area di interesse, o la concentrazione totale. La colonna indica "n/a" (non applicabile) per i campioni con marcatori dimensionali.</p>
Ratio Quality (Qualità del rapporto)	<p>La valutazione della qualità del rapporto. La colonna indica "Not Analyzed" (Non analizzato) se la qualità del rapporto non deve essere controllata; "Passed" (Superato) quando il valore del rapporto rientra nel campo definito; e "Review" (Revisione) quando non è così. La colonna indica "Review" (Revisione) per i campioni con marcatori dimensionali.</p>
Numerator (Numeratore)	<p>Definito nel profilo di distribuzione. Si tratta dell'area di interesse, della quale vengono usate la molarità o la concentrazione come numeratore del rapporto, a seconda del metodo di calcolo selezionato.</p>
Denominator (Denominatore)	<p>Definito nel profilo di distribuzione. Si tratta dell'area totale del campione o di un'altra di interesse, della quale vengono usate o la molarità o la concentrazione come denominatore del rapporto, a seconda del metodo di calcolo selezionato.</p>

**Nota:** se il campione non è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento, cioè se la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) non è riuscita, allora il parametro **Ratio Quality** (Qualità del rapporto) riportato sarà contrassegnato con "Review" (Revisione), mentre il parametro **Ratio** (Rapporto) sarà indicato come "n/a" (non applicabile).

**Nota:** se il segnale dell'area di interesse usato per il numeratore non supera la linea di base in alcun punto (il che indica che nel campione non è presente l'area di interesse), il valore di molarità/concentrazione si suppone che sia "0". Se il segnale dell'area di interesse usato per il denominatore non supera la linea di base, la colonna **Ratio Quality** (Qualità del rapporto) indica "Review" (Revisione). In entrambi i casi la colonna **Ratio** (Rapporto) indica "n/a" (non applicabile).

Per informazioni sulla definizione del profilo di distribuzione, consultare la sezione [Modifica di un profilo di distribuzione](#).

## Visualizzazione su gel

La visualizzazione su gel mostra le immagini gel dei campioni.

Le colonne nella visualizzazione su gel possono essere visualizzate in quattro modalità di visualizzazione.



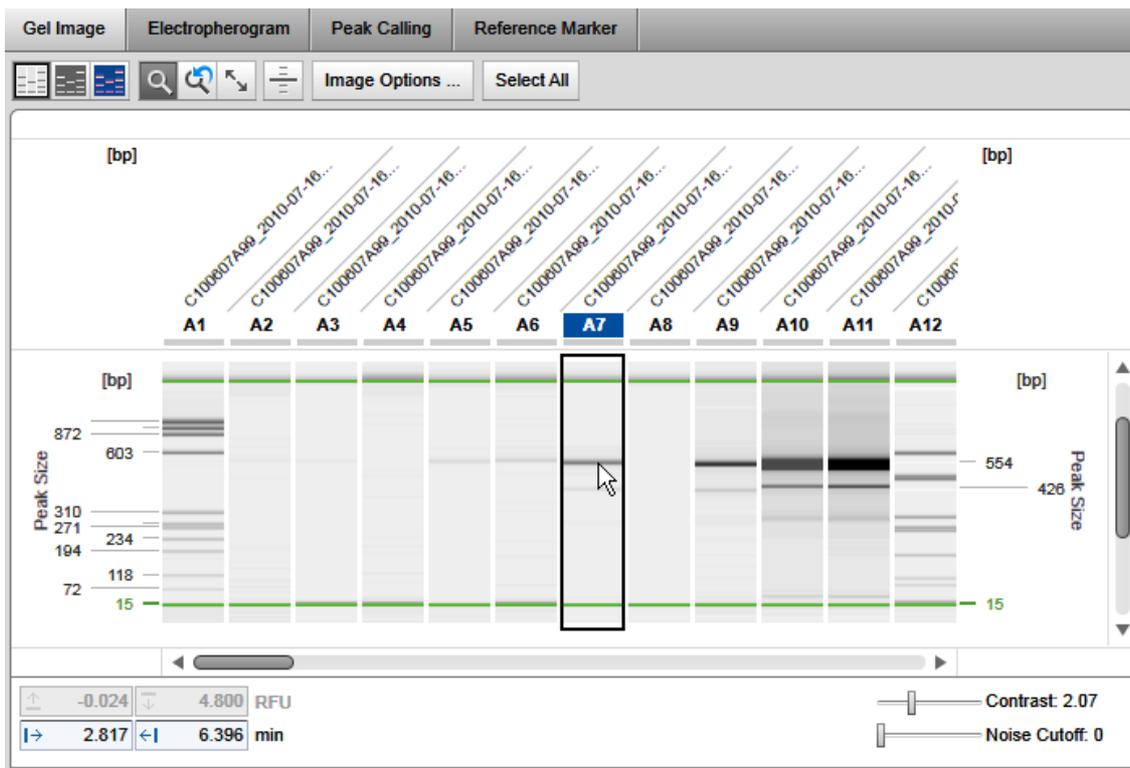
Modalità normale



Modalità invertita



Modalità falsa resa cromatica



Visualizzazione su gel con righello, etichette dei campioni e annotazione dei picchi.

L'asse y sul lato sinistro è la scala principale per l'intera immagine. Quando si seleziona la scala dimensionale, è basata sulle bande dei marcatori di riferimento applicate a tutti i campioni (vedere campione A1 nell'immagine sopra).

L'asse y sul lato destro descrive le bande rilevate solo del campione selezionato (vedere sopra: evidenziate con il margine nero, nell'immagine sopra campione A7). È disponibile solo nell'applicazione, non nelle immagini di referto/esportazione (non è disponibile neanche se è selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Usa immagini come visualizzate)).

Sopra ogni immagine gel è mostrata la posizione del campione (ad esempio A1, A2 e così via). Per un'immagine gel può essere visualizzato un tooltip spostando il puntatore del mouse sul numero del campione. Questo tooltip contiene informazioni sulla piastra, sul numero del processo e sul metodo con cui è stato elaborato il campione.

Se si passa il puntatore del mouse sopra le colonne gel, nell'angolo in alto a sinistra della vista vengono mostrati i valori nella posizione attuale del cursore.

Sotto la visualizzazione su gel è visualizzata la [tabella dei risultati](#) di un campione. Questo campione è segnato in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) e indicato con un margine nero nella visualizzazione su gel (vedere campione A7 nell'immagine sopra). Selezionare il campione per visualizzarlo nella tabella dei risultati facendo clic con il pulsante sinistro del mouse in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) o nella visualizzazione su gel.

Per visualizzare un campione nel dettaglio, fare doppio clic sulla sua colonna gel. La vista passa alla vista dell'elettroferogramma singolo. Per tornare alla visualizzazione su gel, selezionare nuovamente la scheda **Gel Image** (Immagine gel).

È possibile interagire con la visualizzazione su gel principalmente tramite i pulsanti presenti sopra la vista.



Attiva/disattiva modalità Zoom.

In modalità Zoom (pulsante premuto), si usa il mouse per selezionare una regione da ingrandire (funzione del rettangolo di selezione) — vedere [Uso generale del software](#). Inoltre si può usare la rotella del mouse per ingrandire e ridimensionare.

Se questo pulsante non è premuto, è attivata la funzione drag-and-drop (trascina e rilascia) per [modificare l'ordine delle colonne](#).

**Nota:** si possono usare i controlli nell'angolo in basso a sinistra della visualizzazione su gel per zoomare la regione a valori assoluti, indipendentemente dalla modalità Zoom.

**Nota:** la funzione drag-and-drop (trascina e rilascia) è sempre possibile se il cursore del mouse è sopra l'etichetta della colonna gel, anche in modalità Zoom (pulsante premuto).



Auto scale (Ridimensionamento in scala automatico).

Resetta la regione zoomata al range dati complessivo, annullando tutte le operazioni di zoom.



Undo zoom (Annulla zoom).

Torna allo stato di zoom precedente.



Attiva un righello orizzontale nella posizione del cursore.

Per configurare la visualizzazione su gel, fare clic sul pulsante **Image options** (Opzioni immagine) per le seguenti opzioni:

Unit of y-axis (Unità asse y) Usare questa opzione per selezionare le unità della scala dell'asse y sul lato sinistro della visualizzazione su gel.

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse y mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Le colonne nell'immagine gel saranno allineate secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti apparirà un messaggio. In tal caso occorre analizzare nuovamente i campioni con la stessa tabella di marcatori di riferimento e accertarsi che i marcatori di allineamento siano stati identificati correttamente, oppure rimuovere dalla vista i campioni che hanno un marcatore di allineamento diverso o quei campioni per cui non è stato possibile identificare correttamente i marcatori di allineamento.

Se si seleziona **Relative migration time** (Tempo di migrazione relativo), l'asse y mostrerà il tempo di migrazione relativo. Le colonne nell'immagine gel saranno allineate secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti, le colonne non potranno essere allineate e l'asse y visualizzerà un messaggio corrispondente. In tal caso occorre analizzare nuovamente i campioni, affinché i marcatori di allineamento siano identificati correttamente, oppure rimuovere dalla vista i campioni che hanno un marcatore di allineamento diverso o quei campioni per cui non è stato possibile identificare correttamente i marcatori di allineamento.

Se si seleziona **Absolute migration time** (Tempo di migrazione assoluto), le colonne non saranno allineate e l'asse y mostrerà una scala di tempo assoluto.

Individual scaling  
(Ridimensionamento  
singolo)

Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico il contrasto per ogni colonna gel singolarmente.

Deselezionare questa opzione per un confronto di campioni.

Show sample  
information (Mostra  
informazioni sul  
campione)

Selezionare questa opzione per visualizzare le informazioni sul campione nella parte superiore di ogni colonna gel.

Show plate ID  
(Mostra ID piastra)

Selezionare questa opzione per visualizzare l'**ID piastra** nella parte superiore della colonna gel.

Show method  
(Mostra metodo)

Selezionare questa opzione per visualizzare il metodo applicato nella parte superiore di ogni colonna gel.

Show analysis  
details (Mostra  
dettagli analisi)

Highlight alignment  
markers (Evidenzia  
marcatori di  
allineamento)

Selezionare questa opzione per evidenziare in verde le bande dei marcatori di allineamento.

**Nota:** questa operazione è possibile solo per i campioni analizzati se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente

Show peak size  
(Mostra dimensioni dei  
picchi)

Se si seleziona questa opzione, l'asse y sul lato destro descriverà le dimensioni delle bande rilevate del campione selezionato.

**Nota:** se il campione non è stato analizzato con un marcatore di riferimento, l'asse y sul lato destro visualizzerà "n/a" (non applicabile). Se il campione non è stato analizzato, apparirà un messaggio corrispondente.

**Nota:** questa opzione è sempre selezionata nella modalità **RNA**.

Show median of size  
(Mostra mediana delle  
dimensioni)

Solo **per** modalità DNA. Selezionare questa opzione per mostrare le dimensioni mediane dei picchi da striscio rilevati per il campione selezionato.

**Nota:** se il campione non è stato analizzato con un **profilo di analisi di DNA da striscio** o con un **marcatore di riferimento**, l'asse y sul lato destro visualizzerà "n/a" (non applicabile). Se il campione non è stato analizzato, apparirà un messaggio corrispondente.

I controlli per le impostazioni del contrasto sono situati sotto la visualizzazione su gel a destra. Le funzioni sono descritte di seguito.

**Contrast (Contrasto)** Utilizzare il cursore per modificare il contrasto in base alle proprie necessità. Il valore del contrasto sarà salvato insieme all'esperimento. Così è possibile personalizzare le immagini gel indipendentemente da altri esperimenti.

**Noise cutoff (Esclusione rumore)** Utilizzare il cursore per personalizzare la visualizzazione del rumore nel segnale. Spostare il cursore all'estrema sinistra per vedere tutti i segnali. Spostare il cursore a destra per annullare piccoli segnali, eliminando il rumore. Come per il contrasto, il valore di esclusione del rumore sarà salvato insieme all'esperimento.

## Variazione dell'ordine delle colonne

Le colonne gel possono essere riordinate tramite la funzione drag-and-drop (trascina e rilascia). L'ordine delle colonne è effettivo per tutte le viste in cui sono visualizzati i campioni. La modifica dell'ordine sarà salvata quando si salva l'esperimento.

Per cambiare l'ordine delle colonne, procedere come segue.

1. Selezionare una o varie colonne nella visualizzazione su gel.
2. Fare clic con il pulsante sinistro del mouse sull'intestazione della/e colonna/e selezionata/e e trascinarla nella nuova posizione. Durante il trascinamento, appare un marcatore che indica la nuova posizione della/e colonna/a al momento del rilascio.
3. Rilasciare la/e colonna/e quando il marcatore indica la nuova posizione corretta. La/e colonna/e sarà/saranno situata/e in quella posizione. Se è stata selezionata più di una colonna, le colonne saranno inserite nello stesso ordine in cui erano prima.

---

**Nota:** se il pulsante Zoom  è disattivato, il trascinamento può cominciare anche all'interno di una colonna gel.

## Vista elettroferogramma

La vista elettroferogramma è attivata facendo clic sulla scheda **Electropherogram** (Elettroferogramma) nell'ambiente di analisi. Tre viste elettroferogramma possono essere selezionate mediante i seguenti pulsanti nella barra delle applicazioni:



Vista elettroferogramma singolo.

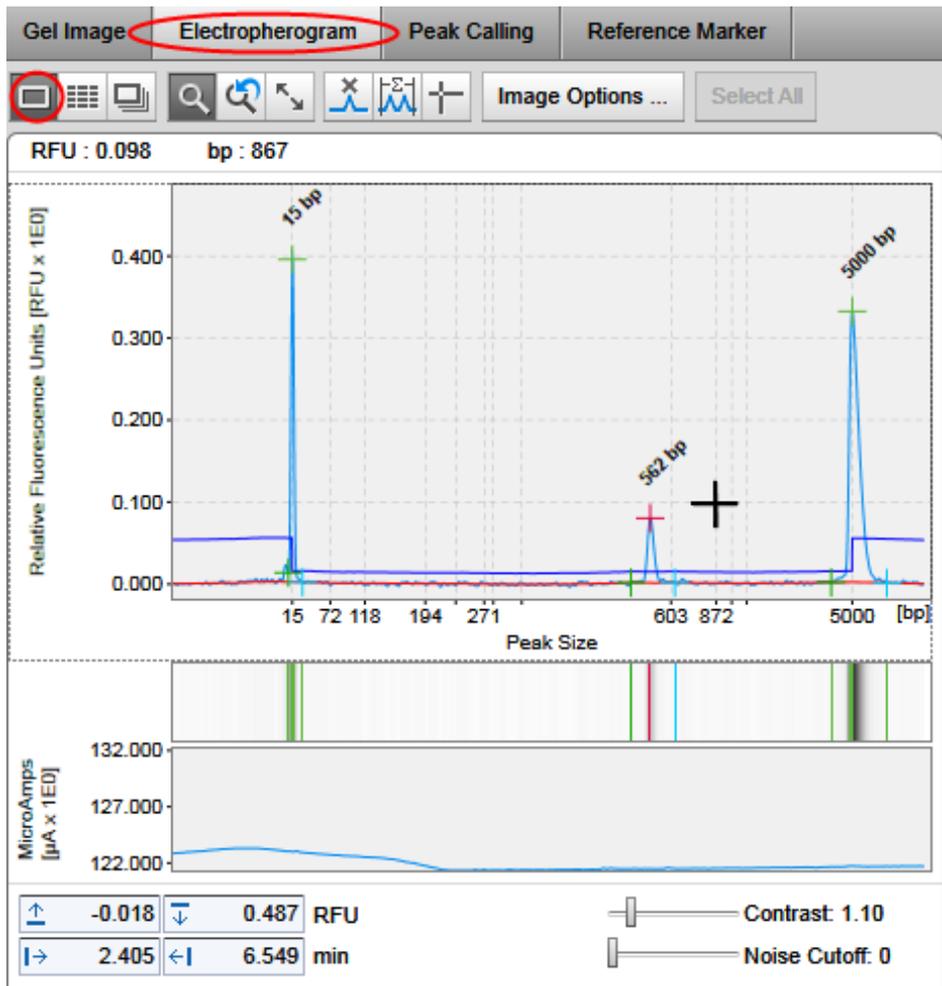


Modalità panoramica con diversi elettroferogrammi singoli.



Vista di sovrapposizione con diversi elettroferogrammi sovrapposti.

La vista elettroferogramma singolo è descritta in questa sezione. La panoramica e la modalità sovrapposizione sono descritte nelle sezioni seguenti.



Elettroferogramma singolo con annotazione dei picchi e corrente elettrica visualizzata.

La vista elettroferogramma singolo è composta da un grafico che mostra il segnale registrato e la rappresentazione gel del segnale al di sotto del grafico principale.

I comandi per le impostazioni della dimensione della regione di zoom e del contrasto della vista gel sono situati sotto alle rappresentazioni grafiche del segnale. La posizione corrente del cursore è visualizzata nell'angolo superiore sinistro della vista.

Il risultato dell'analisi del campione è visualizzato sotto la vista elettroferogramma. Fare riferimento alla sezione [Tabella dei risultati](#) per informazioni dettagliate sui diversi tipi di tabelle dei risultati.

Si può interagire con l'elettroferogramma soprattutto tramite i pulsanti nella barra degli strumenti (tutti i pulsanti sono elencati in stato "non premuti", fare clic con il pulsante sinistro del mouse sul pulsante da premere/rilasciare):



Toggles zoom mode on/off. (Attiva/disattiva modalità zoom) Per i dettagli, vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Auto scale. (Ridimensionamento in scala automatico) Per i dettagli, vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Undo zoom. (Annulla zoom) Per i dettagli, vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Insert peak. (Inserisci picco) Per dettagli, vedere [Aggiunta di un picco](#).



Manual integration of a time range. (Integrazione manuale di un intervallo di tempo) Per dettagli, vedere [Integrazione manuale di intervalli](#).



Toggles ruler. (Attiva il righello)

Attiva il righello verticale e il righello orizzontale usati per confrontare le altezze e le posizioni dei picchi.

Per configurare la vista elettroferogramma, fare clic sul pulsante delle opzioni **Image** options (Opzioni immagine) per le seguenti opzioni:

Unit of x-axis (Unità asse x)	<p>Usare questa opzione per selezionare le unità della scala dell'asse x.</p> <p>Se si seleziona <b>Size</b> (Dimensione), l'asse x mostrerà una scala di dimensioni in base al marcatore di riferimento, se il campione è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento e i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti, verrà invece visualizzato un messaggio.</p> <p>Se si seleziona <b>Rel. Time</b> (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativa, se il campione è stato analizzato e il marcatore di allineamento correttamente identificato. Altrimenti, verrà invece visualizzato un messaggio.</p> <p>Se si seleziona <b>Abs. Time</b> (Tempo assoluto) [min], l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.</p> <p><b>Nota:</b> se la scala di tempo relativo non viene creata, rianalizzare il campione in modo che i marcatori di allineamento siano correttamente identificati. Se la scala di dimensioni non viene creata, rianalizzare il campione con un marcatore di riferimento in modo che i marcatori di allineamento siano correttamente identificati.</p>
Show gel lane (Mostra colonna gel)	Selezionare questa opzione per visualizzare la rappresentazione del gel sotto l'elettroferogramma in allineamento con l'asse x.
Show electrical current curve (Mostra curva corrente elettrica)	Selezionare questa opzione per visualizzare il diagramma della corrente elettrica misurata durante l'acquisizione dei dati sotto la rappresentazione del gel, se presente, in allineamento con l'asse x.
Show analysis details (Mostra dettagli analisi)	Selezionare questa opzione per visualizzare i dettagli dell'analisi per i campioni analizzati. È possibile selezionare opzioni aggiuntive.
	<p><b>Mark detected peaks</b> (Indica picchi rilevati)      Selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori di apice dei picchi rilevati.</p> <p>Se viene selezionata l'opzione <b>With label</b> (Con etichetta), all'apice di ogni picco sono visualizzate le etichette dei picchi.</p>

**Nota:** vengono visualizzate solo etichette dei picchi che non si sovrappongono con un'etichetta adiacente. Posizionare il cursore del mouse sull'apice del picco per ottenere un tooltip con l'etichetta di picco.

Selezionare le unità dell'etichetta: Dimensione, o tempo di migrazione assoluta o relativa.

**Nota:** l'etichetta può essere visualizzata come **Size** (Dimensione) solo se il campione era stato analizzato con un marcatore di riferimento (per i dettagli fare riferimento a [Size and Concentration determination \(Determinazione dimensioni e concentrazione\)](#)). Altrimenti appare "n/a" (non applicabile).

**Nota:** in modalità **DNA** è disponibile una seconda opzione, **Mark median of size** (Indica mediana delle dimensioni). Se il campione era stato analizzato con un **profilo di analisi di DNA da striscio**, selezionare questa opzione per visualizzare il marcatore con la dimensione mediana dei picchi di striscio rilevati. È possibile attivare e disattivare l'etichetta corrispondente.

Selezionare l'opzione **Mark peak start and end** (Contrassegna inizio e fine picco) per contrassegnare i punti di inizio e fine dei picchi rilevati.

Show areas of interest  
(Mostra aree di interesse)

Solo **per** modalità DNA. Se il campione è stato analizzato con un **profilo di analisi di DNA da striscio**, selezionare Show areas of interest (Mostra aree di interesse) per visualizzare le aree di interesse dei picchi da striscio rilevati.

Show suspend  
integration intervals  
(Mostra intervalli  
sospensione  
integrazione)

Selezionare questa opzione per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.

Show threshold  
(Mostra soglia)

Selezionare questa opzione per visualizzare la soglia di picco (mostrata in blu)

**Nota:** il parametro di soglia può essere modificato in maniera interattiva spostando la soglia con il mouse. Per dettagli, vedere [Modifica della soglia](#).

Show baseline  
(Mostra linea di base)

Selezionare questa opzione per visualizzare la linea di riferimento (mostrata in rosso).

Sotto la vista gel a destra si trovano i comandi per le impostazioni del contrasto. I comandi sono descritti qui di seguito:

---

Contrasto	Utilizzare il cursore per modificare il contrasto in base alle proprie necessità. Le modifiche del contrasto si applicano per l'ulteriore visualizzazione delle colonne gel sotto agli elettroferogrammi in vista singola per tutti gli esperimenti, ma non interessano le impostazioni del contrasto della panoramica gel.
Esclusione rumore	Utilizzare il cursore per personalizzare la visualizzazione del rumore nel segnale. Spostare il cursore all'estrema sinistra per vedere tutti i segnali. Spostare il cursore a destra per annullare piccoli segnali, eliminando il rumore. Come per il contrasto, le modifiche al valore di esclusione del rumore non interessano le impostazioni della panoramica gel.

## Ingrandimento e ridimensionamento

La vista **Elettroferogramma** consente l'esplorazione dei dati mediante ingrandimento e ridimensionamento.



Attiva/disattiva modalità zoom

Quando si fa clic sul pulsante, il mouse viene utilizzato per selezionare una regione in cui eseguire l'ingrandimento. Per informazioni su come utilizzare la funzione Rubber band (Elastico), vedere [Utilizzo generale del software](#). Inoltre, è possibile utilizzare la rotella di scorrimento del mouse per ingrandire e rimpicciolire.



Ridimensionamento in scala automatico

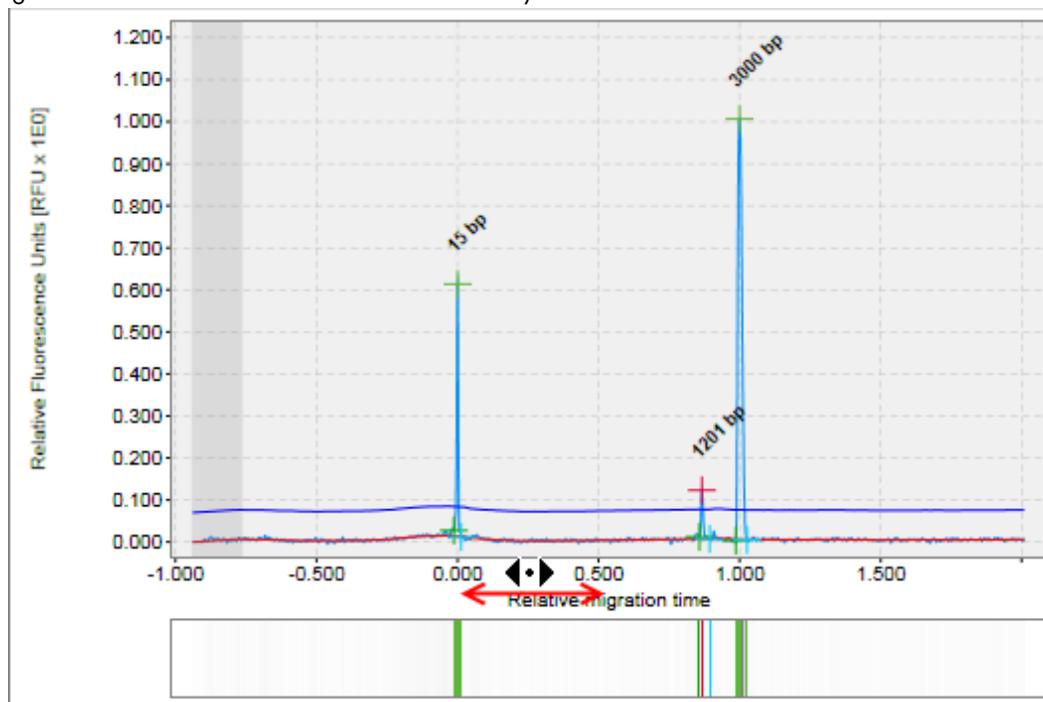
Resetta la regione di zoom sull'intervallo dati complessivo (sia di tempo che dimensione RFU), annullando tutti gli ingrandimenti.



Annulla zoom.

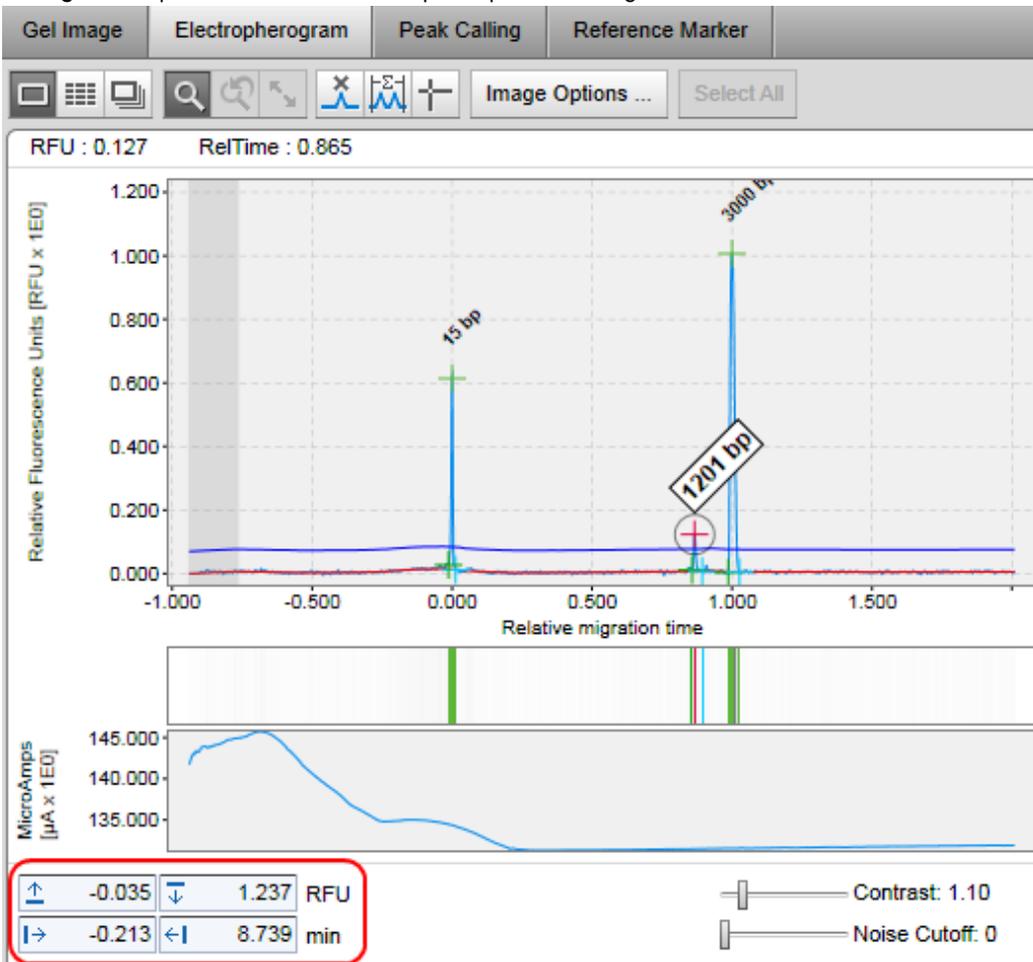
Torna allo stato di zoom precedente.

Indipendentemente dalla modalità zoom, a tutti gli elettroferogrammi può essere applicata la panoramica utilizzando gli assi. Si può spostare la regione di zoom orizzontalmente trascinando l'asse x. Per spostare la regione di zoom orizzontalmente trascinare l'asse y.



Trascinamento dell'asse x.

In aggiunta ai pulsanti dello strumento, i comandi nell'angolo in basso a sinistra della vista **Elettroferogramma** possono essere utilizzati per impostare la regione di zoom ai valori assoluti.



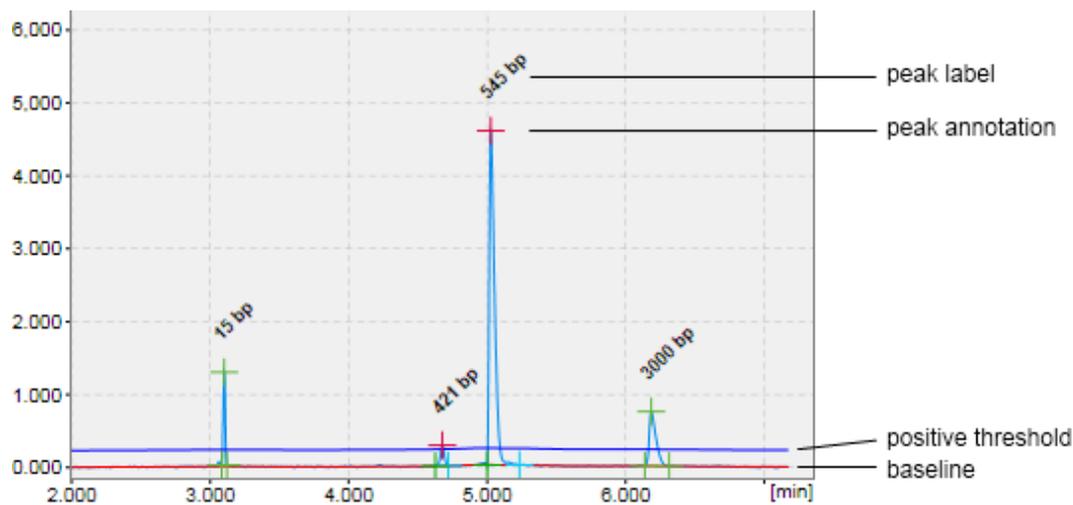
Campi di input per impostare la regione di zoom ai valori assoluti.

**Nota:** per i valori RFU, sono consentiti solo i valori che sono all'interno dei valori attuali. I valori che si trovano all'esterno dell'intervallo dei valori attuali non sono accettati e lo sfondo del campo di input diventa giallo.

**Nota:** per i valori temporali, è consentito l'input del valore di intervallo superiore fino ad un'ora.

## Annotazioni dei picchi

In un campione analizzato, il risultato dell'analisi viene visualizzato insieme con il segnale non elaborato. Ciascun picco ha marcatori di picco per l'avvio (verde), apice (rosso '+', verde per i picchi del marcatore di allineamento), arresto (turchese), e un'etichetta di picco. In **modalità DNA**, se l'analisi dello **striscio** o del **gDNA** è stata eseguita, ad es. se il campione è stato analizzato con l'opzione profilo di analisi selezionata **Striscio** o **gDNA**, la mediana del picco può essere contrassegnata (con una 'x' rosa) al posto dell'apice.



Annotazioni dei picchi con l'apice.

In aggiunta ai picchi, la baseline rilevata (in rosso) e la soglia per il rilevamento di picco al di sopra della baseline (in blu) sono visualizzati nell'elettroferogramma.

I marcatori di picco e le unità dell'etichetta di picco possono essere configurati facendo clic sul pulsante **Image options** (opzioni immagine). La possibilità di visualizzare o nascondere i marcatori di picco, la baseline o la soglia può essere configurata nelle opzioni **Image** (Immagine). Per i dettagli, fare riferimento a [Electroferogram view](#) (Vista elettroferogramma).

## Interazione con la tabella dei risultati

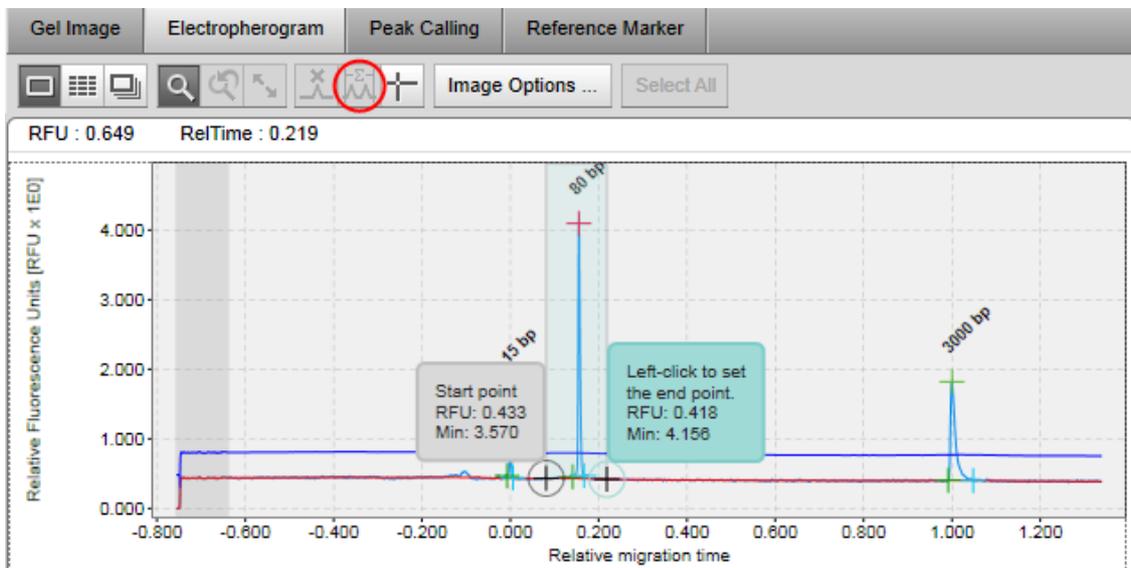
Le funzioni sono descritte di seguito.

Selezione di un picco	<p>Nell'elettroferogramma, fare clic con il pulsante sinistro del mouse sul marcatore dell'apice del picco. In alternativa, nella tabella dei risultati, fare clic con il pulsante sinistro del mouse sul numero del picco nella colonna #.</p> <p>Il picco verrà contrassegnato con un cerchio rosso nell'elettroferogramma ed evidenziato nella tabella dei risultati.</p>
Deselezione di un picco	<p>Nell'elettroferogramma o nella tabella dei risultati, aprire il menu contestuale del picco selezionato e selezionare l'opzione <b>Deselezione picco</b>.</p> <p>Il cerchio rosso nell'elettroferogramma scompare così come l'evidenziazione nella tabella dei risultati.</p>
Aggiunta di un picco	<p>Vedere <a href="#">Adding a peak</a> (Aggiunta di un picco) per informazioni su come aggiungere un picco.</p> <p>Il picco verrà aggiunto alla tabella dei risultati.</p>
Eliminazione di un picco	<p>Vedere <a href="#">Deleting a peak</a> (Eliminazione di un picco) per informazioni su come eliminare un picco.</p> <p>Il picco verrà eliminato dalla tabella dei risultati e i marcatori del picco nell'elettroferogramma scompariranno.</p>

## Integrazione manuale dell'intervallo

L'integrazione manuale di un intervallo di tempo è possibile grazie all'uso dell'apposito strumento di integrazione ()

Dopo aver fatto clic sul pulsante **Range Integration** (Integrazione intervallo), occorre specificare una regione. Per farlo, fare clic prima sul margine sinistro della regione, quindi sul margine destro della stessa.



Selezione di una regione per l'integrazione manuale.

Dopo aver selezionato la regione, appare una finestra di dialogo che mostra i margini dell'intervallo di tempo selezionato, l'area normalizzata totale della regione e la percentuale dell'area normalizzata in rapporto all'area normalizzata totale.

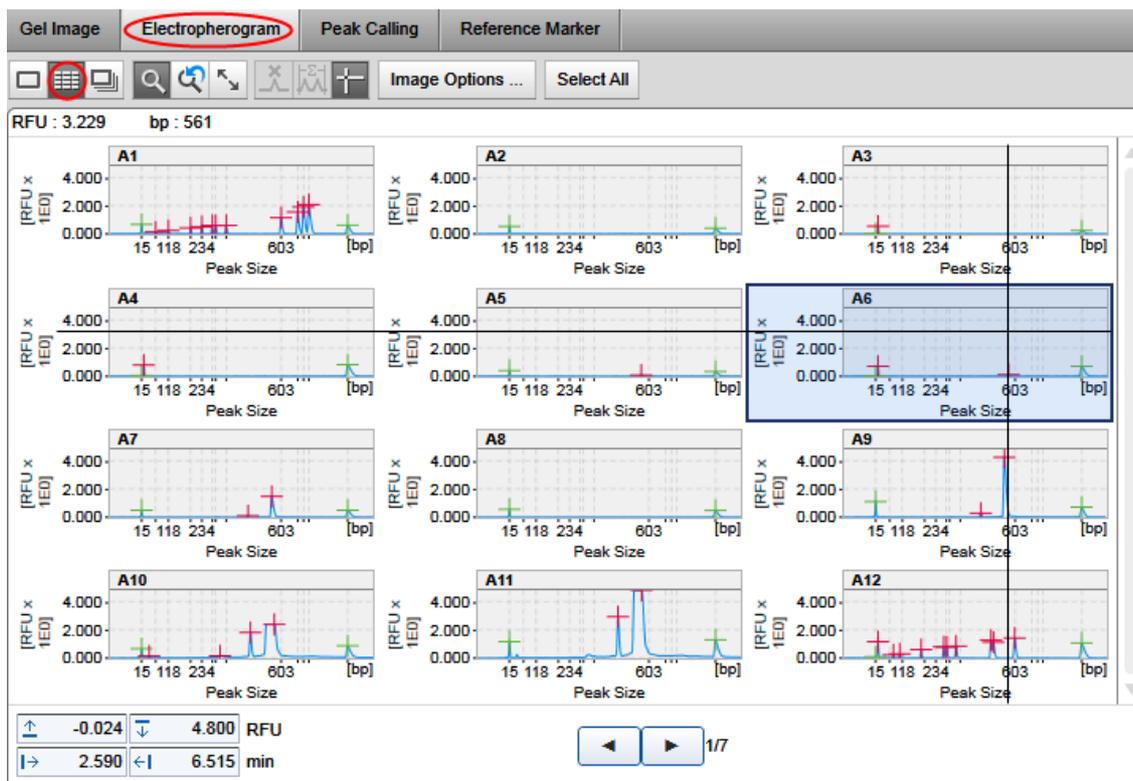
**Nota:** i valori calcolati possono essere copiati negli appunti tramite il menu contestuale della finestra di dialogo.

**Nota:** i picchi dei marcatori di allineamento non sono inclusi nel calcolo dell'area normalizzata.

## Panoramica degli elettroferogrammi

La panoramica degli elettroferogrammi visualizza vari elettroferogrammi in una vista a galleria. In una pagina sono sempre visualizzati dodici campioni, organizzati su uno schema 3 x 4. Serve per un controllo

panoramico dei dati acquisiti. Nella panoramica degli elettroferogrammi è particolarmente utile  il righello. Esso fornisce un mezzo per confrontare le posizioni dei picchi fra vari campioni, sia per i picchi dei marcatori di allineamento, sia per i picchi dei campioni. Per i campioni analizzati, ogni picco ha un marcatore di picco per il tempo di apice (i picchi dei campioni sono rossi, i picchi dei marcatori di allineamento sono verdi).



Panoramica dopo l'analisi con l'uso del righello.

La funzionalità di ingrandimento e ridimensionamento in scala è molto simile a quella della vista dell'elettroferogramma singolo (consultare [Ingrandimento e ridimensionamento in scala](#)). L'unica differenza è che l'ingrandimento interessa tutti gli elettroferogrammi.

Usare i pulsanti **forward** (avanti) e **backward** (indietro) nella parte bassa della galleria per scorrere le pagine della panoramica. Anche facendo clic su un campione in Experiment Explorer (Scorri esperimenti) si potrà andare all'elettroferogramma corrispondente nella galleria. Usare le barre di scorrimento per scorrere gli elettroferogrammi su una pagina.

Per ingrandire la panoramica, ridimensionare il pannello dei parametri sul lato destro.

---

Sotto la panoramica degli elettroferogrammi appare una tabella di risultati che mostra informazioni su un campione. Consultare le sezioni [Interazione con la tabella dei risultati](#) e [Tabella dei risultati](#) per maggiori informazioni.

Per esaminare un elettroferogramma nel dettaglio, fare doppio clic su di esso. La vista passa alla vista dell'elettroferogramma singolo. Per tornare alla panoramica, fare di nuovo clic su .

È possibile interagire con l'elettroferogramma principalmente tramite i pulsanti presenti nella barra degli strumenti:



Attiva o disattiva la modalità Zoom. Per i dettagli, vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Auto scale (Ridimensionamento in scala automatico). Per i dettagli, vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Undo zoom (Annulla zoom). Per i dettagli, vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Attiva il righello.

Attiva il righello verticale e il righello orizzontale usati per confrontare le altezze e le posizioni dei picchi.

Per configurare la panoramica degli elettroferogrammi, fare clic sul pulsante Image options (Opzioni immagine) per le seguenti opzioni:

Unit of x-axis (Unità asse x)

Usare questa opzione per selezionare le unità dell'asse x.

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente. In tal caso occorre analizzare nuovamente i campioni con la stessa tabella di marcatori di riferimento e accertarsi che i marcatori di allineamento siano stati identificati correttamente, oppure rimuovere dalla vista i campioni che hanno un marcatore di allineamento diverso o quei campioni per cui non è stato possibile identificare correttamente i marcatori di allineamento.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** la scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente. In tal caso occorre analizzare nuovamente i campioni, affinché i marcatori di allineamento siano identificati correttamente, oppure rimuovere dalla vista i campioni che hanno un marcatore di allineamento diverso o quei campioni per cui non è stato possibile identificare correttamente i marcatori di allineamento.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.

Show sample position (Mostra posizione campione)	Selezionare questa opzione per visualizzare la posizione del campione nell'angolo in alto a sinistra di ogni elettroferogramma.				
Show sample information (Mostra informazioni sul campione)	Selezionare questa opzione per visualizzare le informazioni sul campione nella parte superiore di ogni elettroferogramma.				
Show plate ID (Mostra ID piastra)	Selezionare questa opzione per visualizzare l'ID piastra nella parte superiore di ogni elettroferogramma.				
Show method (Mostra metodo)	Selezionare questa opzione per visualizzare il metodo applicato nella parte superiore di ogni elettroferogramma.  <b>Nota:</b> è possibile selezionare solo una di queste opzioni <b>Show sample information</b> (Mostra informazioni sul campione), <b>Show plate ID</b> (Mostra ID piastra) o <b>Show method</b> (Mostra metodo) alla volta.				
Show analysis details (Mostra dettagli analisi)	Selezionare questa opzione per visualizzare i dettagli di analisi per i campioni analizzati. È possibile selezionare opzioni aggiuntive.				
	<table border="0"> <tr> <td>Mark detected peaks (Indica picchi rilevati)</td> <td>Selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori apicali per i picchi rilevati.  <b>Nota:</b> in modalità <b>DNA</b> è disponibile una seconda opzione, <b>Mark median of size</b> (Indica mediana delle dimensioni). Se i campioni sono stati analizzati con un <b>profilo di analisi di DNA da striscio</b>, selezionare questa opzione per visualizzare il marcatore con le dimensioni mediane dei picchi da striscio rilevati.</td> </tr> <tr> <td>Show suspend integration intervals (Mostra intervalli sospensione integrazione)</td> <td>Selezionare questa opzione per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.</td> </tr> </table>	Mark detected peaks (Indica picchi rilevati)	Selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori apicali per i picchi rilevati.  <b>Nota:</b> in modalità <b>DNA</b> è disponibile una seconda opzione, <b>Mark median of size</b> (Indica mediana delle dimensioni). Se i campioni sono stati analizzati con un <b>profilo di analisi di DNA da striscio</b> , selezionare questa opzione per visualizzare il marcatore con le dimensioni mediane dei picchi da striscio rilevati.	Show suspend integration intervals (Mostra intervalli sospensione integrazione)	Selezionare questa opzione per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.
Mark detected peaks (Indica picchi rilevati)	Selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori apicali per i picchi rilevati.  <b>Nota:</b> in modalità <b>DNA</b> è disponibile una seconda opzione, <b>Mark median of size</b> (Indica mediana delle dimensioni). Se i campioni sono stati analizzati con un <b>profilo di analisi di DNA da striscio</b> , selezionare questa opzione per visualizzare il marcatore con le dimensioni mediane dei picchi da striscio rilevati.				
Show suspend integration intervals (Mostra intervalli sospensione integrazione)	Selezionare questa opzione per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.				

## Variation dell'ordine

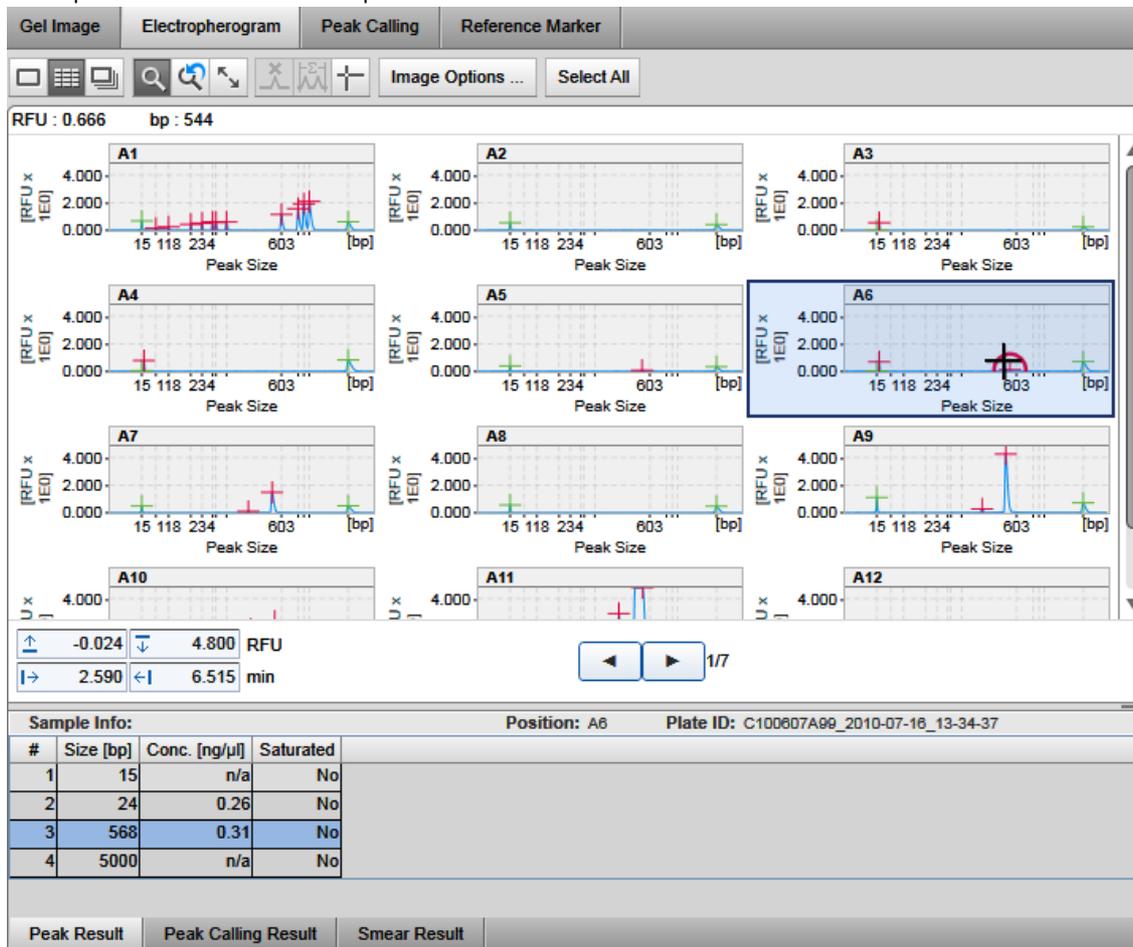
Rimuovere i campioni dalla panoramica degli elettroferogrammi trascinandoli dalla panoramica in Experiment Explorer (Scorri esperimenti).

Aggiungere i campioni dalla panoramica degli elettroferogrammi trascinandoli da Experiment Explorer (Scorri esperimenti) nella panoramica. I campioni aggiunti saranno inseriti alla fine della galleria.

Per cambiare l'ordine degli elettroferogrammi, passare alla panoramica gel e riordinare i campioni direttamente lì. Consultare [Variation dell'ordine delle colonne](#) per i dettagli. Quindi tornare alla panoramica degli elettroferogrammi.

## Interazione con la tabella dei risultati

Sotto la panoramica degli elettroferogrammi è presente la tabella dei risultati di un campione. Questo campione è contrassegnato in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) e indicato con un margine nero nella galleria panoramica (vedere campione A6 nell'immagine sottostante). Selezionare il campione in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) o nella panoramica degli elettroferogrammi facendo clic su di esso con il pulsante sinistro del mouse per visualizzare la sua tabella dei risultati.



Controllo della tabella dei risultati del campione A6.

Le funzioni sono descritte di seguito.

**Selezione di un picco** Nell'elettroferogramma, fare clic sul marcatore di apice del picco con il pulsante sinistro del mouse. In alternativa, nella tabella dei risultati, fare clic con il pulsante sinistro del mouse sul numero del picco nella colonna #.

Il picco verrà contrassegnato con un cerchio rosso nell'elettroferogramma ed evidenziato nella tabella dei risultati.

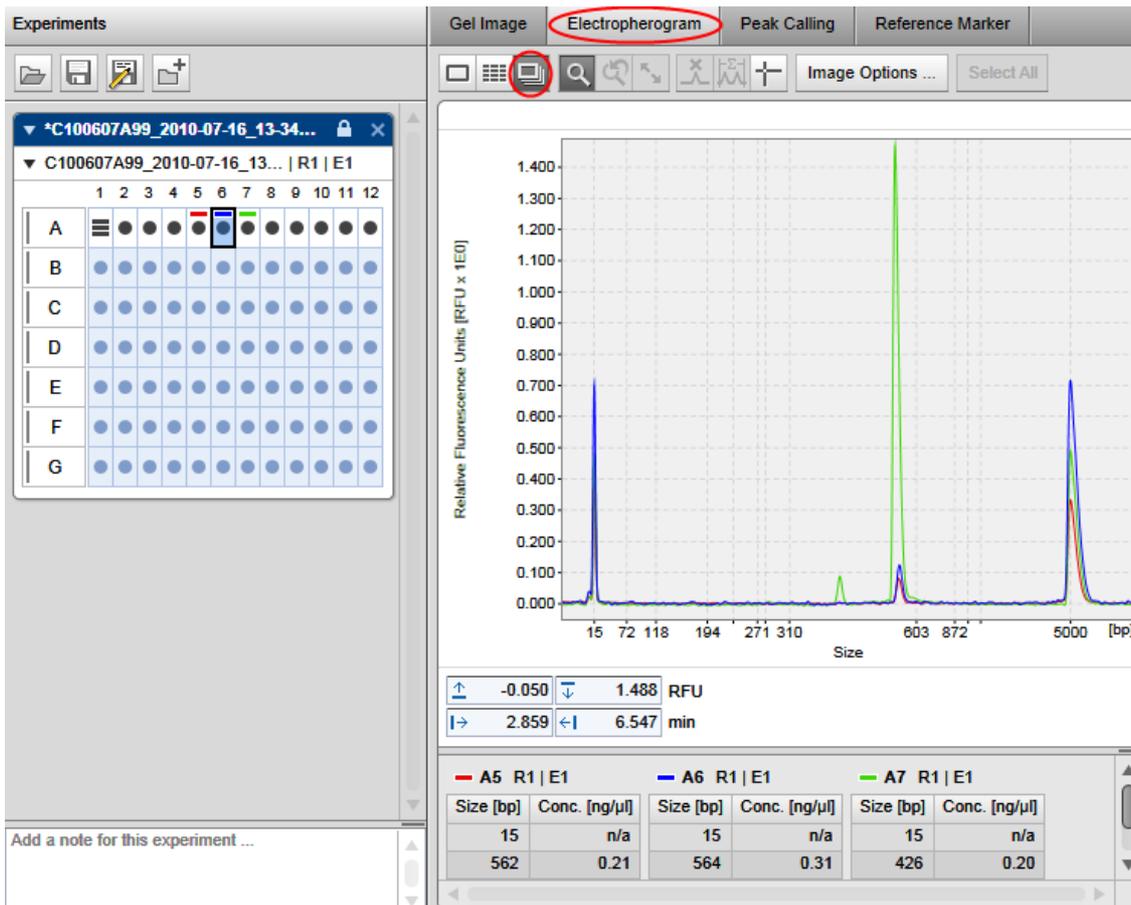
---

Deselezione di un picco	<p>Nella tabella dei risultati, aprire il menu contestuale del picco selezionato e selezionare l'opzione <b>Unselect Peak</b> (Deseleziona picco).</p> <p>Il cerchio rosso nell'elettroferogramma scompare così come l'evidenziazione nella tabella dei risultati.</p>
Eliminazione di un picco	<p>Selezionare il picco da eliminare nella tabella dei risultati. Aprire il menu contestuale della tabella dei risultati e selezionare l'opzione <b>Delete selected peak</b> (Elimina picco selezionato).</p> <p>Il picco sarà rimosso dalla tabella dei risultati e il marcatore del picco scompare dalla panoramica degli elettroferogrammi.</p>

### Vista degli elettroferogrammi sovrapposti

La vista degli elettroferogrammi sovrapposti presenta un massimo di 12 elettroferogrammi in un solo grafico. Essa consente di confrontare facilmente varie misurazioni.

Per rendere distinguibili i segnali provenienti da campioni diversi, ogni campione ha un colore distinto.



Vista degli elettroferogrammi sovrapposti.

Nella parte bassa della vista degli elettroferogrammi sovrapposti sono visualizzate in piccolo le tabelle dei risultati di tutti i campioni, insieme ai colori corrispondenti. L'ordine delle tabelle dei risultati è lo stesso dell'ordine dei campioni nella visualizzazione su gel o nella panoramica degli elettroferogrammi.

È possibile interagire con l'elettroferogramma tramite i pulsanti presenti nella barra degli strumenti:



Attiva o disattiva la modalità Zoom. Per i dettagli vedere [Ingrandimento e ridimensionamento](#).



Auto scale (Ridimensionamento in scala automatico). Per i dettagli consultare [Ingrandimento e ridimensionamento in scala](#).



Undo zoom (Annulla zoom). Per i dettagli consultare [Ingrandimento e ridimensionamento in scala](#).



Attiva il righello.

Attiva il righello verticale e il righello orizzontale usati per confrontare le altezze e le posizioni dei picchi.

Per configurare la vista degli elettroferogrammi sovrapposti, fare clic sul pulsante Image options (Opzioni immagine) per le seguenti opzioni:

Unit of x-axis (Unità asse x)

Usare questa opzione per selezionare le unità dell'asse x.

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente. In tal caso occorre analizzare nuovamente i campioni con la stessa tabella di marcatori di riferimento e accertarsi che i marcatori di allineamento siano stati identificati correttamente, oppure rimuovere dalla vista i campioni che hanno un marcatore di allineamento diverso o quei campioni per cui non è stato possibile identificare correttamente i marcatori di allineamento.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente. In tal caso occorre analizzare nuovamente i campioni, affinché i marcatori di allineamento siano identificati correttamente, oppure rimuovere dalla vista i campioni che hanno un marcatore di allineamento diverso o quei campioni per cui non è stato possibile identificare correttamente i marcatori di allineamento.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.

Show electrical current curve (Mostra curva corrente elettrica) Selezionare questa opzione per visualizzare il diagramma della corrente elettrica sovrapposta misurata durante l'acquisizione dei dati sotto la sovrapposizione degli elettroferogrammi in allineamento con l'asse x.

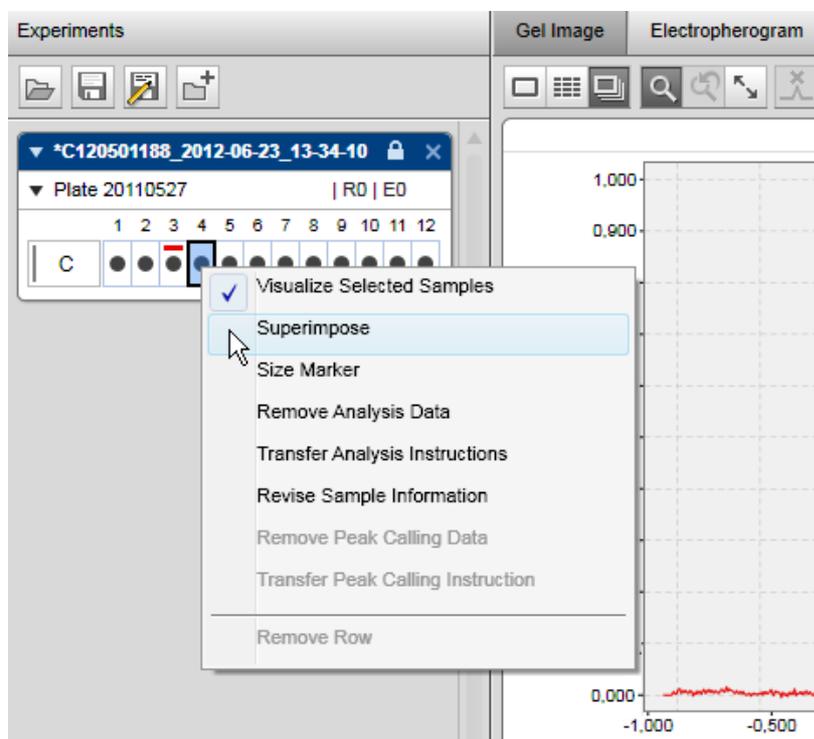
Show size marker peak labels (Mostra etichette dei picchi del marcatore dimensionale) Se si seleziona questa opzione, e se fra i campioni sovrapposti si trova esattamente un marcatore dimensionale, saranno visualizzate le etichette dei picchi per i picchi rilevati del campione del marcatore. Selezionare le unità delle etichette dei picchi nell'elenco a discesa.

### Aggiunta e rimozione di campioni

La vista di sovrapposizione non mostra automaticamente tutti i campioni selezionati per la visualizzazione.

Per aggiungere campioni alla vista di sovrapposizione, procedere come segue:

1. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) selezionare i campioni da aggiungere.
2. Aprire il menu contestuale dei campioni selezionati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
3. Selezionare l'opzione **Superimpose** (Sovrapponi).



Aggiunta del campione C4 alla sovrapposizione.

I campioni selezionati saranno aggiunti alla vista di sovrapposizione. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) tutti i campioni che sono mostrati nella vista di sovrapposizione sono contrassegnati da un rettangolo colorato, corrispondente al loro colore nella sovrapposizione.

**Nota:** è possibile sovrapporre un massimo di 12 elettroferogrammi. Se si supera il limite, appare un messaggio di avvertenza.

In alternativa, trascinare e rilasciare un massimo di 12 campioni da **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) alla sovrapposizione.

**Per rimuovere i campioni dalla vista di sovrapposizione**, procedere come segue:

1. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) selezionare i campioni da rimuovere.
2. Aprire il menu contestuale dei campioni selezionati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
3. Deselezionare l'opzione **Superimpose** (Sovrapponi).

### Controllo delle proprietà dei campioni

Per visualizzare le proprietà dei campioni, procedere come segue.

1. Selezionare il campione in Experiment Explorer (Scorri esperimenti).
2. Visualizzare le proprietà del campione sul lato destro dell'ambiente di analisi. Se la barra degli strumenti sul lato destro non è visualizzata, aprirla facendo clic sulla seguente icona:





Nella vista delle proprietà sono presenti sei sezioni che contengono le seguenti informazioni.

- **Sample (Campione)**  
Questa sezione contiene le informazioni generali sul campione e sull'acquisizione, ad esempio la data, l'ID esperimento e l'ID piastra.
- **Analysis instructions (Istruzioni di analisi)**  
La sezione delle istruzioni di analisi mostra i parametri di analisi, il marcatore di allineamento e il marcatore di riferimento usati per l'analisi.
- **Peak Calling Instruction or Distribution profile (Istruzione di individuazione dei picchi o Profilo di distribuzione)**  
Questa sezione mostra l'istruzione di individuazione dei picchi o il profilo di distribuzione applicati per l'ultima volta al campione.
- **Method (Metodo)**  
Questa sezione mostra il nome del metodo utilizzato e le azioni impiegate durante l'acquisizione.
- **Cartridge (Cartuccia)**  
La sezione Cartridge (Cartuccia) mostra informazioni sulla cartuccia, come l'ID cartuccia e il tipo di cartuccia.

- Platform (Piattaforma)  
Questa sezione mostra la versione del software e le informazioni relative allo strumento (versione del firmware e numero di serie) per il processo.

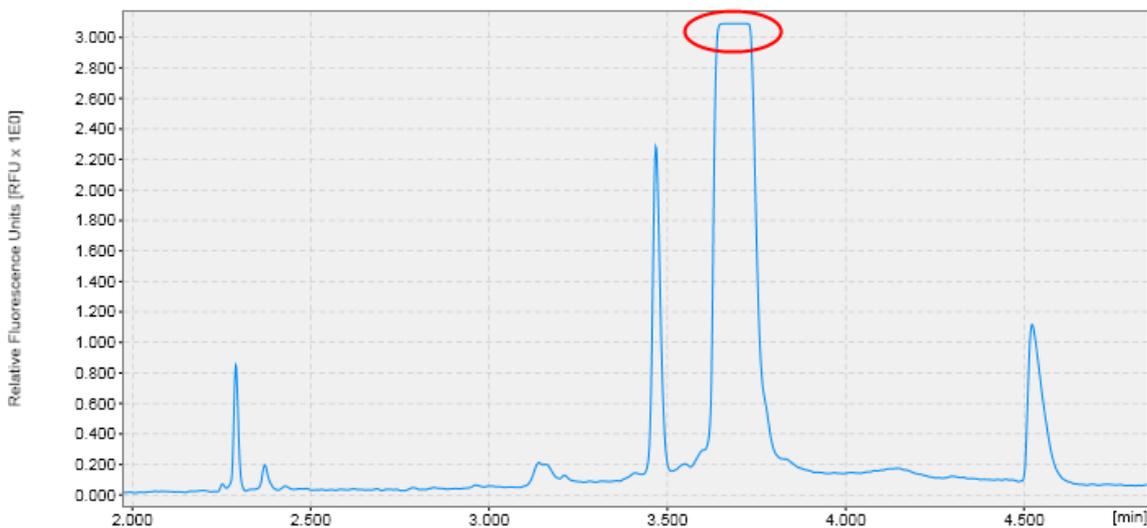
**Nota:** non è possibile eseguire l'individuazione dei picchi e l'analisi della distribuzione nello stesso esperimento. Perciò a un campione si applica un'istruzione di individuazione dei picchi oppure un profilo di distribuzione, ma mai entrambi.

## Segnali saturi

### Identificazione di un segnale saturo

Il sovraccarico di segnali a causa di iniezione di DNA ad alta concentrazione provocherà la saturazione del rilevatore. I segnali saturi sono quelli in cui il livello di segnale supera il limite massimo del rilevatore.

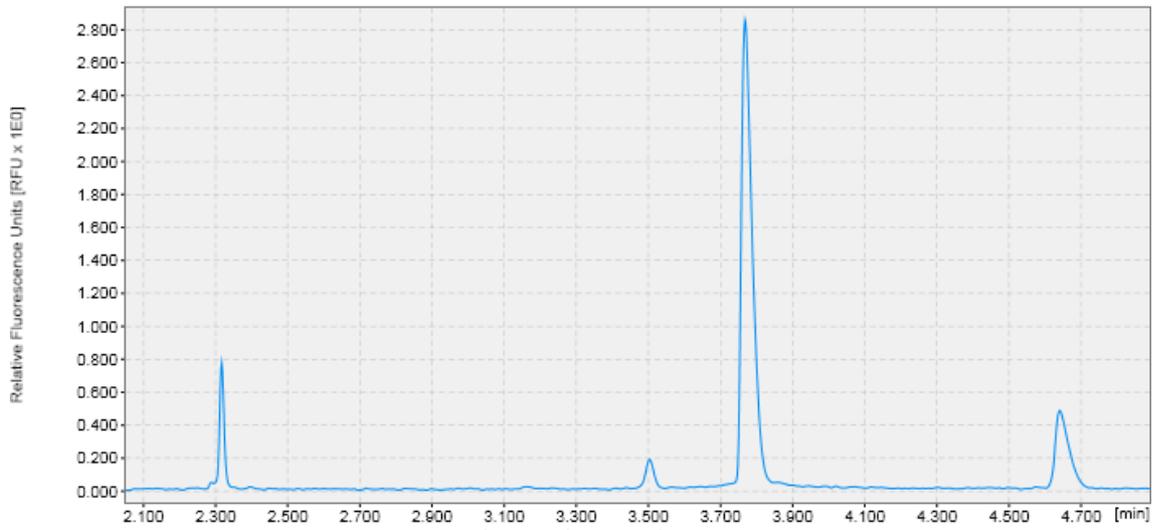
Un segnale saturo visualizzerà solitamente una sommità piatta nel suo elettroferogramma. Questi segnali sono anche indicati come "distorti".



Un esempio di segnale saturo.

### Prevenzione di un segnale saturo

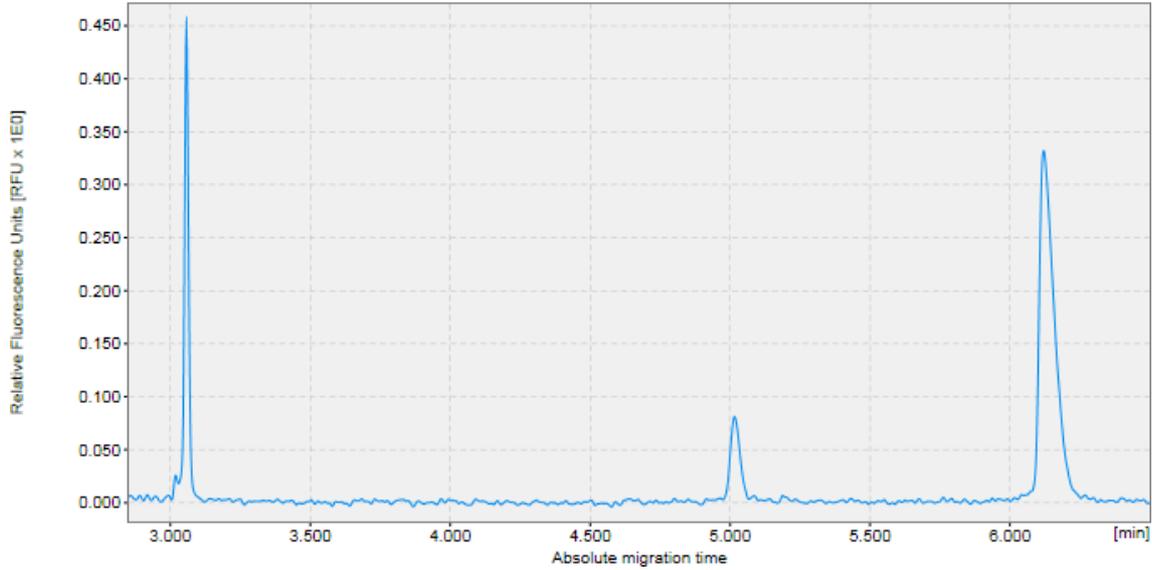
Ci sono 2 modi per prevenire il sovraccarico o la saturazione del segnale: diluire i campioni nel tampone di diluizione DNA QX o iniettare meno campione. Una quantità inferiore di campione può essere iniettata riducendo il tempo di iniezione (vedere la sezione [Funzionamento del QIAxcel](#)). Un segnale non saturo visualizzerà solitamente un picco netto nel suo elettroferogramma.



Un esempio di segnale normale (non saturo).

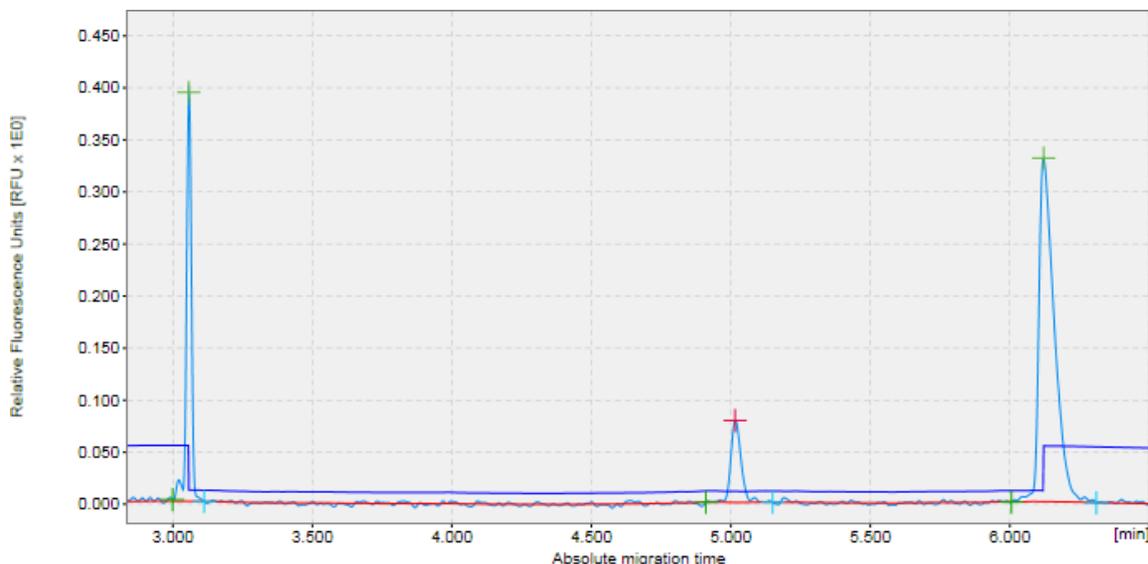
### Rilevamento dei picchi

Questa sezione descrive la procedura di rilevamento dei picchi.



