

2012 年 8 月

QIAxcel[®] Advanced 用户手册



Sample & Assay Technologies

Trademarks

QIAGEN®, QIAxcel®, ScreenGel® (QIAGEN Group); Adobe®, Reader® (Adobe Systems Inc.); Excel®, Microsoft®, Windows® (Microsoft Corporation); Intel®, Celeron® (Intel Corporation).

本档中使用的注册名称、商标等，即使未明确标示，也受到法律保护。

© 2012 QIAGEN, all rights reserved.

目录

1	安全信息.....	1-2
1.1	正确使用.....	1-2
1.2	电气安全.....	1-3
1.3	环境	1-4
1.4	化学品	1-4
1.5	废弃物处理	1-5
1.6	机械危害.....	1-5
1.7	QIAxcel Advanced 上的符号.....	1-5
2	简介	2-2
2.1	关于本用户手册	2-2
2.2	一般信息.....	2-2
2.3	QIAxcel Advanced 的用途	2-3
2.3.1	QIAxcel Advanced 用户的要求	2-4
3	一般描述.....	3-2
3.1	QIAxcel Advanced 的原理	3-2
3.2	QIAxcel Advanced 的外部特征	3-3
3.3	凝胶卡夹.....	3-4
3.4	计算机和软件	3-5
4	安装程序.....	4-2
4.1	要求	4-2
4.1.1	场地	4-2
4.1.2	电源要求.....	4-2
4.1.3	接地要求.....	4-3
4.2	拆开 QIAxcel Advanced 的包装	4-3
4.3	安装 QIAxcel Advanced	4-3
4.3.1	取出运输锁	4-4
4.3.2	仪器安装.....	4-4
4.3.3	交流电源线的安装	4-4
4.3.4	氮气瓶的安装	4-5
4.3.5	QIAxcel ScreenGel 软件的安装.....	4-5
4.3.6	QIAxcel ScreenGel 软件使用入门	4-6
4.4	打包 QIAxcel Advanced	4-6

5	操作程序.....	5-2
5.1	拆开 QIAxcel 试剂盒的包装.....	5-2
5.2	安装 QIAxcel Advanced	5-3
5.2.1	准备缓冲液槽.....	5-3
5.2.2	加载缓冲液槽.....	5-5
5.2.3	安装 QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙.....	5-5
5.2.4	取出 QIAxcel 凝胶卡夹.....	5-7
5.2.5	储存 QIAxcel 凝胶卡夹.....	5-7
5.3	操作 QIAxcel Advanced	5-8
5.3.1	开始之前要做的事情.....	5-9
5.3.2	启动运行.....	5-9
6	QIAxcel ScreenGel 软件.....	6-2
6.1	概念	6-2
6.1.1	模式	6-2
6.1.2	用户角色.....	6-3
6.1.3	环境	6-5
6.1.4	概况	6-5
6.1.5	一般软件使用.....	6-6
6.1.5.1	编辑表格中的数据.....	6-8
6.1.5.2	显示错误和警告	6-9
6.1.5.3	显示修改	6-11
6.1.5.4	获得帮助	6-14
6.2	用户身份验证.....	6-15
6.3	操作	6-18
6.3.1	运行带有高级选项的进程.....	6-20
6.3.1.1	“提供样品信息”	6-27
6.3.2	修改进程概况.....	6-31
6.3.3	进程概况选项.....	6-33
6.3.3.1	选择一般的进程选项	6-35
6.3.3.2	选择运行参数	6-36
6.3.3.3	选择分析参数	6-39
6.3.3.4	选择 marker.....	6-41
6.3.3.5	选择峰检出指导	6-43
6.3.3.6	选择报告 / 导出参数.....	6-44
6.3.3.7	运行参数和结果构成	6-45
6.3.4	创建一个新的进程概况	6-49

6.3.5	查看方法详情	6-51
6.3.6	“Status Information (状态信息)” 栏	6-52
6.4	分析	6-55
6.4.1	处理样品和实验	6-56
6.4.1.1	样品图标的意义	6-58
6.4.1.2	加载样品数据	6-58
6.4.1.3	选择样品	6-60
6.4.1.4	选择样品用于分析或报告	6-61
6.4.1.5	扩展和折叠	6-62
6.4.1.6	激活实验	6-62
6.4.1.7	保存实验	6-63
6.4.1.8	关闭实验	6-65
6.4.1.9	导入 BioCalculator 数据	6-65
6.4.1.10	修改样品信息	6-67
6.4.1.11	处理不完整的实验	6-67
6.4.2	查看样品数据	6-68
6.4.2.1	将样品添加到视图	6-68
6.4.2.2	从视图中移除样品	6-72
6.4.2.3	导出视图到剪贴板	6-73
6.4.2.4	直接打印视图	6-75
6.4.2.5	结果表格	6-75
6.4.2.6	凝胶视图	6-79
6.4.2.7	峰图视图	6-83
6.4.2.8	峰图概览	6-89
6.4.2.9	峰图叠加视图	6-92
6.4.2.10	查看样品属性	6-95
6.4.2.11	饱和信号	6-96
6.4.3	峰检测	6-97
6.4.3.1	峰检测步骤	6-98
6.4.3.2	修改分析概况	6-100
6.4.3.3	创建一个新的分析概况	6-104
6.4.4	大小和浓度确定	6-105
6.4.4.1	大小和浓度确定步骤	6-107
6.4.4.2	创建一个 DNA 参照 marker	6-109
6.4.4.3	创建一个新的 size marker 表格	6-112
6.4.5	峰检出	6-114
6.4.5.1	修改峰定义	6-116

6.4.5.2	创建一个新的峰定义	6-119
6.4.6	分析 DNA 样品	6-119
6.4.7	分析 RNA 样品	6-122
6.4.8	分析蛋白样品	6-125
6.4.9	手动修改分析结果	6-127
6.4.9.1	修改阈值	6-127
6.4.9.2	删除峰	6-128
6.4.9.3	添加峰	6-128
6.4.9.4	删除分析结果	6-129
6.4.9.5	检查 alignment marker	6-130
6.4.10	自定义实验	6-130
6.4.10.1	创建一个新实验	6-131
6.4.10.2	修改实验	6-131
6.4.11	报告 / 导出	6-134
6.4.11.1	生成一份报告	6-135
6.4.11.2	导出数据	6-136
6.4.11.3	修改报告 / 导出概况	6-137
6.4.11.4	报告 / 导出选项	6-138
6.4.11.5	创建一个新的报告 / 导出概况	6-147
6.5	维修	6-149
6.5.1	校准卡夹	6-149
6.5.1.1	运行校准向导	6-150
6.5.1.2	重新校准卡夹	6-151
6.5.2	系统检查	6-152
6.5.2.1	完整检查	6-152
6.5.2.2	检测器检测	6-153
6.5.2.3	过滤器检查	6-154
6.5.2.4	移动检查	6-155
6.5.2.5	渗漏检测	6-156
6.5.3	维护	6-157
6.5.3.1	Purge	6-158
6.5.3.2	Long purge	6-158
6.5.3.3	清空氮气瓶	6-159
6.5.3.4	设置仪器 ID	6-159
6.5.3.5	疑难解答文件夹	6-160
6.6	配置	6-161
6.6.1	设置	6-161

6.6.2	概况管理.....	6-166
6.6.3	用户管理.....	6-167
7	维护程序.....	7-2
7.1	清洁 QIAxcel Advanced	7-2
7.2	轻微校正性维护	7-3
7.2.1	保险丝更换和清洁	7-3
7.2.2	氮气瓶更换	7-3
7.2.3	备用氮气供应	7-4
7.2.4	净化过滤器堵塞	7-4
8	疑难解答.....	8-2
8.1	系统安装.....	8-2
8.2	操作	8-3
8.3	DNA 应用	8-4
8.4	RNA 应用	8-7
8.5	蛋白应用.....	8-9
9	词汇表	9-2
10	附录	10-2
10.1	附录 A	10-3
10.2	附录 B.....	10-7
10.3	附录 C	10-14
10.4	附录 D	10-18
10.5	附录 E.....	10-22


本页故意留空


1. 安全信息

1 安全信息

在使用 QIAxcel Advanced 之前，您有必要仔细阅读本用户手册，并特别注意安全信息。必须遵守用户手册中的操作指南和安全信息，以确保仪器的安全操作，让仪器保持在一个安全状态。


下列类型的安全信息会出现在整本手册中。

WARNING 	警告（WARNING） 这个词告知您哪些情况可能会导致您或其他人的人身伤害。这些情况的详细信息会出现在一个类似此框的框内。
---	--


CAUTION 	注意（CAUTION） 这个词告知您哪些情况可能会导致仪器或其他设备的损坏。这些情况的详细信息会出现在一个类似此框的框内。
---	--

本手册中给出的建议是为了补充而非取代用户所在国家通用的正常安全要求。


1.1 正确使用

WARNING/ CAUTION 	人身伤害和材料损坏的风险 [W1] QIAxcel Advanced 的不当使用可能导致人身伤害或仪器损坏。 QIAxcel Advanced 必须由经过适当培训的合格人员来操作。 QIAxcel Advanced 的维修只能由 QIAGEN® 的现场服务专家来进行。
--	--


按照[维护程序](#)那一章的内容开展维护。因不正确维护引起的维修，QIAGEN 会收取费用。

WARNING/ CAUTION 	人身伤害和材料损坏的风险 [W2] QIAxcel Advanced 非常重，一个人无法抬动。为避免人身伤害或仪器损坏，请勿单独搬抬仪器。
--	---

WARNING/ CAUTION 	人身伤害和材料损坏的风险 [W3] 切勿尝试在操作过程中移动 QIAxcel Advanced。
--	--


CAUTION 	损坏仪器 [C1] 避免将水或化学品洒在 QIAxcel Advanced 上。因水或化学品渗漏而造成的损坏将使保修失效。
---	---

在紧急情况下，请关闭 QIAxcel Advanced，关掉仪器背面的电源开关，并将电源线从插座上拔下。

<div>CAUTION</div> <div></div>	<div>仪器损坏<div>[C2]</div></div> <div>如果“压力 1”状态为“低”，请在执行“解锁”命令前增加仪器压力。在低压下卸下卡夹并解锁有可能损坏仪器。</div>
---	--

1.2 电气安全

在维修前请将电源线从电源插座上拔下。

<div>WARNING</div> <div></div>	<div>电气危险<div>[W4]</div></div> <div>仪器内部或外部保护导体（接地导线）的破坏或保护导体接线端的断开都可能让仪器很危险。</div> <div>禁止故意断开。</div> <div>仪器内部的致命电压</div> <div>当仪器与电源连接时，接线端可能带电，打开盖子或移动部件都可能会暴露带电部件。</div>
---	---



为了确保 QIAxcel Advanced 的满意和安全操作，请遵照以下建议：

- 电源线必须与带有保护导体（接地）的电源插座连接。
- 切勿调整或更换仪器的内部元件。
- 当盖子或部件已被拆卸时，切勿操作仪器。
- 如果液体洒在仪器内部，关闭仪器，断开电源，并联系 QIAGEN 的技术服务部门。


如果仪器不符合电气安全，应阻止其他人员操作仪器，并联系 QIAGEN 的技术服务部门；在下列情况下，仪器可能不符合电气安全：

- 电源线似乎已损坏。
- 它长时间存放在不利条件下。
- 它曾受到严重的运输压力。

1.3 环境 操作条件

<p>WARNING</p> 	<p>爆炸性气体环境 [W5]</p> <p>QIAxcel Advanced 不适合在爆炸性气体环境中使用。</p>
<p>WARNING</p> 	<p>爆炸危险 [W6]</p> <p>QIAxcel Advanced 只能使用 QIAGEN QIAxcel 试剂盒所提供的试剂和材料。其他试剂和材料的使用可能引起火灾或爆炸。</p>
<p>CAUTION</p> 	<p>仪器损坏 [C3]</p> <p>太阳直射可能使仪器部件漂白并造成塑料部件的损坏。QIAxcel Advanced 必须避免阳光直射。</p>
<p>CAUTION</p> 	<p>卡夹损坏 [C4]</p> <p>在使用时，凝胶卡夹不应当在溶液槽的“Wash park”位置之外的地方放置超过 15 分钟。否则将导致毛细管吸头过于干燥，影响卡夹的校正功能。干燥的吸头将使保修失效。毛细管吸头是由玻璃制成的，非常脆弱。注意不要用任何坚硬的表面敲打吸头。否则将导致毛细管吸头破裂，影响卡夹的校正功能。破裂的吸头将使保修失效。</p>

1.4 化学品

<p>WARNING</p> 	<p>有毒化学品 [W7]</p> <p>仪器使用的一些化学品可能是有毒的，或在运行完成之后变得有毒。</p> <p>请始终穿戴防护镜、手套和防护服。</p> <p>负责人（如实验室主管）必须采取必要的预防措施，以确保周围的工作环境是安全的，且仪器操作人员未暴露在有毒水平的有害物质（化学或生物）中，如适用的材料安全数据表（MSDS）或 OSHA、* ACGIH、† 或 COSHH‡ 文件所规定的。</p> <p>烟雾的通风以及废液的处理必须符合国家、州以及当地的所有卫生与安全法律和法规。</p>
--	---

* OSHA：职业安全与健康管理局（美国） † ACGIH：美国政府工业卫生专家协会（美国）

‡ COSHH：危害健康物质控制（英国）

<p>WARNING</p> 	<p>火灾危险 [W8]</p> <p>在使用酒精型消毒剂清洁 QIAxcel Advanced 时，让 QIAxcel Advanced 的门打开，使易燃蒸气消散。</p>
--	--


1.5 废弃物处理

使用过的实验器具和容器可能含有有毒的化学物质。这类废弃物必须根据当地的安全法规来收集和处理。






关于如何处理 QIAxcel Advanced 的更多信息，请参阅[附录 A](#)。

1.6 机械危害

在仪器操作过程中，QIAxcel Advanced 的卡夹门和样品门必须保持关闭。

<div>WARNING</div> <div></div>	<div>移动部件<div>[W9]</div></div> <div>为了避免在 QIAxcel Advanced 运行时与移动部件接触，仪器运行时务必保持卡夹门和样品门关闭。</div> <div>如果门传感器无法正常工作，请联系 QIAGEN 的技术服务部门。</div>
---	---

1.7 QIAxcel Advanced 上的符号

标记	位置	意义
	仪器背面的铭牌	CE 标志
	仪器背面的铭牌	加拿大和美国的 CSA 认证标志
	仪器背面的铭牌	合法制造商
	仪器背面的铭牌	电气和电子废弃物（WEEE）
	仪器背面的铭牌	美国联邦通信委员会的 FCC 标志

本页故意留空

2. 介绍

2 简介

感谢您选择 QIAxcel Advanced。我们相信它将成为您实验室中不可缺少的一部分。在使用 QIAxcel Advanced 之前，您有必要仔细阅读本用户手册，并特别注意安全信息。必须遵守用户手册中的操作指南和安全信息，以确保仪器的安全操作，让仪器保持在一个安全状态。

2.1 关于本用户手册

本用户手册按照以下章节提供了关于 QIAxcel Advanced 的信息：

- [安全信息](#)
- [简介](#)
- [一般描述](#)
- [安装程序](#)
- [操作程序](#)
- [QIAxcel ScreenGel® 软件](#)
- [维护程序](#)
- [疑难解答](#)
- [词汇表](#)
- [附录](#)

附录包含以下内容：

- 技术数据
- QIAxcel Advanced 的方法和配件
- 数据分析算法的描述
- 保修责任条款

2.2 一般信息

技术协助

在 QIAGEN，我们以技术支持的质量和实用性而自豪。我们的技术服务部门是由经验丰富的科学家组成的，他们在样本制备和分析技术以及 QIAGEN 产品的使用方面有着丰富的实践和理论知识。如果您有关于 QIAxcel Advanced 或 QIAGEN 其他产品的任何问题或遇到任何困难，请勿犹豫，立即联系我们。

QIAGEN 的客户是有关我们产品的高级或专门用途的主要信息来源。此信息对其他科学家以及 QIAGEN 的研究人员很有帮助。因此，如果您有关于产品性能或新应用和技术的任何建议，我们希望您立即联系我们。

关于技术协助及更多信息，请访问 www.qiagen.com/goto/TechSupportCenter，浏览我们的技术支持中心，或致电 QIAGEN 的技术服务部门或当地的经销商（详见封底或访问 www.qiagen.com）。

政策声明

当新技术和成分出现时，QIAGEN 的政策是改善产品。QIAGEN 保留随时更改参数的权利。

为了生成有用且适当的文档，我们感谢您对本用户手册作出评论。请联系 QIAGEN 的技术服务部门。

版本管理

本文档使 QIAxcel Advanced 用户手册，1.0 版。

2.3 QIAxcel Advanced 的用途

QIAxcel Advanced 是一个多通道毛细管电泳仪，旨在开展快速、全自动的 DNA 片段分析或定性定量的 RNA 分析。QIAxcel Advanced 只能与 QIAxcel 试剂盒共同使用，用于相应 QIAxcel 试剂盒手册所提及的应用。

QIAxcel Advanced 仪器仅限专业用户使用，如接受过分子生物学技术培训以及 QIAxcel Advanced 仪器操作培训的技术人员和医生。

2.3.1 QIAxcel Advanced 用户的要求

下表覆盖了一般的能力水平以及运输、安装、使用、维护和维修 QIAxcel Advanced 所需的培训。

任务	人员	培训和经验
运输	无特殊要求	无特殊要求
安装	实验室技术员或相当	接受过适当培训且有经验的人员，熟悉计算机的使用并了解自动化
仪器管理	实验室技术员或相当	接受过适当培训且有经验的人员，熟悉计算机的使用并了解自动化
常规使用 (运行概况)	实验室技术员或相当	接受过适当培训且有经验的人员，熟悉计算机的使用并了解自动化
分析数据	实验室技术员或相当	接受过适当培训且有经验的人员，熟悉计算机的使用并了解自动化
仪器维护	实验室技术员或相当	接受过适当培训且有经验的人员，熟悉计算机的使用并了解自动化
维修	仅限于 QIAGEN 现场服务专家	

3. 概述

3 一般描述

QIAxcel Advanced 系统根据 DNA 和 RNA 片段的分子量，开展片段的全自动分离，每次运行可处理 96 个样品。QIAxcel Advanced 系统由 QIAxcel Advanced 仪器、QIAxcel 试剂盒（包含 QIAxcel 凝胶卡夹和试剂）、计算机以及 QIAxcel ScreenGel 软件组成，这些产品经过优化，适合多种应用，并为 DNA 片段、RNA 和蛋白分析带来了无以伦比的分辨率、速度和通量。

QIAxcel Advanced 附带的 QIAxcel ScreenGel 软件提供了核酸分离的原始信号峰图和模拟胶图，可用于开展下列类型的分析：

- DNA 片段分子量和浓度的确定
- 总 RNA 的比例、浓度和质量，cRNA/cDNA 和片段化 RNA/DNA 质量的确定
- 确定蛋白的大小和浓度

注意：我们不建议用 QIAxcel DNA Fast Analysis Kit 来确定核酸浓度。

3.1 QIAxcel Advanced 的原理

QIAxcel Advanced 通过毛细管电泳来实现 DNA 和 RNA 样品的高分辨率且灵敏的分离。12 个通道的毛细管电泳仪利用一次性、多用途的卡夹，实现最多 96 个样品的经济高效分析，且仅需 25 分钟。

1. QIAxcel Advanced 设有凝胶卡夹、运行缓冲液和洗涤缓冲液，并利用 Intensity Calibration Marker（强度 marker）来校准。
2. 待分析的样品（96 孔板或 12 联管）放置在样品板支架上。
3. 选择所需的数据采集设置，让样品通过 QIAxcel 凝胶卡夹。
4. 利用 QIAxcel ScreenGel 软件分析结果。

3.2 QIAxcel Advanced 的外部特征



QIAxcel Advanced 的外部特征。

- | | |
|----------------|---------------|
| 1. 样品门 | 8. 氮气门 |
| 2. 卡夹门 | 9. 运输锁和缓冲液槽位置 |
| 3. 检修门 | 10. 样品板支架 |
| 4. 交流电源接口 | 11. 卡夹托架 |
| 5. 外部氮气供应的套管接头 | 12. 智能钥匙插槽 |
| 6. RS232 接口 | 13. 数字压力显示 |
| 7. 氮气调节器和氮气瓶 | 14. 净化过滤器 |

注意：如果使用外部氮源，输出压力不得超过 75 psi。QIAxcel Advanced 备有内部调节器，它将外部氮源所提供的压力调节至 40 psi 左右(37–45 psi)，这是仪器的操作压力。

3.3 凝胶卡夹

QIAxcel Advanced 可利用下表中所列的任一款 QIAxcel 试剂盒进行操作。每个试剂盒包含了一个凝胶卡夹，它是为特定用途而开发的。每个凝胶卡夹包含了一块凝胶基质，带有专利的线性聚合物和溴化乙锭插入染料。

试剂盒	应用
QIAxcel DNA High Resolution Kit (1200)	分子量为 15 bp – 10 kb DNA 的分析。96 个样品可在 1.5 小时内分析完。
QIAxcel DNA Screening Kit (2400)	分子量为 15 bp – 5 kb DNA 的快速分析。96 个样品可在 40 分钟内分析完。
QIAxcel DNA Fast Analysis Kit (3000)	单重或多重定量 PCR 应用中 DNA 片段的常规评估。96 个样品可在 25 分钟内分析完。
QIAxcel RNA QC Kit v2.0 (1200)	RNA 质量和数量的分析。96 个样品可在 1.5 小时内分析完。
QIAxcel Protein Kit (1200)	分析蛋白的大小、量和纯度。96 个样品可在两小时内完成分析。

每个 QIAxcel 试剂盒包含了使用 QIAxcel 所需的其他试剂：

- QX Intensity Calibration Marker – 校准每个新的凝胶卡夹的信号强度
- QXDNA 或 RNA Separation Buffer (QIAxcel DNA 或 RNA 试剂盒) – 实现了 DNA 或 RNA 分子的分离
- QX FA DNA Separation Buffer (QIAxcel DNA Fast Analysis Kit) – 实现了 DNA 或 RNA 分子的分离 (仅用于 QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge)
- QXWash Buffer – 洗涤毛细管吸头，防止交叉污染
- QXDNA 或 RNA Dilution Buffer – 用于样品浓度的优化
- 矿物油 – 覆盖溶液和 / 或样品，防止蒸发
- QX Alignment Marker – 用于每次运行，以平衡所有通道的迁移时间差异 (仅包含在 QIAxcel RNA QC Kit v2.0, QIAxcel Fast Analysis Kit 和 QIAxcel Protein Kit 内，其他试剂盒须单独购买；订购信息请参阅[附录 C](#))

注意：QIAxcel DNA Size Marker 是使用 QIAxcel DNA 试剂盒所必需的。它产生了一个参照 marker 表格，以便确定 DNA 的分子量和浓度 (不包含在试剂盒中；订购信息请参阅[附录 C](#))。QIAxcel RNA Size Marker 是由 QIAxcel RNA QC Kit v2.0 提供的。QIAxcel Protein Kit 同样也包含用于电泳前样品制备的 QX Reduction Reagent, QX Labeling Buffer, 及 QX Labeling Dye。

3.4 计算机和软件

QIAxcel Advanced 出厂时附带了 QIAxcel ScreenGel 软件。

QIAxcel Advanced 系统附带了一台计算机，它具有操控 QIAxcel Advanced 仪器和 QIAxcel ScreenGel 软件的正确规格。不过，如果使用另一台计算机来操控 QIAxcel Advanced 仪器或运行 QIAxcel ScreenGel 软件，那么下列配置是必需的：

- Intel® Celeron® 540 CPU (1.86 GHz) 或更高
- 80 GB 可用的硬盘空间，NTFS 格式化
- 512 MB RAM
- 1024 x 768 屏幕分辨率或更高
- 9 针串行端口或 I/O 卡（未提供，请联系 QIAGEN 技术服务部门，了解更多信息）
- Microsoft® Windows® XP Professional, Service Pack 3 或 Microsoft Windows 7 Professional
- Adobe® Reader® 软件 8.2 或更高（读取 PDF 报告）

本页故意留空

4. 安装程序

4 安装程序

本章介绍了拆包和安装 QIAxcel Advanced 的操作指南。

4.1 要求

QIAxcel Advanced 用户手册的本章节规定了操作 QIAxcel Advanced 的要求。

4.1.1 场地



QIAxcel Advanced 的放置点必须避免阳光直射，远离热源，远离振动源和电气干扰。关于操作条件（温度和湿度），请参阅[附录 A](#)。安装点应无过多气流，过多水分和过多灰尘，且温度波动不大。

使用一张足够大的水平工作台来放置 QIAxcel Advanced 和计算机。关于 QIAxcel Advanced 的重量和尺寸，请参阅附录 A。

确保工作台干燥、洁净、防震，且有足够的空间放置配件。工作台上应留出 72 cm (28 in.)，以便加载凝胶卡夹。

QIAxcel Advanced 周围 1.5 m (4.92 ft.) 内必须有适当接地的交流电源插座。仪器的电源线应当是稳压且电涌保护的。

注意：我们建议将仪器直接插在单独的电源插座上，而不与其他的实验室设备共用插座。为实现适当的毛细管电泳分离，请勿将 QIAxcel Advanced 放置在震动的表面或靠近震动物体。

<div>WARNING</div> <div></div>	<div>爆炸性气体环境 [W5]</div> <div>QIAxcel Advanced 不适合在爆炸性气体环境中使用。</div>
<div>WARNING</div> <div></div>	<div>过热危险 [W10]</div> <div>为确保适当的通风，让 QIAxcel Advanced 的两侧和后面留出至少 10 cm (3.94 in.) 的空间。确保 QIAxcel Advanced 通风的狭缝和开口不得覆盖。</div>

4.1.2 电源要求

QIAxcel Advanced 在以下条件下操作：

- 100–240 V AC，50-60 Hz，360 VA

确保 QIAxcel Advanced 的额定电压与安装点的交流电压兼容。主电源电压波动不得超过额定电压的 10%。


4.1.3 接地要求

为保护操作人员，仪器配有一条 3 芯电源线。为了保留此保护特征，请勿操作与无接地交流电源插座连接的仪器。

关于 3 芯电源线的更换，请联系 QIAGEN 技术服务部门，购买经过授权的备件。

4.2 拆开 QIAxcel Advanced 的包装

在拆开 QIAxcel Advanced 的包装之前，将包装搬到安装点，并确认包装上的箭头朝上。此外，检查包装是否受损。万一受损，请联系运输人员。shockwatch/tiltwatch 标签应当是白色的。如果它变成红色、破损或丢失，请联系运输人员。

<div>WARNING</div> <div></div>	<div>人身伤害和材料损坏的风险 [W2]</div> <div>QIAxcel Advanced 非常重，一个人无法抬动。为避免人身伤害或仪器损坏，请勿单独搬抬仪器。</div>
---	---

在拆开 QIAxcel Advanced 的包装之后，检查下列文件是否提供：

- 装箱单
- 保修登记表
- QIAxcel Advanced 用户手册
- 快速入门指南

阅读装箱单，检查是否收到了所有东西。如果有任何东西丢失，请联系 QIAGEN 的技术服务部门。

检查 QIAxcel Advanced 是否受损，且是否有松动的部件。如果任一部件受损，请联系 QIAGEN 的技术服务部门。确保 QIAxcel Advanced 已平衡到室温，才能操作。

如果您今后需要运输 QIAxcel Advanced，请保留包装盒。[打包 QIAxcel Advanced](#) 的操作指南请参阅打包 QIAxcel Advanced 章节。使用原始包装，能最大程度减少 QIAxcel Advanced 在运输过程中的损坏。

小心将 QIAxcel Advanced 放置在今后使用的工作台上。关于场地要求，请参阅[要求](#)章节。

4.3 安装 QIAxcel Advanced

在操作 QIAxcel Advanced 之前：

- 运输锁必须取出
- 电源线必须安装
- 氮气瓶或外部氮气供应必须安装

4.3.1 取出运输锁

QIAxcel Advanced 在送达时带有运输锁，以便在运输过程中固定槽 / 运输机关。在操作 QIAxcel Advanced 之前，运输锁必须取出。

注意：在运输仪器时，请重新装上运输锁。

按照下列步骤取出运输锁：

1. 打开样品门。
2. 取出固定缓冲液槽 / 样品板支架的运输锁。
3. 保留运输锁，供今后运输 QIAxcel Advanced 使用。



取下运输锁。

4.3.2 仪器安装

按照下列步骤安装 QIAxcel Advanced：

1. 根据计算机附带的计算机安装指南中的说明安装计算机和显示器。
2. 用 RS232 串行电缆连接仪器和计算机。

4.3.3 交流电源线的安装

按照下列步骤将 QIAxcel Advanced 与电源插座连接：

1. 确保 QIAxcel Advanced 的电源开关处于关（off）的位置。
2. 检查 QIAxcel Advanced 背面铭牌上的额定电压与安装点的实际电压相符。
3. 将电源线插入仪器后面的电源线接口。
4. 将电源线插入接地的电源插座。

4.3.4 氮气瓶的安装

重要：只使用 QIAGEN 提供的氮气瓶（货号 929705）。

1. 确保 QIAxcel Advanced 的电源开关处于关（off）的位置。
2. 打开氮气门，轻轻拉起氮气瓶口。请勿拉过制动孔。
3. 将氮气瓶顺时针拧入瓶口。
4. 转动，直至瓶口的针戳破氮气瓶。请勿拧得过紧；氮气瓶只能用手拧紧。
5. 轻轻推入氮气瓶，直至它处于存放（down）的位置。
6. 关闭氮气门。

或者，使用外部氮气供应，并连接到仪器后面。

4.3.5 QIAxcel ScreenGel 软件的安装

关于计算机系统的要求，请参阅[计算机和软件](#)章节。

如果您需要安装 QIAxcel ScreenGel 软件，请按照下列步骤操作。

1. 在 Windows 控制面板下卸载之前安装的 QIAxcel ScreenGel 软件。
2. 将 CD 放入计算机的 CD-ROM 驱动器。
3. 安装向导将自动启动 QIAxcel ScreenGel 软件的安装，并在整个安装过程指导您。
重要：如果安装向导未能自动启动，双击“我的电脑”，并双击 CD-ROM 驱动器。启动 setup.exe 程序。这将启动 QIAxcel ScreenGel 软件的安装。
4. 接受许可协议。
5. 选择程序安装路径。默认路径为 C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel。
6. 选择获取数据及其他所有应用数据的数据路径。默认路径为：

■ Microsoft Windows XP Professional 系统下，C:\Documents and Settings\All Users\Application Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel

■ Microsoft Windows 7 Professional 系统下，C:\ProgramData\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel

注意：本手册中的所有路径都指的是 %DATA_DIR% 的数据路径。

注意：%DATA_DIR% 目录及其子目录可在 Windows 资源管理器中打开，在 QIAxcel ScreenGel 软件中直接点击菜单项“文件 / 打开数据目录”。

7. 安装之后，QIAxcel ScreenGel 软件可通过 Windows 开始菜单下的“QIAGEN/QIAxcel”启动，也可通过桌面图标启动。

注意：QIAxcel ScreenGel 使用一些由 Microsoft 提供的软件包。如果系统未安装，则 QIAxcel ScreenGel 软件安装开始时会自动安装这些软件包。当相应的对话框弹出时，点击“Install（安装）”按钮，安装这些必需的软件包。


取决于已安装的软件包，在继续安装之前可能需要重新启动系统。重新启动之后，安装程序会自动继续。

4.3.6 QIAxcel ScreenGel 软件使用入门

在使用软件之前，请阅读 QIAxcel ScreenGel 的[概念](#)。之后，配置软件。这只能由作为“管理员”的用户来开展。

- 1. 打开 Windows 开始 菜单，点击“QIAGEN/QIAxcel”文件夹，启动 QIAxcel ScreenGel 软件。
- 2. 以“管理员”登录，点击“OK”（第一次登录不需要密码）。
- 3. 输入“管理员”账号的有效密码。让旧密码字段留空，输入有效的新密码，并再次输入。
注意：密码必须包含一个大写字母，一个小写字母和一个数字。密码的最小长度是 8 个字符。
- 4. “Configuration(配置)”环境默认显示。选择“User Manager(用户管理员)”标签页。
- 5. 创建所有相关用户的用户账号。关于更多信息，请参阅[用户管理](#)。
- 6. 配置使用哪个 COM 接口来连接 QIAxcel Advanced 系统。默认调整是 COM1。关于更多详细信息，请参阅[设置](#)。
- 7. 配置 QIAxcel Advanced 系统的全局设置。关于更多详细信息，请参阅[设置](#)。

4.4 打包 QIAxcel Advanced

<div>WARNING/ CAUTION</div> <div></div>	<div>人身伤害和材料损坏的风险 [W2]</div> <p>QIAxcel Advanced 非常重，一个人无法抬动。为避免人身伤害或仪器损坏，请勿单独搬抬仪器。</p>
--	---

如果您需要运输 QIAxcel Advanced，按照下列步骤打包仪器：

- 1. 打开 QIAxcel Advanced。
- 2. 打开计算机并启动 QIAxcel ScreenGel 软件。
- 3. 点击“[Status Information \(状态信息 \)](#)”面板中的，将缓冲液槽移至仪器前方。
- 4. 打开样品门，取出缓冲液槽。
- 5. 从 QIAxcel Advanced 中取出 QIAxcel 凝胶卡夹，按照[拆开 QIAxcel 试剂盒的包装](#)章节中的介绍储存在 QX Cartridge Stand 中。
- 6. 按照[氮气瓶更换](#)章节中的介绍取出氮气瓶。
- 7. 关闭 QIAxcel ScreenGel 软件，关闭 QIAxcel Advanced。
- 8. 断开仪器与计算机之间的 RS232 串行电缆，并拔下交流电源线。
- 9. 重新安装固定样品板支架的运输锁（请参阅[安装 QIAxcel Advanced](#) 章节）。
- 10. 将 QIAxcel Advanced 放置在原始的运输包装内。

5. 操作程序



5 操作程序

本章介绍了如何操作 QIAxcel Advanced。

在开始之前，我们建议您阅读[一般描述](#)章节，熟悉一下 QIAxcel Advanced 的特征。

在仪器操作过程中，QIAxcel Advanced 的卡夹门、样品门和维修门必须保持关闭。只有当仪器不在操作时，或软件提示开门时，才能打开门。

注意：在 QIAxcel Advanced 操作过程中打开卡夹门或样品门将导致系统停止它正在进行的操作。正在进行中的任何样品运行都无法恢复。不过，因样品使用体积小，可开展新运行。

<div>WARNING</div> <div></div>	<div>人身伤害和材料损坏的风险 [W3]</div> <div>切勿尝试在操作过程中移动 QIAxcel Advanced。</div>
<div>WARNING</div> <div></div>	<div>移动部件 [W9]</div> <div>为了避免在 QIAxcel Advanced 运行时与移动部件接触，仪器运行时务必保持卡夹门和样品门关闭。</div> <div>如果门传感器无法正常工作，请联系 QIAGEN 的技术服务部门。</div>

5.1 拆开 QIAxcel 试剂盒的包装

- 在开始之前，仔细阅读 QIAxcel 试剂盒附带的操作手册。
- 从试剂盒中取出所有缓冲液瓶。试剂盒内容的详细描述，请参阅操作手册。
- 向 QX Cartridge Stand (QIAxcel 仪器所提供) 的两个储液槽中加入 10 ml QX Wash Buffer，并用 2 ml 矿物油覆盖。
- 从包装中取出 QIAxcel 凝胶卡夹，并用柔软的纸巾小心擦去毛细管吸头的软凝胶碎片。
注意：QIAxcel 凝胶卡夹上附带一个智能钥匙，它是用于全自动的卡夹检测。请勿从卡夹上取下智能钥匙。
- 从 QIAxcel 凝胶卡夹背面取下净化盖密封圈，将卡夹放置在 QX Cartridge Stand 中。
注意：须使用柔软的纸巾擦去可能从接口渗漏出来的凝胶。
注意：确保毛细管吸头浸没在 QX Wash Buffer 中。
- 新的凝胶卡夹须在室温下立于 QX Cartridge Stand 中至少 20 分钟，方可使用。当卡夹立于卡夹架上时，盖上盖子，避免阳光直射卡夹。在使用之前，QIAxcel 凝胶卡夹应置于 QX Cartridge Stand 内，或锁定在仪器的“Park”位置，而缓冲液在缓冲液槽内，并静置至少 20 分钟。



QIAxcel 凝胶卡夹置于 QX Cartridge Stand 内。

5.2 安装 QIAxcel Advanced

本章节描述了每次使用之前正确安装 QIAxcel Advanced 仪器所需的步骤。

5.2.1 准备缓冲液槽

开始之前的重要事项

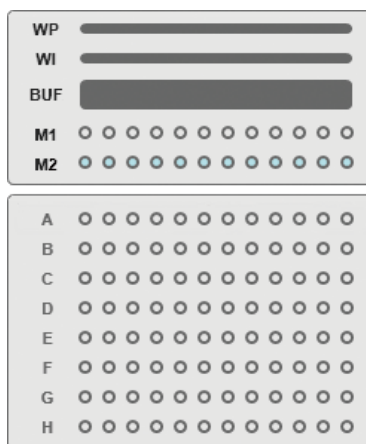
- 如果使用预分装的 alignment marker，则包含 QX Alignment Marker 的 12 联管应平衡至室温（15–25°C），并在使用前短暂离心。
- 在使用 QIAxcel 试剂盒时，我们建议每 50 次运行或每 3 天更换一次 alignment marker，两者取其先。可能还需要购买更多的 marker 和缓冲液（订购信息请参阅 [附录 C](#)）。
- 在使用 QIAxcel RNA QC Kit v2.0 时，我们建议每 15–20 次运行或每 3 天更换一次 alignment marker，两者取其先。可能还需要购买更多的 marker 和缓冲液（订购信息请参阅 [附录 C](#)）。
- 在不使用时，包含 QX Alignment Marker 的 12 联管应储存在 –20°C。
- 试剂盒所提供的 QX Separation Buffer 和 QX Wash Buffer 足够用于凝胶卡夹的最多次运行。
- 12 联管应松松地放在 MARKER1 和 MARKER2 位置。联管太紧或太松都可能带来注射问题，并损坏卡夹的毛细管。
- 让所有试剂平衡至室温，方可使用。

操作步骤

1. 使用温和的洗涤剂，在温水中洗涤缓冲液槽，并用去离子水或反渗透水彻底冲洗。
2. 向缓冲液槽中注入以下缓冲液。

Cartridge type	Wash Park (WP)	Buffer tray position Wash Inject (WI)	Buffer (BUF)
DNA High Resolution	8 ml QX Wash Buffer	8 ml QX Wash Buffer	18 ml QX DNA Separation Buffer
DNA Screening	8 ml QX Wash Buffer	8 ml QX Wash Buffer	18 ml QX DNA Separation Buffer
DNA Fast Analysis	8 ml QX Wash Buffer	8 ml QX Wash Buffer	18 ml QX FA DNA Separation Buffer
RNA	8 ml QX Wash Buffer	8 ml QX Wash Buffer	18 ml QX RNA Separation Buffer
Protein	8 ml QX Wash Buffer	8 ml distilled water	18 ml QX Pro Separation Buffer