Dati grezzi non analizzati.

I parametri di analisi per il rilevamento dei picchi sono disponibili in [Analysis Profiles](#)(Profili di analisi).



Dati grezzi dopo il rilevamento dei picchi, senza determinazione di dimensione e concentrazione.

I picchi del marcatore di allineamento sono contrassegnati in [verde](#). È importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi.

**Nota:** nell'immagine in alto, il parametro di analisi **Alignment Marker Threshold** (Soglia marcatore di allineamento) (vedere linea blu scuro nell'immagine in alto) era maggiore del parametro **Soglia**. Ciò porta ad un picco nella linea di soglia sulle posizioni del marcatore di allineamento.

#### Procedura di rilevamento picchi

Per eseguire il rilevamento dei picchi procedere come segue:

1. Caricare i campioni che si desidera analizzare tramite **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti). Per i dettagli, fare riferimento alla sezione [Caricamento dati dei campioni](#).
2. Visualizzare i campioni che si desidera analizzare. Vedere la sezione [Visualizzazione dei dati dei campioni](#) per i dettagli sull'ispezione dei dati.
3. Selezionare i campioni per l'analisi.  
**Nota:** in questa sezione è pertinente la selezione all'interno della vista centrale, non la selezione in Experiment Explorer (Scorri esperimenti). Vedere la sezione [Selezione dei campioni per analisi o referto](#) per i dettagli.
4. Aprire il riquadro **Analysis** parameters (Parametri di analisi) per poter specificare le proprietà di analisi.

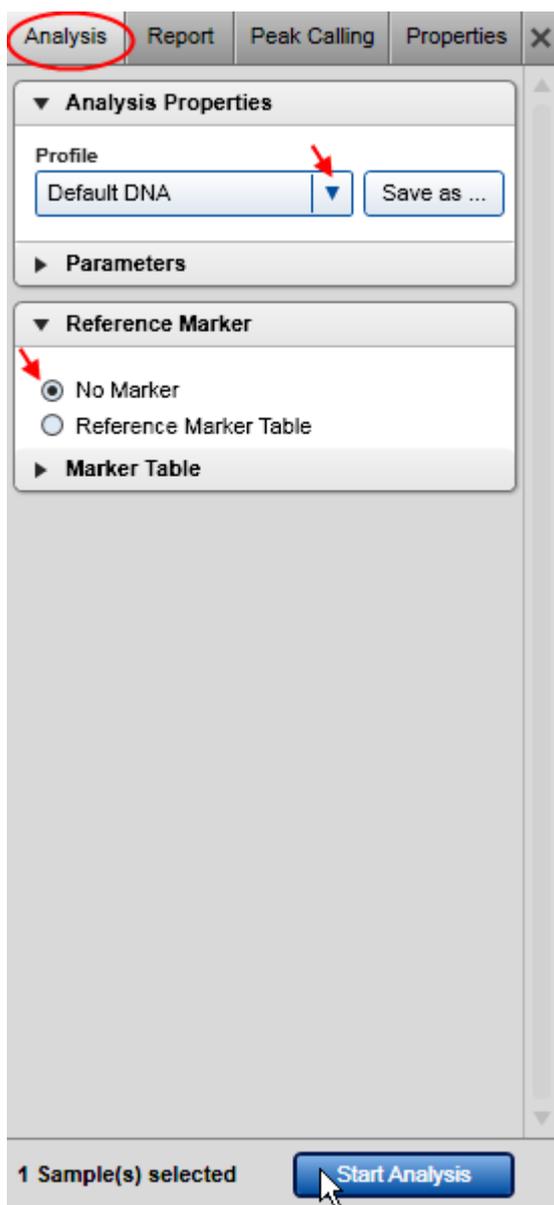
Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters**(Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



Nel riquadro **Analysis** properties (Proprietà di analisi), definire i parametri da utilizzare per l'analisi. Questo passaggio può essere eseguito selezionando un profilo di analisi predefinito, che può essere un insieme di parametri predefinito (ad es. "DNA predefinito") o definito dall'utente.

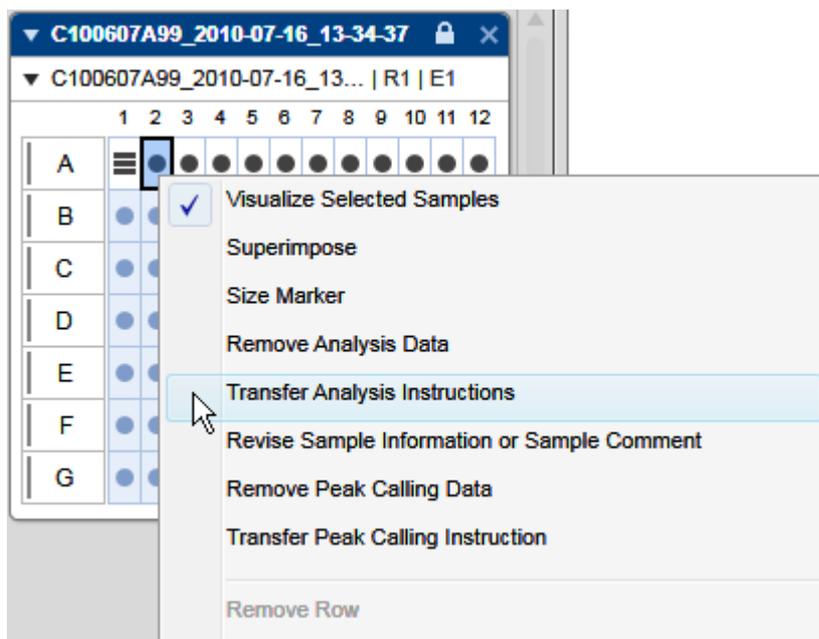
Fare riferimento a [Analysis of DNA samples](#) (Analisi campioni di DNA) e [Analysis of RNA samples](#) (Analisi campioni di RNA) per avere una guida in merito a quale profilo di **analisi** selezionare inizialmente e come utilizzare le opzioni di analisi per i propri campioni specifici.

In alternativa, può essere creato un nuovo profilo di analisi. Per modificare o creare un profilo di analisi, fare riferimento alle sezioni [Modifica di un profilo di analisi](#) e [Creazione di un nuovo profilo di analisi](#), rispettivamente. I parametri di analisi del profilo selezionato sono mostrati di seguito sotto all'elenco a discesa dei profili. Per un rilevamento generale dei picchi, non è necessario alcun marcatore di riferimento. Controllare **No Marker** (Nessun marcatore) nella sezione **Marcatore di riferimento**, come illustrato nella figura seguente.



Nessun marcatore selezionato.

**Nota:** se i campioni caricati sono stati già analizzati, i parametri di analisi dal campione selezionato verranno trasferiti nel riquadro **Analysis** parameters (Parametri di analisi). Per fare questo, fare clic con il pulsante destro del mouse in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) e selezionare la voce menu **Transfer analysis parameters** (Trasferisci parametri di analisi) dal menu contestuale, come mostrato nella figura seguente.



**Nota:** il marcatore di allineamento di una piastra può essere cambiato. Per cambiare il marcatore di allineamento, selezionare la voce **Overwrite alignment marker** (Sovrascrivi marcatore di allineamento) dal menu contestuale in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) (il cursore del mouse deve essere posizionato sopra il nome della piastra). Appare la finestra di dialogo **Overwrite Marker** (Sovrascrivi marcatore). Selezionare il marcatore di allineamento dall'elenco a discesa e confermare la propria scelta facendo clic su **OK**.

5. Avviare l'analisi facendo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi).
6. Visualizzare i risultati dell'analisi. Per ciascun campione analizzato, i risultati sono mostrati sotto forma di tabella sulla parte inferiore dell'ambiente **Analysis** (Analisi) nella scheda **Peak Result** (Risultato dei picchi) (vedere la sezione [Tabella dei risultati](#)) e nel grafico della vista singola dell'elettroferogramma (vedere [Vista dell'elettroferogramma](#)).

**Nota:** in caso di analisi di uno striscio o di gDNA, la scheda **Smear Result** (Risultati striscio) sulla parte inferiore dell'ambiente **Analysis** (Analisi) mostra le proprietà calcolate specifiche per i picchi di striscio. Per maggiori dettagli, vedere la sezione [Tabella dei risultati](#).

7. Verificare che siano stati rilevati i picchi corretti. Innanzitutto, è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, [adattare i parametri di analisi](#) e ripetere le fasi da 5 a 7.

Fare riferimento a [Analysis of DNA samples](#) (Analisi campioni di DNA) e [Analysis of RNA samples](#) (Analisi campioni di RNA) per avere una guida in merito a quale profilo di **analisi** selezionare inizialmente e come utilizzare le opzioni di analisi per i propri campioni specifici.

Come ultima possibilità, usare le opzioni **Insert/Delete Peak** (Inserisci/Elimina picco) descritte nella sezione [Modifica manuale dei risultati di analisi](#).

8. [Salvare i risultati dell'analisi](#) facendo clic sul pulsante **Save** (Salva) in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

È possibile automatizzare l'analisi (rilevamento dei picchi) durante il processo di acquisizione dei dati. Per farlo, salvare tutte le modifiche apportate ai parametri di analisi in un [profilo di analisi personalizzato](#). Assicurarsi che questi parametri di analisi funzionino per tutti i campioni. Quindi [creare un profilo di processo](#). Nel passaggio [Process Profile](#) (Profilo di processo), selezionare inoltre l'opzione **Analysis** (Analisi) nella sezione **Fasi incluse**. Nella fase [Analysis](#), (Analisi) selezionare il **profilo di analisi personalizzato**. Salvare il profilo di processo con queste impostazioni per poterlo riutilizzare.

### Modifica di un profilo di analisi

Per modificare un profilo di analisi, procedere come segue:

1. Aprire la scheda **Analysis** (Analisi) sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi).

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters**(Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:

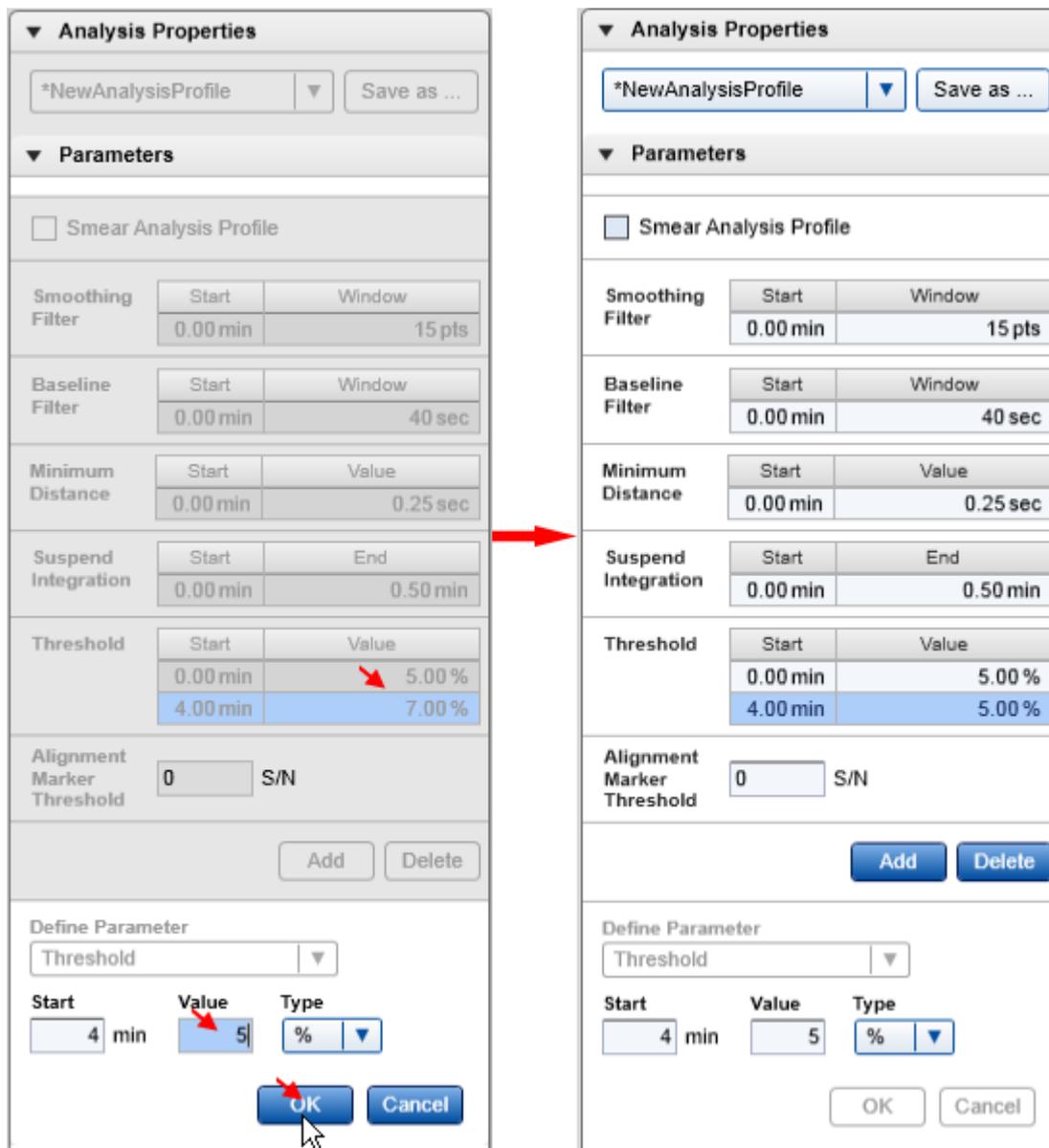


2. Selezionare il profilo di analisi da modificare nell'elenco a discesa **Profile** (Profilo) nel riquadro **Analysis Properties** (Proprietà analisi).
3. Modificare i parametri di analisi come descritto di seguito.
4. Per salvare il profilo modificato fare clic sul pulsante **Save as** (Salva come) a destra dell'elenco a discesa **Profile** (Profilo).

**Nota:** i parametri di un profilo di analisi possono essere modificati solo dagli utenti a cui sia stato assegnato il ruolo di **Utente Avanzato**.

I parametri possono essere modificati da:

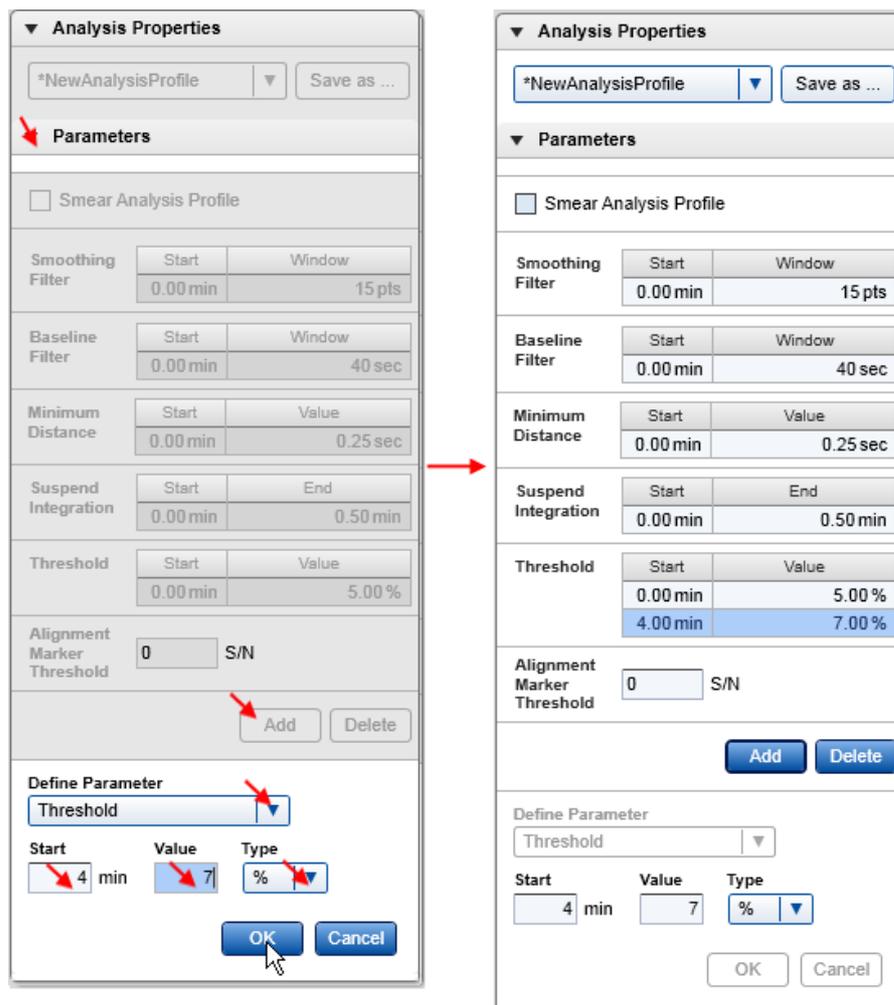
1. Fare clic sul parametro.
2. Modificare il valore (e l'unità se possibile).
3. Fare clic su **OK**.



Modifica del parametro di soglia.

Ad esempio, per aumentare il parametro di soglia al 7% a partire da 4 minuti, eseguire le operazioni seguenti:

1. Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) al di sotto dei parametri.
2. Selezionare la tipologia di parametro **Threshold** (Soglia).
3. Regolare il tempo di avvio (4 minuti), il valore soglia (7), e la sua unità (%).
4. Accettare le modifiche facendo clic su **OK**.



Ogni parametro visualizzato nella figura precedente ha un momento corrispondente. Ciò è necessario poiché tutti i parametri, eccetto **Alignment Marker Threshold** (Soglia marcatori di allineamento), possono essere modificati rispetto al tempo.

**Nota:** il tempo del parametro iniziale a 0,0 minuti non può essere modificato. Il parametro dell'integrazione di sospensione è un'eccezione. Viene disattivato di default e può essere attivato per ignorare un intervallo definito di dati durante il rilevamento di picco. Questa regione non inizia necessariamente da 0,0 minuti.

La descrizione dei parametri e le istruzioni su come ricavare le impostazioni idonee si trovano nella tabella sulla pagina successiva. Fare riferimento alle sezioni [Standard DNA analysis](#) (Analisi DNA standard), [Fast Analysis DNA analysis](#) (Analisi DNA rapida), [Smear DNA analysis](#) (Analisi striscio DNA), [gDNA analysis](#) (Analisi gDNA), e [Standard RNA analysis](#) (Analisi RNA standard) per informazioni su quali parametri sono più efficaci per i propri campioni. Maggiori informazioni sugli algoritmi di analisi in QIAxcel ScreenGel e i rispettivi parametri si trovano nell'[Appendice D](#).

Parametro	Descrizione	Regolazione del valore
Picco	Solo <b>per</b> modalità DNA. Questo parametro determina il profilo fornito come un <b>profilo DNA</b> per picchi netti.	Selezionare questa opzione se il profilo deve essere utilizzato per <a href="#">Standard DNA analysis</a> (Analisi DNA standard) o <a href="#">Fast Analysis DNA analysis</a> (Analisi DNA rapida).
Striscio	Solo <b>per</b> modalità DNA. Questo parametro determina il profilo fornito come un <b>profilo di striscio di DNA</b> .	Selezionare questa opzione se il profilo deve essere utilizzato per <a href="#">Smear DNA analysis</a> (Analisi striscio DNA) delle librerie di DNA.
gDNA	Solo <b>per</b> modalità DNA. Questo parametro determina il profilo fornito come un <b>profilo gDNA</b> .	Selezionare questa opzione se il profilo deve essere utilizzato per <a href="#">gDNA analysis</a> (analisi di gDNA).
Filtro di riferimento	Questo parametro guida la rilevazione della linea di riferimento (mostrato come una linea rossa negli elettroferogrammi).  <b>Nota:</b> In caso di striscio DNA e di analisi gDNA, il software rileva la linea di riferimento automaticamente, senza bisogno di parametrizzazione da parte dell'utente. Pertanto, per i profili di analisi striscio e gDNA, non viene mostrato alcun parametro di riferimento.	Il valore predefinito per il parametro Window (Finestra) dovrebbe essere sufficiente per la maggioranza dei campioni.  Se la linea di riferimento inizia a seguire i dati, aumentare il valore. In generale, questo valore dovrebbe essere impostato in modo tale da raddoppiare la larghezza di un singolo picco, ma non deve essere più ampio della metà del tempo di migrazione totale.  Se le ampiezze di picco differiscono di molto nel tempo, utilizzare valori distinti per il parametro Window (Finestra) in diversi intervalli di tempo. Per un esempio, vedere le impostazioni del parametro di analisi "RNA di default" e <a href="#">Analyze RNA samples</a> (Analizza campioni di RNA).

Soglia	<p>Il parametro di soglia è utilizzato durante il rilevamento dei picchi. I segnali che eccedono la linea di riferimento dal valore di soglia sono rilevati come picchi. La soglia può essere data in RFU, come percentuale del segnale più elevato nel campione, o come multiplo del livello di rumore (stimato) dell'elettroferogramma.</p> <p><b>Nota:</b> Il software utilizza la soglia per il rilevamento dei picchi del marcatore di allineamento ogni volta che nessuna soglia del marcatore di allineamento più elevato è impostata.</p>	<p>L'impostazione predefinita è un buon punto di avvio per la maggioranza dei campioni. La soglia dovrebbe essere abbassata se i picchi relativi sono inferiori alla soglia e non riconosciuti come picchi.</p> <p>È possibile specificare la soglia utilizzando diverse unità. Utilizzare l'unità RFU per impostare la soglia ad un valore di RFU fisso. Utilizzare l'unità % per specificare la soglia come una percentuale del segnale più elevato nel campione. Utilizzare l'unità S/N per specificare la soglia come un multiplo del livello di rumore, che è stimato a partire dai dati del campione.</p> <p><b>Nota:</b> Per l'analisi striscio di DNA e gDNA, è richiesto un valore S/N più elevato come soglia.</p> <p><b>Nota:</b> Il parametro di soglia può essere modificato interattivamente nella vista singola dell'elettroferogramma. Basta trascinare la soglia (visualizzata in blu) con il mouse. Facendo ciò, il campione viene rianalizzato utilizzando la nuova soglia (tutti gli altri parametri sono estratti dalle proprietà del campione).</p>
Distanza minima	<p>Il parametro di distanza minima è utilizzato durante il controllo di plausibilità dei picchi. Esso definisce la distanza minima che due raggruppamenti di picco devono avere per essere rilevati come due picchi distinti.</p> <p>Nei dati di rumorosità con forte tailing o fronting, i picchi del rumore possono incrociare la soglia di picco minima varie volte al bordo dei picchi. Il rilevamento di tali picchi di rumore viene prevenuto da questo parametro.</p>	<p>L'impostazione predefinita è idonea per la maggioranza dei campioni. Per dati di forte rumorosità con fronting o tailing, al fine di prevenire il rilevamento di picchi di rumore ai bordi del raggruppamento, aumentare il valore.</p>

## Integrazione di sospensione

Il parametro dell'integrazione di sospensione disattiva il rilevamento dei picchi per un periodo definito di tempo. Le aree interessate sono contrassegnate con una barra grigia nella vista singola dell'elettroferogramma nonché nella panoramica dell'elettroferogramma. I picchi che si sovrappongono con questa barra sono ignorati dall'analisi.

Nell'impostazione predefinita, l'**Integrazione di sospensione** è disattivata, cioè il rilevamento dei picchi è eseguito per l'intera durata del tempo di migrazione. L'intervallo di tempo per l'**Integrazione di sospensione** può essere specificato tramite il tempo di migrazione assoluto o relativo. Nel caso in cui venga utilizzata l'unità di tempo relativo, i picchi dei marcatori di allineamento non sono interessati dall'**Integrazione di sospensione**.

**Nota:** L'intervallo di integrazione di sospensione è ombreggiato in grigio nella vista singola e nella panoramica dell'elettroferogramma.

**Nota:** Se viene scelto il tempo relativo per descrivere l'intervallo di integrazione di sospensione, si applica il seguente contrasto: in caso di due picchi di marcatori di allineamento, tutti i tempi relativi devono essere tra 0 e 1. In caso di 1 picco del marcatore di allineamento, tutti i tempi relativi devono essere superiori a 1.

## Filtro di smoothing

Il parametro del filtro di smoothing definisce l'ampiezza della finestra di smoothing, ossia la forza dello smoothing. Il filtro di smoothing migliora il rapporto segnale/rumore (S/N, signal-to-noise) dei dati ma abbassa la risoluzione.

L'ampiezza predefinita della finestra è una buona impostazione per la maggioranza dei campioni. Se due picchi ravvicinati non possono essere risolti, il parametro del filtro di smoothing può essere abbassato o disabilitato (impostato cioè a 0 punti) per ottenere la risoluzione ottimale. Un esempio per lo smoothing disabilitato è il profilo **Default Fast Analysis** (Analisi rapida predefinita).

**Nota:** Un diverso algoritmo di smoothing è applicato nell'**analisi striscio di DNA** ([Appendice D](#)). Il parametro della lunghezza della finestra di questo algoritmo è fornito in secondi.

Soglia del marcatore di allineamento

Questo parametro consente di impostare una soglia più elevata per i picchi del marcatore di allineamento. Si raccomanda di evitare che picchi di bassa intensità vengano rilevati come picchi del marcatore di allineamento, ad es. dimeri primer prima del picco del marcatore di allineamento inferiore o picchi di rumore sull'estremità del marcatore di allineamento superiore.

Un valore tra 5 e 10 dovrebbe essere idoneo per la maggioranza dei campioni. Se i picchi del marcatore di allineamento hanno un valore S/N inferiore, è possibile abbassare questa soglia, o disabilitarla impostandola ad un valore inferiore del parametro Soglia.

**Nota:** Per l'analisi striscio di DNA e gDNA, è richiesto un valore S/N più elevato come soglia del marcatore di allineamento.

## Creazione di un nuovo profilo di analisi

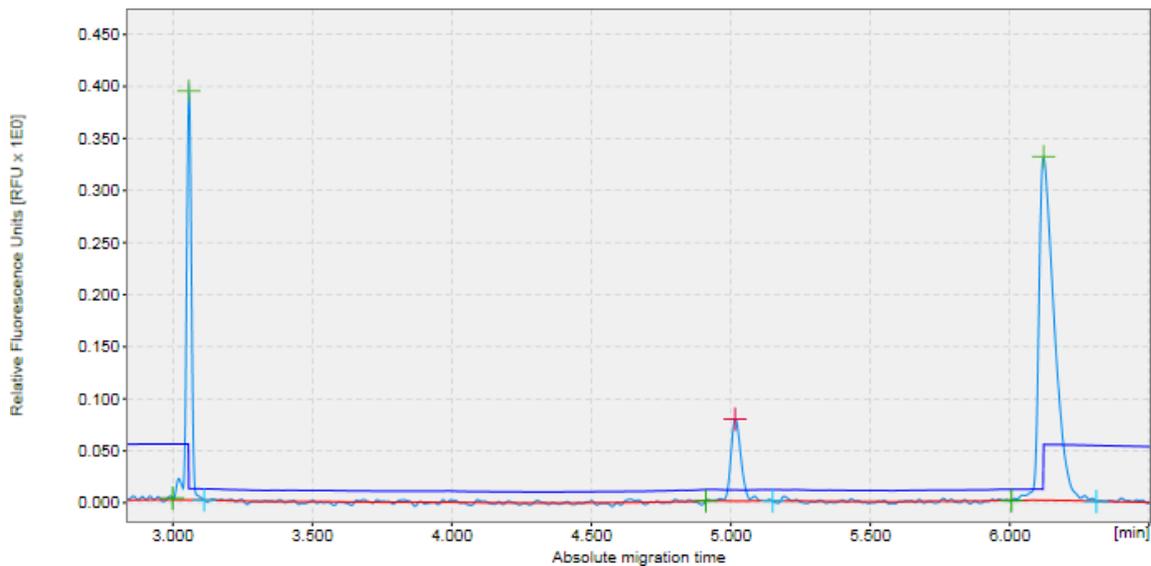
Per creare un nuovo profilo di analisi, procedere come segue.

1. Aprire la scheda **Analysis** (Analisi) a destra dell'ambiente **Analysis** (Analisi).
2. Selezionare un profilo di analisi esistente dall'elenco a discesa **Profile** (Profilo). Il profilo selezionato serve da modello per la creazione del profilo nuovo. Selezionare **NewAnalysisProfile** (Nuovo profilo di analisi) per cominciare con i parametri predefiniti.
3. Modificare i parametri di analisi secondo le proprie necessità come descritto nella sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).
4. Salvare il nuovo profilo facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome) a destra dell'elenco a discesa **Profile** (Profilo).
5. Assegnare un nome unico al profilo e fare clic su **OK**.

**Nota:** i profili di analisi nuovi possono essere creati soltanto da utenti con il ruolo di **Advanced User** (Utente avanzato).

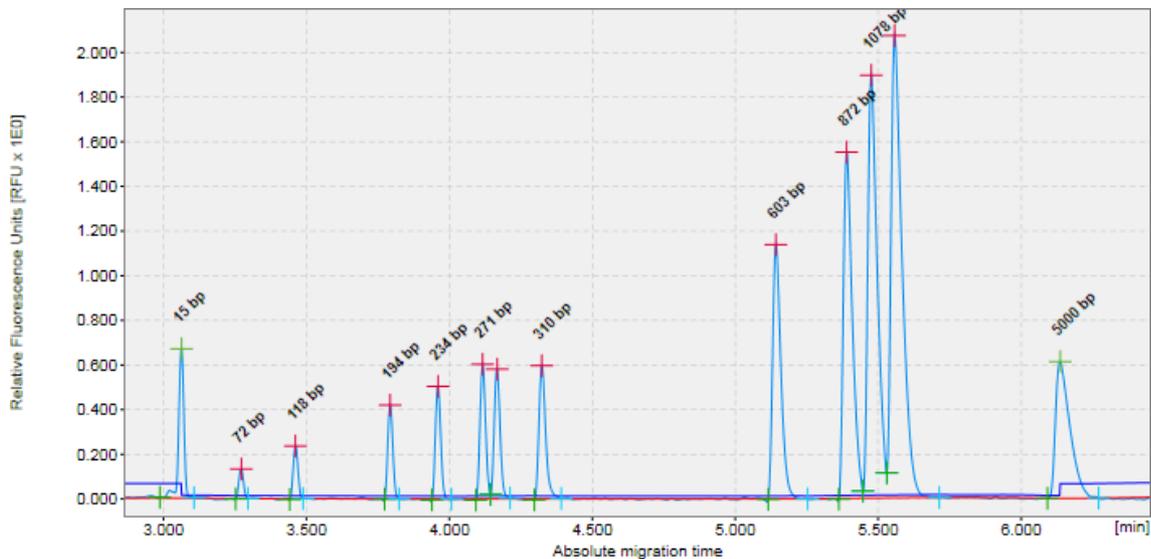
## Determinazione della dimensione e della concentrazione

Nel caso di un campione con picchi rilevati, le dimensioni e le concentrazioni degli analiti sottostanti vengono calcolate facendo riferimento a un campione contenente frammenti di dimensione e concentrazioni conosciuti. Le seguenti figure mostrano come viene utilizzato il cosiddetto marcatore di riferimento (figura centrale) per ricavare le dimensioni e le concentrazioni dei picchi rilevati (figura in alto e in basso). Un marcatore di riferimento può essere creato in due modi: si processa un campione del marcatore di dimensione con i campioni in fase di analisi oppure nella sezione **Marcatore di riferimento** si seleziona un marcatore di riferimento salvato precedentemente. Per i dettagli, vedere [Creazione di un marcatore di riferimento](#).

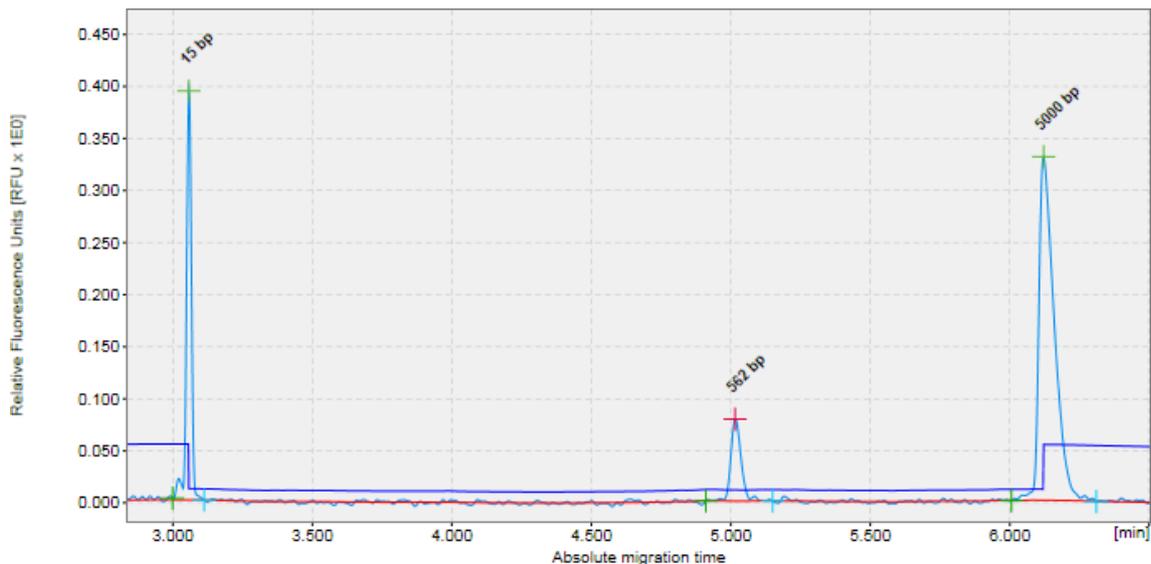


Campione con picchi rilevati ma non annotati.

Ogni picco rilevato viene mappato con un picco del marcatore di riferimento corrispondente. In presenza di picchi che non hanno picchi del marcatore di riferimento corrispondente unici, verranno presi come riferimento quelli del marcatore adiacente (ad es. con una dimensione conosciuta rispettivamente di 310 bp e 603 bp).



Campione del marcatore di riferimento. Le dimensioni e le concentrazioni delle molecole contenute sono conosciute.



Campione con picchi rilevati e annotati.

Le dimensioni dei picchi appena rilevati vengono trasmesse direttamente dai picchi del marcatore di riferimento corrispondente (picco di 15 bp) oppure interpolate attraverso due picchi del marcatore di riferimento adiacente (picco di 562 bp interpolato da 310 bp e 603 bp).

Allo stesso modo, le concentrazioni degli analiti rilevati fanno riferimento alle concentrazioni conosciute sottostanti ai picchi del marcatore di riferimento corrispondente.

Questa sezione descrive come procedere alla determinazione della dimensione e della concentrazione.

**Nota:** l'analisi dei campioni può essere eseguita soltanto da utenti con i ruoli utente **Basic User** (Utente base) e **Advanced User** (Utente avanzato).

#### Procedura per la determinazione della dimensione e della concentrazione

Per determinare la dimensione e la concentrazione, procedere come segue:

1. Caricare i campioni che si desidera analizzare tramite **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti). Per i dettagli, fare riferimento alla sezione [Caricamento dati dei campioni](#).
2. Definire i parametri da utilizzare per l'analisi nel relativo riquadro **Analysis parameters** (Parametri di analisi) situato a destra nell'ambiente **Analysis** (Analisi).

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters** (Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



È possibile [riutilizzare](#) i parametri di analisi e la tabella del marcatore di riferimento del campione analizzato. Ciò può essere utile nel caso in cui i campioni siano stati già analizzati durante il processo di acquisizione dei dati, ma l'analisi deve essere riesaminata o ripetuta. A tal fine, fare clic con il pulsante destro del mouse su uno dei campioni in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) e selezionare l'opzione del menu contestuale **Transfer Analysis Instruction** (Trasferisci istruzioni di analisi). I parametri di analisi e la tabella dei marcatori di riferimento, se presente, saranno trasferiti dal campione alla scheda dei parametri di analisi.

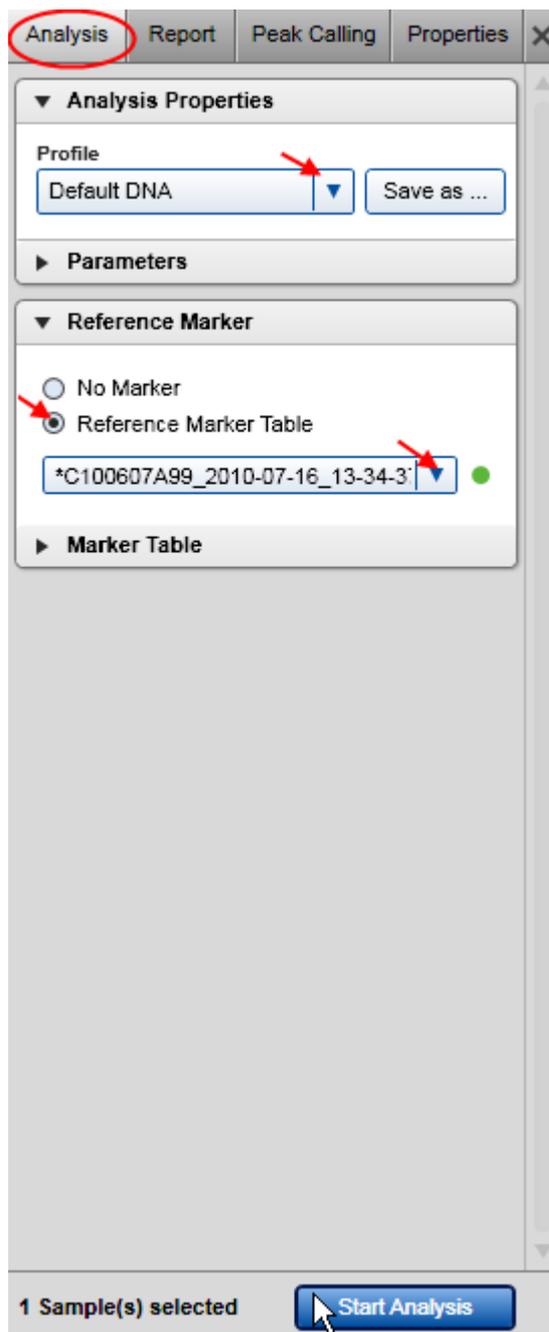
In alternativa, selezionare un profilo di analisi predefinito nel riquadro **Analysis properties** (Proprietà di analisi).

Fare riferimento a [Analysis of DNA samples](#) (Analisi campioni di DNA) e [Analysis of RNA samples](#) (Analisi campioni di RNA) per avere una guida in merito a quale profilo di **analisi** selezionare inizialmente e come utilizzare le opzioni di analisi per i propri campioni specifici.

Per modificare o creare un profilo di analisi, fare riferimento alle sezioni [Modifica di un profilo di analisi](#) e [Creazione di un nuovo profilo di analisi](#), rispettivamente.

3. Nel caso in cui il marcatore di dimensione sia stato processato con i campioni, creare un nuovo marcatore di riferimento come descritto in [Creazione di un marcatore di riferimento](#). Nel caso in cui sia stato necessario analizzare i campioni durante il processo di acquisizione dei dati ma è apparso un messaggio di errore oppure i risultati del campione non sono quelli previsti, utilizzare la procedura per controllare fase per fase la correttezza del marcatore di riferimento creato, quindi crearlo nuovamente, se necessario. Nel caso in cui sia necessario ricreare il marcatore di riferimento, come descritto nelle fasi successive, anche tutti gli altri campioni devono essere rianalizzati utilizzando questo nuovo marcatore di riferimento nella fase 6.
4. Visualizzare i campioni che si desidera analizzare. Vedere la sezione [Visualizzazione dei dati dei campioni](#) per i dettagli sull'ispezione dei dati.
5. Selezionare i campioni per l'analisi.  
**Nota:** in questa sezione è pertinente la selezione all'interno della vista centrale (non la selezione in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti)). Vedere la sezione [Selezione dei campioni per analisi o referto](#) per i dettagli.
6. Definire il marcatore di riferimento da utilizzare nella sezione **Marcatore di riferimento** del riquadro **Analysis** (Analisi). Se si è appena creato o ricreato un marcatore di riferimento nella fase 2, questo è preselezionato per l'utilizzo. Passare al punto 7.

In alternativa, controllare la **Tabella dei marcatori di riferimento**, quindi selezionare un marcatore di riferimento salvato precedentemente. I dettagli del marcatore di riferimento sono mostrati sotto la casella combinata.



Marcatore di riferimento controllato.

**Nota:** per garantire la compatibilità, l'elenco a discesa dei marcatori di riferimento contiene solo tabelle di marcatori di riferimento che corrispondono al marcatore di allineamento dei campioni selezionati. Nel caso in cui non ci sia alcuna tabella corrispondente dei marcatori di riferimento o non sia stato selezionato alcun campione per l'analisi, l'elenco a discesa è contrassegnato come non valido e vuoto. In questo caso selezionare un campione. Nel caso in cui l'elenco a discesa continui a essere contrassegnato come non valido, controllare il marcatore di allineamento del campione e correggerlo se necessario (fare riferimento a [Controllo del marcatore di allineamento](#)) o creare un nuovo marcatore di riferimento (fare riferimento a [Creazione di un marcatore di riferimento](#)).

**Nota:** se non è stato selezionato alcun campione per l'analisi, l'elenco a discesa dei marcatori di riferimento è vuoto. Selezionare i campioni da analizzare prima di selezionare il marcatore di riferimento. Per i dettagli, vedere [Selezione dei campioni per analisi o referto](#).

**Nota:** consultare la tabella sottostante per la spiegazione del simbolo a destra dell'elenco a discesa **Reference Marker Table** (Tabella dei marcatori di riferimento):

●	<p>La tabella dei marcatori di riferimento selezionata è completamente compatibile.</p> <p>Ciò significa che il marcatore di dimensione utilizzato per la tabella dei marcatori di riferimento non è stato processato né prima né dopo 90 giorni (DNA)/60 (RNA) giorni rispetto al campione e con la stessa cartuccia e lo stesso metodo del campione. Per l'analisi non è necessario processare per primo il marcatore di dimensione. L'utente può analizzare anche campioni meno recenti utilizzando un marcatore di riferimento più nuovo.</p>
●	<p>Il marcatore di dimensione utilizzato per la tabella dei marcatori di riferimento è stato processato oltre 90 giorni (DNA)/60 giorni (RNA) prima o dopo del campione, con la stessa cartuccia e lo stesso metodo del campione.</p>
●	<p>La tabella del marcatore di riferimento è stata processata con lo stesso metodo del campione ma con un'altra cartuccia dello stesso tipo.</p>
●	<p>La tabella dei marcatori di riferimento non è compatibile con il campione. Questo può accadere se nessun marcatore di riferimento corrisponde al tipo di cartuccia, al metodo e al marcatore di allineamento del campione.</p> <p>Viene visualizzato anche quando il software non è in grado di controllare la compatibilità perché non è stato selezionato alcun campione per l'analisi.</p>

**Importante:** la selezione del corretto marcatore dimensionale aumenterà la precisione della determinazione delle dimensioni e della concentrazione. Usare il marcatore contenente i frammenti di DNA più vicini alle dimensioni dei frammenti di DNA che ci si è posti come obiettivo. I frammenti di DNA da analizzare devono rientrare nella dimensione minima e massima dei frammenti del marcatore di dimensione. Inoltre il range del marcatore di allineamento deve coprire il range del marcatore dimensionale.

7. Avviare l'analisi facendo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) presente in basso nel riquadro **Analysis Parameters** (Parametri di analisi).

8. Visualizzare i risultati dell'analisi. Per ciascun campione analizzato, i risultati sono mostrati sotto forma di tabella in basso nell'ambiente **Analysis** (Analisi) nella scheda **Peak Result** (Risultato dei picchi). In caso di analisi striscio o gDNA in modalità **DNA**, la scheda **Smear/gDNA Result** (Risultato striscio/gDNA) mostra le proprietà calcolate specifiche per i picchi di striscio. Per maggiori dettagli, vedere la sezione [Tabella dei risultati](#). La vista di un elettroferogramma singolo è la più adatta per verificare il rilevamento dei picchi. (Vedere [Vista dell'elettroferogramma](#)).

**Nota:** se i campioni sono stati precedentemente analizzati con **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) o **Distribution analysis** (Analisi di distribuzione), anche questi risultati saranno aggiornati automaticamente in base ai nuovi calcoli dei picchi/picchi di striscio.

Nel caso in cui il campione fosse stato precedentemente analizzato con l'[analisi di distribuzione](#) in modalità DNA, la vista singola dell'elettroferogramma mostra i picchi di striscio corrispondenti alle aree di interesse come definite nel [profilo di distribuzione](#). Per vedere un grafico del rilevamento picchi, l'analisi di distribuzione deve essere temporaneamente eliminata. Per fare ciò, fare clic con il pulsante destro del mouse in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a destra e selezionare l'opzione **Transfer Distribution Profile** (Trasferisci profilo di distribuzione) per copiare i parametri che sono stati utilizzati per l'analisi di distribuzione nel riquadro **Distribution** (Distribuzione) a destra per un riutilizzo successivo. Quindi fare clic nuovamente con il pulsante destro del mouse sul campione e selezionare l'opzione **Remove Distribution Analysis Data** (Elimina dati dell'analisi di distribuzione) per eliminare i risultati dell'analisi di distribuzione dal campione. L'elettroferogramma singolo mostra ora il risultato del rilevamento picchi. Esso mostra i picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati di verde all'apice) e i picchi di striscio secondo la tabella **Smear/gDNA Result** (Risultato striscio/gDNA).

9. Verificare che siano stati rilevati i picchi corretti. Innanzitutto è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, [adattare i parametri di analisi](#) e ripetere le fasi da 5 a 9.

Fare riferimento a [Analysis of DNA samples](#) (Analisi campioni di DNA) e [Analysis of RNA samples](#) (Analisi campioni di RNA) per avere una guida in merito a quale profilo di **analisi** selezionare inizialmente e come utilizzare le opzioni di analisi per i propri campioni specifici.

Come ultima opzione, utilizzare le opzioni **Insert/Delete Peak** (Inserisci/Elimina picco) descritte nella sezione [Modifica manuale dei risultati di analisi](#).

10. Nel caso in cui sia necessario rimuovere temporaneamente l'analisi di distribuzione, questa deve essere ripetuta manualmente utilizzando i parametri del profilo di distribuzione trasferiti in precedenza. Per le istruzioni, fare riferimento a [Analisi di distribuzione](#).

11. [Salvare i risultati dell'analisi](#) facendo clic sul pulsante **Save** (Salva) in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

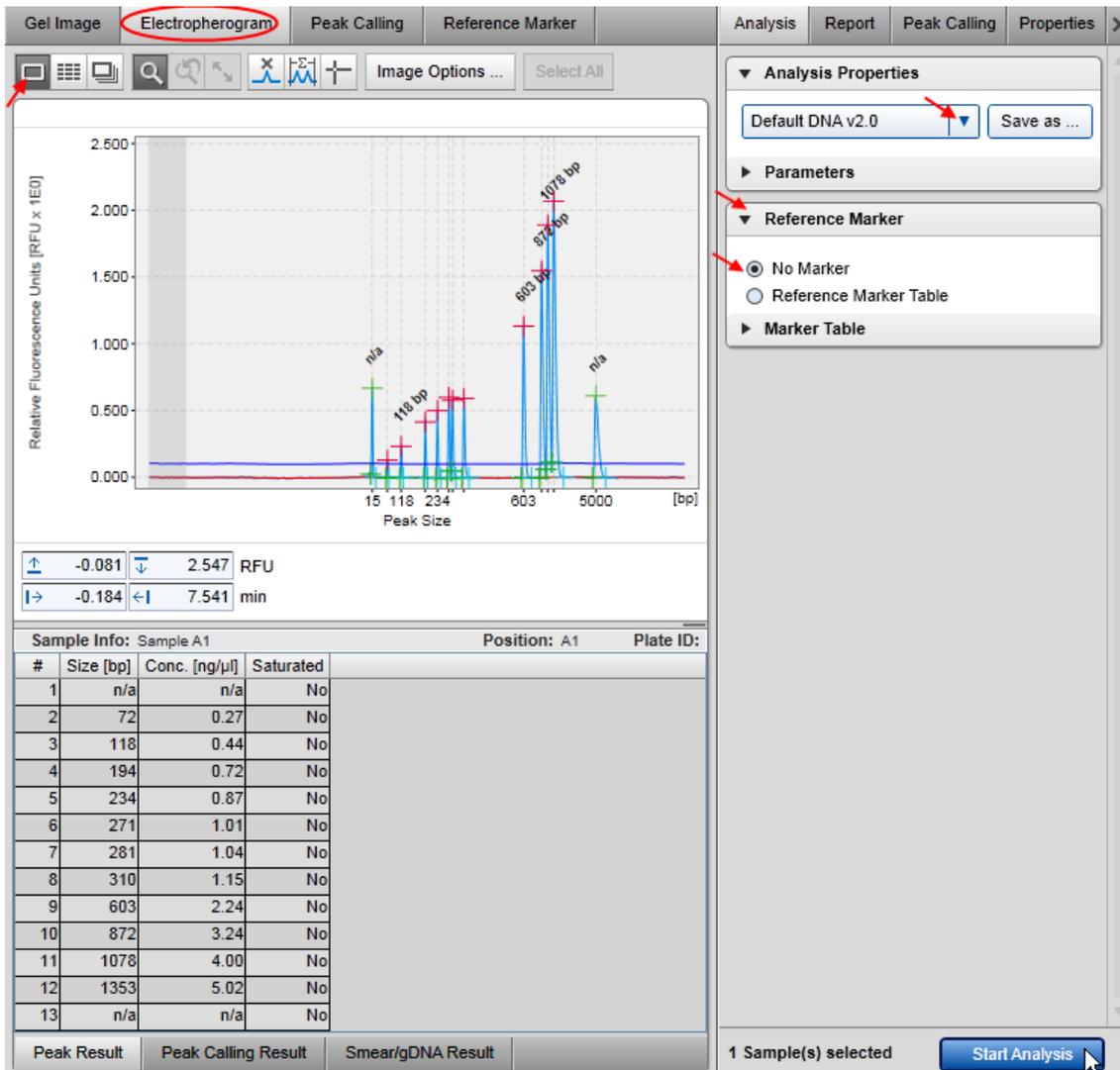
Durante il processo di acquisizione dei dati è possibile automatizzare il rilevamento dei picchi e la determinazione della dimensione e della concentrazione. Per farlo, salvare tutte le modifiche apportate ai parametri di analisi in un profilo di analisi personalizzato. Assicurarsi che questi parametri di analisi siano adatti per tutti i campioni e anche per il campione del marcatore di dimensione. Quindi [creare un profilo di processo](#). Nella fase [Process Profile](#) (Profilo di processo), selezionare l'opzione **Analysis** (Analisi) nella sezione **Fasi incluse**. Nella fase [Analysis](#) (Analisi), selezionare il profilo di analisi personalizzato. Nel caso in cui il marcatore di dimensione debba essere processato affiancato ai campioni, definire nella fase [Run Parameters](#) (Parametri di processo) la sua posizione nella parte destra della schermata durante un processo, quindi selezionare l'opzione **Run size marker side by side with sample** (Processa marcatore di dimensione affiancato al campione) durante la fase [Marker](#) (Marcatore), infine selezionare il marcatore di allineamento e quello di dimensione. Invece, nel caso in cui sia necessario riutilizzare per diversi processi un marcatore di riferimento creato in precedenza, selezionare l'opzione **Reference Marker Table** (Tabella del marcatore di riferimento), quindi selezionare il marcatore di riferimento creato in precedenza. Per ulteriori dettagli, fare riferimento alle opzioni [Process profile \(Profilo di processo\)](#). Salvare il profilo di processo con queste impostazioni per poterlo riutilizzare. Durante ogni configurazione del processo, accertarsi di selezionare il marcatore di allineamento nel passaggio **Sample Selection** (Selezione campioni).

### Creazione di un marcatore di riferimento

Per creare un nuovo marcatore di riferimento è necessario un campione con marcatore dimensionale analizzato, con annotati i tempi di picco e le aree. Un marcatore di riferimento si forma facendo corrispondere i picchi del campione con marcatore dimensionale a una tabella di marcatori dimensionali (includendo il marcatore di allineamento).

Procedere come segue:

1. In [Experiment Explorer](#) (Scorri esperimenti) selezionare il campione che contiene il marcatore dimensionale. Se non è contrassegnato come marcatore dimensionale (cioè se il suo simbolo è  o ) , contrassegnarlo con un clic destro del mouse e selezionando l'opzione **Size Marker** (Marcatore dimensionale) dal menu contestuale che appare. L'icona cambia in  o in .



Analisi del campione con marcatore dimensionale in corso.

2. Aprire il campione con marcatore dimensionale nella vista dell'elettroferogramma singolo facendo clic sulla scheda **Electropherogram** (Elettroferogramma) nella parte superiore della vista centrale. Se il campione con marcatore dimensionale è già stato analizzato (cioè se il suo simbolo è ) , andare avanti con il passaggio 6.
3. Selezionare un profilo nella barra degli strumenti **Analysis Properties** (Proprietà analisi)..

Fare riferimento a [Analysis of DNA samples](#) (Analisi campioni di DNA) e [Analysis of RNA samples](#) (Analisi campioni di RNA) per avere una guida in merito a quale profilo di **analisi** selezionare inizialmente e come utilizzare le opzioni di analisi per i propri campioni specifici.

**Nota:** è possibile [riutilizzare](#) i parametri di analisi di un campione con marcatore dimensionale analizzato. Questo può essere utile se il campione è già stato analizzato durante il processo di acquisizione dei dati, ma l'analisi dovrà essere revisionata o ripetuta. Fare clic con il pulsante destro del mouse su Experiment Explorer (Scorri esperimenti) e selezionare l'opzione **Transfer Analysis Instruction** (Istruzione trasferimento analisi) dal menu contestuale. I parametri di analisi e la tabella dei marcatori di riferimento, se presente, saranno trasferiti dal campione alla scheda dei parametri di analisi.

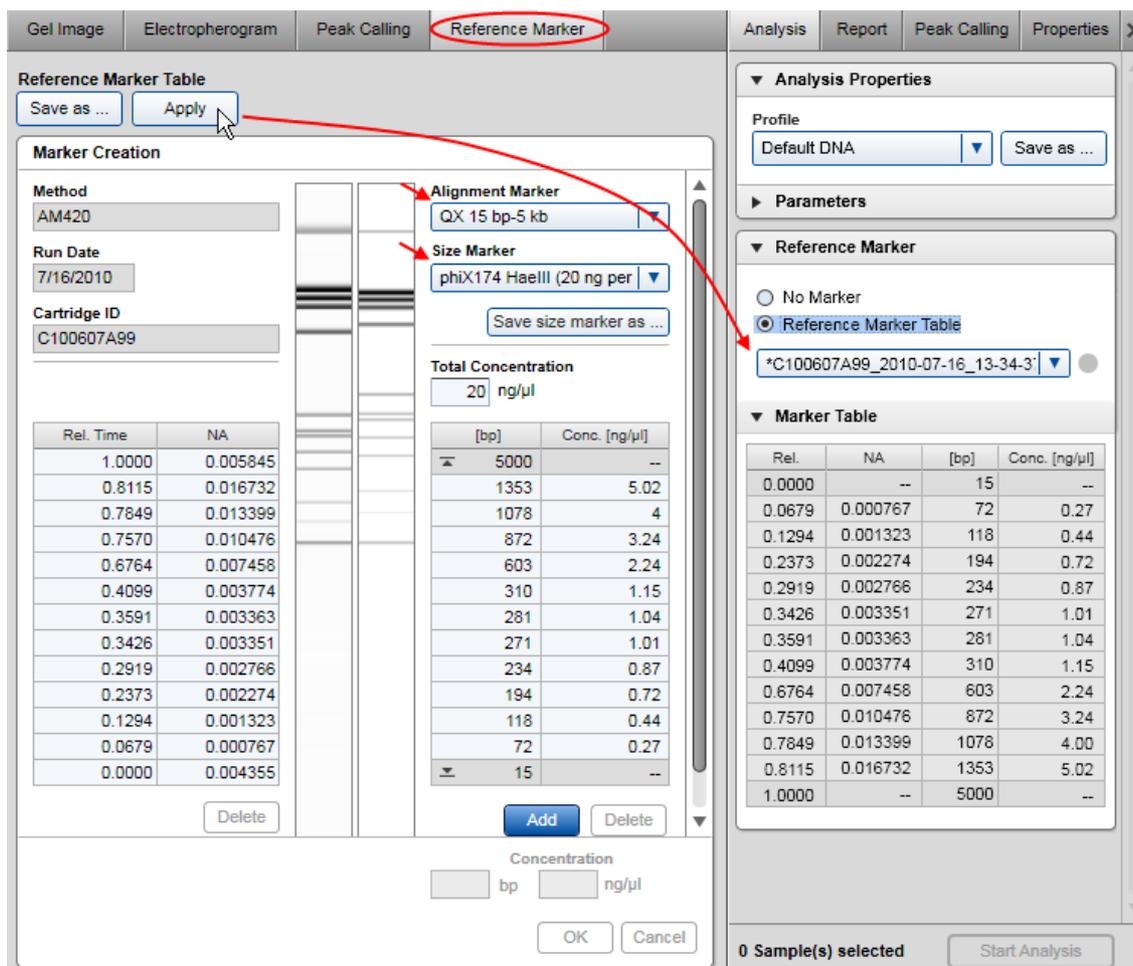
4. Selezionare **No Marker** (Nessun marcatore) come marcatore di riferimento nella barra degli strumenti **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) sottostante.
5. Avviare l'analisi facendo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi).  
Il risultato dell'analisi è un campione con annotati i tempi di picco e le aree.
6. Verificare che siano stati rilevati i picchi corretti. Se non è così, [adattare i parametri di analisi](#) e ripetere l'analisi del campione con marcatore dimensionale.

Fare riferimento a [Analysis of DNA samples](#) (Analisi campioni di DNA) e [Analysis of RNA samples](#) (Analisi campioni di RNA) per avere una guida in merito a quale profilo di **analisi** selezionare inizialmente e come utilizzare le opzioni di analisi per i propri campioni specifici.

Come ultima possibilità, usare le opzioni **Insert/Delete Peak** (Inserisci/Elimina picco) descritte nella sezione [Modifica manuale dei risultati di analisi](#).

7. Passare alla schermata **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) facendo clic sulla scheda **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) nella parte superiore della vista centrale.  
La tabella dei picchi (con le colonne **Rel. Time (Tempo relativo)** e **NA** (Non applicabile)) del campione con marcatore dimensionale è visualizzata sul lato sinistro dello schermo.

**Nota:** se in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) non è stato selezionato nessun marcatore dimensionale o se il campione con marcatore dimensionale selezionato non è stato analizzato, il pannello è vuoto. In tal caso, ripetere prima i passaggi di cui sopra.



Creazione del marcatore di riferimento.

**Nota:** a seconda della cartuccia e del metodo, un marcatore dimensionale crea colonne gel diverse. Poiché la colonna gel per il marcatore dimensionale (lato destro) è un calcolo basato solo sulla tabella dei marcatori dimensionali, questa immagine può differire dalla colonna gel derivante dal processo effettivo (lato sinistro).

- Nella schermata **Reference Marker** (Marcatore di riferimento), controllare il marcatore di allineamento e selezionare il marcatore dimensionale usato nel campione con marcatore dimensionale. Al centro della schermata appare un confronto fra la visualizzazione su gel del campione (a sinistra) e la visualizzazione su gel del marcatore di riferimento teorico (a destra).

**Nota:** se il marcatore di allineamento non è corretto, modificarlo come descritto in [Verifica dei marcatori di allineamento](#).

**Nota:** la creazione di nuovi marcatori dimensionali è descritta in [Creazione di una nuova tabella di marcatori dimensionali](#).

9. Se il numero di picchi presenti nel campione con marcatore dimensionale corrisponde al numero di picchi presente nel marcatore di riferimento (due picchi nel marcatore di allineamento più i picchi nel marcatore dimensionale), allora il marcatore di riferimento può essere usato per l'analisi del campione. Fare clic sul pulsante **Apply** (Applica) nella parte superiore della schermata **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) per copiare il marcatore di riferimento così creato nella parte inferiore del pannello **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) della schermata **Analysis parameters** (Parametri di analisi).

Esiste anche l'opzione di salvare il marcatore di riferimento tramite il pulsante **Save as** (Salva con nome) nella parte superiore della schermata, se si desidera usare la tabella dei marcatori di riferimento per l'analisi di ulteriori esperimenti.

**Nota:** se il marcatore di riferimento non è valido, ad esempio quando il numero dei picchi a sinistra non corrisponde a quello dei picchi a destra, i pulsanti **Apply** (Applica) e **Save as** (Salva con nome) sono disabilitati e appare un'avvertenza nella parte superiore dello schermo.

Se nel campione con marcatore dimensionale è stato rilevato un numero di picchi maggiore del previsto, è possibile eliminarli tramite il pulsante **Delete** (Elimina) sotto la tabella dei picchi del campione con marcatore dimensionale (con le colonne **Rel. Time** (Tempo relativo) e **NA** (Non applicabile)). In alternativa, passare alla vista dell'elettroferogramma singolo e verificare che siano stati rilevati i picchi corretti. Usare le opzioni **Insert/Delete Peak** (Inserisci/Elimina picco) descritte nella sezione [Modifica manuale dei risultati di analisi](#), oppure modificare i parametri di analisi, e ripetere l'analisi del campione con marcatore dimensionale.

**Nota:** un marcatore di riferimento può essere creato soltanto da utenti con i ruoli utente **Basic User** (Utente base) e **Advanced User** (Utente avanzato).

Se il marcatore dimensionale sarà eseguito parallelamente con i campioni, è possibile automatizzare la creazione del marcatore di riferimento durante il processo di acquisizione dei dati. Per farlo, salvare tutte le modifiche apportate ai parametri di analisi in un profilo di analisi personalizzato. Verificare che questi parametri di analisi siano validi anche per i campioni. Quindi [creare un profilo di processo](#) definendo la posizione del marcatore dimensionale per un processo nel passaggio [Run Parameters](#) (Parametri di processo) e selezionando il profilo di analisi personalizzato nel passaggio [Analysis](#) (Analisi). Salvare il profilo di processo con queste impostazioni per poterlo riutilizzare.

Per continuare l'analisi del campione, fare riferimento al passaggio 3 della [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#).

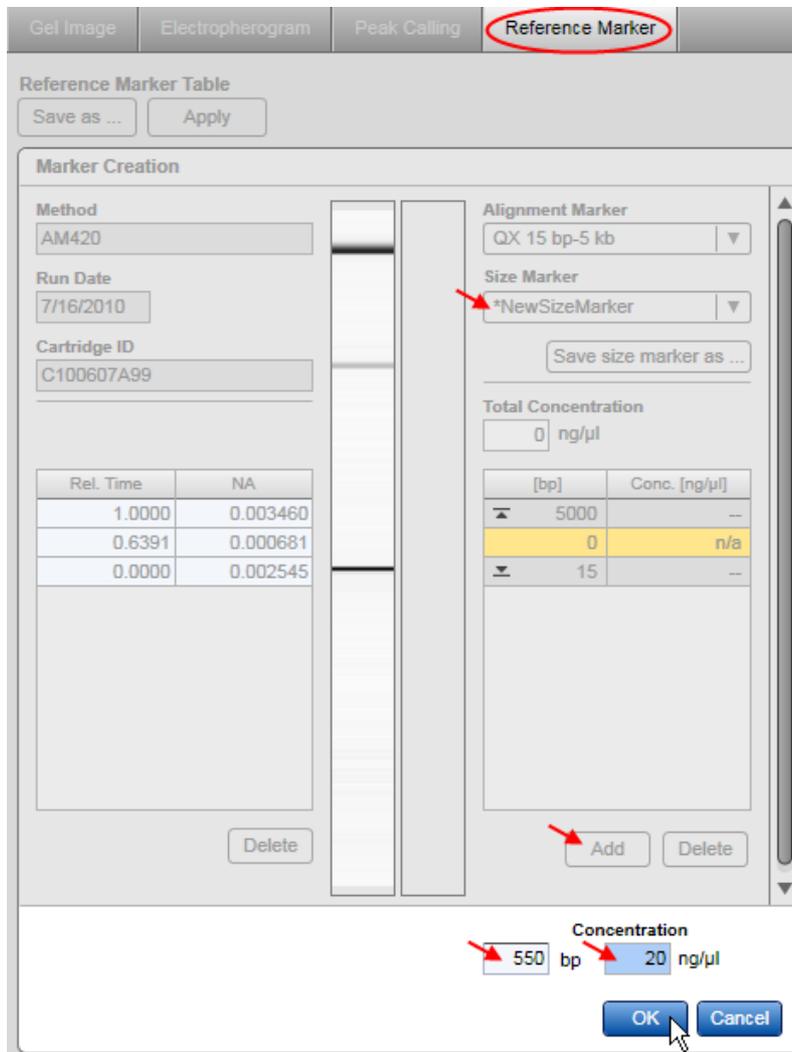
## Creazione di una nuova tabella di marcatori dimensionali

Per usare un marcatore dimensionale personalizzato, occorre creare manualmente una nuova tabella di marcatori dimensionali.

Procedere come segue:

1. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) selezionare il campione che contiene il marcatore dimensionale. Se non è contrassegnato come marcatore dimensionale (cioè se il suo simbolo è  o ), contrassegnarlo con un clic destro del mouse, selezionando l'opzione **Size Marker** (Marcatore dimensionale) dal menu contestuale che appare. L'icona cambia in  o in .

2. Aprire la schermata **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) dell'ambiente **Analysis** (Analisi).



Modifica di un nuovo marcatore dimensionale.

3. Selezionare **NewSizeMarker** (Nuovo marcatore dimensionale) dall'elenco a discesa per creare una tabella di marcatori dimensionali vuota.
4. Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) sotto la tabella per aggiungere una nuova riga alla tabella.
5. Definire le dimensioni e, se si desidera, la concentrazione (opzionale).
6. Fare clic su **OK** per salvare le modifiche alla tabella. Ripetere i passaggi dal 4 in poi per definire tutte le righe.
7. Salvare il nuovo marcatore dimensionale facendo clic sul pulsante **Save Size Marker** (Salva marcatore dimensionale) sotto l'elenco a discesa dei marcatori dimensionali.

**Nota:** un nuovo marcatore dimensionale può essere creato soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

**Nota:** se viene selezionato un campione contrassegnato come marcatore dimensionale, potrebbe apparire un'avvertenza relativa ad un'errata corrispondenza fra il numero di righe della tabella dei marcatori dimensionali e la tabella dei picchi del campione selezionato. Ignorare l'avvertenza e procedere aggiungendo dimensioni di frammenti alla tabella dei marcatori dimensionali. Se sono stati inseriti tutti i frammenti del marcatore dimensionale e l'avvertenza persiste, passare alla vista dell'elettroferogramma singolo e verificare se tutti i picchi sono stati rilevati correttamente.

## Individuazione dei picchi

In base alla tabella dei picchi, che è il risultato dell'analisi dei campioni, è possibile eseguire una fase di individuazione dei picchi.

L'individuazione dei picchi mostra se i picchi corrispondenti (ad es. a causa della stessa dimensione) siano presenti nei campioni analizzati, e fornisce dati dei picchi per il confronto.

Per generare una individuazione dei picchi, l'utente deve fornire una definizione dei picchi di interesse. Fare riferimento alla sezione [Creazione di una nuova istruzione per l'individuazione dei picchi](#) per informazioni su come crearla.

**Nota:** l'individuazione dei picchi può essere eseguita esclusivamente dagli utenti a cui siano stati assegnati i ruoli di **Utente base** e **Utente avanzato**.

Per eseguire l'individuazione dei picchi procedere come segue:

1. [Caricare](#) e [attivare](#) l'esperimento per il quale si deve eseguire l'individuazione dei picchi dei campioni.
2. Se non ancora analizzati, analizzare i campioni di interesse come descritto in [Analisi DNA standard](#).

**Nota:** i campioni devono essere analizzati prima di eseguire l'individuazione dei picchi.

3. Selezionare i campioni visualizzati ai quali dovrà essere applicata l'istruzione di individuazione dei picchi.
4. Aprire la scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) situata sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi).

**Nota:** in modalità **DNA**, la scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) è disponibile solo se le funzioni di individuazione dei picchi sono attive. Fare riferimento a [Attivazione delle funzioni di individuazione dei picchi](#) per informazioni su come attivare le funzioni di individuazione dei picchi.

5. Selezionare l'istruzione di individuazione dei picchi dalla casella a discesa **Peak Calling** Instruction (Istruzione di individuazione dei picchi), che contiene l'insieme di picchi da ricercare.
6. Avviare l'individuazione dei picchi facendo clic sul pulsante **Start Peak Calling** (Avvia individuazione dei picchi) sulla parte inferiore della scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi). L'istruzione di individuazione dei picchi è assegnata ai campioni selezionati e la schermata **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) al centro dell'ambiente **Analysis** (Analisi) viene riempita con i risultati dell'individuazione dei picchi.

---

**Nota:** se si fa clic su **Start Peak Calling** (Avvia individuazione dei picchi) la volta successiva con la stessa istruzione invariata di individuazione dei picchi, il precedente risultato di individuazione dei picchi relativo a tale istruzione viene completamente sostituito dal nuovo. Se si desidera applicare la stessa istruzione di individuazione dei picchi a dati diversi senza sovrascrivere il primo insieme di risultati, salvare le istruzioni con nomi diversi, e applicarle successivamente ai diversi insiemi di campioni.