3. 向上面 3 个位置加入矿物油，以防止蒸发。在 WP 和 WI 位置加入 2 ml 矿物油，在 BUF 位置加入 4 ml 矿物油。
4. 向 QX 0.2 ml 12 联管的每孔中加入 15 μ l QX Alignment Marker，或使用预分装的联管。
5. 向每孔中加入 1 滴矿物油，将联管插入缓冲液槽的 MARKER1 位置。
6. 如果卡夹还没有校正过，在用 QIAxcel DNA 或 RNA Kit 时向每个 0.2 ml 12 联管加入 15 μ l QX Intensity Calibration marker，在使用 QIAxcel Protein Kit 时则加入 15 μ l QX Pro Calibration Marker。再各加入一滴矿物油，将联管插入缓冲液槽的“M2”位置。





缓冲液槽。



5.2.2 加载缓冲液槽

如果尚未使用：

1. 将 QIAxcel 的电源开关打开。仪器自动开展初始化程序。
2. 打开计算机，通过 Windows 开始菜单下的“QIAGEN/QIAxcel”或桌面图标启动 QIAxcel ScreenGel 软件。
3. 在 QIAxcel ScreenGel 软件中选择模式（DNA，或 RNA 或 Protein），登录（详细信息请参阅[用户验证](#)章节）。“Process（操作）”环境打开，显示操作向导中进程概况（process profile）的第一屏。
4. 点击  连接 QIAxcel Advanced。

注意：  图标显示连接已建立， 图标表示 QIAxcel Advanced 已经连接了。

按照下列步骤加载缓冲液槽：

1. 关闭卡夹门和样品门。
注意：在仪器操作过程中，QIAxcel Advanced 的卡夹门、样品门必须保持关闭。操作过程中打开任何门将导致系统停止它正在进行的操作。
2. 点击左侧“[Status Information（状态信息）](#)”面板中的 ，将缓冲液槽支架移至仪器前方。等待缓冲液槽支架到达其停止位置。
3. 打开样品门。
4. 小心将注好的缓冲液槽放入缓冲液槽支架。注意不要将溶液洒在仪器内，或造成缓冲液槽中液体之间的交叉污染。
注意：12 联管应对着仪器前面，而缓冲液对着仪器后面。
5. 关闭样品门，点击“[Status Information（状态信息）](#)”面板中的 ，将缓冲液槽支架移至“Wash Park”的位置。
注意：如果您马上加载样品，可让样品门开着。
注意：如果您关闭样品门，则缓冲液槽会在 5 分钟后自动移至“Wash Park”的位置。

5.2.3 安装 QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙

注意：在开展这一操作之前，请阅读[拆开 QIAxcel 试剂盒的包装](#)章节。

1. 从 QXCartridge Stand 中取出 QIAxcel 凝胶卡夹。
2. 打开卡夹门，在 QIAxcel Advanced 中插入 QIAxcel 凝胶卡夹。卡夹的描述标签应对着前面，而净化孔应对着仪器后面。
注意：确保净化盖密封圈已取下，如同[拆开 QIAxcel 试剂盒的包装](#)中所描述的。
3. 将智能钥匙插入卡夹附近的智能钥匙插座。智能钥匙可以任意方向插入。
注意：如果智能钥匙未插入，则系统将不识别卡夹，也不会操作。
注意：如果设置选项“Latch cartridge automatically（自动锁定卡夹）”被选择，则卡夹将在智能钥匙被检测到之后自动锁定。因此，在插入卡夹之后应尽快插入智能钥匙。请参阅[设置](#)章节，了解设置的更多信息。

4. 关闭卡夹门。

卡夹 ID 和卡夹类型将自动显示在 “[Status Information \(状态信息 \)](#)” 面板中的 “Cartridge Status (卡夹状态)” 中。

▼ 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

卡夹状态区。

5.2.4 取出 QIAxcel 凝胶卡夹

如果要从 QIAxcel Advanced 中取出 QIAxcel 凝胶卡夹, 请按照以下步骤操作:

1. 按照[拆开 QIAxcel 试剂盒的包装](#)中的描述, 准备 QX Cartridge Stand。
2. 打开卡夹门。
3. 取出智能钥匙。

注意: 如果设置选项 “Latch cartridge automatically (自动锁定卡夹)” 被选择, 则卡夹将在智能钥匙被取出之后自动锁定。因此, 在取出卡夹之前应先取出智能钥匙。请参阅[设置](#)章节, 了解设置的更多信息。

注意: 如果 QIAxcel Advanced 打开, 且 “Latch cartridge automatically (自动锁定卡夹)” 未勾选, 则确保 QIAxcel 凝胶卡夹未锁定。如果已锁定, 请解锁。关于如何解锁, 请参阅 “[Status Information \(状态信息\)](#)” 面板章节。

4. 取出 QIAxcel 凝胶卡夹。
5. 安装净化盖密封圈, 关闭净化口。
6. 将 QIAxcel 凝胶卡夹置于 QX Cartridge Stand 中。

注意: 确保毛细管吸头浸没在 QX Wash Buffer 中。

5.2.5 储存 QIAxcel 凝胶卡夹

QIAxcel DNA 凝胶卡夹到货后的储存

QIAxcel DNA High Resolution Kit 和 QIAxcel DNA Screening Kit 中的所有组分, 除凝胶卡夹和 QX Intensity Calibration Marker 外, 都可储存在室温 (15–25°C)。QIAxcel 凝胶卡夹和 marker 应立即储存在 2–8°C。

QIAxcel DNA Fast Analysis Kit 中的所有组分, 除 QIAxcel 凝胶卡夹、QX Intensity Calibration Marker、QXDNA Size Marker 50 bp-1.5 kb 和 QX Alignment Marker 15 bp/3 kb 外, 都可储存在室温。QIAxcel 凝胶卡夹和 marker 应立即储存在 2–8°C。

QIAxcel RNA 凝胶卡夹到货后的储存

注意: QXRNA Denaturation Buffer 和 QXRNA Size Marker 200–6000 nt 是分开送货的。

QXRNA Size Marker 200–6000 nt 应储存在 –20°C 至 –80°C, 并在至少 6 个月内保持稳定。

QXRNA Denaturation Buffer 应储存在 2–8°C, 并在至少 6 个月内保持稳定。

QIAxcel RNA QC Kit v2.0 中的其他组分, 除 QIAxcel 凝胶卡夹外, 都可在室温 (15–25°C) 下最多储存 6 个月。

QIAxcel Protein 凝胶卡夹到货后的储存

QIAxcel Protein Kit (1200) 含有 QIAxcel Protein Cartridge Kit 和 QIAxcel Protein Reagent Kit。

注意：QIAxcel Protein Reagent Kit 包含有 marker, reduction reagent 和染料，是分开运输的。这些组分需要在 2–8°C 保存，在这一条件下可保证在有效期前都是稳定的。

偶尔使用

在第一次使用前，将 QIAxcel DNA 和 RNA 凝胶卡夹储存在 2–8°C，将 QX Protein 凝胶卡夹存入在室温（15–25°C）。如果 QIAxcel DNA 和 RNA 凝胶卡夹不是每天使用，请用净化口密封圈关闭净化口，将 QIAxcel 凝胶卡夹放回泡罩包装，将毛细管吸头插入软胶中，并竖直储存在 2–8°C，将 QX Protein 凝胶卡夹储存在室温（详见泡罩包装上的定位标签）。

注意：在 2°C 以下储存 DNA 和 RNA QIAxcel 凝胶卡夹可能会严重损害卡夹，在 15°C 以下储存 Protein 卡夹可能会严重损害卡夹。

在使用之前，QIAxcel 凝胶卡夹应放入 QX Cartridge Stand 中，盖上盖子，避免阳光直射，或锁定在仪器的“Park”位置，而缓冲液在缓冲液槽内，并静置至少 20 分钟。

日常使用

如果 QIAxcel 凝胶卡夹是每天使用，则卡夹可锁定在 QIAxcel Advanced 中的“Park”位置。

注意：如果卡夹储存在“Park”位置，则 QIAxcel Advanced 必须开启，且卡夹必须锁定。请勿关闭 QIAxcel Advanced 的电源。

如果每天使用不止一个 QIAxcel 凝胶卡夹，将第二个卡夹放入 QX Cartridge Stand 中，避光或盖上盖子。确保 cartridge stand 的储液槽装有洗涤缓冲液并覆盖矿物油（请参阅[拆开 QIAxcel 试剂盒的包装](#)）。或者，用净化口密封圈关闭净化口，将 QIAxcel 凝胶卡夹放回泡罩包装，将毛细管吸头插入软胶中，并竖直储存在 2–8°C（详见泡罩包装上的定位标签）。

QIAxcel 凝胶卡夹可以此方式储存，直至试剂盒标签上显示的失效日期。

5.3 操作 QIAxcel Advanced

样品可利用 QIAxcel ScreenGel 软件的“Process（操作）”环境来操作。

取决于用户登录的角色，环境也有着不同的表现。以“常规用户”登录的用户会在每一步获得指引，以开始一项操作。以“高级用户”登录的用户将不会得到逐步指引，他们在启动运行时可自由定义分析和进程概况 (process profile) 参数。

本章节描述了常规用户操作 QIAxcel Advanced 的步骤。常规用户不可用的 QIAxcel ScreenGel 软件的高级特征将在[操作](#)章节中介绍。


5.3.1 开始之前要做的事情

- 仔细阅读 QIAxcel 试剂盒所附带的操作手册。
- 制备要用的试剂和 QX Alignment Marker。关于如何制备，请参阅[安装 QIAxcel Advanced](#)，或参阅 QIAxcel 试剂盒的操作手册。

注意：请参与运行程序中的第 1、2、3、4、7 和 8 步，了解 alignment marker 或 size marker 的更多信息。这些步骤稍后可能会跳过。所需的 alignment marker 显示在软件中，现在可制备。


- 制备您的样品。关于如何制备，请参阅 QIAxcel 试剂盒所附带的操作手册。为获得最佳结果，样品溶液应该在 pH 6–9，并且离子含量不应超过典型的 PCR 缓冲液。

注意：如果您需要紧挨着样品运行 size marker，则在样品板中所需的位置制备。关于如何制备，请参阅 QIAxcel 试剂盒所附带的操作手册。

<p>CAUTION</p> 	<p>卡夹损坏 [C4]</p> <p>在使用时，凝胶卡夹不应当在溶液槽的“Wash park”位置之外的地方放置超过 15 分钟。否则将导致毛细管吸头过于干燥，影响卡夹的校正功能。干燥的吸头将使保修失效。</p>
--	---

5.3.2 启动运行

常规用户可利用 QIAxcel ScreenGel 软件的操作向导，运行预定义的“进程概况 (process profile)”（关于高级操作选项，请参阅[运行带高级选项的进程](#)章节）。常规用户可按照下列步骤开展运行：

1. 打开 QIAxcel 的电源开关。仪器自动开展初始化程序。
2. 打开计算机，通过 Windows 开始菜单下的“QIAGEN/QIAxcel”或桌面图标启动 QIAxcel ScreenGel 软件。
3. 选择模式(DNA, RNA 或蛋白)，登录(详细信息请参阅[用户身份验证](#)章节)。“Process (操作)”环境打开，显示操作向导中进程概况 (process profile) 的第一屏。
4.  图标表示连接已建立，按照[安装 QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙](#)中的介绍，安装 QIAxcel 凝胶卡夹。

注意：您可以检查“Process (操作)”环境左侧“Status Information (状态信息)”面板中的卡夹状态。详情请参阅“[Status Information \(状态信息 \)](#)”面板章节。

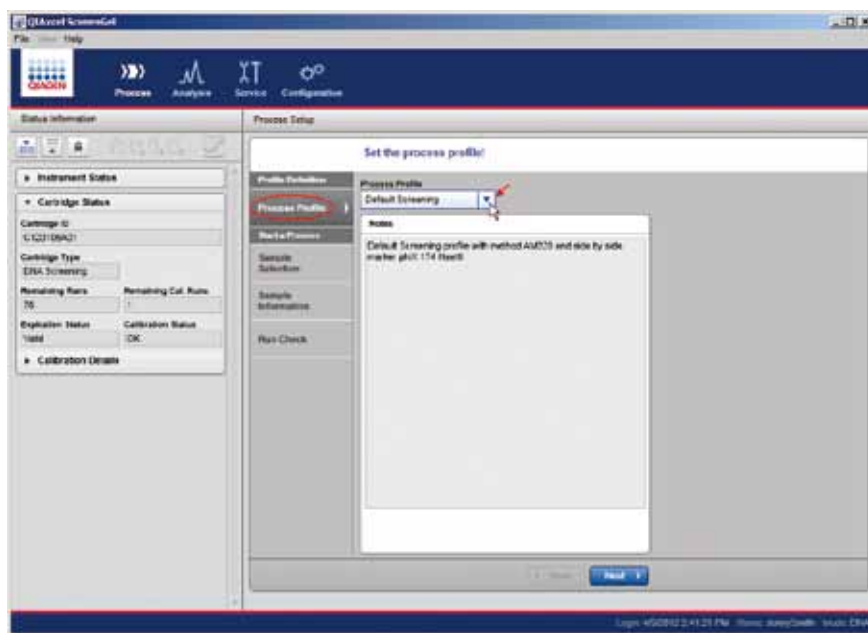
5. 按照[加载缓冲液槽](#)中的介绍，将含有 QX Alignment Marker 的缓冲液槽放在缓冲液槽支架上。

6. 将样品联管（A 位置）或 96 孔板放在样品板支架上。


7. 关闭样品门。

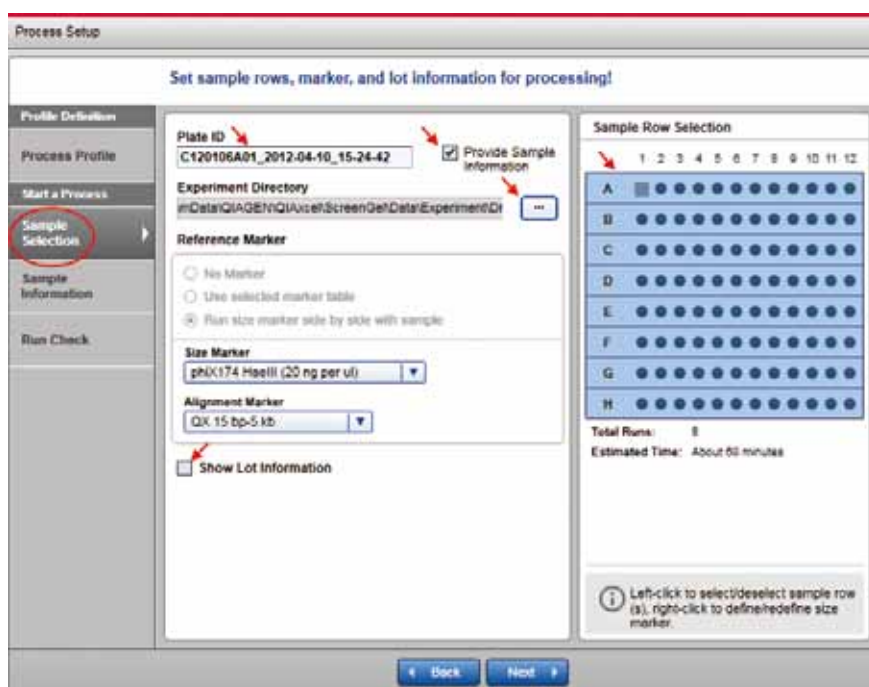
注意：如果仪器门已关闭，则缓冲液槽会在 5 分钟后自动移至“Wash Park”的位置。

8. 在 QIAxcel ScreenGel 中，在“Process Profile（进程概况）”屏幕选择一个预定义的进程概况 (process profile)。



“Process Profile（进程概况 (process profile)）”屏幕。

9. 点击  前进到下一屏，“Sample Selection（样品选择）”。



“Sample Selection (样品选择)” 屏幕。

10. 你可以修改实验将储存的目录。可以是本地的也可以是网络目录。

注意：只有在进程概况 (process profile) 允许的情况下才可以改变路径 (见 [Selecting general process 选项](#))。

11. 或者，可以修改孔板 ID。

注意：孔板 ID 会用于命名进程的所有结果文件，用于实验数据的保存以及生成的报告 / 导出的文件。所以，一个独一无二的板 ID 是必需的。更多信息见 [Run parameters and result structure 运行参数和结果构成](#)。

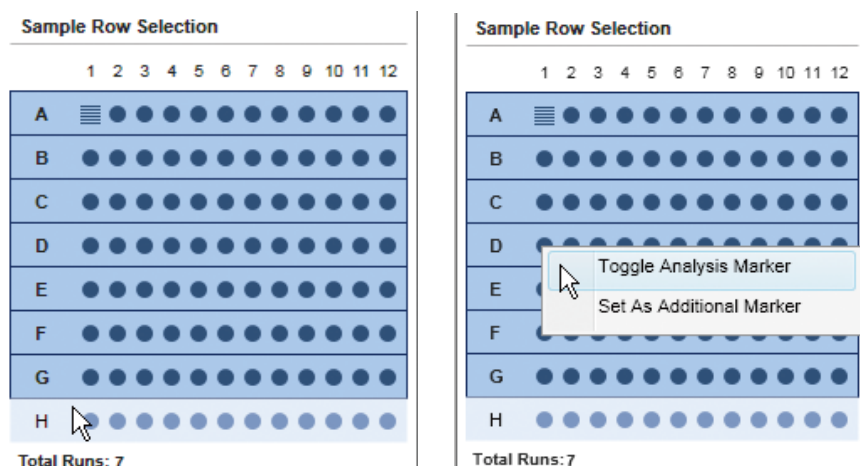
注意：运行结束后，孔板 ID 不可再修改。

注意：如果设置选项 “Generate plate ID” 是选中的，系统会自动根据设置中设定的规则生成孔板 ID。更多信息参见 [Setting 设置](#) 章节。当然，孔板 ID 也是可以修改的。

12. 您可以随意更改待处理样品行的选择。如果您想要处理的样品行少于进程概况 (process profile)，可使用此选项。左键点击该行，可取消选择 / 选择。

注意：只有当进程概况 (process profile) 允许，更改样品行才能实现 (请参阅 [选择运行参数](#))。

注意：无法取消选择包含 size marker 的行。如果您想要这样做，请先进到下一步，再取消选择。



样品行 H 被去选择了。

将 size marker 位置改为 D1。

13. 您可以随意更改样品板上 size marker 的位置，右键点击新的 marker 位置，在右键菜单中选择“Toggle Analysis Marker (切换分析 Marker)”。如果分析包含在进程概况 (process profile) 中，则在处理过程中此 size marker 可用于自动分析。

注意：只有当进程概况 (process profile) 允许，size marker 才能更改 (请参阅[选择运行参数](#))。

可选：如果样品板中有另一个 size marker，右键点击此位置，并在右键菜单中选择“Set As Additional Marker (设为附加 marker)”。旋转的 ladder 符号出现。再次右键点击，并在右键菜单中选择“Size Marker Name (size marker 名称)”。此信息可用于手动分析，但不能用于处理过程中的自动分析。

14. 如果您选择了“**No Marker (无 mark)**”选项，则要在“Alignment Marker”下拉框中选择制备的 alignment marker。如果您让“Alignment Marker”下拉框留空，则您稍后须在“Run check (运行检查)”屏幕上确认警告信息。

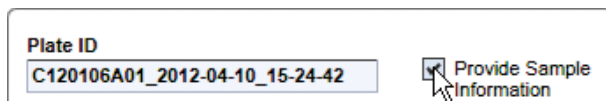
15. **可选：**勾选“Show Lot Information (显示批号信息)”，并在显示的字段中输入批号信息，可提供缓冲液和 marker 的批号信息。

可见的批号信息字段。

注意：只有当“Enable input fields for Buffer lot IDs (启用缓冲液批号 ID 的输入字段)”或“...Marker lot IDs (……marker 批号 ID)”选项被选择时，这才可用 (详见[设置](#))。


注意：最后使用的 Lot 信息可以从下单列表中选择。通过点击 "Lot used" 按钮可以回复上一次使用的 Lot 信息组合。

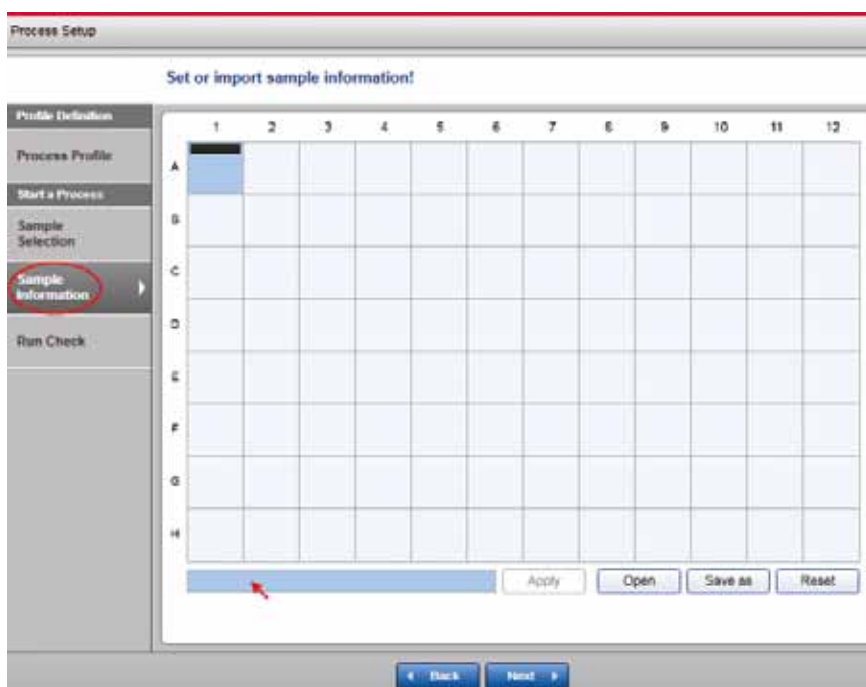
16. **可选：**如果您想提供样品信息，请勾选 “Provide Sample Information (提供样品信息)” 框。如果不想，前进到第 19 步。



“Provide Sample Information (提供样品信息)” 框已勾选。

注意：只有在勾选了此框时，“Sample Information (样品信息)” 屏幕才会出现。


17. 点击 ，前进到下一屏，“Sample Information (样品信息)”。



“Sample Information (样品信息)” 屏幕。

18. **可选：**提供样品信息，手动输入或从文件导入。

如果要手动输入样品信息，请从 A1 位置（预先选择）开始输入样品信息。输入的文本显示在表格下方的编辑字段。按下 “Enter (回车)” 键，确认每个位置的信息；下一个位置将自动选择，供下一次输入。如果只提供选定位置的样品信息，点击此位置，在编辑字段输入样品信息，并按下 “Enter (回车)” 键确认或点击

。

如果要保存从文件中导入样品信息，点击 **Save as**。对话框弹出，并列出所有可选的导入文件，这些文件保存在设置中指定的“Sample Information(样品信息导入)”目录中。选择导入文件要存储的目录，输入文件名并点击“OK”。导入的数据会覆盖之前提供的所有样品信息。如果要从文件中导入样品信息，点击“Open ...”。对话框弹出，并列出所有可选的导入文件，这些文件保存在设置中指定的“Sample Information (样品信息)”目录中。选择导入文件并点击“OK”。导入的数据会覆盖之前提供的所有样品信息。

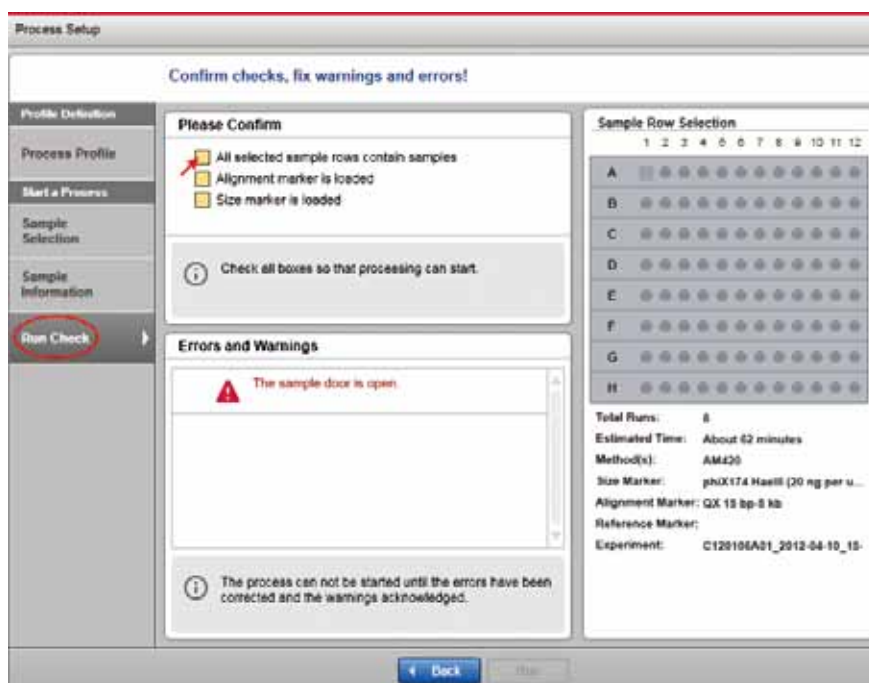
更多关于编辑样品信息的内容请参见“[Provide Sample Information\(提供样品信息 \)](#)”章节。

注意：size marker 位置以“ladder”符号标出。

注意：点击 **Reset** 清除样品信息；使用“Tab”键和“Shift”+“Tab”键浏览这些位置。

注意：关于配置的详细信息，请参阅[设置](#)章节。

19. 点击 **Next**，前进到下一屏，“Run Check (运行检查)”。



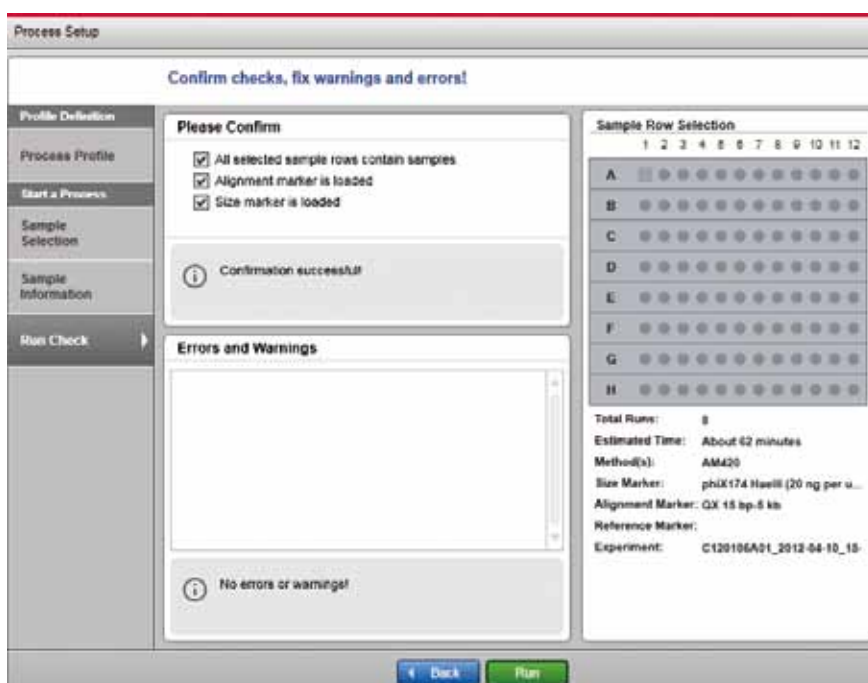
“Run Check (运行检查)”和“Sample door is open (样品门已打开)”错误。

20. 确认所有复选框。解决显示以警告和错误的问题。使用 **Back** 和 **Next** 浏览。

注意：只有当所有运行复选框都确认，且无错误 / 警告显示时，操作才能开始。

注意：可能需要高级用户的[移交](#)。

注意：如果“Run (运行)”按钮仍然无法激活，请检查“[Status Information \(状态信息 \)](#)”面板中的卡夹和仪器状态，或参阅[疑难解答](#)章节。



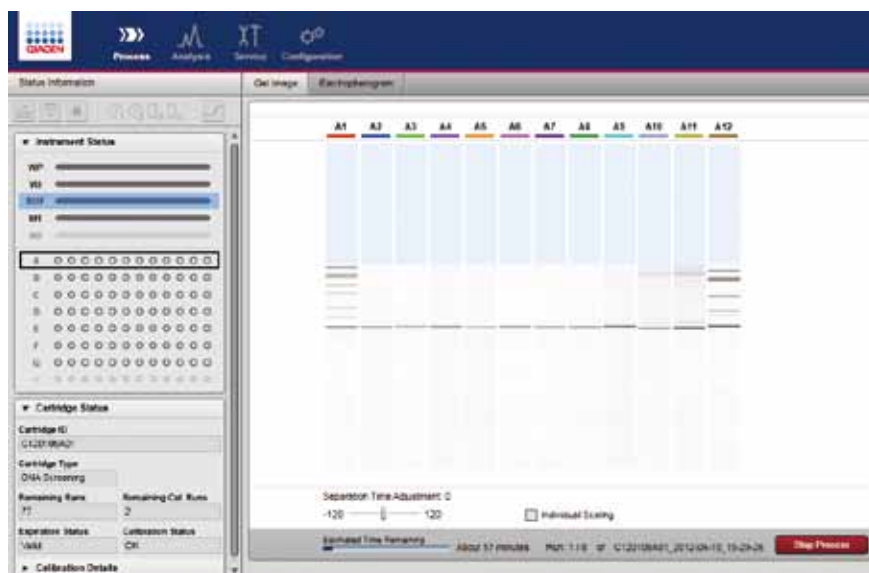
“Run Check (运行检查)”屏幕，所有确认框已勾选，所有问题已解决。

21. 点击 ，启动操作。

操作向导将关闭，同时将显示正在处理的每一行的预览。仪器正在开展的行动显示在左侧的“Instrument Status (仪器状态)”面板中。预览下方的进度条显示了整个操作的进度。

取决于报告设置，产生的报告可能显示。

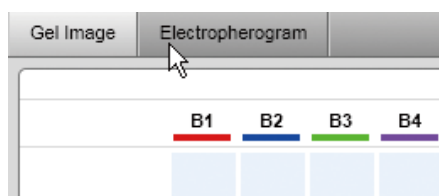
注意：在 QIAxcel 操作过程中打开卡夹门或样品门将导致系统停止它正在进行的操作。操作停止，且无法恢复。正在处理的行不保存任何样品数据。只有已完成的行保存了样品数据。不开展分析、峰检出或报告 / 导出。因此，保存的样品数据只包含原始数据。



正在运行 A 行的操作。

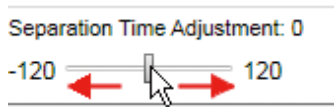
操作运行中的行动：

- 您可以查看模拟胶图和原始信号峰图，只需点击相应的标签。



从模拟胶图转换到原始信号峰图。

- 随意调整分离时间。如果要调整，将鼠标移至“Adjust Separation Time (调整分离时间)”滚动条。移至最左侧将分离时间缩短 120 秒，移至最右侧将分离时间延长 120 秒。移动滚动条会影响实际正在进行的分离以及之后所有的分离。



调整分离时间。

注意：利用鼠标，或按住键盘上的“左光标”或“右光标”键，可移动滚动条。

注意：点击“Run (运行)”按钮，开始下一个操作时，滚动条将自动重设到中间位置，而分离时间也将变成方法中定义的时间。

- 可选择性的切换复选框“Individual Scaling” on/off 以最大化所有样品的信号强度。

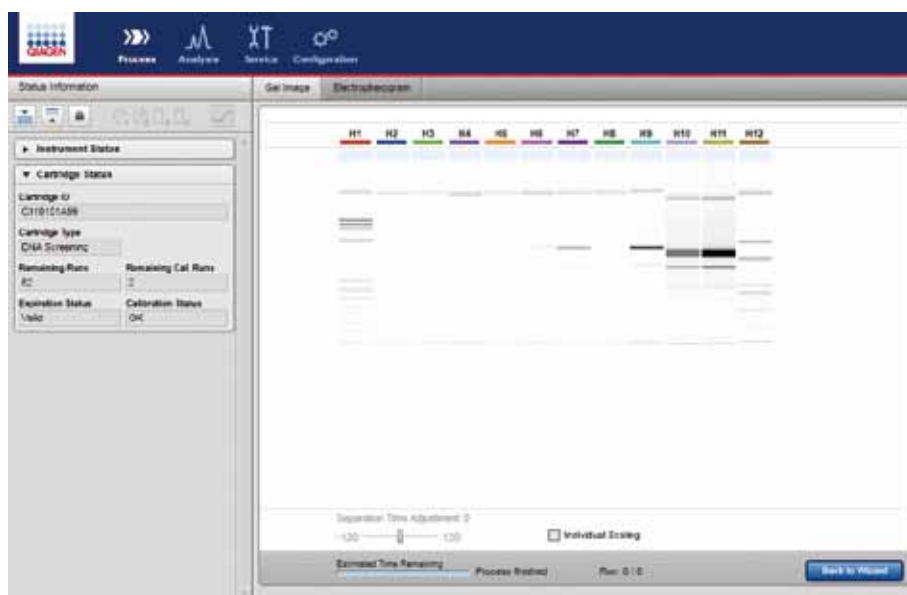
更多关于单独缩放的信息请见“[凝胶视图](#)”。“Individual Scaling”的复选框初始是未勾选的。

- 点击预览下方的“STOP”按钮，操作将终止。

注意：如果仪器发动机正在运转，那么在此次运转之后操作将终止。

注意：注意：正在处理的行不保存任何样品数据。只有已完成的行保存了样品数据。不开展分析(analysis)、峰检出(peak calling)或报告 / 导出(report/export)。因此，保存的样品数据只包含原始数据。

操作完成后的行动：



操作已完成。

- 点击预览下方的“Back to Wizard (返回到向导)”按钮，返回到操作向导，可启动下一项操作。
- 如果要检查样品数据，请转换到分析环境。关于如何转换，请分别参阅[环境](#)、[处理样品和实验](#)以及[查看样品数据](#)等章节。返回到操作环境，并点击“Back to Wizard(返回到向导)”按钮，可启动下一项操作。

本页故意留空

6. QIAxcel ScreenGel 软件

6 QIAxcel ScreenGel 软件

用户友好的 QIAxcel ScreenGel 软件是专为 QIAxcel Advanced 系统的使用而开发的。交互式工具简化了分析，有助于快速的数据解析，且提供了灵活的数据查看格式；峰图和胶图。

此软件提供了向导式的运行程序设置以及方便的分析模版程序，便于标准化的样品处理；并且提供简单地和客户定制的结果文档。

QIAxcel ScreenGel 软件是基于一种独特的算法，实践证明，这种算法可比其他的层析分析软件包更准确地分析分离数据，且重复性更好。它可计算峰的多种特点：包括峰的数量以及每个峰的高度、宽度和面积。

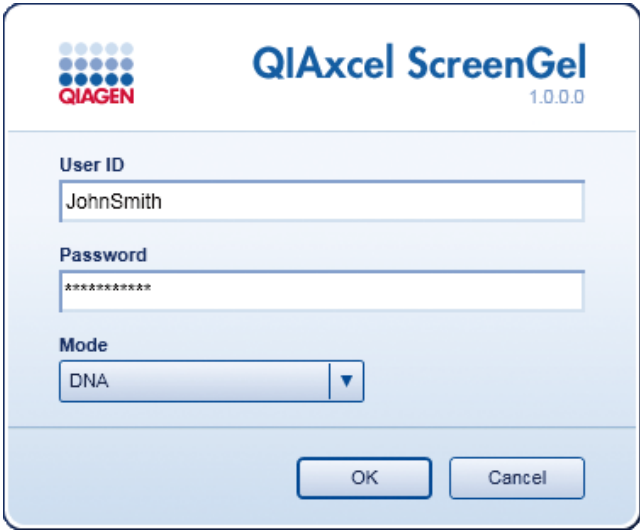
6.1 概念

本章节解释了一些概念，是每位使用 QIAxcel ScreenGel 软件的用户都应当熟悉的：

- 模式
- 用户管理
- 环境
- 概况
- 用户界面

6.1.1 模式

QIAxcel ScreenGel 软件目前有三种模式 – 一种适用于 DNA 分析，一种适用于 RNA 分析，另一种适用于蛋白分析。模式的主要目的是根据分析物的性质来转换数据分析算法。此外，模式确保了使用有效的卡夹类型，且只有正确的数据类型才能从文件中加载。登录对话框中的模式选择



6.1.2 用户角色

QIAxcel Advanced 软件分为四种不同的用户角色，他们的权限不同。每个用户都被指定为一种用户角色。本章节简要地概述了每种用户角色的权限：

角色	作用	任务	访问
管理员	用户管理 软件配置	软件的安装 全局设置的配置 QIAxcel Advanced 用户的管理	配置环境
常规用户	常规的样品处理	样品处理 检查样品	所有环境 (限制访问)
基本用户	样品处理 and 数据分析，而无修改概况的权限	样品处理 样品的分析	所有环境 (限制访问)
高级用户	样品处理 分析程序的创建和修改 有修改参数的权限，进而进行数据的分析	创建 / 修改分析程序 样品处理 样品的分析	所有环境 (完全访问)

■ 管理员

此角色是为设置和用户的管理而设的。

指定为此角色的用户可更改全局设置和执行用户管理，例如用户账户的管理（权限、用户角色等）。用户不能访问概况、“操作”环境、“分析”环境或“服务”环境。

■ 高级用户

此角色是为经验丰富的用户而设的。

指定为此角色的用户可访问除用户管理外的软件的全部功能。用户可创建分析、进程和报告概况，从而为其他用户的工作打下基础。他们可执行高级分析，如不同进程的结果比较（请参阅[自定义实验](#)），如有必要的话，也可修改概况参数。

■ 基本用户

此角色确保了预定义概况，特别是分析概况的使用。

指定为此角色的用户可访问软件的所有环境，然而，他们不能创建新的或修改已设定的程序，如分析和程序文件。当使用使用以设定的程序进行新的程序的设置时，他们可修改 Marker 的设置及需要处理的样品行数。在分析环境中，他们可打开现有的实验数据，并应用预设定的分析和报告参数，但是他们不能修改单个分析参数。向一个用户[移交](#)“基本用户”或“高级用户”的角色是可能的。