7. Passare alla schermata **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) al centro dell'ambiente **Analysis** (Analisi) per visualizzare i risultati. La struttura del risultato è descritta di seguito.

The screenshot displays the 'Peak Calling' interface. The main window shows settings for 'my 1 RNA rat\_mouse\_human' and a table of results for sample 'CF\_Jurkat\_RNeasy\_Verd\_051212 R1 | E1'. The table includes columns for Position, Sample Info, RIS, Ratio, Total RNA Conc. [ng/μl], Found, and Size [nt].

Pos.	Sample Info	RIS	Ratio	Total RNA Conc. [ng/μl]	Found	Size [nt]
A01	Jurkat_RNeasy_486_1_1	10.0	1.92	571.71	Yes	1799
A02	Jurkat_RNeasy_486_1_2	10.0	1.93	593.40	Yes	1761
A03	Jurkat_RNeasy_400_1_3	10.0	1.83	649.36	Yes	1757
A04	Jurkat_RNeasy_400_1_4	10.0	1.85	580.75	Yes	1791
A05	Jurkat_RNeasy_300_1_5	10.0	1.89	504.75	Yes	1834

The right-hand sidebar shows 'Peaks of Interest' with a table of selected peaks:

Name	Position	Tol. [%]
18 S	1869 nt	7.00
28 S	4700 nt	7.00

Below this, there are input fields for Name (28 S), Position (4700), Size, and Tolerance (7%). The 'Calculated Columns' section shows checked options for 'Total Concentration' and 'RNA Integrity Score', with 'Ref. Peak' set to 18 S and 'Ratio' set to 18 S. At the bottom, a 'Peak Pattern Matching' section shows a bar chart and a 'Start Peak Calling' button.

Analisi RNA separata per fila A e B con individuazione dei picchi di RNA.

8. Per salvare il risultato dell'individuazione dei picchi, salvare l'esperimento facendo clic sul pulsante

**Save** (Salva)  in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

### Risultato dell'individuazione dei picchi

Ogni campione può essere analizzato individualmente (mediante l'individuazione dei picchi). Pertanto, la panoramica dei risultati dell'individuazione dei picchi è raggruppata per istruzione di individuazione dei picchi, ciascuna denominata come l'istruzione di individuazione dei picchi applicata (vedere immagine in alto). Il risultato per ciascuna istruzione di individuazione dei picchi può essere raggruppato individualmente. La sua struttura è la seguente: la tabella delle istruzioni di individuazione dei picchi è collocata in alto, seguita dall'elenco dei campioni ai quali sono state applicate le istruzioni di individuazione dei picchi. L'elenco dei campioni è raggruppato secondo le piastre alle quali appartengono i campioni.

---

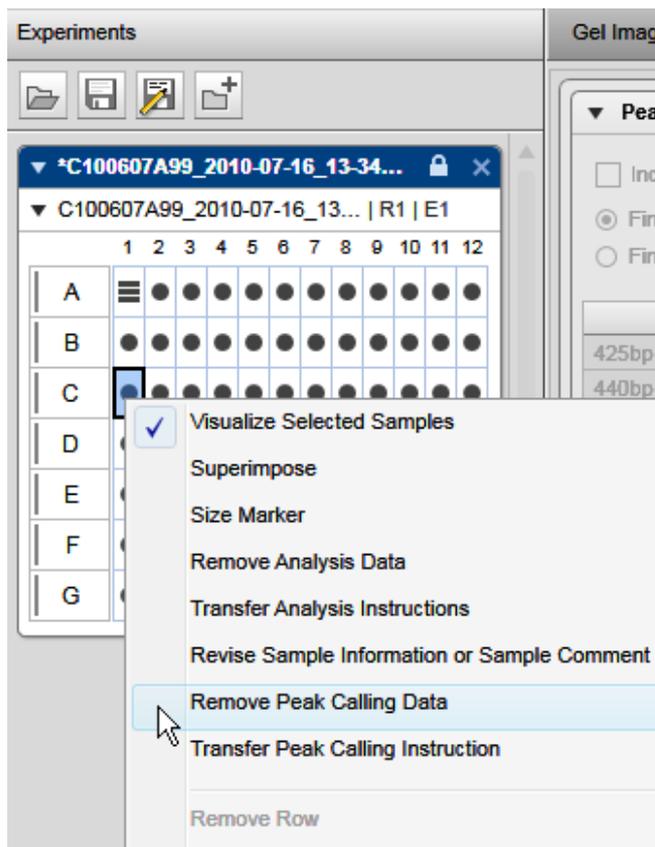
Ciascuna fila nella tabella corrisponde ad un campione; le colonne **Pos.** e **Sample Info** (Info campione) identificano il campione. La colonna **Pos** è fissa. Le colonne seguenti sono definite dall'istruzione di individuazione dei picchi. Colonne aggregate su tutti i picchi di interesse compaiono se sono state selezionate nel riquadro **Calculated Columns** (Colonne calcolate) dell'istruzione di individuazione dei picchi. Le colonne seguenti sono raggruppate per nome dei picchi di interesse e mostrano diverse proprietà dei picchi. Per modificare le proprietà elencate per ciascun picco di interesse, fare clic con il pulsante destro del mouse sul titolo della tabella e selezionare/deselezionare la proprietà con l'opzione **Show Column** (Mostra colonna). La modifica ha effetto sull'intera tabella.

**Nota:** se un campione non era stato analizzato, non è presente nella panoramica dei risultati dell'individuazione dei picchi.

Parti della tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi possono essere copiate negli appunti. Selezionare le celle da copiare e quindi premere **Ctrl+C**. Per copiare il risultato completo di un'istruzione di individuazione dei picchi, fare clic con il pulsante destro del mouse nella tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi e selezionare l'opzione **Copy Peak Calling Result of [...]** (Copia risultato dell'individuazione dei picchi di [...]).

#### **Eliminazione del risultato di individuazione dei picchi**

Per eliminare il risultato dell'individuazione dei picchi da un campione, fare clic con il pulsante destro del mouse sul campione in Experiment Explorer (Scorri esperimenti) e selezionare **Remove Peak Calling Data** (Elimina dati di individuazione dei picchi) dal menu contestuale apparso, come mostrato nella figura di seguito. Questa voce menu è attiva solo se l'individuazione dei picchi è stata eseguita per il campione.



Eliminare il risultato di individuazione dei picchi da un campione.

È possibile automatizzare l'individuazione dei picchi durante il processo di acquisizione dei dati. Assicurarsi che sia già stata automatizzata la [procedura di determinazione di dimensione e concentrazione](#) per i propri campioni mediante [Analisi DNA standard](#), [Analisi DNA rapida](#) o [Analisi RNA standard](#). Per automatizzare l'individuazione dei picchi, salvare ogni modifica nelle istruzioni di individuazione dei picchi in una istruzione di individuazione dei picchi personalizzata. Verificare che questi parametri siano validi per tutti i campioni. Quindi [modificare il profilo di processo](#) creato per automatizzare la procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione per i propri campioni. Nel passaggio [Process Profile](#) (Profilo di processo), selezionare inoltre l'opzione **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) nella sezione Fasi **include**. Se le funzioni di analisi di distribuzione sono ancora attive, attivare a questo punto le funzioni di individuazione dei picchi. Vedere la sezione [Attivazione delle funzioni di analisi di distribuzione](#). Nel passaggio [Peak Calling](#) (Individuazione dei picchi), selezionare l'istruzione di individuazione dei picchi personalizzata. Per ulteriori dettagli, fare riferimento alle opzioni [Process profile \(Profilo di processo\)](#). Salvare il profilo di processo con queste impostazioni per poterlo riutilizzare. Durante la configurazione di ogni processo, assicurarsi di selezionare il marcatore di allineamento nella fase **Sample Selection** (Selezione campioni).

## Attivazione delle funzioni di individuazione dei picchi

In **modalità** DNA è possibile applicare, ai campioni di un esperimento attivo, o le funzioni di individuazione dei picchi, o quelle di analisi della distribuzione.

Per attivare le funzioni di individuazione dei picchi per l'esperimento in corso, selezionare **Activate Peak Calling Features** (Attiva funzioni di individuazione picchi) dal menu **View** (Vista). Le tabelle dei risultati di individuazione dei picchi sostituiscono le tabelle dei risultati della distribuzione e il pannello dei parametri di individuazione dei picchi sostituisce il pannello dei parametri della distribuzione. Il software mantiene questa impostazione finché non si attiva o non si apre un esperimento in cui viene impiegata l'analisi della distribuzione.

**Nota:** è impossibile attivare le funzioni di individuazione dei picchi se nell'esperimento in corso è già stata eseguita l'analisi della distribuzione. In tal caso, [occorre prima rimuovere i dati dell'analisi della distribuzione](#).

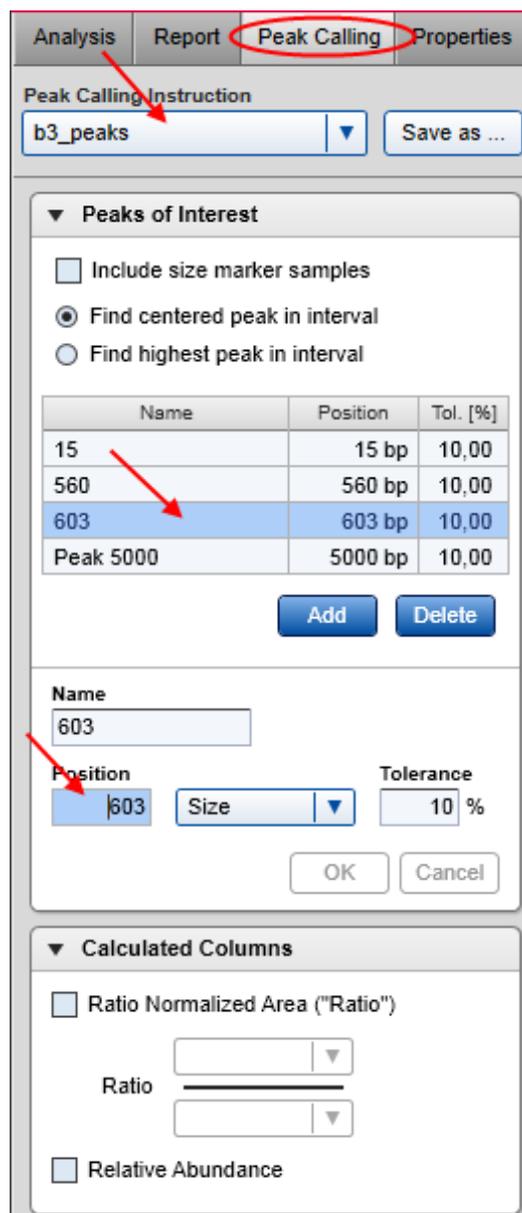
## Modifica di un'istruzione di individuazione dei picchi

Le istruzioni di individuazione dei picchi contengono una serie di parametri che definiscono i picchi da cercare (picchi d'interesse).

**Nota:** le istruzioni di individuazione dei picchi possono essere modificate soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

Per modificare un'istruzione di individuazione dei picchi, procedere come segue.

1. Aprire la scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) a destra dell'ambiente **Analysis** (Analisi).
2. Selezionare l'istruzione di individuazione dei picchi da modificare dall'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi).
3. Modificare le definizioni per i picchi d'interesse a seconda delle proprie necessità come descritto di seguito.



Modifica di una riga.

**Nota:** il nome presente nell'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi) apparirà con un asterisco a sinistra, a indicare che la tabella è stata modificata.

4. Salvare l'istruzione di individuazione dei picchi modificata facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome) a destra dell'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi).

## Configurazione dell'individuazione dei picchi:

Include size marker samples (Includi campioni marcatori dimensionali)	Se si sceglie questa opzione, l'individuazione dei picchi può essere eseguita anche sul campione del marcatore dimensionale. Altrimenti l'individuazione dei picchi per i campioni dei marcatori dimensionali sarà saltata.
Find centered / highest peak in interval (Trova picco centrato / più alto in intervallo)	Se si trova più di un picco all'interno dell'intervallo di tolleranza, questa impostazione determina se scegliere il picco centrato (più vicino alla posizione cercata) o il picco più alto.



### Per aggiungere un picco d'interesse, procedere come segue.

1. Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi). Nella parte inferiore della tabella appare una nuova riga con campi vuoti.
2. Specificare il picco d'interesse nell'area di modifica sotto.

Name (Nome) Specifica il nome del picco d'interesse. Quest'ultimo sarà l'intestazione della colonna nella tabella dei risultati di individuazione dei picchi.

**Nota:** i nomi dei picchi devono essere diversi.

(Position)  
Posizione Specifica la posizione del picco da cercare e l'unità della posizione (Size, Rel. Time o Time (Dimensioni, Tempo relativo o Tempo).

**Nota:** le posizioni dei picchi devono essere diverse.

**Nota:** Se si sceglie **Rel. Time** (Tempo relativo) per descrivere la posizione, sono applicabili le seguenti limitazioni. In caso di 2 picchi del marcatore di allineamento, tutti i tempi relativi devono essere fra 0 e 1. In caso di 1 picco del marcatore di allineamento, tutti i tempi relativi devono essere superiori a 1.

Tolerance  
(Tolleranza) Tolleranza per la ricerca dei picchi. In un campione il picco sarà considerato come rilevato se la sua differenza di posizione è minore della tolleranza data dalla posizione definita.

3. Fare clic su **OK** per aggiungere il nuovo picco d'interesse alla tabella.

**Nota:** i picchi d'interesse sono ordinati per posizione nella tabella di istruzioni di individuazione picchi.

### Per eliminare un picco d'interesse, procedere come segue.

1. Selezionare la riga dei picchi nella tabella.
2. Fare clic sul pulsante **Delete** (Elimina).

### Per modificare un picco d'interesse, procedere come segue.

1. Selezionare la riga del picco d'interesse da modificare.
2. Modificare i valori del picco d'interesse nell'area di modifica sotto.
3. Fare clic su **OK**. Ora i valori nella riga selezionata sono stati modificati.

**Nota:** i picchi d'interesse sono ordinati per posizione nella tabella di istruzioni di individuazione picchi.

### Colonne calcolate:

oltre a trovare i picchi specificati, a seconda della modalità di processo, durante l'individuazione dei picchi è possibile calcolare i seguenti parametri.

Total Concentration (Concentrazione totale)	Solo <b>per</b> modalità RNA. Concentrazione totale di RNA nell'intero campione.
RNA Integrity Score (Punteggio integrità RNA)	Solo <b>per</b> modalità RNA. RNA Integrity Score (RIS, Punteggio integrità RNA) è un valore da 0 a 10, dove il valore 10 indica RNA completamente intatto. È particolarmente utile per <a href="#">RNA QC</a> (Controllo qualità RNA).  <b>Nota:</b> il valore non viene calcolato se non è stato trovato il picco 18S.
Ratio Normalized (Rapporto normalizzato) Area	Scegliere due picchi d'interesse. Se nel campione vengono trovati entrambi, viene calcolato il rapporto delle loro aree normalizzate. È particolarmente utile per <a href="#">RNA QC</a> (Controllo qualità RNA) usando i picchi 28S e 18S.
Relative Abundance (Abbondanza relativa)	Per ogni picco d'interesse, viene calcolata l'area normalizzata relativa all'area normalizzata più alta dei picchi corrispondenti su tutti i campioni. (Per il campione in cui l'area normalizzata del picco è la più alta, l'abbondanza relativa è del 100%. Per tutti gli altri campioni, è la frazione percentuale della sua area normalizzata relativa al valore più alto.)

### Creazione di una nuova istruzione di individuazione dei picchi

Per creare una nuova istruzione di individuazione dei picchi, procedere come segue.

1. Aprire la scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) a destra dell'ambiente **Analysis** (Analisi).
2. Selezionare un'istruzione di individuazione dei picchi dall'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi). L'istruzione di individuazione dei picchi selezionata serve da modello per la creazione di un'istruzione nuova. Selezionare **NewPeakCallingInstruction** (Nuova istruzione di individuazione picchi) per cominciare con una tabella vuota.
3. Specificare i picchi d'interesse a seconda delle proprie necessità come descritto nella sezione [Modifica di una tabella di definizione dei picchi](#).
4. Salvare la nuova istruzione di individuazione dei picchi facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome) a destra dell'elenco a discesa **Peak Calling Instruction** (Istruzione individuazione picchi). Inserire un nome unico per l'istruzione di individuazione dei picchi e fare clic su **OK**.

## Abbinamento modelli dei picchi

In base alla fase di individuazione dei picchi, si può eseguire una fase di abbinamento dei modelli dei picchi.

L'abbinamento dei modelli dei picchi mostra se determinati modelli di picchi (determinati nella fase di individuazione dei picchi) sono presenti nei campioni analizzati.

**Nota:** l'abbinamento dei modelli dei picchi può essere eseguito esclusivamente dagli utenti a cui siano stati assegnati i ruoli di **Utente base** e **Utente avanzato**.

Una fase di abbinamento dei modelli dei picchi si basa sempre sulla fase di individuazione dei picchi. Per eseguire l'abbinamento dei modelli dei picchi, procedere come segue:

1. Completare le fasi 1–5 descritte nella sezione [Individuazione dei picchi](#).
2. Nel riquadro **Peak Pattern Matching** (Abbinamento modelli dei picchi), fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) per aggiungere un nuovo modello.
3. Inserire un nome per il nuovo modello e definire il modello. La definizione del modello viene eseguita mediante le caselle di spunta presenti per tutti i picchi definiti nell'istruzione corrente di individuazione dei picchi. Spuntare la casella per ciascun picco da includere nel modello. I picchi non selezionati non verranno inclusi nel modello.
4. Fare clic su **OK** per confermare la definizione dei modelli. Facendo clic su **Cancel** (Annulla), la fase di definizione viene annullata e nessuna modifica viene eseguita.

**Nota:** È possibile definire più di un modello per una data fase di abbinamento dei modelli dei picchi. Per aggiungere ulteriori modelli, ripetere le fasi 2-4.

**Nota:** per eliminare un modello, fare clic su di esso e premere il pulsante **Delete**(Elimina).

5. Avviare l'individuazione dei picchi e passare alla schermata **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) al centro dell'ambiente **Analysis** (Analisi) per visualizzare i risultati. Per dettagli vedere le fasi 6 e 7 della sezione [Individuazione dei picchi](#).

Il risultato dell'individuazione dei picchi indicherà quale modello combacia con ciascun campione. I risultati sono elencati nella colonna specifica dei campioni **Pattern** (Modello) della tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi. Se il risultato dell'individuazione dei picchi di un campione non combacia con alcun modello definito, verrà visualizzato "n/a" nella colonna e il risultato sarà evidenziato in giallo chiaro.

Per i dettagli sulla visualizzazione del risultato dell'**individuazione dei picchi**, fare riferimento alla sezione [Individuazione dei picchi](#).

**Nota:** l'abbinamento dei modelli dei picchi è un'estensione dell'istruzione di individuazione dei picchi e viene salvato insieme con l'istruzione di individuazione dei picchi. Comparirà anche in ogni referto, esportazione o stampa dell'istruzione di individuazione dei picchi.

**Peak Calling Result of [my 1 RNA rat\_mouse\_human]**

Include size marker samples  
 Find centered peak in interval  
 Find highest peak in interval

Total Concentration ("Total Conc.")  
 RNA Integrity Score ("RIS")

Ref. Peak: 18 S

Ratio Normalized Area ("Ratio")

Ratio: 28 S / 18 S

Relative Abundance

Name	Position	Tol. [%]
18 S	1869 nt	7.00
28 S	4700 nt	7.00

CF\_Jurkat\_RNeasy\_Verd\_051212 R1 | E1

Pos.	Sample Info	RIS	Ratio	Total RNA Conc. [ng/µl]	Pattern	Found	Size [nt]	Found	Size [nt]
A01	Jurkat_RNeasy_486_1_1	n/a	n/a	571.71	n/a	No	n/a	Yes	4516
A02	Jurkat_RNeasy_486_1_2	n/a	n/a	593.40	n/a	No	n/a	Yes	4422
A03	Jurkat_RNeasy_400_1_3	10.0	n/a	649.36	only 18 S	Yes	1757	No	n/a
A04	Jurkat_RNeasy_400_1_4	10.0	n/a	580.75	only 18 S	Yes	1791	No	n/a
A05	Jurkat_RNeasy_300_1_5	10.0	1.89	504.75	both	Yes	1834	Yes	4554
A06	Jurkat_RNeasy_300_1_6	10.0	1.97	519.17	both	Yes	1829	Yes	4538
A07	Jurkat_RNeasy_200_1_7	10.0	1.91	318.94	both	Yes	1869	Yes	4598
A08	Jurkat_RNeasy_200_1_8	10.0	2.04	316.96	both	Yes	1881	Yes	4633
A09	Jurkat_RNeasy_100_1_9	8.9	1.90	113.22	both	Yes	1931	Yes	4841
A10	Jurkat_RNeasy_100_1_10	9.5	2.03	131.73	both	Yes	1937	Yes	4856
A11	Jurkat_RNeasy_50_1_11	8.0	1.63	66.18	both	Yes	1945	Yes	4991

**Peak Calling Instruction**

Peak Calling Instruction: "my 1 RNA rat\_mouse\_huma" Save as ...

Name: 28 S

Position: 4700 Size: [dropdown] Tolerance: 7 %

OK Cancel

**Calculated Columns**

Total Concentration ("Total Conc.")  
 RNA Integrity Score ("RIS")

Ref. Peak: 18 S

Ratio Normalized Area ("Ratio")

Ratio: 28 S / 18 S

Relative Abundance

**Peak Pattern Matching**

only 18 S + -  
 both + +

Add Delete

Pattern Name: [input] Peaks... [dropdown]

OK Cancel

0 Sample(s) selected Start Peak Calling

Risultato di un modello dei picchi.

## Analisi dei campioni di DNA

Questa sezione descrive come si analizza un campione di DNA. Le istruzioni valgono per 4 tipi di analisi: (1) analisi standard dei campioni di DNA, (2) analisi dei campioni con l'uso del metodo ad alta tensione (analisi rapida), (3) analisi dei campioni contenenti librerie di DNA e (4) analisi dei campioni contenenti DNA genomico. Per tutti e 4 i tipi di campioni, eseguire i passaggi 1–6 e seguire le istruzioni corrispondenti al rispettivo tipo di analisi.

1. Selezionare la modalità **DNA**, se non è già selezionata. Verificare la modalità attuale nell'angolo in basso a destra della schermata del software. Se è selezionata una modalità diversa dalla modalità DNA, selezionare **File/Logout** dalla barra delle applicazioni per uscire e quindi rientrare con la modalità DNA selezionata. Per i dettagli consultare la sezione [Autenticazione utente](#).

**Nota:** solo gli utenti con ruolo utente **Advanced User** (Utente avanzato) possono modificare e salvare i parametri di un profilo di analisi. Gli utenti con ruolo utente **Basic User** (Utente base) possono selezionare un altro profilo di analisi che sia più adatto al tipo di campioni.

2. Passare all'ambiente **Analysis** (Analisi) selezionando l'icona **Analysis** (Analisi) nella barra degli strumenti principale.
3. Se i campioni che si desidera analizzare non sono ancora elencati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra, selezionare l'icona **Load experiment** (Carica esperimento) nella barra degli strumenti di Experiment Explorer (Scorri esperimenti). Se i campioni sono elencati ma non attivi (in grigio), fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome dell'esperimento e selezionare **Activate** (Attiva). Per ulteriori dettagli, consultare la sezione [Caricamento dei dati dei campioni](#) o [Attivazione di un esperimento](#).
4. Per l'**analisi rapida** dei campioni, o se i campioni da analizzare contengono librerie di DNA, o per eseguire un controllo qualità sul DNA genomico (genomic DNA, gDNA) purificato con tecnologie a base di silice, o per analisi standard dei campioni di DNA per cui si dovranno determinare le dimensioni e la concentrazione, seguire le istruzioni fornite in [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#).  
Per informazioni su quale profilo di **analisi** occorre utilizzare come punto di partenza e su quali parametri di analisi sono necessari per i propri campioni, consultare le rispettive sezioni: [Analisi rapida del DNA](#) per l'**analisi rapida** dei campioni, [Analisi standard del DNA](#) per l'analisi standard dei campioni di DNA, [Analisi del DNA da striscio](#) per campioni che contengono librerie di DNA e [Analisi del gDNA](#) per campioni che contengono gDNA purificato con tecnologie a base di silice. Seguire la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) anche nel caso in cui i campioni fossero stati analizzati durante il processo di acquisizione dei dati ma con l'apparizione di un messaggio d'errore o con risultati dei campioni diversi da quelli previsti. In tal caso utilizzare la procedura per verificare l'analisi passo a passo e, se necessario, correggerla. Seguire le istruzioni per riutilizzare i parametri di analisi che sono stati usati per i campioni.  
  
Se non saranno effettuati calcoli dimensionali, seguire le istruzioni riportate nella [Procedura di rilevamento dei picchi](#).
5. **Opzionale:** per l'**analisi rapida** dei campioni o per l'analisi standard dei campioni di DNA per cui sono state determinate le dimensioni e la concentrazione, è possibile eseguire l'individuazione dei picchi. Seguire le istruzioni descritte nella sezione [Individuazione dei picchi](#).
6. Per le librerie di DNA con aspettative di distribuzione specifiche o per valutare la qualità di una libreria nel ciclo di utilizzo abituale, oppure per valutare la qualità del gDNA, eseguire l'[analisi della distribuzione](#). Seguire le istruzioni descritte nella sezione [Analisi della distribuzione](#). Per informazioni su quale profilo di **distribuzione** utilizzare come punto di partenza per i campioni di gDNA, consultare la sezione [Analisi del gDNA](#).

Nella tabella dei risultati sono riepilogate tutte le proprietà che il software QIAxcel ScreenGel calcola per i picchi rilevati. Fare clic sulla riga di intestazione della tabella con il pulsante destro del mouse, selezionare **Show column** (Mostra colonna), quindi selezionare la proprietà a cui si è interessati. In alternativa fare clic sulla riga di intestazione della tabella con il pulsante destro del mouse e selezionare **Show all columns** (Mostra tutte le colonne). Questa opzione mostra tutte le proprietà calcolate dal QIAxcel ScreenGel. Per ulteriori informazioni consultare la sezione [Tabella dei risultati](#) e le sezioni [Analisi standard del DNA](#), [Analisi rapida del DNA](#), [Analisi del DNA da striscio](#) e [Analisi del gDNA](#) rispettivamente.

## Analisi standard del DNA

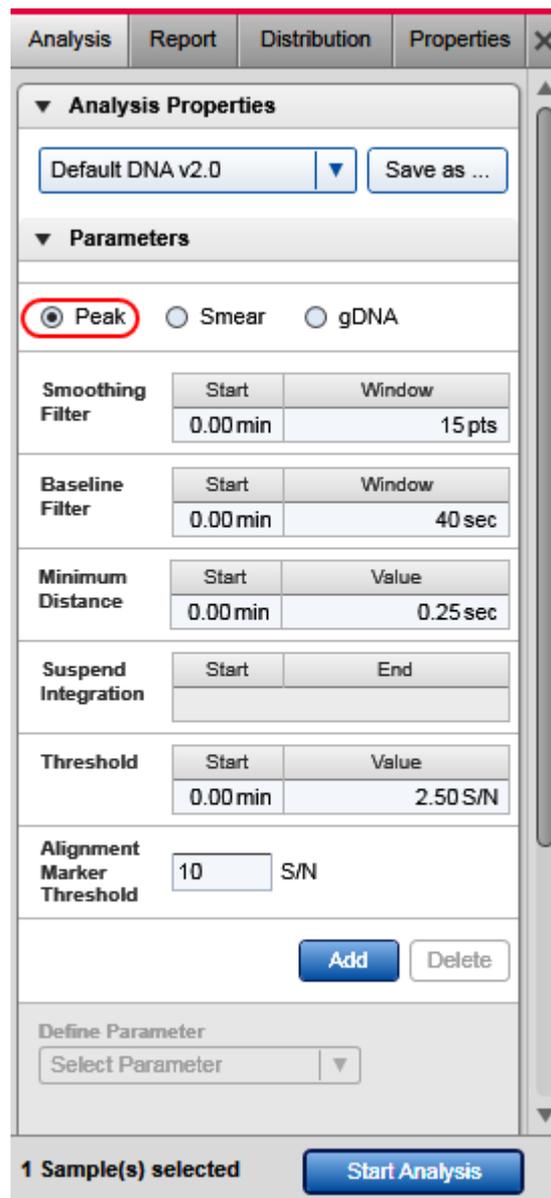
Durante la [Procedura di determinazione della dimensione e della concentrazione](#) o la [Procedura di rilevamento dei picchi](#) selezionare come punto di partenza il profilo di analisi Default DNA v2.0 (DNA predefinito v2.0).

**Nota:** il QIAxcel ScreenGel software (versione 1.2 e successive) è dotato di un profilo predefinito migliorato denominato **Default DNA v2.0**. Per essere indipendente dal segnale più elevato nel campione, il parametro soglia nel nuovo profilo viene definito come un multiplo del livello di rumore, stimato a partire dai dati del campione.

La [vista di un elettroferogramma singolo](#) è la più adatta per verificare il rilevamento dei picchi. Assicurarsi che, per tutti i picchi tra/dopo il(i) picco(i) del marcatore di allineamento, il grafico mostri il segno "+" rosso in corrispondenza dell'apice del picco. Se invece viene visualizzato un segno "x" rosa, fare clic sul pulsante **Image Options** (Opzioni immagine) della barra strumenti dell'elettroferogramma, quindi selezionare le opzioni **Mark peak apex** (Contrassegna apice picco) e **With Label** (Con etichetta), con **Size** (Dimensione) [bp] selezionata. Fare clic su **OK** per chiudere la finestra di dialogo. Il grafico dell'elettroferogramma dei campioni analizzati mostrerà la dimensioni delle molecole di DNA rilevate in coppie di basi sopra l'apice dei picchi corrispondenti. Le proprietà dei picchi sono visualizzate nella tabella **Peak Result** (Risultati dei picchi) sotto l'elettroferogramma. Per i dettagli, fare riferimento alla sezione [Tabella dei risultati](#). Per passare al campione da visualizzare nell'elettroferogramma, fare clic sul campione successivo in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra.

Assicurarsi che il rilevamento dei picchi abbia funzionato come previsto. Innanzitutto, è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, adattare i parametri di analisi nel riquadro **Analysis parameters** (Parametri di analisi) sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per fare ciò, aprire la sezione **Proprietà di analisi** e quindi aprire la sezione **Parametri**. Per dettagli su come modificare i parametri che sono riportati di seguito, consultare la sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).

**Nota:** ridurre ed espandere parti delle proprietà di analisi facendo clic ▼ e ►, rispettivamente.



Profilo di analisi per l'analisi standard del DNA.

- Verificare che sia selezionata l'opzione **Peak** (Picco).
- Se i dati non elaborati in fase di analisi hanno una forte rumorosità, ingrandire la finestra **Smoothing Filter** (Filtro di smoothing). Fare clic su questa riga del parametro e impostare la dimensione della finestra su 25 punti, ad esempio, nell'area di modifica sotto l'elenco dei parametri e fare clic su **OK** per confermare. Per applicare uno smoothing a tempo, aggiungere una o più righe del parametro del filtro di smoothing. A tal fine, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi), quindi selezionare **Smoothing Filter** (Filtro di smoothing), e impostare i valori dell'ora d'inizio e della dimensione della finestra. Fare clic su **OK** per confermare questa impostazione. Un esempio di smoothing a tempo è rappresentato dal **Default RNA analysis profile** (Profilo di analisi RNA predefinito) nella modalità **RNA**.

- Se si rilevano dei picchi prima o dopo il picco del marcatore di allineamento, aumentare la **soglia del marcatore di allineamento**. Fare clic sul campo e modificare il valore.
- Se il rilevamento del picco è troppo sensibile, aumentare la **soglia**. Fare clic sulla riga di questo parametro e aumentare il valore nel campo **Value** (Valore) nell'apposita area di modifica sotto l'elenco dei parametri, quindi fare clic su **OK** per confermare.
- Se in un certo intervallo del tempo di migrazione il rilevamento del picco è troppo sensibile, aumentare la **soglia** in questa regione. A tal fine, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) sotto l'elenco dei parametri, quindi selezionare **Threshold** (Soglia) nell'elenco a discesa **Define parameter** (Definisci parametro). Come punto di partenza, impostare l'orario d'inizio della regione per cui va aumentata la soglia e definire tale soglia, ad esempio 5 S/N. Fare clic sul pulsante **OK** per confermare questa impostazione. Quindi, alla fine della regione interessata, reimpostare la soglia al valore predefinito (ad es., 2 S/N in DNA predefinito) aggiungendo una terza definizione della soglia. Impostare l'ora di inizio di questa soglia alla fine della regione interessata e il valore della soglia su quello della prima riga del parametro soglia. Fare clic sul pulsante **OK** per confermare questa impostazione.

Fare di nuovo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per avviare una nuova analisi in base a questo profilo di analisi modificato.

In alcuni casi, potrebbe essere necessario ripetere gli adattamenti al profilo di analisi in maniera iterativa. Se con il profilo di analisi modificato il rilevamento del picco è avvenuto come previsto, salvare questo profilo di analisi e provare a utilizzare questo nuovo profilo invece del **Default DNA v2.0** per le future analisi di DNA di campioni simili.

## Analisi del DNA con Analisi rapida

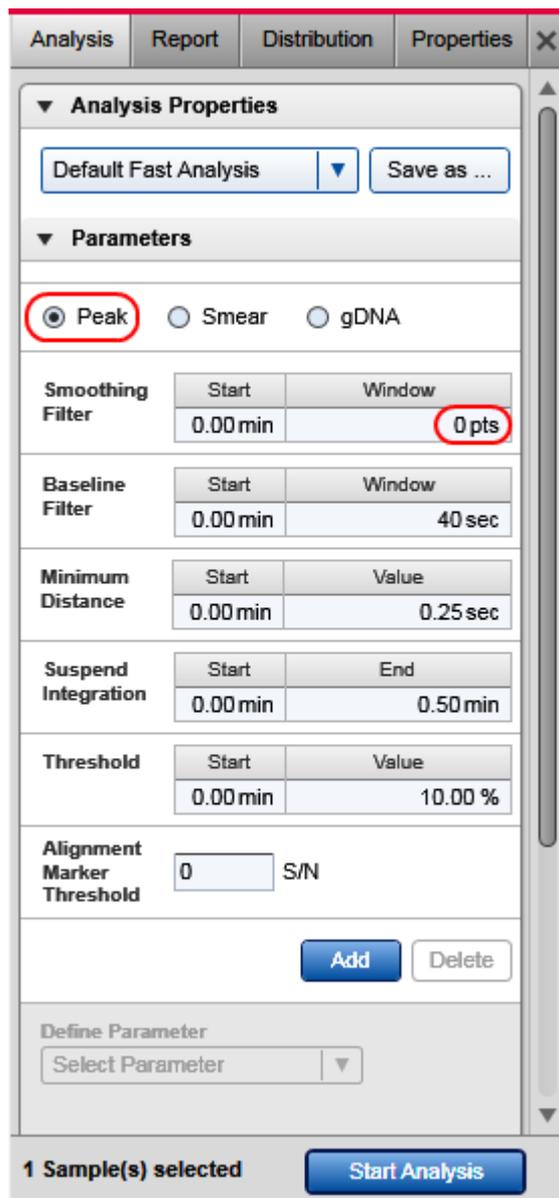
Per un processo che contiene il marcatore dimensionale, seguire la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#). Durante la procedura, creare e salvare un marcatore di riferimento dal campione del marcatore dimensionale. Usare il profilo di analisi **Default Fast Analysis** (Analisi rapida predefinita) come punto iniziale. Se il processo contiene solo il marcatore dimensionale, lasciare la procedura dopo aver salvato il marcatore di riferimento. Se il processo contiene anche dei campioni, andare avanti con la procedura per analizzare i campioni: nella sezione **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) spuntare **Reference Marker Table** (Tabella dei marcatori di riferimento) e selezionare **Use the just created and saved reference marker** (Usa il marcatore di riferimento appena creato e salvato).

Per un processo che contiene solo i campioni, seguire la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#). Durante la procedura usare il profilo di analisi **Default Fast Analysis** (Analisi rapida predefinita) come punto iniziale e, nella sezione **Reference Marker** (Marcatore di riferimento), spuntare **Reference Marker Table** (Tabella dei marcatori di riferimento) e selezionare il **marcatore di riferimento creato in precedenza**.

La [vista di un elettroferogramma singolo](#) è la più adatta per verificare il rilevamento dei picchi. Accertare che nel grafico sia presente un segno "+" rosso all'apice di picco per tutti i picchi fra i picchi del marcatore di allineamento. Se invece viene visualizzato un segno "x" rosa, fare clic sul pulsante **Image Options** (Opzioni immagine) della barra strumenti dell'elettroferogramma, quindi selezionare le opzioni **Mark peak apex** (Contrassegna apice picco) e **With Label** (Con etichetta), con **Size** (Dimensione) [bp] selezionata. Fare clic su **OK** per chiudere la finestra di dialogo. Il grafico dell'elettroferogramma dei campioni analizzati mostrerà la dimensioni delle molecole di DNA rilevate in coppie di basi sopra l'apice dei picchi corrispondenti. Le proprietà dei picchi sono visualizzate nella tabella **Peak Result** (Risultati dei picchi) sotto l'elettroferogramma. Per i dettagli, fare riferimento alla sezione [Tabella dei risultati](#). Per passare al campione da visualizzare nell'elettroferogramma, fare clic sul campione successivo in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra.

Assicurarsi che il rilevamento dei picchi abbia funzionato come previsto. Innanzitutto, è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, adattare i parametri di analisi nel riquadro **Analysis parameters** (Parametri di analisi) sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per fare ciò, aprire la sezione **Proprietà di analisi** e quindi aprire la sezione **Parametri**. Per dettagli su come modificare i parametri che sono riportati di seguito, consultare la sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).

**Nota:** ridurre ed espandere parti delle proprietà di analisi facendo clic ▼ e ►, rispettivamente.



Profilo di analisi per analisi rapida.

- Verificare che sia selezionata l'opzione **Peak** (Picco).
- Se si procederà ad analizzare dei campioni, nella sezione **Reference Marker** (Marcatore di riferimento) spuntare la **Reference Marker Table** (Tabella dei marcatori di riferimento) e selezionare un marcatore di riferimento salvato in precedenza. Se si procederà a creare il marcatore di riferimento, nella sezione **Reference Marker** (Marcatore di riferimento), spuntare **No Marker** (Nessun marcatore).
- Se si rilevano dei picchi prima o dopo il picco del marcatore di allineamento, aumentare la **soglia del marcatore di allineamento**. Fare clic sul campo e modificare il valore.

- Se il rilevamento del picco è troppo sensibile, aumentare la **soglia**. Fare clic sulla riga di questo parametro e aumentare il valore nel campo **Value** (Valore) nell'apposita area di modifica sotto l'elenco dei parametri, quindi fare clic su **OK** per confermare.
- Quando si analizzano i dati con **Fast Analysis** (Analisi rapida), può succedere che la finestra del filtro della linea di base predefinita (40 secondi) sia troppo grande. In tal caso apparirà una notifica che suggerirà di diminuire la finestra del filtro della linea di base. Per farlo fare clic sulla riga **Baseline filter** (Filtro della linea di base) e impostare le dimensioni della **Window** (Finestra) a 39 nell'apposita area di modifica sotto l'elenco dei parametri, quindi fare clic su **OK** per confermare. Nella maggior parte dei casi funzionerà.
- Se, in una regione con molti picchi vicini fra loro, alcuni picchi non vengono rilevati, diminuire la distanza minima facendo clic sulla riga del parametro **Minimum Distance** (Distanza minima) e impostare il valore della distanza selezionando **Value** (Valore) da 0,25 a 0,1 secondi, ad esempio, nell'apposita area di modifica sotto l'elenco dei parametri. Fare clic su **OK** per confermare questa impostazione. Se non si ha necessità della distanza minima fra picchi, impostare il valore di distanza minima a 0 secondi.
- Per i campioni di **Fast Analysis** (Analisi rapida), occorre che lo smoothing sia disattivato, come impostato nel profilo di analisi **Default Fast Analysis** (Analisi rapida predefinita). Qui, nella riga del parametro **Smoothing Filter** (Filtro di smoothing), il valore della **Window** (Finestra) è impostato a 0 punti.

Fare nuovamente clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per avviare una nuova analisi in base a questo profilo di analisi modificato.

In alcuni casi potrebbe essere necessario ripetere gli adattamenti al profilo di analisi in maniera iterativa. Se il rilevamento dei picchi ha funzionato come previsto con il profilo di analisi modificato, salvare questo profilo di analisi e provare a usare questo nuovo profilo al posto del profilo di analisi **Default Fast Analysis** (Analisi rapida predefinita) per futuri campioni di **Fast Analysis** (Analisi rapida).

#### Analisi striscio di DNA

Utilizzare le opzioni di analisi descritte di seguito per ottenere informazioni di base sulle librerie di DNA nei campioni, come dimensioni dei frammenti minime e massime, molarità e concentrazione.

Durante la [Procedura di determinazione di dimensione e concentrazione](#), selezionare il profilo **Default Smear DNA analysis** (Analisi striscio di DNA predefinita) come punto di partenza.

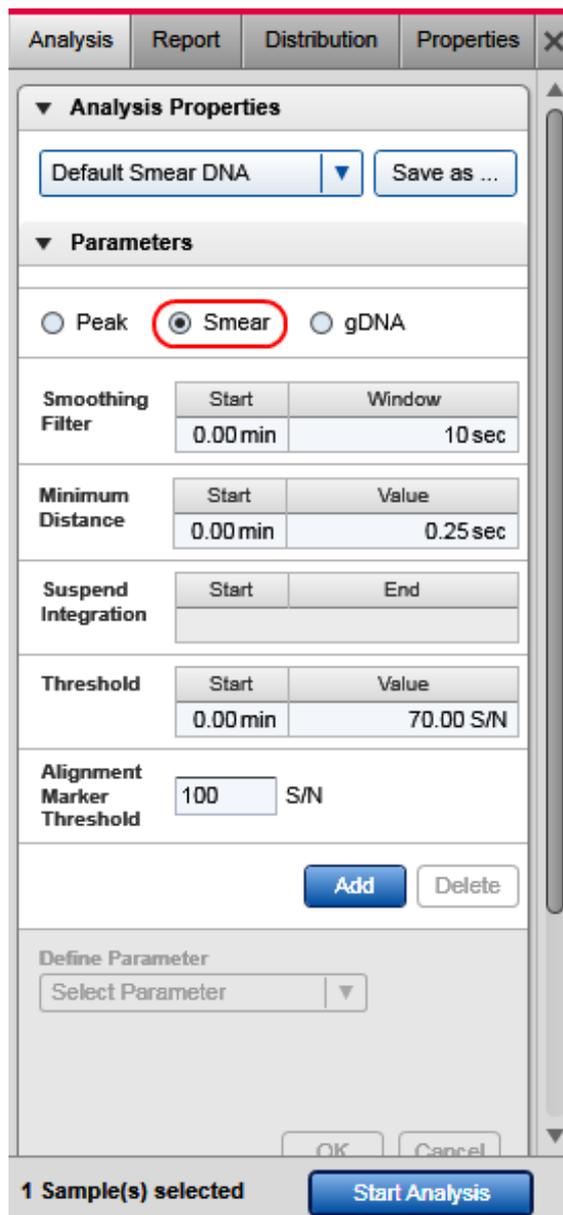
La [vista di un elettroferogramma singolo](#) è la più adatta per verificare il rilevamento dei picchi. Assicurarsi che il grafico mostri una "x" rosa per tutti i picchi di striscio tra i picchi del marcatore di allineamento. Se invece viene visualizzato un "+" rosso, fare clic sul pulsante **Image Options** (Opzioni immagine) della barra degli strumenti dell'elettroferogramma e selezionare le opzioni **Mark median of size** (Contrassegna mediana di dimensione) e **With Label** (Con etichetta). Fare clic su **OK** per chiudere la finestra di dialogo. Il grafico dell'elettroferogramma dei campioni analizzati indicherà la mediana delle dimensioni in coppie di basi dei picchi corrispondenti.

Le proprietà dei picchi di striscio vengono mostrate nella tabella **Smear/gDNA Result** (Risultati striscio/gDNA) sotto l'elettroferogramma. Per i dettagli, fare riferimento alla sezione [Tabella dei risultati](#). Per passare al campione da visualizzare nell'elettroferogramma, fare clic sul campione successivo in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra.

Nel caso in cui il campione fosse stato precedentemente analizzato con l'[analisi di distribuzione](#) in modalità DNA, la vista singola dell'elettroferogramma mostra i picchi di striscio corrispondenti alle aree di interesse come definite nel [profilo di distribuzione](#). Per vedere un grafico del rilevamento picchi, l'analisi di distribuzione deve essere temporaneamente eliminata. Per fare ciò, fare clic con il pulsante destro del mouse in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a destra e selezionare l'opzione **Transfer Distribution Profile** (Trasferisci profilo di distribuzione) per copiare i parametri che sono stati utilizzati per l'analisi di distribuzione nel riquadro **Distribution** (Distribuzione) a destra per un riutilizzo successivo. Quindi fare clic nuovamente con il pulsante destro del mouse sul campione e selezionare l'opzione **Remove Distribution Analysis Data** (Elimina dati dell'analisi di distribuzione) per eliminare i risultati dell'analisi di distribuzione dal campione. L'elettroferogramma singolo mostra ora il risultato del rilevamento picchi. Esso mostra i picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati di verde all'apice) e i picchi di striscio secondo la tabella **Smear/gDNA Result** (Risultato striscio/gDNA).

Assicurarsi che il rilevamento dei picchi abbia funzionato come previsto. Innanzitutto, è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, adattare i parametri di analisi nel riquadro **Analysis parameters** (Parametri di analisi) sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per fare ciò, aprire la sezione **Proprietà di analisi** e quindi aprire la sezione **Parametri**. Per dettagli su come modificare i parametri che sono riportati di seguito, consultare la sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).

**Nota:** ridurre ed espandere parti delle proprietà di analisi facendo clic ▼ e ►, rispettivamente.



Profilo di analisi per analisi striscio.

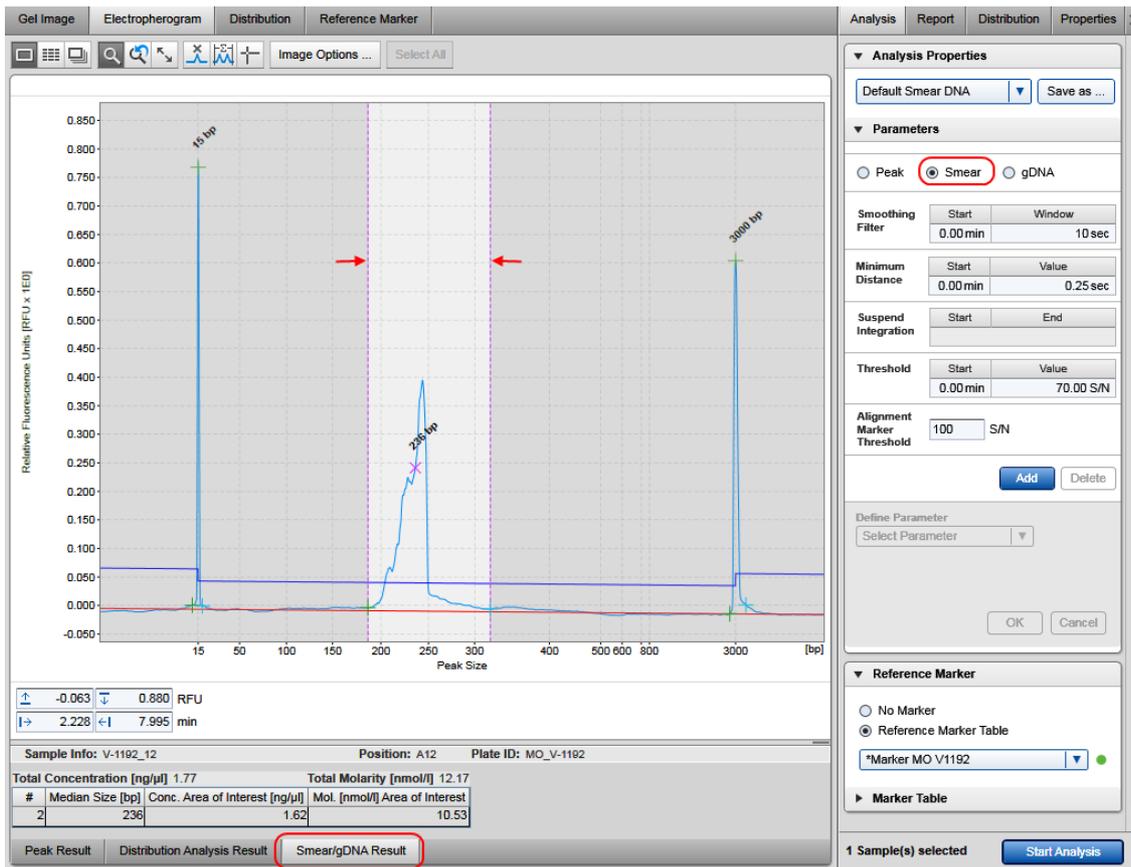
- Verificare di aver selezionato l'opzione **Smear** (Striscio).
- Se i picchi erano stati rilevati prima del primo o dopo l'ultimo picco del marcatore di allineamento, aumentare la **soglia del marcatore di allineamento**. Fare clic sul campo e modificare il valore.
- Se i segnali sono stati erroneamente rilevati come picchi, aumentare la soglia. Poiché l'algoritmo di smoothing è stato ottimizzato per la forma tipica dei dati da striscio, come soglia è richiesto un alto valore S/N (Signal-Noise, segnale-rumore).

Fare di nuovo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per avviare una nuova analisi tramite il profilo di analisi modificato.

In alcuni casi, potrebbe essere necessario adattare ripetutamente il profilo di analisi. Se il rilevamento dei picchi ha funzionato come previsto con un profilo di analisi modificato, salvare e utilizzare il profilo di analisi modificato per analisi future di DNA di campioni simili, invece di usare il profilo **Default Smear DNA analysis** (Analisi striscio di DNA predefinita).

L'analisi striscio distingue i campioni contrassegnati come marcatori di dimensione e non definisce i picchi di striscio per tali campioni. Per tutti gli altri campioni, l'analisi distingue tra i picchi del marcatore di allineamento e picchi di striscio. Il software assegna una cosiddetta area di interesse a ciascun picco di striscio rilevato. I bordi di un'area di interesse sono contrassegnati da due linee rosa verticali, e di default, sono gli stessi dei bordi del picco corrispondente. Nel caso in cui i bordi dei picchi rilevati non descrivano l'area attuale di interesse, spostare i bordi nelle posizioni corrette. Tutte le proprietà visualizzate nella tabella **Smear Result** (Risultati striscio) si riferiscono all'area di interesse definita dalle linee rosa verticali.

**Nota:** facendo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi), i bordi delle aree normalizzate saranno ripristinati per combaciare con i bordi del picco di striscio rilevato, anche se sono stati precedentemente corretti manualmente. Lo spostamento della soglia non interessa i bordi dell'area di interesse.



Risultato dell'analisi striscio.

Tuttavia, per un uso di routine, utilizzare invece **Analisi di distribuzione**. Qui è possibile definire le aree della distribuzione a cui si è interessati e utilizzare queste impostazioni per tutti i campioni in una fase. Per informazioni su come configurare l'analisi di distribuzione, fare riferimento alla sezione [Analisi di distribuzione](#). L'analisi della distribuzione può essere eseguita solo dopo aver completato con successo la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#).

### Analisi del DNA genomico

Usare le opzioni di analisi descritte di seguito per l'analisi della qualità del DNA genomico.

**Nota:** accertarsi di usare il marcatore di allineamento da 15 bp. Per i dettagli consultare [Verifica dei marcatori di allineamento](#).

Durante la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#), selezionare il profilo **Default gDNA analysis** (Analisi gDNA predefinita) come punto iniziale.

La [vista di un elettroferogramma singolo](#) è la più adatta per verificare il rilevamento dei picchi. Assicurarsi che il grafico mostri una "x" rosa per tutti i picchi di striscio tra i picchi del marcatore di allineamento. Se invece viene visualizzato un "+" rosso, fare clic sul pulsante **Image Options** (Opzioni immagine) della barra degli strumenti dell'elettroferogramma e selezionare le opzioni **Mark median of size** (Contrassegna mediana di dimensione) e **With Label** (Con etichetta). Fare clic su **OK** per chiudere la finestra di dialogo. Il grafico dell'elettroferogramma dei campioni analizzati indicherà la mediana delle dimensioni in coppie di basi dei picchi corrispondenti.

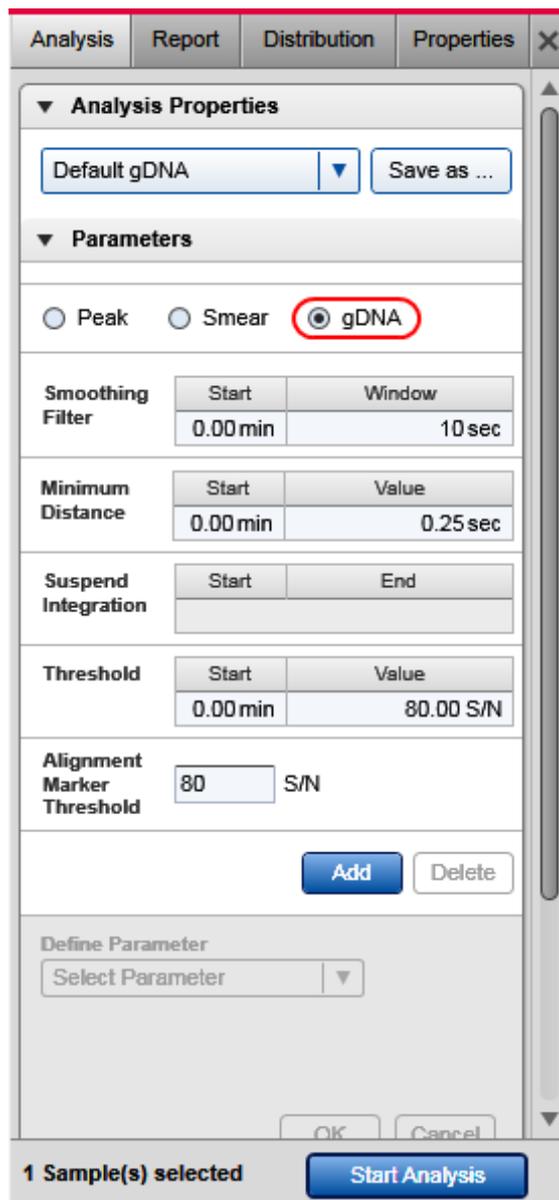
Dopo la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#), i risultati sono mostrati nella tabella **Smear/gDNA Result** (Risultato striscio/gDNA) sotto l'elettroferogramma. La stima delle dimensioni del gDNA in coppie di basi è reperibile nella colonna **Median Size** (Dimensioni mediane) [bp]. La stima della concentrazione del gDNA è visualizzata come **Total Concentration** (Concentrazione totale) subito sopra la tabella **Smear/gDNA Result** (Risultato striscio/gDNA). Per ulteriori dettagli consultare la sezione [Tabella dei risultati](#).

Per passare al campione da visualizzare nell'elettroferogramma, fare clic sul campione successivo in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra.

Nel caso in cui il campione fosse stato precedentemente analizzato con l'[analisi di distribuzione](#) in modalità DNA, la vista singola dell'elettroferogramma mostra i picchi di striscio corrispondenti alle aree di interesse come definite nel [profilo di distribuzione](#). Per vedere un grafico del rilevamento picchi, l'analisi di distribuzione deve essere temporaneamente eliminata. Per fare ciò, fare clic con il pulsante destro del mouse in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a destra e selezionare l'opzione **Transfer Distribution Profile** (Trasferisci profilo di distribuzione) per copiare i parametri che sono stati utilizzati per l'analisi di distribuzione nel riquadro **Distribution** (Distribuzione) a destra per un riutilizzo successivo. Quindi fare clic nuovamente con il pulsante destro del mouse sul campione e selezionare l'opzione **Remove Distribution Analysis Data** (Elimina dati dell'analisi di distribuzione) per eliminare i risultati dell'analisi di distribuzione dal campione. L'elettroferogramma singolo mostra ora il risultato del rilevamento picchi. Esso mostra i picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati di verde all'apice) e i picchi di striscio secondo la tabella **Smear/gDNA Result** (Risultato striscio/gDNA).

Assicurarsi che il rilevamento dei picchi abbia funzionato come previsto. Innanzitutto, è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, adattare i parametri di analisi nel riquadro **Analysis parameters** (Parametri di analisi) sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per fare ciò, aprire la sezione **Proprietà di analisi** e quindi aprire la sezione **Parametri**. Per dettagli su come modificare i parametri che sono riportati di seguito, consultare la sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).

**Nota:** ridurre ed espandere parti delle proprietà di analisi facendo clic ▼ e ►, rispettivamente.



Profilo di analisi per l'analisi del gDNA.

- Verificare che sia selezionata l'opzione **gDNA**.
- Se il primo picco rilevato non è quello del marcatore di allineamento, come primo passo aumentare la **soglia del marcatore di allineamento**. Fare clic sul campo e modificare il valore. Se questo non è sufficiente, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) sotto l'elenco dei parametri e selezionare **Suspend Integration** (Sospendi integrazione) dall'elenco a discesa **Define parameter** (Definisci parametro). Usare l'unità **Absolute time** (Tempo assoluto) e definire il punto iniziale come 0 minuti. Impostare il punto finale di questo parametro a poco prima dell'inizio del picco del marcatore di allineamento (ad esempio, impostare la fine a 2 minuti se il primo picco del marcatore di allineamento appare a 2,5 minuti).

- Se i segnali sono stati erroneamente rilevati come picchi, aumentare la soglia. Fare clic sulla riga di questo parametro e aumentare il valore nel campo **Value** (Valore) nell'apposita area di modifica sotto l'elenco dei parametri, quindi fare clic su **OK** per confermare. Poiché l'algoritmo di smoothing è stato ottimizzato per la forma tipica dei dati da striscio, come soglia è richiesto un alto valore S/N (Signal-Noise, segnale-rumore).

Fare nuovamente clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per avviare una nuova analisi tramite il profilo di analisi modificato.

In alcuni casi, potrebbe essere necessario adattare ripetutamente il profilo di analisi. Se il rilevamento dei picchi ha funzionato come previsto con un profilo di analisi modificato, salvare e usare il profilo di analisi modificato per le future analisi del DNA di campioni simili, anziché usare il profilo **Default gDNA analysis** (Analisi gDNA predefinita).

Per valutare la qualità del gDNA, eseguire l'**Analisi della distribuzione**. Selezionare il profilo di distribuzione **Default gDNA distribution** (Distribuzione gDNA predefinita) come punto iniziale. Per informazioni su come eseguire l'analisi della distribuzione consultare la sezione [Analisi della distribuzione](#). L'analisi della distribuzione può essere eseguita solo dopo aver completato con successo la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#).

#### Analisi della distribuzione

Usare questo tipo di analisi per valutare la qualità delle librerie di DNA o del DNA genomico nell'uso abituale in base alla distribuzione dimensionale.

**Nota:** l'analisi della distribuzione è disponibile solo in modalità **DNA**.

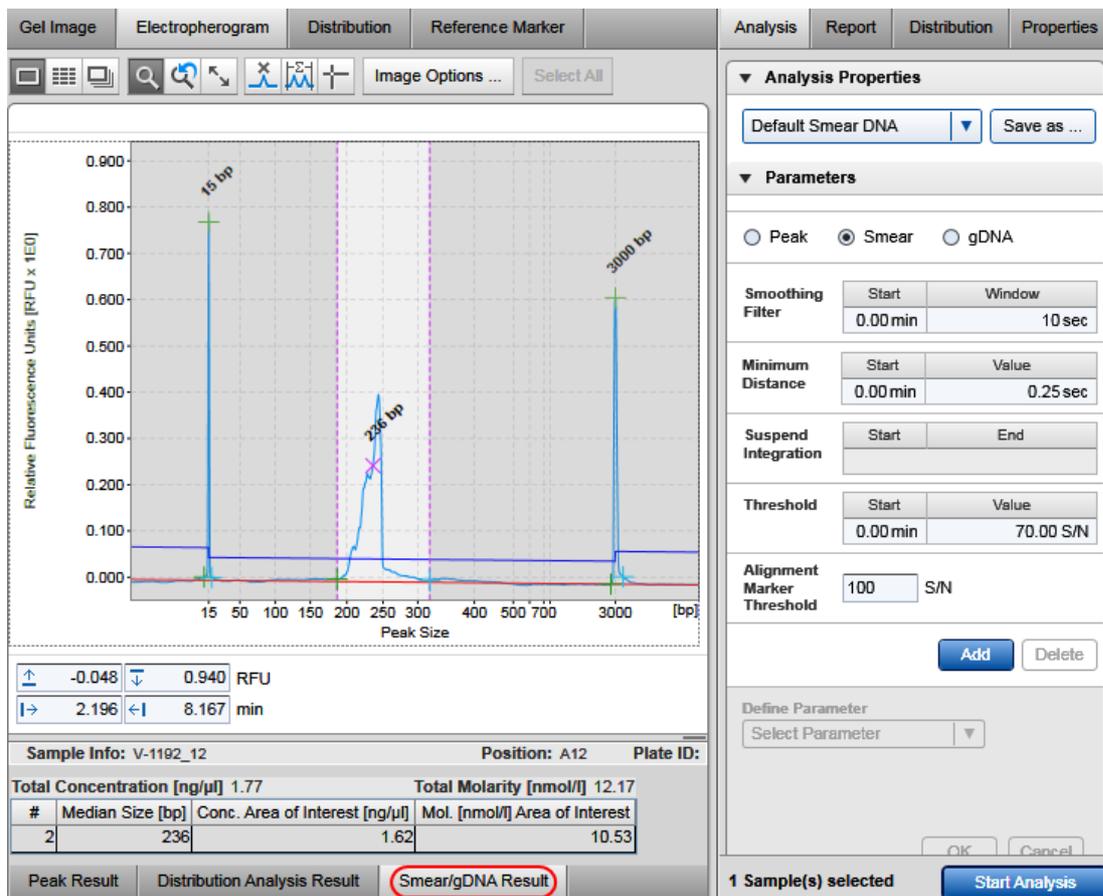
Se il pannello dei parametri non è ancora aperto, aprirlo facendo clic sull'icona situata nell'angolo a destra della scheda:



**Nota:** se le funzioni di individuazione dei picchi sono ancora attive, attivare le funzioni di analisi della distribuzione in questo momento. Vedere la sezione [Attivazione delle funzioni di analisi di distribuzione](#).

Per eseguire l'analisi della distribuzione, procedere come segue.

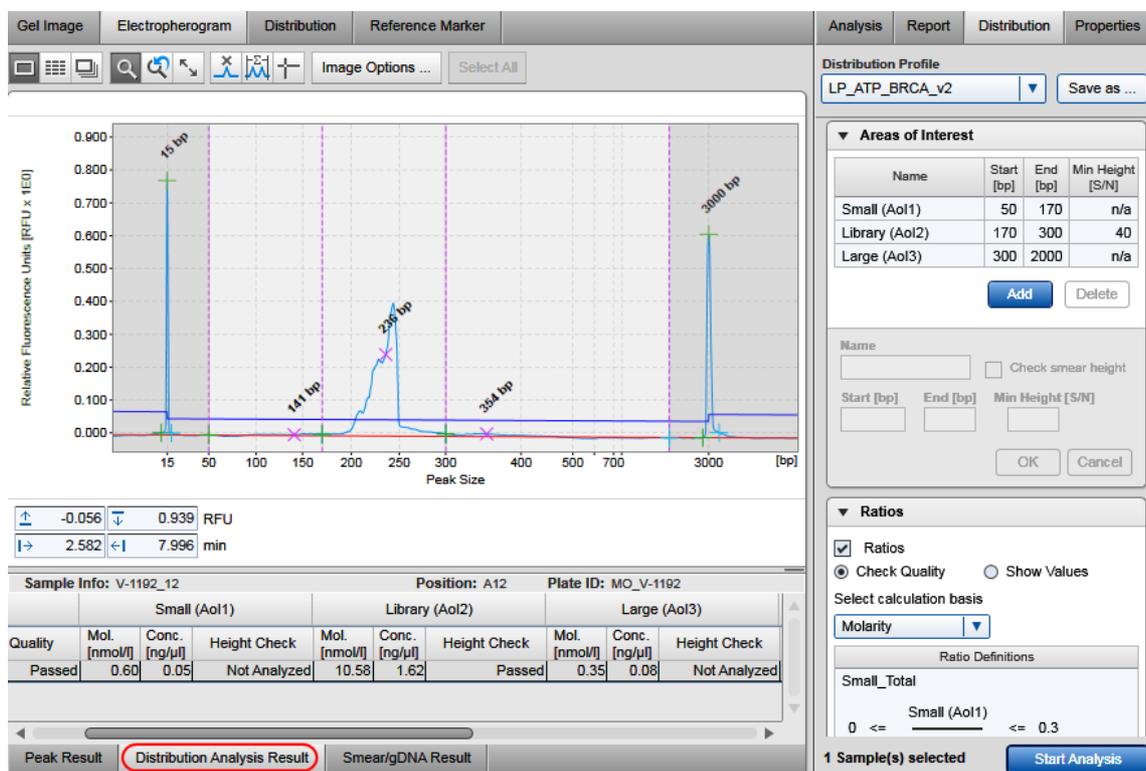
1. Prima di poter avviare l'analisi della distribuzione, verificare di aver eseguito la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) tramite i parametri del profilo di analisi, secondo quanto descritto nelle sezioni [Analisi del DNA da striscio](#) o [Analisi del gDNA](#) rispettivamente.



Risultato intermedio dopo la procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione.

2. Aprire la scheda **Distribution** (Distribuzione) situata sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi).
3. Nel caso in cui l'analisi della distribuzione debba essere provvisoriamente rimossa durante la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#), usare i parametri del profilo di distribuzione che sono stati trasferiti in precedenza: essi dovrebbero essere visibili nella scheda **Distribution parameters** (Parametri di distribuzione) a destra. Altrimenti selezionare il profilo di distribuzione pertinente per i campioni dall'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione). Per l'analisi della qualità del gDNA, selezionare il **Default gDNA distribution profile** (Profilo distribuzione gDNA predefinito). Un profilo di distribuzione definisce le aree di interesse che, ad esempio, sono previste per la libreria. Per le librerie di DNA, consultare la sezione [Creazione di un profilo di distribuzione](#) per avere informazioni su come creare il profilo.

- Selezionare i campioni da analizzare con questo profilo di distribuzione.  
**Nota:** in questa sezione è pertinente la selezione all'interno della vista centrale (non la selezione in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti)). Vedere la sezione [Selezione dei campioni per analisi o referto](#) per i dettagli.
- Per avviare l'analisi della distribuzione, fare clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) nella parte inferiore della scheda **Distribution** (Distribuzione) a destra.
- Il risultato per un campione è visualizzato nella tabella **Distribution Analysis Result** (Risultato dell'analisi della distribuzione) sotto l'elettroferogramma e, nella schermata **Distribution** (Distribuzione) al centro dell'ambiente **Analysis** (Analisi), è disponibile una tabella panoramica dei risultati per tutti i campioni. Consultare la sezione [Risultato della distribuzione](#) per la descrizione della struttura del risultato e la sezione [Colonne dei risultati della distribuzione](#) per la descrizione delle colonne disponibili.
- Per salvare il risultato dell'analisi della distribuzione, salvare l'esperimento facendo clic  su **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra.



The screenshot displays the software interface for DNA distribution analysis. The main window shows an electropherogram with relative fluorescence units (RFU) on the y-axis and peak size in base pairs (bp) on the x-axis. Several peaks are identified: 15 bp, 141 bp, 236 bp, 354 bp, and 3000 bp. The interface is divided into several panels:

- Top Panel:** Includes tabs for 'Gel Image', 'Electropherogram', 'Distribution', and 'Reference Marker'. Below these are icons for zooming and image options.
- Right Panel:** Contains the 'Distribution Profile' section with a dropdown menu set to 'LP\_ATP\_BRCA\_v2' and a 'Save as ...' button. Below this is the 'Areas of Interest' table, which lists three regions: 'Small (Ao1)', 'Library (Ao2)', and 'Large (Ao3)'. The 'Ratios' section is also visible, with 'Ratios' checked and 'Check Quality' selected. A 'Start Analysis' button is at the bottom right.
- Bottom Panel:** Shows 'Sample Info' (V-1192\_12, Position: A12, Plate ID: MO\_V-1192) and a 'Distribution Analysis Result' table. The table has columns for Quality, Molar concentration (Mol. [nmol/l]), Concentration (Conc. [ng/ul]), and Height Check for three areas of interest.

Sample Info: V-1192_12				Position: A12		Plate ID: MO_V-1192			
Small (Ao1)			Library (Ao2)			Large (Ao3)			
Quality	Mol. [nmol/l]	Conc. [ng/ul]	Height Check	Mol. [nmol/l]	Conc. [ng/ul]	Height Check	Mol. [nmol/l]	Conc. [ng/ul]	Height Check
Passed	0.60	0.05	Not Analyzed	10.58	1.62	Passed	0.35	0.08	Not Analyzed

Campione con analisi della distribuzione completata.

**Nota:** dopo l'analisi della distribuzione, l'elettroferogramma singolo mostra le aree di interesse come definite nel profilo **Distribution** (Distribuzione); i confini delle aree di interesse non possono più essere spostati.

**Nota:** in alcuni casi il segnale nell'area di interesse non supera la linea di base in alcun punto, indicando che l'area di interesse non è presente in un campione.