■ 常规用户

此角色是为常规处理大量样品的实验室而设的。在向导的指引下，用户开展高效的进程设置。

指定为此角色的用户仅限于使用预设定的程序进行样品的运行。他们无权访问分析环境。

■ 将“常规用户”，“基本用户”，或“高级用户”的角色[移交](#)给另一个用户是可以的。

注意：通过创建几个不同角色的用户账户，一个人可被指定为几种用户角色。

请参阅[用户管理](#)部分，了解如何创建用户账户的信息。

6.1.3 环境

QIAxcel ScreenGel 软件是由四种环境组成的，每种环境提供了不同的功能。每次只能使用一种环境。



环境图标，其中“Process（操作）”环境激活。

如果要切换环境，请点击环境图标。下表简要介绍了环境的功能：



该环境实现了准备在 QIAxcel Advanced 系统上开展的运行。支持数据获取，实现了综合的数据分析和报告。关于详细信息，请参阅[操作](#)章节。



该环境显示并实现了样品数据的分析。提供了样品数据的高级可视化和分析工具，以及报告和导出功能性。关于详细信息，请参阅[分析](#)章节。



该环境适用于 QIAxcel Advanced 系统的维护或维修。包含了仪器、卡夹的维护和故障排除的所有功能。关于详细信息，请参阅[维修](#)章节。



该环境适用于用户和系统配置的管理。提供用户管理、概况管理和软件首选项(设置)的权限。关于详细信息，请参阅[配置](#)章节。

6.1.4 概况

QIAxcel ScreenGel 软件中的数据获取和分析是由“Profile（概况）”来控制的。Profile 概况综合了实验设置和参数，可方便地重新用在不同用途中（详见下表）。

标准程序是使用预定义的概况。QIAxcel ScreenGel 软件将会安装一套预定义的 Profile 概况，它们不能修改。不过，如果有必要，有经验的用户能创建新的 Profile 概况，或按照需要更改 Profile 概况设置。

Profile 概况	描述
Process profile 进程概况	定义数据获取的设置。定义电泳运行的所有参数。
Analysis profile 分析概况	定义样品数据分析的设置（分析参数）。

[Peak calling instruction](#) 用来定义兴趣峰的搜索标准

[峰检出指导](#)

[Report/export profile](#) 定义样品数据和分析结果的报告和导出形式。

[报告 / 导出概况](#)

注意：Process profile（进程概况）设置时可以包含“Analysis profile（分析概况）”和“Report/export profile（报告 / 导出概况）”，这实现了全自动的处理，包括分析和报告。

注意：将 Analysis（分析）和 report/export profile（报告 / 导出）概况及 peak calling instructions（峰检出指导）的名称和所有概况参数复制到进程概况 (process profile) 中，这样 process profile（进程概况）就包含了分析和报告 / 导出概况。这意味着对原先概况的修改将不会自动呈现在进程概况 (process profile) 中。这可防止进程概况 (process profile) 被错误修改，确保了操作的稳定性。如果进程概况 (process profile) 也需要修改，请包含修改过的进程。

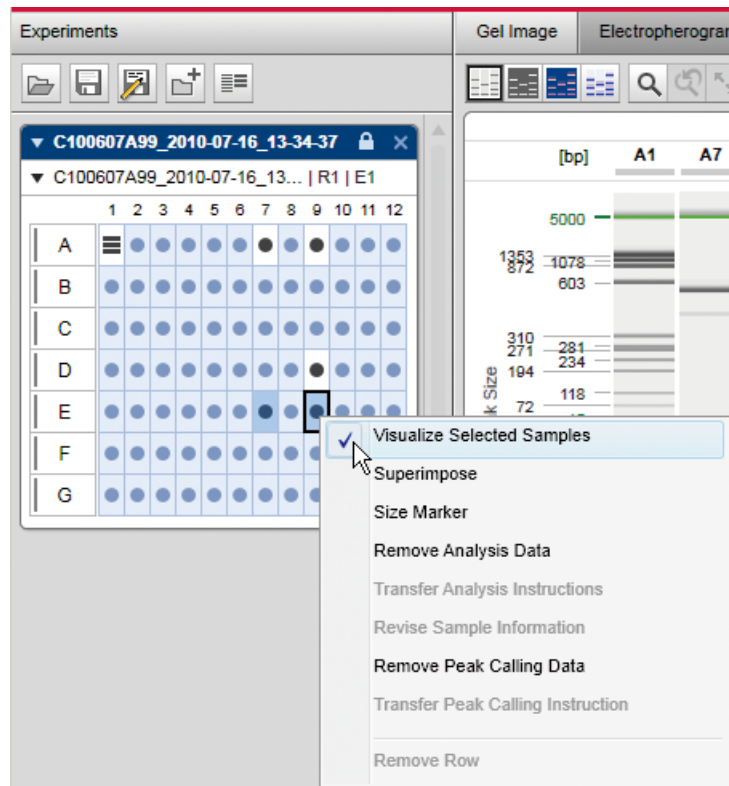
6.1.5

一般软件使用

QIAxcel ScreenGel 软件是一个现代化的软件，有着最先进的图形用户界面。用户界面的控制方式与标准的 Windows 控件相同。本章节解释了常用的术语，以及 QIAxcel ScreenGel 软件用户界面特有的一些概念。

下表解释了本手册中用到的与用户界面相关的术语。

左击	按下计算机鼠标或触摸板的左键。
右击	按下计算机鼠标或触摸板的右键。
双击	非常快地左击两次。
拖放	利用计算机鼠标或触摸板将一个对象（样品、通道）移动到另一个位置。左击选中对象。按住鼠标左键，同时将对象拖到新的位置。放开鼠标左键，在新的位置释放对象。 如果要选择不止一个对象，左击选中所有选择的对象。
右键菜单	在右击某个控件时，上下文相关的菜单会弹出。并非所有控件都提供右键菜单。



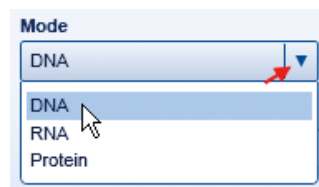
“Experiment Explorer (实验浏览器)” 中的右键菜单。

工具提示

当鼠标指针指向一个控件但不点击它，一个小的文本窗口会弹出。并非所有控件都提供工具提示。通常工具提示会给出关于控件功能的有用信息，或关于可能问题（错误或警告）的有用信息。

下拉框

下拉框能够从预定义的项目列表中选择一项。首先在三角上左击打开列表。然后将鼠标移至正确的选项，左击选中它。



下拉菜单。

切换按钮

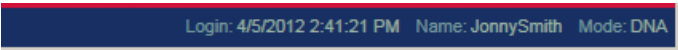
右击按钮进行切换。当按钮按下时，功能为“on(开)”。再次左击按钮，切换到功能“off(关)”。

“橡皮筋”功能

拖拉“橡皮筋”来定义一个矩形区域（缩放）。右击确定起点，按住鼠标的同时拖动。在拖动时，“橡皮筋”显示，围绕矩形区域。放开

鼠标按钮,确定区域。“橡皮筋”消失。系统根据定义的区域来执行(缩放)功能。

状态栏(应用窗口底部的信息行)显示了目前登录的用户、日期和时间、用户登录名以及应用模式(DNA, RNA 或蛋白)。

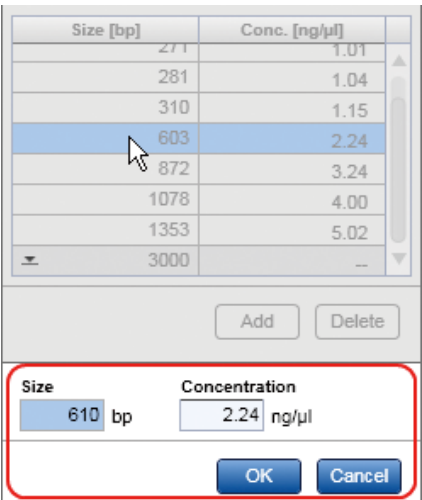


状态栏。

6.1.5.1 编辑表格中的数据

QIAxcel ScreenGel 的图形用户界面包含了许多表格。当表格数据可编辑时,您可在表格底部的特殊编辑区中进行编辑。表格单元本身是不能编辑的。

可编辑表格的一个例子是“Process (操作)”环境中的 Size Marker 表格。



特殊区域用于编辑表格内容。

例如,将碱基对大小从 603 更改到 610 :

- 1. 左击所需的行,让它高亮显示。
- 2. 点击表格下面的“Size (大小)”编辑字段。
- 3. 输入 610。

在编辑时,只有编辑区的控件启用。在本例中,编辑字段“Size (大小)”和“Concentration (浓度)”启用,以及“OK (确定)”和“Cancel (取消)”按钮。

- 4. 如果接受“Size (大小)”和“Concentration (浓度)”字段的值,点击“OK (确定)”。

如果取消编辑并放弃保存,点击“Cancel (取消)”。

注意: 只有当可编辑字段已更改并有效时,“OK(确定)”和“Cancel(取消)”按钮才启用。

6.1.5.2 显示错误和警告

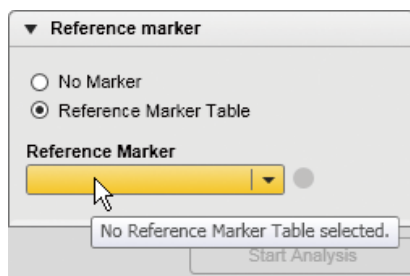
在 QIAxcel ScreenGel 中，黄色的控件说明错误、警告，或输入的数据不一致或不完整。

编辑过程中的验证

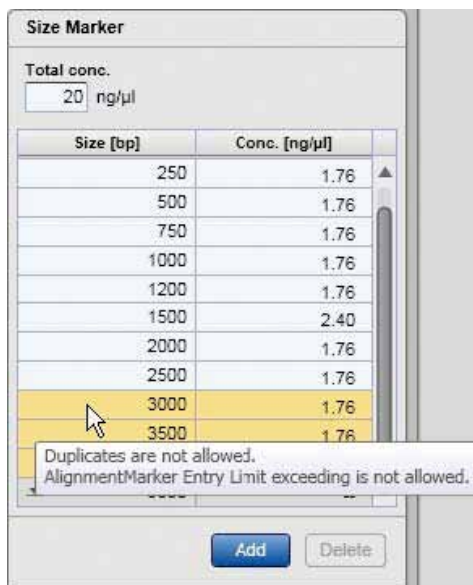
如果在可编辑的字段输入了错误的的数据，则背景变成黄色。此外，工具提示将弹出，解释了问题。下列界面截图显示了错误例子和相应的工具提示。



负数是不允许的。



您必须选择一项。

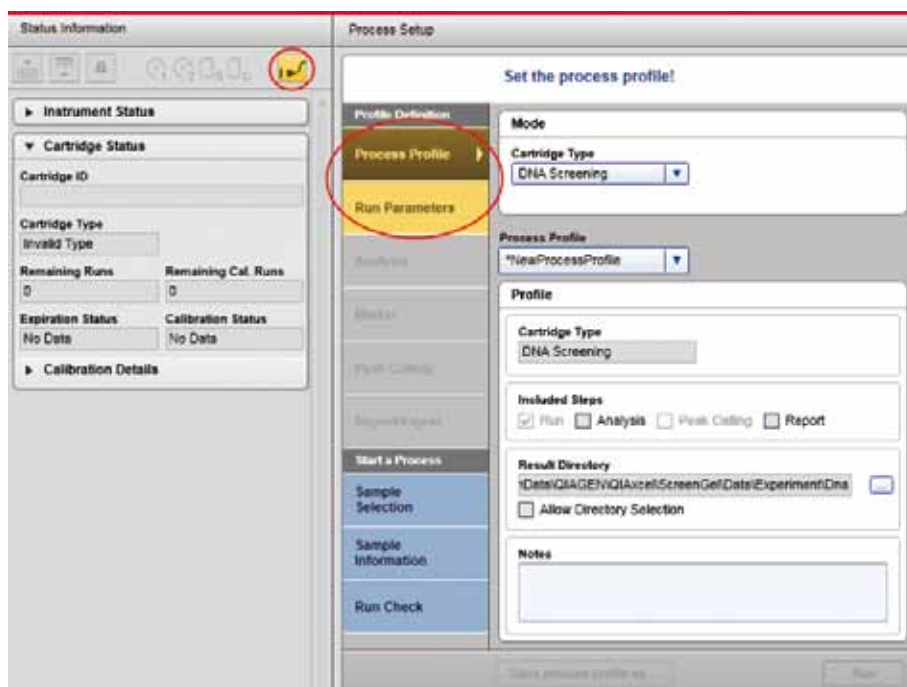


1. 重复项是不允许的。

2. 超出 Alignment Marker 的范围是不允许的。

操作界面

如果“Process (操作)”向导界面包含错误或警告，则其界面的 marker 背景变成黄色。您应当检查此界面中的数据，并纠正问题。

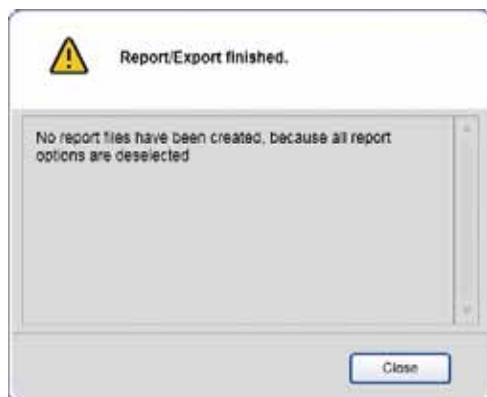


“Run Parameters (运行参数)”界面是不完整的，且仪器未连接。

注意：即使已检测到错误 / 警告，步骤 marker “Run Check (运行检查)” 仍为蓝色（正常状态）。如果要开始一个进程，请按照 [Running procedure \(运行步骤\)](#) 章节（常规用户）或 [Running a process with advanced option](#) 运行带有高级选项的进程章节操作。

消息框

QIAxcel ScreenGel 中的大部分问题是以消息框报告的。



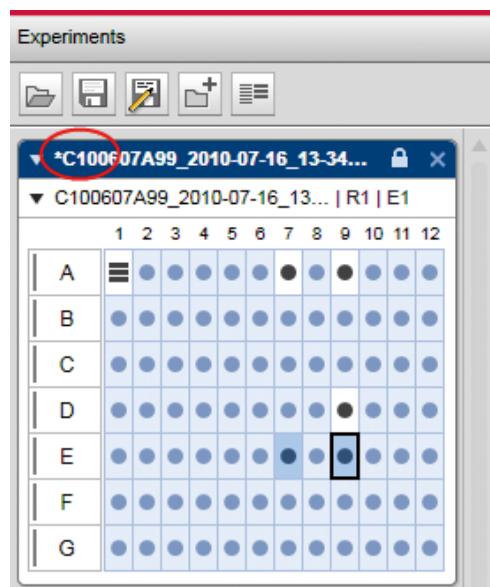
错误消息框。

6.1.5.3 显示修改

QIAxcel ScreenGel 以 Windows 兼容的方式显示修改，修改对象名称的左侧出现一个星号。下面举几个例子。

“Analysis (分析)” 环境 / 实验的修改 (应用或删除分析，更改通道次序等)

实验的名称将出现一个星号。



修改的实验。

注意：更改的 profile (概况) 以相同方式显示。

“Process (操作)” 环改变境 / 操作向导中任一参数选定的进程概况 (process profile) 将出现一个星号。

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

*AM320_variant 1

Profile

Cartridge Type

DNA Screening

Included Steps

☒ Run ☒ Analysis ☐ Peak Calling ☒ Report

Result Directory

Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel\Data\Experiment\Dna

☐ Allow Directory Selection

Notes

Default Screening profile with method AM320 and side by side marker phiX 174 HaeIII

Save process profile as ...

Run

修改的进程概况 (process profile)。

“Peak Calling (峰检出)” 界面中参数的更改

“Peak Calling Instruction (峰检出指导)” 下拉列表中选定的峰检出指导将出现星号。

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

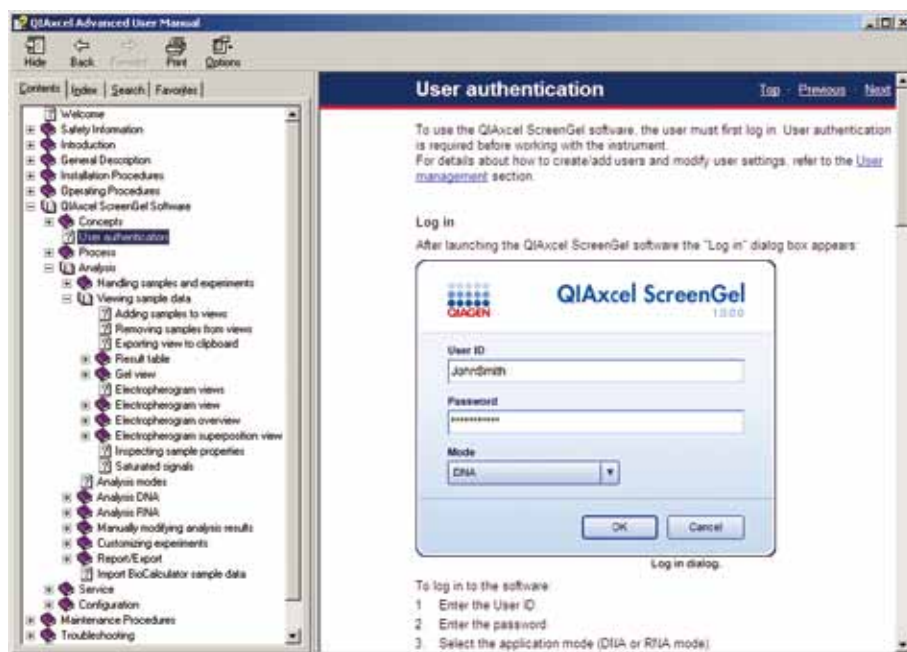
Save process profile as ... Run

修改的检出指导。

注意：您可以启动进程，或离开“Process（操作）”环境而不保存您的更改。QIAxcel ScreenGel 软件将不会提醒您保存进程概况 (process profile) 以及相应的分析概况、报告 / 导出概况，或检出指导。如果您离开“Process（操作）”环境、注销或退出应用程序，若您的更改需要再次使用，则您应当保存。

6.1.5.4 获得帮助

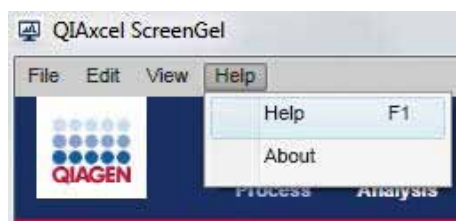
QIAxcel ScreenGel 软件有一个快捷帮助系统。在按下 F1 键后，上下文特定的帮助页面将显示。下列图像显示了登录界面对应的帮助页面：



在登录界面按下 F1 键后显示的帮助页面。

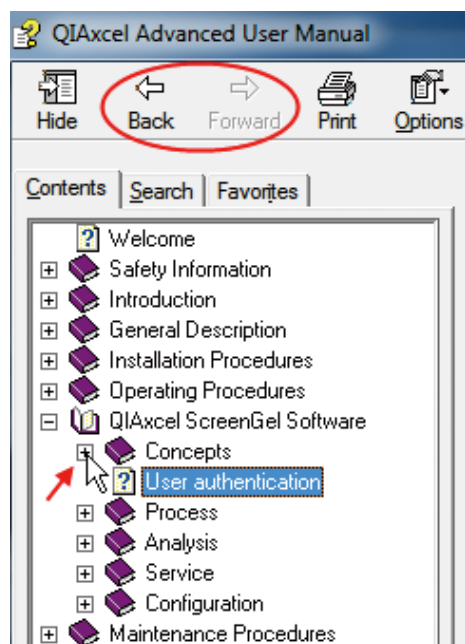
注意：“QIAGEN/QIAxcel”下的开始菜单文件夹也包含了 PDF 和 CHM 格式的用户手册的链接。

或者，从“Help”菜单里选择“Help”。



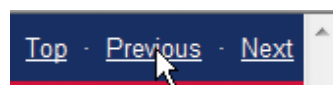
从“帮助”菜单访问“帮助”。

在“[QIAxcel ScreenGel Software](#)”章节中找到关于软件功能的描述，根据软件的环境归类为不同章节。通过左侧的内容树对帮助系统进行导航。



点击扩展内容树。

帮助系统提供了其它章节的链接。用导航链接或帮助系统的按钮回到前一个主题。



点击导航返回。

6.2 用户身份验证

如果要使用 QIAxcel ScreenGel 软件，用户首先必须登录。在使用仪器之前，用户身份验证是必需的。

关于如何创建 / 添加用户以及修改用户设置的详细信息，请参阅 [User management \(用户管理\)](#) 章节。

登录

在启动 QIAxcel ScreenGel 软件后,“Log in (登录)”对话框出现:



登录对话框。

如果要登录软件:

1. 选择应用模式 (DNA、RNA 或蛋白模式)。
2. 输入用户 ID。
3. 输入密码。
4. 点击 “OK”。

注意: “Mode (模式)” 下拉列表中预先选择了上一次使用的模式。

注意: 如果要更改模式, 注销, 然后重新登录, 或重启应用程序。

注意: 如果设置中的 21 CFR Part 11 支持激活, 且 “Maximum number of failed logins (登录失败的最大次数)” 已设定, 则登录失败的次数是有限的。

如果起过了最大失败次数, 用户帐户将被告锁定。管理员可以通过 [User manager](#) 对账户进行解锁。如果管理员的帐户被锁定了, 请联系 QIAGEN 技术支持部门。

注意: 关于如何建立新的帐户请参考 [User management \(用户管理 \)](#)。

注意: 首次登陆信息请参见 [Getting started with the QIAxcel ScreenGel software \(软件使用入门 \)](#)。

注销

如果要注销:

1. 在应用程序的菜单栏中选择 “File/Logout (文件 / 注销)”。
2. 对话框弹出, 询问您是否真的要注销。点击 “Yes (是)” 按钮, 确认注销。

3. 在注销之后，对话框中的日志出现。

注意：如果您想要退出 QIAxcel ScreenGel 软件，先取消对话框中的日志。

移交

用户可将当前会话移交给另一个用户。移交特别有用，因为当前的工作环境，包括所有开放的实验，都可转移给一位有着扩展权限的不同用户，如用于高级分析和维护。

注意：移交只能向有着相同或更高[用户角色](#)的用户进行。

如果要移交：

1. 在应用程序的菜单栏中选择“File/Handover (文件 / 移交)”。
2. “Hand over (移交)”对话框出现。
3. 输入用户 ID 和密码，点击“OK”。

更改用户密码

如果要更改您的密码：

1. 在应用菜单栏中选择“File/Change Password... (文件 / 更改密码)”。
2. “Change Password (更改密码)”对话框出现。
3. 输入旧密码。
4. 输入新密码。

注意：密码必须包含一个大写字母、一个小写字母和一个数字。密码不得少于 8 个字符。

5. 确认新密码。
6. 点击“OK”。



The screenshot shows a dialog box titled "Change password for user John Smith." with the QIAGEN logo. It contains three text input fields for password entry and two buttons at the bottom: "OK" and "Cancel".

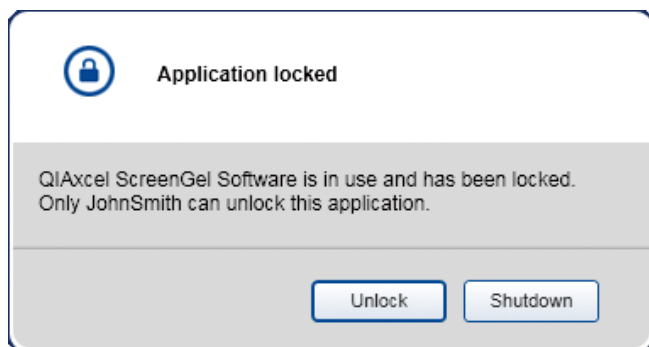
修改用户密码的对话框。

锁定软件

如果计算机处于无人值守状态，则软件可以锁定，以阻止用户访问。

如果要锁定软件：

1. 在应用程序的菜单栏中选择“File/Lock Application (文件 / 锁定应用程序)”。
2. 当应用程序锁定时，下列对话框出现：



让应用程序解锁的对话框。

软件自动锁定

为了支持 21 CFR Part 11 的要求，在一段规定的时间内，若用户无操作，则软件自动锁定。您可以激活 21 CFR Part 11 支持，并在设置中指定自动锁定时间。关于更多详情，请参阅[设置](#)章节。

解锁软件

如果要解锁软件：

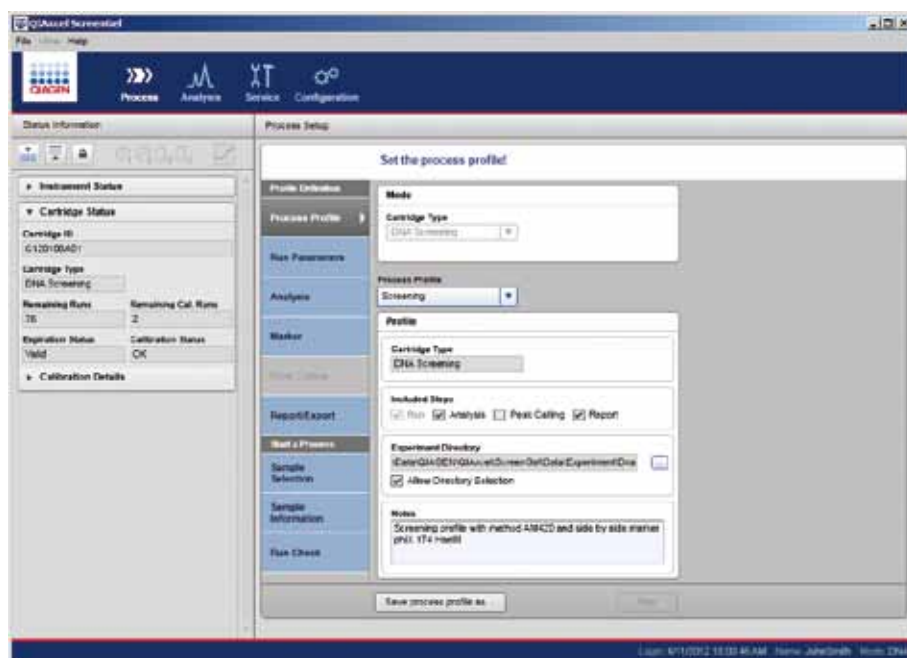
1. 点击“Unlock (解锁)”按钮。
2. 登录对话框弹出。
3. 输入用户 ID 和密码，点击“OK”。

注意：只有具备相同或更高权限的用户可以解锁应用程序。

6.3 操作

“Process (操作)”环境提供了数据获取所需的所有功能：

- 定义操作参数
- 启动样品操作
- 观察数据获取进程



“Process(操作)”环境有活动的“Process Profile(进程概况)”界面和左侧的“Status Information(状态信息)”面板 (高级用户视图)。

操作参数可保存在进程概况 (process profile) 中，以便再次使用。

如果要想让进程完全自动化，定义一个进程概况 (process profile)，其中包含了带有分析参数和 marker 信息的“Analysis(分析)”概况和带有报告 / 导出参数的“Report(报告)”概况。请参阅概况章节 5.3.2 (启动运行)，了解更多信息。

请参阅[运行程序](#)章节，了解如何利用预先定义的进程概况 (process profile) 启动数据获取。这意味着数据获取以及分析和报告的所有参数已定义。特定的样品信息必须输入，进程才启动。指定为“常规用户”、“基本用户”或“高级用户”的用户可开展此操作。

请参阅[Running a process with advanced options 运行带有高级选项的进程](#)章节，了解如何定义进程参数以及如何启动进程。这必须是“基本用户”或“高级用户”；然而，就分析参数和方法而言，“基本用户”可能有一些限制。

请参阅[创建一个新的进程概况 \(process profile\)](#)和[修改进程概况 \(process profile\)](#)章节，了解如何制备并保存进程概况 (process profile) 供再次使用的信息。这必须是“高级用户”。

操作过程中获取的数据将保存在实验中。请参阅[Running parameters and result structure \(运行参数和结果结构 \)](#)以及[Handling samples and experiments \(处理样品和实验 \)](#)章节，了解详细信息。


6.3.1 运行带有高级选项的进程



如有必要,指定为“高级用户”或“基本用户”的用户可修改进程概况 (process profile)。“基本用户”会有一些限制,例如,可启动一个修改过的进程概况 (process profile),但无法保存。限制适用的地方有注释。

注意: 关于“常规用户”如何启动进程的信息,请参阅[运行程序](#)章节。

按照下列步骤开展带有高级选项的运行:

1. 打开计算机,通过 Windows 开始菜单下的“QIAGEN/QIAxcel”,或者桌面图标启动 QIAxcel ScreenGel 软件。
2. 打开 QIAxcel 的电源开关。仪器自动执行初始化程序。
3. 选择模式 (DNA, RNA 或 Protein) 并登录 (详细信息请参阅 [User authentication \(用户身份验证\)](#) 章节)。“Process (操作)”环境打开,显示操作向导中进程概况 (process profile) 的初始界面。

4. 点击  连接 QIAxcel Advanced.

注意:  图标表示连接已经建立,  图标表示 QIAxcel Advanced 已经连接上了。

按照[安装 QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙](#)中的介绍安装待用的凝胶卡夹。

注意: 您可以在“Process (操作)”环境左侧的“[Status Information \(状态信息\)](#)”面板中检查卡夹的状态。请参阅“状态信息”面板章节,了解更多信息。

5. 按照[加载缓冲液槽](#)中的介绍,将含有 QX Alignment Marker 的缓冲液槽放在缓冲液槽支架上。
6. 将样品联管 (A 位置) 或 96 孔板放在样品板支架上。
7. 关闭样品门。

注意: 如果仪器的卡夹门及样品门已关闭,则缓冲液槽会在 5 分钟后自动移至“Wash Park”的位置。

8. 在 QIAxcel ScreenGel 的“Process (操作)”环境中,在“Process Profile (进程概况)”界面选择一个进程概况 (process profile)。

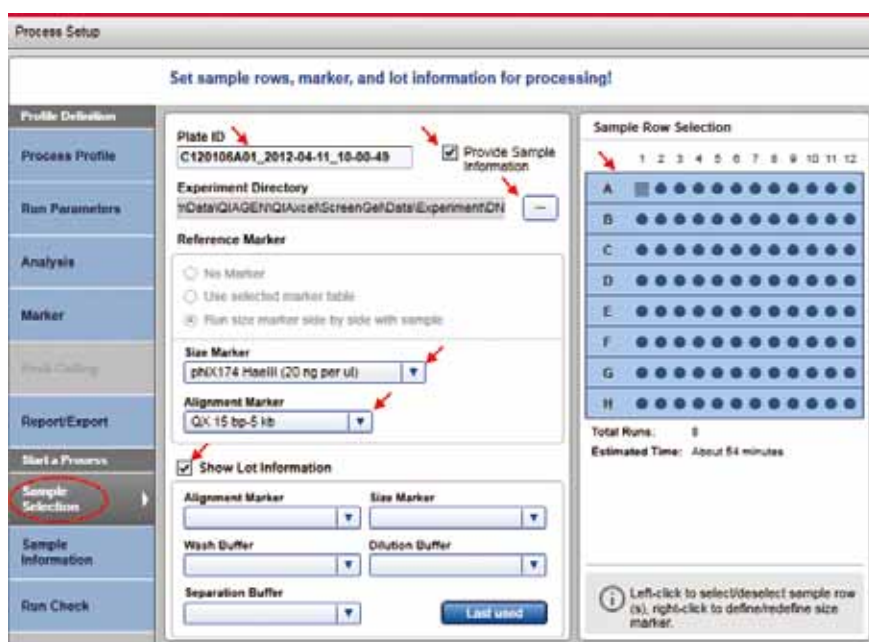
“Process Profile (进程概况)”屏幕，“Screening”概况已选择。

注意：选择“NewProcessProfile”，可从头开始创建一个进程概况 (process profile)。选择后系统将显示“NewProcessProfile”。只有“高级用户”才能开展此操作。

9. **可选：**如有必要，按照 [Process profile option \(进程概况\) 选项](#) 中的介绍，修改进程概况选项；“基本用户”基本用户的限制在此做了介绍。

注意：如果进程概况 (process profile) 允许，实验目录、marker 和样品行可以在下面的“Sample Selection”屏幕中调节。由于这些调整会覆盖掉进程概况 (process profile) 中定义的选项，因此只有在你希望重复使用这些参数时才对进程概况 (process profile) 中的选项进行调整。

10. **可选：**切换到“Sample Selection (样品选择)”界面。



“Sample Selection (样品选择)” 界面。

11. 可选：更改样品板 ID。

注意：样品板 ID 将用于命名此进程的所有结果：保存样品数据的实验以及产生的报告 / 导出文件。

注意：如果设置选项 “Generate plate ID (生成样品板 ID)” 被选择，那么系统将会根据设置中指定的规则自动生成一个样品板 ID。请参阅 [设置](#) 章节，了解更多信息。不过，样品板 ID 可修改。

12. 可选：调整实验保存的目录。

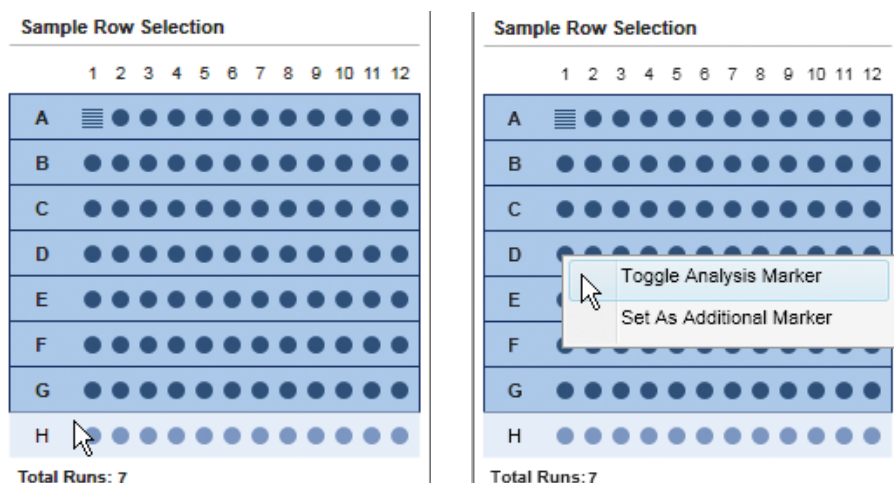
注意：可以是网络目录。不过，在运行过程中结果总是先存储在本地目录中（参见 [Setting 设置](#)），在运行结束后再拷贝到指定的目录下。

注意：只有在运行概况允许的情况下才可以修改实验目录（参见 [Selecting general process options 选择一般的进程选项](#)）；不过，你可以切换到 “Process Profile 运行概况” 屏幕下对其进行修改。

13. 可选：更改待处理的样品行的选择。如果您想要处理的行少于 “Run Parameters (运行参数)” 界面指定的行，可使用此选项。左击行，取消选择 / 选择。

可选：右击新的 marker 位置，可更改板中 size marker 的位置。在弹出的右键菜单中选择 “Toggle Analysis Marker (切换分析 Marker)”。

如果分析包含在进程概况 (process profile) 中，则此 size marker 将用于操作过程的自动分析。



样品行 H 被选中。

将 Size marker 的位置变换至 D1。

注意：只有当进程概况 (process profile) 允许，此处的更改样品行或 size marker 位置才能实现(详见 [Selecting run parameters \(选择运行参数 \)](#)); 不过,您也可以切换到“Run Parameters (运行参数)”界面，修改这些。

注意：无法取消选择包含 size marker 的行。

可选：如果您的样品板中有一个额外的 size marker，则右击此位置，在右键菜单中选择“Set As Additional Marker (设为附加的 Marker)”。旋转的 ladder 符号出现。再次右击，并在右键菜单中选择“Size Marker Name (Size Marker 名称)”。此信息可用于手动分析，但不能用于处理过程中的自动分析。

14. **可选：**如有必要，在“Size marker”和“Alignment Marker”下拉列表中选择 size marker 和 alignment marker。

注意：如果选择了“No Marker (无 Marker)”选项，则要选择制备的 alignment marker。如果您在“Alignment Marker”下拉列表未选择 alignment marker，则您稍后须在“Run check (运行检查)”界面确认警告信息。

15. **可选：**勾选“Show Lot Information (显示批号信息)”框，提供缓冲液和 marker 的批号信息。对于每一种批号类型会存储最多 5 个之前用过的批号信息。可以在下拉列表里选择这些最后使用过的值以重复应用。或者，也可以在组合框的编辑区域输入批号。点击“Last used”键，恢复上一次使用的批号信息组合。

注意：只有当设置中“Enable input fields for Buffer lot IDs (启用缓冲液批号 ID 的输入字段)”或“...Marker lot IDs (.....marker 批号 ID)”选项被选择时，此选项才可用 (详见[设置](#))。

16. **可选：**如果您想提供样品信息，请勾选“Provide Sample Information (提供样品信息)”框。否则，请前进到第 18 步。

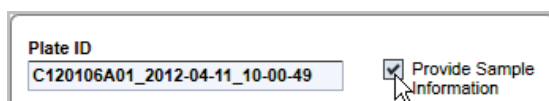


Plate ID
C120106A01_2012-04-11_10-00-49

☒ Provide Sample Information

“Provide Sample Information” 复选框已勾选。

17. **可选：** 在 “[Sample Information \(样品信息 \)](#)” 界面提供样品信息，按照提供样品信息章节的介绍，手工输入或从文件导入。

注意： 必须在 “Sample Selection (样品选择)” 界面勾选 “Provide Sample Information (提供样品信息)” 框，才能访问此界面。

18. 切换到 “Run Check (运行检查)” 界面。确认所有复选框。解决显示为警告和错误的问题。



Process Setup

Confirm checks, fix warnings and errors!

Please Confirm

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

Check all boxes so that processing can start.

Errors and Warnings

The sample door is open.

The process can not be started until the errors have been corrected and the warnings acknowledged.

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: GX 15 bp-5 kb
Reference Marker:
Experiment: C120106A01_2012-04-11_10-

Save process profile as ...

带有错误的 “Run Check (运行检查)” 界面。

注意： 只有当所有运行复选框都确认，且无错误 / 警告显示时，操作才能开始。警告必须勾选，或通过消除警告原因而清除。

注意： “高级用户” 可确认未校准的卡夹和 “红色” 标记的参照 marker (“基本用户” 可确认 “黄色” 的)。

注意： 如果运行按钮仍然无法启用，请检查 “[Status Information \(状态信息 \)](#)” 面板中的卡夹和仪器状态。

19. 点击 “Run (运行)” 按钮，启动操作。

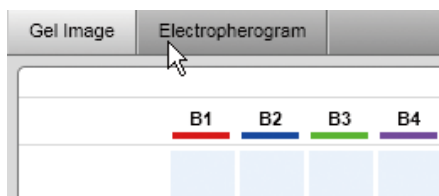
操作向导将关闭，同时将显示正在处理的每一行的预览。仪器正在进行的操作显示在左侧的 “Instrument Status (仪器状态)” 面板中。预览下方的进度条显示了整个操作的进度。

取决于报告设置，产生的报告可能显示。

注意：在 QIAxcel 操作过程中打开卡夹门或样品门将导致系统停止正在进行的操作。操作停止，且无法恢复。正在处理的样品行不被保存任何数据。只有已完成的样品行保存其数据。不开展分析、二重峰检出或报告 / 导出。因此，保存的样品数据只包含原始数据。

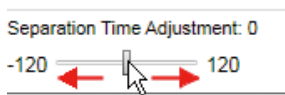
操作运行中的动作：

- 您可以在模拟胶图和原始信号峰图之间切换，只需点击相应的标签。



从模拟胶图切换到原始信号峰图。

- 选择性的调整分离时间。如果要调整，将鼠标移至“Adjust Separation Time (调整分离时间)”滚动条。移至最左侧将片段分离时间缩短 120 秒，移至最右侧将片段分离时间延长 120 秒。移动滚动条会影响操作过程中实际正在进行的片段分离以及之后所有的片段分离。



调整分离时间。

注意：利用鼠标，或按住键盘上的“左光标”或“右光标”键，可移动滚动条。

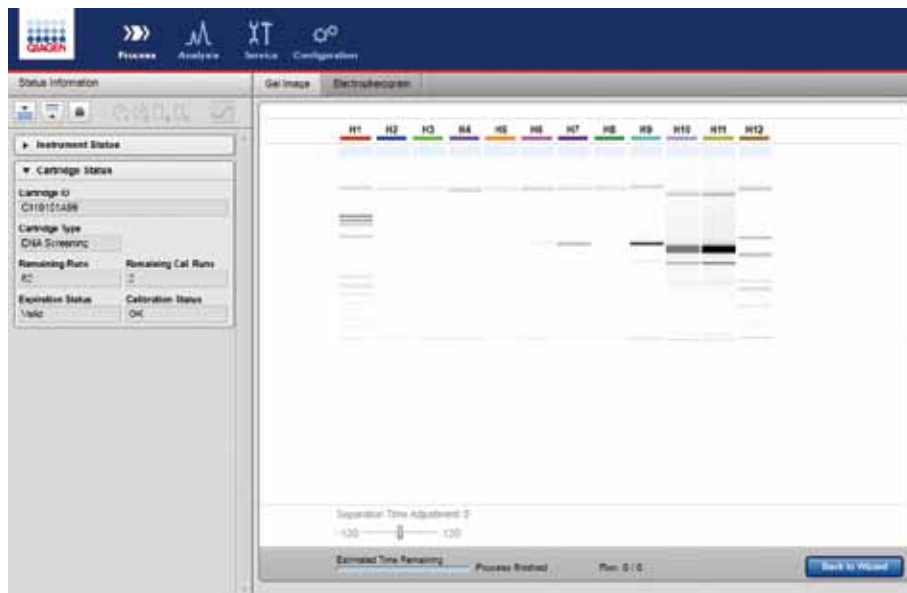
注意：点击“Run (运行)”按钮，开始下一个操作时，滚动条将自动重设到中间位置，而分离时间也将变成方法中定义的时间。

- 或者切换“Individual Scaling (单独缩放)”复选框以使每个样品的信号最大化。更多关于单独缩放的信息请参见“[Gel view 凝胶视图](#)”。“Individual Scaling”复选框在初始状态下是不勾选的。
- 点击预览下方的“STOP”键，操作将终止。

注意：如果仪器马达正在运转，那么在此次运转之后操作将终止。

注意：正在处理的样品行不保存任何数据。只有已完成的样品行保存其数据。不开展分析、峰检出或报告 / 导出。因此，保存的样品数据只包含原始数据。

操作完成后的动作：



操作已完成。

- 点击预览下方的“Back to Wizard (返回到向导)”按钮，返回到操作向导，可启动下一项操作。
- 如果要检查样品数据，请切换到分析环境。关于如何切换，请分别参阅[环境](#)、[处理样品和实验](#)以及[查看样品数据](#)等章节。返回到操作环境，并点击“Back to Wizard(返回到向导)”按钮，可启动下一项操作。

6.3.1.1 “提供样品信息”

如上文所述，如果要访问“Sample Information (样品信息)”界面，必须在“Sample Selection (样品选择)”界面勾选“Provide Sample Information (提供样品信息)”框。

Set or import sample information!

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Sample info A1	Sample info A2										
B												
C												
D												
E												
F												
G												
H												

Sample info A2

Apply Open Save as Reset

在“Sample Information (样品信息)”界面输入样品信息；A1 为 size marker。

注意：size marker 的位置标记了“ladder”的符号。

如果要手动输入样品信息，请从预先选择的 A1 位置开始输入样品信息。输入的文本显示在表格下方的编辑栏。按下“Enter”键，确认每个位置的信息；下一个位置将自动选择，供下一次输入。如果只在一个选定的位置输入样品信息，点击此位置，并在可编辑的字段输入样品信息。

如果要在样品信息窗格中浏览，请使用箭头和“Tab” / “Shift+Tab”键（与 Microsoft Excel® 表格相同）。

如果要选择多个单元格：

- 利用 Ctrl- 鼠标左击将单元格添加到选择的区域或取消选择此单元格
- 利用鼠标左键，拖动选择一个矩形的单元格区域

将选定单元格内的文字拷贝到多个单元格：

1. 选中目标（源）单元格
2. 用快捷菜单中的“Copy”或按住“Ctrl-C”组合将文字拷贝到剪贴板。
3. 选择目的单元格。

4. 用快捷菜单 "Paste" 或按住 "Ctrl-V" 组合将剪贴板上的内容粘贴至所有选中的单元格。
另外, 粘贴完成后这些选中的单元格都会以高亮显示。

拷贝列:

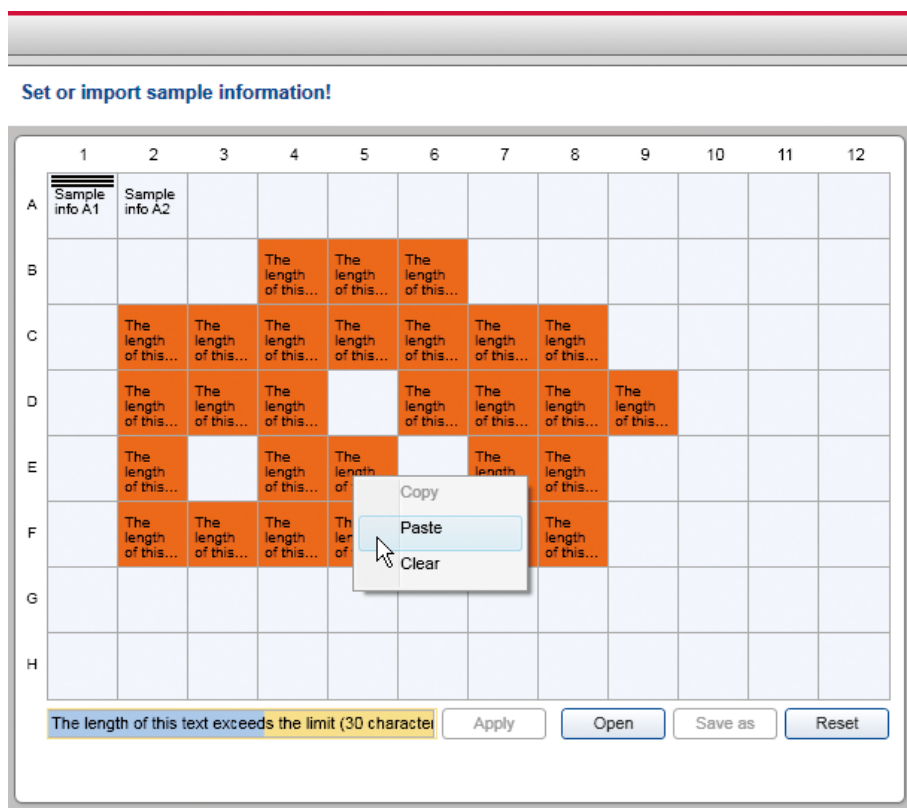
1. 选中该列中所有你想拷贝的单元格。
2. 用快捷菜单中的 "Copy" 将文字拷贝到剪贴板。
注意: "Ctrl-C" 组合只能保留最后选中的单元格。
3. 左键点击你想粘贴的列中第一个单元格。
4. 用快捷菜单 "Paste" 或按住 "Ctrl-V" 组合可将剪贴板上的内容从上一步所选中的单元格开始粘贴。

注意: 可依照相同的方法将行的内容拷贝至其它区域。粘贴时从最左边的单元格开始。

从 Microsoft Excel 表格拷贝多个单元格:

1. 将 Excel 的单元格拷贝至剪贴板。
2. 在 "Sample Information" 屏幕下, 从最左边的单元格开始粘贴。
3. 用快捷菜单 "Paste" 或按住 "Ctrl-V" 组合可将剪贴板上的内容从上一步所选中的单元格开始粘贴。

注意: 如果粘贴文本的长度超过最大值 (30), 则单元格背景将改变。文本太长时, 编辑栏的背景色将分成两部分: 最初 30 个字符 (左侧) 为蓝色 (正常), 而超出限制 (30) 的字符为黄色 (错误), 如下图所示。在这种情况下, "Apply (应用)" 按钮禁用。此外, 编辑栏的工具提示文本显示。



粘贴到选定单元格中的文本太长（超过 30 个字符）。

将文件中的样品信息保存下来以便以后再使用，可以点击 "Save as" 按钮。会显示含有所有可用文件的对话框。也可以导航到样品信息将要存储的目录，输入一个文件名，点击 OK。

从一个文件导入样品信息（见下面的注意事项），点击 "Open ..." 按钮。会显示含有所有可用文件列表的对话框。也可以导航到样品信息存储的目录下，选择文件并点击 OK。输入的数据会覆盖之前提供的所有信息。

注意：如果在设置选项中 "Prevent modification of imported sample information" 是选中的，则输入的样品信息是只读的。（见 [设置](#)）

注意：也可以导入 QIAsymphony 和 QIAgility 上使用的 "rack file"。可以在 "Sample Info Import" 目录下找到例子（见 [设置](#)）。

要清除样品信息，使用 "Reset" 按钮。

注意：被允许修改样品信息的用户（见 [User management](#)）可以在运行后利用实验浏览器的快捷菜单编辑样品信息。在分析环境下，在实验浏览器下选择样品，右键样品，并从快捷菜单中选择 "Revise Sample Information"，然后输入新的样品信息。

6.3.2 修改进程概况 (process profile)

注意：只有“高级用户”和“基本用户”才能修改进程概况 (process profile)。“基本用户”会有一些限制，例如，无法保存修改的进程概况 (process profile)。在本手册中，限制适用的地方会有注释。

如果要修改进程概况 (process profile)，步骤如下：

1. 启动“Process (操作)”环境。

如果还未打开，点击“Process (操作)”环境按钮，切换到“Process (操作)”环境。选择“Process Profile (进程概况)”界面。

The screenshot displays the 'Process Setup' window in the QIAxcel ScreenGel software. The left sidebar shows a list of tabs: Profile Definition, Process Profile (highlighted with a red circle), 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 'Cartridge Type' dropdown set to 'DNA Screening'; 'Process Profile' with a dropdown set to 'Screening'; 'Profile' with a 'Cartridge Type' dropdown set to 'DNA Screening'; 'Included Steps' with checkboxes for 'Run', 'Analysis', 'Peak Calling', and 'Report'; 'Experiment Directory' with a text field showing 'Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel\Data\Experiment\Dna' and a 'Save' button; and 'Notes' with a text area containing 'Screening profile with method AM420 and side by side marker phiX 174 HaeIII'. At the bottom, there is a 'Save process profile as ...' button and a 'Run' button. Red arrows point to the 'Cartridge Type' dropdown in the 'Mode' section, the 'Process Profile' dropdown, and the 'Save process profile as ...' button.

修改进程概况 (process profile) 的步骤。

注意：如果上一次操作刚刚完成，请点击右下角的“Back to Wizard (返回向导)”按钮。

2. 选择要修改的进程概况 (process profile)。

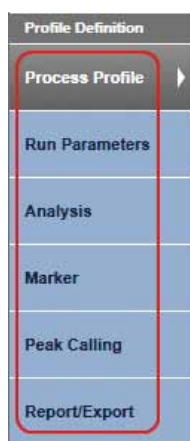
利用“Process Profile (进程概况)”下拉列表来选择概况。

注意：每个进程概况 (process profile) 都与某一卡夹类型相关。因此，系统可确保只有插入了正确的卡夹类型后，进程（即数据获取）才能启动。

如果您想要选择的进程概况 (process profile) 未列出，请确保选择了正确的卡夹类型。

如果仪器已连接，系统自动检测插入的卡夹类型。如果您想要修改另一个卡夹类型所用的进程概况 (process profile)，请取出卡夹，或至少是卡夹钥匙，或断开与仪器的连接。选择正确的卡夹类型。您想要修改的进程概况 (process profile) 就会列在“Process Profile (进程概况)”下拉列表中。选择进程概况 (process profile) 并继续。

3. 按要求更改进程概况 (process profile) 选项。



进程概况 (process profile) 定义屏幕。

请参阅“[进程概况选项](#)”，了解详细信息。

4. 将修改后的进程概况 (process profile) 另存为一个新名称。

点击进程设置下方的“Save Process Profile as ... (进程概况另存为)”按钮，在弹出的“Save Profile (保存概况)”对话框中输入一个新的概况名称。

注意：这只适用于“高级用户”。

注意：如果进程概况 (process profile) 界面包含不完整或不一致的数据，则它们会以黄色高亮显示，“Save Process Profile as ... (进程概况另存为)”按钮禁用。如果所有数据都正确，则“Save Process Profile as ... (进程概况另存为)”按钮启用，进程概况 (process profile) 可保存。

注意：你可以开始一个进程，或不保存改动离开“Process”环境。QIAxcel ScreenGel Software 不会提醒你保存进程概况 (process profile) 或嵌入的分析进程，报告 / 输出概况，或峰检出指导。如果你要离开“Process”环境，注销或退出应用，而你又希望在以后的实验中应用这些设置，则你应该保这些改变。

6.3.3 进程概况选项

进程概况选项分为几个界面。如果要指定完整的进程概况 (process profile)，请按照下文所述的界面顺序。如果要切换到“Run Parameters (运行参数)”界面，请点击界面名称：

The screenshot shows the 'Process Setup' window. The sidebar on the left has a 'Process Profile' section highlighted in yellow, with a red box around it. The main area is titled 'Set the process profile!'. It contains several sections: 'Mode' with a 'Cartridge Type' dropdown set to 'DNA Screening'; 'Process Profile' with a dropdown set to '*NewProcessProfile'; 'Profile' with a 'Cartridge Type' dropdown set to 'DNA Screening'; 'Included Steps' with checkboxes for 'Run' (checked), 'Analysis', 'Peak Calling', and 'Report'; 'Experiment Directory' with a text field containing a file path and a checkbox for 'Allow Directory Selection'; and a 'Notes' text area. At the bottom, there are buttons for 'Save process profile as ...' and 'Run'.

定义一个进程概况 (process profile)。

注意：您可以点击界面名称回到每一个界面。如果不需要修改，可跳过此界面。

注意：选项不完整或不正确的界面以黄色高亮显示。不必立即修改，但您无法保存或启动不完整或不正确的进程概况 (process profile)。

“Process Profile (进程概况)” 界面选项描述如下。

进程概况 (process profile)	指定进程范围。除了数据获取，它还有可能包含其他步骤，如分析和报告。关于详细信息，请参阅 选择一般的进程选项 章节。
运行参数	指定数据获取的详细信息，如使用的方法，处理的行和 size marker 位置。关于详细信息，请参阅 选择运行参数 章节。
分析参数	指定数据获取后全自动分析的分析参数。关于详细信息，请参阅 选择分析参数 章节。 注意： 如果分析不在进程范围内，则此界面不可用。
Marker	指定分析所用的 marker、alignment marker 和 size marker。关于详细信息，请参阅 选择 marker 章节。 注意： 如果分析不在进程范围内，则此界面不可用。
峰检出	基于分析，指定全自动峰检出的参数。关于详细信息，请参阅 Selecting peak calling instructions (选择峰检出指导) 章节。 注意： 如果峰检出不在进程范围内，则此界面不可用。
报告 / 导出	指定操作中最后一个步骤全自动报告 / 导出的报告和 / 或导出参数。关于详细信息，请参阅 选择报告 / 导出参数 章节。 注意： 如果报告 / 导出不在进程范围内，则此界面不可用。

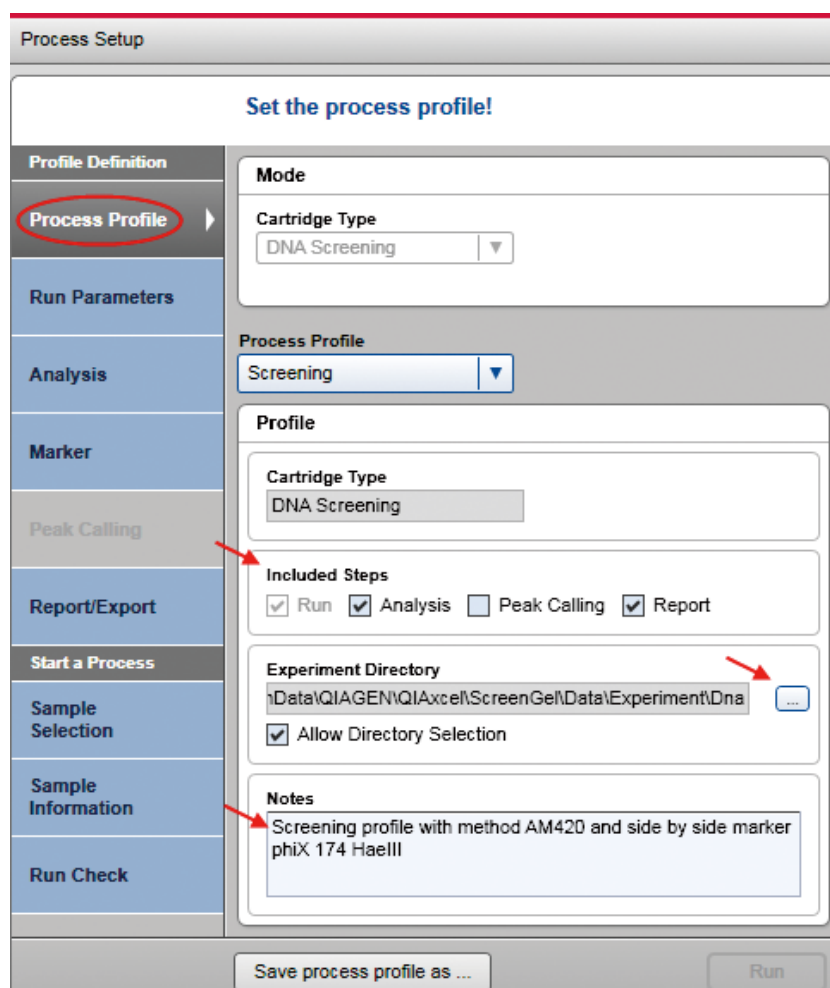
6.3.3.1 选择一般的进程选项

1. 选择“[Process Profile \(进程概况 \)](#)”界面。
关于如何选择此界面，请参阅进程概况选项界面。
2. 指定进程范围。

选择其他步骤：

分析	在进程中包含分析。这意味着在数据获取完成之后，软件根据“Analysis (分析)”和“Marker”界面所设的进程选项（在 选择运行参数 和 选择 marker 章节介绍），自动分析运行后的样品数据。 “Analysis Parameters (分析参数)”和“Marker”界面变为启用状态。
峰检出	基于分析，在进程中包含峰检出。这意味着在分析后，基于“Peak Calling (峰检出)”界面所设的进程选项（在 选择峰检出指导 章节介绍），峰检出将自动分析。 注意： 如果“分析”不包含在进程范围内，则此步骤不可用。
报告	包含操作中最后一步的报告和 / 或导出。这意味着软件自动生成报告和导出。

3. **可选：**改变实验存储的目录。
注意：这可以是网络目录。不过，在运行过程中，实验总是先存储在本地目录（参见“[设置](#)”），然后在运行结束后拷贝到指定的目录下。
4. **可选：**允许选择目录。
这一选项可允许用户在设置实验时在“样品选择”屏幕下选择目录。使用这一选项后，即使是“常规用户”也可以自定义目录。
5. **可选：**在进程概况 (process profile) 中编辑注释。
使用注释字段添加关于概况适用范围的简短介绍。在每次选择进程概况 (process profile) 时，此注释显示。



修改进程概况 (process profile) 的步骤。

6.3.3.2 选择运行参数

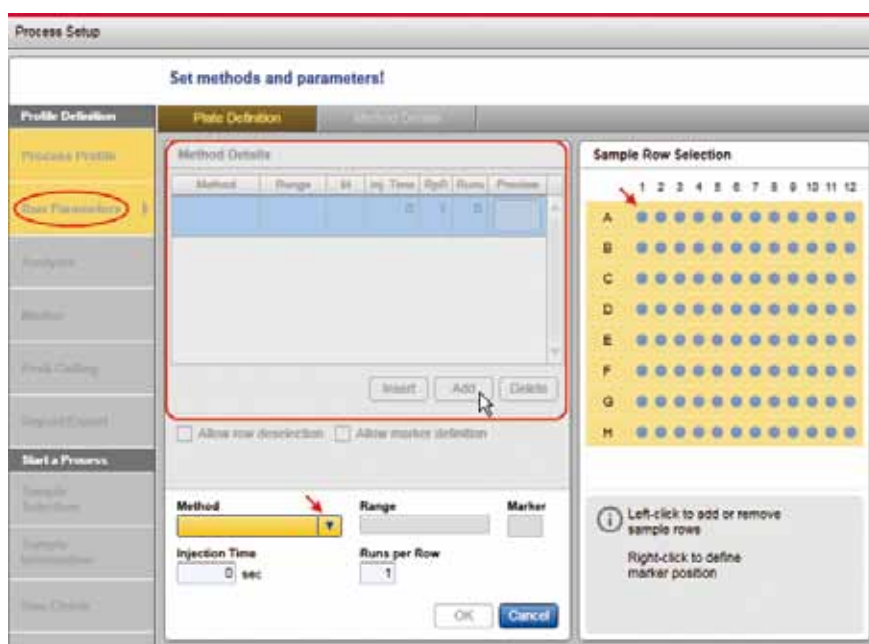
在“Method Details (方法详情)”列表中定义至少一个条目。例如，处理哪一行和使用哪一种方法。此外，size marker 的位置也可以指定。

注意：在操作过程中，列表将连续处理。关于运行参数和结果构成之间的关联，请参阅[运行参数和结果构成](#)章节。

步骤如下：

- 1a. 如果“Method Details (方法详情)”列表为空，则点击“Add (添加)”按钮，开始第一次定义。一个新的空条目将出现在“Method Details (方法详情)”列表中。继续第 2 步，指定条目。

注意：此选项只适用于“高级用户”。



在点击“Add (添加)”按钮之后，清空“Method Details (方法详情)”列表。

1b. 如果“Method Details (方法详情)”列表不为空，则您有以下选项：

Add (添加) 点击“Add (添加)”按钮，在列表底部添加一个新条目。继续第 2 步，指定条目。

注意：此选项只适用于“高级用户”。

Insert (插入) 左击选择一个条目，然后点击“Insert (插入)”按钮，在选定的条目之前插入一个新条目。继续第 2 步，指定此条目。

注意：此选项只适用于“高级用户”。

Modify (修改) 选择您想要修改的条目。继续第 2 步，修改此条目。

Delete (删除) 选择您想要修改的条目，然后点击“Delete (删除)”按钮。条目将会从列表中删除。继续第 6 步。

注意：此选项只适用于“高级用户”。

2. 选择待处理的行。

在右侧的“Sample Row Selection (样品行选择)”视图，左击此视图，添加或删除板中的一个样品行。“Range (范围)”字段显示了您已经选择的行。

可选：在可编辑的“Runs per row (每行的运行)”字段，定义每行的运行数量。该方法将以您在此处指定的频率应用。

3. 可选：定义 size marker 的位置。

注意：如果 size marker 紧挨着样品运行，则此位置将用于自动分析。

右击定义包含 size marker 的位置。“Marker”字段显示您所设的 marker 位置。

注意：对于“Method Details (方法详情)”列表中的一个条目，只能定义一个 size marker 的位置。如果您想要为每行都包含 size marker 的样品板运行指定进程概况 (process profile)，请在“Method Details (方法详情)”列表中为每行单独创建一个条目。

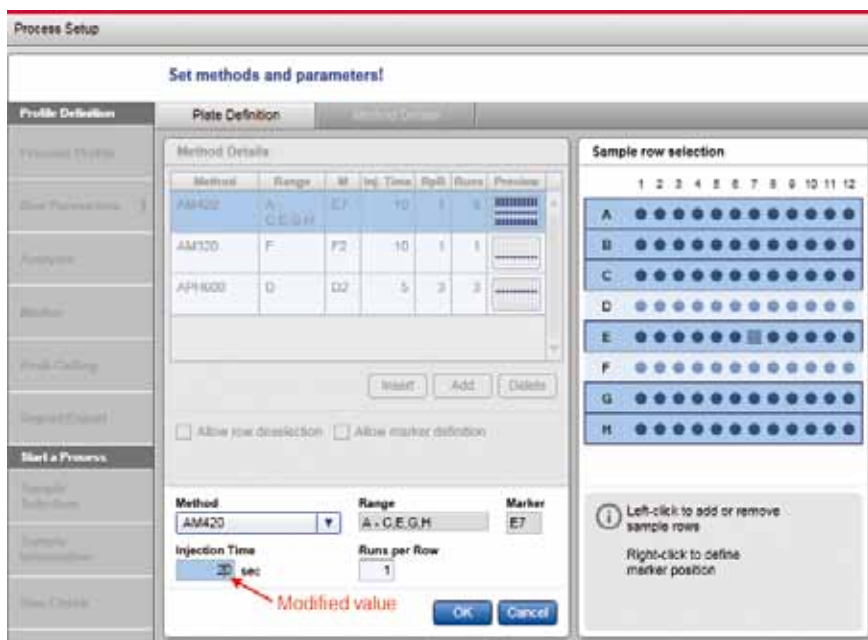
4. 在“Methods (方法)”下拉列表选择一个方法。

注意：此选项只适用于“高级用户”。

注意：“Methods (方法)”下拉列表只包含了允许用在进程概况 (process profile) 所定义的卡夹类型上的方法。

注意：每个 QIAxcel 试剂盒都有多个默认方法。关于完整列表，请参阅[附录 B](#)。如果您想要查看您选择的方法详情，请参阅[Viewing method details 查看方法详情](#)章节。

如有必要，可在“Injection Time (注射时间)”编辑栏更改样品注射时间。此时间将取代方法中定义的样品注射时间。



已修改的样品注射时间。

5. 点击“OK”确认。

注意：一旦行已定义且方法已选择，“OK”按钮就变为启用状态。

指定的参数出现在“Method Details (方法详情)”列表创建的条目中。

注意：点击“Cancel (取消)”，放弃 2-5 步所做的所有指定。条目将不创建 / 选定的条目将不修改。

注意：“Method Details (方法详情)”列表中的“Runs (运行)”列包含了此条目所指定的运行总数：如果“Range (范围)”是“A-C”且“RpR” (“Runs per Row”) 是“2”，则“Runs (运行)”是 $3 \times 2 = 6$ 。

6. 重复 1-5 步，定义“Method Details (方法详情)”列表中的所有条目。

7. 可选：允许取消选择行。

选择此选项，允许准备操作时在“Sample Selection (样品选择)”界面取消选择行。

使用此选项，即时是“常规用户”也可自定义运行。

注意：此选项只适用于“高级用户”。

8. 可选：允许定义 marker。

选择此选项，允许准备操作时在“Sample Selection (样品选择)”界面重新定义 size marker 的位置。使用此选项，即时是“常规用户”也可自定义运行。

注意：此选项只适用于“高级用户”。

6.3.3.3

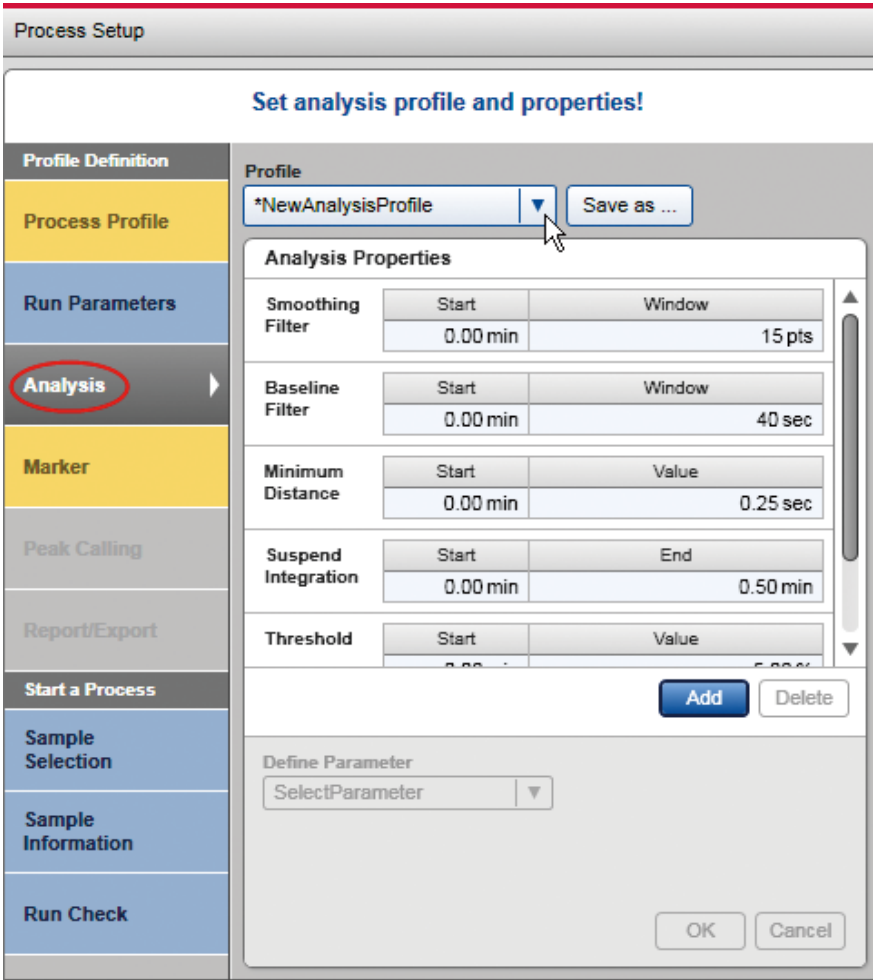
选择分析参数

注意：只有当分析处于进程概况 (process profile) 的范围内，“Analysis (分析)”界面才启用。关于详细信息，请参阅[选择一般的进程选项](#)章节。

指定分析参数，步骤如下：

1. 选择一个分析概况。

利用“Profile (概况)”下拉列表来选择分析概况。选定概况的分析参数显示在下拉列表下方。



选择一个要修改的分析概况。

注意：分析概况将用于所有样品的全自动分析。

注意：选择“NewAnalysisProfile”，从头开始定义分析参数。这只适用于“高级用户”。

注意：当前在选定的分析概况中所设的所有分析参数将复制到进程概况 (process profile)。基本分析概况的进一步修改不影响此进程概况 (process profile) 中的分析参数。这防止进程概况 (process profile) 被意外更改，并确保进程稳定性。如果基本分析概况中的修改也要包含在此进程概况 (process profile) 中，则在“Profile (概况)”下拉列表中选择它，再次包含修改后的分析概况。

2. **可选：**修改分析参数。您可以根据您的需要，在此界面修改分析参数，如[修改进程概况](#)章节所述。

注意：这只适用于“高级用户”。

注意：修改仅包含在此进程概况 (process profile) 中。如果修改后的参数还要包含在选定的分析概况中，则按照下文所述，保存分析概况。

3. **可选：**保存修改后的分析参数。

注意：这只适用于“高级用户”。

点击“Save as...(另存为)”按钮可保存修改后的分析参数。“Save Profile(保存概况)”对话框出现，它包含了选定分析概况的名称。您有两个选择：

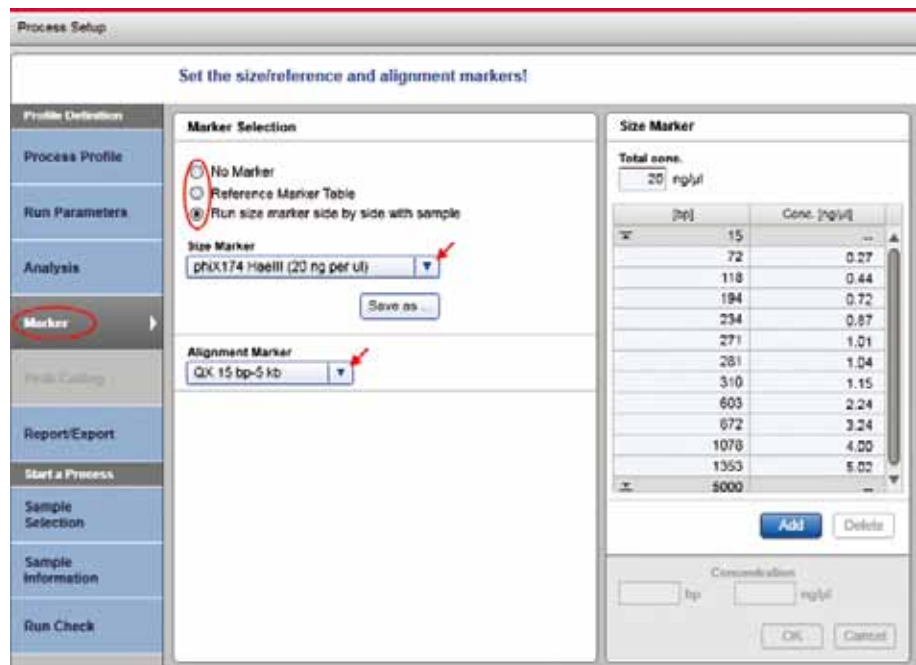
如果您希望在选定的分析概况中保存修改，请点击“OK”；输入一个新的分析概况名称，将修改后的分析参数另存为一个新的分析概况，然后点击“OK”。这个新的分析概况的名称及所有分析参数将包含在进程概况(process profile)中。

6.3.3.4

选择 marker

注意：只有当分析处于进程概况(process profile)的范围内，“Marker”界面才启用。

关于详细信息，请参阅 [Selecting general process options 选择一般的进程选项](#) 章节。



Marker 选择。

定义运行此进程概况(process profile)时所使用的 marker。

1. 选择一个 size marker 选项。
2. 选择正确的 marker。

关于 marker 选项的信息，详见下面的介绍。





No Marker 如果自动分析仅用于峰检测，则选择此项。
(无 marker) **注意：**在自动分析时将不使用 size marker，因此无法确定大小和浓度。

Reference 如果要分析大小和 / 或确定浓度，请选择此项。大小和 / 或浓度的
Marker Table 确定是基于之前保存的参照 marker 表格。
(参照 marker 在 “Reference Marker Table” 下拉列表中选择要使用的参照 marker
表格) 表格。

注意：为了确保兼容性，下拉列表只包含了一些参照 marker 表格，其 size marker 是以此进程概况 (process profile) 中定义的相同方法处理的。如果无兼容的参照 marker 表格，则下拉列表被标为无效和空白。在这种情况下，运行 size marker 紧挨着样品的进程，或从之前的进程中创建一个参照 marker 表格 (请分别参阅 [Creating a reference marker 创建一个参照 marker](#))。

注意：如果当前未插入任何卡夹，则系统不能检查选定参照 marker 表格的兼容性。下拉列表被标为无效和空白，或只包含了之前选定的参照 marker 表格。插入待处理的卡夹，并选择与此卡夹和此进程概况 (process profile) 中定义的方法兼容的参照 marker 表格。

注意：关于 “Reference Marker Table (参照 marker 表格)” 下拉框右侧符号的含义，详见下表：

	选定的参照 marker 表格完全兼容。 那意味着作为参照 marker 表格的 size marker 的操作距离上一次使用相同卡夹和此进程概况 (process profile) 中定义的相同方法不到 90 天 (DNA) /60 天 (RNA，蛋白)。
	作为参照 marker 表格的 size marker 的操作距离上一次使用相同卡夹和此进程概况 (process profile) 中定义的相同方法已超过 90 天 (DNA) /60 天 (RNA，蛋白)。
	作为参照 marker 表格的 size marker 是以此进程概况 (process profile) 中定义的相同方法操作的，但卡夹与当前插入的不同。
	参照 marker 表格与此进程概况 (process profile) 中定义的方法不兼容。如果 “Run Parameters (运行参数)” 界面中的方法已更改，而参照 marker 表格未相应更改，则可能发生该情况。在下拉列表中选择另一个与最近选择方法兼容的参照 marker 表格。

Run size	如果样品板需要 size marker，则选择此项。
marker side	在“Size Marker”下拉列表中选择要使用的 size marker。
by side with	可选： 如果需要的话可以在“Size Marker”表上方修改 Size marker 的总浓度。
sample (紧挨着样品运行 size marker)	<p>注意：仅有“高级”用户有使用这一功能的权限。</p> <p>在“Alignment Marker”下拉列表中，选择缓冲液槽 MARKER1 位置要使用的 alignment marker。</p> <p>注意：如果“Run size marker side by side with sample (紧挨着样品运行 size marker)”选项被选择，但 size marker 和 / 或 alignment marker 未指定，则“Marker”界面将被认为无效。</p> <p>注意：仅适用于 DNA 模式：使用正确的 size marker 将提高大小和浓度确定的准确性。选择一个包含的 DNA 片段与您的目的 DNA 片段大小接近的 marker。待分析的 DNA 片段必须落在 size marker 的最小和最大片段之间。</p> <p>注意：仅适用于 DNA 模式：此外，alignment marker 的范围必须覆盖 size mark 的范围。如果没有，则右侧的“Size Marker”表格显示出这种差异，其中行以黄色高亮显示，而“Marker”界面将被认为无效。</p> <p>注意：请参阅 Selecting run parameters 选择运行参数 章节，了解如何定义 size marker 位置的更多信息。</p>

6.3.3.5

选择峰检出指导

注意：只有当分析和峰检出处于进程概况 (process profile) 的范围内，“Peak Calling (峰检出)”界面才启用。关于详细信息，请参阅 [Selecting general process options \(选择一般的进程选项 \)](#) 章节。