Durante il processo di acquisizione dei dati è possibile automatizzare l'analisi della distribuzione. Verificare di aver già automatizzato la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) per i propri campioni tramite [Smear DNA analysis](#) (Analisi del DNA da striscio) o [gDNA analysis](#) (Analisi del gDNA). Per automatizzare anche l'analisi della distribuzione, salvare tutte le modifiche apportate ai parametri di distribuzione in un profilo di distribuzione personalizzato. Verificare che questi parametri siano validi per tutti i campioni. Quindi [modificare il profilo di processo](#) creato per automatizzare la procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione per i propri campioni. Nel passaggio [Process Profile](#) (Profilo di processo), selezionare l'opzione **Distribution Analysis** (Analisi di distribuzione) nella sezione **Included steps** (Passaggi inclusi) in aggiunta. Se le funzioni di individuazione dei picchi sono ancora attive, attivare le funzioni di analisi della distribuzione in questo momento. Vedere la sezione [Attivazione delle funzioni di analisi di distribuzione](#). Nel passaggio [Distribution Analysis](#) (Analisi di distribuzione), selezionare il profilo di distribuzione personalizzato. Per ulteriori dettagli, fare riferimento alle opzioni [Process profile \(Profilo di processo\)](#). Salvare il profilo di processo con queste impostazioni per poterlo riutilizzare. Durante ogni configurazione del processo, accertarsi di selezionare il marcatore di allineamento nel passaggio **Sample Selection** (Selezione campioni).

### Attivazione delle funzioni di analisi della distribuzione

In **modalità** DNA è possibile applicare, ai campioni di un esperimento attivo, o le funzioni di individuazione dei picchi, o quelle di analisi della distribuzione.

Per attivare le funzioni di analisi della distribuzione per l'esperimento in corso, selezionare **Activate Distribution Analysis Features** (Attiva funzioni di analisi distribuzione) dal menu **View** (Vista). Le tabelle dei risultati della distribuzione sostituiscono le tabelle dei risultati dell'individuazione dei picchi e il pannello dei parametri di distribuzione sostituisce il pannello dei parametri di individuazione dei picchi. Il software mantiene questa impostazione finché non si attiva o non si apre un esperimento in cui viene impiegata l'individuazione dei picchi.

**Nota:** è impossibile attivare le funzioni di analisi della distribuzione se nell'esperimento in corso è già stata eseguita l'individuazione dei picchi. In tal caso, [occorre prima rimuovere i dati dell'individuazione dei picchi](#).

### Risultato della distribuzione

Nell'ambiente **Analysis** (Analisi) è possibile analizzare ogni campione singolarmente tramite l'analisi della distribuzione. Perciò la panoramica dei risultati di distribuzione è raggruppata per profili di distribuzione e ogni gruppo porta il nome del profilo di distribuzione applicato. Il risultato di ogni profilo di distribuzione può essere ridimensionato singolarmente.

Il risultato di ogni profilo di distribuzione contiene l'elenco dei campioni a cui è stato applicato il profilo. L'elenco è organizzato in gruppi di campioni appartenenti alla stessa piastra. Perciò nello screenshot sottostante può apparire un secondo gruppo di campioni di un'altra piastra, all'interno dell'area ridimensionabile del profilo di distribuzione, con una seconda intestazione MO\_V-1192 R1|E1.

Ciascuna fila nella tabella corrisponde ad un campione; le colonne **Pos.** e **Sample Info** (Info campione) identificano il campione. Le colonne pertinenti per l'intero campione compaiono per prime. Di conseguenza, le colonne sono raggruppate secondo i nomi delle aree di interesse definite e visualizzano varie proprietà dei picchi di striscio. Le colonne rimanenti sono quindi raggruppate per nome dei rapporti definiti. Una descrizione dettagliata è disponibile nella sezione [Colonne dei risultati di distribuzione](#).

Per modificare le proprietà elencate, fare clic con il pulsante destro del mouse sul titolo della tabella e selezionare/deselezionare la proprietà con l'opzione **Show Column** (Mostra colonna). La modifica ha effetto sull'intera tabella.

**Nota:** se un campione non era stato analizzato con un profilo di analisi striscio o gDNA, non comparirà nella panoramica dei risultati di distribuzione. Se un campione non era stato analizzato con un marcatore di riferimento, i valori di distribuzione non possono essere calcolati. In questo caso, il campione **Quality** (Qualità) è elencato come "**Review**(Revisione)." In entrambi i casi, seguire le istruzioni in [Analisi di campioni di DNA](#) per controllare e correggere le fasi di analisi richieste prima dell'analisi di **distribuzione**. Assicurarsi di utilizzare i parametri di **analisi** come descritto in [Analisi striscio DNA](#) e [analisi gDNA](#), rispettivamente.

La tabella dei risultati di distribuzione può essere copiata negli appunti. Per copiare il risultato completo di un profilo di distribuzione, fare clic con il pulsante destro del mouse nella tabella dei risultati di distribuzione e selezionare l'opzione **Copy Distribution Result of [...]** (Copia risultati di distribuzione di [...]).

▼ Distribution Analysis Result of [L.P. ATP_BRCA_v2]																
MO_V-1192_R1   E1																
Pos.	Sample Info	Total Mol (fmol)	Quality	Small (Aol1)			Library (Aol2)			Large (Aol3)			SmallTotal		LargeTotal	
				Mol (fmol)	Conc. (ng/μl)	Height Check	Mol (fmol)	Conc. (ng/μl)	Height Check	Mol (fmol)	Conc. (ng/μl)	Height Check	Ratio (Molarity)	Ratio Quality	Ratio (Molarity)	Ratio Quality
A02	V-1192_2	4.14	Review	1.41	0.10	Not Analyzed	0.29	0.04	Review	0.11	0.03	Not Analyzed	0.34	Review	0.03	Passed
A03	V-1192_3	7.17	Passed	1.10	0.09	Not Analyzed	4.96	0.76	Passed	0.36	0.06	Not Analyzed	0.15	Passed	0.05	Passed
A04	V-1192_4	12.99	Passed	1.29	0.10	Not Analyzed	10.69	1.64	Passed	0.55	0.13	Not Analyzed	0.10	Passed	0.04	Passed
A05	V-1192_5	12.43	Passed	1.59	0.12	Not Analyzed	9.43	1.44	Passed	0.65	0.17	Not Analyzed	0.13	Passed	0.05	Passed
A06	V-1192_6	11.27	Passed	0.47	0.04	Not Analyzed	10.29	1.57	Passed	0.23	0.05	Not Analyzed	0.04	Passed	0.02	Passed
A07	V-1192_7	14.03	Passed	1.91	0.13	Not Analyzed	7.98	1.20	Passed	0.25	0.06	Not Analyzed	0.14	Passed	0.02	Passed
A08	V-1192_8	9.40	Passed	0.68	0.07	Not Analyzed	7.42	1.13	Passed	0.29	0.07	Not Analyzed	0.09	Passed	0.03	Passed
A10	V-1192_10	12.15	Passed	1.15	0.09	Not Analyzed	9.60	1.47	Passed	0.39	0.10	Not Analyzed	0.09	Passed	0.03	Passed
A12	V-1192_12	12.17	Passed	0.60	0.05	Not Analyzed	10.58	1.62	Passed	0.35	0.08	Not Analyzed	0.05	Passed	0.03	Passed
B02	SM	n/a	Not Analyzed	n/a	n/a	Not Analyzed	n/a	n/a	Not Analyzed	n/a	n/a	Not Analyzed	n/a	Not Analyzed	n/a	Not Analyzed

Panoramica dei risultati della distribuzione con marcatore dimensionale a B2.

**Nota:** se il profilo di distribuzione è stato modificato ma non salvato e quindi utilizzato per un sottoinsieme di campioni analizzati in precedenza, con lo stesso nome di profilo di distribuzione saranno elencati due risultati di distribuzione. Per individuare le differenze fra i profili usati, fare clic con il pulsante destro del mouse su uno dei campioni in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra e selezionare la voce **Transfer Distribution Profile** (Trasferisci profilo di distribuzione) dal menu contestuale. Controllare i parametri nella scheda **Distribution** (Distribuzione) a destra. Fare la stessa cosa con un campione appartenente al secondo risultato di distribuzione.

## Modifica di un profilo di distribuzione

Un profilo di distribuzione specifica i criteri di qualità per una libreria di DNA o DNA genomico. Il profilo definisce le aree di interesse per grandezza iniziale e finale, così come per rapporti di molarità o concentrazione fra le aree di interesse definite o rispetto alla molarità totale o alla concentrazione totale del campione.

**Nota:** i profili di distribuzione possono essere modificati soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

---

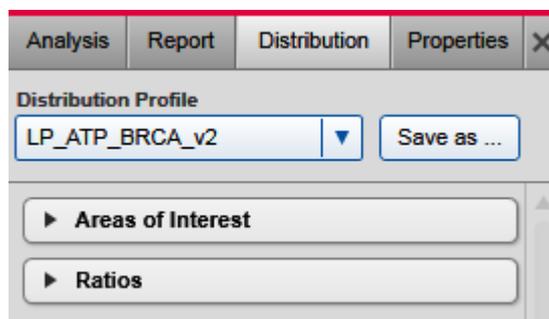
**Nota:** l'analisi della distribuzione è disponibile solo in modalità **DNA**.

Per modificare un profilo di distribuzione, procedere come segue.

1. Aprire la scheda **Distribution** (Distribuzione) a destra dell'ambiente Analysis (Analisi).

**Nota:** la scheda **Distribution** (Distribuzione) è disponibile solo se sono attive le funzioni di distribuzione. Consultare [Attivazione delle funzioni di analisi della distribuzione](#) per informazioni su come attivare le funzioni di analisi della distribuzione.

2. Selezionare il profilo di distribuzione da modificare nell'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione).



Profilo di distribuzione selezionato.

3. Seguire le istruzioni sottostanti per modificare le definizioni delle aree di interesse e/o i rapporti, a seconda delle necessità.

**Nota:** il nome del profilo nell'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione), apparirà preceduto da un "\*", a indicare che il profilo è stato modificato.

4. Salvare il profilo di distribuzione modificato facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome) a destra dell'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione).

**Nota:** deve essere definita almeno un'area di interesse.

**Nota:** è possibile ridimensionare e ingrandire parti del profilo di distribuzione facendo clic rispettivamente su ▼ e su ►.

### Per aggiungere un'area di interesse, procedere come segue.

1. Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi). Nella parte inferiore della tabella appare una nuova riga vuota.
2. Definire l'area di interesse nei campi modificabili.

Name (Nome)	Un nome unico per l'area di interesse. Sarà l'intestazione delle colonne nella tabella dei risultati della distribuzione, raggruppando tutte le colonne relative a questa area.  <b>Nota:</b> i nomi delle aree devono essere unici e possono avere una lunghezza massima di 20 caratteri. <b>La molarità totale</b> o <b>la concentrazione totale</b> non possono essere usate come nomi per un'area di interesse.
Start (Inizio) [bp]	Definire in coppie di basi la grandezza in cui comincia un'area di interesse.
End (Fine) [bp]	Definire in coppie di basi la grandezza in cui finisce un'area di interesse.

Check smear height  
(Controlla altezza  
striscio)

Selezionare questa opzione per verificare se il segnale dell'area di interesse è al di sopra della soglia definita in **Min Height** (Altezza minima) (sotto).

Min Height (Altezza  
minima)  
[S/N] (Rapporto  
segnale-rumore)

Abilitata se è stata selezionata l'opzione **Check smear height** (Controllo altezza striscio).

Definisce la soglia per l'area di interesse come un multiplo del livello di rumore, che viene stimato a partire dai dati del campione.

**Nota:** se non è selezionata l'opzione **Check smear height** (Controlla altezza striscio), nella tabella delle aree di interesse apparirà l'indicazione "n/a" (non applicabile).

**Nota:** le aree di interesse non possono sovrapporsi. In caso di grandezze che si sovrappongono, il campo di inizio e fine appare in giallo. Tuttavia un'area può cominciare nella grandezza in cui finisce un'altra area.

**Nota:** accertare che le definizioni delle grandezze delle aree di interesse rientrino nelle dimensioni del marcatore di allineamento. Usare un marcatore di allineamento adeguato o adattare le aree di interesse. Altrimenti l'analisi della distribuzione non riuscirà, perché si presuppone che tutte le aree di interesse rientrino nel range del marcatore di allineamento. Per l'analisi del DNA genomico (genomic DNA, gDNA), fare riferimento al profilo **di distribuzione del gDNA** predefinito per la grandezza massima.

**Esempio:** usare le aree di interesse per distinguere tra frammenti desiderati (libreria) e indesiderati (artefatti grandi o piccoli) durante una reazione di preparazione della libreria e usare l'opzione **Check smear height** (Controlla altezza striscio) per la libreria.

3. Fare clic su **OK** per aggiungere la nuova area di interesse alla tabella.

**Nota:** le aree di interesse sono ordinate nella tabella per grandezza iniziale.

**Nota:** deve essere definita almeno un'area di interesse.

Name	Start [bp]	End [bp]	Min Height [S/N]
Small (Ao1)	50	170	n/a
Library (Ao2)	170	300	40
Large (Ao3)	300	2000	n/a

**▼ Areas of Interest**

**Name**  
Library (Ao2)  Check smear height

**Start [bp]** 170 **End [bp]** 300 **Min Height [S/N]** 40

OK Cancel

Modifica di un'area di interesse.



**Per eliminare un'area di interesse, procedere come segue.**

1. Selezionare la riga corrispondente nella tabella.
2. Fare clic sul pulsante **Delete** (Elimina).

**Nota:** se l'area di interesse eliminata è stata usata nella definizione di un rapporto, il rapporto non è più valido. Perciò eliminare anche il rapporto.

**Per modificare un'area di interesse, procedere come segue.**

1. Selezionare la riga dell'area di interesse da modificare.
2. Modificare i valori dell'area di interesse nei campi modificabili.
3. Fare clic su **OK**. Ora i valori nella riga selezionata sono stati modificati.

**Nota:** le aree di interesse sono ordinate per posizione nella tabella **Areas of Interest** (Aree di interesse).

Il QIAxcel ScreenGel consente di definire i rapporti per valutare la relazione tra frammenti desiderati e indesiderati in una distribuzione.

**Per aggiungere un rapporto, procedere come segue.**

1. Ingrandire la sezione **Ratio** (Rapporto).
2. Verificare che sia selezionata l'opzione **Ratios** (Rapporti).
3. Se il QIAxcel ScreenGel includerà una valutazione dei rapporti definiti nella qualità complessiva del campione, selezionare l'opzione **Check Quality** (Controlla qualità). In tal caso si devono per forza inserire dei limiti per il valore del rapporto (vedere sotto). Altrimenti, se si desidera vedere i calcoli dei rapporti nella tabella dei risultati della distribuzione senza valutazione della qualità basata sui rapporti, selezionare **Show Values** (Mostra valori).
4. Selezionare la base di calcolo per i rapporti da definire. È possibile selezionare **Concentration** (Concentrazione) o **Molarity** (Molarità). Questa base di calcolo sarà usata per tutti i rapporti.
5. Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi). Nella parte inferiore dell'elenco **Ratio Definitions** (Definizioni rapporti) apparirà una nuova riga vuota.
6. Definire il rapporto nei campi modificabili.

Ratio Name (Nome rapporto)      Un nome unico per il rapporto. Sarà l'intestazione delle colonne nella tabella dei risultati della distribuzione, raggruppando tutte le colonne correlate a questo rapporto.

**Nota:** i nomi dei rapporti devono essere unici e avere una lunghezza massima di 20 caratteri. Non si può usare lo stesso nome per rapporti e aree di interesse.

Calculate ratio for  
(Calcola rapporto per)

Definire il numeratore e il denominatore del rapporto selezionando le rispettive aree di interesse dagli elenchi a discesa. Inoltre l'elenco a discesa del denominatore offre l'opzione di selezionare il **Total Sample** (Campione totale), che significa rispettivamente la **Total Molarity** (Molarità totale) o la **Total Concentration** (Concentrazione totale) a seconda del metodo di calcolo selezionato.

Acceptance range  
(Range di accettazione)

Questi campi sono disponibili solo se è stata selezionata l'opzione **Check Quality** (Controlla qualità).

Inserire un valore minimo e un valore massimo nei campi Min. e Max. La qualità del rapporto sarà indicata come "Passed" (Controllo superato) per i campioni in cui il valore del rapporto rientra in questo range; altrimenti sarà indicata come "Review" (Revisione).

Esempio: selezionare **Check Quality** (Controlla qualità) e la base di calcolo **Concentration** (Concentrazione), quindi definire un rapporto rispetto al **Total Sample** (Campione totale) per un'area di frammenti indesiderati e inserire valori bassi per il range di accettazione.

Spesso per trovare il range di accettazione per un determinato tipo di campioni è necessario un processo iterativo. Se si trovano valori che funzionano per i propri campioni, salvare le modifiche in questo o in un [nuovo profilo di distribuzione](#) per il riutilizzo. Se la qualità del rapporto viene valutata spesso come "Review" (Revisione), benché i campioni siano abbastanza buoni per la successiva applicazione, prendere in considerazione la possibilità di ampliare il range di accettazione o di andare avanti senza il controllo qualità per i rapporti.

7. Fare clic su **OK** per aggiungere il nuovo rapporto all'elenco.

**Nota:** i rapporti appaiono nell'elenco nello stesso ordine della tabella dei risultati della distribuzione.

**Nota:** nomi dei rapporti o valori di range troppo lunghi non possono essere visualizzati per intero nell'elenco. Passando il mouse sul nome o sul valore troncato appare un tooltip con il nome completo.

**▼ Ratios**

Ratios  
 Check Quality     Show Values

Select calculation basis  
Molarity ▼

**Ratio Definitions**

Small\_Total  
 $0 \leq \frac{\text{Small (Aol1)}}{\text{Total Sample}} \leq 0.3$

Large\_Total  
 $0 \leq \frac{\text{Large (Aol3)}}{\text{Total Sample}} \leq 0.2$

Add    Delete

**Ratio Name**  
Large\_Total

**Calculate ratio for**  
Large (Aol3) ▼  
Total Sample ▼

**Acceptance range**  
Min. 0  
Max. 0.2

OK    Cancel

Modifica di un rapporto.

**Per eliminare un rapporto, procedere come segue.**

1. Selezionare la riga del rapporto nell'elenco.
2. Fare clic sul pulsante **Delete** (Elimina) e approvare il messaggio di conferma.
3. Se si è eliminato l'ultimo rapporto, deselezionare l'opzione **Ratios** (Rapporti) in cima alla sezione **Ratios** (Rapporti).

**Per modificare un rapporto, procedere come segue.**

1. Selezionare la riga del rapporto da modificare.
2. Modificare i valori del rapporto nei campi modificabili.
3. Fare clic su **OK**. Ora i valori nella riga selezionata sono stati modificati.

**Nota:** i rapporti appaiono nell'elenco nello stesso ordine della tabella dei risultati della distribuzione.

## Creazione di un profilo di distribuzione

**Nota:** per creare un profilo di distribuzione devono essere attive le funzioni di analisi della distribuzione. Consultare [Attivazione delle funzioni di analisi della distribuzione](#) per informazioni su come attivare le funzioni di analisi della distribuzione.

Per creare un nuovo profilo di distribuzione, procedere come segue.

1. Aprire la scheda **Distribution** (Distribuzione) a destra dell'ambiente **Analysis** (Analisi).
2. Selezionare un profilo di distribuzione dall'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione). Il profilo di distribuzione selezionato serve da modello per la creazione del profilo nuovo. In alternativa selezionare **NewDistributionProfile** (Nuovo profilo di distribuzione) per cominciare con un profilo vuoto.
3. Definire il profilo di distribuzione a seconda delle necessità. Consultare la sezione [Modifica di un profilo di distribuzione](#) per i dettagli.
4. Salvare il nuovo profilo di distribuzione facendo clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome) a destra dell'elenco a discesa **Distribution Profile** (Profilo di distribuzione). Inserire un nome unico per il profilo di distribuzione e fare clic su **OK**.

**Nota:** i profili di distribuzione nuovi possono essere creati soltanto da utenti con il ruolo di **Advanced User** (Utente avanzato).

## Eliminazione dei risultati di distribuzione

Per eliminare i risultati di un'analisi di distribuzione da uno o più campioni:

1. Selezionare i campioni in **Experiment Explorer**(Scorri esperimenti). Fare riferimento alla sezione [Selezione dei campioni](#) per informazioni su come selezionare campioni multipli.
2. Fare clic con il pulsante destro del mouse sulla selezione e selezionare **Remove Distribution Analysis Data** (Elimina dati dell'analisi di distribuzione) dal menu contestuale.

I risultati dell'analisi di distribuzione per questi campioni vengono eliminati dalla tabella dei risultati di distribuzione. Gli elettroferogrammi dei campioni vengono aggiornati poiché le aree di interesse non vengono più definite da un profilo di distribuzione.

Nell'experiment explorer (scorri esperimenti), i campioni compariranno ancora come "analizzati".

## Analisi dei campioni di RNA

Questa sezione descrive come si analizza un campione di RNA. Si distingue fra due diversi tipi di analisi: determinazione delle dimensioni e della concentrazione e controllo della qualità dell'RNA. Per entrambi i tipi di analisi seguire i passaggi sotto descritti. Seguire le istruzioni corrispondenti al tipo di analisi desiderato.

1. Passare alla modalità **RNA**, se non è già selezionata. Verificare la modalità attuale nell'angolo in basso a destra della schermata del software. Se è selezionata una modalità diversa dalla modalità RNA, selezionare **File/Logout** dalla barra delle applicazioni per uscire e quindi rientrare con la modalità **RNA** selezionata. Per i dettagli consultare la sezione [Autenticazione utente](#).

**Nota:** solo gli utenti con ruolo utente **Advanced User** (Utente avanzato) possono modificare e salvare i parametri di un profilo di analisi. Gli utenti con ruolo utente **Basic User** (Utente base) possono selezionare un altro profilo di analisi che sia più adatto al loro tipo di campioni.

2. Passare all'ambiente **Analysis** (Analisi) selezionando l'icona **Analysis** (Analisi) nella barra degli strumenti principale.
3. Se i campioni che si desidera analizzare non sono ancora elencati in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra, selezionare l'icona **Load experiment** (Carica esperimento) nella barra degli strumenti di Experiment Explorer (Scorri esperimenti). Se i campioni sono elencati ma non attivi (in grigio), fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome dell'esperimento e selezionare **Activate** (Attiva). Per ulteriori dettagli, consultare la sezione [Caricamento dei dati dei campioni](#) o [Attivazione di un esperimento](#).
4. Per determinare le dimensioni e la concentrazione delle molecole di RNA, o per eseguire un controllo qualità per i campioni di RNA con un marcatore dimensionale, seguire le istruzioni riportate nella [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#). Se sarà effettuato un controllo qualità per i campioni di RNA senza un marcatore dimensionale, seguire le istruzioni riportate nella [Procedura di rilevamento dei picchi](#).  
Per entrambe le procedure consultare la sezione [Analisi standard dell'RNA](#) per avere informazioni su quale profilo di **analisi** occorre utilizzare come punto di partenza e su quali parametri di analisi sono necessari per i propri campioni.  
Seguire la [Procedura di determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#) o la [Procedura di individuazione dei picchi](#) anche nel caso in cui i campioni fossero stati analizzati durante il processo di acquisizione dei dati ma con l'apparizione di un messaggio d'errore o con risultati dei campioni diversi da quelli previsti. In tal caso utilizzare la procedura per verificare l'analisi passo a passo e, se necessario, correggerla. Seguire le istruzioni per riutilizzare i parametri di analisi che sono stati usati per i campioni.
5. Per effettuare il controllo qualità per i campioni di RNA con o senza marcatore dimensionale, eseguire l'individuazione dei picchi. Seguire le istruzioni descritte nella sezione [Individuazione dei picchi](#). Per informazioni su quale istruzione sull'individuazione dei picchi occorre utilizzare come punto di partenza, consultare la sezione [Analisi di controllo qualità dell'RNA](#).

Nelle tabelle dei risultati sono riepilogate tutte le proprietà che il software QIAxcel ScreenGel calcola per i picchi rilevati. Fare clic sulla riga di intestazione della tabella con il pulsante destro del mouse, selezionare **Show column** (Mostra colonna), quindi selezionare la proprietà a cui si è interessati. In alternativa fare clic sulla riga di intestazione della tabella con il pulsante destro del mouse e selezionare **Show all columns** (Mostra tutte le colonne). Questa opzione mostra tutte le proprietà calcolate dal QIAxcel ScreenGel. Per maggiori informazioni consultare la sezione [Tabella dei risultati](#) e le sezioni [Analisi standard dell'RNA](#) e [Analisi di controllo qualità dell'RNA](#) rispettivamente.

## Analisi standard del RNA

Durante la [Procedura di determinazione della dimensione e della concentrazione](#) o la [Procedura di rilevamento dei picchi](#), selezionare come punto di partenza il profilo di analisi **Default RNA** (RNA predefinito).

La [vista elettroferogramma singolo](#) è la più adatta per verificare il rilevamento dei picchi. Assicurarsi che, per tutti i picchi successivi al picco del marcatore di allineamento, il grafico mostri il segno "+" rosso in corrispondenza dell'apice del picco. In caso contrario, fare clic sul pulsante **Image Options** (Opzioni immagine) della barra strumenti dell'elettroferogramma, quindi selezionare le opzioni **Mark peak apex** (Contrassegna apice picco) e **With Label** (Con etichetta), con **Size [nt]** (Dimensione) selezionata. Fare clic su **OK** per chiudere la finestra di dialogo. Per passare al campione da visualizzare nell'elettroferogramma, fare clic sul campione successivo in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) a sinistra.

Le proprietà dei picchi sono visualizzate nella tabella **Peak Result** (Risultati dei picchi) sotto l'elettroferogramma. Per i dettagli, fare riferimento alla sezione [Tabella dei risultati](#). Conclusa la [Procedura di determinazione della dimensione e della concentrazione](#), nelle viste dell'elettroferogramma singolo dei campioni analizzati sarà visualizzata la dimensione delle molecole di RNA rilevate nei nucleotidi sull'apice dei picchi corrispondenti.

Le concentrazioni corrette possono essere esaminate nella tabella dei risultati del picco. Se le concentrazioni non vengono visualizzate come predefinite, fare clic con il pulsante destro del mouse sulla riga di intestazione della tabella, quindi selezionare **Show column** (Mostra colonna) e quindi selezionare la **colonna di concentrazione**, in cui sono visualizzate le concentrazioni in ng/ $\mu$ l.

Assicurarsi che il rilevamento dei picchi abbia funzionato come previsto. Innanzitutto, è importante che i picchi corretti siano contrassegnati come picchi del marcatore di allineamento (contrassegnati con un '+' verde) poiché questa è la base per tutte le altre funzioni di analisi. In caso contrario, adattare i parametri di analisi nel riquadro **Analysis parameters** (Parametri di analisi) sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Per fare ciò, aprire la sezione **Proprietà di analisi** e quindi aprire la sezione **Parametri**. Per dettagli su come modificare i parametri che sono riportati di seguito, consultare la sezione [Modifica di un profilo di analisi](#).

**Nota:** ridurre ed espandere parti delle proprietà di analisi facendo clic **▼** e **►**, rispettivamente.

Analysis Report Peak Calling Properties X

▼ Analysis Properties

Default RNA Save as ...

▼ Parameters

Smoothing Filter	Start	Window
		0.00 min
	2.50 min	15 pts
	4.00 min	30 pts
	6.00 min	60 pts

Baseline Filter	Start	Window
		0.00 min
	5.00 min	100 sec

Minimum Distance	Start	Value
		0.00 min

Suspend Integration	Start	End

Threshold	Start	Value
		0.00 min

Alignment Marker Threshold 10 S/N

Add Delete

Define Parameter Select Parameter

1 Sample(s) selected Start Analysis

Profilo di analisi per l'analisi del RNA.

- Se il primo picco rilevato non è quello del marcatore di allineamento, come primo passo aumentare la **soglia del marcatore di allineamento**. Fare clic sul campo e modificare il valore.  
Se non è sufficiente, utilizzare il parametro **Suspend Integration** (Integrazione di sospensione). A tal fine, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) sotto l'elenco dei parametri, quindi selezionare **Suspend Integration** (Integrazione di sospensione) nell'elenco a discesa **Define parameter** (Definisci parametro). Selezionare **Absolute** (Assoluto) nell'elenco a discesa accanto all'unità **End to use the Absolute time (Fine dell'utilizzo del tempo assoluto)**. Definire il punto di partenza a 0 minuti. Impostare il punto finale di questo parametro a poco prima dell'inizio del picco del marcatore di allineamento (ad esempio, impostare la fine a 2 minuti se il primo picco del marcatore di allineamento appare a 2,5 minuti). Fare clic sul pulsante **OK** per confermare questa impostazione.
- Se il profilo di analisi è troppo sensibile e rileva i picchi dove è presente solo rumore, aumentare la **soglia** (ad es. da 2 S/N a 5 S/N). Fare clic sulla riga di questo parametro e aumentare il valore nel campo **Value** (Valore) nell'apposita area di modifica sotto l'elenco dei parametri, quindi fare clic su **OK** per confermare.
- Se la linea di riferimento segue il picco da 28S, aumentare la dimensione della finestra del filtro della linea di riferimento per circa l'ultimo terzo del tempo di migrazione. Per aggiungere un secondo intervallo al parametro del filtro della linea di riferimento, fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi) sotto l'elenco dei parametri, quindi selezionare **Baseline Filter** (Filtro linea di riferimento) nell'elenco a discesa **Define parameter** (Definisci parametro). Quindi impostare ad es. l'inizio a 6 minuti e la dimensione della finestra a 80 secondi. Fare clic sul pulsante **OK** per confermare questa impostazione.

Fare di nuovo clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per avviare una nuova analisi in base a questo profilo di analisi modificato.

In alcuni casi, potrebbe essere necessario ripetere gli adattamenti al profilo di analisi in maniera iterativa. Se con il profilo di analisi modificato il rilevamento del picco è avvenuto come previsto, salvare tale profilo e provare a utilizzare per le analisi future del RNA questo nuovo profilo invece dell'analisi **Default RNA** (RNA predefinito).

## Analisi di controllo qualità RNA

Questa sezione fornisce istruzioni per verificare l'integrità delle molecole di RNA. Il controllo dell'integrità RNA può essere eseguito con o senza un marcatore di dimensione. Entrambi gli approcci sono descritti di seguito.

Se il riquadro dei parametri non è ancora aperto, aprirlo facendo clic sull'icona che compare sulla destra:



### Esecuzione del controllo qualità di RNA con un marcatore di dimensione

1. Assicurarsi che la [Procedura di determinazione della concentrazione e della dimensione](#) siano state eseguite utilizzando i parametri del profilo di analisi, come descritto nella sezione [Analisi RNA standard](#).
2. Passare alla scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) del riquadro dei parametri e selezionare una delle istruzioni di individuazione dei picchi fornite: Default RNA QC, Default RNA prokaryote, o Default RNA rat\_mouse\_human (CQ RNA predefinito, RNA procarote predefinito, o RNA predefinito ratto\_topo\_umano).

- Per determinare l'integrità RNA, selezionare l'opzione **RNA Integrity Score** (Punteggio di integrità RNA) e scegliere il picco 18S. Per esaminare il rapporto 28S-a-18S in un campione, selezionare l'opzione **Ratio Normalized Area** (Rapporto area normalizzata) e scegliere il picco 28S e 18S. Per RNA procariote, scegliere il picco 23S e 16S, rispettivamente. Per informazioni dettagliate su come definire le istruzioni di individuazione dei picchi, fare riferimento a [Modifica delle istruzioni di individuazione dei picchi](#).

Analysis Report Peak Calling Properties

Peak Calling Instruction  
 \*Default RNA QC Save as ...

▼ Peaks of Interest

Include size marker samples  
 Find centered peak in interval  
 Find highest peak in interval

Name	Position	Tol. [%]
18 S	1869 nt	3.00 %
28 S	5025 nt	4.00 %

Add Delete

Name

Position Size Tol. [%]  
  %

OK Cancel

▼ Calculated Columns

Total Concentration ("Total Conc.")  
 RNA Integrity Score ("RIS")  
 Ref. Peak 18 S

Ratio Normalized Area ("Ratio")  
 28 S  
 Ratio  
 18 S

Relative Abundance

Istruzioni di individuazione dei picchi per CQ di RNA.

- Nella panoramica di immagine gel, selezionare tutti i campioni.

- 
5. Fare clic sul pulsante **Start Peak Calling** (Avvia individuazione dei picchi) che compare nella parte inferiore della scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) a destra.

6. Controllare i risultati di individuazione dei picchi nella panoramica dei rispettivi risultati.



Ciascuna fila in questa tabella rappresenta il risultato di individuazione dei picchi per un campione. Il punteggio dell'integrità di RNA è dato nella colonna **RIS**. Il rapporto 28S-a-18S è dato nella colonna **Ratio** (Rapporto). Inoltre, la concentrazione totale di RNA è data nella colonna **Total RNA concentration** (Concentrazione RNA totale). Per il picco 18S e 28S è inoltre elencato se questo picco era presente o meno, in base ai criteri dati nell'istruzione di individuazione dei picchi. Per informazioni dettagliate sulla tabella del risultato dell'individuazione dei picchi, fare riferimento a [Individuazione dei picchi](#).

### Esecuzione del controllo qualità di RNA senza il marcatore di dimensione

1. Assicurarsi che la [Procedura di rilevamento dei picchi](#) sia stata eseguita utilizzando i parametri del profilo di analisi, come descritto nella sezione [Analisi RNA standard](#).
2. Passare alla scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) del riquadro dei parametri e selezionare una delle istruzioni di individuazione dei picchi fornite: Default RNA QC, Default RNA prokaryote, o Default RNA rat\_mouse\_human (CQ RNA predefinito, RNA procariote predefinito, o RNA predefinito ratto\_topo\_umano).
3. Dato che l'analisi era stata eseguita senza il marcatore di riferimento, adattare l'istruzione dell'individuazione dei picchi per cercare picchi in base al tempo di migrazione relativa al posto della dimensione. Fare clic sulla linea del picco 18S e aggiornare il criterio di posizione nell'area dei parametri di seguito. Impostare il valore **Position** (Posizione) su una media dei tempi di migrazione relativi mostrati nelle tabelle dei risultati per il picco 18S dei campioni di RNA selezionati e cambiare l'unità da **Size** (Dimensione) a **Rel. Time** (Tempo relativo) nell'elenco a discesa. Confermare questa impostazione facendo clic sul pulsante **OK**. Regolare il parametro della tolleranza, se i tempi di migrazione relativi differiscono da campione a campione. Ripetere la stessa operazione per il picco 28S. Per RNA procariote, cambiare il picco 23S e 16S, rispettivamente. Per informazioni dettagliate su come definire le istruzioni di individuazione dei picchi, fare riferimento alla sezione [Modifica delle istruzioni di individuazione dei picchi](#).
4. Per determinare l'integrità RNA, selezionare l'opzione **RNA Integrity Score** (Punteggio di integrità RNA) e scegliere il picco 18S. Per esaminare il rapporto 28S-a-18S in un campione, selezionare l'opzione **Ratio Normalized Area** (Rapporto area normalizzata) e scegliere il picco 28S e 18S.
5. Nella panoramica di immagine gel, selezionare tutti i campioni.
7. Fare clic sul pulsante **Start Peak Calling** (Avvia individuazione dei picchi) che compare nella parte inferiore della scheda Peak Calling (Individuazione dei picchi) a destra.
8. Controllare i risultati di individuazione dei picchi nella panoramica dei rispettivi risultati.



Ciascuna fila in questa tabella rappresenta il risultato di individuazione dei picchi per un campione. Il punteggio dell'integrità di RNA è dato nella colonna **RIS**. Il rapporto 28S-a-18S è dato nella colonna **Ratio**(Rapporto). Inoltre, la concentrazione totale di RNA è data nella colonna **Total RNA concentration**(Concentrazione RNA totale). Per il picco 18S e 28S è inoltre elencato se questo picco era presente o meno, in base ai criteri dati nell'istruzione di individuazione dei picchi. Per informazioni dettagliate sulla tabella del risultato dell'individuazione dei picchi, fare riferimento alla sezione [Individuazione dei picchi](#).

### Modifica manuale dei risultati di analisi

Gli algoritmi del software QIAxcel ScreenGel analizzano i dati in maniera completamente automatica. L'utente può solo influenzare l'analisi automatizzata mediante i parametri di analisi.

Dopo l'analisi, i risultati possono essere modificati manualmente dall'utente

### Modifica della soglia

Nella vista singola dell'elettroferogramma, il parametro di soglia può essere modificato in maniera interattiva spostando la soglia con il mouse. Durante questa operazione, il campione viene rianalizzato mediante i parametri di analisi delle proprietà del campione e il nuovo valore soglia.

### Eliminazione di un picco

È possibile eliminare un picco solo nella **Single Electropherogram View** (Vista elettroferogramma singolo).

Per eliminare un picco, procedere come segue.

1. Passare alla **Single Electropherogram View** (Vista elettroferogramma singolo).
2. Fare clic con il pulsante destro del mouse sulla parte superiore del picco nell'elettroferogramma e selezionare **Delete Peak** (Elimina picco) nel menu contestuale che appare. Il picco sarà eliminato.

Per eliminare vari picchi, procedere come segue.

1. Passare alla **Single Electropherogram View** (Vista elettroferogramma singolo).
2. Con il pulsante **Ctrl** fare clic con il pulsante sinistro del mouse sulla parte superiore dei picchi da eliminare nell'elettroferogramma.
3. Fare clic con il pulsante destro del mouse nell'elettroferogramma e selezionare **Delete Selected Peak** (Elimina picco selezionato) nel menu contestuale che appare. I picchi saranno eliminati.

**Nota:** dopo una nuova analisi, i picchi eliminati possono essere rilevati nuovamente a seconda dei parametri di analisi. Ripetere i passaggi di cui sopra per eliminarli nuovamente.

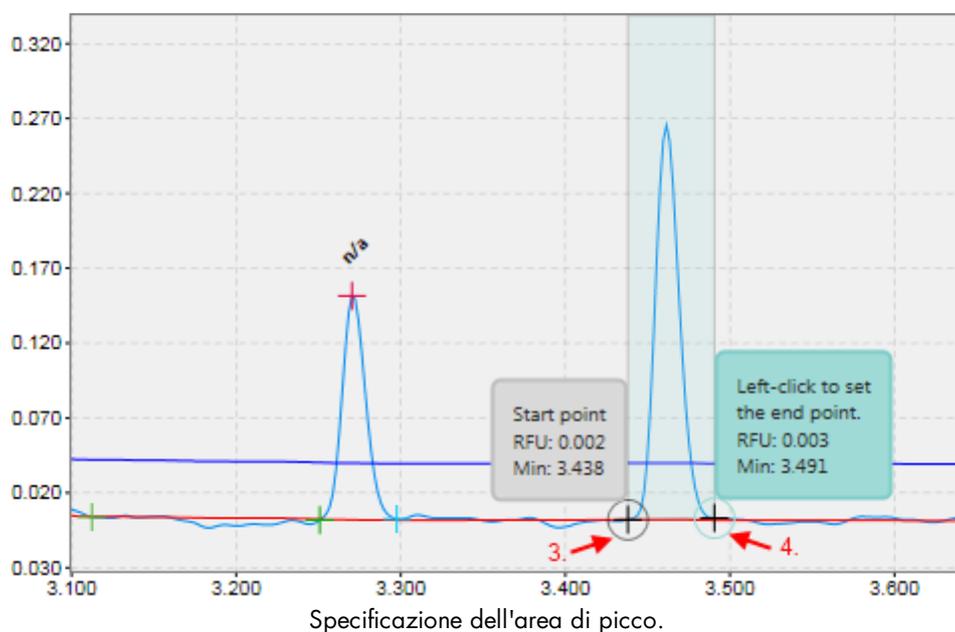
**Nota:** un picco può essere eliminato soltanto da utenti con i ruoli utente **Basic User** (Utente base) e **Advanced User** (Utente avanzato).

## Aggiunta di un picco

È possibile aggiungere un picco solo nella **Single Electropherogram View** (Vista elettroferogramma singolo).

Per aggiungere un picco, procedere come segue.

1. Passare alla **Single Electropherogram View** (Vista elettroferogramma singolo).
2. Fare clic con il pulsante destro del mouse e selezionare **Insert Peak** (Inserisci picco) nel menu contestuale che appare.
3. Appare un marcatore che si muove lungo il segnale mentre si muove il mouse. Spostare il marcatore sul margine sinistro del picco da aggiungere. Fare clic con il pulsante sinistro del mouse per impostare il margine sinistro.
4. Analogamente, fare clic con il pulsante sinistro del mouse per impostare il margine destro del picco da aggiungere. Se è possibile trovare un picco nell'area contrassegnata, il picco viene aggiunto alla tabella dei risultati e la visualizzazione si aggiorna.



**Nota:** aggiungere un picco prima del primo picco del marcatore di allineamento o dopo il secondo picco del marcatore di allineamento è possibile solo se il segnale sale oltre la soglia del marcatore di allineamento nella zona corrispondente.

**Nota:** se il campione è stato analizzato con lo striscio, è possibile aggiungere un nuovo picco di striscio come sopra descritto. Il nuovo picco inserito non può sovrapporsi all'area d'interesse di un altro picco.

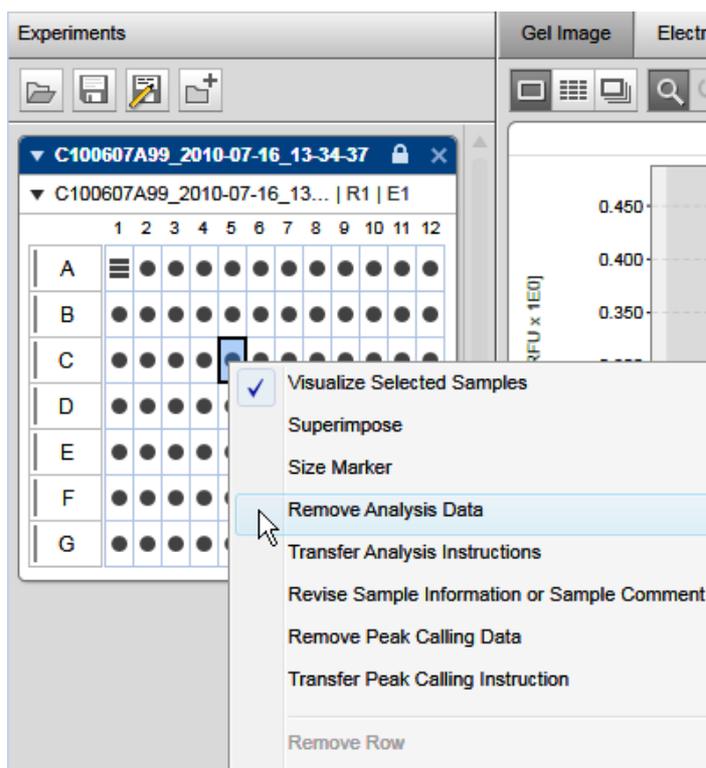
**Nota:** un picco può essere aggiunto soltanto da utenti con i ruoli utente **Basic User** (Utente base) e **Advanced User** (Utente avanzato).

## Eliminazione dei risultati di analisi

L'eliminazione del risultato dell'analisi dai campioni è possibile solo mediante **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).

Per eliminare il risultato dell'analisi dai campioni:

1. Selezionare i campioni in **Experiment Explorer**(Scorri esperimenti). Fare riferimento alla sezione [Selezione dei campioni](#) per informazioni su come selezionare campioni multipli.
2. Fare clic con il pulsante destro del mouse sulla selezione e selezionare **Remove Analysis Data** (Elimina dati dell'analisi) dal menu contestuale.



Eliminazione del risultato dell'analisi di C5.

Le tabelle dei risultati per questi campioni diventano vuote. La rappresentazione del campione nell'immagine gel e nella vista dell'elettroferogramma viene aggiornata: tutte le annotazioni dei picchi nonché le linee di riferimento e di soglia scompaiono.

Se l'individuazione dei picchi o l'analisi di distribuzione erano state eseguite sui campioni, anche le corrispondenti tabelle dei risultati per tali campioni diventano vuote e i campioni sono eliminati dalle tabelle di individuazione dei picchi o di panoramica della distribuzione.

**Nota:** Per ripristinare i risultati dell'individuazione dei picchi o dell'analisi di distribuzione, rianalizzare i campioni con un profilo di analisi e un marcatore di riferimento e ripetere l'individuazione dei picchi o l'analisi di distribuzione.

Fare riferimento alle sezioni [Individuazione dei picchi](#) e [Eliminazione dei risultati di distribuzione](#) per informazioni su come eliminare i risultati dell'individuazione dei picchi o dell'analisi di distribuzione indipendentemente.

**Nota:** Solo gli utenti ai quali siano stati assegnati i ruoli di **Utente base** e **Utente avanzato** possono rimuovere i risultati dell'analisi.

## Controllo del marcatore di allineamento

Per controllare il marcatore di allineamento di un campione:

1. Selezionare il campione in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
2. Visualizzare le proprietà del campione sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi), nel riquadro **Analysis Instructions** (Istruzioni di analisi). Fare riferimento a [Verifica proprietà campione](#) per informazioni dettagliate su come visualizzare le proprietà.
3. Controllare se il marcatore di allineamento del campione è corretto. In caso contrario, il marcatore di allineamento di una piastra può essere cambiato. In **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti), fare clic con il pulsante destro del mouse sul nome della piastra. Selezionare l'opzione del menu contestuale **Overwrite alignment marker** (Sovrascrivi marcatore di allineamento). Selezionare il marcatore di allineamento corretto nella finestra di dialogo **Overwrite Marker** (Sovrascrivi marcatore) apparsa e confermare facendo clic su **OK**.

**Nota:** passando da una modalità di allineamento ad un'altra (due picchi del marcatore di allineamento rispetto a un picco del marcatore di allineamento), i dati di analisi della piastra saranno eliminati e i campioni dovranno essere nuovamente analizzati.

**Nota:** per garantire la compatibilità di analisi, l'elenco a discesa dei marcatori di riferimento contiene solo le tabelle dei marcatori di riferimento che corrispondono al marcatore di allineamento dei campioni.

## Modifica di un'area di interesse

Nella vista singola dell'elettroferogramma, se il campione era stato analizzato con un profilo di analisi striscio e almeno un picco di striscio era stato rilevato, i bordi dell'area di interesse per ciascun picco possono essere modificati in maniera interattiva. A tale scopo, utilizzare il mouse per fare clic e trascinare le linee verticali rosa indicanti i bordi dell'area nella posizione desiderata. Le linee possono essere spostate indipendentemente da qualunque punto di inizio o fine picco.

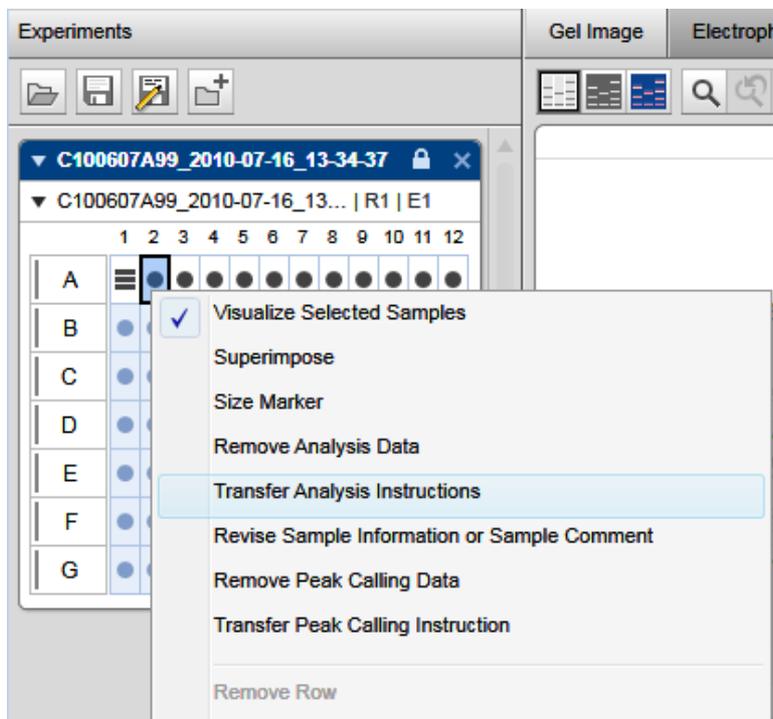
**Nota:** l'area di interesse non può sovrapporsi. Pertanto, non è possibile trascinare una linea verticale nell'area di interesse di un altro picco.

Dopo aver spostato un bordo, le proprietà corrispondenti all'area data di interesse vengono ricalcolate mediante i nuovi bordi definiti.

## Riutilizzo di parametri di analisi usati

È possibile riutilizzare i parametri di analisi di un campione analizzato.

1. Fare clic sul campione con il pulsante destro del mouse in [Experiment Explorer](#) (Scorri esperimenti).



2. Selezionare una delle opzioni seguenti per trasferire i parametri usati per l'analisi del campione nella barra degli strumenti situata sul lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi). Se la barra degli strumenti sul lato destro non è visualizzata, aprirla facendo clic sulla seguente icona:



### Istruzioni sul trasferimento dell'analisi

L'opzione è disponibile solo se il campione è stato analizzato.

Il profilo di analisi, i suoi parametri usati per il [rilevamento dei picchi](#) e la tabella dei marcatori di riferimento usata per la [determinazione delle dimensioni e della concentrazione](#), se presente dal campione, saranno trasferiti nella scheda **Analysis** (Analisi) della barra degli strumenti.

Istruzioni sul trasferimento dell'individuazione dei picchi

L'opzione è disponibile solo se sul campione è stata eseguita l'individuazione dei picchi.

L'istruzione sull'individuazione dei picchi che è stata usata con questo campione per [l'individuazione dei picchi](#) sarà trasferita nella scheda **Peak Calling** (Individuazione dei picchi) della barra degli strumenti.

Trasferimento del profilo di distribuzione

Solo **per** modalità DNA. L'opzione è disponibile solo se sul campione è stata eseguita l'analisi della distribuzione.

L'istruzione sull'analisi della distribuzione che è stata usata con questo campione per [l'analisi della distribuzione](#) sarà trasferita nella scheda **Distribution** (Distribuzione) della barra degli strumenti.

**Nota:** non è possibile eseguire l'individuazione dei picchi e l'analisi della distribuzione nello stesso esperimento. Perciò a un campione si applica un'istruzione di individuazione dei picchi oppure un profilo di distribuzione, ma mai entrambi.

**Nota:** queste opzioni possono essere usate soltanto da utenti con il ruolo di **Advanced User** (Utente avanzato). Tuttavia i parametri usati con il campione possono essere visualizzati anche nella scheda [Properties](#) (Proprietà).

Rianalisi di esperimenti multipli

QIAxcel ScreenGel offre la possibilità di analizzare esperimenti multipli nello stesso modo, senza bisogno di aprire ciascun esperimento manualmente.

Questa sezione descrive come eseguire la cosiddetta elaborazione a lotti degli esperimenti.

Per eseguire l'elaborazione a lotti di esperimenti procedere come segue:

1. Nell'ambiente **Analysis** (Analisi), selezionare **Batch** experiment processing (Elaborazione esperimenti a lotti) nel menu **File**. Comparirà la finestra di dialogo **Batch Processing** (Elaborazione a lotti).
2. Nella parte alta della finestra di dialogo, selezionare la directory contenente gli esperimenti da analizzare. Fare clic su  e nella finestra di dialogo apparsa, sfogliare ed evidenziare la directory pertinente. Fare clic su **OK**. Il percorso della directory comparirà nel campo di testo superiore e gli esperimenti presenti in tale cartella saranno elencati nel campo di testo inferiore.
3. Utilizzare i pulsanti di scelta sotto il percorso della directory per indicare se dovranno essere processati tutti gli esperimenti in questa cartella e le relative sottodirectory, o solo gli esperimenti selezionati. Se viene scelta la seconda opzione, selezionare gli esperimenti da processare. Utilizzare il pulsante **Maiusc** o **Ctrl** per selezionare esperimenti multipli. **Ctrl+A** seleziona tutte le voci.
4. Selezionare i profili da applicare agli esperimenti selezionati.

Se deve essere eseguita una nuova analisi per gli esperimenti, selezionare il profilo di analisi corrispondente dall'elenco a discesa. Per maggiori dettagli sull'analisi dei campioni, vedere [Rilevamento dei picchi](#). Dettagli su come definire un nuovo profilo di analisi sono disponibili in [Modifica di un profilo di analisi](#). Se non viene selezionato nessun profilo di analisi, non sarà eseguito alcun nuovo rilevamento di picco.

Se deve essere applicato un marcatore di riferimento durante l'analisi degli esperimenti, selezionare il marcatore di riferimento corrispondente dall'elenco a discesa. Per dettagli sull'applicazione di un marcatore di riferimento, vedere [Determinazione della dimensione e del contenuto](#). Dettagli su come definire un nuovo marcatore di riferimento sono disponibili in [Creazione di un marcatore di riferimento](#). Un marcatore di riferimento può essere applicato solo durante l'analisi. Pertanto, se era stato scelto un marcatore di riferimento, l'elaborazione a lotti può essere avviata solo se viene selezionato anche un profilo di analisi.

**Nota:** Assicurarsi che tutti gli esperimenti selezionati vengano elaborati con lo stesso marcatore di allineamento. Altrimenti, il marcatore di riferimento non può essere utilizzato per determinati esperimenti.

Se deve essere eseguita una nuova individuazione dei picchi, selezionare il profilo di individuazione dei picchi corrispondente dall'elenco a discesa. Per dettagli sull'individuazione dei picchi, vedere [Individuazione dei picchi](#). Dettagli su come definire un nuovo profilo di individuazione dei picchi sono disponibili in [Creazione di una nuova istruzione di individuazione dei picchi](#). Se non viene selezionato nessun profilo di individuazione dei picchi, non sarà eseguita alcuna nuova individuazione dei picchi.

Se i risultati dell'elaborazione a lotti devono essere archiviati in un referto, selezionare il profilo di referto corrispondente dall'elenco a discesa. Il referto/esportazione verrà scritto nel percorso di output di referto/esportazione. Per dettagli sulle funzioni di referto ed esportazione, vedere [Referto/Esportazione](#). Dettagli su come definire un nuovo profilo di referto sono disponibili in [Modifica di un profilo di referto/esportazione](#). Se non viene selezionato nessun profilo di referto, non sarà creato alcun referto.

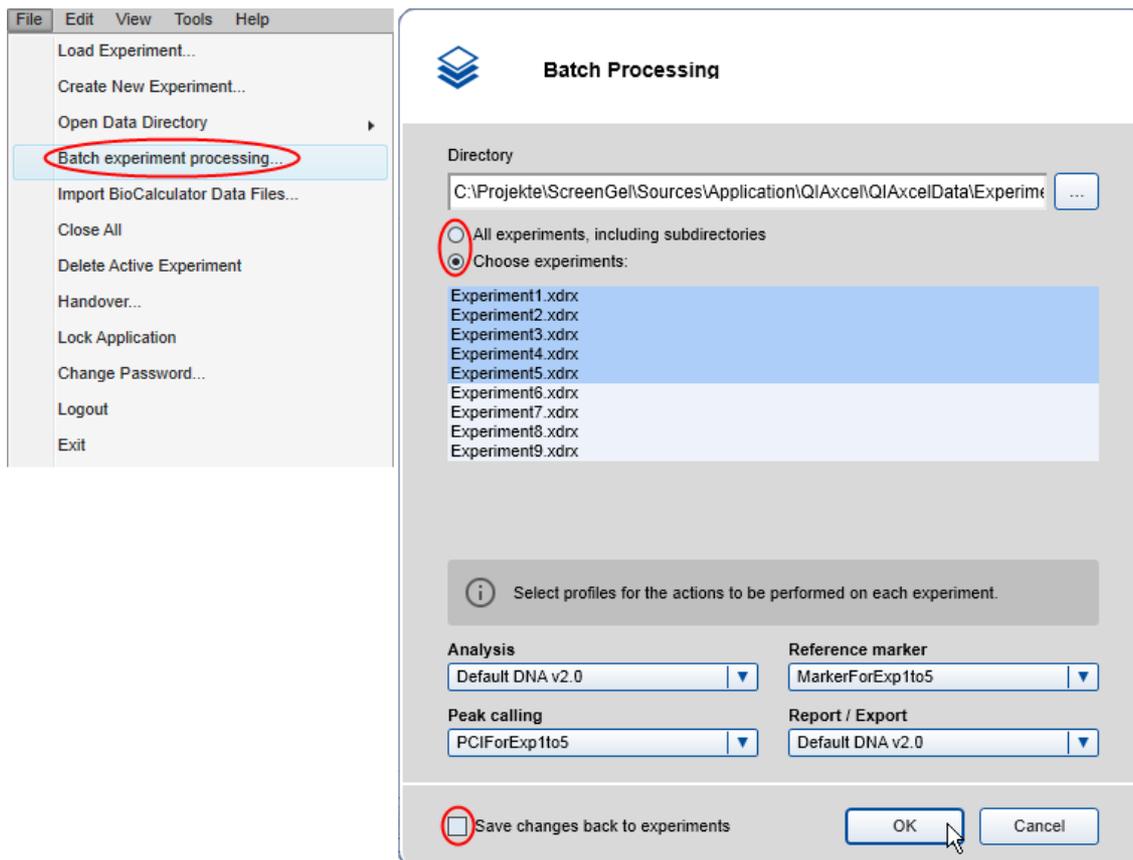
**Nota:** Se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Usa immagini come visualizzate) in un profilo di referto/esportazione, non verrà elencata nell'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione). Questa opzione non è disponibile per l'elaborazione a lotti.

5. Spuntare la casella nella parte inferiore della finestra di dialogo se gli esperimenti elaborati devono essere sovrascritti con i risultati dell'elaborazione a lotti.

**Nota:** I dati negli esperimenti processati possono andare perduti se sovrascritti dai risultati dell'elaborazione a lotti.

**Nota:** Se un esperimento da elaborare è aperto nel software QlAxcel ScreenGel ed è spuntata l'opzione **Save changes back to experiments** (Salva modifiche degli esperimenti), i risultati non saranno scritti nell'esperimento aperto. Quando si spunta questa opzione, assicurarsi che tutti gli esperimenti interessati siano chiusi.

**Nota:** Se si verificano problemi durante l'elaborazione, un messaggio di avvertenza comparirà alla fine dell'elenco di qualunque problema verificatosi (ad es. i parametri di analisi non si adattano ai dati).



Analisi e referto di cinque esperimenti e determinazione della dimensione e individuazione dei picchi.

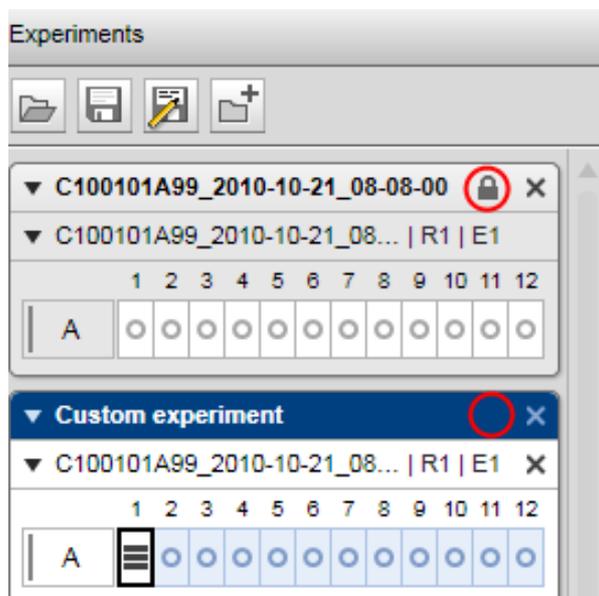
## Personalizzazione degli esperimenti

Gli esperimenti vengono creati automaticamente da ogni processo. Inoltre, l'utente può creare e modificare esperimenti. Questo consente all'utente di confrontare campioni da esperimenti diversi, e anche da processi diversi.

**Nota:** la creazione e la modifica di esperimenti personalizzati richiede il ruolo di **Utente avanzato**.

Un esperimento personalizzato può contenere file singole o gruppi di file nonché piastre. In ogni caso, all'interno di un esperimento, tutte le file saranno ancora raggruppate in piastra(e). Ogni volta che una fila o una piastra viene aggiunta ad un esperimento, se ne riceve una copia. Ciò significa che l'esperimento di origine, da cui sono originate la fila/piastra, non sarà interessato da tutte le modifiche all'interno dell'esperimento target.

**Nota:** è possibile modificare la composizione solo degli esperimenti personalizzati. La composizione di un esperimento che è il risultato automatico di un processo non può essere modificata (vedere immagine di seguito).



I risultati di un processo sono contrassegnati con il simbolo di un lucchetto. Gli esperimenti personalizzati non sono contrassegnati.

Per informazioni generali sulla gestione degli esperimenti e su **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti), vedere la sezione [Gestione campioni ed esperimenti](#).

## Creazione di un nuovo esperimento

Per creare un nuovo esperimento personalizzato, procedere come segue.

1. Fare clic  nella parte superiore di **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
2. Inserire un nome unico per il nuovo esperimento nel campo della finestra di dialogo che appare e fare clic su **OK**.

**Importante:** il nome dell'esperimento non può più essere cambiato.

3. Si creerà un nuovo esperimento vuoto, che sarà visualizzato in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti) come l'ultimo esperimento in fondo.

Se il nuovo esperimento è fuori dalla vista, usare la barra di scorrimento di **Experiment Explorer** (Scorri esperimento). Il nuovo esperimento sarà attivato automaticamente. Se l'esperimento precedentemente attivo è stato modificato, il sistema chiede se si desidera salvare o meno le modifiche. Per maggiori dettagli sull'attivazione e la disattivazione, consultare la sezione [Attivazione di un esperimento](#).

Consultare la sezione [Modifica di un esperimento](#) per informazioni su come raccogliere i campioni per il nuovo esperimento.

**Nota:** la composizione di questo esperimento può essere modificata in qualsiasi momento, rispetto agli esperimenti generati automaticamente da un processo.

**Nota:** i nuovi esperimenti possono essere creati soltanto dagli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato).

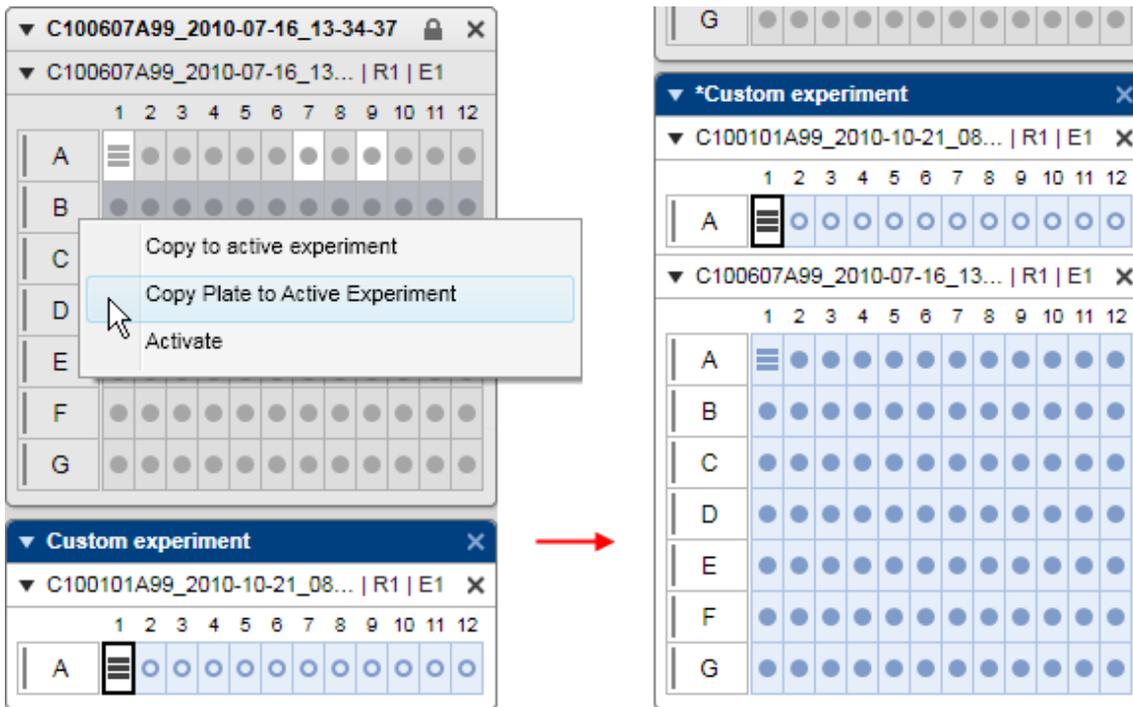
## Modifica di un esperimento

Se un esperimento personalizzato deve essere modificato, assicurarsi che sia attivato. Per maggiori dettagli sull'attivazione di un esperimento, vedere la sezione [Activating an experiment](#) (Attivazione di un esperimento).

**Nota:** solo la composizione di esperimenti personalizzati può essere modificata. La composizione di un esperimento che è il risultato automatico di un processo non può essere modificata, e pertanto le opzioni del menu contestuale descritte di seguito sono disattivate.

Per modificare un esperimento:

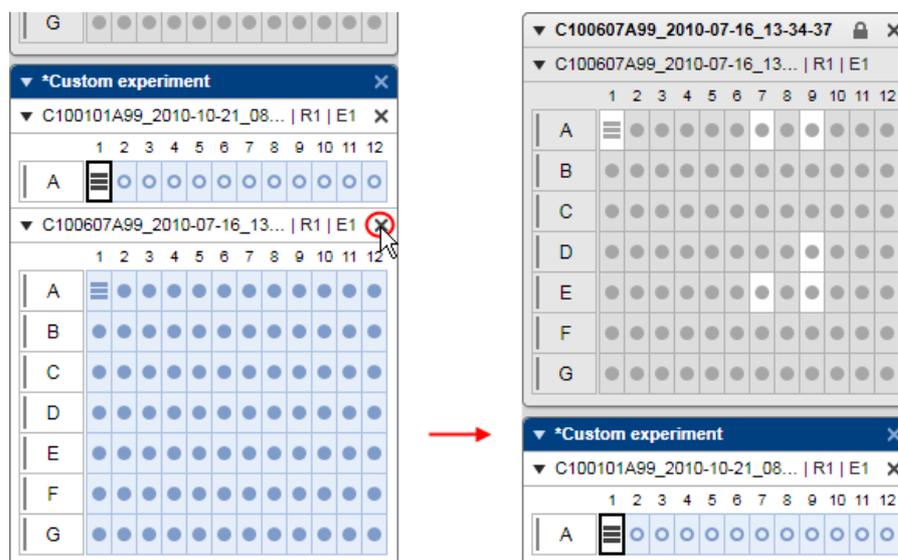
1. Caricare l'esperimento sorgente che contiene i campioni. Per ulteriori dettagli sul caricamento, vedere la sezione [Loading samples](#) (Caricamento campioni).
2. Creare o attivare l'esperimento in modo che sia da personalizzare in **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).
3. Espandere l'esperimento sorgente in modo che le piastre e le file richieste siano visibili. L'esperimento può essere espanso senza attivazione. Per maggiori dettagli sull'espansione, vedere la sezione [Expanding and collapsing](#) (Espansione e riduzione).
4. Modificare l'esperimento come richiesto:
  - Per aggiungere una piastra all'esperimento attivo, fare clic con il pulsante destro del mouse sulla piastra per aggiungere e selezionare l'opzione menu contestuale **Copy Plate to Active Experiment** (Copia piastra sull'esperimento attivo). Verrà creata una copia della piastra e aggiunta all'esperimento attivo nella parte inferiore.



Aggiunta di una piastra all'esperimento attivo.

**Nota:** la piastra completa verrà copiata sull' esperimento, ma la piastra originale rimane invariata. Qualunque altra modifica di questa piastra nell'esperimento attivo non interessa la piastra originale.

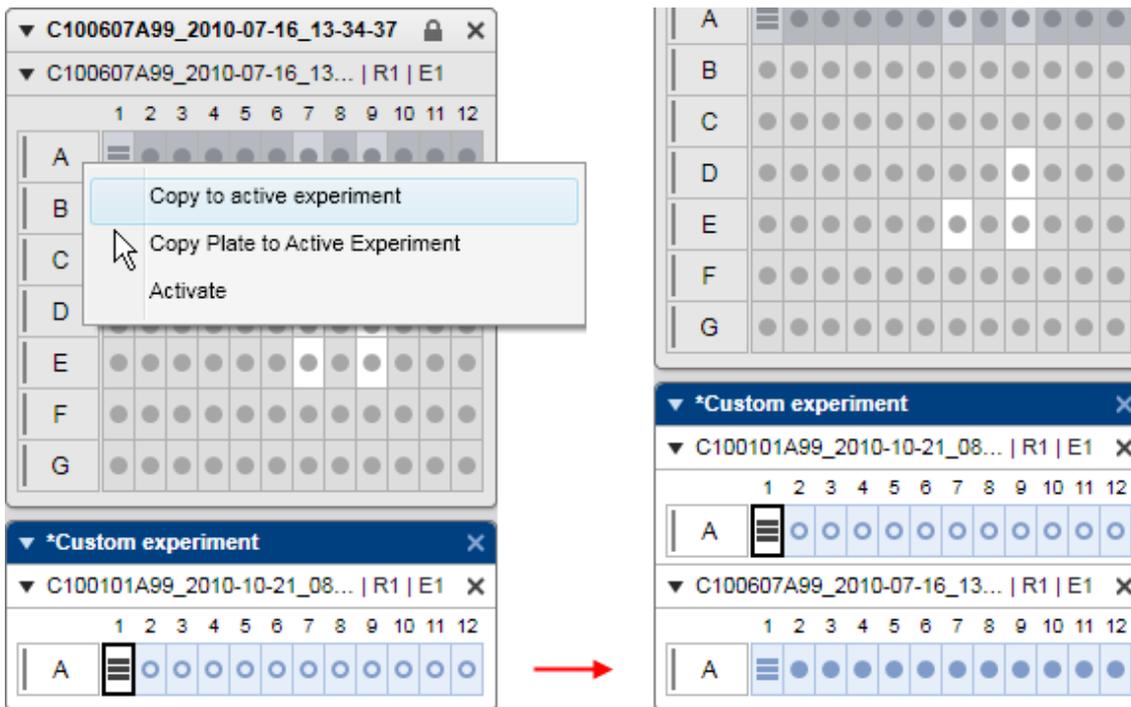
- Per rimuovere una piastra dall'esperimento attivo, fare clic sul pulsante **Close** (Chiudi). La piastra scomparirà dall'esperimento.