请参阅[峰检出](#)章节，了解峰检出概念的解释。

定义峰检出指导。

1. 选择检出指导。

利用“Peak Calling Instruction”下拉列表选择一个预先定义的峰检出指导。指导表定义显示在下拉列表下方。

注意：当前在选定的峰检出指导中所设的所有参数将复制到进程概况 (process profile)。对基本的峰检出指导的进一步修改不影响此进程概况 (process profile) 中的峰检出参数。这防止进程概况 (process profile) 被意外更改，并确保进程稳定性。如果峰检出指导中的修改也要包含在此进程概况 (process profile) 中，则在“Peak Calling Instruction”下拉列表中选择它，再次包含修改后的峰检出指导。

注意：选择“NewPeakCallingInstruction”以创建一个新的指导 (仅适用于“高级用户”)。继续第 2 步，定义峰。

2. 修改峰检出指导。您可以根据需要，在此界面修改峰检出指导，如 [Modifying a peak calling instruction \(修改峰定义\)](#) 章节所述。

注意：这只能由“高级用户”来执行。

注意：修改仅包含在此进程概况 (process profile) 中。如果修改还要包含在选定的峰检出指导中，则按照下文所述，保存峰检出指导。

3. 保存修改后的峰检出指导。

注意：这只能由“高级用户”来执行。

点击“Save as ... (另存为)”按钮可保存修改后的峰检出指导对话框出现，它包含了选定峰检出指导的名称。您有两个选择：如果您希望在选定的峰检出指导中保存修改，请点击“OK”；或输入一个新的峰检出指导名称，将修改另存为一个新的峰检出指导，然后点击“OK”。这个新的峰检出指导的名称及所有分析参数将包含在进程概况 (process profile) 中。

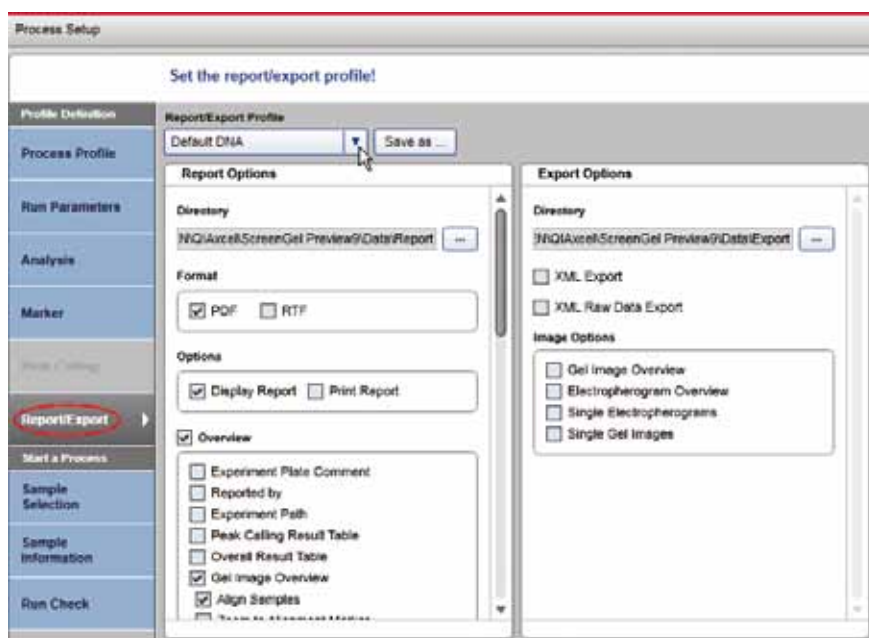
6.3.3.6 选择报告 / 导出参数

注意：只有当“Report (报告)”处于进程概况 (process profile) 的范围内，“Report/Export (报告 / 导出)”界面才启用。关于详细信息，请参阅[选择一般的进程选项](#)章节。

指定报告和导出参数，步骤如下：

1. 选择报告 / 导出概况。

利用“Report/Export Profile (报告 / 导出概况)”下拉列表来选择报告 / 导出概况。选定概况的参数显示在下拉列表下方。



新的报告 / 导出概况。

注意：当前在选定的报告 / 导出概况中所设的所有报告 / 导出参数将复制到进程概况 (process profile)。对基本的报告 / 导出概况的进一步修改不影响此进程概况 (process profile) 中的报告 / 导出参数。这防止进程概况 (process profile) 被意外更改，并确保进程稳定性。如果基本报告 / 导出概况中的修改也要包含在此进程概况 (process profile) 中，则在“Report/Export Profile (报告 / 导出概况)”下拉列表中选择它，再次包含修改后的报告 / 导出概况。

注意：报告 / 导出概况如选择了“Use Image as Displayed”则不会在“Report/Export Profile”下拉列表里显示。该选项仅在分析环境下可用。更多信息请参见[Report/Export 选项](#)章节。

2. 修改报告 / 导出参数。

您可以根据需要，在此界面修改报告 / 导出参数。请参阅[报告 / 导出选项](#)章节，了解更多信息。

注意：修改仅包含在此进程概况 (process profile) 中。如果修改后的参数还要包含在选定的报告 / 导出概况中，则按照下文所述，保存报告 / 导出概况。

注意：只有当至少一个格式复选框 (“PDF” 或 “RTF”) 和一个内容选项 (“Overview” 或 “Sample Details”) 被选中用于生成报告，或一个复选框被选中导出时才可以应用报告 / 导出概况。

3. 保存修改后的报告 / 导出参数。

注意：这只能由“高级用户”来执行。

点击“Save as ... (另存为)”按钮可保存修改后的报告 / 导出参数。“Save Profile (保存概况)”对话框出现，它包含了选定报告 / 导出概况的名称。您有两个选择：如果您希望在选定的报告 / 导出概况中保存修改，请点击“OK”；或输入一个新的报告 / 导出概况名称，将修改后的报告 / 导出参数另存为一个新的报告 / 导出概况，然后点击“OK”。这个新的报告 / 导出概况的名称及所有参数将包含在进程概况 (process profile) 中。

6.3.3.7

运行参数和结果构成

本章节提供了一个例子，以便介绍进程定义和结果构成之间的关系：

利用 QIAxcel DNA Screening Cartridge:

- A 行和 B 行将在 AM320 方法中运行两次，其中 size marker 在 A1 位置
- C 行和 D 行将在 AH420 方法中运行三次，其中同一个 size marker 在 C1 位置

两种方法将使用同一个 alignment marker。

查看进程定义的“Run Parameters(运行参数)”和“Sample Selection(样品选择)”界面。

Plate Definition		Method Details				
Method Details						
Method	Range	M	Inj. Time	RpR	Runs	Preview
AM320	A,B	A1	10	2	4	
AH420	C,D	C1	20	3	6	
<div>Insert Add Delete</div>						
<input checked="" type="checkbox"/> Allow row selection <input checked="" type="checkbox"/> Allow marker definition						
Method <div>AH420 ▼</div>		Range <div>C,D</div>		Marker <div>C1</div>		
Injection Time <div>20 sec</div>		Runs per Row <div>3</div>				
<div>OK Cancel</div>						

“Run Parameters (运行参数)” 界面。

因为两种不同的方法，两个条目被定义。每种方法定义了行和 size marker 的位置以及每行的运行数 (“Method Details (方法详情)” 列表中的 “RpR” 列)。在 “Runs (运行)” 一列列出了每种方法的运行总数。

在进程中，软件首先对 A 和 B 行运行 AM320 方法 (第一次运行)，然后重复一次 A 和 B 行 (第二次运行)。接下来对 C 和 D 行进行 AH420 方法，(第一次运行)，然后重复一次 C 和 D 行 (第二次运行)，再重复一次 C 和 D 行 (第三次运行)

Plate ID
C100520A99_2010-05-18_11-25-21

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: 10
Estimated Time: About 101 minutes
☒ Provide Sample Information

i Left-click to select/deselect sample row (s), right-click to define/redefine size marker.

“Sample Selection (样品选择)” 界面。

“Plate ID” 将用作结果的名称。

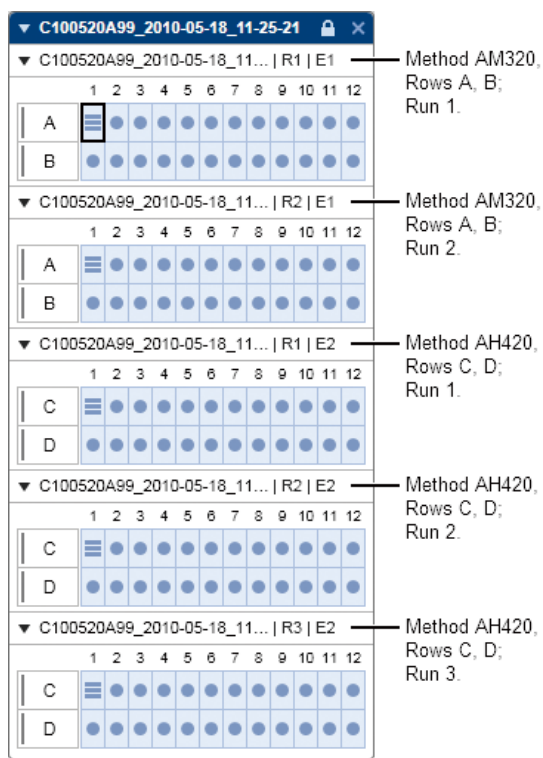
Sample row selection (样品行选择) 显示了 “Run Parameters (运行参数)” 界面中运行定义的概要。

本例中的运行总数 (“Total Runs”) 为 10 :

2 乘以 A 行和 B 行 = AM320 方法的 4 次运行

3 乘以 C 行和 D 行 = AH420 方法的 6 次运行

当进程完成时, 样品数据显示在 “Experiment Explorer (实验浏览器)” 的 “Analysis (分析)” 环境中。



由进程（process）生成的实验。

进程所产生的所有样品数据合并成一个实验，并根据“Plate ID”命名，“Plate ID”在“Sample Selection（样品选择）”界面指定。所有样品数据根据所谓的“plates”分组，因为它们是由进程产生的。

样品板名称区别运行。它合并了：

Experiment name 实验名称是根据“Sample Selection(样品选择)”界面指定的“Plate（实验名称） ID”创建的。

R# 运行数，其中“#”代表了从 1 开始的一个数字。在这个 AM320 的例子中所生成的运行数为 R1 和 R2。

E# 条目数（“运行参数”屏幕里“Method Details”列表的条目数）,“#”代表从 1 开始的一个数字。在这个例子中，生成的条目数为 E1 和 E2，因为“Method Details”列表里含有两个条目。

因此，AM320 方法的 A 行和 B 行的样品数据首先列出，且每次运行单独列出。

6.3.4 创建一个新的进程概况 (process profile)

注意：只有“高级用户”可创建一个新的进程概况 (process profile)。

如果要创建一个新的进程概况 (process profile)，步骤如下：

1. 打开“Process (操作)”环境。

如果未打开，点击“Process (操作)”环境的图标，切换到“Process (操作)”环境。
选择“Process Profile (进程概况)”界面。

The screenshot shows the 'Process Setup' window. On the left, a sidebar contains several tabs: 'Profile Definition', 'Process Profile' (highlighted with a red circle), 'Run Parameters', 'Analysis', 'Marker', 'Peak Calling', 'Report/Export', 'Start a Process', 'Sample Selection', 'Sample Information', and 'Run Check'. The main area is titled 'Set the process profile!'. It contains several sections: 'Mode' with a 'Cartridge Type' dropdown set to 'DNA Screening'; 'Process Profile' with a dropdown set to '*NewProcessProfile'; 'Profile' with a 'Cartridge Type' dropdown set to 'DNA Screening'; 'Included Steps' with checkboxes for 'Run' (checked), 'Analysis', 'Peak Calling', and 'Report'; 'Experiment Directory' with a text field containing 'Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel\Data\Experiment\Dna' and an 'Allow Directory Selection' checkbox; and a 'Notes' section. At the bottom, there is a 'Save process profile as ...' button and a 'Run' button. A red arrow points to the 'Process Profile' dropdown, and another red arrow points to the 'Save process profile as ...' button. A red text box with an arrow pointing to the 'Save process profile as ...' button says 'Saving the profile is possible only if it is valid.'

创建一个新的进程概况 (process profile) 的主要步骤。

注意：如果上一次操作刚刚完成，请点击右下角的“Back to Wizard(返回向导)”按钮。

2. 选择卡夹类型。

选择新的进程概况 (process profile) 要使用的卡夹类型。

注意：每个进程概况 (process profile) 都与某一卡夹类型相关。因此，系统可确保只有插入了正确的卡夹类型后，进程（即数据获取）才能启动。

注意：如果仪器已连接，系统自动检测插入的卡夹类型，且卡夹类型无法修改。如果您想要创建另一个卡夹类型的进程概况 (process profile)，请取出卡夹，或至少是卡夹钥匙，或断开与仪器的连接。

3. 选择进程概况 (process profile)。

使用“Process Profile (进程概况)”下拉列表来选择进程概况 (process profile)。选定的进程概况 (process profile) 将作为新概况创建时的模板。

注意：选择“NewProcessProfile”，可从头开始创建一个进程概况 (process profile)。选择后系统将显示“* NewProcessProfile”。只有“高级用户”才能开展此操作。

4. 根据您的需要设定进程概况 (process profile) 的选项。

请参阅[进程概况选项](#)，了解详细信息。

5. 将修改后的进程概况 (process profile) 另存为一个新名称。

点击“Save Process Profile as ... (进程概况另存为)”按钮，在弹出的对话框中输入一个新的概况名称。

注意：这只适用于“高级用户”。

注意：如果进程概况 (process profile) 界面包含不完整或不一致的数据，则它们会以黄色高亮显示，“Save Process Profile as ... (进程概况另存为)”按钮不可用。选择带标记的进程概况 (process profile) 界面，并校正数据。如果所有数据都正确，则“Save Process Profile as ... (进程概况另存为)”按钮启用，进程概况 (process profile) 可保存。

6.3.5

查看方法详情

在进程概况 (process profile) 的定义过程中，您可以查看方法的详情。

注意：此功能只适用于“高级用户”和“基本用户”。

步骤如下：

1. 在“Process Profile (进程概况)”界面选择一个进程概况 (process profile)。
2. 切换到“Run Parameters (运行参数)”界面。在“Plate Definition (样品板定义)”标签页下选择包含您想要查看的方法的条目。
3. 切换到“Method Details (方法详情)”标签页。
4. 如果需要，选择另一个要查看的方法。

注意：选择另一个方法修改了您刚才查看的“Plate Definition (样品板定义)”中的条目。请确保您选择了正确的方法。



“Method Details (方法详情)” 界面。

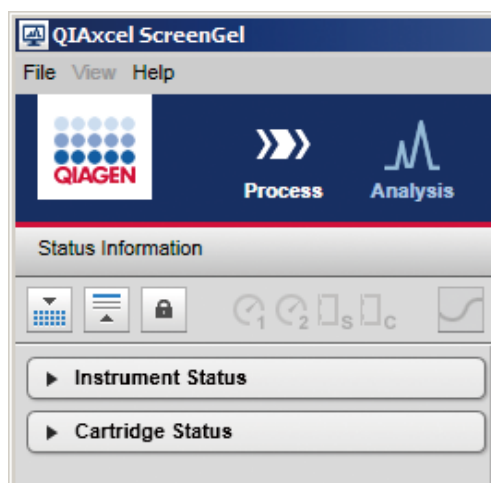
方法中定义的所有操作都列出。在运行过程中，操作将依次执行。

关于位置缩写的更多信息, 请“Process (操作)”环境左侧的“Status Information (状态信息)”栏的“Instrument Status (仪器状态)”部分。

6.3.6 “Status Information (状态信息)” 栏

“Process (操作)”环境的左侧界面被称为“Status Information (状态信息)”栏。它分为

- 顶部的工具栏
- “Instrument Status (仪器状态)”
- “Cartridge Status (卡夹状态)”



“状态信息”栏。

“Instrument Status (仪器状态)” 和 “Cartridge Status (卡夹状态)” 可折叠和扩展。

工具栏按钮和状态图标在下表中解释。



“加载位置”按钮。 点击此按钮,将缓冲液槽移至仪器前方,便于操作。

注意: 如果样品门或卡夹门打开,电机将不动。



“Wash Park 位置”按钮。 点击此按钮,将卡夹移至缓冲液槽的“Wash Park”位置。

注意: 如果样品门或卡夹门打开,电机将不动。



“(锁定)” 状态: 锁定 / 解。表示插入的 QIAxcel 凝胶卡夹的目前处于锁定状态。点击此按钮,可手动锁定或解锁卡夹。



重要: 如果“压力 1”状态为“低”,请在执行“解锁”命令前增加仪器压力。在低压下卸下卡夹并解锁有可能损坏仪器!





“压力 1” 状态: OK/ 低。OK 表示有足够的压力供样品运行。“低”表示氮气压足够此次样品运行; 不过,一旦运行结束,应更换氮气瓶。






“压力 2” 状态: OK/ 低。OK 表示有足够的压力供样品运行。“低”表示氮气压不足以开展此次样品运行,分析将不会开展。氮气瓶应更换。



样品门：关闭 / 打开。



卡夹门：关闭 / 打开。



连接状态：已连接，未连接，和正在建立与 QIAxcel Advanced 仪器的连接。

注意：如果连接断开，则可以点击图标，与仪器连接。

“Instrument Status (仪器状态)” 栏显示了缓冲液槽和样品板。当操作在运行时，QIAxcel 凝胶卡夹的毛细管的当前位置高亮显示。在下面的例子中，A-D 行的样品以相同方法处理。

▼ Instrument Status

WP

WI

BUF

M1

M2

A

B

C

D

E

F

G

H

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

“Instrument Status (仪器状态)” 栏。

“Cartridge Status (卡夹状态)” 栏显示了当前插入的 QIAxcel 凝胶卡夹的信息，如卡夹 ID、卡夹类型、剩下的运行数、剩下的校准运行数、过期状态和校准状态。当打开“Calibration Details” 浏览器时，会显示附加的校正信息。

▼ Cartridge Status

Cartridge ID

C110414C89

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

“Cartridge Status (卡夹状态)” 栏。

注意：校准状态 “Not OK” 意味着卡夹未校准，需要校准。关于校准的更多信息，请参阅[校准卡夹](#)章节。

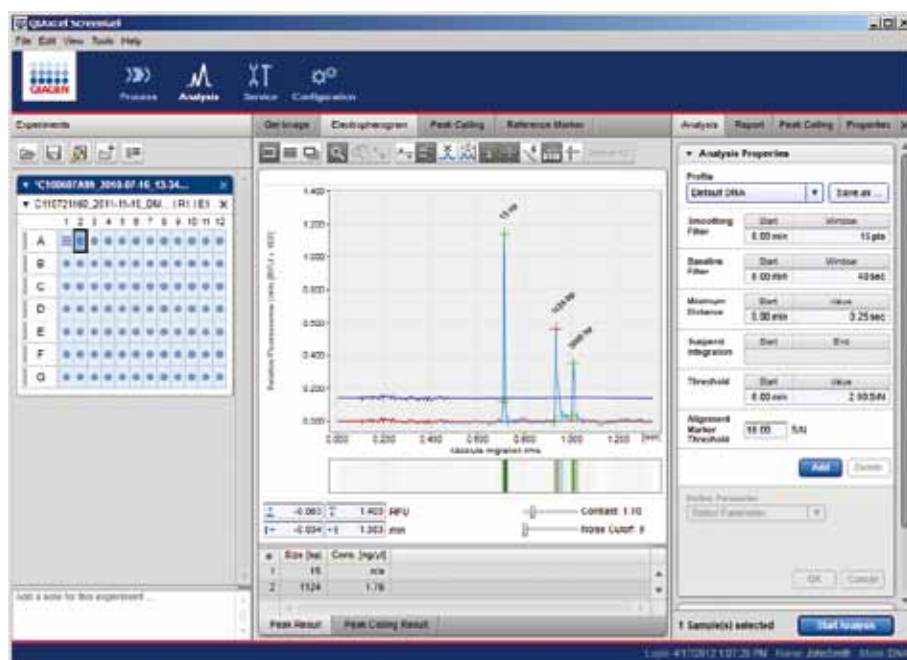
注意：“Status Information (状态信息)” 栏显示在 “Process (操作)” 环境和 “Service (服务)” 环境中。

6.4 分析

“Analysis (分析)” 环境为 QIAxcel Advanced 仪器所获得的电泳图提供了先进的可视化和分析算法。

软件允许以几种自定义的方式查看样品原始数据，如凝胶视图、单个峰图视图和峰图叠加视图。峰图视图也能显示分析结果，实现结果的快速评估。

QIAxcel ScreenGel 软件所提供的分析算法自动计算多个峰的性质。分析算法可应用到单个样品或样品集合 (称为 experiments (实验))，并可由用户来自定义。它可确定分析物的大小和浓度。另外，对于 RNA，它可确定 28S/18S 比例及总 RNA 的浓度，在蛋白模式下，可以确定蛋白的相对丰度。在自动分析之后，分析结果可调整。



“Analysis (分析)”环境与激活的“Electropherogram (峰图)”界面，左侧的“Experiment Explorer (实验浏览器)”和右侧的“Analysis (分析)”栏。

6.4.1 处理样品和实验

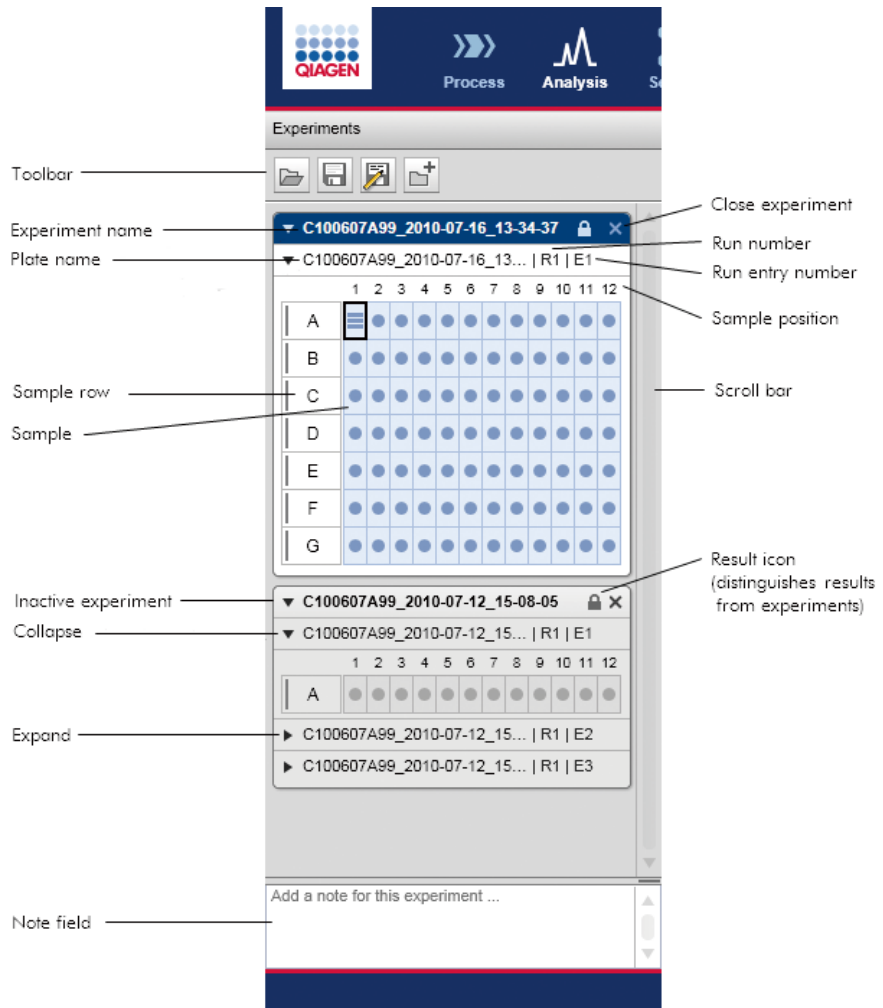
“Analysis (分析)”环境中的“Experiment Explorer (实验浏览器)”以简洁的方式显示了样品，并提供了加载和管理样品的功能。

在操作完成之后，结果数据保存在实验中。如果“Analysis (分析)”环境已选择，则在实验浏览器中自动加载实验。

实验按照操作的顺序将样品按平板和行分组。关于详细信息，请参阅 [Run parameters and result structure 运行参数和结果构成](#) 章节。

您可以加载几个实验结果，但每次只能有一个实验结果被激活。您可以观察和分析实验中的样品。在浏览器底部的注释栏中可输入激活实验的注释。

您可以创建自定义的实验，将不同实验的样品结果数据综合起来。了解详细信息，请参阅 [Customizing experiments 自定义实验](#) 章节。



“Experiment Explorer (实验浏览器)”。

实验浏览器工具栏有以下按钮：



从默认的数据目录加载实验：了解详细信息，请参阅[加载样品数据](#)章节。



保存：保存当前的实验；允许修改名字及目录。详细信息参见[保存实验](#)章节。





移动 / 重命名：保存一个活跃的实验；允许修改名称和目录。更多信息参见[保存实验](#)章节。

注意：该功能并不会生成一个该实验的副本。












创建新实验：了解详细信息，请参阅[创建新实验](#)章节。


6.4.1.1 样品图标的意义

在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中，样品以孔  符号表示，而 size marker 以  梯形符号表示。

根据分析、视图和选择状态的不同，这些符号略有差异：

已分析	含义	未分析
	不可视图，未选择	
	可视图，未选择	
	不可视图，已选择	
	可视图，已选择	


此外，目前关注的样品有一个边框 。此样品以单个峰图显示，您可查看其属性。

利用样品右键菜单  可更改样品的“Size Marker”性质。使用“Size Marker”选项来切换。

之后可从具有“Size Marker”性质的样品中创建参照 marker。

6.4.1.2 加载样品数据

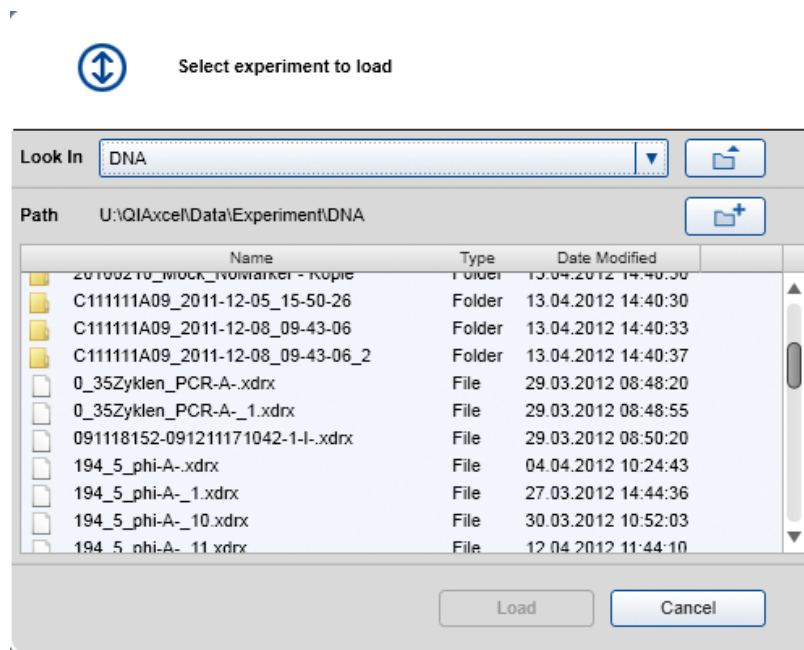
如果要从默认的数据目录加载样品，步骤如下：

1. 点击  “Experiment Explorer (实验浏览器)”顶部的。
2. 对话框打开，包含所有在当前运行模式下生成的实验（如，在 DNA 模式下，你不会看到 RNA 实验）。导航从最近打开的目录开始，或从默认实验目录开始。你可以导航到不同的目录。

- 注意：**若要打开校正结果，选择结尾是 “[Calibration Result]” 的路径。
3. 用鼠标双击列表中打开的实验，或用鼠标点击“Load file”。

4. 实验将加载，并显示在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中。

注意：如果“Experiment Explorer (实验浏览器)”中已有加载的实验，则刚打开的实验将作为最后一个实验显示。最近加载的实验自动激活。



载入一个实验的文件对话框。

磁盘上一个实验的表示

磁盘上的一个实验显示为一个以该实验名命名的文件。文件扩展名取决于创建该实验的模式（**.xdrx** 为 DNA，**.xrrx** 为 RNA，**.xprx** 为蛋白，而卡夹校正时所生成的校正文件则分别为 **.xcdrx**，**.xcrrx** 和 **.xcprx**）。

载入前一版本软件的实验

要载入由前一版本的 QIAxcel ScreenGel Software 生成的实验，请按照上述方法操作。

在 V1.0 版的 QIAxcel ScreenGel 中，实验在磁盘上显示为由该实验名称命名的文件夹。在文件夹中包括一个以实验名命名的文件，它描述了实验的结构。扩展名取决于实验建立的模式（**.xdr** 为 DNA，**.xrr** 为 RNA，**.xcr** 为卡夹校正时的校正文件）。

另外，文件夹还包含一些其它文件，每一个均包含样品行的样品数据。文件名在实验名的基础上扩展。

当这样一个实验载入到 QIAxcel ScreenGel 1.1 版软件时，它会自动地转化（转移）为最新版本。在保存实验后，存有实验和样品文件的文件夹会被一个单独的带有适当的新文件扩展名的实验文件所替换（见前文）。

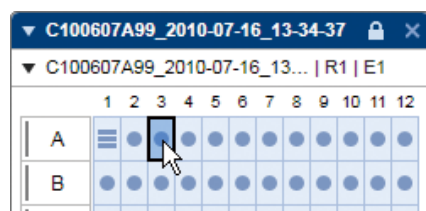
注意：一个转移了的实验将不能再由前一版的软件打开。

注意：当载入 RNA 实验时，reference marker 表里的 18S 和 28S 的搜索条件自动转换为峰检出指导。

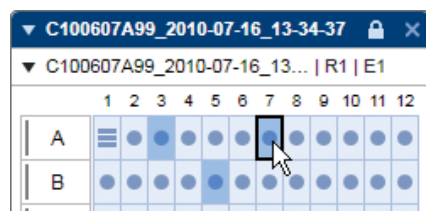
关于从 BioCalculator 软件载入实验，请参考 [Importing BioCalculator Data \(导入 BioCalculator 数据 \)](#) 章节。

6.4.1.3 选择样品

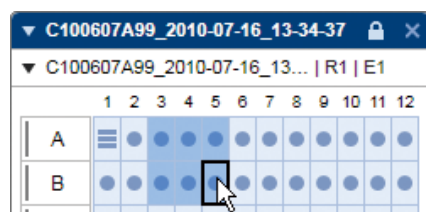
在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中，激活实验内的样品可以选择。关于激活实验的更多信息，请参阅[激活实验](#)章节。



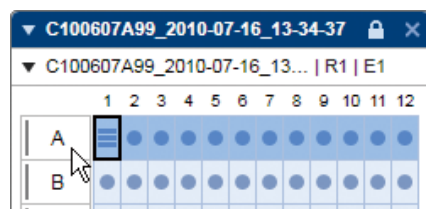
左击选择单个样品。



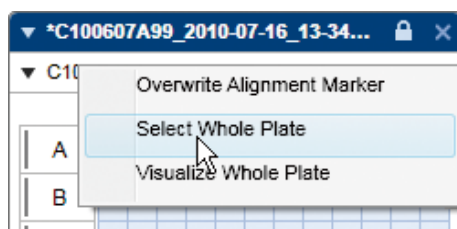
如果要选择多个样品，按住“Ctrl”键的同时左击样品。



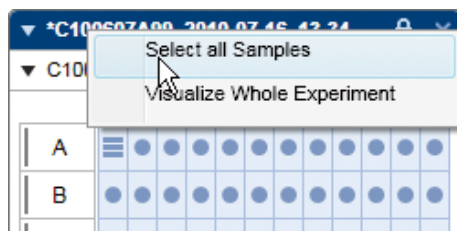
如果要选择矩形区域内的多个样品，按住“Shift”键的同时，(在本例中) 左击 A3 和 B5 样品。



如果要选择一行中的所有样品，左击行字母
如果要选择多行，同时按住“Ctrl”或“Shift”键。



要选择一整板的样品，右键孔板名并在下拉菜单里选择“Select Whole Plate”。



要选择实验中的所有样品，右键实验名，并在下拉菜单里选择“Select all Samples”。

左击样品，切换关注点。在样品选择过程中，最后一个选择的样品将成为关注点。

如果需要选择不同实验的样品，则创建一个自定义的实验，包含这些样品。关于自定义实验的更多信息，请参阅[自定义实验](#)章节。

6.4.1.4 选择样品用于分析或报告

这里，在视图里选择是相关联的——并非在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择。对样品的选择是基于视图的：

视图	选择单个样品	选择多个样品
胶图	通过点击胶图上样品泳道的标头来选中单个样品。在“Experiment Explorer”下选择样品进行分析是不可以的。	可以通过按住“Shift”或“Ctrl”键同时点击多个泳道的标头来选中多个样品（就像在 Windows 浏览器里一样）。或者，你也可以在工具栏里点击“Select all”来选中所有可视的凝胶泳道。
单个峰图	在 "Experiment Explorer" 里选择单个样品。在该视图下，所见的样品将被分析。	在该视图下不可以。
峰图概览	点击样品的峰图选中单个样品。在“Experiment Explorer”里选择样品进行分析是不可以的。	可以通过按住 "Shift" 或 "Ctrl" 键来选中峰图中的多个样品（就像在 Windows 浏览器里一样）。或者，你也可以在工具栏里点击 "Select all" 来选中所有可视的峰图。
峰图叠加	在该视图下不可以。	图表中所有的样品都被自动选中。

6.4.1.5 扩展和折叠

为了获得更大范围的概览，无论实验是否激活，您可以折叠实验或平板。

如果要折叠实验：

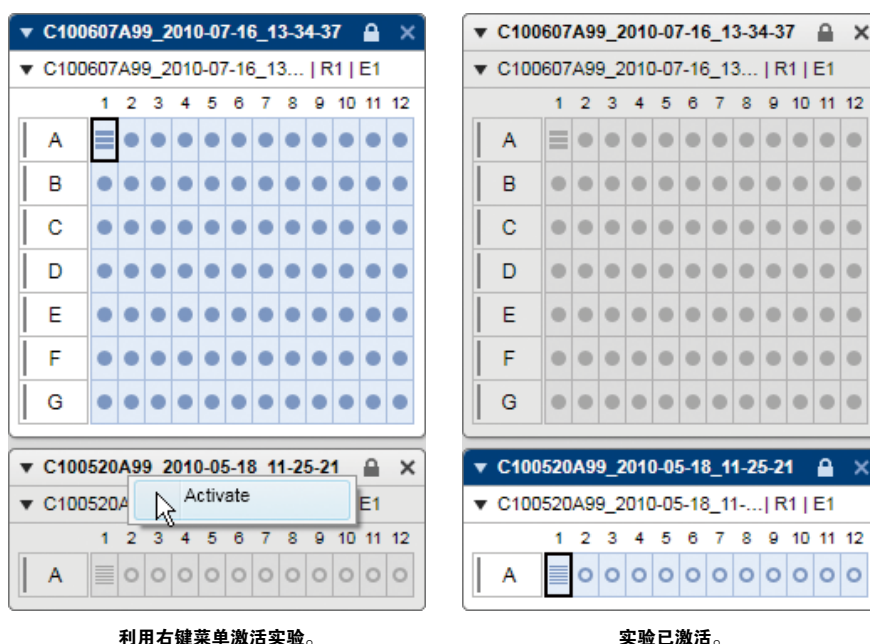
1. 点击实验名称左侧的 ▼。整个实验折叠，只剩下实验名称。
2. 点击 ► 再次扩展。

注意：点击平板名称左侧的 ▼，您可以折叠实验内的单块平板。平板折叠，只剩下平板名称。点击 ► 再次扩展。

6.4.1.6 激活实验

每次只能激活一个实验。激活实验中的样品可以查看和分析。


如果要在“Experiment Explorer（实验浏览器）”中激活一个实验，右击实验，在右键菜单中选择“Activate（激活）”，或双击实验标题。



之前激活的实验将自动取消激活。如果此实验已修改，则系统会询问您是否保存修改。点击“**Yes**”保存，点击“**No**”放弃修改。选择“**Cancel (取消)**”，取消激活。关于保存实验的更多信息，请参阅[保存实验](#)章节。


注意：1.0 版本遗留的实验将无法被取消激活。相反，当你激活其它实验时，它们将被关闭。你可以通过将它们保存为新的格式来避免此种情况。

6.4.1.7 保存实验

如果要将激活的实验保存到默认的数据目录，请点击  “Experiment Explorer (实验浏览器)” 顶部的。

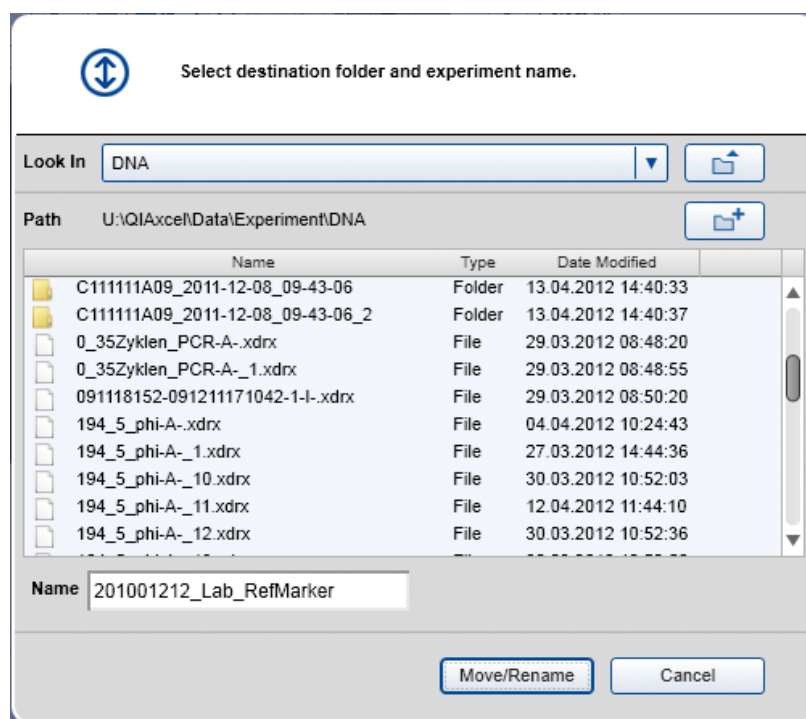
对此实验所做的所有修改将保存到设置中指定的默认数据目录。这包括分析结果以及关于视图配置的信息。