Rimozione di una piastra dall'esperimento attivo.

**Nota:** questa piastra sarà rimossa dall'esperimento attivo, ma la piastra originale rimane invariata.

- L'aggiunta di una fila è simile all'aggiunta di una piastra. Posizionare il cursore del mouse su una fila per aggiungerla all'esperimento attivo e selezionare la voce di menu **Copy to Active Experiment** (Copia sull'esperimento attivo). Per conservare il contesto di una fila, una copia della sua piastra verrà creata e aggiunta all'esperimento attivo contenente una copia della fila selezionata. Se si aggiunge un'altra fila della stessa piastra all'esperimento attivo, una copia della fila verrà creata e aggiunta alla copia della piastra all'interno dell'esperimento attivo. File multiple della stessa piastra possono essere aggiunte in un modo simile, ma tenendo premuto contemporaneamente il pulsante **Maiusco Ctrl** durante la selezione.

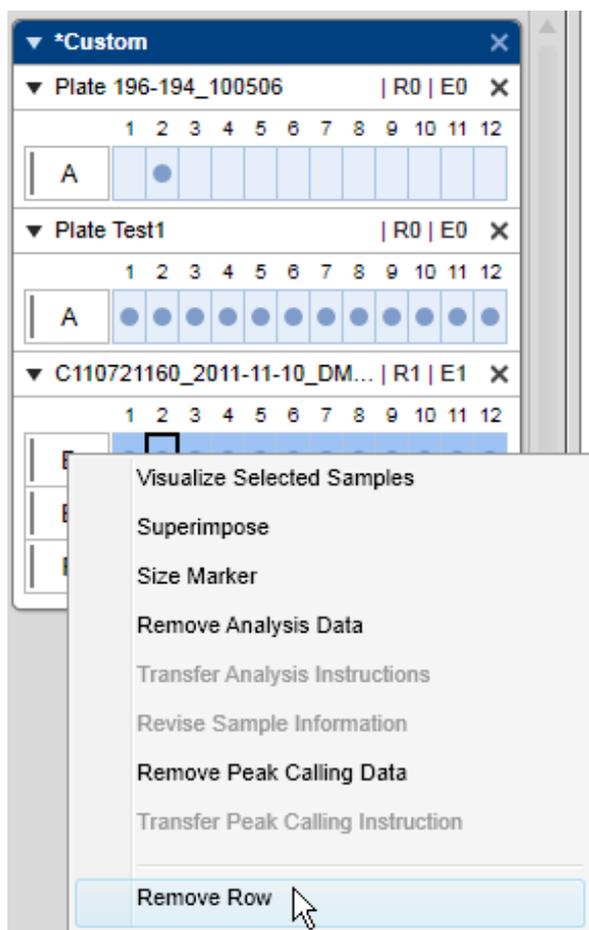


Aggiunta di una fila all'esperimento attivo.

**Nota:** una fila può essere localizzata nell'esperimento solo una volta.

**Nota:** i campioni individuali non possono essere aggiunti all'esperimento attivo. Aggiungere invece la fila completa, ma visualizzare solo i campioni richiesti.

- Per rimuovere una fila dall'esperimento attivo, fare clic con il pulsante destro del mouse sulla lettera della fila e selezionare l'opzione **Remove Row** (Rimuovi fila) dal menu contestuale. La fila sarà eliminata dall'esperimento attivo. Se la piastra contiene solo una fila, non è possibile rimuoverla; rimuovere invece la piastra.



Rimozione di una fila dall'esperimento personalizzato.

## Referto/Esportazione

L'ambiente **Analysis** (Analisi) fornisce uno strumento flessibile e potente per il referto (**formato RTF o PDF**) e l'esportazione dei dati (**formato XML**).

Per un comodo riutilizzo, le configurazioni di referto ed esportazione corrispondenti possono essere archiviate insieme nei profili di referto/esportazione. Pertanto, sia il referto che l'esportazione dei dati possono essere integrati per formare un processo completamente automatizzato includendo un profilo di referto/esportazione in un profilo di processo.

È possibile specificare quali informazioni devono essere incluse nel referto e nell'esportazione singolarmente. I file di referto ed esportazione possono essere personalizzati per adattarsi alle proprie necessità.

Ciascun referto contiene due sezioni principali:

- La sezione panoramica per informazioni su tutti i campioni, come una panoramica gel
- La sezione dei dettagli sui campioni per informazioni dettagliate su ciascun campione

Nella sezione dei dettagli sui campioni, le informazioni relative a ciascun campione sono riportate per ciascun campione raggruppate nelle seguenti sottosezioni:

- Intestazione campione
- Grafici campione
- Tabella dei risultati
- Parametro di processo
- Analisi
- Marcatore di riferimento

L'ordine dei campioni è lo stesso di quello nella vista.

Per ulteriori dettagli sui referti e sull'esportazione personalizzati, vedere la sezione [Modifica di un profilo di referto/esportazione](#).

## Generazione di un referto

La procedura di base per generare manualmente un referto nell'ambiente **Analysis** (Analisi) è la seguente.

1. Caricare i campioni con **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).  
Per ulteriori dettagli sul caricamento dei dati dei campioni, consultare la sezione [Caricamento dei dati dei campioni](#).
2. Esaminare i campioni prima del referto.  
Per maggiori dettagli sull'ispezione dei dati consultare la sezione [Visualizzazione dei dati dei campioni](#).  
Per questo passaggio sono particolarmente utili la **Gel view** (Visualizzazione su gel) o la **Electropherogram** overview (Panoramica degli elettroferogrammi).
3. Selezionare i campioni per cui si desidera eseguire il referto.  
Per ulteriori dettagli sulla selezione dei campioni, consultare la sezione [Selezione dei campioni per analisi o referto](#).
4. Selezionare le impostazioni di referto e avviare il referto.

Su lato destro dell'ambiente **Analysis** (Analisi) è possibile trovare la barre degli strumenti Report.

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters** (Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



Selezionare la scheda **Referto** della barra degli strumenti.

Selezionare un profilo di referto/esportazione predefinito. Le impostazioni di referto del profilo selezionato sono mostrate sotto l'elenco a discesa. Per i dettagli consultare la sezione [Opzioni di referto](#).

Verificare di aver selezionato almeno uno dei formati di referto **PDF** o **RTF**. Verificare inoltre di aver selezionato almeno una delle opzioni (**Overview (Panoramica)** o **Sample Details (Dettagli campione)**). Altrimenti selezionare un altro profilo di referto/esportazione predefinito. (Gli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato) o **Basic User** (Utente base) possono modificare le impostazioni come desiderano.)

Specificare la directory in cui devono essere salvati i file di referto (consultare la sezione [Modifica di un profilo di referto/esportazione](#) per informazioni su come specificare la directory del referto).

Fare clic su **Start Report/Export** (Avvia referto/esportazione) nella parte bassa della scheda **Referto** per avviare il referto.

**Nota:** il pulsante **Start Report/Export** (Avvia referto/esportazione) è disabilitato se nella vista non sono selezionati campioni (vedere Passaggio 3).

I file di referto saranno generati automaticamente e memorizzati nella directory specificata.

Se è stata selezionata l'opzione **Print report** (Stampa referto), il referto sarà stampato sulla stampante predefinita.

**Nota:** assicurarsi di aver definito una stampante predefinita nel proprio sistema.

5. Esaminare i file di referto.

Se sono state selezionate le opzioni **Display Report** (Visualizza referto) e **PDF**, il referto generato si aprirà automaticamente nel programma di lettura dei file PDF predefinito.

## Opzioni del referto

Le impostazioni di referto/esportazione sono suddivise in due gruppi:

- **Opzioni del referto;** contengono le impostazioni del referto
- **Opzioni di esportazione;** contengono le impostazioni di esportazione

**Nota:** è possibile ridimensionare e ingrandire ogni gruppo facendo clic su ▼ e ► a sinistra del nome del gruppo.

## Opzioni del referto

▼ **Report Options**

**Directory**

application\QIAxcel\QIAxcelData\Report ...

Save to origin experiment directory

**Format**

PDF  RTF

**Options**

Display Report  Print Report

Use Images as Displayed

Overview

Sample Details

Opzioni del referto.

Le opzioni sono descritte di seguito:

Directory	Selezionare la directory in cui il file referto generato dovrà essere registrato facendo clic su  . Nella finestra di dialogo che appare, andare sulla directory corretta e fare clic su <b>OK</b> .
Salvare nella directory dell'esperimento di origine	Selezionare questa opzione per salvare il referto nella stessa directory dell'esperimento. Se è selezionata questa opzione, qualsiasi percorso nella <b>Directory</b> sarà ignorato.
PDF	Sarà generato un file in formato <b>PDF</b> .
RTF	Sarà generato un file in formato <b>RTF</b> . È possibile selezionare entrambi i formati.
Display Report (Visualizza referto)	Se si seleziona questa opzione ed è selezionata l'opzione per il formato <b>PDF</b> , il referto generato sarà visualizzato automaticamente utilizzando il programma di lettura PDF predefinito.
Print Report (Stampa referto)	Se si seleziona questa opzione, i file referto i saranno automaticamente inviati alla stampante predefinita.  <b>Nota:</b> accertarsi di disporre di una stampante predefinita sul proprio sistema.
Use Images as Displayed (Utilizza le immagini come visualizzate)	Utilizzare questa opzione per ottenere immagini dall'aspetto simile alla presentazione nel software QlAxcel ScreenGel per quanto riguarda allineamento, scale, etichette, zoom, ecc.  <b>Nota:</b> questa opzione è disponibile solo nell'ambiente di analisi, non può essere usata in un profilo di processo.
Overview (Panoramica)	Il referto contiene una sezione Overview (Panoramica).
Sample Details (Dettagli campioni)	Il referto contiene una sezione Sample Details (Dettagli campioni).

**Nota:** se è selezionata una delle caselle di controllo **PDF** o **RTF**, il profilo di referto/esportazione è valido solo se in aggiunta è selezionata la casella di controllo **Overview (Panoramica)** o **Sample Details (Dettagli campioni)**.

### Sezione Overview (Panoramica)

Se è selezionata l'opzione **Overview (Panoramica)**, nella sezione Panoramica del referto sono incluse automaticamente le seguenti informazioni:

Report Date (Data referto)	Date and time of report generation (Data e ora della generazione del referto).
Experiment Name (Nome dell'esperimento)	Name of the experiment the sample data belong to (Nome dell'esperimento a cui appartengono i dati dei campioni).
Cartridge ID (ID cartuccia)	ID della/e cartuccia/e con la/e quale/i i campioni sono stati analizzati.

Cartridge Expiration Status (Stato scadenza cartuccia)	Questa informazione viene inclusa automaticamente se la cartuccia ha superato la data di scadenza.
Calibration Status (Stato calibrazione)	Stato calibrazione della/e cartuccia/e all'ora del processo.
Instrument ID (ID strumento)	Numero di serie dello/degli strumento/i utilizzato/i per analizzare i campioni.
Data Acquisition Status (Stato acquisizione dati)	Solo nel caso di un <a href="#">esperimento incompleto</a> . Fornisce informazioni in merito ai processi pianificati ed eseguiti (p. es., 2 processi su 8 eseguiti con successo).
Corrupt Experiment Accepted by (Esperimento corrotto accettato da)	Solo nel caso di un esperimento incompleto che è stato accettato da un utente. Nome dell'utente che ha accettato l'esperimento.
Corrupt Experiment Accepted on (Esperimento corrotto accettato il):	Solo nel caso di un esperimento incompleto che è stato accettato da un utente. Data e ora in cui l'esperimento è stato accettato.

Selezionare le seguenti informazioni opzionali che si desidera includere nella sezione Panoramica:

Overview

- Experiment Plate Comment
- Reported by
- Experiment Path
- Lot Information
- Peak Calling Result Table
- Overall Result Table
- Overall Smear Result Table
- Gel Image Overview
- Electropherogram Overview
- Electropherogram Superposition View

Informazioni opzionali per sezione Panoramica.

Overview

- Experiment Plate Comment
- Reported by
- Experiment Path
- Lot Information
- Peak Calling Result Table

Result Table Columns	
<input checked="" type="checkbox"/>	Sample Information
<input checked="" type="checkbox"/>	Found
<input type="checkbox"/>	Size
<input type="checkbox"/>	Concentration
<input type="checkbox"/>	Molarity
<input checked="" type="checkbox"/>	Calculated Columns (if present)
<input type="checkbox"/>	Peak Calling Instruction Table

Opzioni speciali per Tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi.

Overview

- Experiment Plate Comment
- Reported by
- Experiment Path
- Lot Information
- Peak Calling Result Table
- Overall Result Table
- Overall Smear Result Table
- Gel Image Overview

Image options ...

- Electropherogram Overview
- Electropherogram Superposition View

Opzioni speciali per Panoramica gel.

Overview

- Experiment Plate Comment
- Reported by
- Experiment Path
- Lot Information
- Peak Calling Result Table
- Overall Result Table
- Overall Smear Result Table
- Gel Image Overview
- Electropherogram Overview

Image options ...

- Electropherogram Superposition View

Opzioni speciali per Panoramica degli elettroferogrammi.

I campi opzionali sono descritti in seguito.

**Nota:** Se viene selezionata un'opzione della tabella dei risultati, ma nessuna colonna della tabella dei risultati, la casella di controllo è contrassegnata in giallo e il profilo del referto/di esportazione non è valido.

Experiment Plate Comment (Commento sulla piastra degli esperimenti)	Commento sulla piastra degli esperimenti.
Reported by (Referto eseguito da)	L'ID dell'utente che ha generato il referto/l'esportazione.
Experiment Path (Percorso esperimento)	Il percorso per l'archiviazione dell'esperimento.
Sample List (Elenco campioni)	Tutti i campioni di una piastra sono elencati con posizione, informazioni sul campione e commento. Se l'esperimento contiene campioni da piastre diverse, è incluso un elenco di campioni per ogni piastra.
Lot Information (Informazioni sul lotto)	Saranno inclusi i numeri di lotto inseriti
Distribution Analysis Result Table (Tabella dei risultati dell'analisi della distribuzione)	Utilizzare questa opzione per un'analisi della distribuzione in modalità <b>DNA</b> che comprenda la tabella riassuntiva dei risultati dell'analisi della distribuzione. Ogni fila nella tabella rappresenta un campione. <b>Nota:</b> Questa opzione è disponibile solo se sono attive le funzioni di analisi della distribuzione.  Opzioni aggiuntive da selezionare sono:
Show Profile Properties (Mostra proprietà profilo)	Comprende i parametri del profilo di distribuzione applicato ai campioni.
Sample Information (Informazioni sui campioni)	Comprende la colonna <b>Sample Information</b> (Informazioni sui campioni).
Total Concentration (Concentrazione totale)	Include la colonna <b>Total Concentration</b> (Concentrazione totale) del campione.
Total Molarity (Molarità totale)	Include la colonna <b>Total Molarity</b> (Molarità totale) del campione.
Sample Quality (Qualità del campione)	Include la colonna <b>Sample Quality</b> (Qualità del campione). Questa è la valutazione della qualità complessiva del campione, generata nell'analisi della distribuzione.

Aol Concentration (Concentrazione area di interesse)	Include la colonna <b>Concentration</b> (Concentrazione) per ogni area di interesse.
Aol Molarity (Molarità area di interesse)	Include la colonna <b>Molarity</b> (Molarità) per ogni area di interesse.
Aol Height (Altezza area di interesse)	Include la colonna <b>Height</b> (Altezza) per ogni area di interesse.
Aol Height Check (Controllo altezza area di interesse)	Include la colonna <b>Height Check</b> (Controllo altezza) per ogni area di interesse. È la valutazione della qualità dell'altezza dell'area di interesse.
Rapporto	Include la colonna <b>Ratio</b> (Rapporto) per ogni area di interesse. In base al metodo di calcolo selezionato, la colonna mostrerà molarità o rapporto di concentrazione.
Ratio Quality (Qualità del rapporto)	Include la colonna <b>Ratio Quality</b> (Qualità del rapporto) per ogni rapporto definito. È la valutazione di qualità del rapporto.

**Nota:** se un rapporto comprende troppe aree di interesse o rapporti, la tabella viene suddivisa tra due aree di interesse o rapporti. Informazioni sul campione, concentrazione totale, molarità totale e colonne della qualità del campione appaiono soltanto nella prima tabella. Le restanti tabelle sono contrassegnate con "(continua)" nell'intestazione.

**Nota:** se vengono selezionati campioni ai quali sono stati applicati profili di distribuzione diversi, viene generata una nuova tabella per ogni profilo di distribuzione. Inoltre, se vengono selezionati campioni da piastre differenti, per ogni piastra viene generata una nuova tabella.

**Nota:** nel referto sono evidenziate celle con il valore di "Review" (Revisione).

Peak Calling Result Table (Tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi)

Sarà inclusa la tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi. Ogni fila nella tabella rappresenta un campione. Possono essere selezionate opzioni aggiuntive (vedere la figura in alto).

**Nota:** Questa opzione è disponibile solo se sono attive le funzioni di individuazione dei picchi.

Peak Calling Instruction Table (Tabella istruzioni individuazione dei picchi)	Selezionare questa opzione per includere la tabella delle istruzioni sull'individuazione dei picchi nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.
Sample Information (Informazioni sui campioni)	Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Sample Information</b> (Informazioni sul campione) nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.

Found (Trovato)	Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Found</b> (Trovato) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.
Dimensioni	Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Size</b> (Dimensioni) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.
Concentrazione	Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Concentration</b> (Concentrazione) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.
Molarity (Molarità)	Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Molarity</b> (Molarità) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.

**Nota:** Le colonne calcolate (come Ratio, RIS) sono incluse automaticamente, se fanno parte delle istruzioni sull'individuazione dei picchi applicata.

**Nota:** Se ci sono troppi picchi di interesse, la tabella viene suddivisa tra due picchi di interesse. Le informazioni sul campione e le colonne calcolate appaiono solo nella prima tabella, le tabelle seguenti sono contrassegnate con "(continua)" nell'intestazione.

**Nota:** Se sono selezionati campioni a cui sono state applicate istruzioni sull'individuazione dei picchi diverse, comincia una nuova tabella per ogni istruzione sull'individuazione dei picchi. Inoltre, se vengono selezionati campioni da piastre differenti, comincia una nuova tabella per ogni piastra.

Overall Result Table (Tabella risultati complessivi)

Selezionare questa opzione per includere una tabella che presenti dimensioni e/o risultati della concentrazione e/o della molarità da tutti i campioni di una piastra. Per ogni campione selezionato, nella tabella generale è inclusa una tabella secondaria. La posizione del campione sulla piastra e, se disponibili, le informazioni sul campione appaiono come intestazione di ogni tabella secondaria. Ogni tabella secondaria ha come colonne i valori dei risultati che sono stati selezionati per la refertazione. Ogni riga elenca quindi un picco rilevato e i risultati corrispondenti (dimensioni e/o concentrazione e/o molarità).

**Nota:** Se sono selezionati campioni da piastre diverse, comincia una nuova tabella per ogni piastra.

Overall Smear Result Table (Tabella risultati complessivi striscio)

Per un'analisi da striscio o del gDNA in modalità **DNA**, utilizzare questa opzione per includere una tabella dei risultati complessivi dello striscio, comprendente le proprietà dei risultati dello striscio selezionate.

Se sono selezionati campioni da piastre diverse, comincia una nuova tabella per ogni piastra. Ogni fila nella tabella rappresenta un campione.

Selezionare ogni colonna della tabella per specificare i valori dei risultati da visualizzare: Dimensioni mediane, conc. Area di interesse, mol. Area di interesse, % NA area di interesse, o % conc. Area di interesse.

**Nota:** Le colonne della **Smear Result Table** (Tabella dei risultati dello striscio) possono essere selezionate e riordinate come descritto per la **Result Table** (Tabella dei risultati) (in basso).

Selezionare le opzioni **Total Concentration** (Concentrazione totale) e **Total Molarity** (Molarità totale) per includere i valori della concentrazione totale o della molarità totale del campione.

Gel Image Overview  
(Panoramica  
immagine gel)

Selezionare questa opzione per includere l'immagine gel di tutti i campioni selezionati.

Fare clic sul pulsante di opzione **Image** (Immagine) per specificare l'aspetto della panoramica dell'immagine gel. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

**Nota:** L'immagine gel nel referto avrà l'asse y di sinistra su entrambi i lati, anche se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unità  
dell'asse y

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse y mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento su entrambi i lati dell'immagine gel, anche se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate). Le colonne nell'immagine gel saranno allineate secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti apparirà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse y mostrerà il tempo di migrazione relativo. Le colonne nell'immagine gel saranno allineate secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** la scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti, le colonne non potranno essere allineate e l'asse y visualizzerà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], le colonne non saranno allineate e l'asse y mostrerà una scala di tempo assoluto.

Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)

Selezionare questa opzione per ridimensionare le colonne in modo tale che inizino con la banda del marcatore di allineamento inferiore e terminino con la banda del marcatore di allineamento superiore (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).

**Nota:** questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.

Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)

Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico il contrasto per ogni colonna gel singolarmente.

Show sample information (Mostra informazioni sul campione)

Selezionare questa opzione per includere le informazioni sui campioni in ogni colonna.

Show plate ID (Mostra ID piastra)

Selezionare questa opzione per visualizzare **plate ID** (ID piastra), il numero di ripetizioni e il numero di immissione di ogni colonna.

Show method (Mostra metodo)

Selezionare questa opzione per visualizzare il metodo applicato sopra la colonna dei campioni.

Gel Layout (Layout gel)

Utilizzare questa opzione per determinare il layout del gel.

Selezionare **Standard Layout** (Layout standard) per ordinare le colonne da sinistra a destra, come sono ordinate nella vista.

Selezionare **Horizontal plate layout** (Layout piastra orizzontale) per ordinare le colonne che iniziano con A1 in alto a sinistra e terminano con H12 in basso a destra.

Selezionare **Vertical plate layout** (Layout piastra verticale) per ordinare le colonne che iniziano con H1 in alto a sinistra e terminano con A12 in basso a destra.

Selezionare **Reverse vertical plate layout** (Inverti layout piastra verticale) per il layout della piastra verticale ma che inizia con A1 in alto a sinistra e termina con H12 in basso a destra.

Selezionare **Split plate layout** (Suddividi layout piastra) per suddividere il layout della piastra verticale. La parte sinistra inizierà con H1 in alto a sinistra e terminerà con A6 in basso a destra. La parte destra inizierà con H7 in alto a sinistra e terminerà con A12 in basso a destra.

**Nota:** Le posizioni per campioni non selezionate rimangono vuote.

Lanes per Row (Colonne per riga) Usare questa opzione per specificare il numero di colonne per ogni riga: 4, 6, 8, 12, 16, 24, 32, 36 o 48.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo se nell'opzione **Gel Layout** (Layout gel) è selezionato **Standard layout** (Layout standard).

Rows per Page (Righe per pagina) Utilizzare questa opzione per specificare il numero di righe da includere in una pagina di referto (viene introdotta un'interruzione della pagina dopo il numero di righe specificato).

**Nota:** Questa opzione non è disponibile se viene selezionato **Standard layout** (Layout standard) nell'opzione **Gel Layout** (Layout gel).

Dettagli dell'analisi Selezionare **Highlight alignment markers** (Evidenzia marcatori di allineamento) per evidenziare in verde le bande dei picchi del marcatore di allineamento.

Electropherogram Overview (Panoramica degli elettroferogrammi)

selezionare questa opzione per includere una panoramica degli elettroferogrammi di tutti i campioni selezionati. L'ordine è lo stesso della visualizzazione. Su una pagina del referto sarà sempre stampata una pagina panoramica della galleria con non più di 12 elettroferogrammi.

Fare clic sul pulsante di opzione **Image** (Immagine) per specificare l'aspetto della panoramica degli elettroferogrammi riportata. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unità asse x Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

	<p><b>Nota:</b> La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.</p> <p>Se si seleziona <b>Abs. Time</b> (Tempo assoluto) [min], gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.</p>
Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare gli elettroferogrammi in modo tale che inizino con il picco del marcatore di allineamento inferiore e terminino con il picco del marcatore di allineamento superiore (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico l'asse y per ogni elettroferogramma singolarmente.</p>
Show sample position (Mostra posizione campione)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare la posizione assegnata al campione sopra ogni elettroferogramma.</p>
Show sample information (Mostra informazioni sul campione)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare le informazioni sul campione nella parte superiore di ogni elettroferogramma.</p>
Show plate ID (Mostra ID piastra)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare <b>plate ID</b> (ID piastra) sopra ogni elettroferogramma.</p>
Show method (Mostra metodo)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare il metodo applicato sopra ogni elettroferogramma.</p>
Show analysis details (Mostra dettagli analisi)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare i dettagli dell'analisi per i campioni analizzati.</p> <p>Selezionare <b>Mark detected peaks</b> (Indica picchi rilevati) per visualizzare i marcatori apicali dei picchi rilevati.</p> <p><b>Nota:</b> In modalità <b>DNA</b> è disponibile una seconda opzione, <b>Show median of size</b> (Mostra mediana delle dimensioni). Se il campione è stato analizzato con un <b>profilo</b> di analisi di DNA da striscio, selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori con la dimensione mediana dei picchi dello striscio rilevati.</p>

Selezionare **Show suspend integration intervals** (Mostra intervalli sospensione integrazione) per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.

Electropherogram  
Superposition View  
(Vista degli  
elettroferogrammi  
sovrapposti)

Utilizzare questa opzione per includere la sovrapposizione degli elettroferogrammi di tutti i campioni selezionati che hanno il flag set sovrapposto.

**Nota:** La vista di sovrapposizione è limitata a 12 campioni. Nell'ambiente del processo e nel processamento in batch, la sovrapposizione viene creata solo se l'esperimento contiene non più di 12 campioni.

**Nota:** Utilizzare l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate) per riportare la sovrapposizione degli elettroferogrammi come visualizzata.

Fare clic sul pulsante **Image options** (Opzioni immagine) per specificare l'aspetto della sovrapposizione degli elettroferogrammi oggetto di referto. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** Il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unità asse x

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni sovrapposti sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse x mostrerà invece un messaggio.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni sovrapposti sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà invece un messaggio.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.

Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	Selezionare questa opzione per ridimensionare gli elettroferogrammi in modo tale che inizino con il picco del marcatore di allineamento inferiore e terminino con il picco del marcatore di allineamento superiore, se disponibile (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).
Show Electrical Current Curve (Mostra curva corrente elettrica)	Selezionare questa opzione per includere un diagramma della corrente elettrica sovrapposta misurata durante l'acquisizione dei dati. La curva della corrente elettrica apparirà sotto la sovrapposizione degli elettroferogrammi, allineata con l'asse x.
Show size marker peak labels (Mostra etichette dei picchi del marcatore dimensionale)	Se viene selezionata questa opzione, e se esattamente un marcatore dimensionale è tra i campioni sovrapposti, le etichette dei picchi saranno visualizzate per i picchi rilevati del campione con marcatore. Selezionare le unità per le etichette dei picchi nell'elenco a discesa.

**Nota:** questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.

**Nota:** In modalità **RNA**, se si vuole includere nel referto il rapporto 28S/18S o il RIS, selezionare l'opzione panoramica **Peak Calling Result Table** (Tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi, fare riferimento ad [Analyze RNA samples](#) (Analizza campioni di RNA) per informazioni sul modo di analizzare i campioni di RNA).

### Sezione relativa alle informazioni sui campioni

Per ogni campione sono automaticamente incluse le seguenti informazioni:

<b>Information (Informazioni)</b>	<b>Description (Descrizione)</b>	<b>Report section (Sezione referto)</b>
Experiment Name (Nome dell'esperimento)	Name of the experiment the sample data belong to (Nome dell'esperimento a cui appartengono i dati dei campioni).	Sample header (Intestazione campione)
Plate ID (ID piastra)	ID of the plate the sample belongs to (ID della piastra a cui appartiene il campione).	Sample header (Intestazione campione)
Position (posizione)	Sample position on the plate (Posizione del campione sulla piastra)	Sample header (Intestazione campione)

Run Number (Numero di ciclo)	Se lo stesso campione è stato processato più volte, questo numero identifica il ciclo che ha prodotto i dati del campione (per informazioni dettagliate, fare riferimento a <a href="#">Run parameters and result structure (Parametri di processo e struttura dei risultati)</a> ).	Sample header (Intestazione campione)
Run Entry Number (Numero immissione ciclo)	Il numero di immissione ciclo della piastra (per informazioni dettagliate, fare riferimento a <a href="#">Run parameters and result structure (Parametri di processo e struttura dei risultati)</a> ).	Sample header (Intestazione campione)
Run date (Data di esecuzione)	Data e ora in cui è stato avviato il processo.	Run (Esegui)
Instrument ID (ID strumento)	Numero di serie dello strumento con cui è stato processato il campione.	Run (Esegui)

Selezionare le seguenti informazioni opzionali che si desidera includere nella sezione campioni:

**Sample Details**

- Start Results on New Page
- Experiment Plate Comment
- Run Information
- Method Information
- Cartridge Information
- Sample Information
- Analysis Parameter
- Reference Marker Table
- Single Electropherograms
- Single Gel Images
- Lot Information
- Result Table
- Peak Calling Result Table
- Smear Result Table

Dettagli campioni opzionali.

**Nota:** Se viene selezionata un'opzione della tabella dei risultati, ma nessuna colonna della tabella dei risultati, la casella di controllo è contrassegnata in giallo e il profilo del referto/di esportazione non è valido.

I campi opzionali sono descritti di seguito:

**Start Results on New Page (Avvio risultati su nuova pagina)** Se si seleziona questa opzione, i risultati per ogni campione inizieranno su una nuova pagina.

**Experiment Plate Comment (Commento sulla piastra degli esperimenti)** Se si seleziona questa opzione, viene incluso nella sezione **Sample Header** (Intestazione campione) il commento sulla piastra degli esperimenti.

**Run Information (Informazioni sul ciclo)** Se si seleziona questa opzione, nella sezione **Run** (Ciclo) del campione vengono incluse le seguenti informazioni:

**Rise time (Tempo di salita)** Il parametro per il filtro di Bessel applicato (vedere anche [Settings \(Impostazioni\)](#)).

**Applied injection time (Tempo di iniezione applicato)** Il tempo di iniezione del campione applicato.

		<p><b>Nota:</b> questo tempo può differire dal tempo di iniezione del campione dei metodi se c'era un altro tempo di iniezione del campione specificato nei parametri di processo dei profili del processo (vedere <a href="#">Selecting run parameters (Selezione parametri di processo)</a>).</p>
	Applied separation time (Tempo di separazione applicato)	<p>Il tempo di separazione applicato durante l'esecuzione del metodo.</p> <p><b>Nota:</b> Questo tempo può differire dal tempo di separazione dei metodi se l'utente ha regolato il tempo di separazione durante l'esecuzione.</p>
	Processed by (Processato da)	L'ID dell'utente che ha processato il campione.
Method Information (Informazioni sul metodo)	Se si seleziona questa opzione, nella sezione <b>Run</b> (Ciclo) saranno incluse le seguenti informazioni:	
	Applied method (Metodo applicato)	Denominazione del metodo con cui è stato processato il campione.
	Method injection time (Tempo di iniezione del metodo)	Tempo di iniezione del campione come è stato definito nel metodo.
	Method injection voltage (Tensione di iniezione del metodo)	Tensione di iniezione del campione come è stata definita nel metodo.
	Method separation time (Tempo di separazione del metodo)	Tempo di separazione come è stato definito nel metodo.
	Method separation voltage (Tensione di separazione del metodo)	Tensione di separazione come è stata definita nel metodo.
Cartridge Information (Informazioni cartucce)	Se si seleziona questa opzione, nella sezione <b>Run</b> (Ciclo) saranno incluse le seguenti informazioni:	
	Cartridge ID (ID cartuccia)	ID della cartuccia con cui è stato processato il campione.

Cartridge Calibration Status (Stato di calibrazione della cartuccia)	Stato di calibrazione della cartuccia al momento del processo: " <b>OK</b> ", " <b>Not calibrated</b> " (Non calibrata), o " <b>Conditional OK</b> " (OK condizionato). Per informazioni relative allo stato della calibrazione, fare riferimento alla sezione <a href="#">Running the calibration wizard</a> (Esecuzione procedura guidata calibrazione).
Cartridge Expiry Date (Data di scadenza cartuccia)	La data di scadenza della cartuccia che è stata utilizzata per processare il campione.
Sample Information (Informazioni sui campioni)	Le informazioni sui campioni sono incluse nella sezione <b>Sample Header</b> (Intestazione campione).
Sample comment (Commento campione)	Il commento sul campione è incluso nella sezione <b>Sample Header</b> (Intestazione campione).
Parametro dell'analisi	I parametri di analisi applicati al campione saranno inclusi nella sezione del referto <b>Analysis</b> (Analisi).
Reference Marker Table (Tabella dei marcatori di riferimento)	Sarà inclusa la tabella dei marcatori di riferimento utilizzata durante l'analisi.
Electropherogram Single View (Vista elettroferogramma singolo)	<p>Utilizzare questa opzione per includere l'elettroferogramma.</p> <p>Selezionare <b>Use Images as Displayed</b> (Utilizza immagini come visualizzate) per stampare l'elettroferogramma come visualizzato.</p> <p>Fare clic sul pulsante di opzione <b>Image</b> (Immagine) per specificare l'aspetto degli elettroferogrammi singoli riportati. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.</p> <p><b>Nota:</b> se si seleziona <b>Use Images as Displayed</b> (Utilizza immagini come visualizzate), la colonna gel e la corrente elettrica sono combinate con l'elettroferogramma se sono visibili nella vista.</p> <p><b>Nota:</b> il pulsante di opzione Image (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione <b>Use Images as Displayed</b> (Utilizza le immagini come visualizzate).</p>
Unità asse x	<p>Se si seleziona <b>Size</b> (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento.</p> <p><b>Nota:</b> la scala dimensionale può essere creata solo se il campione è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.</p>

	<p>Se si seleziona <b>Rel. Time</b> (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo.</p> <p><b>Nota:</b> la scala del tempo relativo può essere creata solo se il campione è stato analizzato, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.</p> <p>Se si seleziona <b>Abs. Time</b> (Tempo assoluto) [min], l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.</p>
Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare gli elettroferogrammi in modo tale che inizino con il picco del marcatore di allineamento inferiore e terminino con il picco del marcatore di allineamento superiore (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico l'asse y per ogni elettroferogramma singolarmente.</p>
Show Gel Lane (Mostra colonna gel)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare la rappresentazione del gel sotto l'elettroferogramma, allineata con l'asse x.</p>
Show Electrical Current (Mostra corrente elettrica)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare un diagramma della corrente elettrica misurata durante l'acquisizione dei dati sotto l'elettroferogramma o sotto la colonna gel.</p>
<p>Selezionare Show analysis details (Mostra dettagli analisi) per abilitare le seguenti opzioni di configurazione:</p>	
Mark detected peaks (Indica picchi rilevati)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori apicali per i picchi rilevati.</p> <p>Se viene selezionata l'opzione <b>With label</b> (Con etichetta), all'apice di ogni picco sono visualizzate le etichette dei picchi.</p> <p><b>Nota:</b> vengono visualizzate solo etichette dei picchi che non si sovrappongono con un'etichetta adiacente. Posizionare il cursore del mouse sull'apice del picco per ottenere un tooltip con l'etichetta di picco.</p> <p>Selezionare le unità dell'etichetta: dimensioni, tempo di migrazione assoluto o relativo.</p>

**Nota:** l'etichetta può essere visualizzata come **Size** (Dimensione) solo se il campione era stato analizzato con un marcatore di riferimento (per i dettagli fare riferimento a [Size and Concentration determination \(Determinazione dimensioni e concentrazione\)](#)). Altrimenti appare "n/a" (non applicabile).

**Nota:** in modalità **DNA** è disponibile una seconda opzione, **Mark median of size** (Indica mediana delle dimensione). Se il campione era stato analizzato con un **profilo di analisi di DNA da striscio**, selezionare questa opzione per visualizzare il marcatore con la dimensione mediana dei picchi di striscio rilevati. È possibile attivare e disattivare l'etichetta corrispondente.

Selezionare l'opzione **Mark peak start and end** (Contrassegna inizio e fine picco) al fine di contrassegnare i punti iniziali e finali dei picchi rilevati.

Show areas of interest (Mostra aree di interesse)	Solo <b>per</b> modalità DNA. Se il campione è stato analizzato con un profilo di analisi di DNA da striscio, selezionare <b>Show areas of interest</b> (Mostra aree di interesse) per visualizzare le aree di interesse dei picchi da striscio rilevati.
Show suspend integration interval (Mostra intervalli sospensione integrazione)	Selezionare questa opzione per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.
Show threshold (Mostra soglia)	Selezionare questa opzione per visualizzare la soglia del picco.
Show baseline (Mostra linea di base)	Selezionare questa opzione per visualizzare la linea di base.

Gel Single View  
(Vista singola gel)

Utilizzare questa opzione per riportare singole colonne gel per tutti i campioni selezionati.

Fare clic sul pulsante di opzione **Image** (Immagine) per specificare l'aspetto delle singole immagini gel riportate. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione Image (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unità asse y

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse mostrerà una scala dimensionale basata sui picchi del campione se il campione è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, l'asse mostrerà un messaggio corrispondente.

	<p>Se si seleziona <b>Rel. Time</b> (Tempo relativo), l'asse mostrerà il tempo di migrazione relativo, se il campione è stato analizzato e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, l'asse mostrerà un messaggio corrispondente.</p> <p>Se si seleziona <b>Abs. Time</b> (Tempo assoluto) [min], l'asse mostrerà una scala di tempo assoluto.</p>
Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare le colonne in modo tale che inizino con la banda del marcatore di allineamento inferiore e terminino con la banda del marcatore di allineamento superiore (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico il contrasto per ogni colonna gel singolarmente.</p>
Dettagli dell'analisi	<p>Selezionare <b>Highlight alignment markers</b> (Evidenzia marcatori di allineamento) per evidenziare in verde le bande dei picchi del marcatore di allineamento.</p>
Lot Information (Informazioni sul lotto)	<p>Selezionare questa opzione per includere i numeri di lotto inseriti.</p>
Result Table (Tabella dei risultati)	<p>Se si seleziona questa opzione, nel referto sarà inclusa la tabella dei risultati dei picchi. Appaiono opzioni aggiuntive per configurare la tabella dei risultati (vedi sotto).</p>
Peak Calling Result Table (Tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi)	<p>Selezionare questa opzione per includere le tabelle dei risultati dell'individuazione dei picchi in ogni sezione campioni. È possibile selezionare opzioni aggiuntive.</p> <p><b>Nota:</b> questa opzione è disponibile solo se sono attive le funzioni di individuazione dei picchi.</p>
Sample Information (Informazioni sui campioni)	<p>Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Sample Information</b> (Informazioni sul campione) nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.</p>
Found (Trovato)	<p>Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Found</b> (Trovato) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.</p>

Dimensioni	Solo per modalità <b>DNA and RNA</b> (DNA e RNA). Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Size</b> (Dimensioni) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.
Concentrazione	Solo per modalità <b>DNA and RNA</b> (DNA e RNA). Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Concentration</b> (Concentrazione) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.
Molarity (Molarità)	Solo per modalità <b>DNA and RNA</b> (DNA e RNA). Selezionare questa opzione per includere la colonna <b>Molarity</b> (Molarità) per ogni picco di interesse nella tabella riassuntiva dei risultati dell'individuazione dei picchi.

**Nota:** le colonne calcolate (come Ratio, RIS) sono incluse automaticamente, se fanno parte delle istruzioni sull'individuazione dei picchi applicata.

**Nota:** se un referto include troppi picchi di interesse, la tabella viene suddivisa tra due picchi di interesse. Le informazioni sul campione e le colonne calcolate appaiono soltanto nella prima tabella. Le restanti tabelle sono contrassegnate con "(continua)" nell'intestazione.

Smear Result Table  
(Tabella dei risultati dello striscio)

Per un'analisi da striscio o del gDNA in modalità **DNA**, utilizzare questa opzione per includere una tabella dei risultati dello striscio. Si possono selezionare le seguenti colonne: Dimensioni mediane, conc. Area di interesse, mol. Area di interesse, Inizio area di interesse, Fine area di interesse, % Conc. Area di interesse, NA area di interesse, e % NA area di interesse. Fare riferimento a [Smear result columns](#) (Colonne dei risultati dello striscio) per maggiori dettagli.

**Nota:** le colonne della **Smear Result Table** (Tabella dei risultati dello striscio) possono essere selezionate e riordinate come descritto per la **Result Table** (Tabella dei risultati, vedi sotto).

Selezionare le opzioni **Total Concentration** (Concentrazione totale) e **Total Molarity** (Molarità totale) per includere i valori della concentrazione totale o della molarità totale del campione.

Distribution Result Table (Tabella dei risultati della distribuzione)

Utilizzare questa opzione per un'analisi della distribuzione in modalità **DNA** per includere la tabella dei risultati dell'analisi della distribuzione per un campione.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo se sono attive le funzioni di analisi della distribuzione.

Opzioni aggiuntive da selezionare sono:

Show Profile Properties (Mostra proprietà profilo)	Comprende i parametri del profilo di distribuzione applicato ai campioni.
--	---

Sample Information (Informazioni sui campioni)	Comprende la colonna <b>Sample Information</b> (Informazioni sui campioni).
Total Concentration (Concentrazione totale)	Include la colonna <b>Total Concentration</b> (Concentrazione totale) del campione.
Total Molarity (Molarità totale)	Include la colonna <b>Total Molarity</b> (Molarità totale) del campione.
Sample Quality (Qualità del campione)	Include la colonna <b>Sample Quality</b> (Qualità del campione). Questa è la valutazione della qualità complessiva del campione, generata nell'analisi della distribuzione.
Aol Concentration (Concentrazione area di interesse)	Include la colonna <b>Concentration</b> (Concentrazione) per ogni area di interesse.
Aol Molarity (Molarità area di interesse)	Include la colonna <b>Molarity</b> (Molarità) per ogni area di interesse.
Aol Height (Altezza area di interesse)	Include la colonna <b>Height</b> (Altezza) per ogni area di interesse.
Aol Height Check (Controllo altezza area di interesse)	Include la colonna <b>Height Check</b> (Controllo altezza) per ogni area di interesse. È la valutazione della qualità dell'altezza dell'area di interesse.
Rapporto	Include la colonna <b>Ratio</b> (Rapporto) per ogni area di interesse. In base al metodo di calcolo selezionato, la colonna mostrerà molarità o rapporto di concentrazione.
Ratio Quality (Qualità del rapporto)	Include la colonna <b>Ratio Quality</b> (Qualità del rapporto) per ogni rapporto definito. È la valutazione di qualità del rapporto.

**Nota:** se un rapporto comprende troppe aree di interesse o rapporti, la tabella viene suddivisa tra due aree di interesse o rapporti. Informazioni sul campione, concentrazione totale, molarità totale e colonne della qualità del campione appaiono soltanto nella prima tabella. Le restanti tabelle sono contrassegnate con "(continua)" nell'intestazione.

**Nota:** in modalità **RNA**, se si vuole includere nel referto il rapporto 28S/18S o il RIS, selezionare l'opzione panoramica **Peak Calling Result Table** (Tabella dei risultati dell'individuazione dei picchi, fare riferimento ad [Analysis of RNA samples](#) (Analizza campioni di RNA) per ulteriori informazioni).

Selezionare le seguenti informazioni opzionali che si desidera includere nella tabella dei risultati dei picchi:

<input checked="" type="checkbox"/> <b>Result Table</b>	
	Result Table Columns
<input type="checkbox"/>	Size
<input type="checkbox"/>	Concentration
<input type="checkbox"/>	Molarity
<input type="checkbox"/>	Saturated
<input type="checkbox"/>	Signal To Noise
<input type="checkbox"/>	Normalized Area
<input type="checkbox"/>	Area
<input type="checkbox"/>	Normalized Area Percentage
<input type="checkbox"/>	Ratio Normalized Area
<input type="checkbox"/>	Height
<input type="checkbox"/>	Height Percentage
<input type="checkbox"/>	Resolution
<input type="checkbox"/>	FWHM
<input type="checkbox"/>	Start
<input type="checkbox"/>	Time
<input type="checkbox"/>	Stop
<input type="checkbox"/>	Rel. Time

Opzioni della tabella dei risultati in modalità DNA.

**Nota:** se viene selezionata l'opzione **Result Table** (Tabella dei risultati), ma non viene selezionata alcuna colonna della tabella dei risultati, la casella di controllo **Result Table** (Tabella dei risultati) è contrassegnata in giallo e il profilo di referto/esportazione non è valido.

Segue una descrizione delle opzioni della tabella dei risultati dei picchi:

Dimensioni	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Size [bp]</b> (Dimensioni) o <b>Size [nt]</b> (Dimensioni) rispettivamente per la modalità <b>DNA</b> o <b>RNA</b> .
Concentration (Concentrazione)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Conc. [ng/µl]</b> . Se si seleziona questa opzione, la concentrazione totale viene aggiunta automaticamente come l'ultimo valore della colonna.
Molarity (Molarità)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Mol. [nmol/l]</b> .
Height Percentage (Percentuale altezza)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Height %</b> (Altezza %).
Normalized Area (Area normalizzata)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>NA</b> .
Normalized Area (Area normalizzata) Percentage (Percentuale)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>NA %</b> .
Signal to Noise (Segnale-rumore)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>S/N</b> (Rapporto segnale-rumore).
FWHM	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>FWHM [sec]</b> (Larghezza a metà altezza).
Resolution (Risoluzione)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Res</b> .
Ratio Normalized Area (Area normalizzata rapporto)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Ratio NA</b> .
Tempo	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Time</b> (Tempo).
Rel.Time (Tempo relativo)	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Rel. Time</b> (Tempo relativo).
Avvia	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Start</b> (Avvia).
Arresta	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Stop</b> (Arresta).
Altezza	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Height</b> (Altezza).
Area	Aggiunge la colonna della tabella dei risultati <b>Area</b> .

**Nota:** fare riferimento alla sezione [Peak result columns](#) (Colonne dei risultati dei picchi) per maggiori informazioni sulle colonne.

**Nota:** è possibile specificare l'ordine dei campi della tabella di risultati nel referto tramite la funzione drag-and-drop (trascina e rilascia). Fare clic con il pulsante sinistro del mouse sul nome di una colonna e trascinarlo nella nuova posizione.

## Esportazione dei dati

La procedura di base per esportare i dati nell'ambiente **Analysis** (Analisi) è la seguente.

1. Caricare i campioni con **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti).  
Per maggiori dettagli sul caricamento dei dati dei campioni, consultare la sezione [Caricamento dei dati dei campioni](#).
2. Esaminare i campioni prima dell'esportazione.  
Per maggiori dettagli sull'ispezione dei dati consultare la sezione [Visualizzazione dei dati dei campioni](#).  
Per questo passaggio sono particolarmente utili la **Gel view** (Visualizzazione su gel) o la **Electropherogram overview** (Panoramica degli elettroferogrammi).
3. Selezionare i campioni che si desidera esportare.  
Per maggiori dettagli sulla selezione dei campioni, consultare la sezione [Selezione dei campioni per analisi o referto](#).
4. Selezionare le impostazioni di esportazione e avviare l'esportazione.

Sul lato destro dell'ambiente di analisi è possibile trovare la barra degli strumenti Referto.

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters**(Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



Selezionare la scheda **Referto** della barra degli strumenti.

Selezionare un profilo di referto/esportazione predefinito. Le impostazioni di esportazione del profilo selezionato sono visualizzate sotto le impostazioni di referto. Per i dettagli consultare la sezione [Opzioni di esportazione](#).

Verificare che sia selezionata almeno una delle opzioni di esportazione. Altrimenti selezionare un altro profilo di referto/esportazione predefinito. (Gli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato) o **Basic User** (Utente base) possono modificare le impostazioni come desiderano.)

Specificare la directory in cui devono essere salvati i file esportati (consultare la sezione [Opzioni di esportazione](#) per informazioni su come specificare la directory di esportazione).

Fare clic su **Start Report/Export** (Avvia referto/esportazione) nella parte bassa della scheda **Referto** per avviare l'esportazione.

**Nota:** il pulsante **Start Report/Export** (Avvia referto/esportazione) è disabilitato se nella vista non sono selezionati campioni (vedere Passaggio 3).

I file esportati saranno generati automaticamente e memorizzati nella directory specificata.

## Opzioni di esportazione

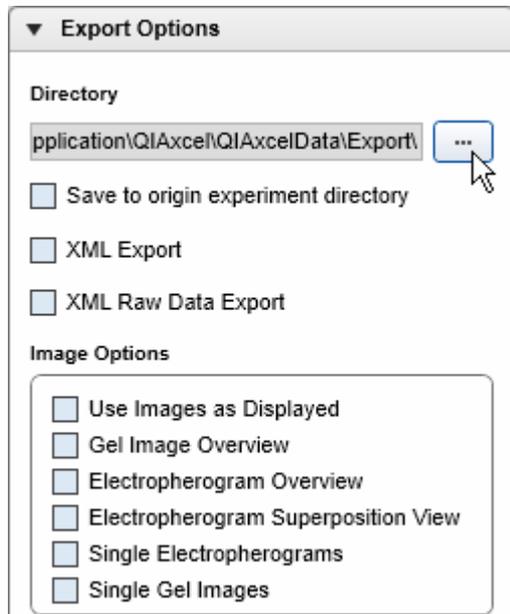
Le impostazioni di referto/esportazione sono suddivise in due gruppi:

- **Report Options** (Opzioni di referto), che contiene le impostazioni di referto
- **Export Options** (Opzioni di esportazione), che contiene le impostazioni di esportazione

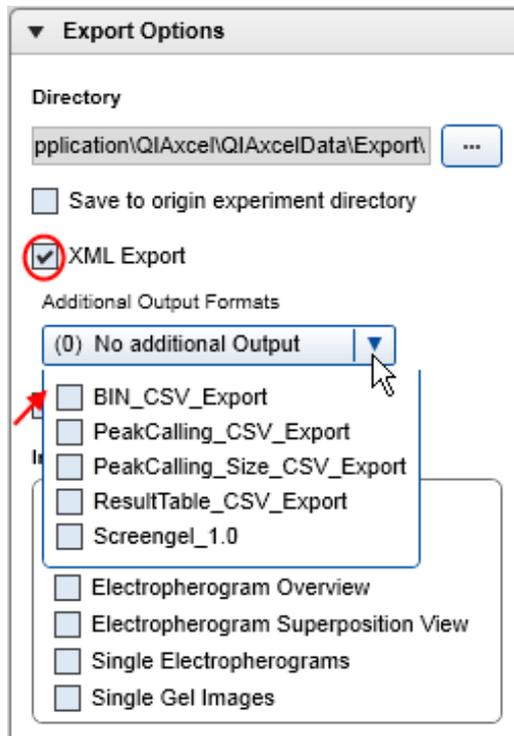
**Nota:** è possibile ridimensionare e ingrandire ogni gruppo facendo clic su ▼ e ► a sinistra del nome del gruppo.

Per vedere le opzioni di esportazione, ridimensionare le opzioni di referto oppure scorrere verso il basso.

### Opzioni di esportazione



Opzioni di esportazione.



Altri formati di uscita.

Le opzioni sono descritte di seguito:

Directory	Selezionare la directory in cui salvare i file di esportazione facendo clic su  . Nella finestra di dialogo che appare, andare sulla directory corretta e fare clic su <b>OK</b> .
Save to origin experiment directory (Salva nella directory originaria dell'esperimento)	Spuntare questa casella per salvare il referto nella stessa directory dell'esperimento. Se si seleziona questa opzione, tutti i percorsi selezionati in <b>Directory</b> saranno ignorati.
XML Export (Esportazione in XML)	<p>Se si seleziona questa opzione, si genera un file di esportazione in formato XML. Tale file contiene tutti i dettagli generali relativi all'esperimento e al campione per quanto riguarda i campioni selezionati, tranne i dati grezzi dell'elettroferogramma. Se i campioni sono stati analizzati, contiene anche i risultati delle analisi.</p> <p>Appare un'ulteriore opzione per selezionare altri formati di uscita. Il software fornisce due formati. È possibile selezionarli tutti.</p>
BIN_CSV_Export (Esportazione BIN CSV)	Usare questa opzione per esportare la tabella dei risultati di individuazione dei picchi in formato .csv (simile al formato di file che veniva esportato dal BioCalculator 3.2 Software).
DistributionAnalysis_CSV_Export (Esportazione analisi distribuzione in CSV)	Usare questa opzione per esportare la tabella dei dati della panoramica dell'analisi della distribuzione in formato .csv.
PeakCalling_CSV_Export (Esportazione individuazione picchi in CSV)	Usare questa opzione per esportare la tabella dei risultati di individuazione dei picchi con tutte le proprietà di picco selezionate in formato .csv.
ResultTable_csv_table (Tabella dei risultati in csv)	Usare questa opzione per esportare i risultati di analisi in formato .csv (simile al formato di file che veniva esportato dal BioCalculator 3.2 Software).
ScreenGel_1.0	Usare questa opzione per convertire il file di esportazione nel formato di esportazione .xml del software QIAxcel ScreenGel versione 1.0.
SmearResultTable_CSV_Export (Esportazione tabella risultati da striscio in CSV)	Usare questa opzione per esportare la tabella della panoramica dei risultati dello striscio in formato .csv.

**Nota:** è possibile personalizzare i propri formati di uscita. Definire script xslt basati sul file di esportazione .xml e salvarli nella directory %DATA\_DIR% \ReportExportProfile\XSLT\_Export. È supportata l'elaborazione di script (ad esempio VB- o Java-Script) all'interno di un foglio di stile XSLT. Nei fogli di stile XSLT la directory di esportazione configurata è disponibile come parametro exportPath (percorso di esportazione).

**Nota:** per aprire in Excel i file .csv generati, usare **New** (Nuovo) dall'opzione di testo e selezionare Unicode (UTF-8) come formato di file originario. I campi sono delimitati da virgole (.). Usare **General** (Generale) come formato dei dati in colonna. Nelle opzioni avanzate, selezionare il punto (.) come separatore dei decimali nei numeri e fare attenzione a non usare un separatore di migliaia. Se i valori non sono elencati in colonne, evidenziare tutte le celle, quindi usare la funzione **Text to Columns** (Testo in colonne) di Excel e selezionare i delimitatori corretti. Questa opzione non consente di selezionare il formato Unicode (UTF-8), che potrebbe causare la presenza di caratteri indesiderati nelle intestazioni delle colonne.

XML Raw Data Export  
(Esportazione dati  
grezzi in XML)

Se si seleziona questa opzione, i dati grezzi degli elettroferogrammi dei file selezionati saranno esportati in formato XML.

Appare un'ulteriore opzione per selezionare altri formati di uscita. Il software fornisce un formato.

RawData_CSV_Export (Esportazione dati grezzi in CSV)	Usare questa opzione per esportare i dati grezzi degli elettroferogrammi in formato .csv (simile al formato di file che veniva esportato dal BioCalculator 3.2 Software).
--	---

**Nota:** è possibile personalizzare i propri formati di uscita. Definire script xslt basati sul file di esportazione dei dati grezzi xml e salvarli nella directory %DATA\_DIR% \ReportExportProfile\XSLT\_RawExport. È supportata l'elaborazione di script (ad esempio VB- o Java-Script) all'interno di un foglio di stile XSLT. Nei fogli di stile XSLT la directory di esportazione configurata è disponibile come parametro exportPath (percorso di esportazione).

Le opzioni di immagine sono descritte di seguito.

**Use Images as Displayed (Usa immagini come visualizzate)** Utilizzare questa opzione per ottenere immagini dall'aspetto simile alla presentazione nel software QIAxcel ScreenGel per quanto riguarda allineamento, scale, etichette, zoom, ecc.

**Nota:** questa opzione è disponibile solo nell'ambiente di analisi, non può essere usata in un profilo di processo.

**Gel Image Overview (Panoramica immagini gel)**

Usare questa opzione per esportare l'immagine gel di tutti i campioni selezionati.

Fare clic sul pulsante **Image options** (Opzioni immagine) per specificare l'aspetto della panoramica delle immagini gel esportate. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

**Unit of y-axis (Unità asse y)**

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse y mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento su entrambi i lati dell'immagine gel, anche se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate). Le colonne nell'immagine gel saranno allineate secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti apparirà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse y mostrerà il tempo di migrazione relativo. Le colonne nell'immagine gel saranno allineate secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti le colonne non possono essere allineate e l'asse y mostrerà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], le colonne non saranno allineate e l'asse y mostrerà una scala di tempo assoluto.

Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in scala le colonne, in modo che le colonne comincino dalla banda del marcatore di allineamento inferiore e finiscano con la banda del marcatore di allineamento superiore, se disponibile (tagliare i dati al di fuori dei marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual scaling (Ridimensionamento singolo)	Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico il contrasto per ogni colonna gel singolarmente.
Show sample information (Mostra informazioni sul campione)	Selezionare questa opzione per includere le informazioni sui campioni in ogni colonna.
Show plate ID (Mostra ID piastra)	Selezionare questa opzione per visualizzare plate ID (ID piastra), il numero di ripetizioni e il numero di immissione di ogni colonna.
Show method (Mostra metodo)	Selezionare questa opzione per visualizzare il metodo applicato sopra la colonna dei campioni.
Gel Layout (Layout gel)	<p>Selezionare questa opzione per determinare il layout su gel.</p> <p>Selezionare <b>Standard Layout</b> (Layout standard) per ordinare le colonne da sinistra a destra, come sono ordinate nella vista.</p> <p>Selezionare <b>Horizontal plate layout</b> (Layout piastra orizzontale) per ordinare le colonne che iniziano con A1 in alto a sinistra e terminano con H12 in basso a destra.</p> <p>Selezionare <b>Vertical plate layout</b> (Layout piastra verticale) per ordinare le colonne che iniziano con H1 in alto a sinistra e terminano con A12 in basso a destra.</p> <p>Selezionare <b>Reverse vertical plate layout</b> (Inverti layout piastra verticale) per il layout della piastra verticale ma che inizia con A1 in alto a sinistra e termina con H12 in basso a destra.</p> <p>Selezionare <b>Split plate layout</b> (Suddividi layout piastra) per suddividere il layout della piastra verticale. La parte sinistra inizierà con H1 in alto a sinistra e terminerà con A6 in basso a destra. La parte destra inizierà con H7 in alto a sinistra e terminerà con A12 in basso a destra.</p>

---

	<p><b>Nota:</b> le posizioni per campioni non selezionate rimangono vuote.</p>
Lanes per Row (Colonne per riga)	<p>Usare questa opzione per specificare il numero di colonne per ogni riga: 4, 6, 8, 12, 16, 24, 32, 36 o 48.</p> <p><b>Nota:</b> questa opzione è disponibile solo se nell'opzione <b>Gel Layout</b> (Layout gel) è selezionato <b>Standard layout</b> (Layout standard).</p>
Rows per File (Righe per file)	<p>Usare questa opzione per specificare il numero di righe da includere in un file (l'immagine è divisa in vari file secondo il numero di file specificato).</p> <p><b>Nota:</b> questa opzione non è disponibile se viene selezionato <b>Standard layout</b> (Layout standard) nell'opzione <b>Gel Layout</b> (Layout gel).</p>
Highlight alignment markers (Evidenzia marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per evidenziare in verde le bande dei picchi dei marcatori di allineamento.</p>

Electropherogram Overview  
(Panoramica degli  
elettroferogrammi)

Selezionare questa opzione per esportare la panoramica degli elettroferogrammi per tutti i campioni selezionati. L'ordine è lo stesso della visualizzazione. Una pagina contenente una galleria panoramica (12 elettroferogrammi al massimo) sarà sempre esportata in un unico file.

Fare clic sul pulsante **Image options** (Opzioni immagine) per specificare l'aspetto della panoramica degli elettroferogrammi esportata. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unit of x-axis (Unità  
asse x)

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni selezionati sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.

Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in scala gli elettroferogrammi, in modo che gli elettroferogrammi comincino dal picco del marcatore di allineamento inferiore e finiscano con il picco del marcatore di allineamento superiore (tagliare i dati al di fuori dei marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)	Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico l'asse y per ogni elettroferogramma singolarmente.
Show sample position (Mostra posizione campione)	Selezionare questa opzione per visualizzare la posizione del campione nella parte superiore di ogni elettroferogramma.
Show sample information (Mostra informazioni sul campione)	Selezionare questa opzione per visualizzare le informazioni sul campione nella parte superiore di ogni elettroferogramma.
Show plate ID (Mostra ID piastra)	Selezionare questa opzione per visualizzare l' <b>ID piastra</b> nella parte superiore dell'elettroferogramma.
Show method (Mostra metodo)	Selezionare questa opzione per visualizzare il metodo applicato nella parte superiore di ogni elettroferogramma.
Show analysis details (Mostra dettagli analisi)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare i dettagli dell'analisi per i campioni analizzati.</p> <p>Selezionare <b>Mark detected peaks</b> (Indica picchi rilevati) per visualizzare i marcatori di apice dei picchi rilevati.</p> <p><b>Nota:</b> in modalità <b>DNA</b> è disponibile una seconda opzione, <b>Show median of size</b> (Mostra mediana delle dimensioni). Se il campione è stato analizzato con un <b>profilo</b> di analisi di DNA da striscio, selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori con la dimensione mediana dei picchi dello striscio rilevati.</p> <p>Selezionare <b>Show suspend integration intervals</b> (Mostra intervalli sospensione integrazione) per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.</p>

Electropherogram  
Superposition View (Vista  
degli elettroferogrammi  
sovrapposti)

Usare questa opzione per esportare una vista in sovrapposizione di tutti i campioni selezionati che hanno il flag "sovrapposto".

**Nota:** La vista di sovrapposizione è limitata a 12 campioni. Nell'ambiente del processo e nel processamento in batch, la sovrapposizione viene creata solo se l'esperimento contiene non più di 12 campioni.

**Nota:** usare l'opzione **Use Images as Displayed** (Usa immagini come visualizzate) per esportare la sovrapposizione degli elettroferogrammi come visualizzata.

Fare clic sul pulsante **Image options** (Opzioni immagine) per specificare l'aspetto della sovrapposizione degli elettroferogrammi oggetto di referto. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unit of x-axis (Unità  
asse x)

Se si seleziona **Size** (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala dimensionale può essere creata solo se tutti i campioni sovrapposti sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati con la stessa tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse x mostrerà invece un messaggio.

Se si seleziona **Rel. Time** (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo. Gli elettroferogrammi saranno allineati secondo i marcatori di allineamento.

**Nota:** La scala del tempo relativo può essere creata solo se tutti i campioni sovrapposti sono stati eseguiti con lo stesso marcatore di allineamento, sono stati analizzati, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. In caso contrario, gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà invece un messaggio.

Se si seleziona **Abs. Time** (Tempo assoluto) [min], gli elettroferogrammi non saranno allineati e l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.

	Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	Selezionare questa opzione per ridimensionare gli elettroferogrammi in modo tale che inizino con il picco del marcatore di allineamento inferiore e terminino con il picco del marcatore di allineamento superiore, se disponibile (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).
	Show Electrical Current Curve (Mostra curva corrente elettrica)	<b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.  Selezionare questa opzione per includere un diagramma della corrente elettrica sovrapposta misurata durante l'acquisizione dei dati. La curva della corrente elettrica apparirà sotto la sovrapposizione degli elettroferogrammi, allineata con l'asse x.
	Show size marker peak labels (Mostra etichette dei picchi del marcatore dimensionale)	Se viene selezionata questa opzione, e se esattamente un marcatore dimensionale è tra i campioni sovrapposti, le etichette dei picchi saranno visualizzate per i picchi rilevati del campione con marcatore. Selezionare le unità per le etichette dei picchi nell'elenco a discesa.
Single Electropherograms (Elettroferogrammi singoli)	Selezionare questa opzione per esportare in file separati gli elettroferogrammi per tutti i campioni selezionati.	
	Usare l'opzione <b>Use Images as Displayed</b> (Usa immagini come visualizzate) per esportare l'elettroferogramma come visualizzato.	
	Fare clic sul pulsante <b>Image options</b> (Opzioni immagine) per specificare l'aspetto degli elettroferogrammi singoli esportati. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.	
	<b>Nota:</b> se è selezionata l'opzione <b>Use Images as Displayed</b> (Usa immagini come visualizzate), la colonna gel e la corrente elettrica sono combinate con l'elettroferogramma se sono visibili nella vista.	
	<b>Nota:</b> il pulsante di opzione <b>Image</b> (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione <b>Use Images as Displayed</b> (Utilizza le immagini come visualizzate).	
	Unit of x-axis (Unità asse x)	Se si seleziona <b>Size</b> (Dimensioni), l'asse x mostrerà una scala dimensionale basata sul marcatore di riferimento.  <b>Nota:</b> La scala dimensionale può essere creata solo se il campione è stato analizzato con una tabella dei marcatori di riferimento, e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.

	<p>Se si seleziona <b>Rel. Time</b> (Tempo relativo), l'asse x mostrerà il tempo di migrazione relativo.</p> <p>Nota: la scala del tempo relativo può essere creata solo se il campione è stato analizzato e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse x mostrerà un messaggio corrispondente.</p> <p>Se si seleziona <b>Abs. Time</b> (Tempo assoluto) [min], l'asse x mostrerà una scala di tempo assoluto.</p>
Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare gli elettroferogrammi in modo tale che inizino con il picco del marcatore di allineamento inferiore e terminino con il picco del marcatore di allineamento superiore, se disponibile (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico l'asse y per ogni elettroferogramma singolarmente.</p>
Show Gel Lane (Mostra colonna gel)	<p>Selezionare questa opzione per esportare la colonna gel combinata con l'elettroferogramma (la colonna gel è sotto l'elettroferogramma).</p>
Show Electrical Current (Mostra corrente elettrica)	<p>Selezionare questa opzione per esportare la curva della corrente elettrica sotto l'elettroferogramma o sotto la colonna gel.</p>
<p>Selezionare <b>Show analysis details</b> (Mostra dettagli analisi) per abilitare le seguenti opzioni per i campioni analizzati:</p>	
Mark detected peaks (Indica picchi rilevati)	<p>Selezionare questa opzione per visualizzare i marcatori apicali per i picchi rilevati.</p> <p>Se viene selezionata l'opzione <b>With label</b> (Con etichetta), all'apice di ogni picco sono visualizzate le etichette dei picchi.</p> <p><b>Nota:</b> vengono visualizzate solo etichette dei picchi che non si sovrappongono con un'etichetta adiacente. Posizionare il cursore del mouse sull'apice del picco per ottenere un tooltip con l'etichetta di picco.</p> <p>Selezionare le unità dell'etichetta: dimensioni, tempo di migrazione assoluto o relativo.</p>

**Nota:** l'etichetta può essere visualizzata come **Size only** (Dimensione) solo se il campione era stato analizzato con un marcatore di riferimento (per i dettagli fare riferimento a [Size and Concentration determination](#) (Determinazione dimensioni e concentrazione)). Altrimenti appare "n/a" (non applicabile).

**Nota:** in modalità **DNA** è disponibile una seconda opzione, **Mark median of size** (Indica mediana delle dimensioni). Se il campione era stato analizzato con un **profilo di analisi di DNA da striscio**, selezionare questa opzione per visualizzare il marcatore con la dimensione mediana dei picchi di striscio rilevati. È possibile attivare e disattivare l'etichetta corrispondente.

Selezionare l'opzione **Mark peak start and end** (Indica inizio e fine picco) per indicare il punto iniziale e il punto finale dei picchi rilevati.

Show areas of interest  
(Mostra aree di interesse)

Solo **per** modalità DNA. Se il campione è stato analizzato con un **profilo di analisi di DNA da striscio**, selezionare **Show areas of interest** (Mostra aree di interesse) per visualizzare le aree di interesse dei picchi da striscio rilevati.

Show suspend integration interval  
(Mostra intervalli sospensione integrazione)

Selezionare questa opzione per visualizzare gli intervalli di sospensione integrazione.

Show threshold  
(Mostra soglia)

Selezionare questa opzione per visualizzare la soglia del picco.

Show baseline  
(Mostra linea di base)

Selezionare questa opzione per visualizzare la linea di base.

Single Gel Images  
(Immagini gel singole)

Usare questa opzione per esportare singolarmente le colonne gel per tutti i campioni selezionati.

Fare clic sul pulsante **Image options** (Opzioni immagine) per specificare l'aspetto delle immagini gel singole esportate. Le opzioni immagine sono descritte di seguito.

**Nota:** il pulsante di opzione **Image** (Immagine) è disabilitato se viene selezionata l'opzione **Use Images as Displayed** (Utilizza le immagini come visualizzate).

Unit of y-axis (Unità asse y)	<p>Se si seleziona <b>Size</b> (Dimensioni), l'asse mostra una scala dimensionale basata sui picchi del campione, se il campione è stato analizzato con una tabella di marcatori di riferimento e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse mostrerà il tempo di migrazione relativo, se possibile.</p> <p>Se si seleziona <b>Rel. Time</b> (Tempo relativo), l'asse mostrerà il tempo di migrazione relativo, se il campione è stato analizzato e se i marcatori di allineamento sono stati identificati correttamente. Altrimenti l'asse mostrerà una scala di tempo assoluto.</p> <p>Se si seleziona <b>Abs. Time</b> (Tempo assoluto) [min], l'asse mostrerà una scala di tempo assoluto.</p> <p><b>Nota:</b> questa opzione non è disponibile se è selezionata l'opzione <b>Use Images as Displayed</b> (Usa immagini come visualizzate).</p>
Zoom to Alignment Marker (Ingrandimento per marcatori di allineamento)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare le colonne in modo tale che inizino con la banda del marcatore di allineamento inferiore e terminino con la banda del marcatore di allineamento superiore (eliminare i dati esterni ai marcatori di allineamento).</p> <p><b>Nota:</b> questo è possibile solo se tutti i campioni sono stati analizzati.</p>
Individual Scaling (Ridimensionamento singolo)	<p>Selezionare questa opzione per ridimensionare in automatico il contrasto per ogni colonna gel singolarmente.</p>
Analysis details (Dettagli dell'analisi)	<p>Se si seleziona <b>Show detected peaks</b> (Mostra picchi rilevati) e se il campione è stato analizzato, l'asse y sarà etichettato con l'apice per i picchi rilevati.</p> <p><b>Nota:</b> in modalità <b>DNA</b> è disponibile una seconda opzione, <b>Show median of size</b> (Mostra mediana delle dimensioni). Se il campione è stato analizzato con un <b>profilo di analisi di DNA da striscio</b>, selezionare questa opzione per visualizzare le dimensioni mediane per i picchi da striscio rilevati.</p> <p>Selezionare <b>Highlight alignment markers</b> (Evidenzia marcatori di allineamento) per evidenziare in verde le bande dei picchi del marcatore di allineamento.</p>

Le impostazioni di esportazione delle immagini sono descritte di seguito. Esse appaiono se è stato selezionato almeno un tipo di immagine per l'esportazione.

Tipo di file                      Selezionare il tipo di file per i file immagine.

Risoluzione                      Selezionare la risoluzione per i file immagine; le risoluzioni disponibili sono: 75 dpi (dots per inch, punti per pollice), 150 dpi, 300 dpi e 600 dpi. Per bande piccole, usare 150 dpi.

## Modifica di un profilo di referto/esportazione

**Nota:** Solo gli utenti con ruolo di **Utente Avanzato** o **Utente Base** possono modificare le opzioni referto/esportazione.

Per modificare un profilo di referto/esportazione, procedere come segue:

1. Aprire la scheda **Report** (Referto).

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters** (Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



Selezionare la scheda **Report** (Referto).

2. Selezionare il profilo di referto/esportazione che si desidera modificare.

Selezionare il profilo di referto/esportazione nell'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione).

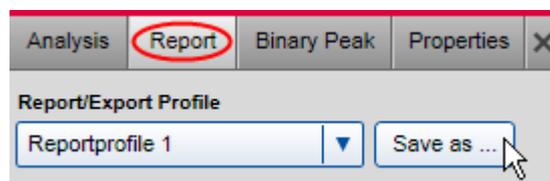
3. Modificare le opzioni del profilo in base alle proprie necessità.

Vedere le sezioni [Report options](#) (Opzioni referto) e [Export options](#) (Opzioni di esportazione) per informazioni dettagliate.

**Nota:** Il sistema notifica le modifiche al profilo visualizzando un "\*" all'inizio del nome profilo.

4. Salvare il profilo di referto/esportazione modificato.

Fare clic sul pulsante **Save as** (Salva come). Fare clic su **OK** nella finestra di dialogo **Save Profile** (Salva profilo) apparsa.



Salvataggio di un profilo di referto/esportazione.

**Nota:** Se si desidera utilizzare solo una volta le opzioni referto/esportazione modificate, fare clic su **Start Report/Export** (Avvia referto/esportazione) senza salvare le modifiche. In ogni caso, le modifiche andranno perse quando si seleziona un altro profilo di referto/esportazione.

**Nota:** I profili di referto forniti da QIAGEN non possono essere modificati. In ogni caso, per salvare le modifiche, immettere un nuovo nome profilo univoco nella finestra di dialogo **Save Profile** (Salva profilo). Verrà creato un nuovo profilo contenente le proprie modifiche. Questa operazione è possibile solo per gli utenti con il ruolo di **Utente Avanzato**.

## Creazione di un nuovo profilo di referto/esportazione

**Nota:** solo gli utenti con ruolo **Advanced User** (Utente avanzato) possono creare un nuovo profilo di referto/esportazione.

Per creare un nuovo profilo di referto/esportazione, procedere come segue.

1. Aprire la scheda **Report** (Referto).

Se non è visibile, è possibile visualizzarla mediante il menu **View** (Visualizza) (selezionando la voce menu **View/Show Analysis Parameters**(Visualizza/Mostra parametri di analisi)) o facendo clic sull'icona sull'estrema destra della barra di selezione vista:



Selezionare la scheda **Report** (Referto).

2. Selezionare un profilo di referto/esportazione.

Selezionare il profilo dall'elenco a discesa **Report/Export Profile** (Profilo di referto/esportazione). Il profilo selezionato serve da modello per la creazione del profilo nuovo.

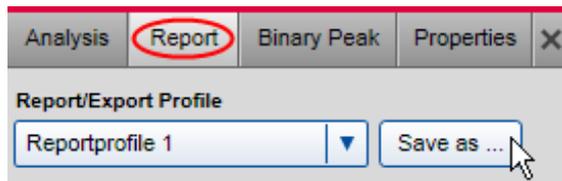
**Nota:** Selezionare **NewReport/ExportProfile** (Nuovo profilo di referto/esportazione) per creare un profilo di referto/esportazione da zero. Il sistema mostrerà **\*NewReport/ExportProfile** (Nuovo profilo di referto/esportazione) dopo la selezione.

3. Impostare le opzioni del profilo a seconda delle proprie necessità. Vedere le sezioni [Opzioni di referto](#) e [Opzioni di esportazione](#) per informazioni dettagliate sulle opzioni di referto/esportazione.

**Nota:** Il sistema notifica le modifiche al profilo visualizzando un "\*" all'inizio del nome profilo.

4. Salvare il profilo di referto/esportazione modificato con un nuovo nome.

Fare clic sul pulsante **Save as** (Salva con nome) e inserire un nuovo nome unico per il profilo nella finestra di dialogo **Save Profile** (Salva profilo) che appare.

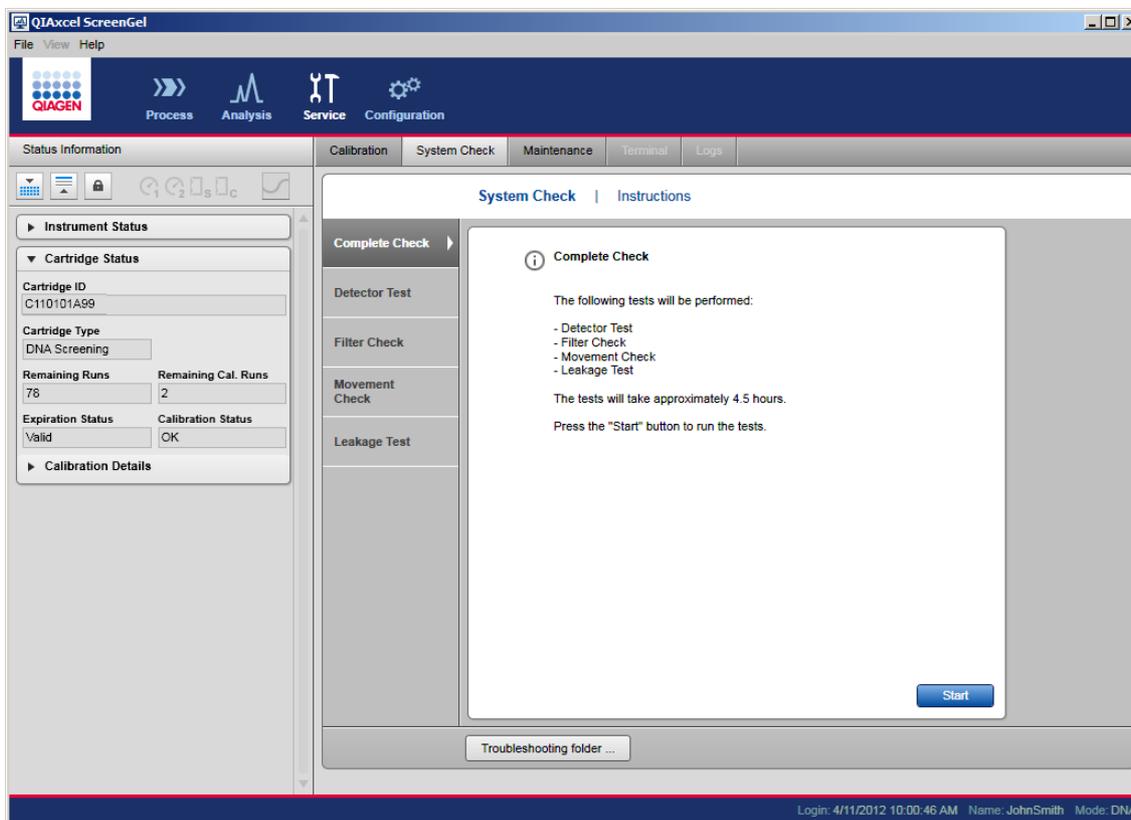


Salvataggio di un profilo di referto/esportazione.

## Assistenza

L'ambiente **Service** (assistenza) fornisce le funzioni per la calibrazione della cartuccia nonché la risoluzione dei problemi e gli strumenti di manutenzione per lo strumento QIAxcel Advanced.

Sul lato sinistro dell'ambiente **Service** (Assistenza), viene visualizzato un riquadro **Status Information** panel (Informazioni di stato) (Vedere riquadro [Status Information](#)).



Ambiente Service (Assistenza) con schermata attiva System Check (Controllo di sistema). Il riquadro Status Information (Informazioni di stato) viene visualizzato a sinistra dello schermo.

**Nota:** le schermate **Terminal** (Terminale) e **Logs** (Registri) dell'ambiente **Service** (Assistenza) sono accessibili solo dal personale di assistenza e non sono descritte nel presente manuale.

## Calibrazione di una cartuccia

Prima dell'analisi dei campioni, su ogni cartuccia nuova deve essere eseguita la calibrazione dell'intensità. In tal modo si normalizzano le intensità di ogni capillare e si applica un fattore per ogni processo successivo. Questo corregge le naturali variazioni dei valori di intensità fra ciascuno dei capillari nella cartuccia. I dati per la calibrazione dell'intensità di ogni cartuccia sono salvati in un singolo file denominato **<cartridge-id>\_<instrument-id>.xcc**. Questo file è salvato nella directory %DATA\_DIR%\CartridgeCalibrationData\.

**Nota:** per controllare i dati di calibrazione, passare all'ambiente Analysis (Analisi) e fare clic sul pulsante **Load experiment** (Carica esperimento) di **Experiment Explorer** (Scorri esperimenti). Nella finestra di dialogo del file che appare, selezionare il percorso che finisce con "[**Calibration results**]" (Risultati calibrazione).

**Nota:** se per qualsiasi motivo si usa un computer diverso da quello che contiene il file di calibrazione, il file deve essere trasferito sul nuovo computer. Altrimenti è necessario ricalibrare la cartuccia.

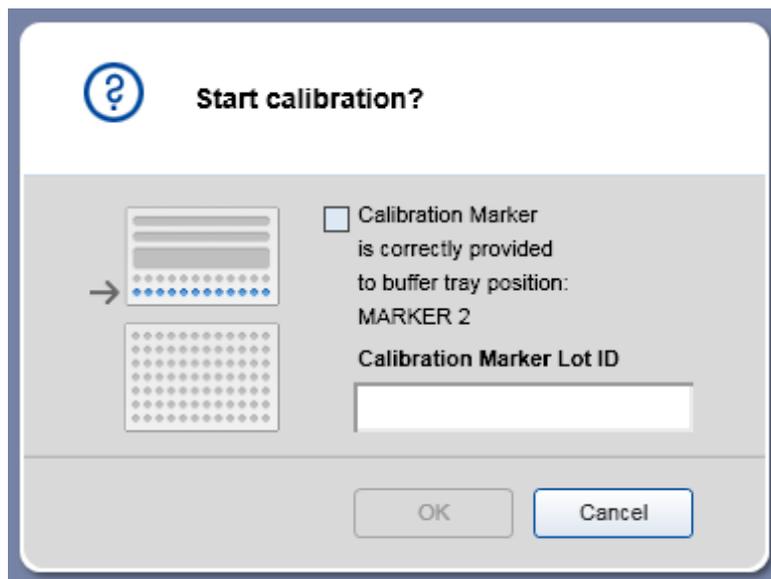
## Esecuzione della procedura guidata di calibrazione

La calibrazione dell'intensità della cartuccia viene eseguita nella schermata **Calibrazione** dell'ambiente **Service** (Assistenza):

1. Caricare il **marcatore di calibrazione intensità QX** sulla posizione del vassoio dei tamponi **MARKER2** come esposto in dettaglio nella fase 7 di [Preparazione del vassoio dei tamponi](#).
2. Lanciare il processo di calibrazione facendo clic sul pulsante **Start calibration**(Avvia calibrazione).

**Nota:** Il tempo totale del processo per la routine di calibrazione è di circa 16 minuti.

3. Confermare che il **marcatore di calibrazione intensità QX** sia caricato. A scelta, inserire l'ID del lotto. Avviare la calibrazione facendo clic sul pulsante **OK**.



Finestra di dialogo di conferma.

Se il **marcatore di calibrazione intensità QX** non è caricato correttamente, annullare la finestra di dialogo. Ricaricarlo e ripetere la fase 1.

- Una volta completata la calibrazione, i relativi risultati sono visualizzati accanto alla vista gel/elettroferogramma. La tabella dei risultati mostra l'area, il fattore di calibrazione e il risultato ("Superato" o "Non superato") per ciascun canale.

The screenshot displays the 'Calibration' tab in the QIAxcel software. The interface shows 12 channels (C1 to C12) with their respective calibration results. A table on the right provides detailed data for each channel, including Cartridge ID, Channel (Ch.), Area, Calibration Factor (Cal. Factor), and Result. All 12 channels have passed the calibration. A red arrow points to the 'Finish Calibration' button at the bottom right of the interface.

Ch.	Area	Cal. Factor	Result
1	0.0050	0.7448	Passed
2	0.0050	0.4567	Passed
3	0.0050	0.4002	Passed
4	0.0050	0.5029	Passed
5	0.0050	0.3431	Passed
6	0.0050	0.4995	Passed
7	0.0050	0.3833	Passed
8	0.0050	0.4362	Passed
9	0.0050	0.9425	Passed
10	0.0050	0.5059	Passed
11	0.0050	0.8361	Passed
12	0.0050	0.7993	Passed

Risultati della calibrazione.

**Nota:** Una cartuccia calibrata con successo deve avere una area normalizzata in un intervallo corrispondente a quello descritto nel rispettivo manuale del kit.

**Nota:** Se uno o più canali presentano un errore, il processo di calibrazione deve essere ripetuto. Se il problema persiste, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN o fare riferimento alla sezione **Risoluzione dei problemi** nel manuale fornito con il kit QIAxcel in uso.

5. Accettare il risultato della calibrazione. La cartuccia è ora calibrata.

**Nota:** Eliminare il risultato della calibrazione se uno o più canali presentano un errore.

**Nota:** Un utente con il ruolo di **Utente avanzato** può accettare i risultati della calibrazione anche se uno o più canali presentano un errore. In questo caso, lo stato della calibrazione sarà "**Conditional OK.**" (OK condizionale) Solo gli utenti con il ruolo di **Utente avanzato** possono eseguire i processi utilizzando cartucce con lo stato di calibrazione "**Conditional OK.**"

## Ricalibrazione di una cartuccia

Per ricalibrare una cartuccia, ripetere la procedura esposta in dettaglio nella [procedura guidata Running the calibration](#) (Esecuzione della calibrazione). I risultati delle procedure precedenti di calibrazione sono eliminati con la ricalibrazione di una cartuccia.

**Nota:** È possibile calibrare una cartuccia che non ha processi di calibrazione rimanenti. In questo caso, vengono utilizzati tre processi regolari invece di un processo di calibrazione.

## Controllo del sistema

La schermata **System Check** (Controllo del sistema) dell'ambiente **Service** (Assistenza) fornisce diverse procedure per il rilevamento dei problemi con lo strumento QIAxcel Advanced :

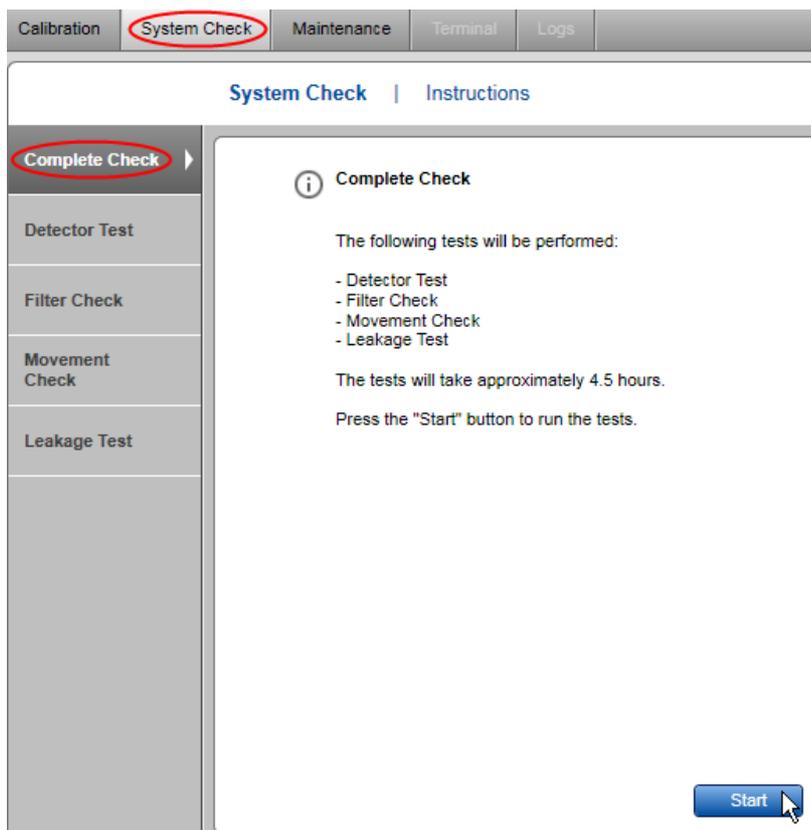
- **Controllo completo**  
Il controllo completo esegue tutti i controlli di sistema elencati di seguito.
- **Test rilevatore**  
Il test del rilevatore controlla il conteggio non elaborato di tutti i 12 canali.
- **Controllo del filtro**  
Il controllo del filtro rileva il blocco del filtro di sfianto.
- **Controllo del movimento**  
Il test del movimento verifica che il vassoio dei campioni possa essere mosso correttamente e che i sensori di posizione funzionino come previsto.
- **Test perdite**  
Il test di tenuta controlla eventuali perdite di N<sub>2</sub>.

**Nota:** i risultati dei test sono archiviati nella directory %DATA\_DIR% \SystemTest\.

**Nota:** il funzionamento della cartella di risoluzione dei problemi è descritto nella sezione [Cartella di risoluzione dei problemi](#).

## Controllo completo

Un **Complete Check** (Controllo completo) esegue tutti i controlli disponibili sul sistema: **Detector Test (Test rilevatore)**, **Filter Check (Controllo filtri)**, **Movement Check (Controllo movimento)** e **Leakage Test (Test perdite)**.



Complete check (Controllo completo).

**Nota:** il controllo completo ha una durata di circa 4,5 ore.

## Test rilevatore

Il **Detector Test** (Test rilevatore) verifica che i rilevatori di tutti e 12 i canali dello QIAxcel Advanced strumento funzionino come previsto. Può essere eseguito quando uno o vari canali in una cartuccia nuova non forniscono segnali dati e quando la linea di base è piatta.

Eseguire il **Detector Test** (Test rilevatore) seguendo le istruzioni mostrate a schermo. Il test impiega solo qualche secondo. Alla fine del test vengono mostrati i dati acquisiti e vengono memorizzati i risultati.

**Nota:** se non specificato altrimenti, eseguire questo test con una cartuccia inserita e bloccata.

The screenshot shows the software interface with the 'System Check' menu item highlighted in red. The 'Detector Test' option is also highlighted in red in the left sidebar. The main window displays the 'Detector Test Results' screen, which includes a table of acquired values for 12 channels (C01-C12) and a 'Finished!' status message.

C01	C02	C03	C04	C05	C06	C07	C08	C09	C10	C11	C12
1847	3132	2205	2970	2149	2451	2872	1620	1559	3245	2221	1973
2467	2699	2019	2220	1024	1407	5683	2094	2311	1679	1260	1480
4568	2026	8034	2064	2656	1217	1815	1289	8971	8409	1561	2259
2110	2883	1594	8816	3218	1838	1542	2954	1084	2515	3496	5637
3243	2925	6007	2664	1382	1953	2796	1441	229	2441	2348	1770
5484	4075	2555	7249	2768	3781	1548	2020	2873	1636	1563	1131
5751	4815	1591	7272	2367	2273	1915	1764	2115	1208	1654	1190
1318	3262	3397	3969	1730	3202	3190	1271	4279	2818	1816	2083
8317	2322	3203	1677	2167	4263	3098	1356	1047	1005	3270	5390
6082	1703	1444	2567	1017	3118	6414	3127	2376	7032	430	9966
1669	1083	2930	1847	2136	2127	1278	1426	1945	2183	626	3651
4523	2091	3004	1914	1624	2694	2567	6808	2419	1220	1127	2136
5186	1183	3175	1079	2272	3263	7031	2460	1166	865	2203	3012
1364	1699	2218	1501	2940	2634	3216	1860	1679	1138	3275	1909
2923	3177	1368	9067	2793	2876	1352	2845	4517	1532	1389	4411
2031	2652	1640	2290	2075	2334	3007	6719	1430	1802	754	3118

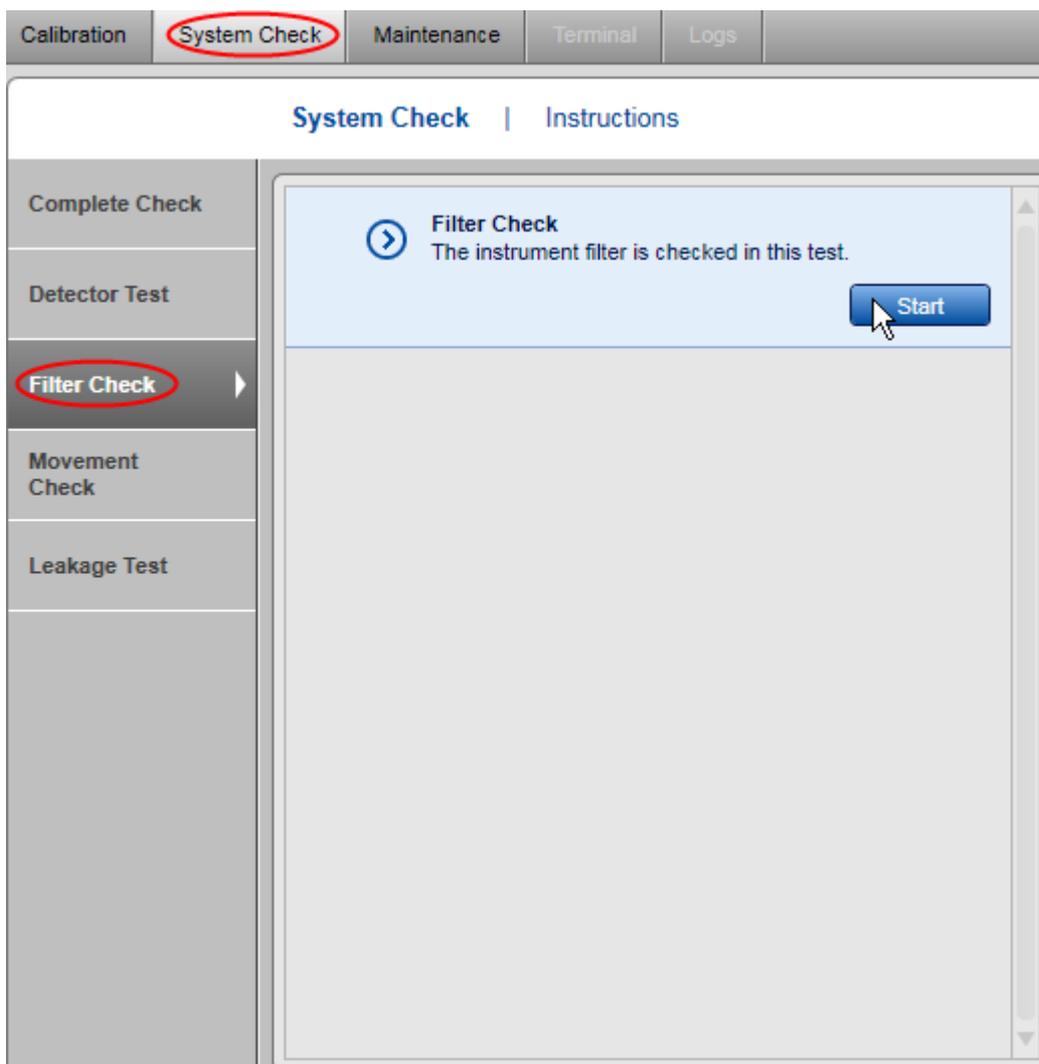
Test rilevatore terminato.

## Controllo del filtro

In rari casi il filtro di scarico situato all'interno dello QIAxcel Advanced strumento può essere ostruito da residui di gel. Tale ostruzione può essere diagnosticata con il **Filter Check** (Controllo filtro). Ci vogliono circa due minuti. Alla fine del controllo viene visualizzato lo stato del filtro (controllo superato o fallito) e vengono memorizzati i risultati.

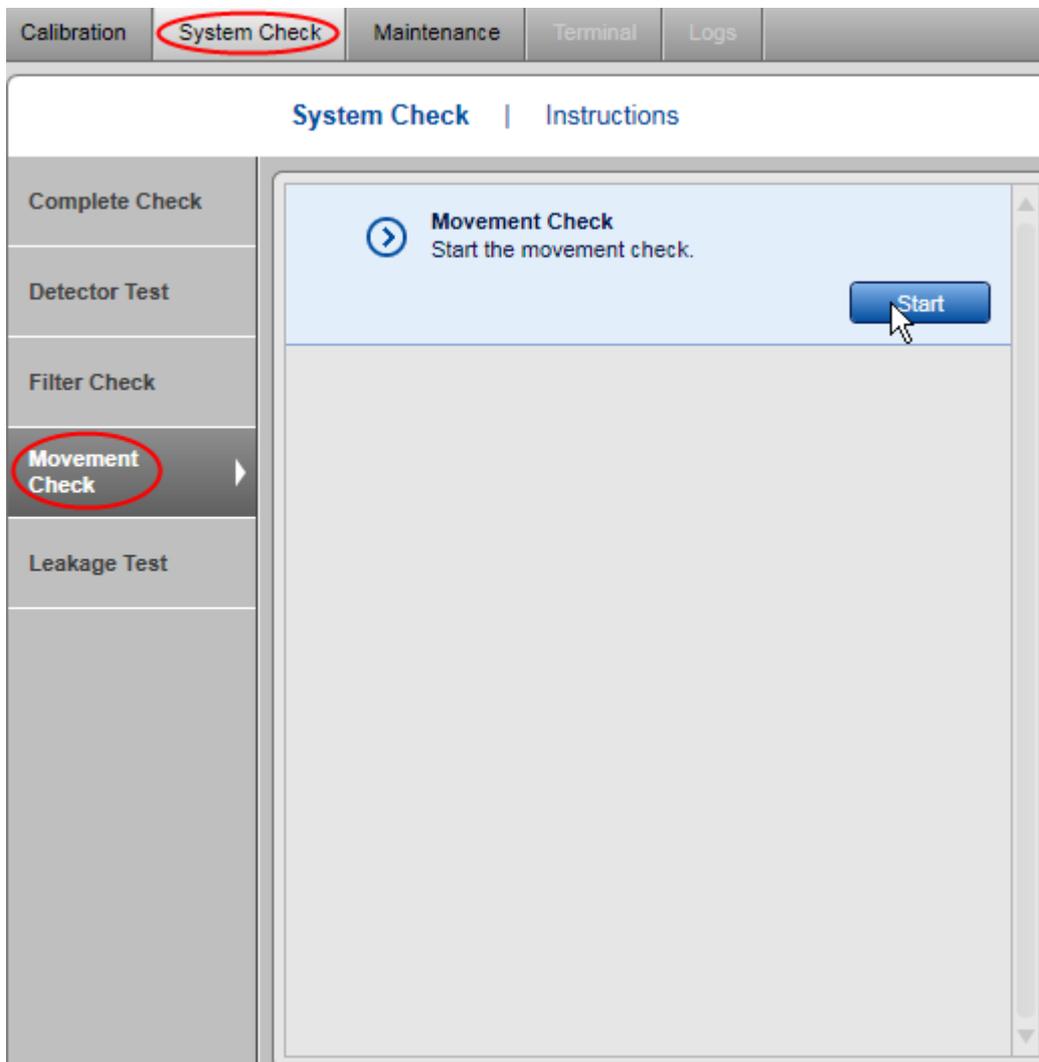
**Nota:** per questo controllo è necessaria una salvietta detergente, ad esempio Kimwipe.

Il **Filter Check** (Controllo filtro) si esegue seguendo le istruzioni della procedura guidata:



## Controllo del movimento

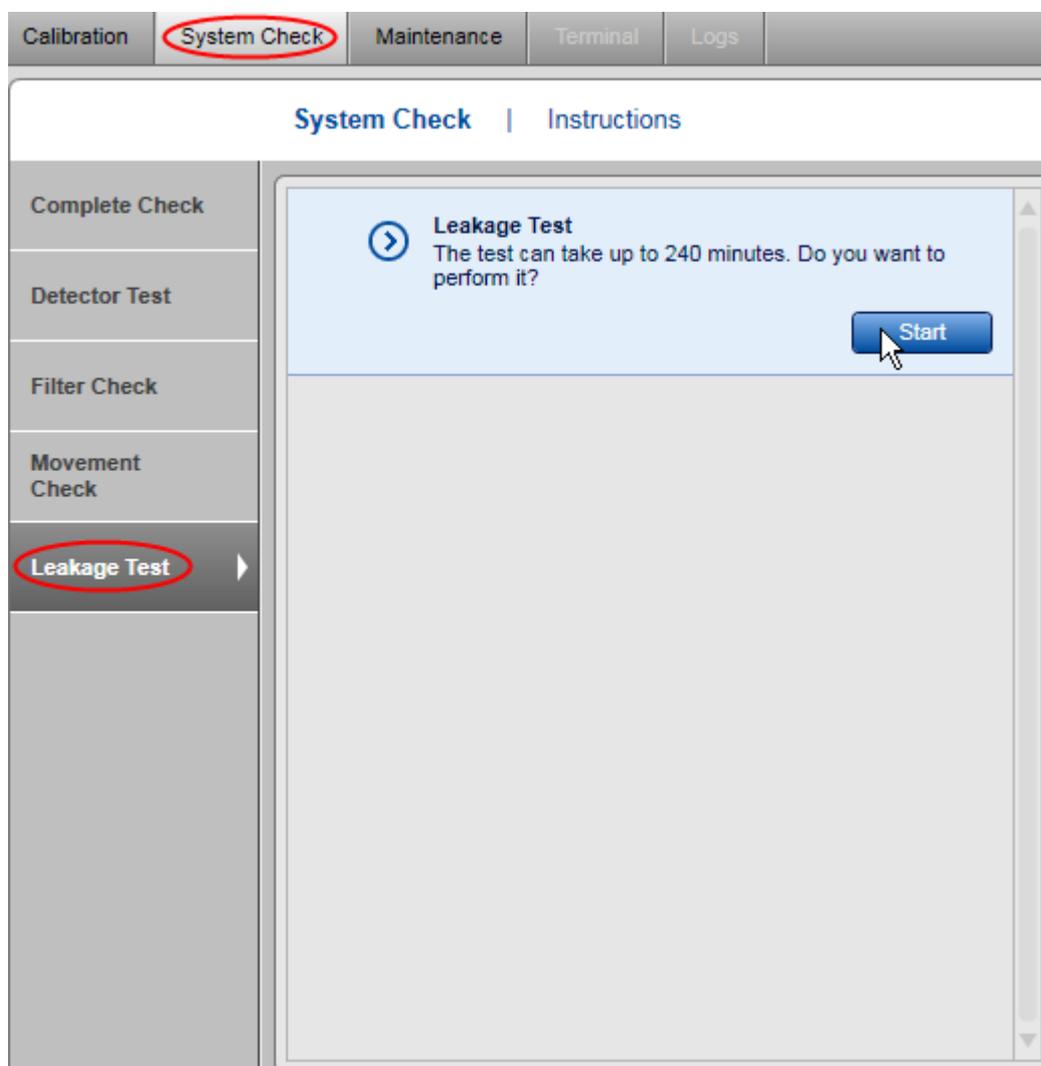
Il **Controllo del movimento** verifica che i motori e i sensori dei vassoi funzionino come previsto. Questo test è completamente automatizzato e non richiede alcuna interazione dell'utente eccetto la rimozione delle cartucce. Dura alcuni secondi. Al termine del test, viene visualizzato un riepilogo del test (superato o non riuscito) e i risultati vengono archiviati.



## Test perdite

Controlli relativi al **Leakage Test** (Test perdite) per riscontrare l'eventuale presenza di perdite nelle tubature di N<sub>2</sub> dello QlAxcel Advanced strumento. Questo test totalmente automatizzato dura circa 240 minuti.

Dopo il test, se è stata rilevata una perdita, viene calcolata la percentuale di perdita e vengono memorizzati i risultati del test.



---

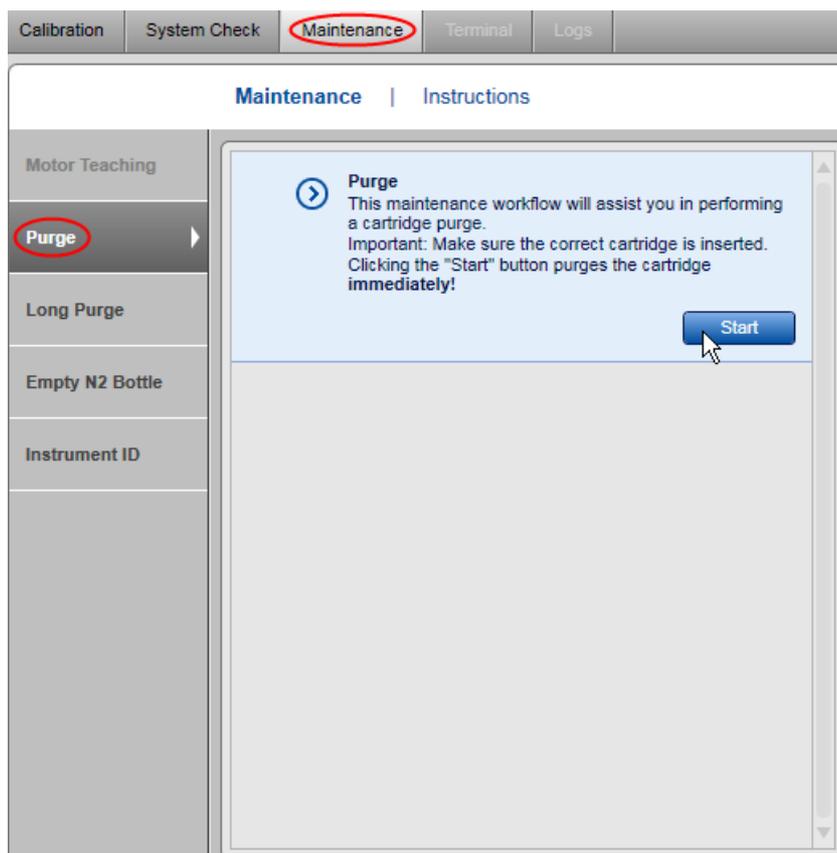
## Manutenzione

La schermata **Maintenance** (Manutenzione) dell'ambiente **Service** (Assistenza) fornisce varie procedure di manutenzione e risoluzione dei problemi per lo QIAxcel Advanced strumento e le cartucce.

- Motor teaching (Didattica motore) (solo per il personale di assistenza tecnica; non descritto nel presente documento)
- Purge (Spurgo)
- Long purge (Spurgo prolungato)
- Empty N<sub>2</sub> bottle (Svuota flacone N<sub>2</sub>)
- Set instrument ID (Imposta ID strumento)
- Cartella Troubleshooting (Risoluzione dei problemi)

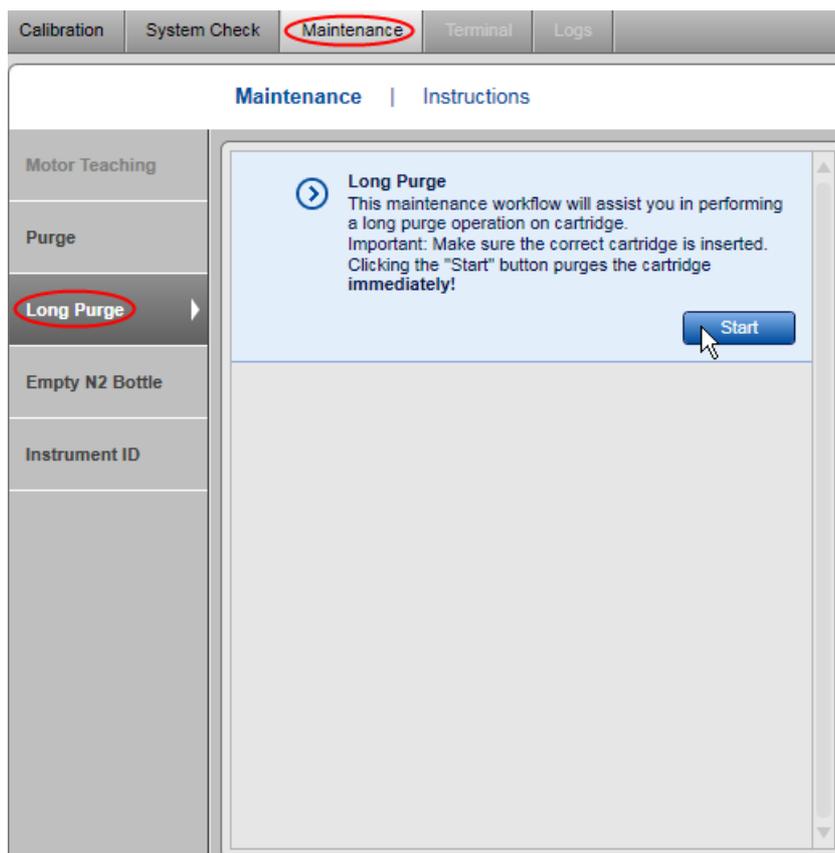
## Spurgo

Il metodo **Purge** (Spurgo) consente all'utente di eliminare le bolle d'aria dalla cartuccia gel e pulire i capillari. Il processo è completamente automatizzato e dura meno di un minuto.



## Spurgo prolungato

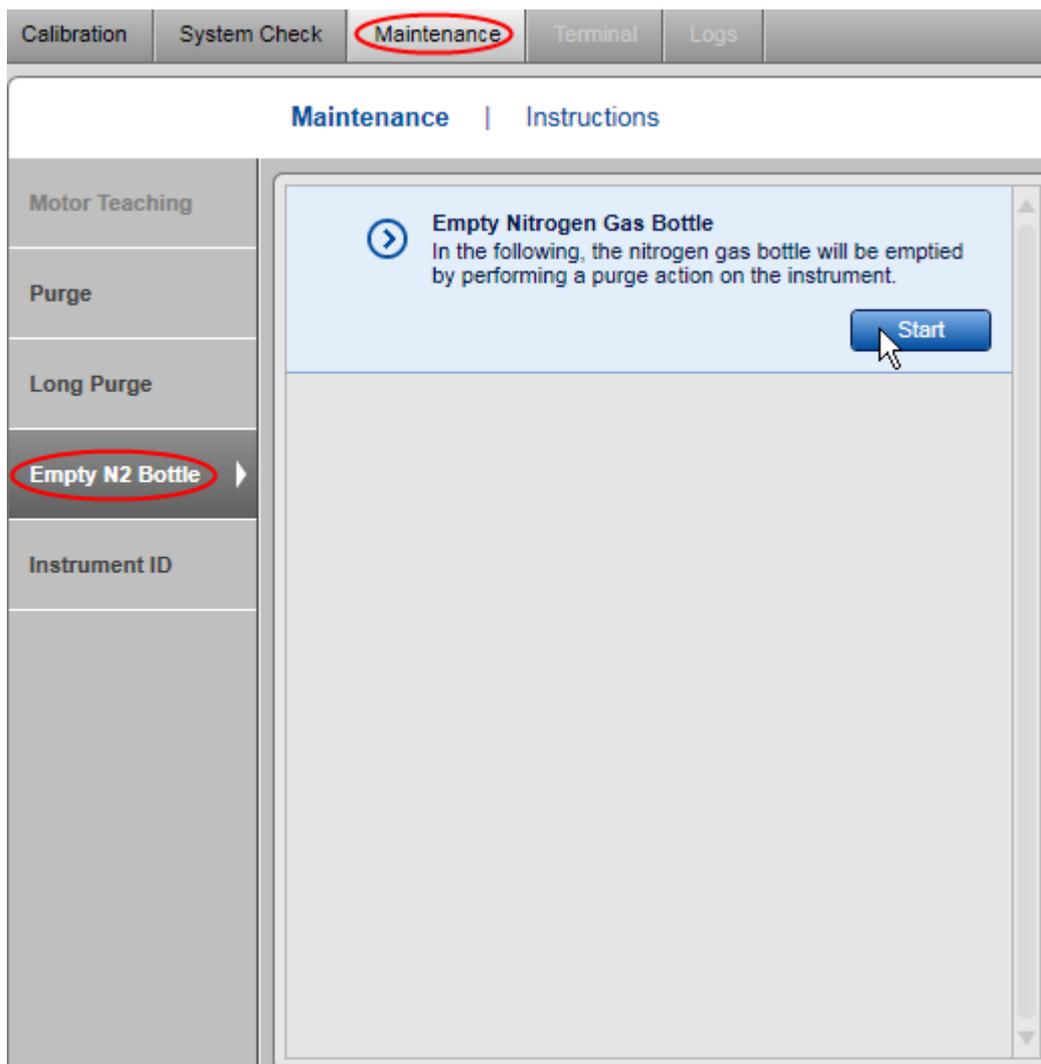
Il metodo **Long Purge** (Spurgo prolungato) consente all'utente di rimuovere le bolle d'aria dalla cartuccia gel e di pulire a fondo i capillari. Il processo è totalmente automatizzato e dura circa 3 minuti.



## Svuota flacone N2

Per rimuovere un cilindro di N<sub>2</sub> pressurizzato, occorre prima rilasciare la pressione rimanente. La funzione **Empty N<sub>2</sub> Bottle** (Svuota flacone N2) spurga l'azoto (impiega circa un minuto).

**Nota:** prima di eseguire questa azione, occorre rimuovere la QlAxcel gel cartridge.



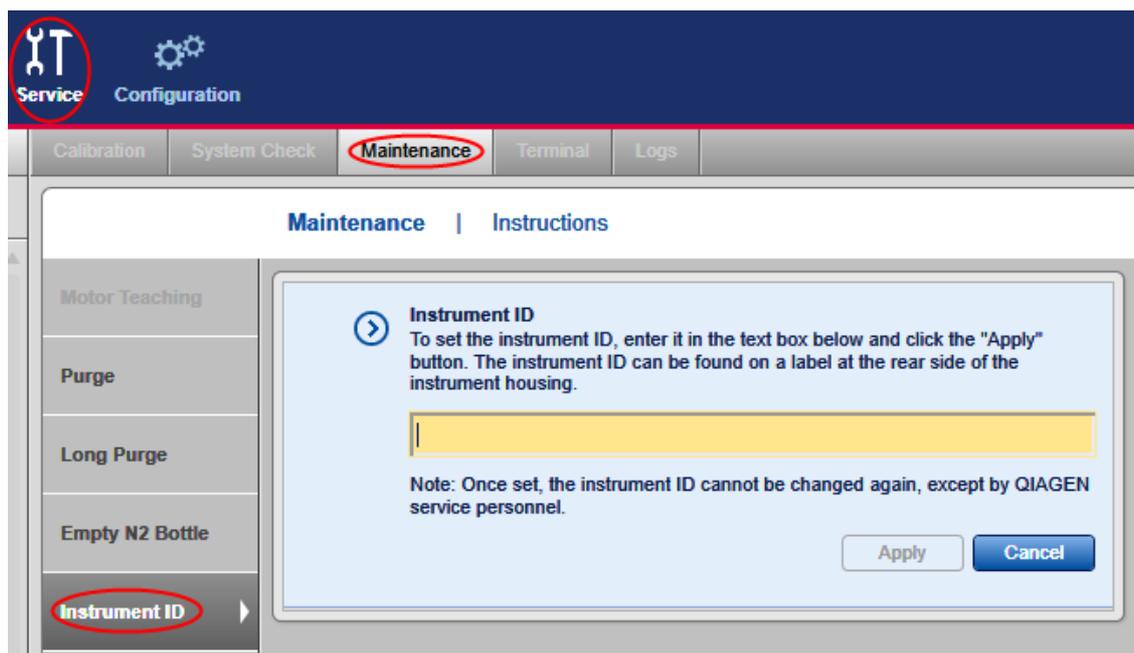
**Importante:** ripetere questa operazione finché non si sente più alcun suono sibilante alla fine dell'operazione di spurgo.

## Impostazione dell'ID strumento

L'impostazione dell'ID **dello strumento QIAxcel** (numero di serie) è possibile solo se lo strumento è collegato e se l'ID strumento non è ancora stato impostato. L'ID strumento si trova sull'etichetta posta nella parte posteriore dell'involucro dello strumento.

L'ID strumento è necessario per identificare ogni strumento e verificare se una cartuccia è calibrata su un determinato strumento (consultare [Calibrazione di una cartuccia](#)).

**Importante:** accertarsi di aver inserito l'ID strumento corretto prima di fare clic sul pulsante **Apply** (Applica). Una volta impostato, l'ID strumento non può essere modificato se non dal personale di assistenza QIAGEN.



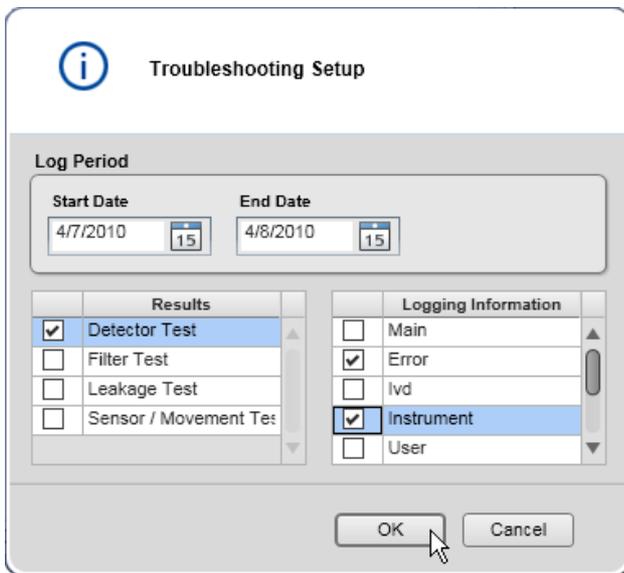
## Cartella di risoluzione dei problemi e file di registro

La funzione della cartella **Risoluzione dei problemi** consente l'esportazione dei file di registro e dei risultati dei test prodotti entro uno specifico periodo di tempo.

Per esportare i file di registro o i risultati dei test, procedere come segue:

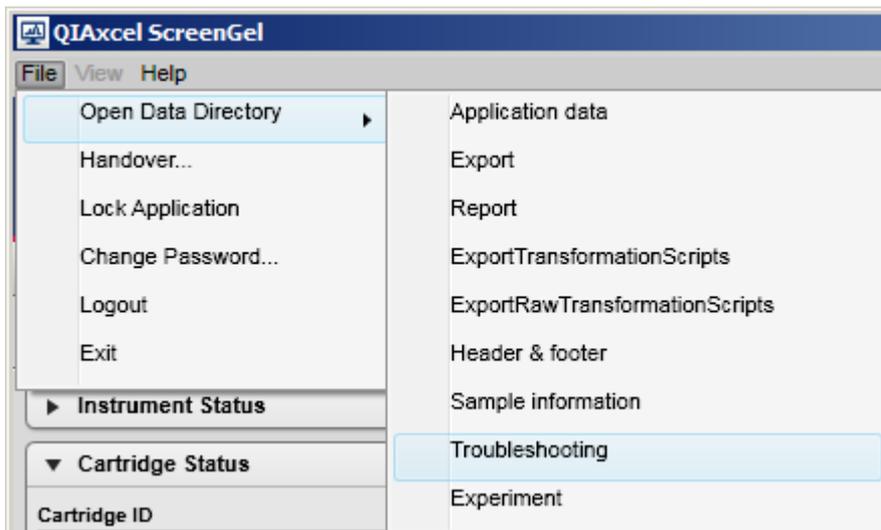
1. Passare all'ambiente **Service** (Assistenza).
2. Selezionare la schermata **Maintenance** (Manutenzione) o **System Check** (Controllo del sistema).

3. Fare clic sulla cartella **Risoluzione dei problemi**, che si trova nella parte inferiore della schermata. Si apre la seguente finestra di dialogo:



Selezionare le informazioni da esportare.

4. Selezionare il periodo di tempo in cui i risultati dei test sono stati prodotti o si è verificato un problema. Nella maggioranza dei casi, si tratta della **Data di inizio**: ieri, e **Data di fine**: oggi.
5. Nella colonna **Results** (Risultati), selezionare i risultati dei test da esportare.
6. Nella colonna **Logging Information** (Informazioni di registro), selezionare tutti i tipi di file di registro.
7. Fare clic su **OK**. I file esportati sono archiviati nella directory **Troubleshooting** (Risoluzione dei problemi) definita nelle [Impostazioni](#).
8. Per navigare nella directory **Troubleshooting**, selezionare l'opzione **Open Data Directory->Troubleshooting** dal menu **File**.



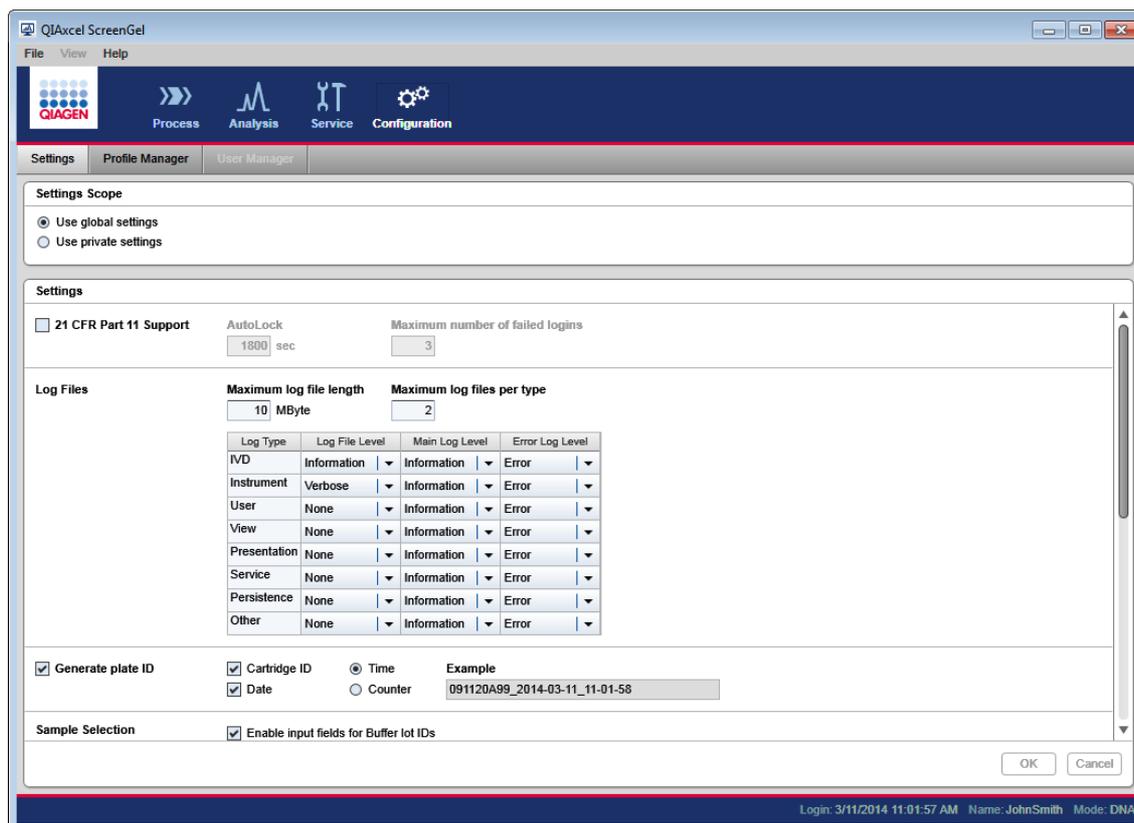
Funzione Open Data Directory.

9. Selezionare il file appena creato **Troubleshooting\_...\_.zip**.

Fare riferimento alla sezione [Impostazioni](#) per informazioni sui livelli del file di registro.

## Configurazione

Le impostazioni, gli utenti e i profili dell'applicazione si gestiscono nell'ambiente **Configuration** (Configurazione):



Ambiente di configurazione con schermata Settings (Impostazioni) attiva.

## Impostazioni

L'ambiente **Configuration** (Configurazione) del software QIAxcel ScreenGel fornisce varie opzioni per le impostazioni, come di seguito descritto.

**Nota:** le opzioni delle impostazioni globali sono di sola lettura per gli utenti con ruolo **Routine User** (Utente abituale) o **Basic User** (Utente base). Per maggiori informazioni consultare la sezione [Ruoli utente](#).

Use global settings (Usa impostazioni globali) L'opzione delle impostazioni globali si usa per condividere tra vari utenti sia le impostazioni generali che i profili.

Use private settings (Usa impostazioni private) Quando si usano le impostazioni private, sia le impostazioni generali che i profili creati dell'utente sono privati.

**Nota:** l'opzione delle impostazioni private può essere attivata solo se l'utente ha il diritto di mantenere private le impostazioni (consultare [Gestione utenti](#)).

Le impostazioni sono raggruppate per funzionalità. La tabella seguente fornisce una panoramica delle sezioni.

Titolo 21  
Regolamento CFR  
Sezione 11  
Supporto

Funzionalità dei controlli prevista dal Titolo 21 Regolamento CFR Sezione 11 (Linee guida della FDA sulle registrazioni elettroniche). Selezionare questa opzione per abilitare il blocco automatico e limitare il numero di login falliti.

<b>Opzione</b>	<b>Descrizione</b>
AutoLock (Blocco automatico)	Il sistema blocca automaticamente il software QlAxcel ScreenGel dopo il tempo di stand-by specificato, tranne quando è in esecuzione un processo. Per sbloccare il Software, l'utente deve effettuare nuovamente il login. Per maggiori informazioni su come sbloccare il software, consultare la sezione <a href="#">Autenticazione utente</a> .  <b>Nota:</b> il tempo di stand-by è il tempo durante il quale non vi sono azioni né da parte dell'utente né da parte dello strumento.
Maximum number of failed logins (Numero massimo di login falliti)	Dopo il numero specificato di login falliti, il sistema blocca automaticamente l'account dell'utente. Può essere sbloccato soltanto dall'amministratore.

Log files (File di registro)

Il software QlAxcel ScreenGel scrive tutti i messaggi di registro in un file di registro principale. Inoltre possono essere creati file di registro separati per singoli tipi di messaggi di registro (IVD, Strumento, ecc.) e per gli errori. La lingua di tutti i file di registro è l'inglese. Un'eccezione è il file di registro IVD separato (registrazione delle operazioni effettuate). Se la lingua del software è diversa dall'inglese, il file esiste due volte, una in inglese e una nella lingua selezionata.

Cominciare dai livelli come indicato nella figura sottostante.

**Maximum log file length**      **Maximum log files per type**  
 MByte     

Log Type	Log File Level	Main Log Level	Error Log Level
IVD	Information   ▼	Information   ▼	Error   ▼
Instrument	Warning   ▼	Error   ▼	Error   ▼
User	None   ▼	Information   ▼	Error   ▼
View	None   ▼	None   ▼	None   ▼
Presentation	None   ▼	None   ▼	None   ▼
Service	None   ▼	Information   ▼	Error   ▼
Persistence	None   ▼	Information   ▼	Error   ▼
Other	None   ▼	Error   ▼	Error   ▼

La grandezza di un file di registro è limitata; tale grandezza è configurata dall'impostazione **Maximum log file length** (Lunghezza massima file di registro). Per avere sempre disponibili gli ultimi file di registro, quando si raggiunge la grandezza massima si crea un nuovo file. Il numero dei file di registro da tenere è configurato dall'impostazione **Maximum log files per type** (Numero massimo di file di registro per tipo). Quando, per un particolare tipo di file di registro, si raggiunge il numero massimo di file, il file più vecchio di quel tipo viene eliminato.

La verbosità aumenta da **Critical** (Critica) a **Verbose** (Verbosa). Quando si seleziona **Critical** (Critica), sul file di registro vengono scritti solo i messaggi di registro critici. Quando si seleziona **Verbose** (Verbosa), sul file di registro vengono scritti tutti i messaggi di registro.

**Nota:** il livello **Verbose** (Verbosa) può diminuire le prestazioni del software QIAxcel ScreenGel . Fare in modo che le informazioni siano più brevi possibile per ogni tipo di registro e file. Cominciare dai livelli come indicato nella figura di cui sopra.

Il file di registro principale fornisce una panoramica delle ultime azioni nel software. La verbosità del file di registro principale è impostata nella colonna **Main Log Level** (Livello registro principale) della tabella di cui sopra. Essa descrive quante informazioni di un tipo di registro saranno aggiunte al file di registro principale.

La verbosità dei singoli file di registro è impostata nella colonna **Log File Level** (Livello file di registro). Aumentare il livello di registro per la tracciatura di speciali tipi di errori.

Il file di registro degli errori fornisce una panoramica degli ultimi errori. La verbosità del file di registro degli errori è impostata nella colonna **Error Log Level** (Livello registro errori) della tabella di cui sopra. Essa descrive quante informazioni di un tipo di registro saranno aggiunte al file di registro degli errori. Di solito per il file di registro degli errori si usano solo le verbosità **Error** (Errore) e **None** (Nessuno).

**Tipo di registro**                      **Descrizione**

IVD	Audit trail (Registrazione operazioni effettuate). Se quest'ultima è inclusa anche nel file di registro principale, aiuta a capire le ultime azioni.
Instrument (Strumento)	In caso di problemi di comunicazione, può essere utile aumentare il <b>Log File Level</b> (Livello file di registro) a <b>Verbose</b> (Verboso) per un determinato arco di tempo e riprodurre la situazione. Con queste impostazioni, il file di registro Instrument (Strumento) raggiunge molto rapidamente la lunghezza massima prevista per il file di registro (dopo un processo). Perciò occorre scollegarsi dallo strumento subito dopo il verificarsi della situazione, esportare i file di registro e tornare alla verbosità Warning (Attenzione). Usare la verbosità <b>Error</b> (Errore) nelle colonne <b>Main Log Level</b> (Livello registro principale) e <b>Error Log Level</b> (Livello registro errori) per avere la panoramica del file di registro principale e del file di registro degli errori.
User (Utente)	Traccia le azioni di gestione dell'utente.
View (Vista)	Informazioni dall'interfaccia grafica del software.
Presentation (Presentazione)	Informazioni dall'interfaccia grafica del software.
Service (Assistenza)	Informazioni dalla logica del software.
Persistence (Persistenza)	Informazioni su caricamento e salvataggio. Aumentare la verbosità del <b>Log File Level</b> (Livello file di registro) se ci sono problemi con il caricamento e il salvataggio degli esperimenti o dei profili.
Other (Altro)	Tutte le altre informazioni.

Consultare la sezione [Cartella Troubleshooting \(Risoluzione dei problemi\) e file di registro](#) per informazioni su come esportare i file di registro.

**Generate plate ID (Genera ID piastra)** Se abilitata, definisce come vengono costruiti gli ID piastra generati automaticamente. Le seguenti opzioni definiscono la costruzione dell'ID piastra.

**Generate plate ID**
 Cartridge ID
  Date
  Time
  Counter
 **Example**
091120A99\_2010-11-10\_13-49-29

Opzione	Descrizione
Cartridge ID (ID cartuccia)	Se questa opzione è selezionata, l'ID piastra generato conterrà il <b>Cartridge ID</b> (ID cartuccia) all'inizio.

Date (Data) Se questa opzione è selezionata, l'ID piastra generato conterrà la data di acquisizione dei dati. Se è incluso il **Cartridge ID** (ID cartuccia), la data sarà situata accanto al **Cartridge ID** (ID cartuccia).

Time o Counter (Ora o Contatore) Specifica in che modo si ottiene l'unicità dell'ID piastra: con l'ora d'inizio del processo (che comprende ore, minuti e secondi) o con gli incrementi del contatore per la generazione dell'ID piastra successivo.

**Nota:** se durante la configurazione del processo l'ID piastra viene modificato dopo la generazione automatica, l'ora non rispecchierà l'ora esatta di inizio del processo, ma l'ora in cui è stato generato l'ID piastra durante la configurazione del processo.

Il campo **Example** (Esempio) mostra che aspetto potrebbe avere l'ID piastra generato.

Sample Selection (Selezione dei campioni)

Specifica quali informazioni opzionali si possono inserire nella schermata Sample Selection (Selezione dei campioni) della procedura guidata del processo.

Opzione	Descrizione
Enable input fields for Buffer lot IDs (Abilita campi di immissione per ID lotti tamponi)	Selezionare solo questa opzione, se si desidera fornire ID lotti per i <b>tamponi</b> . Se questa opzione non è selezionata, non si possono fornire ID lotti per i <b>tamponi</b> durante la configurazione del processo.
Enable input fields for Marker lot IDs (Abilita campi di immissione per ID lotti marcatori)	Selezionare solo questa opzione, se si desidera fornire ID lotti per i <b>marcatori</b> . Se questa opzione non è selezionata, non si possono fornire ID lotti per i <b>marcatori</b> durante la configurazione del processo.
Provide Sample Information (Fornisci informazioni sui campioni)	Selezionare questa opzione se si è soliti fornire informazioni sui campioni. Si possono fornire informazioni sui campioni anche se questa opzione non è selezionata, ma occorre selezionare manualmente l'opzione <b>Provide Sample Information</b> (Fornisci informazioni sui campioni) nella schermata <b>Sample Selection</b> (Selezione dei campioni) della procedura guidata del processo.

Prevent modification of imported sample information (Impedisci la modifica delle informazioni sui campioni importate)

Selezionare questa opzione se si desidera che le [informazioni sui campioni](#) provenienti da file rack importati siano "di sola lettura".

#### Strumento

#### Opzione

#### Descrizione

Latch cartridge automatically (Blocca cartuccia automaticamente)

Se è selezionata questa opzione, il sistema blocca automaticamente la cartuccia dopo che quest'ultima è stata inserita e dopo che l'apposito sportello è stato chiuso.

Perform calibration automatically (Esegui calibrazione automaticamente)

Se è selezionata questa opzione, il sistema esegue automaticamente la calibrazione della cartuccia, se la cartuccia inserita non è stata ancora calibrata.

COM Channel (Canale COM)

Specifica il **COM channel** (Canale COM) a cui è collegato lo strumento QIAxcel Advanced. Dopo il login, il sistema tenta automaticamente di collegarsi allo strumento QIAxcel Advanced tramite la **porta COM** specificata.

Rise Time (Tempo di salita)

Il tempo di salita è un parametro del filtro **Bessel** applicato ai dati grezzi durante l'acquisizione. Questo parametro non deve essere cambiato, a meno che non si conoscano il funzionamento del filtro **Bessel** e gli effetti delle modifiche sul parametro del tempo di salita.

Directories (Directory)

Specifica le directory per i dati grezzi acquisiti e per tutti gli altri dati dell'applicazione.

La directory base per le directory sotto elencate, inizialmente (cioè dopo QIAxcel ScreenGel l'installazione) è la directory **Application Data** (Dati applicazioni), che viene specificata durante l'[installazione del software ScreenGel](#). Tutte queste directory sono configurabili.

Possono essere specificate le seguenti directory:

#### Nome directory

#### Descrizione

Export (Esportazioni)	Directory predefinita per le esportazioni. Si tratta della directory predefinita in cui vengono generati i file esportati, a meno che non si scelga una directory diversa nel profilo esportato.
Report (Referto)	Directory predefinita per i referti. Si tratta della directory predefinita in cui vengono generati i file di referti, a meno che non si scelga una directory diversa nel profilo di referti.
Header & footer (Intestazione e piè di pagina)	Directory per l'intestazione e il piè di pagina del referto. Durante la generazione del referto, il sistema cerca qui per trovare un'intestazione e un piè di pagina da includere nel referto.
Sample information (Informazioni sui campioni)	Directory predefinita per importare o esportare informazioni sui campioni (consultare rispettivamente le sezioni <a href="#">Esecuzione della procedura</a> o <a href="#">Esecuzione di un processo con le opzioni avanzate</a> ). È possibile trovare un esempio <b>di file rack</b> importato nella directory predefinita %DATA_DIR%\SampleInfo.
Troubleshooti ng (Risoluzione dei problemi)	Directory in cui vengono memorizzati i file creati dalla cartella <a href="#">Troubleshooting</a> (Risoluzione dei problemi).
Experiment (Esperimento)	Directory che contiene 3 sotto-directory: <b>DNA e RNA</b> . I file dati degli esperimenti (sia acquisiti come risultato dell'esecuzione di un processo, sia combinati nell'ambiente <b>Analysis</b> (Analisi)) vengono salvati per impostazione predefinita in queste sotto-directory (secondo la modalità di applicazione), a meno che non sia stata scelta una directory diversa nel profilo di processo.
Local Experiment (Esperimento locale)	Durante un processo l'esperimento viene salvato in questa directory. È codificata in forma fissa in %DATA_DIR%\LocalExperiment. Al completamento del processo, l'esperimento viene spostato nell'apposito percorso definito nel profilo di processo. Solo se questo trasferimento fallisce (ad esempio se è un drive remoto e qualcuno inciampa nel cavo di rete) è ancora possibile trovare l'esperimento nella directory <b>Local Experiment</b> (Esperimento locale).
ExportTransfo rmationScript s	Questa directory contiene script XSLT per trasformare i file esportati XML. XSLT è un linguaggio dichiarativo che consente la trasformazione del file XML esportato in un formato diverso, ad esempio un altro XML, HTML o solo testo. Alcuni esempi di file XSLT si possono trovare nella directory predefinita %DATA_DIR%\ReportExportProfile\XSLT_Export, per creare file in formato .csv dall'esportazione.

ExportRawTransformationScripts

Questa directory contiene script XSLT per trasformare i file esportati XML di dati grezzi. Un esempio di file XSLT si può trovare nella directory predefinita %DATA\_DIR%\ReportExportProfile\XSLT\_RawExport, per creare un file in formato .csv dall'esportazione dei dati grezzi.

**Nota:** le directory di cui sopra possono essere aperte in Esplora risorse di Windows direttamente dal software QlAxcel ScreenGel tramite la voce di menu **File/Open Data Directory** (File/Apri directory dati).

La maggior parte delle modifiche apportate alle impostazioni hanno effetto immediato dopo aver fatto clic su **OK**. La tabella sottostante elenca le impostazioni che invece richiedono azioni aggiuntive.

Sezione Generate plate ID (Genera ID piastra) Attiva dopo il login successivo.

Instrument-COM channel (Strumento-Canale COM)

Attiva dopo aver effettuato nuovamente il collegamento allo strumento.

**Nota:** dopo aver fatto clic su **OK**, il sistema chiede all'utente di ricollegarsi al nuovo canale COM.

Directories (Directory)

Login successivo.

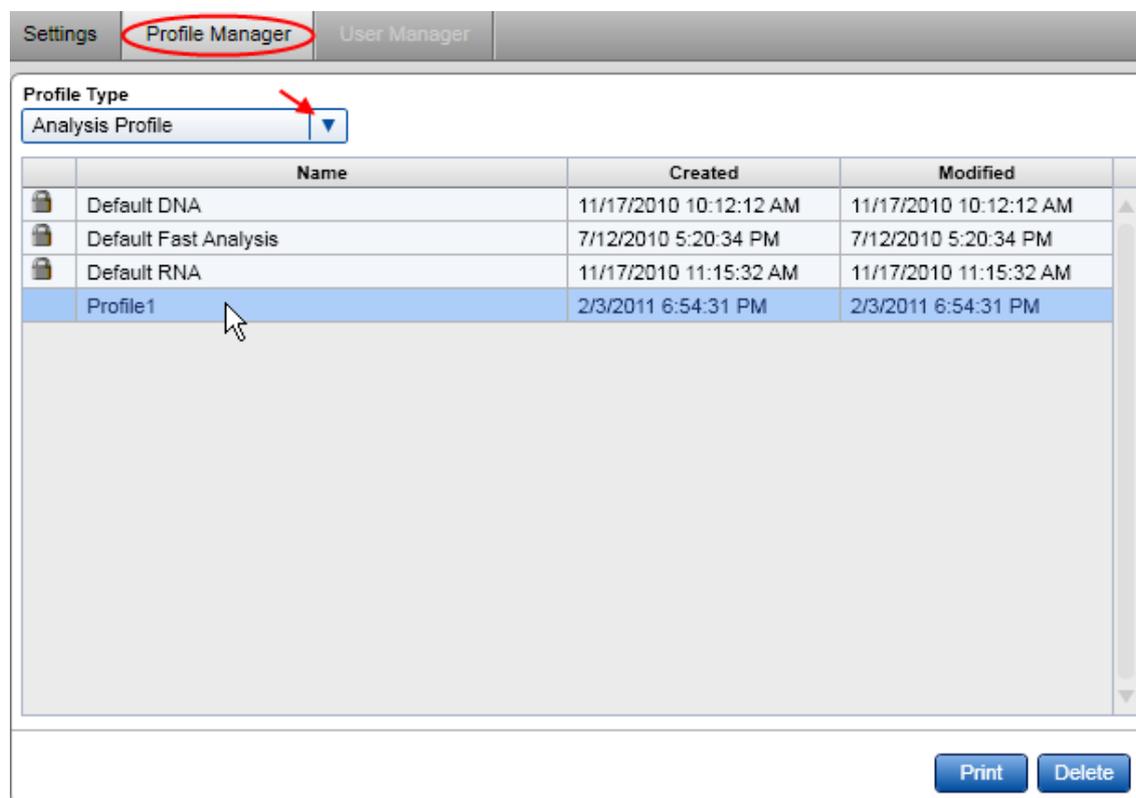
## Modifica della lingua

Per visualizzare le lingue supportate dal software o per cambiare lingua:

1. nel menu **File**, selezionare l'opzione **Language** (Lingua).
2. Selezionare la lingua nell'elenco a discesa.
3. Chiudere e riavviare il software.