注意：样品数据不能单独保存。

如需将已激活的实验保存到另一个目录，使用“Move/rename”按钮 。

注意：为避免数据的冗余，之前的实验文件将被清除。

如果实验是在实验浏览器里生成且并未被存储至磁盘，则同样的文件对话框会打开。



保存一个实验的文件对话框。

文件对话框方便浏览磁盘上的目录、建立新的目录，以及允许用户选择新的实验名。适当的文件扩展名会被自动添加。

注意：实验名限制在 40 个字符内。

下列信息保存在实验中：

- 实验构成。
- 视图信息：样品的视图状态（不适用于叠加），视图中的样品顺序。

下列信息也保存在每个样品中，因为每个样品不同：

- 运行信息：所有运行参数，包括卡夹信息、所用方法的参数、样品注射时间和分离时间。操作完成后运行信息立即保存，之后不能更改。
- 分析信息（如果样品已分析）：包括分析参数和分析过程中所用的参照 marker 表格。

关于样品的详细信息，请参阅 [Inspecting sample properties\(查看样品属性\)](#) 章节。关于设置和目录配置的详细信息，请参阅[设置](#)章节。

6.4.1.8 关闭实验

您可以点击实验名称右侧的 X，关闭实验，而无论实验是否激活。

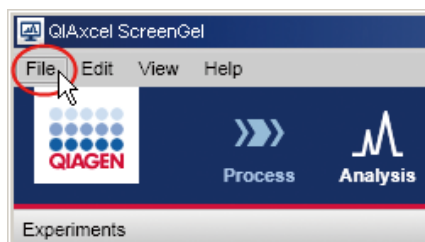
如果此实验已修改，则系统会询问您是否保存修改。点击“**Yes**”保存，点击“**No**”放弃修改。选择“**Cancel (取消)**”，取消关闭。

关于保存实验的更多信息，请参阅[保存实验](#)章节。

6.4.1.9 导入 BioCalculator 数据

来自 BioCalculator 软件的数据文件可导入 QIAxcel ScreenGel 软件。步骤如下：

1. 在“**File (文件)**”菜单中选择“**Import BioCalculator Data (导入 BioCalculator 数据)**”。



打开“**File (文件)**”菜单。

注意：只有“**Analysis (分析)**”环境才有此菜单选项。

2. 对话框打开，让您选择要导入的 BioCalculator 数据文件。浏览首先从设置中指定的默认“**BioCalculator Data (BioCalculator 数据)**”目录开始。浏览将要导入的 BioCalculator 数据文件所在的目录。使用文件类型来过滤。
3. 从列表中选择要导入的文件，并点击“**Import (导入)**”。

注意：每次只能导入一个“.hff”类型的文件。选定“.hff”文件所指的“.hda”文件预计与“.hff”文件在同一个文件夹中。

注意：将文件类型更改为“HDA”，可选择多个“.hda”文件。

4. 文件将转换，并显示在“**Experiment Explorer (实验浏览器)**”中。

如果选定了“.hff”文件，则创建的实验将包含与“.hff”文件相同的行和样品。重复将以不同平板表示。

注意：如果有不完整的行，则空的样品位置仍然为空。

注意：如果样品位置多次提及，则不同的平板将产生。

注意：如果“**Experiment Explorer (实验浏览器)**”中已有加载的实验，则刚打开的实验将作为最后一个实验显示。此实验自动激活。

注意：如果选定文件的模式（DNA/RNA）与当前的模式不同，则文件无法导入。

5. 显示样品。

注意：通过在实验浏览器中右键一个样品并在下拉菜单中选择“Transfer Analysis Instructions (转移分析指导)”，可以在分析参数标签中查看导入的分析参数和 reference marker。

如果要从默认的数据目录加载实验，请使用“Load (加载)”功能，如[加载样品数据](#)章节所述。

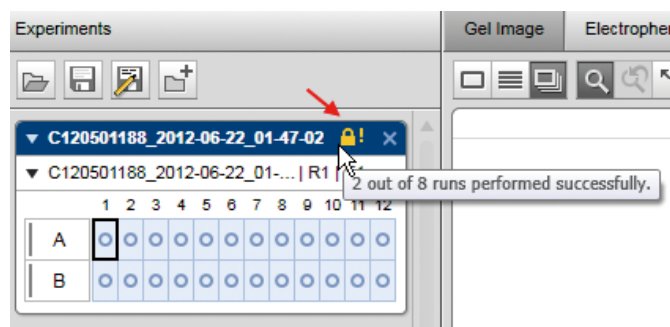
6.4.1.10 修改样品信息

要在运行后修改样品信息，在实验浏览器中选择样品，右键样品并在下拉菜单中选择“Revise Sample Information (修改样品信息)”。在出现的对话框中输入新的样品信息。

注意：只有用户具备修改样品信息的权限时才可以下拉菜单中选择 "Revise Sample Information"。

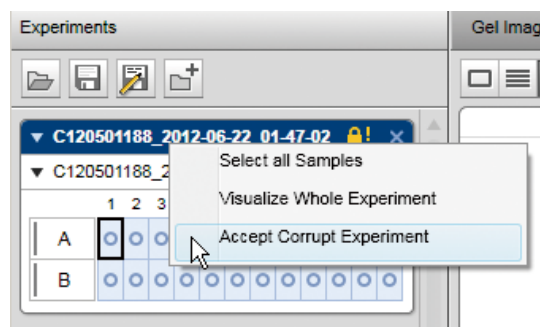
6.4.1.11 处理不完整的实验

在数据采集的过程中进程停止了则实验可能是不完整的。这种情况会在实验浏览器中以一个黄色的锁形图标指示。将鼠标移至锁形图标上方即会显示一个含有更多信息的提示条。



不完整的实验。

你可以将该图标从实验中移除（比如，你可以成功的再处理缺失的运行）。右键实验名并从下拉菜单中选择“Accept Corrupt Experiment (接受损坏的实验)”。



接受一个不完整的实验。

注意：该选项仅对有该权限的用户有效（基于他们的使用权限）。管理员在用户管理系统下可以授予他们“May accept incomplete experiments (可以接受不完整的实验)”权利。

在报告的概览部分会包含不完整的进程以及接受该实验的信息。

6.4.2 查看样品数据

“Analysis (分析)” 环境为查看原始数据和分析结果提供了一些选择。

- 凝胶视图，可显示多个样品 – 请参阅[凝胶视图](#)。
- 单个峰图视图，这可查看单个样品及分析结果 – 请参阅[峰图视图](#)
- 峰图概览，可查看几个峰图 – 请参阅[峰图概览](#)。
- 峰图叠加视图，可在一个图中查看多个峰图 – 请参阅[峰图叠加视图](#)。

所有视图都允许通过缩放数据来浏览。

6.4.2.1 将样品添加到视图

注意：在凝胶视图和峰图视图下，最多一次可以查看 97 个样品。如果达到上限，则无法查看更多的样品。

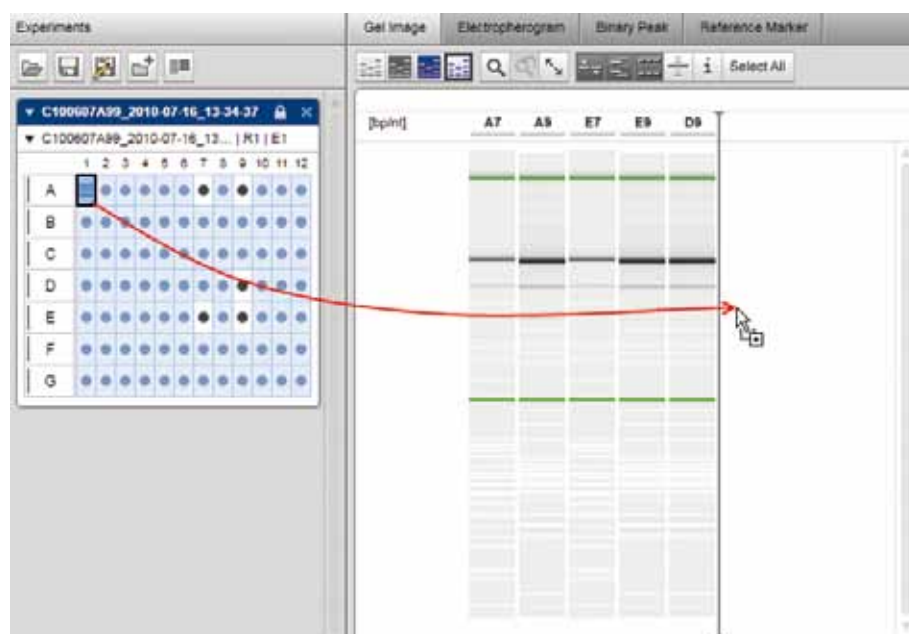
样品可添加到视图中，只需将样品从 “Experiment Explorer (实验浏览器)” 拖动至：

- 凝胶视图
- 峰图概览
- 峰图叠加视图

步骤如下：

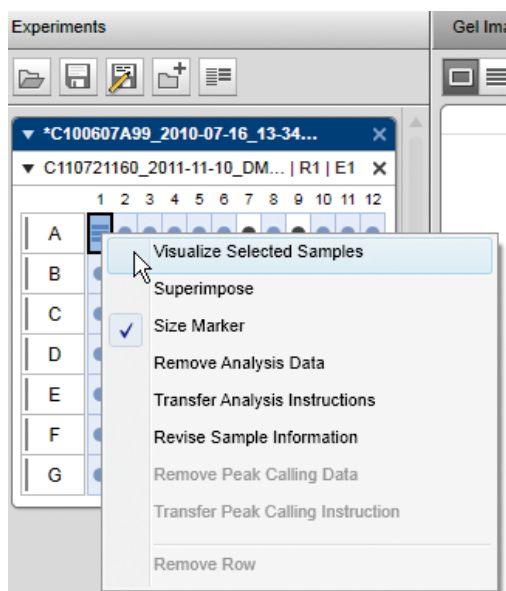
1. 在 “Experiment Explorer (实验浏览器)” 中选择要查看的样品。
2. 左击选定的样品，拖动至视图，并放开。所有选定的样品将显示在视图中。

注意：在凝胶视图和峰图概览中，标记显示，说明了鼠标放开的位置。所有样品都将显示在选定位置。请参阅[更改泳道顺序](#)。



将 A1 样品添加到凝胶图的 D9 右侧。

或者，也可以通过学习实验浏览器的下拉菜单将样品添加到视图中。使用“Visualize Selected Samples (查看选中的样品)”选项，将样品添加到视图中。



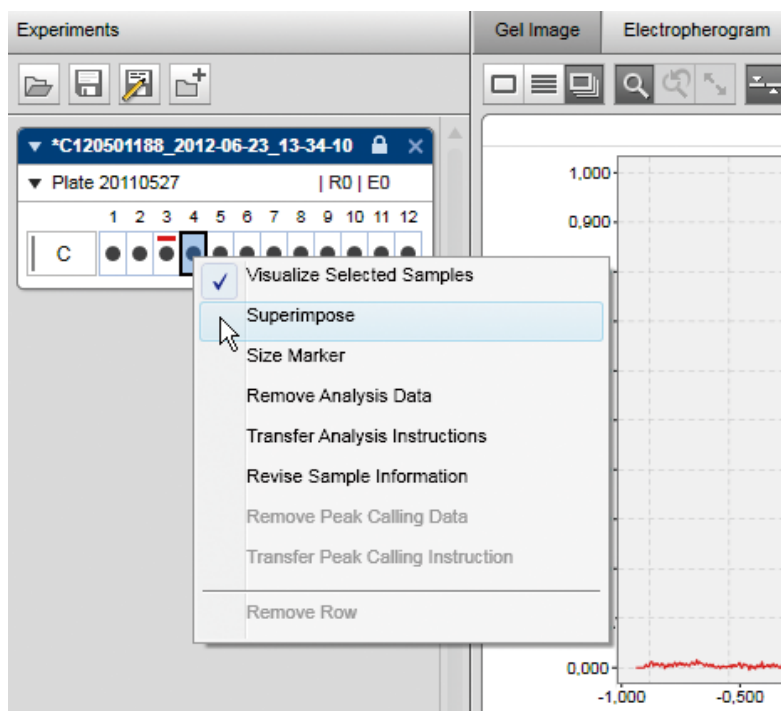
显示选中的样品。

最后，要查看整块平板，右键孔板名，并从下拉菜单中选择“Visualize Whole Plate（查看整块平板）”。要查看整个实验，右键实验名，并从下拉菜单中选择“Visualize Whole Experiment（查看整个实验）”。

与其它所有视图不同，叠加视图不会自动显示所选中的所有样品。

要将样品加入叠加视图：

1. 在“Experiment Explorer（实验浏览器）”里选择要添加的样品。
2. 在“Experiment Explorer（实验浏览器）”里打开选中样品的下拉菜单。
3. 选择“Superimpose（使叠加）”选项。



将样品 C4 加入叠加视图。

插入英文 P118 的图片，图释为：。

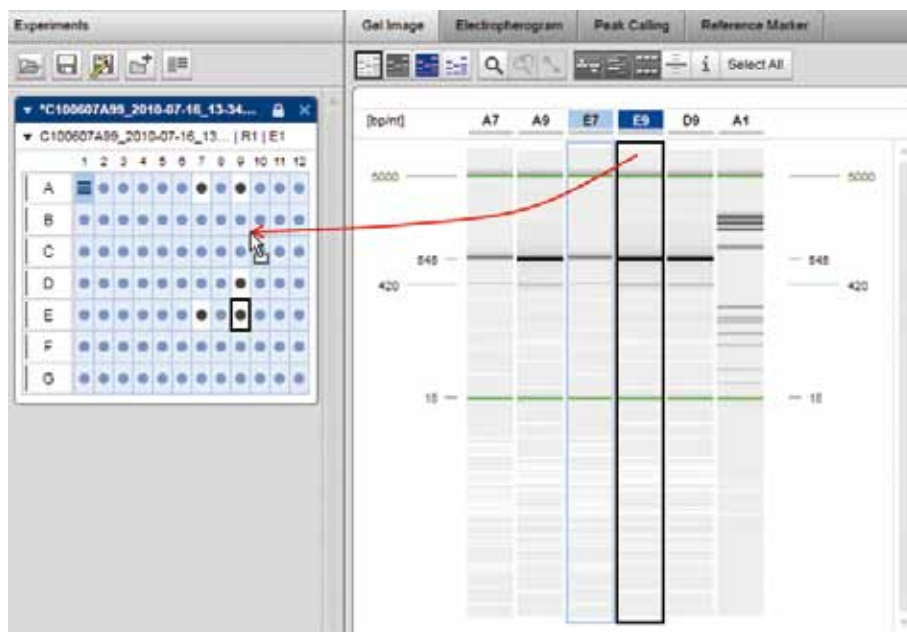
选中的样品将会被加入叠加视图。在“Experiment Explorer (实验浏览器)”里所有以叠加视图方式显示的样品都会根据它们的叠加位被一个有色矩形标记。

注意：至多可以叠加 12 个电泳图。如果超过了上限就会出现警告。

或者，将多至 12 个选中的样品从“Experiment Explorer (实验浏览器)”里拖入到叠加视图里。

6.4.2.2 从视图中移除样品

样品可从视图中移除，只需将选定的样品从视图中拖回到“Experiment Explorer (实验浏览器)”。

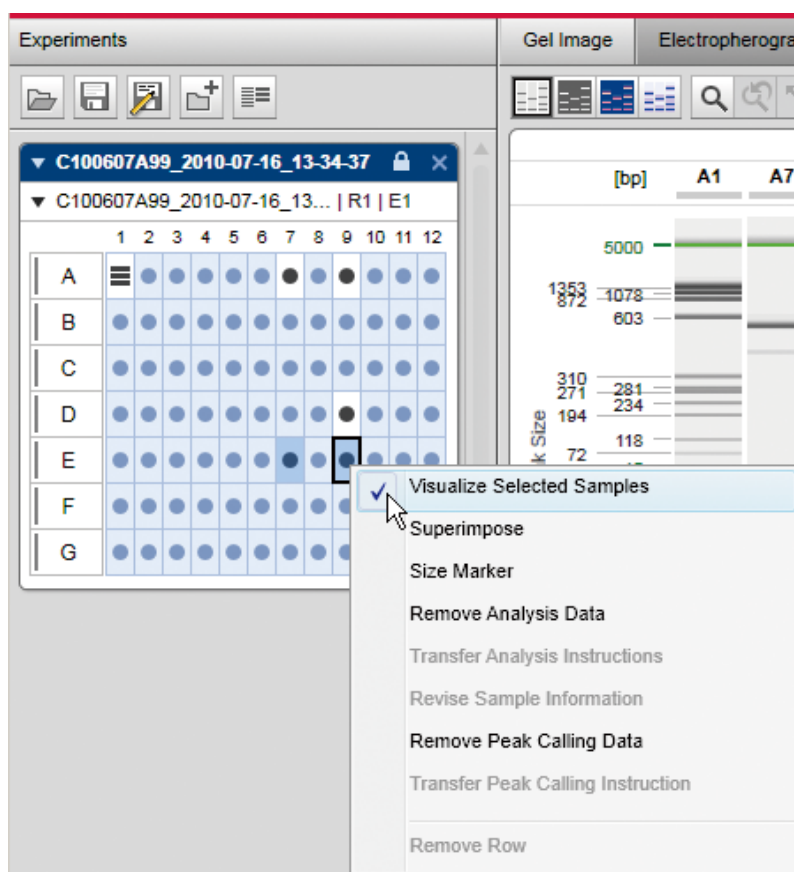


从凝胶图中移除 E7 和 E9 样品。

注意：您也可以将样品放在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中的任何地方。

或者，在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中使用样品的右键菜单：

1. 选择不需要再查看的样品。
2. 右击选定的样品，取消勾选“Visualize (视图)”选项，将样品从视图中移除。



通过右键菜单移除 E7 和 E9 样品。

最后，如果显示了整块板或整个实验，你可以从视图中清除所有的样品。右键孔板名或实验名并从相应的下拉菜单中取消“Visualize Whole Plate”或“Visualize Whole Experiment”选项。

从叠加视图中清除样品，按下列步骤操作：

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择要清理除的样品。
2. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中打开选中样品的下列菜单。
3. 清除“Superimpose (使叠加)”的选项。

6.4.2.3 导出视图到剪贴板

样品视图可复制到剪贴板。

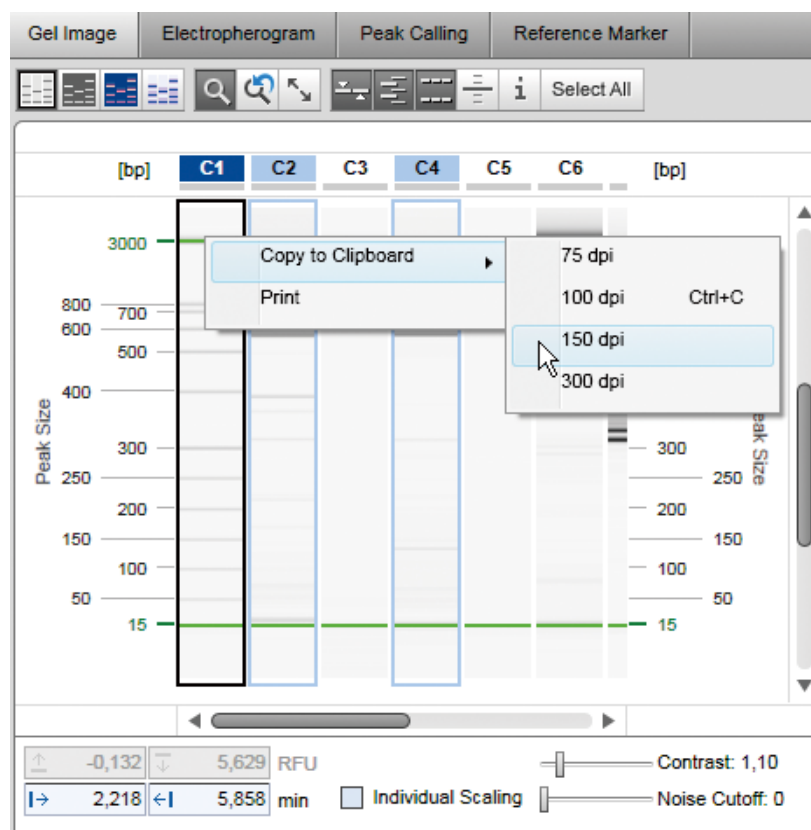
1. 选择要复制的泳道 / 峰图。
2. 右击选定的样品，并选择“Copy to clipboard (复制到剪贴板)”。
3. 切换到您想要查看视图的应用程序，点击粘贴。

注意：你可以用键盘上的快捷键 Ctrl + C 将图片拷贝到剪贴板。注意使用快捷键的默认分辨率为 96 dpi，而并非前一次使用的分辨率。

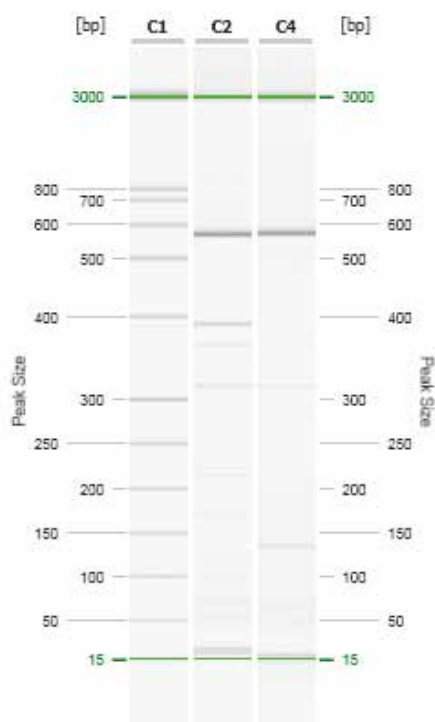
注意：当你粘贴图片时，注意是否使用了正确的分辨率。QIAxcel ScreenGel 放在剪贴板上的图片是使用了最适合的分辨率的（表明图片具有最适合的分辨率）。你对图片的应用要确保图片能够被正确的解析。

注意：拷贝到剪贴板的数据和在视图显示上具有相同的设置（如调色板，对比度，降噪及缩放因子）。

注意：在[单个峰图视图](#)和[峰叠加视图](#)下，凝胶泳道和 C- 通道图解如果在视图中显示，将会被一同拷贝到剪贴板。如果你隐藏了胶泳道和 C- 通道图解，则仅有样品会被拷贝到剪贴板。你同样可以在胶泳道和 C- 通道图解中访问“Copy to clipboard（复制到剪贴板）”弹出菜单。



将选中的样品 C1, C2 和 C4 拷贝至剪贴板。



将选中的样品 C1, C2 和 C4 拷贝至剪贴板。

6.4.2.4 直接打印视图

你可以直接打印选中样品的图片：

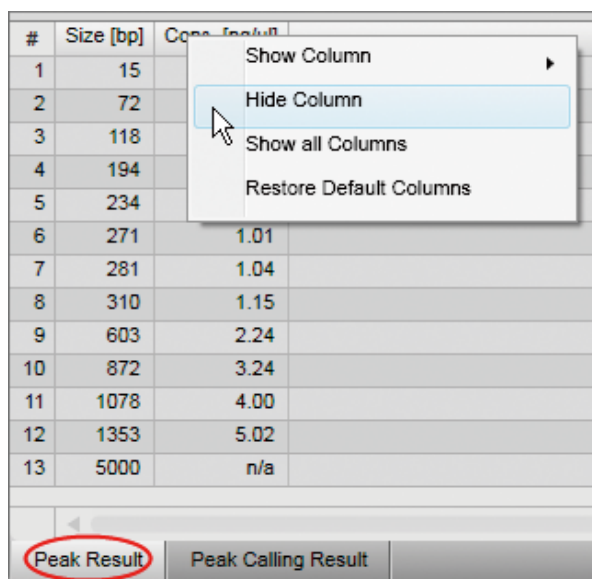
1. 选择泳道 / 电泳图用于打印。
2. 右键选中样品，并在下拉菜单中选择 “Print”。

该功能与 “copying to clipboard (复制到剪贴板)” 功能具有相似的工作原理，都有默认的图片分辨率；选中的样品将会被发送到默认的打印机上。它们和显示视图具有同样的图片设置（如对比度，降噪和缩放因子）。

发送到打印机上的文件与拷贝到剪贴板上的图片是一样的；如果胶泳道和 C- 通道图解也显示在[单个峰图视图](#)上和[峰图叠加视图](#)上，则它们也会一并被打印。

6.4.2.5 结果表格

分析结果表格显示在 “Analysis (分析)” 环境下的峰图下方。在选定了一个分析样品后，其结果以表格显示。选择的模式不同则结果显示不同。



#	Size [bp]	Conc. [ng/μl]
1	15	
2	72	
3	118	
4	194	
5	234	
6	271	1.01
7	281	1.04
8	310	1.15
9	603	2.24
10	872	3.24
11	1078	4.00
12	1353	5.02
13	5000	n/a

DNA 结果表格。

修改结果表格

对于单个峰图视图和峰图概览，显示在结果表格中的信息可单独自定义。自定义适用于结果的进一步查看。

注意：峰图叠加视图显示了一个小的不可自定义的结果表格。

添加列

如果要添加列：

1. 右击表格标题。
2. 从“Show Column (显示列)”选项中选择要显示的列。

注意：选择“Show all Columns (显示所有列)”选项，可显示所有列。选择“Restore Default Columns (还原默认列)”选择，可显示默认列。

移除列

如果要隐藏列：

1. 右击表格标题。
2. 在右键菜单中选择“Hide Column (隐藏列)”。

更改列的顺序

将列标题拖至相应的位置，可更改显示列的顺序。在拖动列标题时，将显示一个标记，该标记是鼠标放开时列的位置。

调整列的宽度

拖动表格标题的垂直单元格边框，可调整列的宽度。

与结果表格互动

选择和移除峰

在结果表格中选择一个峰时，峰在峰图中会高亮显示（单个峰图视图和峰图概览）。如果要在结果表格中选择一个峰，左击“#”列的峰编号。如果要取消选择峰，使用右键菜单选项“Unselect Peak（取消选择峰）”，或仅仅点击另一个单元格。如果要将选定的峰从结果表格中移除，使用右键菜单选项“Delete Selected Peak（删除选定的峰）”。

导出分析结果

结果表格的内容可利用 Windows 剪贴板导出到其他应用程序中。目前有多种方法可选择单元格：

- 按住鼠标左键，用鼠标选择单元格。
- 点击一行的首列，选择此行。您也可以利用“Shift”和“Ctrl”键选择多列。
- 点击列标题，选择一列。
- 点击首列的列标题，选择所有单元格。

如果要复制您的选择：

1. 选择单元格。
2. 右击选定的单元格。
3. 点击“Copy selected cells to clipboard（将选定的单元格复制到剪贴板）”。
4. 将数据粘贴到其他应用程序，如 Microsoft Excel。

注意：结果数据可利用本地系统导出。确保目标应用程序使用本地系统来解释数字。

DNA 结果列

DNA 模式中有以下列：

Start (min)	开始时间 / 峰的 X 值（分钟）
Stop (min)	停止时间 / 峰的 X 值（分钟）
Height	峰的最大高度
Height%	峰高相对所有峰高总和的百分比
	注意： 该数值不用于计算 alignment marker 的峰。
Area	峰面积（信号以下、基线以上的面积整合）
NA	标准化的面积，也称为校正后的峰面积。这是峰面积除以峰的顶点时间。

NA%	标准化的峰面积相对所有标准化的峰面积总和的百分比 注意： 该数值不用于计算 alignment marker 的峰。
Ratio NA	与前一个峰的面积比。表格中的 alignment marker 峰和数据峰此处将为空。
Res.	与前一个峰的分离分辨率。表格中的第一个峰此处将为空。
Time (min)	时间 / 最大峰值的 X 值
Reltime	相对时间 / 最大峰值的 X 值。该数值依赖于模式。在 DNA 和蛋白模式下，alignmnet marker 的低位和高位之间的峰的相对位置被绘制到 0-1 的间隔，比如，所有的峰都有一个为 0-1 的相对时间。alignment marker 的相对时间为 0 和 1。在 RNA 模式下，峰与 alignment marker 的相对位置是计算的，如，alignment marker 的相对时间为 1，其它峰的相对时间为大于 1。
Size [bp]	仅用于 DNA 模式。单位为碱基对。
Size (nt)	仅用于 RNA 模式。片段大小为核苷酸。
M (kD)	仅用于蛋白模式。蛋白的分子量大小为千道尔顿 (kD)。
Conc. [ng/μl]	样品溶液的浓度，单位为 ng/μl。
Rel. Conc. (ng/ul)	仅用于蛋白模式。蛋白的相对浓度为 ng/ul。 注意： 相对浓度是通过将样品峰与定义好的 size marker 峰进行比较计算而得的。仅能给出相对的浓度，因为不同蛋白之间的染料结合情况不同。
S/N	峰的信噪比。噪声约计为从基线开始的噪声点数标准偏差的 3 倍。
FWHM (sec)	在最大强度一半时（半高度时的全宽）的峰宽度，它是峰分辨率的一个参数，大小计算的精度。
Saturated	是峰强度是否达到最大可接受的强度（见 Saturated Signals(饱和信号) 章节）的指示。饱和的峰计算出的高度，面积和浓度是不准确的。

6.4.2.6 凝胶视图

凝胶视图显示了样品的模拟胶图。

凝胶视图中的通道可以三种视图模式显示：



正常模式



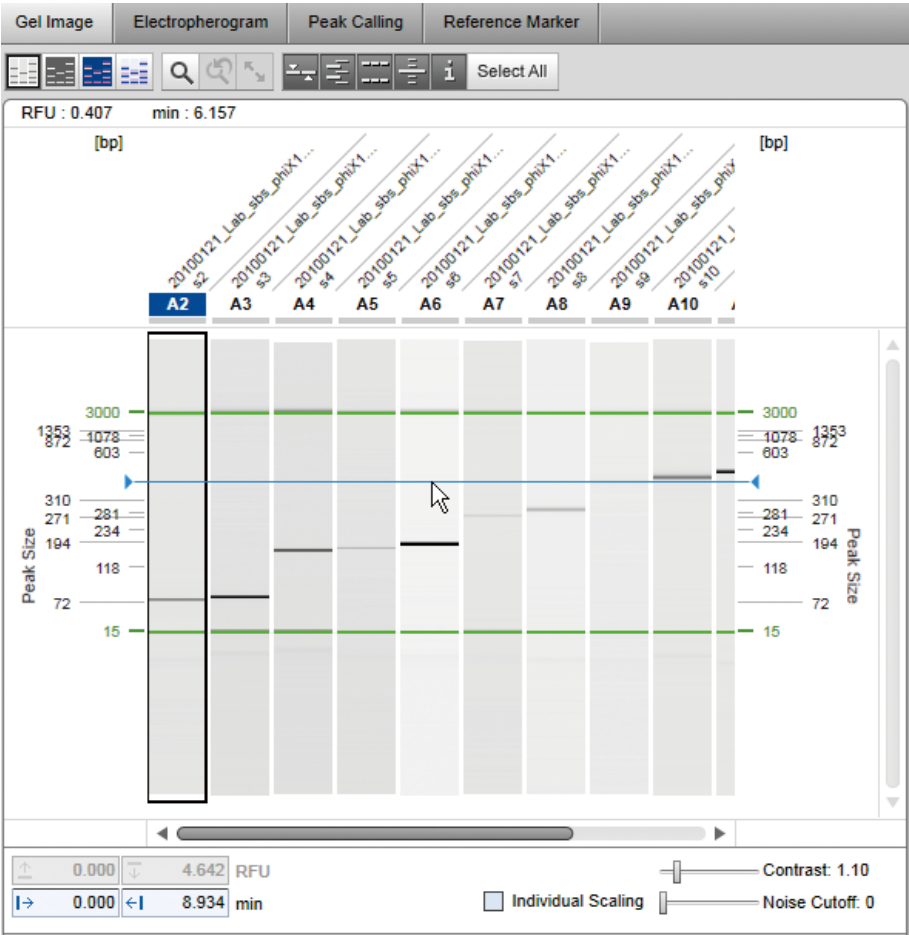
反转模式



假颜色渲染模式



考马氏模式（蛋白的默认模式）



带有标尺、样品标记和峰注释的凝胶视图。

在每个凝胶图像上方显示了样品编号（如 A1、A2 等）。对于凝胶图像，当鼠标指针移向样品编号时，工具提示显示。此工具提示包含平板、重复数量和样品处理方法的信息。如果鼠标指针停留在凝胶通道，则当前光标位置的值会显示在视图的左上角。

如果要详细查看样品，可双击凝胶泳道。视图将转化成单个峰图视图。如果要返回凝胶视图，再次选择“Gel Image（凝胶图）”标签页。

您可以通过视图中的以下按钮，与凝胶视图互动：



切换缩放模式开 / 关

在缩放模式 (按钮按下), 鼠标可用于选择放大的区域 (“rubber band (橡皮筋)” 功能 – 请参阅[一般软件使用](#))。此外，您可以使用鼠标的滚轮来放大和缩小。

如果切换关闭，则拖放功能激活，可[更改泳道顺序](#)。

注意：凝胶视图左下角的控制器可将缩放区域设为绝对值，而与缩放模式无关。

注意：如果鼠标光标在胶泳道标签上方，拖放功能总是可用的，即使在缩放模式下 (按键是按下的)。



自动缩放

将缩放区域重置到整个数据范围，撤消所有缩放。



撤销缩放

返回到之前的缩放状态。



切换对齐

按下此键，显示的样品将会根据 alignment marker 自动对齐。对齐样品有助于比较样品峰的位置。依据 "Toggle unit of peak" 按键，Y 轴显示相对迁移时间或大小。如果没有按下此键，样品不会被对齐，Y 轴在胶图的两侧均显示为绝对的迁移时间。

注意：只有当所有的可视样品均都采用了相同的 alignment marker，都被分析过，且 alignment marker 被正确的定义了才可以进行对齐。否则，无法生成相对时间刻度，相反会显示一条信息。在这种情况下，切换按键以便使用绝对时间刻度并重新分析样品，这样才可以正确识别 alignment marker；或者从视图中清除使用了不同 alignment marker 的样品或那些 alignment marker 无法被正确识别的样品。



切换 Y 轴刻度单位。

如果按下此键，Y 轴会根据所用的 reference marker 在胶图两侧显示刻度大小。如果没有按下此键，Y 轴会显示相对时间刻度。

注意：只有在对齐按键按下时该键才有用。

注意：只有当所有可视样品均对齐了才可以显示相对时间刻度。参见上面“Toggle alignment”按键描述的注释。

注意：只有当可视的样品可被对齐并用同一 alignment marker 分析才可以显示刻度大小。否则，无法生成刻度大小，相反会显示一条信息。在这种情况下，切换按键以使用相对时间刻度，并重新分析用同一 alignment marker 的样品；或者，从视图中将使用了不同 alignment marker 的样品或那些 alignment marker 无法被正确识别的样品删除。

注意：当切换至单个峰图视图时，按键的状态 (按下 / 未按下) 是不会改变的。



切换 alignment marker 条带的绿色高亮显示

注意：如果 alignment marker 已正确鉴定，分析样品的高亮显示才能实现。因此，至少在分析两个显示样品时，此按钮激活。



切换光标位置的水平标尺



切换样品标签。标签出现在通道上方，斜线显示，便于阅读。

对比度设置的控制项位于视图的右下方。功能如下。


Individual scaling (单个泳道按比例 运算)	<p>当复选框未勾选时(在启动 QIAxcel ScreenGel 时,这是默认的), 颜色与所有样品的整体最大信号高度相适应。利用此选项来比较样品。</p> <p>当复选框勾选时, 颜色与每个个别样品的最大信号高度相适应。如果样品强度相差很大, 可使用此项。</p> <p>更改此项适用于所有实验的凝胶视图的进一步显示。</p>
Contrast(对比度)	<p>使用此滑动条可根据您的需要来更改对比度。对比度值可与您的实验一起保存。因此, 您可以自定义凝胶图像, 而与其他实验无关。</p>
Noise cutoff (噪音 截断)	<p>使用此滑动条可自定义信号中噪音的显示。将滑动条移至最左端, 可查看所有信号。将滑动条移至最右端, 可抑制小的信号, 避免噪音。与对比度一样, 噪音截断值可与实验一起保存。</p>

更改泳道顺序

凝胶泳道可通过拖放来重新排序。在查看样品时, 泳道顺序对所有视图生效。更改后的顺序将在保存实验时保存。




如果要更改泳道顺序:

1. 在凝胶视图中选择一个或多个泳道。
2. 左击选定泳道的标题, 将其拖到新的位置。在拖动时, 标记显示, 说明了鼠标放开时的新位置。
3. 当标记指向正确的新位置时, 放开泳道。该泳道将位于新的位置。如果选定了多条泳道, 则按照之前的顺序插入。

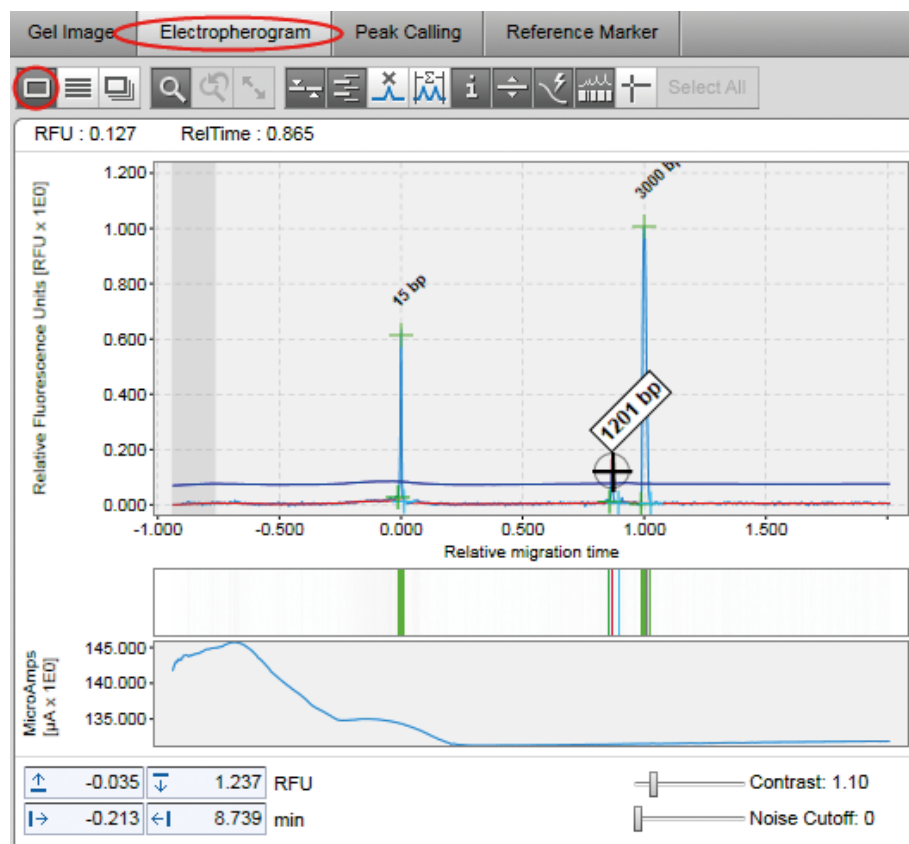
注意：如果缩放按钮  被切换成关, 则拖动也可从凝胶泳道内部开始。

6.4.2.7 峰图视图

在分析环境下点击“Electropherogram (峰图)”标签页，则峰图视图激活。利用工具栏的下列按钮，可选择三种峰图视图：

-  单个峰图视图
-  几个单个峰图的预览模式
-  几个叠加峰图的叠加视图

单个峰图视图在本节中介绍。概览和叠加模式在后面的章节介绍。



单个峰图，带峰注释和显示的电流。

单个峰图视图包含了一个显示已记录信号的区以及主区下面的凝胶示意图。

凝胶视图的缩放区域大小控制器和对比度设置位于信号的图形显示下方。当前的光标位置显示在视图的左上角。

您可以通过工具栏中的按钮，与峰图互动：



切换缩放模式开 / 关。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



自动缩放。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



撤消缩放。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



插入峰。关于详细信息，请参阅[添加峰](#)。



时间范围的手动整合。关于详细信息，请参阅[手动范围整合](#)。



切换对齐。如果按下此键，X 轴会显示相对迁移时间。如果不按此键，X 轴会显示绝对迁移时间。

注意：只有 alignment marker 被正确识别的已分析了样品才可以生成相对时间刻度。



切换峰标签。关于详细信息，请参阅[峰注释](#)。



切换峰标签单位。

如果按下按键，峰标签显示为相应的峰大小（bp，nt 或 kD）。如果不按此键，峰标签会根据 X 轴刻度显示为绝对或相对迁移时间。

注意：只有分析过的样品才可显示大小单位，它们的条带大小进行了分析（详见 [Size and Concentration determination 大小和浓度确定](#)）。如果大小没有被分析过，则会显示“n/a”。