## Gestione dei profili

Varie finestre di dialogo del QIAxcel ScreenGel consentono la creazione di nuovi profili, ad esempio i profili di analisi, le tabelle dei marcatori di dimensione e le tabelle dei marcatori di riferimento. Il **Profile Manager** (Gestore profili) elenca tutti i profili raggruppati per tipo. I dettagli del profilo possono essere stampati e i profili possono essere eliminati mediante il **Profile Manager**(Gestore profili).



**Nota:** I profili che sono contrassegnati con un simbolo del lucchetto sono profili di default forniti da QIAGEN. Non è possibile eliminare tali profili.

## Gestione utenti

Gli amministratori hanno accesso alla scheda **User Manager** (Gestore utenti), in cui gli account utente possono essere modificati:

User ID	Role	First Name	Last Name	DNA	RNA	Private Settings	Skip Run Checks	Revise Sample Information	Accept incomplete experiments	Last Password Change
Administrator	Administrator			✓	✓	✓				8/29/2014 2:27:32 PM
JohnBase	Basic User	John	Base	✓	✓					8/29/2014 2:37:04 PM
JohnSmith	Advanced User	John	Smith	✓	✓	✓	✓	✓	✓	8/29/2014 2:36:04 PM
JonnySmith	Routine User	Jonny	Smith	✓	✓					8/29/2014 2:36:31 PM

Show deactivated user accounts

**Define user account** Add

User ID: JonnySmith    Initial password:    First name: Jonny    Mode:  DNA    Options:  Activated

Role: Routine User    Confirm password:    Last name: Smith     RNA     Allow private settings

May skip confirmation of run checks  
 May revise sample information after run  
 May accept incomplete experiments

Apply    Cancel

Lo User Manager.

### Modifica degli account utente

Per modificare un account utente esistente:

1. Selezionare l'account utente da modificare.
2. I dettagli sono visualizzati nella sezione nella parte inferiore della finestra di dialogo.
3. Modificare i parametri come richiesto.
4. Fare clic sul pulsante **Apply** (Applica).

**Nota:** in **User Manager**, si possono modificare il nome, il ruolo, la password e le autorizzazioni utente degli account utente esistenti. L'ID utente (nome di accesso) è l'identificatore univoco di un utente e non può essere modificato.

### Aggiunta di utenti

Per aggiungere un nuovo utente:

1. Fare clic sul pulsante **Add** (Aggiungi).
2. Specificare un ID utente non già in uso, un ruolo utente e una password. Per dettagli sui ruoli utente, fare riferimento alla sezione [Ruoli utente](#).

**Nota:** la password deve contenere un carattere maiuscolo, uno minuscolo e un numero. La dimensione minima della password è di otto caratteri.

3. Impostare le modalità di processo e le opzioni utente consentite.

4. Fare clic sul pulsante **Apply** (Applica).

**Nota:** è possibile creare vari account utente per una persona associando diversi ID utente agli account. Ciò può essere utile per distinguere diversi ruoli.

### Disattivazione degli account utente

Gli account utente non possono essere cancellati, ma possono essere disattivati se gli utenti non lavorano più con i dati del software QlAxcel ScreenGel .

Per disattivare un account utente:

1. Selezionare l'account utente da disattivare dall'elenco degli utenti.

2. Deselezionare l'opzione **Attivato** nelle impostazioni utente. Gli utenti disattivati non possono più accedere.

3. Fare clic sul pulsante **Apply** (Applica).

**Nota:** solo gli utenti attivati sono visualizzati nella tabella utenti. Per mostrare gli utenti disattivati, selezionare la casella di spunta **Show deactivated user accounts** (Mostra account utente disattivati) sotto la tabella utenti.

### Opzioni utente

Consenti impostazioni private Permette all'utente di mantenere le impostazioni private.

Possibilità di saltare la conferma dei controlli di processo Sulla pagina della procedura guidata di processo **Run Check** (Controllo di processo), l'utente può saltare la conferma dei messaggi di controllo.

Possibilità di revisionare le informazioni sui campioni dopo il processo Permette all'utente di **revisionare** le informazioni sui campioni in [Experiment Explorer](#) (Scorri esperimenti).

Possibilità di accettare esperimenti incompleti Se un esperimento è stato elaborato in maniera incompleta, l'utente può contrassegnarlo come completo in [Experiment Explorer](#) (Scorri esperimenti), ignorando tutti i messaggi di avvertenza.

## Procedure di manutenzione

Per garantire un funzionamento affidabile del QIAxcel Advanced , occorre mettere in atto le seguenti procedure di manutenzione.

- Pulizia del QIAxcel Advanced
- Manutenzione correttiva minore

L'applicazione di queste procedure garantisce che il QIAxcel Advanced sia privo di polvere e fuoriuscite di liquido.

**Importante:** scollegare il cavo di alimentazione dalla presa prima di effettuare gli interventi di manutenzione.

### Interventi di manutenzione

Il QIAxcel Advanced è fornito con una garanzia di 1 anno a partire dalla data di spedizione. La garanzia comprende tutte le riparazioni dovute a guasti meccanici. La garanzia non copre lo sviluppo dell'applicazione, gli aggiornamenti del software, gli accessori e i componenti monouso.

QIAGEN offre contratti di assistenza e manutenzione ad ampia copertura, comprensivi di estensione della garanzia, contratti di assistenza a copertura completa e formazione su strumento/applicazione, inclusa l'installazione in loco. I contratti di assistenza e manutenzione ottimizzano la produttività e garantiscono le elevate prestazioni dello strumento. Inoltre, gli interventi di assistenza sono documentati in modo esaustivo e tutti i componenti sono certificati e coperti da garanzia.

Contattare il tecnico dell'assistenza in loco QIAGEN o il distributore locale per ulteriori informazioni sulla flessibilità dei Contratti di assistenza e manutenzione proposti da QIAGEN.

## Pulizia del QIAxcel Advanced

### Detergenti

<p><b>CAUTELA</b></p> 	<p><b>Danni allo strumento</b> [C2]</p> <p>Non utilizzare candeggina, solventi o reagenti contenenti acidi, alcali o sostanze abrasive per pulire il QIAxcel Advanced .</p>
---	---

<p><b>ATTENZIONE</b></p> 	<p><b>Pericolo di folgorazione</b> [W11]</p> <p>Non aprire i pannelli presenti sul QIAxcel Advanced se non come descritto nel presente manuale utente.</p> <p>Rischio di lesioni personali e danni materiali</p> <p>Eeguire solo la manutenzione richiesta esplicitamente nel presente manuale.</p>
--	---

Pulire lo strumento solo passando un panno umido.

Il portapiastre dei campioni situato all'interno dello strumento deve essere pulito occasionalmente con un panno morbido umido.

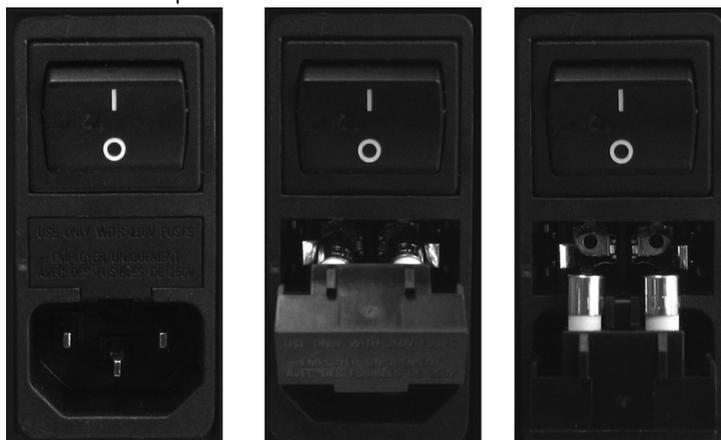
Lavare il vassoio dei campioni in acqua calda con un detergente delicato, sciacquare bene con acqua deionizzata o acqua trattata con osmosi inversa e lasciarlo asciugare prima di posizionarvi i nuovi tamponi. Prima di usare una nuova cartuccia gel QIAxcel, il vassoio dei tamponi deve essere pulito.

## Manutenzione correttiva minore

Questa sezione aiuta l'utente a conoscere le attività che possono essere necessarie per la manutenzione del QIAxcel Advanced o per correggere un errore.

### Sostituzione e pulizia dei fusibili

1. Spegnerne il QIAxcel Advanced tramite l'interruttore principale.
2. Staccare il cavo dell'alimentazione dalla presa di corrente e dalla parte posteriore dello strumento.
3. Usare un piccolo cacciavite piatto per rimuovere il gruppo portafusibili situato sopra l'area in cui il connettore del cavo entra nella presa.



Sostituzione del fusibile.

4. Sostituire il fusibile.  
Sostituire solo con fusibili ritardati 4 A (250 V), marcati "T4A250V" n. cat. 9241178. Se non si hanno a disposizione fusibili sostitutivi, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.
5. Reinscrivere il gruppo portafusibili e collegare il cavo dell'alimentazione.
6. Accendere l'alimentazione e verificare se lo strumento funziona regolarmente, cioè controllare che lo stato cambi nel riquadro dello stato (consultare la sezione [Funzionamento del QIAxcel Advanced](#)). Se lo strumento non funziona regolarmente o se i fusibili continuano a bruciarsi, scollegare il sistema e contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

### Sostituzione cilindro di N<sub>2</sub>

I cilindri di N<sub>2</sub> devono essere sostituiti quando uno o entrambi i messaggi di avvertenza bassa pressione vengono visualizzati nel riquadro [Status Information \(Informazioni di stato\)](#).

Rimuovere il vecchio cilindro di N<sub>2</sub>:

**Nota:** per rimuovere un cilindro di N<sub>2</sub> pressurizzato, svuotare prima il flacone di N<sub>2</sub> (vedere [Svuotare flacone di N<sub>2</sub>\\*\\*\\*](#)).

1. Aprire lo sportello campioni e togliere il vassoio tampone.
2. Tirare delicatamente verso l'alto l'apertura del cilindro di N<sub>2</sub>. Non tirare oltre il foro di arresto.
3. Girare il cilindro in senso antiorario per consentire al N<sub>2</sub> rimanente di fuoriuscire gradualmente.

**Nota:** Smaltire i cilindri di N<sub>2</sub> vuoti come materiale in acciaio riciclabile secondo le disposizioni locali.

Inserire un nuovo cilindro di N<sub>2</sub>:

4. Avvitare un nuovo cilindro di N<sub>2</sub> non forato nell'apertura del cilindro in senso orario.

**Importante:** Utilizzare solo cilindri di N<sub>2</sub> forniti da QIAGEN (n. cat. 929705).

5. Girare finché l'ago all'interno dell'apertura non fori il cilindro di N<sub>2</sub>. Non serrare eccessivamente: il cilindro deve essere serrato manualmente.
6. Spingere delicatamente verso il basso il cilindro di N<sub>2</sub> finché non sia nella posizione di arresto (giù).

### Rifornimento alternativo di N<sub>2</sub>

La porta QIAxcel Advanced esterna di N<sub>2</sub> (situata nella parte posteriore dello strumento) può essere alimentata con azoto compresso pulito e non condensante. Questa alimentazione esterna di N<sub>2</sub> può essere usata al posto del cilindro di N<sub>2</sub> interno. La pressione in entrata minima di N<sub>2</sub> deve essere regolata a 50 psi (345 kPa), mentre la pressione in entrata massima non deve superare i 75 psi (517 kPa).

Per collegare un'alimentazione esterna di N<sub>2</sub>, usare il tubo di uretano fornito in dotazione (2 mm di diametro interno x 3,18 di diametro esterno), tarato per 150 psi. Ulteriori tubi possono essere acquistati a parte (n. cat. 9018435).

Collegare il tubo di uretano dall'uscita di alimentazione esterna di N<sub>2</sub> al QIAxcel Advanced inserendo saldamente il tubo nel raccordo situato sul pannello posteriore dello strumento.

Accendere la pressione di alimentazione esterna di N<sub>2</sub> e impostare la pressione in entrata a 50–75 psi (345–517 kPa).

#### Filtro di scarico ostruito

Prima dell'elaborazione di un nuovo campione, il gel fresco viene scaricato dal contenitore del gel della cartuccia nei capillari, applicando pressione attraverso la linea di scarico e la porta di scarico dello strumento. In rari casi, quando la cartuccia gel QIAxcel non è stata conservata in posizione eretta e non sono state mantenute le condizioni di equilibrio, il gel può scorrere all'interno della linea di scarico dello strumento. Un filtro di scarico posizionato nello strumento impedisce al gel di penetrare nelle valvole di pressione dello strumento. Il gel presente nel filtro o nella linea di scarico si seccherà, ostruendo così il filtro o la linea di scarico.

Per individuare un'ostruzione di un filtro o di una linea di scarico, è possibile eseguire il **Filter Check** (Controllo filtri) QIAxcel ScreenGel con il Software. Se il filtro è ostruito, è necessario sostituire il filtro di scarico. In rarissimi casi la linea di scarico deve essere sciacquata con acqua per eliminare i residui di gel che ostruiscono il condotto della linea di scarico.

**Nota:** la sostituzione del filtro di scarico e la pulizia della linea di scarico sono necessarie solo quando il test del filtro dà esito negativo e il condotto è ostruito.

**Nota:** non è necessario sostituire il filtro di scarico o pulire la linea di scarico come manutenzione preventiva.

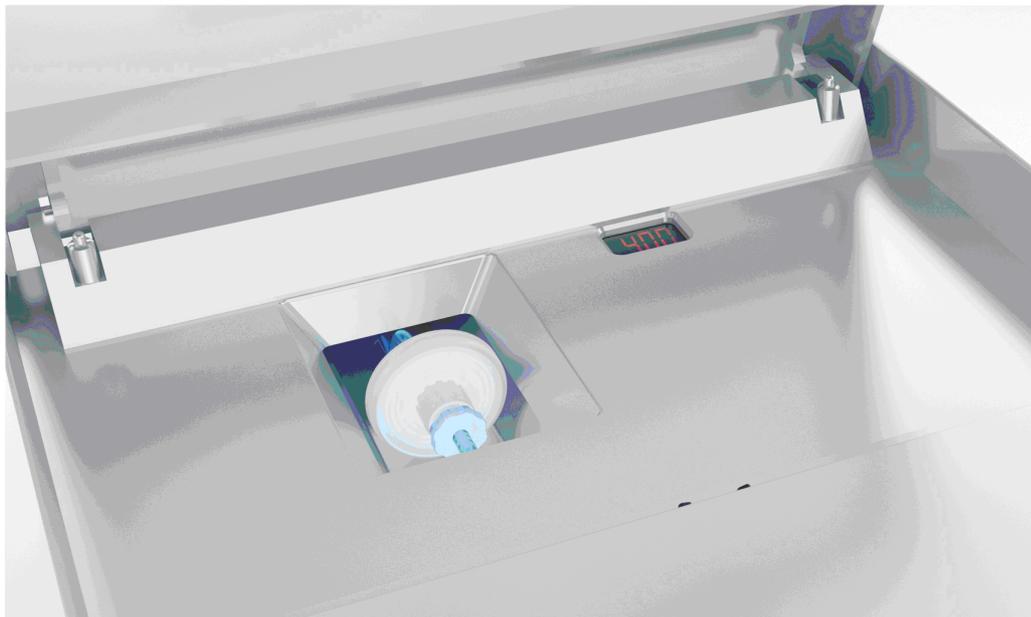
#### Esecuzione del controllo del filtro

1. Accendere il QIAxcel Advanced .
2. Avviare il software QIAxcel ScreenGel .
3. Andare alla scheda **System Check** (Controllo sistema) nell'ambiente Service (Assistenza) ed eseguire il **Filter Check** (Controllo filtri) guidato (vedere [Filter check](#) (Controllo filtri)).
4. Se il **Filter Check** (Controllo filtri) dà esito negativo, sostituire il filtro e rifare il test.

### Sostituzione del filtro di scarico

1. Aprire lo sportello di servizio.
2. Rimuovere il filtro di scarico.

**Nota:** non tirare il condotto.



3. Posizionare un filtro di scarico nuovo e collegarlo ermeticamente ai connettori.
4. Eseguire nuovamente il **Filter Check** (Controllo filtri).

**Nota:** se il **Filter Check** (Controllo filtri) dà ancora esito negativo, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

Ulteriori filtri possono essere ordinati a QIAGEN.

9021980 Set, Purge Filters (10), QX; contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

## Risoluzione dei problemi

Questa sezione fornisce informazioni sulle procedure da seguire se si verifica un errore durante l'utilizzo del QIAxcel Advanced e del QIAxcel ScreenGel .

Per contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN relativamente a un errore, annotarsi i passaggi che determinano l'errore e le relative informazioni riportate da ogni eventuale finestra di dialogo apparsa. Questo agevolerà i tecnici dei QIAGEN Technical Services nella risoluzione del problema.

Fare riferimento alla sezione [File di registro e cartella di risoluzione dei problemi](#) per informazioni dettagliate su come recuperare i file di registro e i risultati del test di sistema.

## Configurazione del sistema

### Commenti e suggerimenti

#### Lo strumento non si accende

a) Cavo di alimentazione non collegato                      Controllare il collegamento all'alimentazione.

b) Fusibile bruciato                      Sostituire il fusibile.

#### Il software del computer non è in grado di comunicare con il sistema

a) Il cavo RS232 non è collegato tra il PC e il sistema                      Controllare il collegamento del cavo RS232. Per riprovare il collegamento allo strumento, fare clic sull'icona  nel software nell'ambiente [Process](#) (Processo).

b) Impostazioni errate del canale COM                      Controllare l'impostazione del canale COM (vedere sezione [Impostazioni](#)). Nella parte inferiore della schermata delle impostazioni, fare clic su **OK** per confermare le modifiche. Fare clic su **Yes (Sì)** nel messaggio visualizzato per eseguire nuovamente il collegamento al canale COM appena selezionato.

Se l'icona  è visibile, lo strumento è pronto per funzionare. Se il problema persiste, modificare il livello di registro del registro dello strumento in "verbose" (vedere la sezione [Impostazioni](#) per informazioni su come eseguire questa operazione). Chiudere il software, riavviarlo e effettuare l'accesso. Attendere fino alla comparsa del messaggio "lo strumento non è disponibile". Quindi riunire la cartella di risoluzione dei problemi come descritto nella sezione [Cartella di risoluzione dei problemi e file di registro](#). Assicurarsi di controllare le caselle nell'elenco a destra per includere le informazioni di registro. Inviare il file creato a QIAGEN Technical Services .

## Commenti e suggerimenti

- c) La versione del software dello strumento non combacia con la versione del software
- Se si passa dal QIAxcel ScreenGel al BioCalculator Software e viceversa, chiudere il software, spegnere il QIAxcel Advanced con l'interruttore di accensione, attendere 20 secondi e quindi riaccenderlo prima di lanciare l'altro software. Assicurarsi di aprire un solo software per volta.
- d) Il software non è in grado di rilevare la porta COM.
- Controllare l'autorizzazione utente per le voci di registro che sono interessate dalla porta COM. La voce di registro pertinente è in genere denominata **HKEY\_LOCAL\_MACHINE\SYSTEM\ControlSet001\Enum\ACPI\PNP0501\XXXXXX\Device Parameters**. Assicurarsi che l'utente **Tutti** possieda almeno l'autorizzazione di lettura per tale voce, altrimenti la procedura di scansione della porta COM (che viene richiamata all'avvio dell'applicazione) potrebbe non riuscire se il QIAxcel ScreenGel viene utilizzato da un utente che non possiede autorizzazioni da amministratore.
- e) Aggiornamento del firmware non riuscito
- Il software QIAxcel ScreenGel è dotato di un software aggiornato per gli strumenti con numero di serie 30281 e superiore. Se non è stato possibile completare il processo di aggiornamento, lo strumento QIAxcel Advanced non può più connettersi al software QIAxcel ScreenGel. In questo caso, il software offre un'opzione per ripetere il processo di aggiornamento. Assicurarsi che il cavo tra lo strumento e il computer sia collegato correttamente. Accendere lo strumento. Riavviare il software QIAxcel ScreenGel ed effettuare l'accesso.
- Attendere finché l'icona  diventi . In questo caso, lo strumento è nuovamente pronto a funzionare. Altrimenti, compare un messaggio che indica che lo strumento non è disponibile. Fare clic sul pulsante **Troubleshoot** (Risoluzione dei problemi). Nel messaggio successivo, fare clic su **Retry instrument update** (Riprova aggiornamento dello strumento). Attendere la finestra di dialogo **Updating Instrument** (Aggiornamento strumento). Attendere qualche minuto finché l'aggiornamento non è completo e il messaggio scompare. Se l'aggiornamento è eseguito con successo, l'icona  è visibile e lo strumento pronto a funzionare. Altrimenti, se l'icona  è visibile, cambiare il livello di registro del registro dello strumento in "verbose" (vedere sezione [Impostazioni](#) informazioni su come eseguire questa operazione) e ripetere le fasi per riaggiornare lo strumento. Quindi riunire la cartella di risoluzione dei problemi come descritto nella sezione [Cartella di risoluzione dei problemi e file di registro](#). Assicurarsi di controllare le caselle nell'elenco a destra per includere le informazioni di registro. Inviare il file creato a QIAGEN Technical Services .

---

### Commenti e suggerimenti

---

#### Nessuna porta seriale nel computer portatile

Alcuni computer portatili non dispongono di una porta seriale      Contattare il produttore del PC per richiedere il connettore della porta seriale corretto.

#### QIAxcel ScreenGel Il software non si avvia

- a) Software QIAxcel ScreenGel non installato      Installare il software QIAxcel ScreenGel .
- b) Versione precedente di Microsoft Windows      Il software QIAxcel ScreenGel funziona con Windows 7 (32 e 64 bit) e Windows 10 (64 bit) (vedere sezione [Computer e software](#) per maggiori dettagli).

## Funzionamento

---

### Commenti e suggerimenti

---

#### I cilindri di N<sub>2</sub> non hanno una lunga durata

- a) Perdita d'aria      Eseguire un doppio controllo del cilindro di N<sub>2</sub> per assicurarsi che sia serrato.
- b) Perdita interna se il cilindro di N<sub>2</sub> ha una durata di soli due giorni      Contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

#### Il vassoio dei campioni non si muove

- a) Il bloccaggio per il trasporto è in posizione      Rimuovere il bloccaggio per il trasporto.
- b) Lo sportello dei campioni non è chiuso      Chiudere lo sportello dei campioni.

#### Non è possibile inserire la cartuccia nel sistema

Cartuccia installata alla rovescia      Assicurarsi che il coperchio anteriore della cartuccia si rivolto verso la parte anteriore del sistema e controllare che la guarnizione del tappo di scarico sia stata rimossa.

#### Non è possibile bloccare la cartuccia

- a) Bassa pressione di N<sub>2</sub>      Sostituire il cilindro di N<sub>2</sub>.
- b) Lo sportello della cartuccia è aperto      Chiudere lo sportello della cartuccia.
- c) La smart key della cartuccia non è inserita      Inserire la smart key.

#### Non è possibile avviare il sistema

- a) Lo sportello dei campioni e/o lo sportello della cartuccia sono aperti      Chiudere lo sportello dei campioni e/o lo sportello della cartuccia.

---

### Commenti e suggerimenti

---

- c) La smart key della cartuccia non è rilevata      Inserire la smart key della cartuccia
- c) Bassa pressione      Sostituire il cilindro di N<sub>2</sub>

#### QIAxcel ScreenGel Software lento

- a) Troppi esperimenti aperti nell'experiment explorer      Chiudere alcuni degli esperimenti aperti e quindi riavviare il software QIAxcel ScreenGel . Cercare di mantenere basso il numero di esperimenti aperti.
- b) Troppe applicazioni in funzione simultaneamente.      Chiudere tutte le applicazioni non necessarie.

#### Problemi quando i file sono/dovranno essere posizionati nella cartella di rete

- a) La cartella di rete non è visibile nella finestra di dialogo file      Se la cartella di rete non è visibile nel software nonostante sia stata mappata, ad es. da un amministratore, tentare la procedura seguente per rendere visibile la mappatura per tutti gli utenti Windows. Eliminare la mappatura esistente. Quindi, utilizzare il comando net use insieme ad un nome UNC per mappare la posizione di rete. Ad esempio, nel prompt dei comandi, digitare il comando seguente e premere Invio:  
net use \\< computername >\< sharename > /user:< username >  
>  
Richiedere assistenza al proprio reparto IT locale, se necessario.
- b) È necessario troppo tempo per aprire una cartella di rete      Se si sta utilizzando solo una delle sottocartelle della cartella di rete, mappare direttamente nella sottocartella invece di mappare l'intera cartella di rete. Utilizzare il comando net use come descritto sopra.

## Applicazioni DNA

---

### Commenti e suggerimenti

---

#### Variazione dei segnali dei picchi di DNA nei canali

- La nuova cartuccia richiede calibrazione      Calibrare la cartuccia (vedere la sezione [Calibrazione di una cartuccia](#)).

#### Tempi di migrazione lenti dei picchi nei canali

- a) Bolle d'aria nei capillari della cartuccia gel      Eseguire uno spurgo o uno spurgo di 3 minuti (consultare [Manutenzione](#)) per rimuovere le bolle d'aria, oppure cambiare il QX Separation Buffer.

---

### Commenti e suggerimenti

---

- |   |   |
|---|---|
| b) Corrente troppo bassa a causa della bassa temperatura                          | Aumentare la temperatura ambiente.  |
| c) Corrente troppo bassa perché le punte dei capillari sono parzialmente asciutte | Eeguire uno spurgo o uno spurgo di 3 minuti per pulire le punte dei capillari (consultare <a href="#">Manutenzione</a> ). |

### Segnale debole del QX Alignment Marker

- |                                       |                                  |
|---------------------------------------|----------------------------------|
| QX Alignment Marker degradato/vecchio | Cambiare il QX Alignment Marker. |
|---------------------------------------|----------------------------------|

### Nessun segnale nei canali

- |  |  |
|--|--|
| a) Nessun campione iniettato                                 | Controllare il volume del campione (minimo 10 µl).   |
| b) Canale del capillare ostruito                             | Spurgare lo strumento per rimuovere l'ostruzione (consultare <a href="#">Manutenzione</a> ). Se non funziona, sostituire la cartuccia. |
| c) Capillare o fibra ottica rotti nella cartuccia            | Sostituire la cartuccia.   |
| d) Problema con la fonte di luce (LED spenti)                | Controllare se tutti i LED sono illuminati. Contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.                                       |
| e) Nessuno spurgo della cartuccia/filtro di scarico ostruito | Eeguire un controllo del filtro.   |

### Perdita di risoluzione nei canali

- |   |  |
|---|--|
| a) Gel vecchio in alcuni canali o canali ostruiti | Eeguire uno spurgo o uno spurgo di 3 minuti per riempire i canali con gel nuovo, oppure ripetere il metodo di spurgo varie volte per rimuovere le ostruzioni (consultare <a href="#">Manutenzione</a> ). |
| b) Segnali saturi                                 | Diminuire il tempo di iniezione del campione o selezionare un metodo più adatto.   |
| c) Cartuccia scaduta                              | Usare una cartuccia nuova.   |

### Picco/banda DNA larghi o saturi

- |                                   |  |
|-----------------------------------|--|
| a) Concentrazione DNA troppo alta | Diluire la soluzione di DNA in QX DNA Dilution Buffer.<br>Diminuire il tempo di iniezione.<br>Scegliere un metodo per campioni ad alta concentrazione di DNA (ad esempio OH500 [consultare <a href="#">Appendice B</a> ]). |
|-----------------------------------|--|

---

### Commenti e suggerimenti

---

- b) Canale rotto con elevato segnale di fondo
- Chiamare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN e sostituire la cartuccia.

#### Segnale DNA troppo basso

- a) Concentrazione DNA troppo bassa
- Aumentare il tempo di iniezione del campione.  
Scegliere un metodo per campioni a bassa concentrazione di DNA (ad esempio OL500 [consultare [Appendice B](#)]).
- b) Concentrazione di sale troppo alta nella soluzione del campione
- Dissalare o diluire i campioni di DNA per diminuire la concentrazione di sale e aumentare l'iniezione di DNA.

#### Corrente di separazione ( $\mu$ A) troppo bassa

- a) Il QX Separation Buffer è contaminato
- Sostituire il QX Separation Buffer.
- b) Canale del capillare ostruito
- Sostituire la QIAxcel gel cartridge.

#### Corrente di separazione ( $\mu$ A) troppo alta

- a) QX Separation Buffer contaminato
- Sostituire il QX Separation Buffer.
- b) Concentrazione di sale troppo alta nella soluzione del campione
- Dissalare o diluire i campioni di DNA in QX DNA Dilution Buffer.

#### Dati compressi insieme nella cartella immagini gel

- a) Sono stati rilevati picchi extra prima del primo picco o dopo l'ultimo picco
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Durante la procedura, seguire le istruzioni per aumentare la Soglia dei marcatori di allineamento.
- b) Sono stati identificati picchi sbagliati come primo e ultimo picco per l'allineamento
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Durante la procedura, seguire le istruzioni per aumentare la Soglia dei marcatori di allineamento.
- c) Mancavano i marcatori di allineamento superiori o erano al di sotto della soglia impostata
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Durante la procedura, seguire le istruzioni per diminuire la Soglia dei marcatori di allineamento. Sostituire con nuovi marcatori per il processo successivo.

---

### Commenti e suggerimenti

---

- d) I segnali dei campioni sono troppo forti e fanno sì che l'allineamento sia al di sotto della soglia impostata

Diluire i campioni o usare i Metodi H (consultare [Appendice B](#)) per l'analisi dei campioni.

#### Dati non allineati

- a) Manca il marcatore superiore
- b) Problema di migrazione dovuto a bolle d'aria
- c) Problema di migrazione dovuto a bassa temperatura
- d) Pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) nell'ambiente "Analysis" (Analisi) non premuto
- e) Visualizzati campioni con marcatori di allineamento diversi
- f) Marcatori di allineamento non identificati correttamente

Cambiare con un nuovo marcatore di allineamento.

Spurgare ed elaborare di nuovo il campione.

Aumentare il tempo di separazione.

Fare clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per eseguire l'analisi.

Rimuovere dalla vista i campioni con un marcatore di allineamento diverso.

Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Durante la procedura, seguire le istruzioni per adattare i parametri di analisi.

#### Nessuna individuazione delle dimensioni nella tabella dei risultati

- a) Il marcatore di riferimento è spento
- b) Rilevamento dei picchi fallito

Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Selezionare la tabella dei marcatori corretta.

Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Durante la procedura, verificare che i picchi siano rilevati correttamente, soprattutto i picchi dei marcatori di allineamento.

#### Individuazione sbagliata delle dimensioni

- a) Usata la tabella dei marcatori di riferimento sbagliata

Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Selezionare la tabella dei marcatori corretta.

---

### Commenti e suggerimenti

---

- b) Problemi con le impostazioni della tabella dei marcatori di riferimento
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Verificare che sia impostato il corretto marcatore di allineamento (consultare [Verifica dei marcatori di allineamento](#)).  
Verificare che il numero di picchi nelle colonne Rel. Time (Tempo relativo) e Size (Dimensioni) (bp) sia uguale nella tabella dei marcatori di riferimento.

### Nessuna scala dimensionale nell'immagine gel

- a) Dati non allineati
- Rimuovere dalla vista i campioni con un marcatore di allineamento diverso.  
Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#). Verificare che siano stati identificati correttamente tutti i picchi del marcatore di allineamento.
- b) Campioni analizzati con tabelle di marcatori di riferimento diverse
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#) usando la stessa tabella dei marcatori di riferimento per tutti i campioni.

### Tipo di scala richiesto non creato

- a) Campioni non analizzati
- Fare clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per eseguire l'analisi.
- b) Campioni con diversi marcatori di allineamento visibili
- Rimuovere dalla vista i campioni con un marcatore di allineamento diverso.
- c) Nessuna determinazione delle dimensioni
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di DNA](#) usando la stessa tabella dei marcatori di riferimento per tutti i campioni.

### Marcatori di allineamento superiori risolti in doppi picchi

- Campione con alto contenuto di sale
- Diluire il campione o modificare l'impostazione dei parametri.

## Applicazioni RNA

---

### Commenti e suggerimenti

---

#### Allineamento disattivato

- a) Il primo picco è al di sotto della soglia
- Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi dei campioni di RNA](#).  
Durante la procedura, seguire le istruzioni per diminuire la Soglia dei marcatori di allineamento.
- Contaminazioni, ad esempio, di sale possono avere come conseguenza la migrazione anomala di colonne individuali che possono essere troppo larghe per un allineamento corretto.  
Utilizzare meno campione o eseguire un cleanup supplementare dei campioni di RNA che mostrano migrazione ritardata.

---

### Commenti e suggerimenti

---

b) Marcatore di calibrazione degradato/vecchio Sostituire il marcatore di calibrazione.

#### Tipo di scala richiesto non creato

a) Campioni non analizzati Fare clic sul pulsante **Start Analysis** (Avvia analisi) per eseguire l'analisi.

b) Campioni con diversi marcatori di allineamento visibili Rimuovere i campioni con un diverso marcatore di allineamento dalla vista.

c) Nessuna determinazione delle dimensioni Ripetere l'analisi come descritto in [Analisi di campioni di RNA](#) utilizzando la stessa tabella valida dei marcatori di riferimento per tutti i campioni.

#### Il rapporto di rRNA (28S/18S) è troppo basso

Campioni di RNA degradati Cambiare i campioni di RNA.

#### Il segnale del campione di RNA è troppo basso

a) Bassa concentrazione del campione di RNA Aumentare il volume del campione portandolo a 5 µL. Miscelare un volume uguale di tampone di caricamento RNA al campione. Ad esempio, se sono stati usati 2 µl di campione di RNA, miscelare il campione di RNA con 2 µl di tampone di caricamento RNA.

b) Campioni di RNA degradati Cambiare i campioni di RNA.

#### Ampi picchi di RNA

a) Campioni di RNA degradati Cambiare i campioni di RNA.

b) Processo di denaturazione RNA incompleto Ripetere il processo di denaturazione RNA.

c) Tampone vecchio Sostituire il tampone di separazione ogni 25 processi.

#### Rilevato solo picco RNA 18S

Processo di denaturazione RNA incompleto Ripetere il processo di denaturazione RNA.

La degradazione di RNA provocherà inoltre prima la scomparsa del picco 28S.

#### Variazione di segnale del marcatore di calibrazione nei canali

a) La nuova cartuccia richiede la calibrazione Calibrare la cartuccia (vedere la sezione [Calibrazione di una cartuccia](#)).

b) La calibrazione dell'intensità della cartuccia non è corretta Calibrare la cartuccia (vedere la sezione [Calibrazione di una cartuccia](#)).

---

### Commenti e suggerimenti

---

b) Marcatore di calibrazione QX degradato/vecchio      Cambiare il marcatore di calibrazione QX.

#### **Migrazione di picco ritardata in alcuni canali**

a) Bolle d'aria nei capillari      Utilizzare lo scarico lungo per rimuovere le bolle d'aria (vedere [Manutenzione](#)).

b) Bolle d'aria nel marcatore di calibrazione o nelle provette di campione di RNA      Rimuovere le bolle d'aria dalle provette.

# Glossario

<b>Termine</b>	<b>Descrizione</b>
Vassoio per tamponi	Il vassoio per tamponi è un vassoio rimovibile in plastica situato nel portavassoio per tamponi del QIAxcel Advanced e contiene i QX Separation and Wash Buffers e i QX Intensity and Alignment Markers.
Portavassoio per tamponi	Il portavassoio per tamponi si trova all'interno del QIAxcel Advanced sotto lo sportello dei campioni. Il vassoio per tamponi, che contiene i QX Separation and Wash Buffers e i QX Intensity and Alignment Markers, viene posizionato nel portavassoio per tamponi prima dell'analisi dei campioni.
Sportello cartuccia	Sportello che consente di caricare la QIAxcel gel cartridge nel QIAxcel Advanced. Questo sportello deve restare chiuso durante il funzionamento del QIAxcel Advanced.
Canale/i	Ogni QIAxcel gel cartridge è dotata di 12 canali (capillari) attraverso i quali passano i campioni per l'analisi.
Metodo	Un metodo è l'insieme dei comandi e dei parametri che vengono applicati a una singola elaborazione dei campioni. Sono pre-installati vari metodi predefiniti.
Olio minerale	Per coprire soluzioni e/o campioni per evitare l'evaporazione.
Sportello N <sub>2</sub>	Lo sportello N <sub>2</sub> , situato a destra dello sportello dei campioni, consente l'inserimento e la rimozione del cilindro N <sub>2</sub> .
Posizione	Area di un rack/piastra che può contenere qualcosa. Esempi di posizioni comprendono i pozzetti di una micropiastra o gli slot nel portapiastre dei campioni.
Interruttore di alimentazione	Pulsante situato nella parte posteriore del QIAxcel Advanced, nell'angolo in basso a sinistra. Consente all'utente di accendere e spegnere il QIAxcel Advanced.
Profilo di processo	Definisce le impostazioni per l'acquisizione dei dati. Definisce tutti i parametri per il processo di elettroforesi.
Porta di spurgo	La porta di spurgo è situata all'interno dello strumento QIAxcel Advanced ed è allineata con il foro di spurgo della QIAxcel gel cartridge.
QX Alignment Marker	Consente di calibrare il tempo di migrazione dei campioni.
QX DNA o RNA Dilution Buffer	Consente la diluizione dei campioni concentrati.
QX DNA or RNA Separation Buffer	Consente la separazione delle molecole di DNA o RNA nella QIAxcel gel cartridge.

<b>Termine</b>	<b>Descrizione</b>
QX DNA or RNA Size Marker	Consente la creazione di una tabella di marcatori di riferimento che permette la determinazione delle dimensioni e/o della concentrazione di DNA/RNA.
QX DNA or RNA Wash Buffer	Per il lavaggio delle punte dei capillari, per evitare la contaminazione crociata.
QX Intensity Calibration Marker	Consente la calibrazione dell'intensità del segnale per ogni nuova cartuccia gel.
Sportello campioni	Sportello che fornisce l'accesso al portapiastre per campioni e al portavassoio per tamponi. Questo sportello deve restare chiuso durante il funzionamento del QIAxcel Advanced.
Portapiastre per campioni	Il portapiastre per campioni si trova all'interno del QIAxcel Advanced sotto lo sportello dei campioni. Le piastre o strisce per campioni a 96 pozzetti contenenti i campioni per l'analisi sono situate nel portapiastre per campioni.
Sportello di servizio	Lo sportello di servizio consente l'accesso al filtro di scarico e a un manometro.
Smart key	Questa chiavetta, allegata alla QIAxcel gel cartridge, contiene informazioni sulla cartuccia (cioè identificativo della cartuccia, stato della calibrazione, numero di processi). La smart key dev'essere inserita nell'apposita presa presente sul QIAxcel Advanced per abilitare l'analisi dei campioni.
Presa per smart key	La presa per smart key consente allo strumento QIAxcel Advanced di leggere e visualizzare le informazioni contenute nella smart key.

# Appendici

Le appendici contengono dati tecnici, metodi ed accessori QIAxcel, descrizioni degli algoritmi di analisi dei dati e termini di garanzia.

## Appendice A

### Dati tecnici

QIAGEN si riserva il diritto di modificare le specifiche in qualsiasi momento.

### Condizioni ambientali

#### Condizioni operative

Potenza	100–240 V AC, 50–60 Hz, 360 VA
Tensione nominale del fusibile	4 A (250 V) fusibile ritardato (per 100-240 V CA)
Categoria di sovratensione	II.
Temperatura dell'aria	15–30°C
Umidità relativa	10-75% (non condensante)
Altitudine	Fino a 2000 m
Luogo d'uso	Solo per uso in ambienti chiusi
Livello di inquinamento	2
Classe ambientale	3K2 (IEC 60721-3-3)

#### Condizioni per il trasporto

Temperatura dell'aria	da –25°C a 60°C nella confezione fornita dal produttore
Umidità relativa	Max. 75% (senza condensa)

#### Condizioni per la conservazione

Temperatura dell'aria	da 15°C a 30°C nella confezione fornita dal produttore
Umidità relativa	Max. 75% (senza condensa)

### Dati meccanici e caratteristiche hardware

Dimensioni (sportello chiuso)	Larghezza: 370 mm Altezza: 405 mm Profondità: 555 mm
Dimensioni (sportelli aperti)	Larghezza: 370 mm Altezza: 706 mm Profondità: 555 mm
Peso	27 kg
Capacità	Fino a 96 campioni per processo
Software	I protocolli predefiniti sono forniti con il software QIAxcel ScreenGel fornito in dotazione con il QIAxcel Advanced. I protocolli aggiornati sono disponibili su <a href="http://www.qiagen.com/QIAxcelAdvanced">www.qiagen.com/QIAxcelAdvanced</a> .

### Direttiva sullo smaltimento dei rifiuti elettrici ed elettronici (WEEE)

Questa sezione contiene informazioni sullo smaltimento delle apparecchiature elettriche ed elettroniche a cura dell'utente.

Il simbolo del cassonetto barrato (vedi sotto) indica che questo prodotto non deve essere smaltito con altri rifiuti, ma consegnato a un'azienda di smaltimento autorizzata o a un apposito centro di raccolta per il riciclaggio nel rispetto delle normative e delle leggi locali.

La raccolta differenziata e il riciclaggio dei rifiuti elettronici al momento dello smaltimento garantiscono la conservazione delle risorse naturali e assicurano che il prodotto venga riciclato nel rispetto della tutela della salute dell'uomo e dell'ambiente.



Su richiesta, il riciclaggio può essere effettuato da QIAGEN a un costo supplementare. Nell'Unione Europea QIAGEN provvede al riciclaggio gratuito delle proprie apparecchiature elettroniche marcate WEEE e di eventuali prodotti sostitutivi forniti, conformemente ai requisiti specifici WEEE.

Per riciclare le apparecchiature elettroniche, contattare l'ufficio vendite QIAGEN locale per il modulo di restituzione richiesto. Una volta compilato il modulo, sarete contattati da QIAGEN per informazioni di follow-up al fine di organizzare il ritiro dell'apparecchiatura da smaltire o per proporvi un'offerta individuale.

## Dichiarazione FCC

La "United States Federal Communications Commission" (USFCC) (in 47 CRF 15. 105) ha dichiarato che gli utenti di questo prodotto devono essere informati dei seguenti fatti e circostanze.

Il presente dispositivo è conforme alla sezione 15 della normativa FCC. Il suo funzionamento è soggetto alle due condizioni seguenti: (1) Il presente dispositivo non può causare interferenze nocive e (2) il presente dispositivo deve accettare qualsiasi interferenza ricevuta, incluse le interferenze che possono causare un funzionamento indesiderato.

Questo dispositivo digitale di classe B è conforme alla normativa canadese ICES-003.

La seguente dichiarazione si applica ai prodotti trattati in questo manuale, se non diversamente specificato in questo documento. La dichiarazione per gli altri prodotti sarà riportata sulla relativa documentazione.

**NOTA:** il presente apparecchio è stato testato e riscontrato conforme ai limiti applicabili a un dispositivo digitale di Classe B, ai sensi della sezione 15 della normativa FCC. Questi limiti si propongono di fornire un ragionevole livello di protezione contro le interferenze pericolose in un'installazione residenziale. Questa apparecchiatura genera, usa e può diffondere radiofrequenze e, se non è installata e usata secondo le istruzioni, può causare pericolose interferenze alle radiocomunicazioni. Tuttavia, non sussiste alcuna garanzia che in una particolare installazione non si verifichino interferenze. Qualora la presente apparecchiatura generi interferenze pericolose alla ricezione radiotelevisiva (evento che può essere accertato spegnendo e riaccendendo l'apparecchiatura), l'utente deve tentare di correggere l'interferenza eseguendo una o più operazioni tra quelle indicate di seguito.

- Riorientare o riposizionare l'antenna ricevente.
- Aumentare la distanza tra l'apparecchio e il ricevitore.
- Collegare l'apparecchio a una presa su un circuito diverso da quello al quale è connesso il ricevitore.
- Rivolgersi al rivenditore o ad un tecnico radio/TV esperto per ricevere assistenza.



QIAGEN GmbH, Germany non è da ritenersi responsabile per eventuali interferenze radiotelevisive causate da modifiche non autorizzate del presente apparecchio oppure dalla sostituzione o dal collegamento di cavi di connessione e apparecchi diversi da quelli specificati da QIAGEN GmbH, Germany. L'utente sarà responsabile di correggere le interferenze causate da tali modifiche, sostituzioni o collegamenti non autorizzati.

---

### **Dichiarazione di conformità**

Nome e indirizzo del produttore legale

**QIAGEN GmbH**

**QIAGEN Strasse 1**

**40724 Hilden**

**Germania**

Una Dichiarazione di conformità aggiornata può essere richiesta da QIAGEN Technical Services .

## Appendice B

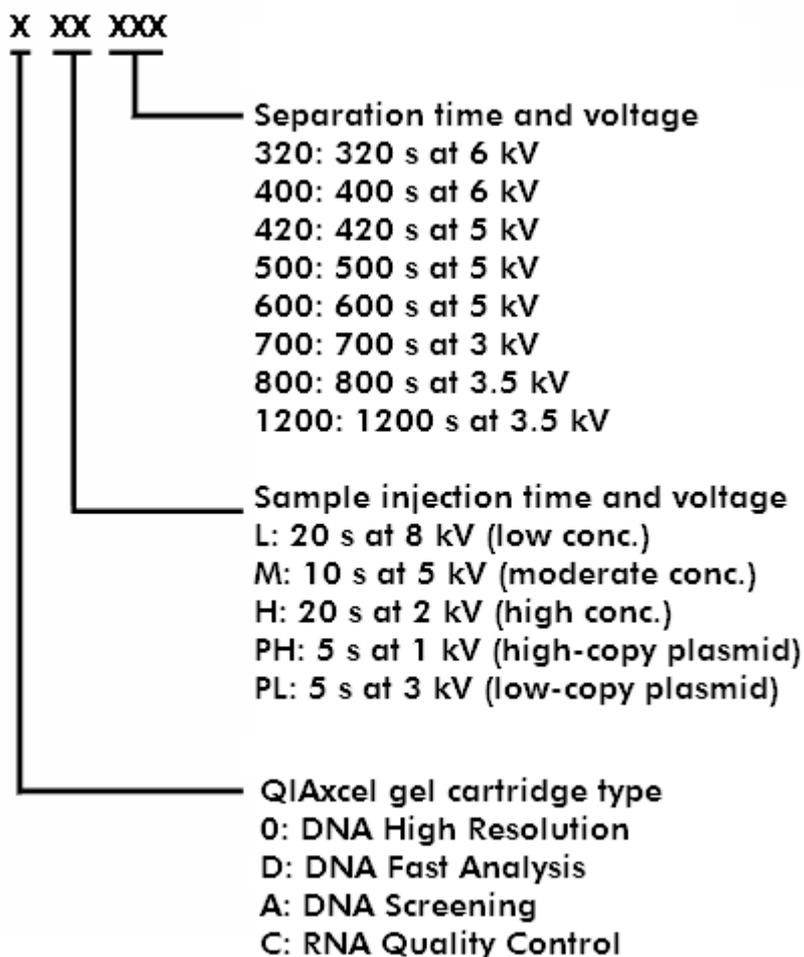
### Metodi QIAxcel Advanced

Un numero di metodi predefiniti è disponibile per ciascun kit QIAxcel. Si osservi che possono essere selezionati solo i metodi disponibili per quel particolare tipo di cartuccia.

**Nota:** se si richiede la creazione di un metodo personalizzato, contattare il servizio di assistenza tecnica QIAGEN.

### Metodi DNA/RNA

Il nome di ogni metodo è una sigla che fornisce informazioni sulla cartuccia QIAxcel Kit/QIAxcel Gel Cartridge da utilizzare, sul tempo e sulla tensione di iniezione del campione e sul tempo e sulla tensione di separazione, come sotto descritto.



Descrizione delle sigle dei nomi dei metodi.

Quello che segue è un elenco completo dei metodi disponibili per ogni tipo di cartuccia di gel QIAxcel e di informazioni relative alle dimensioni associate dei frammenti e alla migliore risoluzione.

### Metodi QIAxcel DNA High Resolution

La cartuccia QIAxcel DNA High Resolution Gel Cartridge è progettata per la genotipizzazione ad alta risoluzione (3-5 bp), per la reazione a catena della polimerasi (Polymerase Chain Reaction, PCR) multiplex e per l'analisi del polimorfismo della lunghezza dei frammenti amplificati e del polimorfismo della lunghezza dei frammenti di restrizione (Amplified Fragment Length Polymorphism/Restriction Fragment Length Polymorphism, AFLP/RFLP) di meno di 20 frammenti. La cartuccia di gel è in grado di separare dimensioni di frammenti che vanno dai 15 bp ai 10 kb. La risoluzione dipende dalle dimensioni del frammento e dal metodo scelto per eseguire il test.

### Linee guida per la scelta del metodo con l'uso del QIAxcel DNA High Resolution Kit

Metodo	Dimensioni del frammento			
	100-500 bp	500 bp – 1 kb	1-5 kb	5-10 kb
	<b>Migliore risoluzione</b>			
OM400*	20 bp	100 bp	500 bp	N/D
OL400†				
OH400‡				
OM500*	10 bp	50 bp	200 bp	N/D
OL500†				
OH500‡				
OM700*	3-5 bp	N/D	N/D	N/D
OL700†				
OH700‡				
OM800*	3-5 bp	N/D	N/D	N/D
OL800†				
OH800‡				
OM1200*	N/D	N/D	500 bp – 1 kb	1- 1,5 kb
OL1200†				
OH1200‡				

\* Consigliamo i metodi OM400, OM500, OM700, OM800 e OM1200 per concentrazioni di DNA di 10–100 ng/μl (ad esempio prodotti PCR amplificati da DNA genomico con 30–40 cicli).

† Consigliamo i metodi OL400, OL500, OL700, OL800 e OL1200 per concentrazioni di DNA <10 ng/μl.

‡ Consigliamo i metodi OH400, OH500, OH700, OH800 e OL1200 per concentrazioni di DNA >100 ng/μl (ad esempio prodotti PCR ad alto rendimento).

### Metodi M

Consigliamo i metodi OM400, OM500, OM700, OM800 e OL1200 per concentrazioni di DNA di 10–100 ng/µl.

<b>Metodo</b>	<b>Tensione di iniezione del campione (kV)</b>	<b>Tempo di iniezione del campione (s)*</b>	<b>Tensione di separazione (kV)</b>	<b>Tempo di separazione (s)</b>
OM400	5	10	6	400
OM500	5	10	5	500
OM700†	5	10	3	700
OM800	5	10	3	800
OM1200	5	10	3,5	1200

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato (minimo 1 s; massimo 60 s). Diminuire il tempo di iniezione se il segnale è saturo, come indicato dai picchi con apice piatto. Aumentare il tempo di iniezione del campione se il segnale è al di sotto dell'impostazione predefinita della soglia del 5%.

† Consigliamo di usare invece il metodo OM800.

#### **Metodi L**

Consigliamo i metodi OL400, OL500, OL700, OL800 e OL1200 per concentrazioni di DNA <10 ng/µl.

<b>Metodo</b>	<b>Tensione di iniezione del campione (kV)</b>	<b>Tempo di iniezione del campione (s)*</b>	<b>Tensione di separazione (kV)</b>	<b>Tempo di separazione (s)</b>
OL400	8	20	6	400
OL500	8	20	5	500
OL700†	8	20	3	700
OL800	8	20	3	800
OL1200	8	20	3,5	1200

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato (minimo 1 s; massimo 60 s). Diminuire il tempo di iniezione se il segnale è saturo, come indicato dai picchi con apice piatto. Aumentare il tempo di iniezione del campione se il segnale è al di sotto dell'impostazione predefinita della soglia del 5%.

† Consigliamo di usare invece il metodo OL800.

## Metodi H

Consigliamo i metodi OH400, OH500, OH700, OH800 e OH1200 per concentrazioni di DNA >100 ng/μl.

<b>Metodo</b>	<b>Tensione di iniezione del campione (kV)</b>	<b>Tempo di iniezione del campione (s)*</b>	<b>Tensione di separazione (kV)</b>	<b>Tempo di separazione (s)</b>
OH400	2	20	6	400
OH500	2	20	5	500
OH700†	2	20	3	700
OH800	2	20	3	800
OH1200	2	20	3,5	1200

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato (minimo 1 s; massimo 60 s). Diminuire il tempo di iniezione se il segnale è saturo, come indicato dai picchi con apice piatto. Aumentare il tempo di iniezione del campione se il segnale è al di sotto dell'impostazione predefinita della soglia del 5%.

† Consigliamo di usare invece il metodo OH800.

**Nota:** i prodotti PCR non purificati contengono deossinucleotidi trifosfato (Deoxynucleotides Triphosphate, dNTP) e primer, che possono contribuire alla densità ottica (Optical Density, OD) e causare una sovrastima della concentrazione di DNA.

## Metodi QIAxcel DNA Screening

Il QIAxcel DNA Screening Kit è progettato per la genotipizzazione a bassa risoluzione (>20 bp), la PCR multiplex a bassa risoluzione, lo screening PCR singolo, il controllo di digestione di DNA plasmidico, il controllo della quantità di DNA plasmidico e oligonucleotidi di DNA e il controllo qualità del DNA genomico (genomic DNA, gDNA). La cartuccia di gel è in grado di separare dimensioni di frammenti che vanno dai 15 bp ai 5 kb. La risoluzione dipende dalle dimensioni del frammento e dal metodo scelto per eseguire il test.

## Linee guida per la scelta del metodo con l'uso del QIAxcel DNA Screening Kit

Metodo	Dimensioni del frammento		
	<500 bp	500 bp – 1 kb	1–5 kb
AM320*	20 bp	100 bp	500 bp
AL320†			
AH320‡			
AM420*	20 bp	100 bp	500 bp
AL420†			
AH420‡			
APH600	Controllo DNA plasmidico non tagliato		
APL600			
AM900	Controllo qualità gDNA		

\* I metodi AM320 e AM420 sono consigliati per concentrazioni di DNA pari a 10–100 ng/μl (ad esempio prodotti PCR [30–40 cicli] amplificati da DNA genomico).

† I metodi AL320 e AL420 sono consigliati per concentrazioni di DNA <10 ng/μl.

‡ I metodi AH320 e AH420 sono consigliati per concentrazioni di DNA >100 ng/μl (ad esempio prodotti PCR ad alto rendimento).

### Metodi M

I metodi AM320 e AM420 sono consigliati per concentrazioni di DNA pari a 10–100 ng/μl, mentre il metodo APH600 è consigliato per DNA plasmidico purificato ad alto numero di copie (50–300 ng/μl) in tampone di eluizione. Il metodo AM900 è consigliato per un controllo qualità visivo del gDNA purificato con l'uso di metodi a base di silice.

Metodo	Tensione di iniezione del campione (kV)	Tempo di iniezione del campione (s) *	Tensione di separazione (kV)	Tempo di separazione (s)
AM320	5	10	6	320
AM420	5	10	5	420
APH600	1	5	6	600
AM900	2	40	3,5	900

### Metodi L

I metodi AL320 e AL420 sono consigliati per concentrazioni di DNA <10 ng/μl, mentre il metodo APL600 è consigliato per DNA plasmidico purificato a basso numero di copie (<50 ng/μl) in tampone di eluizione.

Metodo	Tensione di iniezione del campione (kV)	Tempo di iniezione del campione (s)*	Tensione di separazione (kV)	Tempo di separazione (s)
AL320	8	20	6	320
AL420	8	20	5	420
APL600	3	5	6	600

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato da 5 a 40 secondi per ottenere segnali ottimali. Diminuire il tempo di iniezione se il segnale è saturo, come indicato dai picchi con apice piatto. Aumentare il tempo di iniezione del campione se il segnale è al di sotto dell'impostazione predefinita della soglia del 7%.

#### Metodi H

I metodi AL320 e AL420 sono consigliati per concentrazioni di DNA >100 ng/μl.

Metodo	Tensione di iniezione del campione (kV)	Tempo di iniezione del campione (s)*	Tensione di separazione (kV)	Tempo di separazione (s)
AH320	2	20	6	320
AH420	2	20	5	420

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato da 5 a 40 secondi per ottenere segnali ottimali. Diminuire il tempo di iniezione se il segnale è saturo, come indicato dai picchi con apice piatto. Aumentare il tempo di iniezione del campione se il segnale è al di sotto dell'impostazione predefinita della soglia del 7%.

**Nota:** i prodotti PCR non purificati contengono deossinucleotidi trifosfato (dNTP) e primer, che possono contribuire alla densità ottica (OD) e causare una sovrastima della concentrazione di DNA.

#### Metodi QIAxcel DNA Fast Analysis

La cartuccia QIAxcel DNA Fast Analysis Gel Cartridge è progettata per l'analisi rapida dei frammenti PCR. La cartuccia di gel è in grado di separare frammenti che vanno dai 15 bp ai 3 kb di grandezza.

**Nota:** la QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge, QX DNA Size Marker 50 bp – 1.5 kb e i metodi corrispondenti non sono adatti per la determinazione della concentrazione.

## Metodi da usare con la QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge

Metodo	Tensione di iniezione del campione (kV)	Tempo di iniezione del campione (s)*	Tensione di separazione (kV)	Tempo di separazione (s)
DM80	15	8	15	80
DM80 v2.0†	15	8	15	80
DM150	10	10	10	150
DM190	10	15	10	190

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato (minimo 1 s; massimo 40 s). Per ottenere segnali ottimali consigliamo l'uso di un minimo di 5 s e un massimo di 15 s.

† DM80 v2.0 include un tempo di spurgo più lungo fra un processo e l'altro, migliorando così il livello di background.

## Metodi QIAxcel RNA Quality Control

La cartuccia QIAxcel RNA Quality Control Gel Cartridge è progettata per il controllo qualità dell'RNA totale, dell'RNA complementare (complementary RNA, cRNA), dell'RNA frammentato e del DNA complementare (complementary DNA, cDNA) a singolo filamento.

- Il metodo CM-F-RNA è consigliato per l'uso con RNA frammentato e DNA frammentato a una concentrazione di 250–500 ng/μl.
- Il metodo CM-RNA è consigliato per l'uso con RNA totale a una concentrazione di 300–1000 ng/μl o cRNA a una concentrazione di 100–500 ng/μl.
- Il metodo CL-RNA è consigliato per l'uso con RNA totale a una concentrazione di 50–300 ng/μl o cRNA a una concentrazione <100 ng/μl.

**Nota:** le concentrazioni di RNA e cRNA >1 μg/μl devono essere diluite a 1 μg/μl in acqua DEPC (diethylpyrocarbonate) sterile prima della denaturazione.

Metodo	Tensione di iniezione del campione (kV)	Tempo di iniezione del campione (s)*	Tensione di separazione (kV)	Tempo di separazione (s)
CM-F-RNA	7	20	3	600
CM-RNA	5	20	6	600
CL-RNA	8	20	6	600

---

\* Il tempo di iniezione del campione può essere regolato da 5 a 40 secondi per ottenere segnali ottimali. Diminuire il tempo di iniezione se il segnale è saturo, come indicato dai picchi con apice piatto. Aumentare il tempo di iniezione del campione se il segnale è al di sotto dell'impostazione predefinita della soglia del 7%.

## Appendice C

### Accessori QIAxcel

<b>Prodotto</b>	<b>Contenuto</b>	<b>N° cat.</b>
QIAxcel Advanced Strumento	Sistema automatizzato per l'analisi rapida e completamente automatizzata di frammenti di DNA o per l'analisi qualitativa e quantitativa dell'RNA, software QIAxcel ScreenGel , 1 anno di garanzia su parti e manodopera	9001941
QIAxcel Advanced Priority Package	Strumento per elettroforesi capillare: include Priority Package con computer, software QIAxcel ScreenGel , installazione, corso di formazione, garanzia di 2 anni su parti e manodopera e 2 interventi di manutenzione preventiva	9002124
QIAxcel Advanced Priority Package Plus	Strumento per elettroforesi capillare: include Priority Package Plus con computer, software QIAxcel ScreenGel , installazione, corso di formazione, garanzia di 3 anni su parti e manodopera e 3 interventi di manutenzione preventiva	9002125

### QIAxcel Kits

QIAxcel DNA High Resolution Kit (1200)	QIAxcel DNA High Resolution Cartridge, Buffers, Mineral Oil, QX Intensity Calibration Marker, 12-Tube Strips	929002
QIAxcel DNA Screening Kit (2400)	QIAxcel DNA Screening Cartridge, Buffers, Mineral Oil, QX Intensity Calibration Marker, 12-Tube Strips	929004
QIAxcel DNA Fast Analysis Kit (3000)	QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge, Buffers, Mineral Oil, QX Intensity Calibration Marker, QX DNA Size Marker 50 bp – 1.5 kb, QX Alignment Marker 15 bp/3 kb, 12-Tube Strips	929008
QIAxcel RNA QC Kit v2.0 (1200)	Per 100 processi da 12 campioni: QIAxcel RNA Quality Control Cartridge, Buffers, Mineral Oil, QX Intensity Calibration Marker, QX RNA Alignment Marker, QX RNA Size Marker 200-6000 nt, QX RNA Denaturation Buffer, 12-Tube Strips	929104

### Marcatori dimensionali DNA

QX DNA Size Marker pUC18/HaeIII (50 µl)	Marcatore dimensionale DNA con 9 frammenti: 80-587 bp	929550
---	---	--------

QX DNA Size Marker FX174/HaeIII (50 µl)	Marcatore dimensionale DNA con 11 frammenti: 72–1353 bp	929551
QX DNA Size Marker 100 bp – 2.5 kb (50 µl)	Marcatore dimensionale DNA da 50 µl con 14 frammenti: 100 bp – 2,5 kb	929559
QX DNA Size Marker 25–500 bp v2.0	Marcatore dimensionale DNA da 50 µl con 17 frammenti: 25-500 bp	929560
QX DNA Size Marker 50-800 bp v2.0	Marcatore dimensionale DNA da 50 µl con 11 frammenti: 50-800 bp	929561
QX DNA Size Marker 250 bp – 4 kb v2.0	Marcatore dimensionale DNA da 50 µl con 11 frammenti: 250 bp – 4 kb	929562
QX DNA Size Marker 250 bp – 8 kb v2.0	Marcatore dimensionale DNA da 50 µl con 11 frammenti: 250 bp – 8 kb	929563

#### **Marcatore di allineamento**

QX Alignment Marker 15 bp/600 bp (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 15 bp e 600 bp	929530
QX Alignment Marker 15 bp/1 kb (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 15 bp e 1 kb	929521
QX Alignment Marker 15 bp/3 kb (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 15 bp e 3 kb	929522
QX Alignment Marker 15 bp/10 kb (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 15 bp e 10 kb	929523
QX Alignment Marker 15 bp/5 kb (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 15 bp e 5 kb	929524
QX Alignment Marker 50 bp/1 kb (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 50 bp e 1 kb	929526
QX Alignment Marker 50 bp/5 kb (1.5 ml)	Marcatore di allineamento con frammenti da 50 bp e 5 kb	929529
QX RNA Alignment Marker (1.5 ml)	Marcatore di allineamento RNA da 1,5 ml	929510

#### **Marcatore di calibrazione**

QX Intensity Calibration Marker (600 µl)	600 µl QX Intensity Calibration Marker	929500
--	--	--------

#### **Tamponi**

QX DNA Dilution Buffer (15 ml)	15 ml QX DNA Dilution Buffer	929601
QX RNA Dilution Buffer (15 ml)	15 ml QX RNA Dilution Buffer	929602
QX Separation Buffer (40 ml)	40 ml QX Separation Buffer	929603
QX FA Separation Buffer (40 ml)	40 ml QX Separation Buffer; da usare con le cartucce QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridges	929606

QX Wash Buffer (40 ml)	40 ml QX Wash Buffer	929604
QX Mineral Oil (50 ml)	50 ml QX Mineral Oil	929605

### **Accessori**

QX Cartridge Stand	QX Cartridge Stand	929701
QX Cartridge Stand Cover	QX Cartridge Stand Cover	929707
QX Buffer Tray	QX Buffer Tray	929702
QX 0.2 ml 12-Tube Strip (80)	80 x QX 0.2 ml 12-Tube Strips	929703
QX Multicolor 0.2 ml 12-Tube Strip (80)	80 x QX Multicolor 0.2 ml 12-Tube Strips	929704
QX Nitrogen Cylinder (6)	6 x QX Nitrogen Cylinder	929705
QX Cartridge Purge Tool	QX Cartridge Purge Tool	9241169

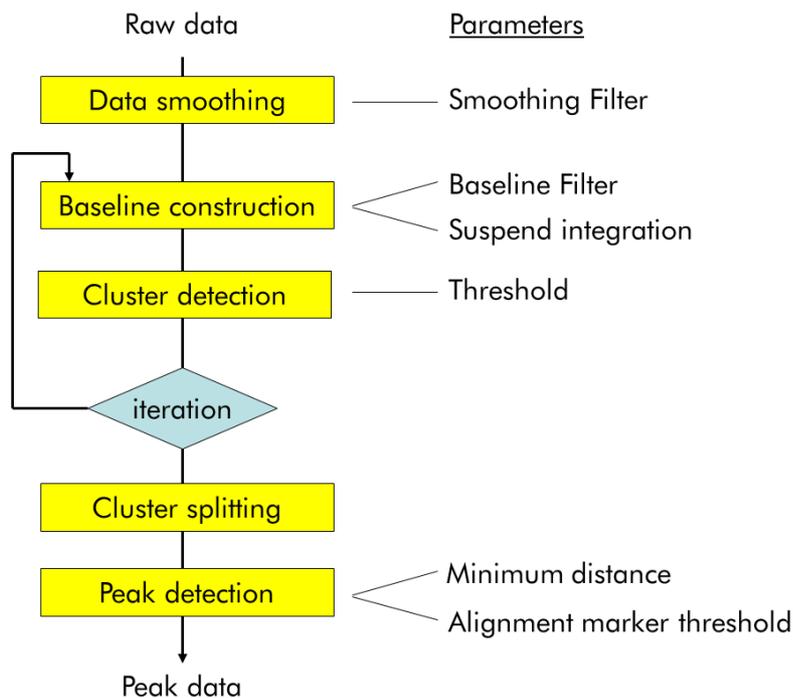
Per le informazioni aggiornate sulla licenza e le clausole di esclusione della responsabilità per i singoli prodotti, consultare il manuale del kit QIAGEN specifico o il manuale utente. I libretti di istruzioni e i manuali utente dei kit QIAGEN sono disponibili sul sito [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com) oppure possono essere richiesti ai servizi di assistenza tecnica QIAGEN o al distributore locale.

## Appendice D

### Descrizione dell'algoritmo per l'analisi del DNA

#### Riepilogo

La figura sottostante mostra un diagramma di flusso dell'algoritmo. Il primo passaggio dell'analisi dei dati è lo smoothing. Successivamente si usa un approccio iterativo per costruire una linea di base. L'obiettivo della costruzione di questa linea di base è rimuovere i picchi in modo efficace ma anche monitorare accuratamente qualsiasi altra interferenza nell'elettroferogramma, come ad esempio il movimento e gli spostamenti della linea di base. Il passo successivo è il rilevamento dei cluster. I cluster sono definiti come sottoinsiemi di dati nell'elettroferogramma in cui vi è una certa differenza minima nel segnale fra i dati effettivi e la linea di base costruita. In questa fase non si fanno distinzioni fra picco singolo o picchi multipli non separati dalla linea di base. La fase successiva consiste nel separare i cluster che contengono più di un picco. Infine si esegue il rilevamento dei picchi reali, in cui vengono determinati l'apice, il punto iniziale, il punto finale e l'area dei picchi.



## Smoothing

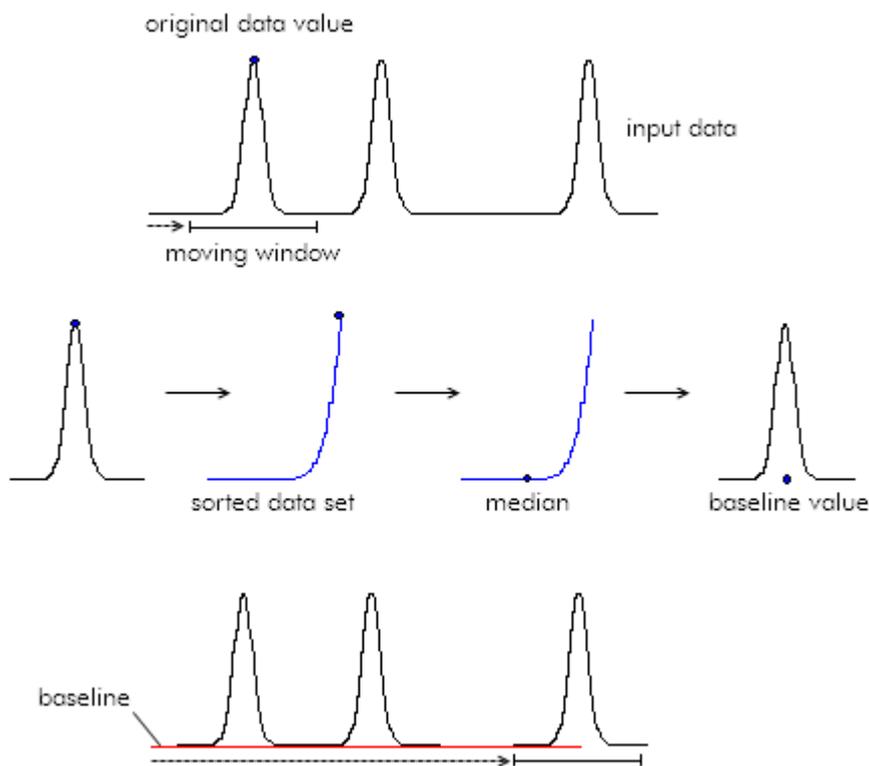
Lo smoothing si esegue per aumentare il rapporto segnale-rumore (Signal-Noise, S/N) dei dati.