注意：当切换至胶图时，按键的状态（按下 / 未按下）是不会改变的。



切换（显示 / 隐藏）峰阈值（显示为蓝色）。

阈值参数可以通过用鼠标移动阈值来交互变化。详见 [Modifying the threshold 修改阈值](#)。



切换胶泳道。当按下此键，胶图会在峰图下显示，并以 X 轴对齐。



切换电流。

当点击按钮时，显示数据获取过程中所测电流的图将显示在凝胶表示下方。



切换标尺。

激活垂直和水平标尺，用于比较峰高和位置。

对比度设置的控制器位于凝胶视图右侧。控制器描述如下。

- | | |
|-----------------------|---|
| Contrast(对比度) | 使用此滑动条可根据您的需要来更改对比度。对比度更改应用于所有实验中单个峰图视图的进一步显示，但不影响凝胶视图的对比度设置。 |
| Noise cutoff (噪音截断) | 使用此滑动条可自定义信号中噪音的显示。将滑动条移至最左端，可查看所有信号。将滑动条移至最右端，可抑制小的信号，避免噪音。与对比度一样，噪音截断的更改不影响凝胶视图的设置。 |

缩放

“Electropherogram (峰图)” 视图允许通过缩放来浏览数据。



切换缩放模式开 / 关。

当此按钮按下时，鼠标可用于选择放大的区域。关于如何使用“rubber band(橡皮筋)” 功能的更多信息，请参阅[一般软件使用](#)。此外，您可以使用鼠标的滚轮来放大和缩小。



自动缩放。

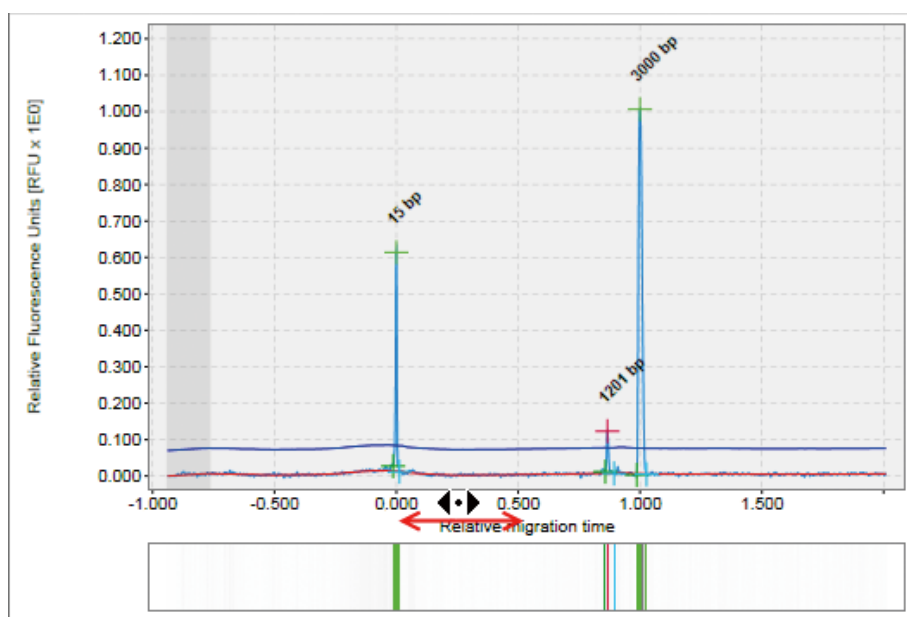
将缩放区域重置到整个数据范围 (时间和 RFU 尺寸)，撤消所有缩放。



撤消缩放

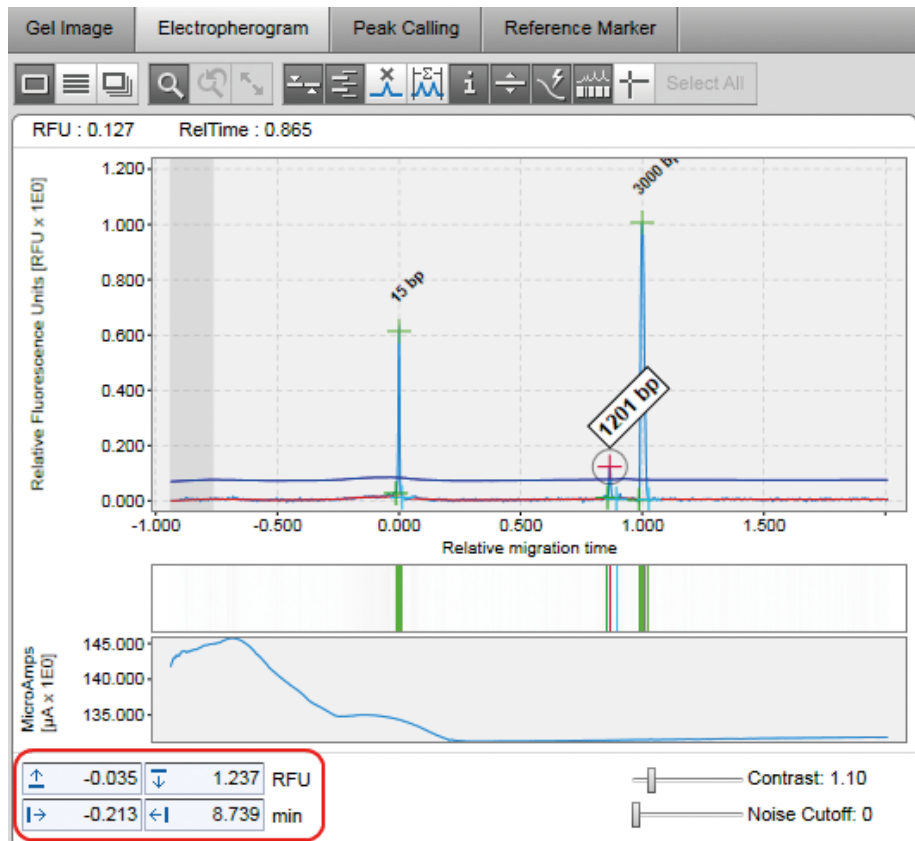
返回到之前的缩放状态。

与缩放模式无关，所有峰图可利用轴线来平移。您可以拖动 x 轴，水平移动缩放区域。如果要垂直移动缩放区域，拖动 y 轴。



拖动 x 轴。

除了工具按钮之外，“Electropherogram (峰图)”视图左下角的控制器也能将缩放区域设为绝对值。



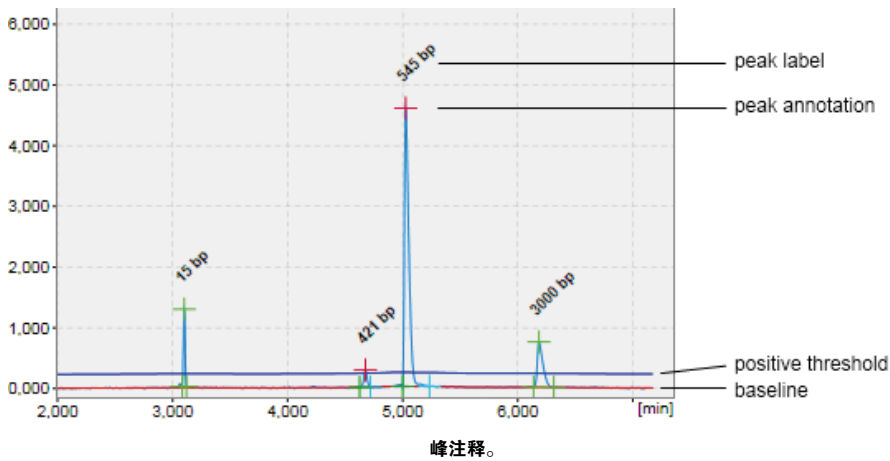
将缩放区域设为绝对值的输入栏。

注意：对于 RFU 值，只有实际值以内的值才允许输入。实际值范围以外的值不接受，且输入栏的背景变成黄色。

注意：对于时间值，允许输入长达一小时的上限值。

峰注释

在一个已分析的样品中，分析结果与原始信号一起显示。每个峰都有峰标记，标明起始时间（绿色，绿色为 Alignment marker 峰的）、顶点时间（红色）和停止时间（蓝绿色）。



峰标签的单位取决于“Toggle alignment”和“Toggle unit of peak”按键。详细信息请参见 [Electropherogram view \(峰图视图\)](#)。


除了峰之外，检测到的基线（显示为红色）和基线以上的峰检测阈值（显示为蓝色）都显示在峰图中。

与结果表格互动

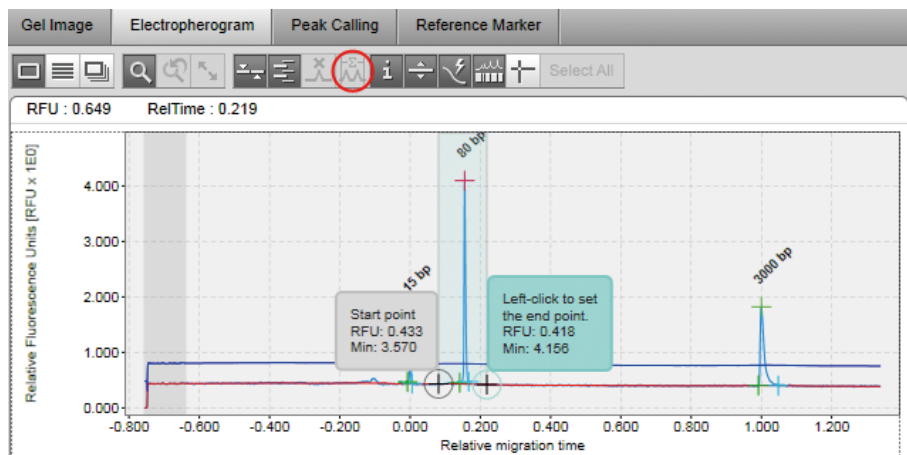
功能介绍如下。

- | | |
|-------|--|
| 选择峰 | 在峰图中，左击峰的顶点标记。或者，在结果表格中，左击“#”列的峰编号。
峰图中的峰将会标上一个红圈，并在结果表格中高亮显示。 |
| 取消选择峰 | 在峰图或结果表格中，打开选定峰的右键菜单，选择“Unselect Peak (取消选择峰)”选项。
峰图中的红圈以及结果表格中的高亮消失。 |
| 添加峰 | 请参阅 添加峰 ，了解如何添加峰的更多信息。
峰将添加到结果表格中。 |
| 删除峰 | 请参阅 删除峰 ，了解如何删除峰的更多信息。
峰将从结果表格中移除，且峰图中峰的标记消失。 |

手动范围整合

利用范围整合工具 () 可实现时间范围的手动整合。

在点击“Range Integration (范围整合)”按钮之后, 您需要指定一个区域。首先点击区域的左边界, 然后点击区域的右边界。



峰注释。


在选择了区域之后, 对话框打开, 显示选定的时间范围边界, 区域的标准化面积总和, 标准化面积占整体标准化面积的百分比。

注意: 利用对话框的右键菜单, 可将计算的值复制到剪贴板上。

注意: alignment marker 峰不包含在标准化面积计算中。

6.4.2.8


峰图概览

峰图概览显示了几个峰图, 依次显示。它用于已采集数据的概况查看。在峰图概览中, 标尺工具  特别有用。它提供了一种方法, 可比较几个样品的峰位置, alignment marker 峰和样品峰都适合。对于已分析的样品, 每个峰都有一个顶点时间的峰标记 (样品峰是红色的, alignment marker 峰是绿色的)。



利用标尺工具分析后的概览。

在分析的样品中，每一个检出的峰都有一个峰顶的标记（红色，绿色是 alignment marker 的峰）。

缩放功能与单个峰图视图非常相似（请参阅[缩放](#)）。唯一的差别是缩放影响所有峰图。利用滚动条或箭头键浏览。如果要详细查看峰图，双击它。视图转变为单个峰图视图。如果要返回概览，再次点击 。

您可以通过工具栏中的按钮，与峰图互动：



切换缩放模式开 / 关。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



自动缩放。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



撤消缩放。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



切换比齐。

当此按钮按下时，显示的样品将根据 alignment marker 来比齐。比齐样品有利于样品峰位置的比较。如果此键没有按下，样品将不会被对齐，X 轴会显示绝对的迁移时间。

注意：只有可视样品使用了同一 alignment marker，已被分析了，且 alignment marker 被正确识别时才可以进行对齐。否则，无法生成相对时间刻度，此时会显示一条信息。在这种情况下，切换按键以使用绝对时间刻度并重新分析样品，这样才可以正确识别 alignment marker；或者从视图中清除使用了不同 alignment marker 的样品或那些 alignment marker 无法被正确识别的样品。

注意：当你切换至另一个峰图视图或胶图时，按键的状态（按下 / 未按下）是不会改变的。



切换标尺。

激活垂直和水平标尺，用于比较峰高和位置。

更改顺序

通过拖放可更改峰图的顺序。更改后的顺序对查看样品的所有视图生效。更改后的顺序将在保存实验时保存。

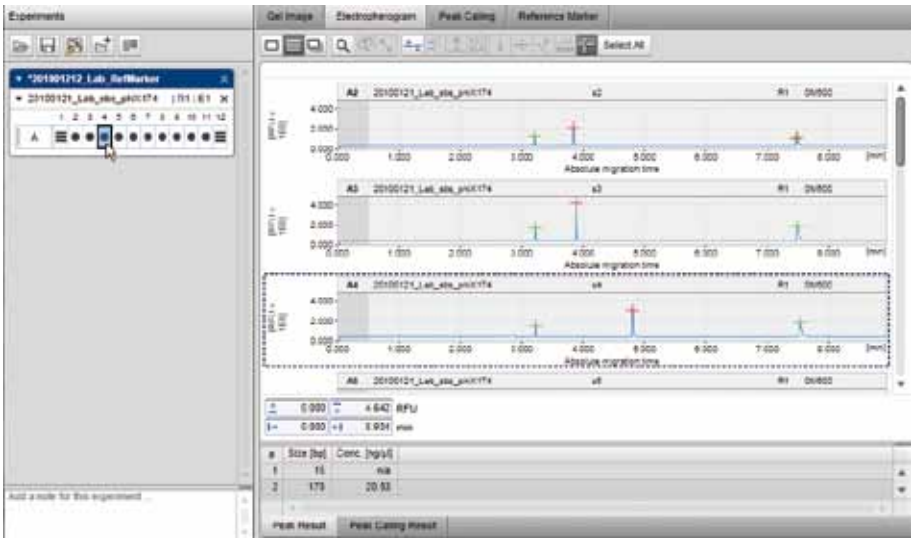
如果要更改顺序：

1. 在凝胶视图中选择一个或多个峰图。
2. 将选定的峰图拖到新的位置。在拖动时，标记显示，说明了鼠标放开时峰图的新位置。
3. 当标记指向正确的新位置时，放开峰图。峰图将位于那个位置。如果选定了多条峰图，则峰图将按照之前的顺序插入。

注意：如果要对峰图重新排序，则缩放按钮  必须被切换成关。

与结果表格互动

峰图概览下方显示了一个样品的结果表格。此样品在“Experiment Explorer（实验浏览器）”中标有黑色边框。在“Experiment Explorer（实验浏览器）”或峰图概览中选择样品，左击查看结果表格。



查看 A4 样品的结果表格。

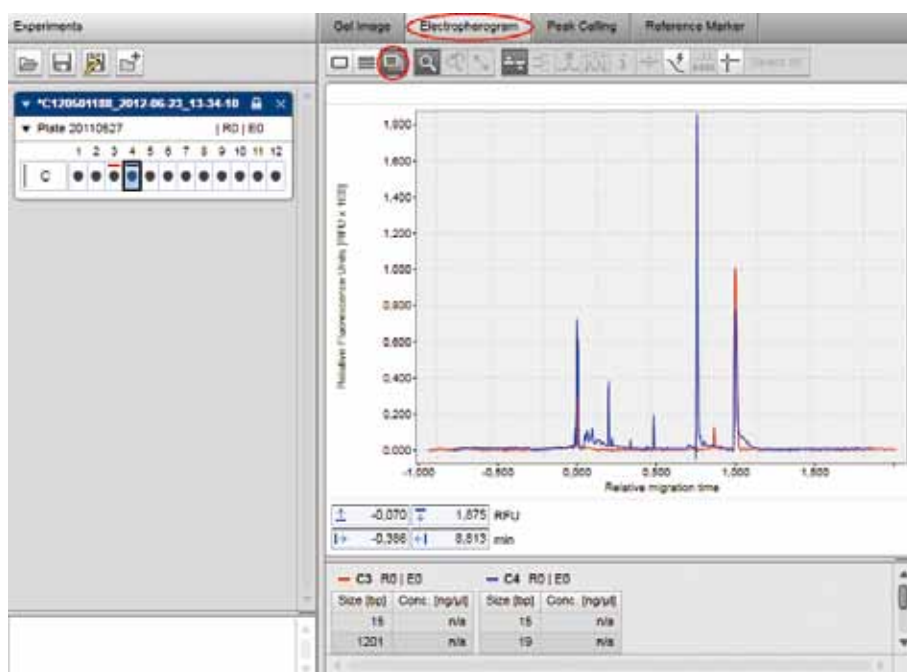
功能介绍如下。

- 选择峰** 在峰图中，左击峰的顶点标记。或者，在结果表格中，左击“#”列的峰编号。
峰图中的峰将会标上一个红圈，并在结果表格中高亮显示。
- 取消选择峰** 在结果表格中，打开选定峰的右键菜单，选择“Unselect Peak (取消选择峰)”选项。
峰图中的红圈以及结果表格中的高亮消失。
- 删除峰** 在结果表格中选择要删除的峰。打开右键菜单，选择“Delete selected peak (删除选定峰)”选项。
峰将从结果表格中移除，且峰图中峰的标记消失。

6.4.2.9 峰图叠加视图

峰图叠加视图最多在一张图中显示 12 个峰图。它利于几次测定的比较。

为了让不同样品的信号可以区分，每个样品都有不同的颜色。



峰图叠加视图。

在峰图视图的下方，所有样品的小结果表格随相应颜色显示。结果表格的顺序与凝胶视图或峰图视图中的样品顺序相同。

您可以通过工具栏中的按钮，与峰图互动：



切换缩放模式开 / 关。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



自动缩放。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



撤消缩放。关于详细信息，请参阅[缩放](#)。



切换比对。

当此按钮按下时，显示的样品将根据 alignment marker 来比对。比对样品有利于样品峰位置的比较。

注意：只有可视样品使用了同一 alignment marker，已被分析了，且 alignment marker 被正确识别时才可以进行对齐。否则，无法生成相对时间刻度，此时会显示一条信息。在这种情况下，切换按键以使用绝对时间刻度并重新分析样品，这样才可以正确识别 alignment marker；或者从视图中清除使用了不同 alignment marker 的样品或那些 alignment marker 无法被正确识别的样品。

注意：当你切换至另一个峰图视图或胶图时，按键的状态（按下 / 未按下）是不会改变的。



切换电流

当此按钮按下时，显示数据获取过程中叠加电流的图将显示在峰图叠加下方。



切换标尺。

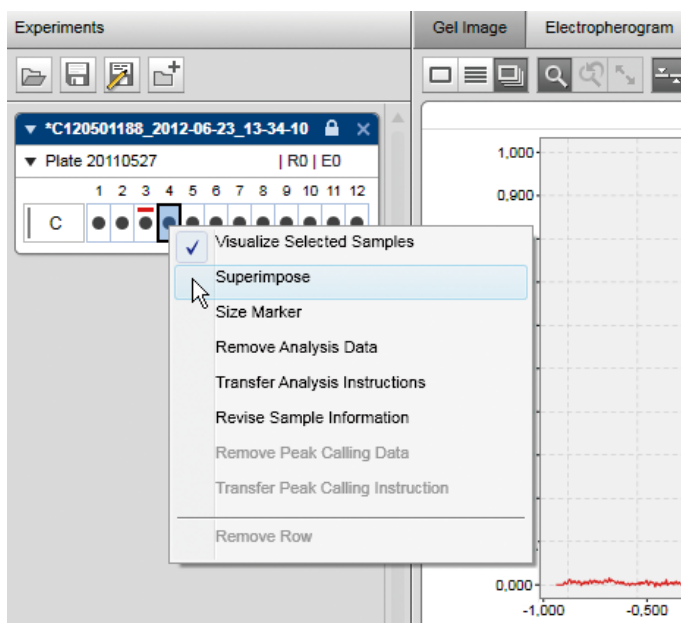
激活垂直和水平标尺，用于比较峰高和位置。

添加和移除峰

与其他所有视图不同，叠加视图不能自动显示所有选定的样品，以便观察。

如果要在叠加视图中添加样品：

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择待添加的样品。
2. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中打开选定样品的右键菜单。
3. 选择“Superimpose (叠加)”选项。



将样品 C4 加入叠加视图。

选定的样品将添加到叠加视图中。在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中，所有在叠加视图中显示的样品都根据它们在叠加中的颜色，标有一个彩色的长方形。

注意：最多能叠加 12 个峰图。如果超出限制，将有警告显示。

或者，将最多 12 个选择的样品从“Experiment Explorer (实验浏览器)”拖动至叠加视图。

如果要从叠加视图中移除样品，步骤如下：

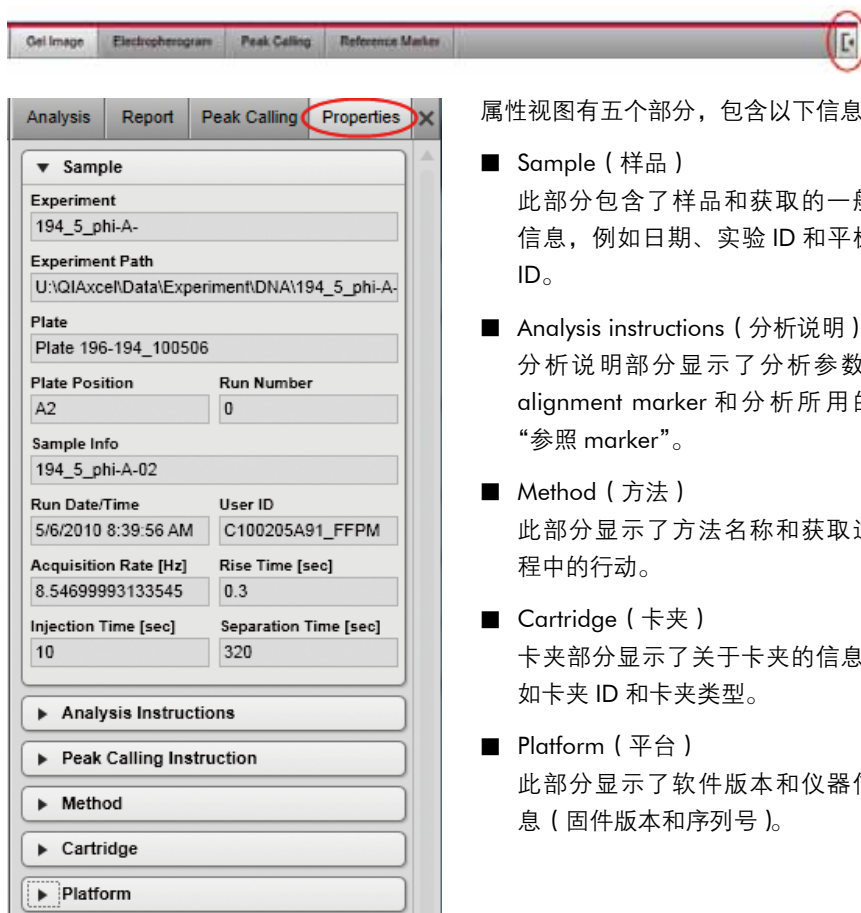
1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择要移除的样品。
2. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中打开选定样品的右键菜单。
3. 取消选择“Superimpose (叠加)”选项。

6.4.2.10

查看样品属性

如果要查看样品属性：

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择样品。
2. 在分析环境的右侧查看样品属性。如果右侧的工具栏未显示，点击下列图标，打开它：



属性视图有五个部分，包含以下信息：

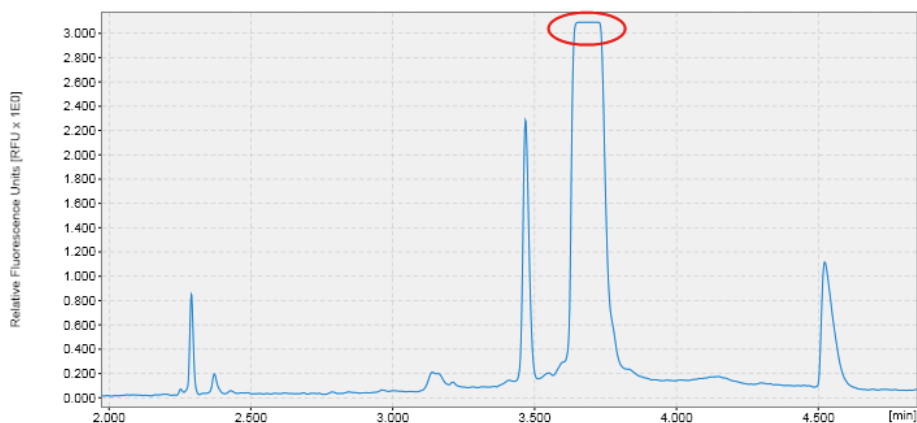
- **Sample (样品)**
此部分包含了样品和获取的一般信息，例如日期、实验 ID 和平板 ID。
- **Analysis instructions (分析说明)**
分析说明部分显示了分析参数、alignment marker 和分析所用的“参照 marker”。
- **Method (方法)**
此部分显示了方法名称和获取过程中的行动。
- **Cartridge (卡夹)**
卡夹部分显示了关于卡夹的信息，如卡夹 ID 和卡夹类型。
- **Platform (平台)**
此部分显示了软件版本和仪器信息 (固件版本和序列号)。

6.4.2.11 饱和信号

发现饱和信号

注射高浓度的 DNA 致使信号过载将导致检测器饱和。饱和信号是指那些信号水平超出检测器最大极限的信号。

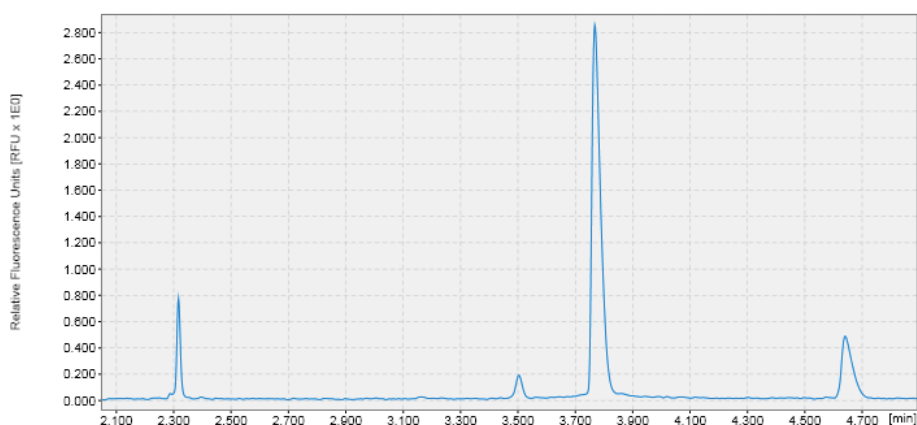
饱和信号通常在峰图中显示为平的顶端。这些信号也被称为“clipped (剪掉)”。



饱和信号示例。

预防饱和信号

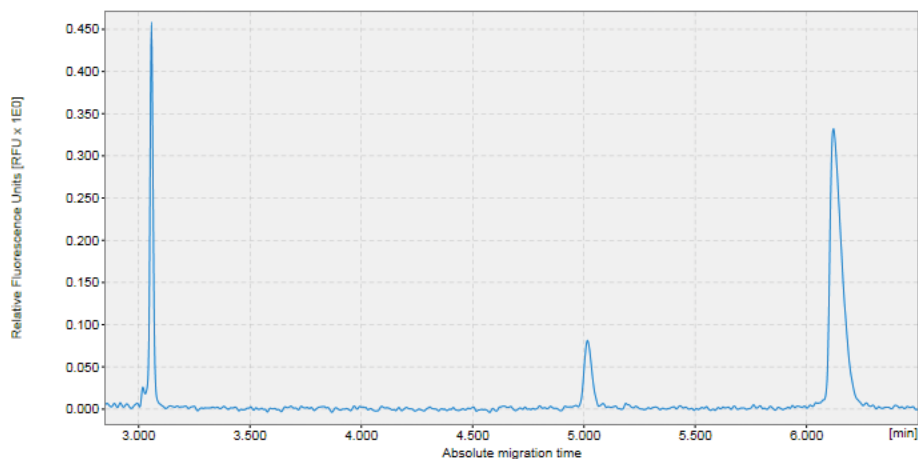
目前有 2 种方法可预防过载或信号饱和：用 QX DNA Dilution Buffer 稀释样品，或注射较少样品。减少注射时间，可使样品注射量减少（见[操作 QIAxcel](#)）。非饱和信号在峰图中显示为一个尖峰。



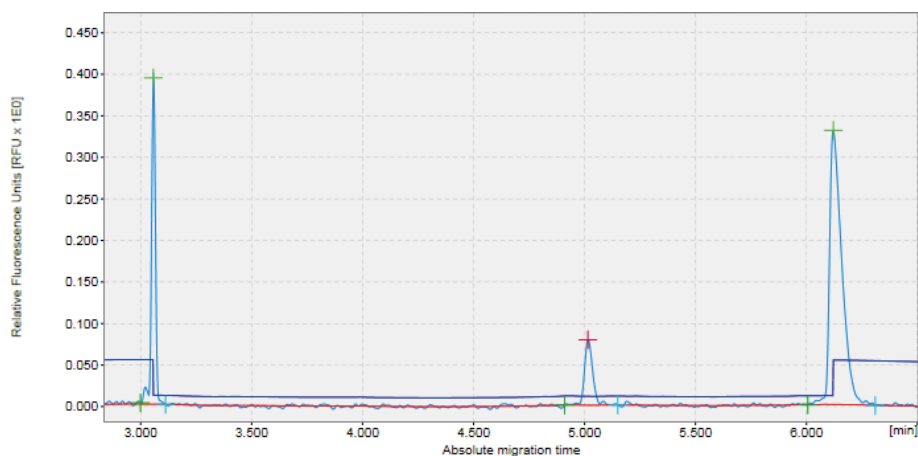
正常（非饱和）信号示例。

6.4.3 峰检测

样品的分析是利用两步法开展的。首先，在原始数据中检测峰。第二步，将样品与“参照 marker”比对，确定峰的位置和浓度。这一章节介绍了峰检测的步骤。关于大小与浓度，请参见 [Size and Concentration determination \(大小与浓度确定\)](#) 章节。



未分析的原始数据。



峰检测后的原始数据，不含大小与浓度信息。

注意：在上图里，分析参数“Alignment Marker Threshold”(见上图深蓝色的线)要比“Threshold”阈值参数高。这样在 alignment marker 位置的阈值线就会生成一个峰。

6.4.3.1 峰检测步骤

要进行峰检测，按照下列步骤操作如下：

- 1. 利用“Experiment Explorer (实验浏览器)”加载您想要分析的样品。关于详细信息，请参阅[加载样品数据](#)部分。
- 2. 查看您要分析的样品。更多信息见 [Viewing sample data \(查看样品数据 \)](#) 章节。
- 4. 选择待分析的样品。

注意：此处视图中的选择是相关的 – 不是实验浏览器中的选择。

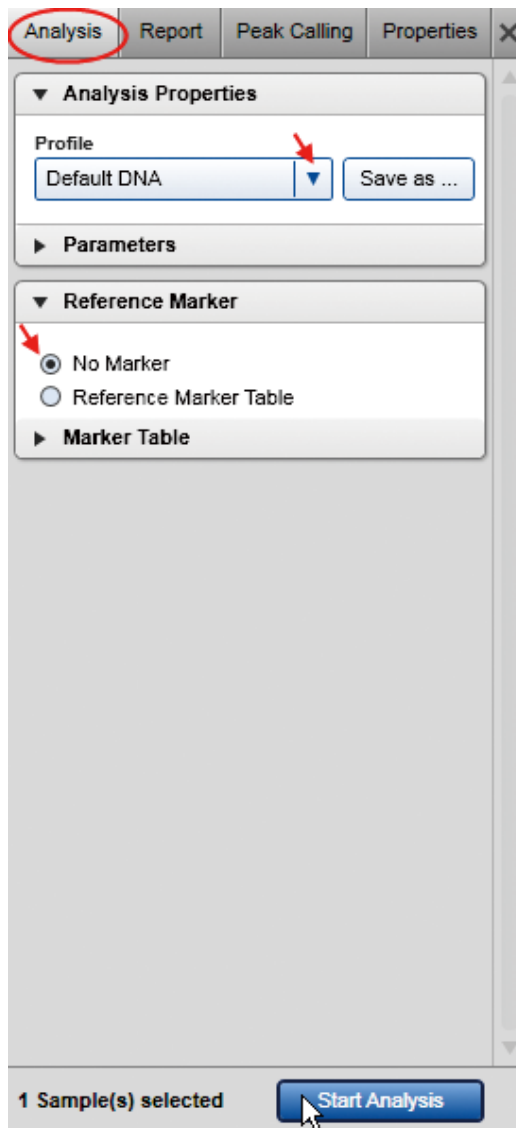
样品选择的方式取决于视图和待分析的样品数量：

视图	选择单个样品	选择多个样品
凝胶视图	点击样品的凝胶泳道标题，选择单个样品。在此环境下无法在“Experiment Explorer(实验浏览器)”中选择待分析样品。	利用“Shift”或“Ctrl”键点击凝胶泳道标题，可选择多个样品（如同 Windows explorer ）。或者，您可以点击工具栏中的“Select all (选择全部)”，选择所有查看的凝胶泳道： <div>Select All</div>
单个峰图视图	在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择单个样品。在此视图下，查看的样品将被分析。	在此视图下无法实现。
峰图概览	点击样品的峰图，选择单个样品。在此环境下无法在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择待分析样品。	利用“Shift”或“Ctrl”键点击峰图，可选择多个样品（如同 Windows explorer ）。或者，您可以点击工具栏中的“Select all (选择全部)”，选择所有查看的凝胶泳道： <div>Select All</div>
峰图叠加	在此视图下无法实现。	在此视图下无法实现。

- 4. 打开“Analysis (分析)”参数界面并指定分析。
如果不可见,您可以利用“View (视图)”菜单 (选择菜单项“View (视图)” / “Show Analysis Parameters (显示分析参数)”) 或点击视图选择栏最右侧的图标让其显示：

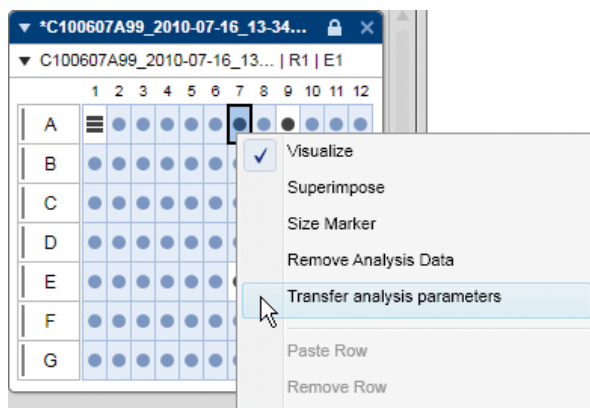


在“Analysis properties (分析属性)”面板，选择一个预先定义的分析概况或利用默认参数选择“Default DNA (默认 DNA)”概况或“NewAnalysisProfile”。选定概况的分析参数如下拉列表所示。关于分析参数的详细介绍，请参阅[修改分析概况](#)章节。在“Reference Marker (参照 marker)”部分，勾选“Reference Marker Table (参照 marker 表格)”并选择一个之前保存的参照 marker。“reference marker (参照 marker)”的详细信息如组合框所示。



图释为：没有选择 marker。

注意：如果加载的样品已经过分析，则选定样品的分析参数可转移到“Analysis（分析）”参数界面。如果需要这样做，在“Experiment Explorer（实验浏览器）”的右键菜单中选择菜单项“Transfer analysis parameters（转移分析参数）”，如下图所示。



将分析参数从样品转移到“Analysis（分析）”界面。

注意：平板的 alignment marker 可更改。如果要更改 alignment marker，在“Experiment Explorer（实验浏览器）”的右键菜单中选择菜单项“Overwrite alignment marker（覆盖 alignment marker）”（鼠标的光标应停在平板名称上）。“Overwrite Marker（覆盖 marker）”对话框打开。在下拉列表中选择 alignment marker，并点击“OK”，确认选择。

5. 点击“Start Analysis（开始分析）”按钮，开始分析。
6. 查看分析结果。对于每个分析好的样品，结果以表格形式显示在“Analysis（分析）”环境的底部（请参阅[结果表格](#)章节），并以图像形式显示在单个峰图视图中（请参阅[峰图视图](#)）。
7. 在“Experiment Explorer（实验浏览器）”中点击“Save（保存）”按钮，保存分析结果。