Lo smoothing si esegue con un filtro Savitzky-Golay con l'uso di un polinomio di grado 2. Un'eccezione è l'analisi dei campioni di DNA da striscio. Per eseguire lo smoothing di questo tipo di dati si applica un filtro di media ponderata.

## Costruzione della linea di base

La costruzione della linea di base si basa su un filtro della mediana mobile. La mediana di un set di dati è definita come il punto centrale di un insieme di dati disposti in ordine ascendente. Un filtro della mediana mobile elabora i dati inseriti sostituendo ogni punto dati con la mediana di un sottoinsieme di dati intorno a tali punti dati.

Se l'insieme di dati originario è un elettroferogramma, i picchi elettroforetici saranno ordinati verso l'alto perché hanno un'intensità più alta dei picchi di rumore. Ciò significa che finché la grandezza del filtro di mediana mobile (grandezza del filtro) sarà almeno il doppio della larghezza del picco della linea di base, i punti dati di tale picco non raggiungeranno mai il centro (mediana) del sottoinsieme di dati e perciò saranno rimossi.



Matematicamente la costruzione della linea di base con l'uso di un filtro di mediana mobile può essere descritta come segue:

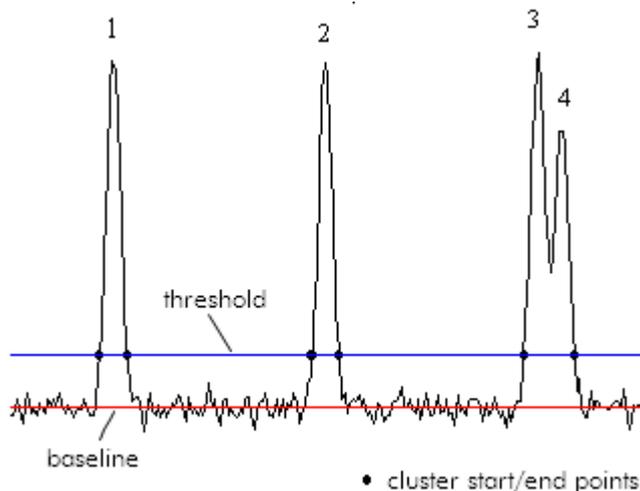
$$B(i) = \underset{x=i-r}{\overset{i+r}{\text{Median}}}(E(x))$$

dove B(i) rappresenta la linea di base costruita, E(i) l'elettroferogramma e r il rank (grado) del filtro.

Un'eccezione è l'analisi dei campioni di DNA da striscio e DNA genomico (genomic DNA, gDNA). La linea di base per l'analisi del DNA da striscio si costruisce prendendo la linea retta risultante dall'interpolazione fra i valori di segnale medi dei range specificati all'inizio e alla fine dell'elettroferogramma. La linea di base per l'analisi del gDNA si costruisce prendendo una linea retta orizzontale che comincia dai valori di segnale medi all'inizio dell'elettroferogramma.

## Rilevamento dei cluster

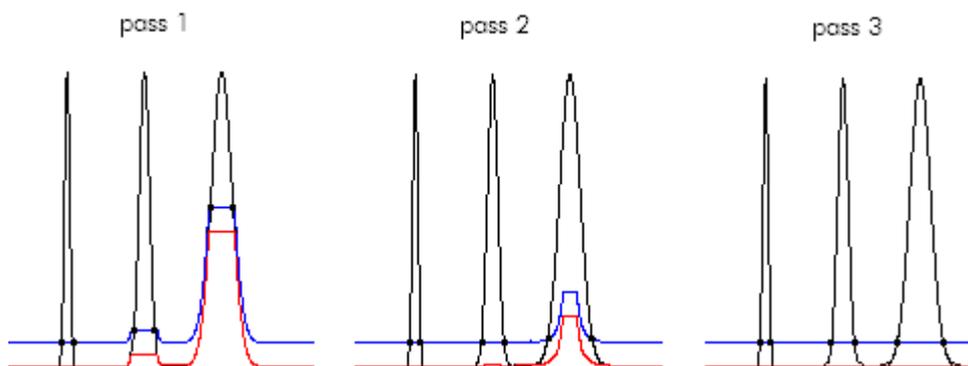
Dopo la costruzione della linea di base, si comincia il rilevamento dei picchi reali. La prima fase di questo processo si chiama rilevamento dei cluster. I cluster sono definiti come regioni, cioè sottoinsiemi di dati, nell'elettroferogramma, in cui è presente una differenza significativa fra i dati grezzi e la linea di base costruita (vedere figura sottostante). Il parametro utilizzato per trovare queste regioni è la Soglia. La soglia è una linea immaginaria parallela alla linea di base costruita, che segna l'altezza minima che un picco deve avere (rispetto alla linea di base costruita) per essere rilevato.



Le regioni identificate possono contenere un picco singolo (picchi 1 e 2), oppure picchi multipli, non separati dalla linea di base (picchi 3 e 4). In ciascuno dei due casi la regione viene chiamata cluster. Inizialmente il punto iniziale e il punto finale del cluster sono contrassegnati come i punti in cui i punti dati grezzi e la linea di soglia dell'altezza di picco minima si intersecano.

## Il processo di iterazione

Come già sottolineato in precedenza, riuscire a rimuovere i picchi durante la costruzione della linea di base dipende dalla grandezza del filtro della linea di base e dalla larghezza dei picchi. In alcuni casi non è facile, o è addirittura impossibile, trovare una grandezza di filtro che garantisca una rimozione ottimale di tutti i picchi nell'elettroferogramma. Questo è il caso in particolare degli elettroferogrammi con una vasta gamma di larghezze di picco (che richiedono un filtro di grandi dimensioni su una linea di base molto instabile) (che richiedono un filtro di piccole dimensioni per preservare con cura queste interferenze della linea di base a relativa alta frequenza). La figura sottostante mostra l'effetto di un filtro di dimensioni troppo piccole sui risultati della costruzione della linea di base.



Nel primo passaggio si rimuove il picco 1, ma nei picchi 2 e 3 la linea di base costruita comincia a seguire il picco. Senza ulteriori modifiche all'algorithm, questo darebbe come risultato un'integrazione del picco non accurata. Per risolvere questo problema l'algorithm è stato reso iterativo. Ciò significa che vengono eseguiti vari passaggi attraverso la costruzione della linea di base e il rilevamento dei cluster, migliorando la linea di base ad ogni passaggio. L'intero processo di iterazione è basato sul fatto che, sebbene la costruzione della linea di base durante il primo passaggio non sia ottimale, di solito si rileva comunque la maggior parte dei cluster.

Il principio del processo di iterazione è basato sull'utilizzo delle informazioni relative ai cluster ottenute nel passaggio precedente, in modo da ottimizzare la costruzione della linea di base nel passaggio in corso. In ogni ulteriore passaggio, analogamente al primo passaggio, si usa un filtro di mediana mobile per la costruzione della linea di base. Tuttavia, prima di determinare la linea di base, si esegue un controllo per verificare la presenza di eventuali sovrapposizioni fra i cluster rilevati nel passaggio precedente e l'attuale posizione del filtro. Se si rileva una sovrapposizione, quei punti vengono cancellati dal sottoinsieme dei dati ordinati, lasciando praticamente soltanto i punti dati corrispondenti ai punti della linea di base nell'elettroferogramma originario. A questo punto il valore per la linea di base viene determinato prendendo la mediana di questo nuovo sottoinsieme di dati abbreviato.

La figura del passaggio 2 mostra la nuova linea di base calcolata dopo due passaggi. Ora la linea di base sotto il picco 2 è corretta ma la linea di base sotto il picco 3 ancora non è corretta. Si osservi tuttavia che il punto iniziale e il punto finale del cluster nel picco 3 si sono spostati molto più vicino alla posizione corretta. Perciò un terzo passaggio rimuoverà una parte più consistente del picco dal sottoinsieme dei dati ordinati, dando origine a una migliore linea di base, come illustrato dopo il passaggio 3.

## Separazione dei cluster

Durante il rilevamento dei cluster vengono determinati i cluster con uno o vari picchi. Nella fase di separazione dei cluster, i cluster con più di un picco vengono separati in vari cluster. Questo facilita il rilevamento dei picchi nella fase successiva. L'algoritmo utilizzato è molto simile all'algoritmo di rilevamento dei cluster. La separazione dei cluster viene eseguita aumentando la soglia in modo iterativo finché i cluster con più di un picco non si decompongono in vari cluster.

**Nota:** durante l'**analisi da striscio** lo scopo è rilevare i picchi dello striscio. Poiché questi picchi sono relativamente ampi, durante il rilevamento dei picchi dello striscio la fase di separazione dei cluster viene omessa.

## Rilevamento dei picchi

Dopo la separazione dei cluster, ogni cluster contiene esattamente un picco. L'apice del picco è determinato considerando il punto dati massimo nel cluster. Quindi vengono determinati l'esatto punto iniziale e l'esatto punto finale del picco. A tale scopo si utilizzano due criteri; il primo situa il punto iniziale e il punto finale di un cluster sul primo punto (in entrambe le direzioni partendo dal centro del cluster) in cui si intersecano i dati grezzi e la linea di base costruita. Il secondo criterio si usa per rilevare i confini del cluster in caso di picchi sovrapposti (dove i dati grezzi e la linea di base non si intersecano). In questo caso il punto iniziale e il punto finale di un picco si trovano sui punti in cui il valore assoluto del primo derivato rimane al di sotto di una certa soglia per vari punti dati. Partendo dal centro del cluster, il punto iniziale effettivo e il punto finale effettivo di un cluster si trovano sui primi punti in cui si compie uno di questi due criteri.

**Nota:** durante il rilevamento dei picchi, i picchi che sono troppo vicini fra loro sono fusi (in base al parametro *Minimum distance* (Distanza minima)). Per garantire il rilevamento dei picchi sovrapposti, verificare che il valore della *distanza minima* sia inferiore alla distanza fra i due picchi. Se necessario, diminuire la *distanza minima*, soprattutto se i picchi sono molto netti e strettamente scissi.

**Nota:** durante l'**analisi da striscio** e l'**analisi del gDNA** i picchi dei marcatori di allineamento vengono rilevati come picchi normali e i picchi dello striscio vengono rilevati come picchi dello striscio. Ad ogni picco dello striscio è stata assegnata una **Area d'interesse**. Inizialmente i confini dell'**Area di interesse** sono impostati sui confini del picco rilevato.

---

## Appendice E

### **Clausola di responsabilità limitata**

QIAGEN è sollevata da tutti gli obblighi ai sensi della presente garanzia nel caso in cui vengano eseguite riparazioni o modifiche da persone diverse dal proprio personale, eccetto i casi in cui la società abbia dato il proprio consenso scritto a eseguire tali riparazioni o modifiche.

Tutti i materiali sostituiti ai sensi della presente garanzia saranno coperti da garanzia unicamente durante il periodo di garanzia originale e in nessun caso oltre la data di scadenza originale della garanzia originale, salvo autorizzazione scritta concessa da un funzionario della Società. I dispositivi di lettura, di interfaccia e il software collegato saranno garantiti solo per il periodo proposto dal fabbricante originale di tali prodotti. Le eventuali dichiarazioni e garanzie rilasciate da chiunque, inclusi i rappresentanti di QIAGEN, che siano incoerenti o in conflitto con la presente garanzia non sono vincolanti per la società salvo accordo scritto e approvato da un funzionario QIAGEN.

## Appendice F

### Informations de sécurité

Avant d'utiliser le QIAxcel Advanced, il est impératif de lire attentivement ce manuel et de porter une attention particulière aux informations de sécurité. Afin de garantir un fonctionnement de l'appareil en toute sécurité et de maintenir l'appareil en bon état de marche, il est impératif de suivre les instructions et les informations de sécurité fournies dans le présent manuel d'utilisation.

Les types d'informations de sécurité suivants sont fournis tout au long du manuel.

<b>WARNING</b> 	La formule « <b>WARNING</b> » ( <b>DANGER</b> ) est utilisée pour avertir des situations pouvant occasionner des dommages corporels à l'utilisateur ou à d'autres personnes. Les détails sur ces circonstances sont donnés dans un encadré semblable à celui-ci.
---	---

<b>CAUTION</b> 	Le terme « <b>CAUTION</b> » ( <b>AVERTISSEMENT</b> ) est utilisé pour signaler les situations susceptibles de provoquer des détériorations de l'instrument ou d'autre matériel. Les détails sur ces circonstances figurent dans un encadré semblable à celui-ci.
--	---

Les conseils donnés dans ce manuel ont pour but de venir compléter les exigences de sécurité habituelles en vigueur dans le pays de l'utilisateur et non de s'y substituer.

### Utilisation appropriée

<b>WARNING/CAUTION</b> 	<b>Risque de dommages corporels et matériels</b> [W1] L'utilisation non convenable du QIAxcel Advanced peut causer des blessures ou des détériorations de l'instrument. Le QIAxcel Advanced ne doit être utilisé que par du personnel qualifié qui a été formé de façon appropriée. Seul un ingénieur du service après-vente QIAGEN est autorisé à effectuer des travaux d'entretien sur le QIAxcel Advanced.
---	--

Procéder à la maintenance comme décrit dans la section « [Maintenance Procedures](#) » (Procédures de Maintenance). QIAGEN facture les réparations rendues nécessaires suite à une maintenance inappropriée.

<b>WARNING/CAUTION</b> 	<b>Risque de dommages corporels et matériels</b> [W2] Le QIAxcel Advanced est trop lourd pour être soulevé par une personne. Pour éviter des dommages corporels ou matériels, ne pas soulever l'instrument tout seul.
---	--

<b>WARNING/CAUTION</b> 	<b>Risque de dommages corporels et matériels</b> [W3] Ne pas essayer de bouger le QIAxcel Advanced pendant son fonctionnement.
---	---

<b>CAUTION</b> 	<b>Détérioration de l'appareil</b> [C1] Eviter de renverser de l'eau ou des substances chimiques sur le QIAxcel Advanced. Tout dommage causé par de l'eau ou des produits chimiques mettra fin à la garantie.
---	--

En cas d'urgence, éteignez le QIAxcel Advanced à l'aide de l'interrupteur d'alimentation situé à l'arrière de l'appareil et débranchez le câble d'alimentation de la prise de courant.

<b>CAUTION</b> 	<b>Détérioration de l'appareil</b> [C2] Si « Pressure 1 » indique « Low » (bas) augmentez la pression du système avant d'utiliser la commande « unlatch » (décrochage). En enlevant la cartouche et la décrochant à pression réduite, l'appareil peut se détériorer.
---	---

<b>CAUTION</b> 	<b>Détérioration de l'instrument</b> [C3] Ne pas utiliser d'eau de Javel, de solvants ou de réactifs contenant des acides, alcalins ou abrasifs pour nettoyer le QIAxcel Advanced
---	--

### Sécurité électrique

Avant l'entretien, débranchez le cordon d'alimentation de la prise de courant.

<b>WARNING</b> 	<b>Risque d'électrocution</b> [W4] Toute interruption du conducteur de protection à l'intérieur ou à l'extérieur de l'instrument, ou
---	---

	<p>déconnexion du raccord du conducteur de protection (terre) peut rendre l'instrument dangereux. Il est interdit d'interrompre volontairement ce conducteur.</p> <p>Présence de tensions mortelles dans l'instrument</p> <p>Lorsque l'instrument est relié au secteur, les raccords peuvent être sous tension, et des parties sous tension peuvent être découvertes en ouvrant des capots ou en retirant des pièces (à l'exception de celles auxquelles il est possible d'accéder manuellement).</p>
--	---

Afin que le QlAxcel Advanced fonctionne de manière satisfaisante et en toute sécurité, conformez-vous aux conseils suivants :

- Le câble d'alimentation doit être relié à une prise d'alimentation disposant d'un conducteur de protection (terre/masse).
- Ne réglez ni ne remplacez aucune pièce interne à l'appareil.
- Ne faites pas fonctionner l'appareil si des capots ou des pièces ont été retirés.
- Si du liquide a été renversé à l'intérieur de l'appareil, éteignez-le et débranchez-le de la prise d'alimentation, puis contactez le support technique de QIAGEN.
- Si vous remplacez les fusibles, ne les remplacer qu'avec des fusibles du même type et équivalent en voltage, comme indiqué sur le fusible.

Si l'appareil devient dangereux sur le plan électrique, empêchez d'autres membres du personnel de l'utiliser et contactez le support technique de QIAGEN ; l'appareil peut être dangereux électriquement si :

- celui-ci ou le câble d'alimentation semble endommagé ;
- il a été stocké dans des conditions défavorables pendant une longue période ;
- il a subi des chocs sévères durant le transport.

## Environnement

### Conditions de fonctionnement

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Atmosphère explosive</b> [W5]</p> <p>Le QlAxcel Advanced n'est pas conçu pour fonctionner dans une atmosphère explosive.</p>
---	--

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Risque d'explosion</b> [W6]</p> <p>Le QIAxcel Advanced a été conçu pour l'utilisation des réactifs et substances fournis par les kits QIAxcel. L'utilisation des réactifs et substances autres que celles indiquées peut entraîner un risque d'incendie ou d'explosion.</p>
---	---

<p><b>CAUTION</b></p> 	<p><b>Détérioration de l'appareil</b> [C4]</p> <p>La lumière directe du soleil peut décolorer des parties de l'instrument et endommager des parties en plastique. Placer le QIAxcel Advanced en dehors de la lumière directe du soleil.</p>
---	---

<p><b>CAUTION</b></p> 	<p><b>Détérioration de la cartouche</b> [C5]</p> <p>Lors de l'utilisation de la cartouche de Gel, ne pas la laisser plus de 15 minutes hors de la position d'arrêt (« Wash park ») du compartiment des liquides. Au-delà de cette période, les extrémités des capillaires risquent de se dessécher et d'influencer le bon fonctionnement de la cartouche. Des capillaires desséchés mettront fin à la garantie.</p> <p>Les extrémités des capillaires sont en verre et sont très fragiles.</p> <p>Faites attention à ne pas heurter une surface dure. Cela pourrait les casser et influencer le bon fonctionnement de la cartouche. Des extrémités de capillaires cassées mettront fin à la garantie.</p>
--	---

<p><b>CAUTION</b></p> 	<p><b>Détérioration de la cartouche</b> [C6]</p> <p>Si vous utilisez moins de 12 échantillons, les puits vides doivent être remplis de tampon de dilution QX ADN ou ARN. Si les puits restent vides, les capillaires non-utilisés peuvent s'abîmer.</p>
---	---

## Produits chimiques

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Substances chimiques dangereuses</b> [W7]</p> <p>Certaines substances chimiques utilisées avec cet instrument peuvent être dangereuses ou peuvent le devenir après que le protocole ait été effectué.</p> <p>Toujours porter des lunettes de protection, deux paires de gants et une blouse de laboratoire.</p> <p>La personne responsable (par exemple le Chef du laboratoire) doit prendre les précautions nécessaires pour assurer la sécurité de l'environnement du poste de travail et pour être sûr que les opérateurs de l'instrument sont suffisamment formés et non exposés à des quantités dangereuses de substances toxiques (chimiques ou biologiques) comme défini dans « Material Safety Data Sheets (MSDS) » ou des documents « OSHA, ACGIH ou COSHH ».</p> <p>L'évacuation des vapeurs et déchets doit être conforme à tous règlements et dispositions légales - au plan national, départemental et local - concernant la santé et la sécurité.</p>
---	---

\* OSHA: Occupational Safety and Health Administration (United States of America).

† ACGIH: American Conference of Government Industrial Hygienists (United States of America).

‡ COSHH: Control of Substances Hazardous to Health (United Kingdom).

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Risque de feu</b> [W8]</p> <p>Lors du nettoyage du QIAxcel Advanced avec un désinfectant à base d'alcool, laisser la porte du QIAxcel Advanced ouverte pour permettre aux vapeurs inflammables de s'évaporer.</p>
---	---

## Mise au rebut des déchets

Les consommables et flacons utilisés peuvent contenir des agents chimiques dangereux. Ces déchets doivent être convenablement collectés et mis au rebut conformément aux règles de sécurité locales.

Pour savoir comment mettre au rebut le QIAxcel Advanced, voir l'annexe A (« [Appendix A](#) »).

## Dangers mécaniques

La porte à cartouche et la porte à échantillons du QIAxcel Advanced doivent être fermées à tout moment pendant l'usage de l'instrument.

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Éléments mobiles</b> [W9]</p> <p>Afin d'éviter tout contact avec les éléments mobiles du QIAxcel Advanced lorsqu'il est en marche, toujours fermer les portes de l'instrument pour les échantillons et pour la cartouche.</p> <p>Si les détecteurs ne fonctionnent pas correctement, contacter le Support Technique QIAGEN.</p>
---	---

### Symboles sur le QIAxcel Advanced

Symbole	Emplacement	Description
	Plaquette à l'arrière de l'appareil	Marquage CE
	Plaquette à l'arrière de l'appareil	Marquage CSA pour le Canada et les Etats-Unis
	Plaquette à l'arrière de l'appareil	Fabricant légal
	Plaquette à l'arrière de l'appareil	Symbole DEEE
	Plaquette à l'arrière de l'appareil	Marquage FCC de la commission fédérale des communications des Etats Unis
	Plaque à l'arrière de l'appareil	Marque RCM pour l'Australie et la Nouvelle-Zélande

## Appendice G

### Sicherheitshinweise

Vor der Inbetriebnahme des QIAxcel Advanced sollten Sie dieses Handbuch sorgfältig durchlesen – beachten Sie insbesondere die Sicherheitshinweise. Die Gebrauchsanweisungen und Sicherheitshinweise im Handbuch müssen befolgt werden, um einen sicheren Betrieb des Geräts zu gewährleisten und das Gerät in einem sicheren Zustand zu erhalten.

In diesem Handbuch werden die folgenden beiden Kategorien von Sicherheitshinweisen verwendet:

<b>WARNING</b> 	<p>„<b>WARNING</b>“ (<b>WARNUNG</b>) weist auf Situationen und Umstände hin, die zu einer Verletzung des Benutzers oder anderer Personen führen können.</p> <p>Nähere Angaben zu der Art der Gefährdung und der Vermeidung solcher Situationen werden in einem Textfeld wie diesem neben der Warnung gemacht.</p>
---	---

<b>CAUTION</b> 	<p>Der Begriff „<b>CAUTION</b>“ (<b>ACHTUNG</b>) weist Sie auf Situationen hin, in denen das Gerät oder andere Geräte beschädigt werden könnten.</p> <p>Nähere Einzelheiten über diese Situationen werden in einem Textfeld wie diesem beschrieben.</p>
---	---

Die in diesem Handbuch enthaltenen Hinweise stellen eine Ergänzung und keinen Ersatz der üblichen Sicherheitsanforderungen dar, die im jeweiligen Land gelten.

### Sachgemäße Handhabung

<b>WARNING/CAUTION</b> 	<p><b>Verletzungsgefahr und Beschädigung des Gerätes</b> [W1]</p> <p>Die unsachgemäße Bedienung des QIAxcel Advanced kann zu einer Verletzung des Benutzers oder zur Beschädigung des Gerätes führen.</p> <p>Die Bedienung des QIAxcel Advanced darf nur durch qualifiziertes Personal, das entsprechend geschult wurde, erfolgen.</p> <p>Die Wartung des QIAxcel Advanced darf nur durch Mitarbeiter des QIAGEN Kundendienstes durchgeführt werden.</p>
---	--

Führen Sie alle Wartungsarbeiten gemäß den Anweisungen in Abschnitt „[Maintenance Procedures](#)“ (Wartungsarbeiten) dieses Handbuchs durch. QIAGEN stellt alle Reparaturen in Rechnung, die nachweislich auf eine inkorrekte Wartung zurückzuführen sind.

<p><b>WARNING/CAUTION</b> </p>	<p><b>Verletzungsgefahr und Beschädigung des Gerätes</b> [W2]</p> <p>Der QIAxcel Advanced ist zu schwer um von einer Person gehoben zu werden. Um Verletzungen des Benutzers oder eine Beschädigung des Gerätes zu vermeiden ist davon abzusehen, das Gerät alleine zu heben.</p>
---	---

<p><b>WARNING/CAUTION</b> </p>	<p><b>Verletzungsgefahr und Beschädigung des Gerätes</b> [W3]</p> <p>Den QIAxcel Advanced während eines Laufes nicht bewegen.</p>
---	---

<p><b>CAUTION</b> </p>	<p><b>Beschädigung des Gerätes</b> [C1]</p> <p>Vermeiden Sie es, Wasser oder Chemikalien auf dem QIAxcel Advanced zu verschütten. Durch verschüttetes Wasser oder verschüttete Chemikalien verursachte Geräteschäden sind nicht durch die Garantie abgedeckt.</p>
--	---

Schalten Sie im Notfall den QIAxcel Advanced aus (der Netzschalter befindet sich auf der Geräterückseite), und ziehen Sie den Netzstecker aus der Steckdose.

<p><b>CAUTION</b> </p>	<p><b>Beschädigung des Gerätes</b> [C2]</p> <p>Wenn die Statusanzeige Pressure 1, Low (niedrig) anzeigt, erhöhen Sie den Systemdruck bevor Sie unlatch (Entriegelung) auslösen. Das Herausnehmen der Kartusche und die Entriegelung bei niedrigem Druck kann das Gerät beschädigen.</p>
---	---

<p><b>CAUTION</b> </p>	<p><b>Beschädigung des Gerätes</b> [C3]</p> <p>Verwenden Sie keine Bleichmittel, Lösungsmittel oder säure-, laugen- oder scheuermittelhaltige Reagenzien zur Reinigung des QIAxcel Advanced.</p>
---	--

### Schutz vor Stromschlag

Ziehen Sie die Netzanschlusskabel aus den Steckdosen, bevor Sie Wartungsarbeiten am Gerät vornehmen.

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Gefährdung durch Elektrizität</b> [W4]</p> <p>Jede Unterbrechung des Schutzleiters (Erdungs- bzw. Masseleiter) im Gerät oder außerhalb des Geräts und jede Abtrennung des Schutzleiters am Anschluss der Netzleitung erhöht die Gefahr eines Stromschlags.</p> <p>Eine absichtliche Unterbrechung der Schutzleiterverbindung ist verboten.</p> <p>Gefährliche Spannung im Gerät</p> <p>Auch in ausgeschaltetem Zustand kann an einigen Stellen im Gerät Netzspannung anliegen, wenn das Gerät am Stromnetz angeschlossen ist. Das Öffnen oder Entfernen von Gehäuseteilen kann diese stromführenden Teile freilegen.</p>
---	--

Um einen zufriedenstellenden und sicheren Betrieb des QIAxcel Advanced zu gewährleisten, befolgen Sie bitte die nachstehenden Hinweise:

- Die Geräte-Netzkabel müssen an Wechselstrom-Steckdosen mit Schutzleiter (Erdungs-/Masseleiter) angeschlossen werden.
- Nehmen Sie im Geräteinneren keine Einstellungen an Teilen vor und wechseln Sie keine Teile aus.
- Nehmen Sie das Gerät nicht in Betrieb, wenn Abdeckungen oder Teile entfernt worden sind.
- Falls Flüssigkeit auf dem Gerät verschüttet wird und in das Gerät läuft, dann schalten Sie es sofort aus, trennen Sie es von der Netzspannung (Stecker ziehen!) und setzen Sie sich mit dem Technischen Service von QIAGEN in Verbindung.
- Beim Austausch der Netzsicherung ersetzen Sie diese nur durch eine desselben Typs und der Stromstärke, die auf dem Etikett/Typenschild angegeben ist.
- Falls die elektrische Sicherheit bei der Bedienung des Geräts nicht mehr gewährleistet werden kann, muss das Gerät gegen unbefugte oder unabsichtliche Benutzung gesichert werden. Kontaktieren Sie anschließend den Technischen Service von QIAGEN. Die elektrische Sicherheit des Geräts ist nicht mehr gegeben, wenn:
  - das Gerät oder das Netzkabel beschädigt erscheint;
  - das Gerät längere Zeit unter ungünstigen Bedingungen gelagert wurde;
  - das Gerät unsachgemäß transportiert worden ist.

## Umgebungsbedingungen

### Betriebsbedingungen

<b>WARNING</b> 	<b>Explosionsfähige Atmosphären</b> [W5] Der QIAxcel Advanced darf nicht in explosionsfähigen Atmosphären betrieben werden.
---	--

<b>WARNING</b> 	<b>Explosionsgefahr</b> [W6] Der QIAxcel Advanced ist ausschließlich mit Reagenzien und Substanzen aus den QIAxcel Kits zu benutzen. Die Benutzung von anderen Reagenzien oder Substanzen kann Feuer oder eine Explosion auslösen.
---	---

<b>CAUTION</b> 	<b>Beschädigung des Gerätes</b> [C4] Direktes Sonnenlicht kann Teile des Gerätes bleichen und Plastikteile schädigen. Der QIAxcel Advanced darf nicht ins direkte Sonnenlicht gestellt werden.
---	---

<b>CAUTION</b> 	<b>Beschädigung der Kartusche</b> [C5] Die Gel Cartridge sollte nicht länger als 15 Minuten außerhalb der Parkposition (Wash park) des Solution Trays aufbewahrt werden. Wird dieser Zeitrahmen überschritten, trocknen die Spitzen der Kapillaren aus. Ausgetrocknete Kapillarspitzen sind nicht durch die Garantie abgedeckt.  Die Kapillarspitzen sind aus Glas und sehr zerbrechlich. Achten Sie darauf, die Spitzen nicht auf harte Oberflächen aufzusetzen. Dadurch können die Kapillaren brechen und damit die Funktion der Cartridge beeinträchtigen. Zerbrochene Kapillarspitzen sind nicht durch die Garantie abgedeckt.
---	---

<b>CAUTION</b> 	<p><b>Beschädigung der Kartusche</b> [C6]</p> <p>Wenn weniger als 12 Proben verarbeitet werden, füllen Sie die leeren Probenbehältern mit QX DNA Verdünnungspuffer oder QX RNA Verdünnungspuffer. Andernfalls können Schäden an den kapillaren Kanälen entstehen.</p>
---	---

## Chemikalien

<b>WARNING</b> 	<p><b>Gefährliche Chemikalien</b> [W7]</p> <p>Einige der in Verbindung mit diesem Gerät verwendeten Chemikalien sind gesundheitsgefährdend oder können nach Beendigung eines Protokoll-Laufs gesundheitsgefährdend werden. Es sollten immer Sicherheitsbrille, zwei Paar Handschuhe und ein Laborkittel getragen werden. Der Betreiber der Anlage ist für die Gewährleistung der Sicherheit am Arbeitsplatz verantwortlich. Er hat sicherzustellen, dass die Bediener des Gerätes ausreichend geschult sind und nicht gesundheitsgefährdenden Konzentrationen toxischer Substanzen (chemischer oder biologischer) ausgesetzt sind, so wie dies in den Sicherheitsdatenblättern oder in anderen zu beachtenden Dokumenten festgelegt ist.</p> <p>Bei der Behandlung von Abluft und bei der Abfallbeseitigung sind alle gesetzlichen Regelungen zur Gesundheit und Sicherheit auf nationaler, regionaler und lokaler Ebene zu berücksichtigen.</p>
---	--

\* OSHA: Occupational Safety and Health Administration (United States of America).

† ACGIH: American Conference of Government Industrial Hygienists (United States of America).

‡ COSHH: Control of Substances Hazardous to Health (United Kingdom).

<b>WARNING</b> 	<p><b>Feuergefahr</b> [W8]</p> <p>Beim Reinigen des QIAxcel Advanced mit einem auf Alkohol basierendem Desinfektionsmittel muss die Tür des QIAxcel Advanced offen gelassen werden, damit die brennbaren Dämpfe entweichen können.</p>
---	--

## Entsorgen von Abfällen

Benutzte Verbrauchsartikel und Behälter könnten gefährliche Chemikalien enthalten. Derartige Abfälle müssen gesammelt und gemäß den geltenden kommunalen Sicherheitsbestimmungen entsorgt werden.

Weitere Informationen zur Entsorgung vom QIAxcel Advanced finden Sie im Anhang A („[Appendix A](#)“).

## Gefahren durch mechanische Teile

Die Klappen für den Proben- und Cartridge-Einsatz des QIAxcel Advanced müssen während des Betriebs geschlossen sein.

<p><b>WARNING</b></p> 	<p><b>Bewegliche Geräteteile</b> [W9]</p> <p>Um jeglichen Kontakt mit beweglichen Geräteteilen während des Laufes zu vermeiden, darf der QIAxcel Advanced nur benutzt werden, wenn die Klappen für den Proben- und Cartridge-Einsatz geschlossen sind. Sollten die Sensoren nicht ordnungsgemäß funktionieren, kontaktieren Sie bitten den Technischen Service von QIAGEN.</p>
---	--

## Symbole auf dem QIAxcel Advanced

Symbol	Fundstelle	Beschreibung
	Plakette auf der Rückseite des Gerätes	CE-Zeichen
	Plakette auf der Rückseite des Gerätes	CSA-Zeichen für Kanada und die USA
	Plakette auf der Rückseite des Gerätes	Hersteller i.S.d. Gesetzes
	Plakette auf der Rückseite des Gerätes	WEEE-Zeichen
	Plakette auf der Rückseite des Gerätes	FCC Markierung der Federal Communications Kommission der USA
	Plakette auf der Rückseite des Gerätes	RCM-Zeichen für Australien und Neuseeland

## Appendice H

### Condizioni di licenza

#### La licenza DotNetZip

QlAxcel ScreenGel utilizza la libreria DotNetZip, versione 1.9.1.8, che è concessa in licenza ai sensi della Microsoft Public License (Ms-PL).

Microsoft Public License (Ms-PL)

Questa licenza regola l'uso del software associato, la libreria DotNetZip ("il software"). L'uso del software implica l'accettazione della presente licenza. Qualora l'utente non accetti la licenza, non deve utilizzare il software.

#### 1. Definizioni

I termini "riprodurre", "riproduzione", "opere derivate" e "distribuzione" hanno lo stesso significato che assumono nel contesto della legge americana sul copyright.

Per "contributo" si intende il software originale o qualsiasi aggiunta o variazione apportata al software.

Per "autore" si intende qualsiasi persona che distribuisca il proprio contributo ai sensi della presente licenza.

Per "brevetti concessi in licenza" si intendono le rivendicazioni di brevetto di un autore che hanno diretta attinenza con il suo contributo.

#### 2. Concessione di diritti

(A) Concessione di copyright - In conformità alle presenti condizioni di licenza, incluse le condizioni e limitazioni di licenza riportate nella sezione 3, ogni autore concede al licenziatario una licenza di copyright non esclusiva, valida in tutto il mondo e a titolo gratuito per riprodurre il proprio contributo, preparare opere derivate e distribuire il contributo o le eventuali opere derivate create dal licenziatario.

(B) Concessione di brevetto - In conformità alle presenti condizioni di licenza, incluse le condizioni e limitazioni di licenza riportate nella sezione 3, ogni autore concede al licenziatario una licenza non esclusiva, valida in tutto il mondo e a titolo gratuito, relativa ai propri brevetti concessi in licenza, per produrre, far produrre, utilizzare, vendere, offrire in vendita, importare e/o disporre in altro modo del suo contributo nel software o delle relative opere derivate.

#### 3. Condizioni e limitazioni

(A) Nessuna licenza relativa ai marchi - La presente licenza non concede al licenziatario il diritto di usare il nome, il logo o i marchi commerciali di alcun autore.

(B) In caso di rivendicazione di un brevetto nei confronti di un autore in merito a brevetti che si ritengono violati dal software, la licenza di brevetto concessa da tale autore per il software cessa automaticamente.

(C) Se distribuisce qualsiasi componente del software, il licenziatario è tenuto a mantenere tutte le informazioni su copyright, brevetti, marchi e attribuzioni presenti nel software.

(D) La distribuzione di qualsiasi componente del software sotto forma di codice sorgente è consentita al licenziatario solo ai sensi della presente licenza, includendo una copia completa della presente licenza con la distribuzione. Il licenziatario può distribuire i componenti del software sotto forma di codice oggetto o compilato solo ai sensi di una licenza che sia conforme alle condizioni della presente licenza.

(E) Il software viene concesso in licenza "così com'è". Il licenziatario si assume i rischi legati al suo utilizzo. Gli autori non concedono garanzie di alcun tipo, né condizioni esplicite. La presente licenza non modifica gli eventuali ulteriori diritti dei consumatori riconosciuti al licenziatario dalla legge locale. Nella misura massima consentita dalla legge locale del licenziatario, gli autori escludono le garanzie implicite di commerciabilità, idoneità per uno scopo specifico e non violazione di diritti altrui.

Le seguenti licenze regolano l'uso del software associato, Libreria DotNetZip ("il software"). L'uso del software implica l'accettazione di queste licenze. Qualora l'utente non accetti la licenza, non deve utilizzare il software.

Il codice ZLIB utilizzato, incluso in Ionic.Zlib.dll e Ionic.Zip.dll è un codice modificato, basato su jzlib.

La nota seguente è applicabile a jzlib:

-----  
Copyright (c) 2000,2001,2002,2003 ymnk, JCraft,Inc. Tutti i diritti riservati.

La redistribuzione e l'utilizzo in formato sorgente e formato binario, con o senza modifiche, sono consentiti purché siano rispettate le seguenti condizioni:

1. La redistribuzione del codice sorgente deve conservare la nota sul copyright di cui sopra, questo elenco di condizioni e la seguente esclusione di responsabilità.

2. Le redistribuzioni in formato binario devono riprodurre la nota sul copyright di cui sopra, questo elenco di condizioni e la seguente esclusione di responsabilità nella documentazione e/o negli altri materiali forniti con la distribuzioni.

3. I nomi degli autori non possono essere usati per sostenere o promuovere prodotti derivati da questo software senza apposita autorizzazione concessa precedentemente per iscritto.

QUESTO SOFTWARE VIENE FORNITO "COSÌ COM'È" E TUTTE LE GARANZIE ESPLICITE O IMPLICITE, COMPRESI, A TITOLO ESEMPLIFICATIVO E NON ESAUSTIVO, LE GARANZIE IMPLICITE DI COMMERCIALIZZABILITÀ E IDONEITÀ A UNO SCOPO PARTICOLARE, ESCLUDONO OGNI RESPONSABILITÀ. IN NESSUN CASO JCRAFT, INC. O NESSUNO DEGLI AUTORI DI QUESTO SOFTWARE SARANNO RESPONSABILI DI EVENTUALI DANNI DIRETTI, INDIRETTI, INCIDENTALI, SPECIALI, ESEMPLARI O CONSEGUENZIALI (COMPRESI, A TITOLO ESEMPLIFICATIVO E NON ESAUSTIVO, LA FORNITURA DI BENI O SERVIZI SOSTITUTIVI; LA PERDITA DI UTILIZZO, DATI O PROFITTI; O L'INTERRUZIONE DEGLI AFFARI) O COMUNQUE CAUSATI E SECONDO OGNI DEFINIZIONE DI RESPONSABILITÀ, CHE SIA IN CONTRATTO, RESPONSABILITÀ OGGETTIVA O ILLECITO (COMPRESA NEGLIGENZA O ALTRO) DERIVANTE IN QUALSIASI MODO DALL'USO DI QUESTO SOFTWARE, ANCHE SE AVVISATI DELLA POSSIBILITÀ DI TALI DANNI.

-----  
jzlib è basato su zlib-1.1.3.

La nota seguente è applicabile a zlib:

-----  
Copyright (C) 1995-2004 Jean-loup Gailly e Mark Adler

Il software ZLIB viene fornito 'così com'è', senza alcuna garanzia esplicita o implicita. In nessun caso gli autori saranno ritenuti responsabili di eventuali danni derivanti dall'utilizzo di questo software.

È permesso a chiunque di utilizzare questo software per qualsiasi scopo, incluse le applicazioni commerciali, e di modificarlo e ridistribuirlo liberamente, fatte salve le seguenti restrizioni:

1. L'origine di questo software non deve essere travisata; l'Utente non deve sostenere di aver scritto il software originale. Se si utilizza questo software in un prodotto, sarebbe gradito, benché non obbligatorio, un riconoscimento nella relativa documentazione.

2. Eventuali versioni del codice sorgente modificate devono essere chiaramente contrassegnate come tali e non possono essere spacciate per il software originale.

3. La presente avvertenza non può essere rimossa o modificata da qualsiasi distribuzione del codice sorgente.

Jean-loup Gailly [jloup@gzip.org](mailto:jloup@gzip.org)

---

Mark Adler madler@alumni.caltech.edu

-----

Il codice usato BZIP2 incluso in Ionic.BZip2.dll e Ionic.Zip.dll è un codice modificato, basato sul codice bzip2 code nella libreria compressa Apache Commons.

L'originale BZip2 è stato creato da Julian Seward ed è concesso in licenza ai sensi della licenza BSD.

La seguente licenza è applicabile al codice Apache:

```
-----  
/*  
* Concesso in licenza alla Apache Software Foundation (ASF) ai sensi di uno  
* o vari contratti di licenza per autori. Consultare il file NOTICE  
* distribuito con questa opera per ulteriori informazioni  
* relative alla proprietà del copyright. La ASF concede in licenza questo file  
* al licenziatario ai sensi della Licenza Apache, Versione 2.0 (la  
* "Licenza"); il licenziatario non può usare questo file se non in conformità  
* con la Licenza. Una copia della Licenza è disponibile all'indirizzo:  
*  
* http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0  
*  
* Se non richiesto dalle leggi vigenti o concordato per iscritto,  
* il software distribuito ai sensi della Licenza è distribuito  
* "COSÌ COM'È", SENZA GARANZIE O CONDIZIONI DI ALCUN  
* GENERE, né esplicite né implicite. Consultare la Licenza per il  
* testo specifico che disciplina le autorizzazioni e le limitazioni  
* previste dalla medesima.  
*/
```

### La licenza LibSVM

QlAxcel ScreenGel utilizza il LibSVM che è concesso in licenza ai sensi del seguente copyright:

Copyright (c) 2000-2012 Chih-Chung Chang e Chih-Jen Lin  
Tutti i diritti riservati.

La redistribuzione e l'utilizzo in formato sorgente e in formato binario, con o senza modifiche, sono consentiti purché si rispettino le seguenti condizioni:

1. La redistribuzione del codice sorgente deve conservare la nota sul copyright di cui sopra, questo elenco di condizioni e la seguente esclusione di responsabilità.
2. Le redistribuzioni in formato binario devono riprodurre la nota sul copyright di cui sopra, questo elenco di condizioni e la seguente esclusione di responsabilità nella documentazione e/o negli altri materiali forniti con la distribuzioni.
3. I nomi dei titolari del copyright e i nomi degli autori non possono essere usati per sostenere o promuovere prodotti derivati da questo software senza apposita autorizzazione concessa precedentemente per iscritto.

QUESTO SOFTWARE VIENE FORNITO DAI TITOLARI DEL COPYRIGHT E DAGLI AUTORI "COSÌ COM'È" E TUTTE LE GARANZIE ESPLICITE O IMPLICITE, COMPRESE, A TITOLO ESEMPLIFICATIVO E NON ESAUSTIVO, LE GARANZIE IMPLICITE DI COMMERCIALIZZABILITÀ E IDONEITÀ A UNO SCOPO PARTICOLARE, ESCLUDONO OGNI RESPONSABILITÀ. IN NESSUN CASO IL FIDUCIARIO O GLI AUTORI SARANNO RESPONSABILI DI EVENTUALI DANNI DIRETTI, INDIRETTI, INCIDENTALI, SPECIALI, ESEMPLARI O CONSEGUENZIALI (COMPRESI, A TITOLO ESEMPLIFICATIVO E NON ESAUSTIVO, LA FORNITURA DI BENI O SERVIZI SOSTITUTIVI; LA PERDITA DI UTILIZZO, DATI O PROFITTI; O L'INTERRUZIONE DEGLI AFFARI) O COMUNQUE CAUSATI E SECONDO OGNI DEFINIZIONE DI RESPONSABILITÀ, CHE SIA PREVISTA DA CONTRATTO, RESPONSABILITÀ OGGETTIVA O ILLECITO (COMPRESA NEGLIGENZA O ALTRO) DERIVANTE IN QUALSIASI MODO DALL'USO DI QUESTO SOFTWARE, ANCHE SE AVVISATI DELLA POSSIBILITÀ DI TALI DANNI.

### **La licenza LinqToExcel**

QlAxcel ScreenGel utilizza la libreria LinqToExcel, versione 1.7.1, che è concessa in licenza sotto il copyright della MIT License (MIT):

Copyright (c) 2008-2013 Paul Yoder

Con la presente si concede gratuitamente il permesso, a tutte le persone che ottengano una copia di questo software e dei file di documentazione associati (il "Software"), di utilizzare il Software senza restrizioni e senza limitazione dei diritti di usare, copiare, modificare, fondere, pubblicare, distribuire, concedere in sub-licenza e/o vendere copie del Software e di consentire alle persone a cui viene fornito il Software di fare lo stesso, purché si rispettino le seguenti condizioni:

La nota sul copyright di cui sopra e questa nota di autorizzazione dovranno essere incluse in tutte le copie o parti sostanziali del Software.

IL SOFTWARE VIENE FORNITO "COSÌ COM'È", SENZA GARANZIA DI ALCUN GENERE, NÉ ESPLICITA NÉ IMPLICITA, COMPRESE, A TITOLO ESEMPLIFICATIVO E NON ESAUSTIVO, LE GARANZIE DI COMMERCIALIZZABILITÀ, IDONEITÀ A UN PARTICOLARE SCOPO E INVIOLABILITÀ. IN NESSUN CASO GLI AUTORI O I TITOLARI DEL COPYRIGHT SARANNO RESPONSABILI DI EVENTUALI RISARCIMENTI, DANNI O ALTRE RESPONSABILITÀ IN UN'ESECUZIONE DI CONTRATTO, ILLECITO O ALTRO DERIVANTE DAL SOFTWARE O DALL'USO O DA ALTRE COSE LEGATE AL SOFTWARE.

### **La licenza iTextSharp e la licenza Remotion**

QlAxcel ScreenGel utilizzano la libreria "iTextSharp", versione 4.1.7.0, e la libreria Remotion, versione 1.13.52.2, che sono concesse in licenza ai sensi della GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE, versione 3.

GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE  
Versione 3, 29 giugno 2007

---

Copyright (C) 2007 Free Software Foundation, Inc. <<http://fsf.org/>>  
Chiunque è autorizzato a copiare e distribuire copie testuali del presente documento di licenza ma non è consentito apportare alcuna modifica.

Questa versione della licenza GNU Lesser General Public License include i termini e le condizioni della versione 3 della GNU General Public License, integrata con le autorizzazioni aggiuntive elencate di seguito.

## 0. Definizioni aggiuntive

Come utilizzato nel presente contesto, il termine "la presente licenza" si riferisce alla versione 3 della licenza GNU Lesser General Public License, mentre il termine "GNU GPL" si riferisce alla versione 3 della licenza GNU General Public License.

"La libreria" si riferisce a un lavoro coperto governato dalla presente licenza, differente da un'applicazione o da un lavoro combinato come definiti nel seguito.

Una "applicazione" è qualsiasi lavoro che fa uso di un'interfaccia fornita dalla libreria ma che non è altrimenti basato sulla libreria. Definire una sottoclasse di una classe definita dalla libreria è considerato un modo di utilizzare un'interfaccia fornita dalla libreria.

Un "lavoro combinato" è un lavoro prodotto combinando o collegando un'applicazione con la libreria. La particolare versione della libreria con cui il lavoro combinato è stato realizzato prende anche il nome di "versione collegata".

Il "sorgente corrispondente minimo" di un lavoro combinato indica il sorgente corrispondente per il lavoro combinato, a eccezione di qualsiasi codice sorgente per porzioni del lavoro combinato che, considerate isolatamente, sono basate sull'applicazione e non sulla versione collegata.

Il "codice dell'applicazione corrispondente" di un lavoro combinato indica il codice oggetto e/o il codice sorgente dell'applicazione, incluso qualsiasi dato e programma di utilità necessario per riprodurre il lavoro combinato dall'applicazione, ma escluse le librerie di sistema e il lavoro combinato.

### 1. Eccezione alla sezione 3 della GNU GPL

È possibile trasferire un lavoro coperto dalle sezioni 3 e 4 della presente licenza senza essere soggetti alla sezione 3 della GNU GPL.

### 2. Trasferire versioni modificate

Se si modifica una copia della librerie e, nelle proprie modifiche, un servizio fa riferimento a una funzione o a dati che devono essere forniti da un'applicazione che utilizza il servizio (in modo diverso che come argomento passato quando il servizio viene invocato), allora è possibile trasferire una copia della versione modificata:

a) ai sensi della presente licenza, a condizione che si faccia uno sforzo in buona fede per garantire che, nel caso l'applicazione non fornisca la funzione o i dati, il servizio funzioni comunque e realizzi qualsiasi parte del proprio scopo rimanga significativa; oppure

b) ai sensi della GNU GPL, con nessuna delle autorizzazioni aggiuntive della presente licenza applicabile a tale copia.

### 3. Codice oggetto che incorpora materiale dei file di intestazione della libreria

Il codice sotto forma di codice oggetto di un'applicazione può incorporare materiale di un file di intestazione che fa parte della libreria. È possibile trasferire tale codice oggetto secondo termini di propria scelta a condizione che, se il materiale incorporato non è limitato a parametri numerici, layout o funzioni di accesso di strutture dati oppure piccole macro, funzioni in linea e modelli (di lunghezza pari o inferiore a dieci righe), si eseguano entrambe le seguenti azioni:

a) fornire con ogni copia del codice oggetto un avviso evidente del fatto che la libreria viene utilizzata e che la libreria e il suo utilizzo sono coperti dalla licenza;

b) corredare il codice oggetto con una copia della GNU GPL e del presente documento di licenza.

### 4. Lavori combinati

È possibile trasferire un lavoro combinato secondo termini di propria scelta che, presi nel loro complesso, non restringano la modifica delle porzioni della libreria contenute nel lavoro combinato e il reverse engineering per la correzione degli errori di tali modifiche, se inoltre si esegue ognuna delle seguenti azioni:

a) fornire con ogni copia del lavoro combinato un avviso evidente del fatto che la libreria viene utilizzata e che la libreria e il suo utilizzo sono coperti dalla licenza;

b) corredare il lavoro combinato con una copia della GNU GPL e del presente documento di licenza;

c) per un lavoro combinato che visualizza avvisi di diritto d'autore durante l'esecuzione, includere l'avviso di diritto d'autore per la libreria tra tali avvisi, come anche un riferimento che rimanda l'utilizzatore alle copie della GNU GPL e del presente documento di licenza;

d) eseguire una delle seguenti azioni:

0) trasferire il sorgente corrispondente minimo ai sensi della presente licenza e il codice di applicazione corrispondente in una forma adeguata e secondo termini consentiti, affinché l'utente possa ricombinare o ricollegare l'applicazione con una versione modificata della versione collegata per produrre un lavoro combinato modificato, nel modo specificato dalla sezione 6 della GNU GPL per trasferire il sorgente corrispondente.

1) Utilizzare un meccanismo di condivisione della libreria appropriato per il collegamento alla libreria. Un meccanismo appropriato è un meccanismo che (a) in fase di esecuzione utilizza una copia della libreria già presente nel sistema informatico dell'utilizzatore e (b) funziona adeguatamente con una versione modificata della libreria che sia compatibile dal punto di vista dell'interfaccia con la versione collegata.

e) Fornire informazioni sull'installazione, ma solo se è altrimenti richiesto di fornire tali informazioni ai sensi della sezione 6 della GNU GPL e solo nella misura che tali informazioni sono necessarie a installare ed eseguire una versione modificata del lavoro combinato prodotto ricombinando o ricollegando l'applicazione con una versione modificata della versione collegata. (Se si utilizza l'opzione 4d0, le informazioni per l'installazione devono accompagnare il sorgente corrispondente minimo e il codice dell'applicazione corrispondente. Se si utilizza l'opzione 4d1, le informazioni per l'installazione devono essere fornite nel modo specificato dalla sezione 6 della GNU GPL per trasferire il sorgente corrispondente.)

## 5. Librerie combinate

È possibile collocare servizi di libreria che sono un lavoro basato sulla libreria accanto, in una singola libreria, ad altri servizi di libreria che non sono applicazioni e non sono coperti dalla presente licenza, nonché trasferire una libreria combinata in tal modo secondo termini di propria scelta, se si eseguono entrambe le seguenti azioni:

a) corredare la libreria combinata con una copia dello stesso lavoro basato sulla libreria, non combinata con altri servizi di libreria, trasferita ai sensi della presente licenza;

b) fornire un avviso evidente con la libreria combinata del fatto che parte di essa è un lavoro basato sulla libreria e spiegando dove è possibile trovare la parte non combinata allegata dello stesso lavoro.

## 6. Versioni rivedute della licenza GNU Lesser General Public License

La Free Software Foundation potrebbe pubblicare versioni rivedute e/o nuove versioni della licenza GNU Lesser General Public License di tanto in tanto. Tali nuove versioni saranno simili nello spirito generale alla presente versione, ma potrebbero differire nei dettagli o trattare nuovi problemi o questioni.

A ogni versione è assegnato un numero di versione distintivo. Se la libreria come è stata ricevuta specifica che a essa si applica un certo numero di versione della licenza GNU Lesser General Public License o "qualsiasi versione successiva", si ha l'opzione di seguire i termini e le condizioni o di tale versione pubblicata o di qualsiasi versione successiva pubblicata da Free Software Foundation. Se la libreria come è stata ricevuta non specifica un numero di versione della licenza GNU Lesser General Public License, è possibile scegliere qualsiasi versione della licenza GNU Lesser General Public License pubblicata da Free Software Foundation.

Se la libreria come è stata ricevuta specifica che un procuratore può decidere se le future versioni della licenza GNU Lesser General Public License si applicheranno, la dichiarazione pubblica da parte di tale procuratore dell'accettazione di qualsiasi versione è un'autorizzazione permanente per la scelta di tale versione per la libreria.

## La Licenza Log4Net e la Licenza Stateless

QlAxcel ScreenGel utilizzano la libreria Log4Net, versione 1.2.11.0, e la libreria Stateless, versione 2.2.1.1, che sono concesse in licenza ai sensi della Licenza Apache.

Licenza Apache  
Versione 2.0, gennaio 2004  
<http://www.apache.org/licenses/>

### TERMINI E CONDIZIONI PER L'USO, LA RIPRODUZIONE E LA DISTRIBUZIONE

#### 1. Definizioni.

Con il termine "Licenza" si intendono i termini e le condizioni per l'uso, la riproduzione e la distribuzione secondo quanto definito nelle Sezioni da 1 a 9 del presente documento.

Il termine "Licenziante" indica il proprietario del copyright o il soggetto giuridico che il proprietario del copyright ha autorizzato a concedere la Licenza.

Con l'espressione "Persona giuridica" si intende l'insieme costituito dal soggetto giuridico facente funzione e da tutti gli altri soggetti giuridici che controllano, sono controllati o sono comunque sottoposti a un controllo comune con tale soggetto giuridico. Ai fini della presente definizione, "controllo" indica (i) il potere, diretto o indiretto, di dirigere o gestire tale soggetto giuridico, sia per contratto che per altra causa, o (ii) la proprietà di almeno il cinquanta per cento (50%) delle azioni in essere, o (iii) la proprietà effettiva di tale soggetto giuridico.

Il termine "Licenziatario" indica un individuo o una persona giuridica che esercita le autorizzazioni concesse dalla presente Licenza.

Per formato "Sorgente" si intende il formato prescelto per l'esecuzione di modifiche, ivi inclusi, a titolo esemplificativo, il codice sorgente del software, la sorgente della documentazione e i file di configurazione.

L'espressione "Oggetto" indica qualunque oggetto derivante dalla trasformazione meccanica o dalla traduzione di un formato Sorgente, ivi inclusi, a titolo esemplificativo, il codice oggetto compilato, la documentazione generata e le conversioni in altri tipi di supporti.

Il termine "Opera" denota l'opera d'autore, in formato Sorgente o Oggetto, resa disponibile ai sensi della Licenza, come indicato dall'avviso di copyright incluso o allegato all'opera (un esempio è fornito più avanti nell'Appendice).

Per "Opere derivate" si intende qualunque opera, in formato Sorgente o Oggetto, basata sull'Opera (o derivata dalla medesima) e le cui revisioni editoriali, annotazioni, elaborazioni o altre modifiche rappresentino, nel complesso, un'opera d'autore originale. Ai fini della presente Licenza, le Opere derivate non comprendono le opere separabili dall'Opera o dalle rispettive Opere derivate, né le opere meramente collegate (o associate per nome) alle interfacce delle medesime.

Il termine "Contributo" indica qualunque opera d'autore, inclusa la versione originale, le modifiche o le aggiunte all'Opera o le Opere derivate, inviata intenzionalmente al Licenziante affinché il proprietario del copyright o un'entità fisica o giuridica autorizzata dal medesimo la includa nell'Opera. Ai fini della presente definizione, con "invio" si intende qualunque comunicazione elettronica, verbale o scritta inviata al Licenziante o ai suoi rappresentanti, ivi inclusi, a titolo esemplificativo, comunicazioni mediante mailing list elettroniche, sistemi di controllo del codice sorgente e sistemi di monitoraggio dei problemi gestiti in prima persona dal Licenziante o per suo conto, allo scopo di commentare e migliorare l'Opera. Sono escluse le comunicazioni contrassegnate in modo evidente o altrimenti designate per iscritto dal proprietario del copyright come "Non contributo".

Per "Autore" si intende il Licenziante o qualunque persona fisica o giuridica per conto del quale il Licenziante abbia ricevuto un Contributo successivamente integrato nell'Opera.

2. Concessione di Licenza di copyright. Nel rispetto dei termini e delle condizioni della presente Licenza, ciascun Autore concede al Licenziatario una licenza di copyright permanente, valida in tutto il mondo, non esclusiva, senza addebiti, a titolo gratuito, irrevocabile per riprodurre, creare Opere derivate, visualizzare o utilizzare pubblicamente, concedere in sublicenza e distribuire l'Opera e le Opere derivate in formato Sorgente o in formato Oggetto.

3. Concessione di Licenza di brevetto. Nel rispetto dei termini e delle condizioni della presente Licenza, ciascun Autore concede al Licenziatario una licenza di copyright permanente, valida in tutto il mondo, non esclusiva, senza addebiti, a titolo gratuito, irrevocabile (con le eccezioni indicate nella presente sezione) per produrre, far produrre, utilizzare, offrire in vendita, vendere, importare e altrimenti trasferire l'Opera, laddove tale licenza si applichi esclusivamente alle rivendicazioni di brevetto che tale Autore può concedere in licenza e che verrebbero violate in relazione al suo solo Contributo o all'associazione del o dei suoi Contributi con l'Opera a cui il o i Contributi sono stati incorporati. Qualora il Licenziatario avvii un contenzioso per violazione di brevetto nei confronti di qualsiasi soggetto (inclusa una domanda riconvenzionale o controreclamo in una causa legale) dichiarando che l'Opera o un Contributo all'interno della stessa costituisce una violazione, diretta o in concorso, del brevetto, qualsiasi licenza di brevetto concessa al Licenziatario nei termini della presente Licenza decade fino alla conclusione del contenzioso.

4. Ridistribuzione. Il Licenziatario è autorizzato a riprodurre e distribuire copie dell'Opera o delle Opere derivate su qualunque mezzo, con o senza modifiche, e in formato Sorgente od Oggetto, purché rispetti le seguenti condizioni:

(a) tutti i destinatari dell'Opera o delle Opere derivate devono ricevere una copia della presente Licenza; e

(b) nei file modificati deve essere presente in modo ben visibile una dichiarazione attestante che l'autore delle modifiche è il Licenziatario; e

(c) nel formato Sorgente delle Opere derivate distribuite devono essere mantenuti tutti gli avvisi di copyright, brevetto, marchio e attribuzione presenti nel formato Sorgente dell'Opera, esclusi gli avvisi non rilevanti per le Opere derivate; e

(d) se la distribuzione dell'Opera include un file di testo "AVVISO", qualsiasi Opera derivata distribuita dal Licenziatario deve includere una copia leggibile degli avvisi di attribuzione all'interno di tale file AVVISO, esclusi quelli non rilevanti per le Opere derivate, in almeno una delle seguenti posizioni: all'interno di un file di testo AVVISO distribuito con le Opere derivate, all'interno del formato Sorgente o della documentazione, se fornita con le Opere derivate, oppure all'interno di una visualizzazione generata dalle Opere derivate, se e nei punti in cui tali avvisi di terzi vengono normalmente visualizzati. Il contenuto del file AVVISO ha mero scopo informativo e non modifica la Licenza. Il Licenziatario può aggiungere propri avvisi di attribuzione nelle Opere derivate che distribuisce, insieme o in aggiunta al testo AVVISO dell'Opera, purché tali avvisi di attribuzione aggiuntivi non possano essere interpretati come modifica della Licenza.

Il Licenziatario può aggiungere una propria dichiarazione di copyright alle modifiche da lui apportate e può fornire ulteriori o diversi termini e condizioni di licenza per l'uso, la riproduzione o la distribuzione delle eventuali Opere derivate nel complesso, purché l'uso, la riproduzione e la distribuzione dell'Opera da parte del Licenziatario stesso rispetti le condizioni indicate nella presente Licenza.

5. Invio di contributi. Salvo quanto diversamente dichiarato dal Licenziatario in modo esplicito, i Contributi intenzionalmente inviati dal Licenziatario al Licenziante per l'inclusione nell'Opera devono rispettare i termini e le condizioni della presente Licenza, senza termini o condizioni aggiuntive. Fatto salvo quanto sopra esposto, nulla di quanto qui dichiarato potrà sostituire o modificare i termini di eventuali contratti di licenza separati sottoscritti dal Licenziatario e dal Licenziante relativamente ai Contributi.

6. Marchi commerciali. La presente Licenza non concede l'autorizzazione all'uso di nomi e marchi commerciali, marchi di servizio o nomi di prodotti del Licenziante, eccetto nella misura richiesta, secondo un uso normale e ragionevole, per descrivere l'origine dell'Opera e riprodurre il contenuto del file AVVISO.

7. Esclusione di garanzia. Se non richiesto dalle leggi vigenti o concordato per iscritto, il Licenziante fornisce l'Opera (e ciascun Autore fornisce il proprio Contributo) "TAL QUALE", SENZA GARANZIE O CONDIZIONI DI ALCUN TIPO, esplicite o implicite, ivi incluse, senza alcuna limitazione, garanzie o condizioni di TITOLARITÀ, NON VIOLAZIONE DEI DIRITTI ALTRUI, COMMERCIALIZZABILITÀ o IDONEITÀ A UN PARTICOLARE SCOPO. Il Licenziatario è l'unico responsabile dell'accertamento dell'idoneità dell'uso o della redistribuzione dell'Opera e si assume tutti gli eventuali rischi associati all'esercizio delle autorizzazioni concesse dalla presente Licenza.

8. Limitazione di responsabilità. In nessun caso e in base a nessuna teoria legale, a seguito di illecito (inclusa la negligenza), azione contrattuale o altro, se non prescritto dalle leggi vigenti (ad esempio atti deliberati e gravemente neglienti) o concordato per iscritto, un Autore potrà essere ritenuto responsabile nei confronti del Licenziatario per danni, inclusi danni diretti, indiretti, incidentali, speciali o consequenziali di qualsiasi tipo derivanti dalla presente Licenza, dall'uso o dall'incapacità di usare l'Opera (ivi inclusi, in via esemplificativa, danni per perdita di avviamento, interruzione di attività, guasto o malfunzionamento di computer o altri danni o perdite commerciali), anche se l'Autore era stato informato della possibilità del verificarsi di tali danni.

9. Accettazione di garanzia o responsabilità aggiuntiva. Al momento della redistribuzione dell'Opera o delle Opere derivate, il Licenziatario può scegliere di offrire, a pagamento, l'accettazione di assistenza, garanzia, indennizzo o altri obblighi di responsabilità e/o diritti conformi alla presente Licenza. Tuttavia, accettando tali obblighi il Licenziatario è autorizzato ad operare esclusivamente per conto proprio e sotto la propria responsabilità, e non per conto di altri Autori, e solo se accetta di indennizzare, difendere e tenere indenni gli Autori da qualsiasi responsabilità o pretesa a cui essi possano essere esposti, per effetto dell'accettazione di tale garanzia o responsabilità aggiuntiva.

FINE DEI TERMINI E DELLE CONDIZIONI

APPENDICE: Applicazione della Licenza Apache alla propria opera.

Per applicare la Licenza Apache alla propria opera, inserire il modello standardizzato di avviso, sostituendo con i propri dati i campi racchiusi tra parentesi quadre "[ ]", (Senza includere le parentesi!) Il testo va redatto nella sintassi appropriata per i commenti del formato di file. Si consiglia inoltre di includere un nome di file o classe e una descrizione dello scopo nella stessa "pagina stampata" dell'avviso di copyright, in modo da semplificarne l'identificazione negli archivi di terzi.

Copyright [yyyy] [nome del titolare del copyright]

Concesso in licenza secondo i termini della Licenza Apache, versione 2.0 (la "Licenza"); è vietato usare questo file se non in conformità alla Licenza. Una copia della Licenza è disponibile all'indirizzo:

<http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0>

---

Se non richiesto dalle leggi vigenti o concordato per iscritto, il software distribuito nei termini della Licenza è distribuito "TAL QUALE", SENZA GARANZIE O CONDIZIONI DI ALCUN TIPO, esplicite o implicite.  
Consultare la Licenza per il testo specifico che disciplina le autorizzazioni e le limitazioni previste dalla medesima.

### **Licenza Windows Installer XML (WiX)**

Lo strumento di installazione del QIAxcel ScreenGel Software utilizza Windows Installer XML, versione 3.7, che è concesso in licenza ai sensi della Microsoft Reciprocal License (MS-RL).

Microsoft Reciprocal License (Ms-RL)

Questa licenza regola l'uso del software associato. L'uso del software implica l'accettazione della presente licenza. Qualora l'utente non accetti la licenza, non deve utilizzare il software.

## 1. Definizioni

I termini "riprodurre", "riproduzione", "opere derivate" e "distribuzione" hanno lo stesso significato che assumono nel contesto della legge americana sul copyright.

Per "contributo" si intende il software originale o qualsiasi aggiunta o variazione apportata al software.

Per "autore" si intende qualsiasi persona che distribuisca il proprio contributo ai sensi della presente licenza.

Per "brevetti concessi in licenza" si intendono le rivendicazioni di brevetto di un autore che hanno diretta attinenza con il suo contributo.

## 2. Concessione di diritti

(A) Concessione di copyright - In conformità alle presenti condizioni di licenza, incluse le condizioni e limitazioni di licenza riportate nella sezione 3, ogni autore concede al licenziatario una licenza di copyright non esclusiva, valida in tutto il mondo e a titolo gratuito per riprodurre il proprio contributo, preparare opere derivate e distribuire il contributo o le eventuali opere derivate create dal licenziatario.

(B) Concessione di brevetto - In conformità alle presenti condizioni di licenza, incluse le condizioni e limitazioni di licenza riportate nella sezione 3, ogni autore concede al licenziatario una licenza non esclusiva, valida in tutto il mondo e a titolo gratuito, relativa ai propri brevetti concessi in licenza, per produrre, far produrre, utilizzare, vendere, offrire in vendita, importare e/o disporre in altro modo del suo contributo nel software o delle relative opere derivate.

## 3. Condizioni e limitazioni

(A) Concessioni reciproche - Per qualsiasi file distribuito dal Licenziatario che contenga codici provenienti dal software (in codice sorgente o formato binario), il Licenziatario deve fornire ai destinatari il codice sorgente a tale file insieme a una copia di questa licenza, che regolerà tale file. Il Licenziatario può concedere in licenza altri file che siano interamente frutto del proprio lavoro e che non contengano codici provenienti dal software, alle condizioni che preferisce.

(B) Nessuna licenza relativa ai marchi - La presente licenza non concede al licenziatario il diritto di usare il nome, il logo o i marchi commerciali di alcun autore.

(C) In caso di rivendicazione di un brevetto nei confronti di un autore in merito a brevetti che si ritengono violati dal software, la licenza di brevetto concessa da tale autore per il software cessa automaticamente.

---

(D) Se distribuisce qualsiasi componente del software, il licenziatario è tenuto a mantenere tutte le informazioni su copyright, brevetti, marchi e attribuzioni presenti nel software.

(E) La distribuzione di qualsiasi componente del software sotto forma di codice sorgente è consentita al licenziatario solo ai sensi della presente licenza, includendo una copia completa della presente licenza con la distribuzione. Il licenziatario può distribuire i componenti del software sotto forma di codice oggetto o compilato solo ai sensi di una licenza che sia conforme alle condizioni della presente licenza.

(F) Il software viene concesso in licenza "così com'è". Il licenziatario si assume i rischi legati al suo utilizzo. Gli autori non concedono garanzie di alcun tipo, né condizioni esplicite. La presente licenza non modifica gli eventuali ulteriori diritti dei consumatori riconosciuti al licenziatario dalla legge locale. Nella misura massima consentita dalla legge locale del licenziatario, gli autori escludono le garanzie implicite di commerciabilità, idoneità per uno scopo specifico e non violazione di diritti altrui.

---

## Informazioni sul copyright

### Marchi commerciali

QIAGEN<sup>®</sup>, Sample to Insight<sup>®</sup>, QIAgility<sup>®</sup>, QIASymphony<sup>®</sup>, ScreenGel<sup>®</sup> (Gruppo QIAGEN); Adobe<sup>®</sup>, Reader<sup>®</sup> (Adobe Systems Inc.); Celeron<sup>®</sup>, Intel<sup>®</sup> (Intel Corporation); Excel<sup>®</sup>, Microsoft<sup>®</sup>, Windows<sup>®</sup> (Microsoft Corporation). I marchi registrati, i marchi di fabbrica ecc. utilizzati in questo documento, anche se non indicati in modo specifico come tali, non devono essere considerati non protetti dalla legge.

© 2010-2017 QIAGEN, tutti i diritti riservati.

1108754 11/2017 HB-0804-010

---

[www.qiagen.com](http://www.qiagen.com)

Technical Support

[www.support.qiagen.com](http://www.support.qiagen.com)