6.4.3.2

修改分析概况

如果要修改分析概况，步骤如下：

1. 打开“Analysis（分析）”环境右侧的“Analysis（分析）”标签页。
如果不可见，您可以利用“View（视图）”菜单（选择菜单项“View（视图）”/“Show Analysis Parameters（显示分析参数）”）或点击视图选择栏最右侧的图标让其显示：



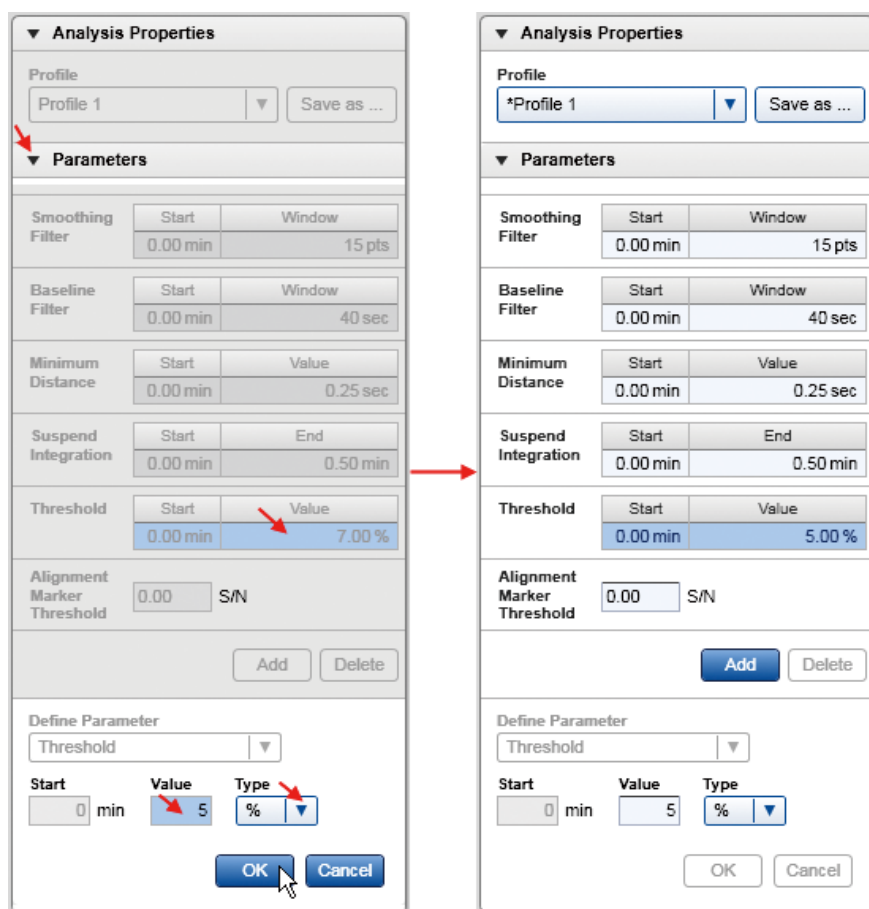
2. 在“Analysis properties（分析属性）”面板的“Profile（概况）”下拉列表中选择待修改的分析概况。
3. 更改分析参数，如下文所述。

4. 如果要保存修改后的概况，点击“Profile (概况)”下拉列表中右侧的“Save as...” (另存为) 按钮。

注意：分析概况的参数只能由“高级用户”来修改。

参数可这样修改：

1. 点击参数。
2. 更改数值 (如果需要，更改单位)。
3. 点击“OK”。

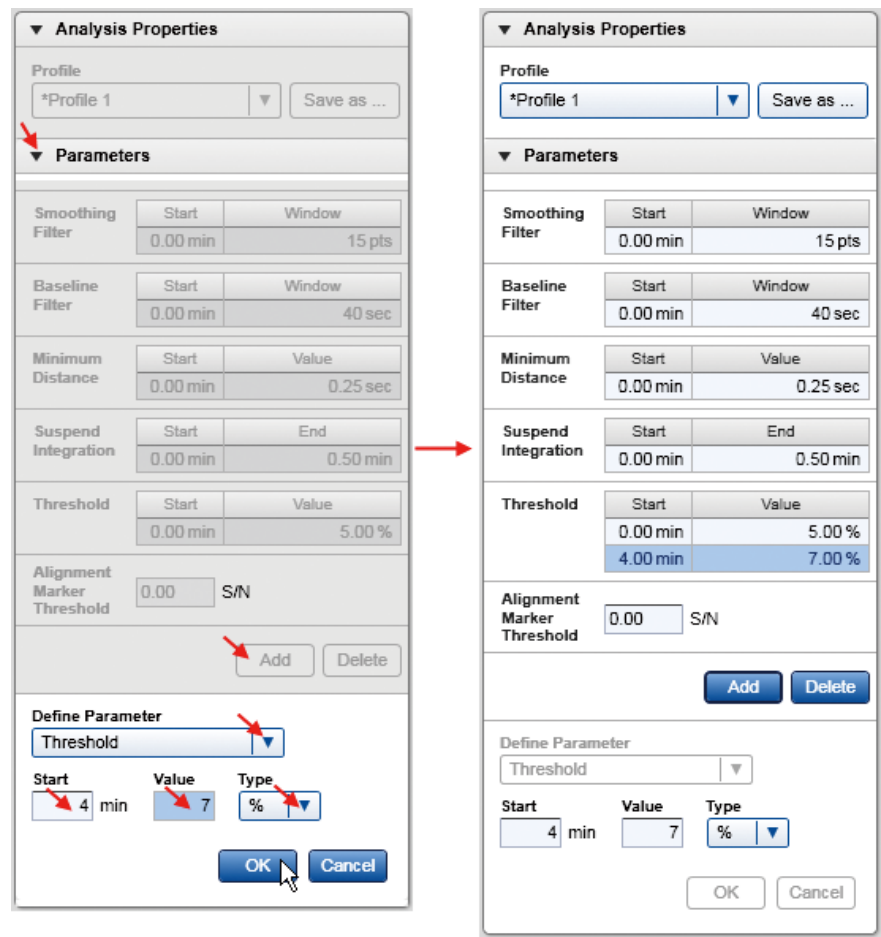


更改阈值参数。

举例，如果从 4 分钟开始要将阈值参数提高至 7%：

1. 在参数下点击“Add (添加)”按钮。
2. 选择参数类型“Threshold”。

- 3. 调整起始时间 (4 分钟), 阈值 (7), 单位 (%)。
- 4. 点击 “OK”, 接受更改。



每个显示在图像上方的参数都有一个对应的时间点。这是必要的, 因为所有参数都可随时间改变, 除 “Alignment Marker Threshold” 外。

注意: 时间为 0.0 分的初始参数不能改变。暂停的积分参数是一个例外。它是默认关闭的, 在峰检测时可以被开启以忽略设定的数据范围内。这一区域并不需要从 0.0 分开始。

参数以及如何推断适当设置的说明如下表所示。关于分析算法及其参数的更多信息, 请参阅[附录 D](#)。

参数	说明	调整数值
Baseline Filter	此参数控制了基线检测（在峰图上显示为一条红线）。	<p>“Window（窗口）”参数应当对大部分样品是足够的。</p> <p>如果基线随着数据开始，则增加该值。通常，该参数应设置为单个峰宽度的两倍，但它绝不能超过总迁移时间的一半。</p> <p>如果一个峰宽变化很大，则在不同的时间段内用不同的“Window”参数值。具体案例参见“Default RNA（默认 RNA）”分析参数设置及Analyzing RNA samples（分析 RNA 样品）章节。</p>
Threshold	阈值参数在峰检测时使用。超过基线部分高于阈值的信号被检测为峰。阈值可以 RFU 表示，或样品中最高信号的百分比，或峰图（预计）噪音水平的倍数。	<p>对于大部分样品，默认设置（样品中最高信号的 5%）是一个好的起点。如果相关的峰低于阈值，不被识别为峰，则阈值应当降低。</p> <p>您可以使用不同单位指定阈值。使用“RFU”单位将阈值设为固定的 RFU 值。使用“%”单位将阈值指定为样品中最好信号的百分比。使用“S/N”单位将阈值指定为噪音水平的倍数，噪音水平是根据样品数据预计的。</p> <p>注意：单个峰图视图中的阈值参数可更改。只需用鼠标拖动阈值（以蓝色显示）。这样做时，样品利用新的阈值重新分析（其他所有参数来自样品属性）。</p>
Minimum Distance	在峰的合理性检查过程中使用最小距离参数。它定义了两个峰簇要作为两个不同的峰检测时必须有的最小距离。在有着严重拖尾或前置的噪音数据中，噪音尖峰可能在峰边界内穿过最低峰阈值几次。此参数可防止这些噪音峰的检测。	默认设置（0.25 秒）适合大部分样品。对于有着拖尾或前置的严重噪音数据，您可能需要提高数值，以防止簇边界内噪音峰的检测。

Suspend Integration	暂停积分参数关闭了指定时间内的峰检测。这防止了不想要的峰出现在结果表格中。	在默认设置下，“Suspend Integration 暂停积分”是关闭的，它意味着在整个迁移时间段内都会进行峰检测。“Suspend Integration”的时间间隔可以通过绝对或相对迁移时间来设定。如果使用了相对时间单位，alignment marker 的峰是不会受“Suspend Integration”影响的。 注意： Suspend integration 间隔在单个峰图和总览中显示为灰色阴影。
Smoothing Filter	平滑过滤器参数定义了平滑窗口的宽度，即平滑的强度。平滑过滤器改善了数据的信噪比，但降低了分辨率。	对大部分样品而言，默认宽度（15 个数据点）是一个不错的设置。如果两个接近的峰无法分辨，则平滑过滤器参数应降低或禁用（即设为“0 pts”），以获得最佳的分辨率。
Alignment Marker Threshold	该参数允许为 alignment marker 峰设置一个更高的阈值。它可以帮助避免将低强度的峰识别为 alignment marker 峰，如在低位 alignment marker 前的引物二聚体或高位 alignment marker 尾部的噪音峰。	对大数样品本而言，5-10 间的数值都是适用的。如果 alignment marker 峰的信噪比较低，你可以降低这一阈值，或通过将其设置为一个比阈值参数低的数值而废除原来的值。

6.4.3.3 创建一个新的分析概况

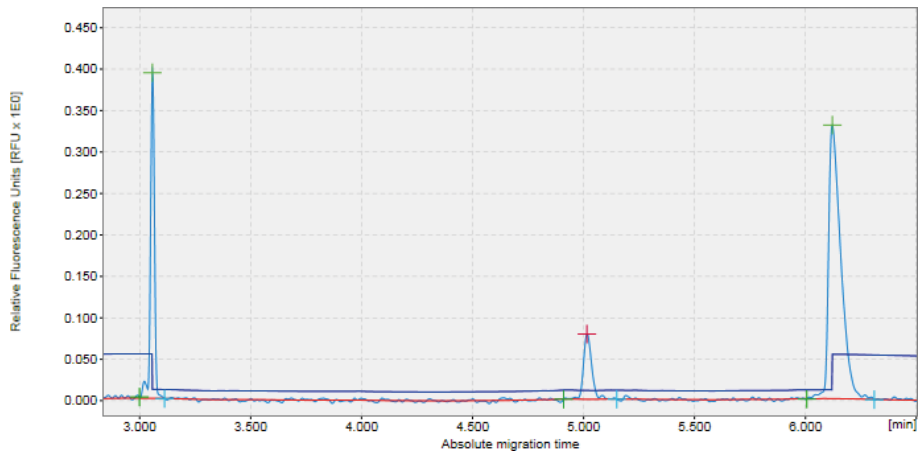
如果要创建一个新的分析概况：

1. 打开“Analysis（分析）”环境右侧工具栏中的“Analysis（分析）”标签页。
2. 从“Profile（概况）”下拉列表选择一个现有的分析概况。选定的概况充当创建新概况的模板。选择“NewAnalysisProfile”，从默认参数开始。
3. 按照[修改分析概况](#)章节中的介绍，根据您的需要更改分析参数。
4. 点击“Profile（概况）”下拉列表中右侧的“Save as...（另存为）”按钮，保存新概况。
5. 为概况指定一个唯一名称，并点击“OK”。

注意：只有“高级用户”才能创建新的分析概况。

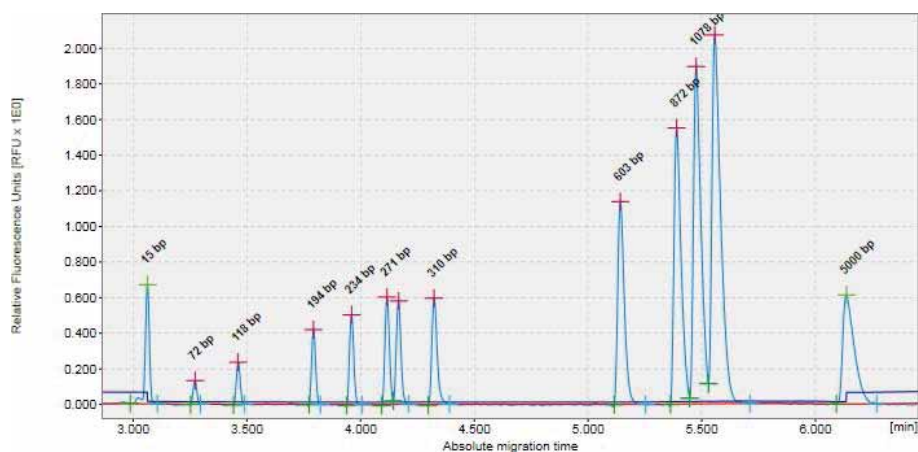
6.4.4 大小和浓度确定

对于已检出峰的样品，其对应分析物的大小与浓度是参照一个含有已知大小与浓度条带的样品计算而得的。下图显示了一个所谓的 reference marker (中间图) 是如何用于检出峰(上图)的大小与浓度的计算的。一个 reference marker 可能通过两种方式生成：要么 size marker 与待测样品一起运行，要么在分析页的“Reference Marker”中将之前保存的 reference marker 选中。详细信息请参见 [Creating a reference marker \(创建新的 reference marker\)](#)。

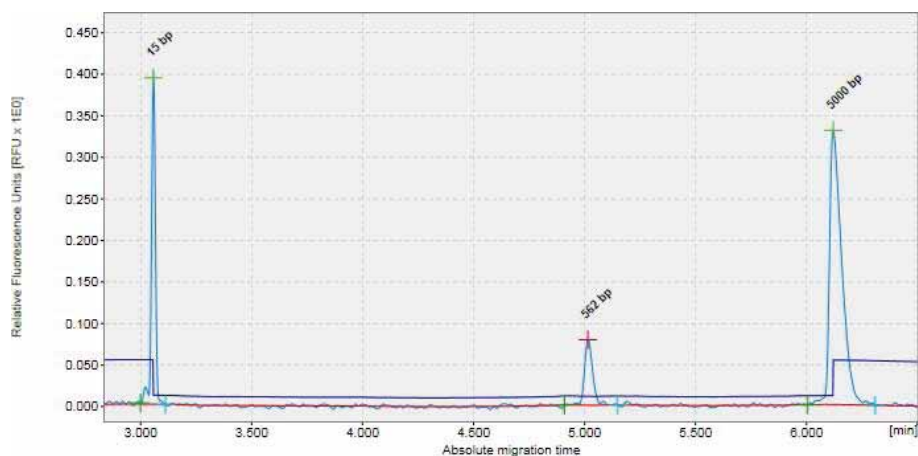


含有已检出但未注释峰的样品。

每个检测到的峰值被映射到相应的参考标记峰。对于没有独特相应的参考特征峰的峰，相邻的参考标记峰将作为参考（如，已知大小的 310 bp 峰和 603 bp 峰）。



Reference marker 样品。含有分子的大小和浓度是已知的。



含有已检出且注释的峰的样品。

新检测到的峰的大小是直接匹配的参考特征峰（15 个基点的峰值）得出或由两个相邻参考的标记峰（562 基点的峰值从 310 bp 和 603 bp 得出）得出。

同理，检出的分析物的浓度由已知浓度的参考 marker 峰得出。

本章节描述了如何获得大小与浓度。

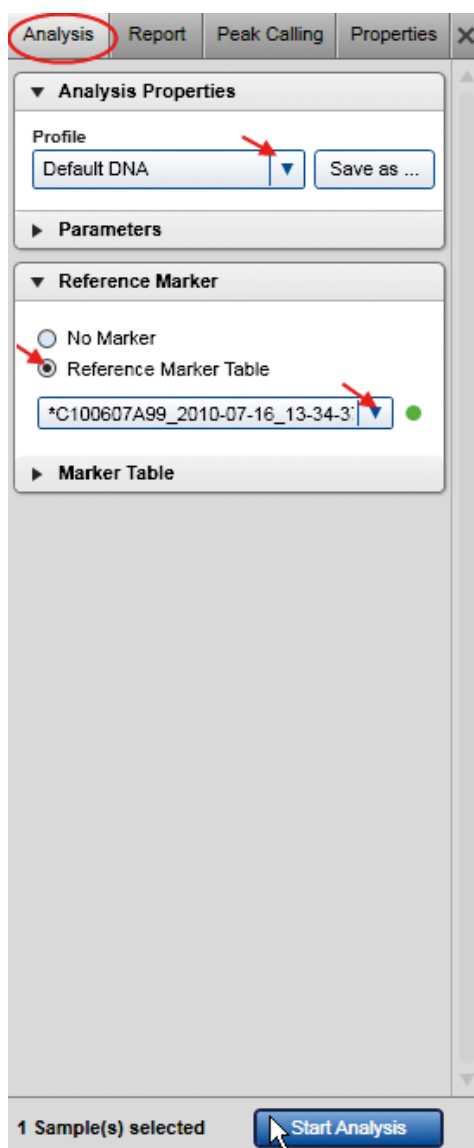
注意：仅有“Basic User 基础用户”和“Advanced User（高级用户）”才可以对样品进行分析。

6.4.4.1 大小和浓度确定步骤

要确定大小与浓度，按下列步骤操作：

1. 用“Experiment Explorer”导入你要分析的样品。详情请参见 [Loading sample data \(加载样品数据\)](#) 章节。
2. 如果 size marker 是与样品平行运行的，用 [Creating a reference marker](#) 章节的方法新建一个 reference marker。
3. 执行 [Peak detection procedure \(峰检测步骤\)](#) 中描述的峰检测步骤 2 到 4。

选择好分析概况后，在“Reference Marker”区域点击“Reference Marker Table”，选择之前保存期的 reference marker。“reference marker”的详细信息在下面的组合框中有显示。







已选择 reference marker。

注意: 如果您刚在第 2 步中创建了一个新的参照 marker, 则它被预先选择。继续第 4 步。

注意: 为确保兼容性, 参照 marker 下拉菜单列表只包含与选定样品的 alignment marker 匹配的参照 marker 表格。若无匹配的参照 marker 表格, 则下拉列表标为无效和空。在这种情况下, 检查样品的 alignment marker, 如有必要则改正 (请参阅 [检查 alignment marker](#)), 或创建一个新的参照 marker (请参阅 [创建一个 DNA 参照 marker](#))。

注意：如果未选择样品，则参照 marker 下拉列表为空。在选择参照 marker 之前请选择待分析样品。

注意：“Reference Marker Table (参照 marker 表格)” 右侧的符号含义详见下表：

	选定的参照 marker 表格完全兼容。 那意味着作为参照 marker 表格的 size marker 的操作距离上一次使用与样品相同的卡夹和方法不到 2 个月。
	作为参照 marker 表格的 size marker 的操作距离上一次使用与样品相同的卡夹和方法已超过 2 个月。
	作为参照 marker 表格的 size marker 是以与样品相同的方法操作的，但卡夹与当前插入的不同。
	参照 marker 表格与样品不兼容。如果无参照 marker 与样品的卡夹类型、方法和 alignment marker 匹配，则这可能发生。

重要：使用恰当的 size marker 将提高大小和浓度确定的准确性。选择一个包含与您的目的 DNA 片段大小最接近的 DNA 片段的 marker。待分析的 DNA 片段必须落在 size marker 的最小和最大片段之间。此外，alignment marker 的范围必须覆盖 size marker 的范围。





4. 要开始分析并查看和保存结果，按照 [Peak detection procedure 峰检测步骤](#) 章节中描述的步骤 5-7 操作。

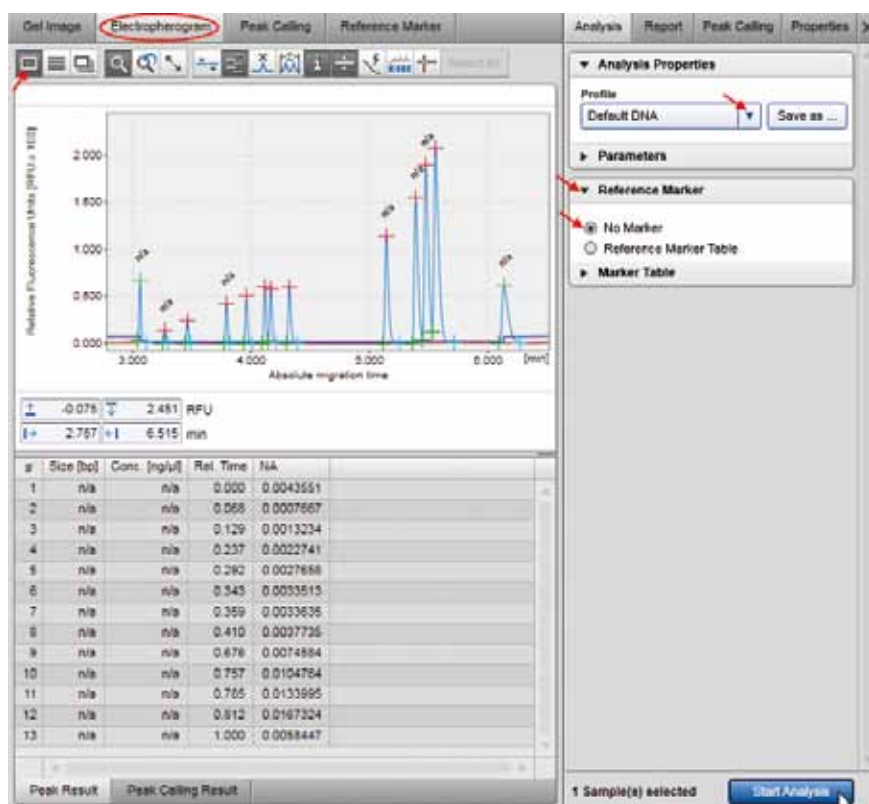
注意：可以重复使用样品分析参数和已分析过的样品的 reference marker 表。如果需要这样做，在“Experiment Explorer (实验浏览器)” 的右键菜单中选择菜单项“Transfer Analysis Instruction (转移分析指导)”。则样品的分析参数和 reference marker 表将被转移到分析参数标签。

6.4.4.2 创建一个 DNA 参照 marker

如果要创建一个新的参照 marker，则需要一个已分析的 size marker 样品，带有注释的峰时间和面积。将 size marker 样品的峰与 size marker 表格 (包括 alignment marker) 配对，可形成参照 marker。

步骤如下：

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)” 中，选择包含 size marker 的样品。如果它未标为“Size Marker” (即它的符号是  或 )，右击鼠标，并在右键菜单中选择“Size Marker”选项，标记它。图标更改为  或  。



分析 size marker 样品。

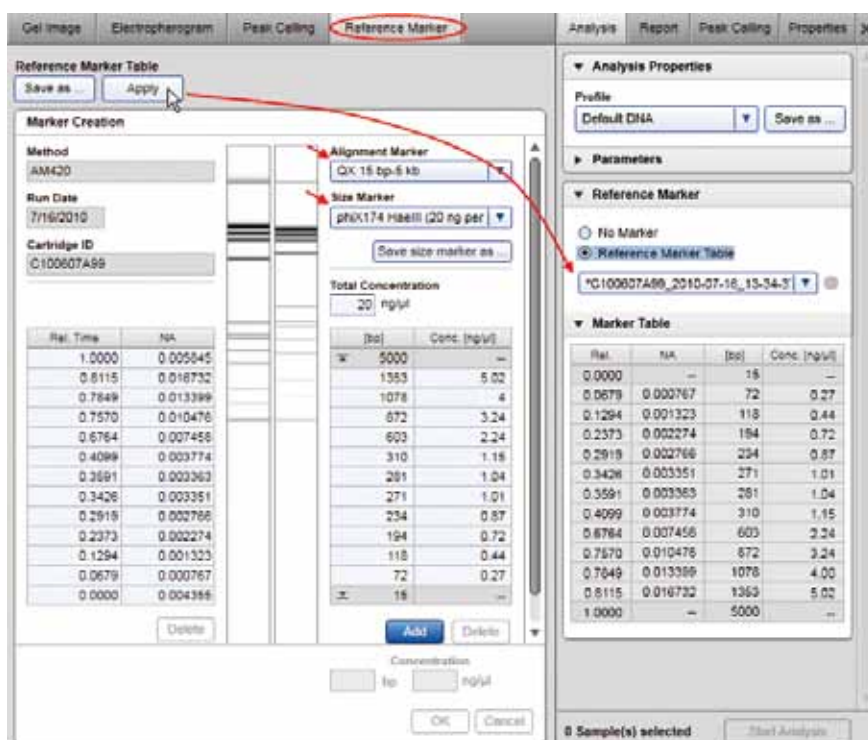
- 在“单个峰图视图”中打开 size marker 样品。
- 在“Analysis Properties (分析属性)”工具栏中选择一个概况，或使用“NewAnalysisProfile”的默认参数。
- 选择“No Marker (无 marker)”作为参照 marker。
- 开始分析。

分析结果为一个带有注释峰时间和面积的样品。

- 确保适当的峰已检测到。利用[手动修改分析结果](#)章节中介绍的“Insert/Delete Peak (插入 / 删除峰)”选项，或更改分析参数，重新分析 size marker 样品。
- 切换到“Reference Marker (参照 marker)”界面。

Size marker 样品的峰表格 (带“Reltime”和“NA”列) 显示在界面左侧。

注意：如果在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中未选择 size marker 样品，或选定的 size marker 样品未分析，则面板为空。在这种情况下，重复上面的步骤。



创建参照 marker。

注意：根据卡夹和方法的不同，一个 size marker 可以生成不同的胶泳道。由于 size marker（右后边）的胶泳道是仅仅基于 size marker 表计算所得的，图片可能会和真实运行得来的胶泳道（左后边）有所区别。

- 在“Reference Marker（参照 marker）”界面，选择 size marker 样品所用的 alignment marker 和 size marker。

样品凝胶视图（左）和理论参照 marker 的凝胶视图（右）的比较显示在界面中间。

注意：如[创建一个新的 size marker 表格](#)所述，创建新的 size marker。

- 如果 size marker 样品中的峰数量与参照 marker 中的峰数量匹配（两个 alignment marker 峰加上 size marker 峰），则参照 marker 可用于样品分析。点击“Reference Marker（参照 marker）”界面顶部的“Apply（应用）”按钮，将创建的参照 marker 复制到“Analysis（分析）”参数界面的“Reference Marker（参照 marker）”面板底部。另外，如果您希望将参照 marker 表格用于进一步的实验分析，点击界面顶部的“Save as...（另存为）”按钮，保存参照 marker。

注意：如果参照 marker 无效，例如左侧和右侧的峰数量不匹配，则“Apply（应用）”和“Save as...（另存为）”按钮不可用，且警告出现在界面顶部。

如果在 size marker 样品中检测到比预期更多的峰，那么您可以利用 size marker 样品峰表格（带“Reltime”和“NA”列）下面的“Delete（删除）”按钮，删除它们。

或者，切换到单个峰图视图，确认正确的峰已检测。如[手动修改分析结果章节](#)所述，使用“Insert/Delete Peak (插入 / 删除峰)”选项，或更改分析参数，重新分析 size marker 样品。





注意：DNA 参照 marker 只能由“基本用户”和“高级用户”来创建。

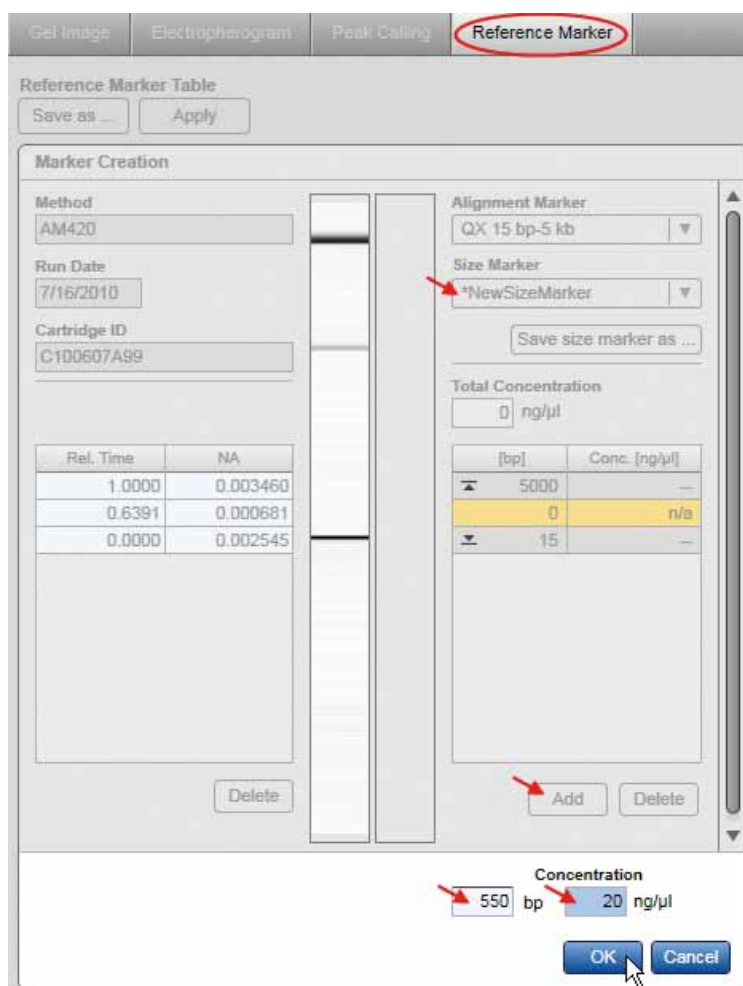
如果要继续样品分析，请参阅 [Size and Concentration determination procedure \(大小和浓度确定 \)](#) 步骤中的第 3 步。

6.4.4.3 创建一个新的 size marker 表格

如果要使用自定义的 size marker，必须手动创建一个新的 size marker 表格。

步骤如下：

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中，选择包含 size marker 的样品。如果它未标为“Size Marker” (即它的符号是  或 )，右击鼠标，并在右键菜单中选择“Size Marker”选项，标记它。图标更改为  或  。
2. 打开“Analysis (分析)”环境中的“Reference Marker (参照 marker)”界面。



编辑一个新的 size marker。

3. 在 size marker 下拉列表中选择 “NewSizeMarker”, 创建一个空的 size marker 表格。
4. 点击表格下方的 “Add (添加)” 按钮, 在表格中添加新行。
5. 定义大小和 (可选) 浓度。
6. 点击 “OK”, 将更改保存至表格。从第 4 步开始重复, 定义所有行。
7. 点击 size marker 下拉列表下方的 “Save Size Marker as...(size marker 另存为)” 按钮, 保存新的 size marker。

注意: 新的 size marker 只能由 “高级用户” 来创建。

注意: 在蛋白模式下, 不可编辑浓度值。

注意: 如果选择了一个标为 size marker 的样品, 则图像上方可能会显示一条警告, 说明 size marker 的行数量与选定样品的峰表格不匹配。

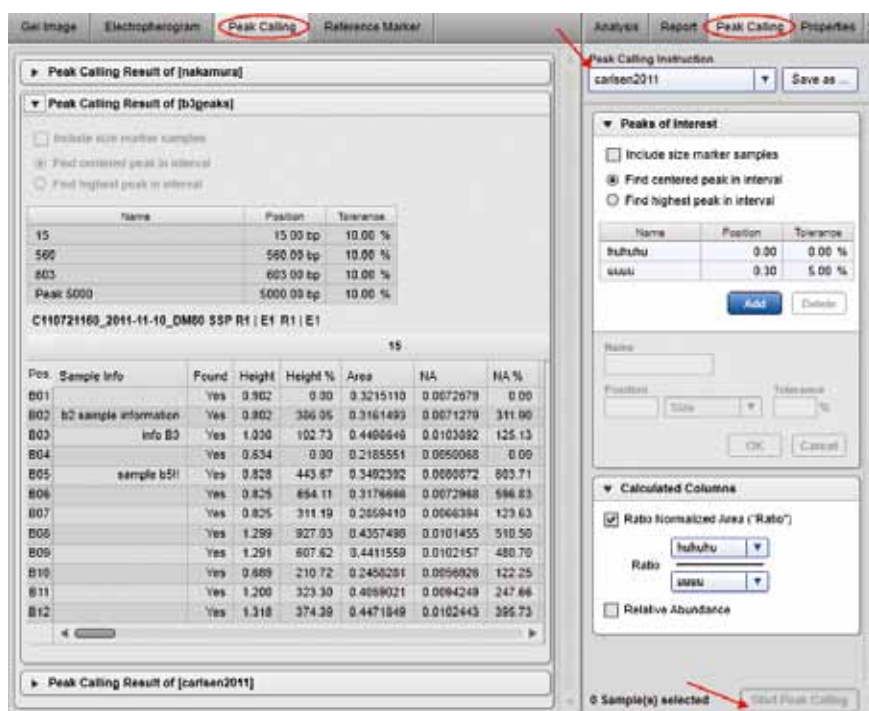
6.4.5 峰检出

峰表格是样品分析的结果,基于峰表格,可以进行峰检出。峰检出会显示相对应的峰(如,相同大小的)是否存在于所分析的样品中,并提供峰数据用于比对。

注意: 峰检出只能由“基本用户”和“高级用户”来开展。

如果要开展峰检出,步骤如下:

1. [加载并激活](#)其样品须执行峰检出的实验。
2. 如果样品未分析,请按照分析程序中的介绍,分析目的样品。
注意: 在开展峰检出之前,必须分析样品。
3. 选择需要进行峰检出操作的样品。
4. 从“Analysis 分析”环境右手边打开“Peak Calling”标签。
5. 从“Peak Calling Instruction”下拉菜单里选择 peaking calling 定义,它包含了一组要搜索的峰。
6. 点击“Peak Calling”标签页底部的“Start Peak Calling”按钮,开始峰检出。峰定义表格分配给选中的样品,且“Analysis (分析)”环境中间的“Peak Calling”界面会显示峰检出的结果。
7. 切换到“Analysis 分析”环境中间的“Peak Calling”屏幕查看结果。结果的架构见下方。



查看峰检出的结果。

8. 如果要保存峰检出的结果,请在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中点击“Save (保存)”按钮,保存实验。

峰检出的结果

每个样品都应该单独分析(通过峰检出)。所以,峰检出的结果是根据峰定义来分组,并包含扩增器列表。它们每一个的命名都应用了峰检出定义(见上图)。列表中的每一个条目都有相同的结构:含有峰检出定义的表格位于上方,其下是应用了峰定义的产品列表。列表中的样品是根据样品所属的板进行归类的。

峰检出结果表格与“Electropherogram view (峰图视图)”(单个或总览)中的“Peak Calling Result (峰检出结果)”表格有相同的结构。表格中的一行对应了一个样品。列“Pos.”和“Sample Info”鉴别样品。这些列是固定的。下列峰的列是由峰定义表格和峰区域轮廓(每个峰设定的区域)定义的。这些列由峰名称归类。

如果在峰检出定义的“Calculated columns”的面板中进行了定义,则在表格的末端,所有定义的峰上会出现聚集的列。

在表格的头部通过右键可以自定义列的设置。

注意: 如果样品未分析,则峰那一列为空,即没有 1 或 0。

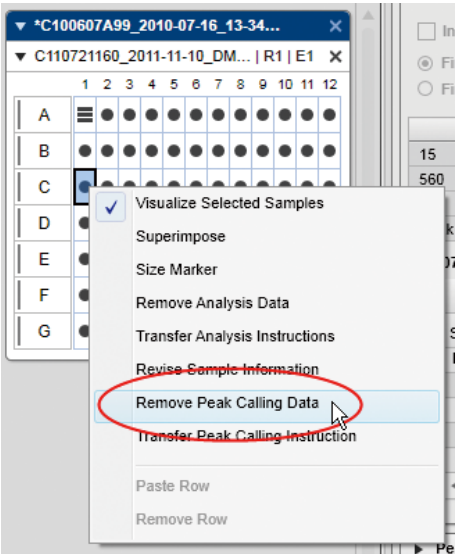
425 bp					550 bp				
Sample Info	Found	Conc. [ng/μl]	Size [bp]	S/N	Found	Conc. [ng/μl]	Size [bp]	S/N	
	Yes	0.20	426	17.3	Yes	4.01	554	284.7	

Peak Result

Peak Calling Result

峰视图下，样品 A7 的峰检出结果表。

注意：如果要将峰检出结果从实验中删除，请在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中右击实验名称，并在右键菜单中选择“Remove Peak Calling Data (删除峰检出)”，如下图所示。只有当实验的峰检出已开展，且结果已保存时，此菜单项才激活。



从实验中删除二重峰检出的结果。

峰结果表格的一部分可以复制到剪贴板上。选择待复制的单元格，按下“Ctrl”+“C”复制到剪贴板。

6.4.5.1 修改峰定义

峰定义包含了峰值（碱基对）和允许偏差的容许值（%）。每个峰的名称可定义。

注意：峰定义表格只能由“高级用户”来修改。

如果要修改峰定义表格，步骤如下：

1. 打开“Analysis (分析)”环境右侧的“Peak Calling”标签页。
2. 从“Peak Calling Instruction”下拉列表中选择要修改的峰定义。

3. 按照下图，根据您的需要修改峰的定义。

Analysis Report **Peak Calling** Properties

Peak Calling Instruction: b3_peaks [Save as ...]

▼ Peaks of Interest

☐ Include size marker samples
☒ Find centered peak in interval
☐ Find highest peak in interval

Name	Position	Tolerance
15	15.00 bp	10.00 %
560	560.00 bp	10.00 %
603	603.00 bp	10.00 %
Peak 5000	5000.00 bp	10.00 %

[Add] [Delete]

Name: 603

Position: 603 [Size] [Tolerance: 10 %]

[OK] [Cancel]

▼ Calculated Columns

☒ Ratio Normalized Area ("Ratio")

Ratio: [] []

☐ Relative Abundance

修改行。

注意：“Peak Calling Instruction”下拉列表的名称将在左侧标以星号，说明此表格已修改。

4. 点击“Peak Calling Instruction”下拉列表右侧的“Save as... (另存为)”按钮，保存已修改的二重峰定义表格。

峰检出定义：

包含 Size marker 样品

如果选择此项，就可以对 size marker 样品也进行峰检出。否则，峰检出会跳过 Size marker 样品。

在间隔中发现居中 / 最高的峰

如果在容忍区间内找到了不止一个峰，这一设置将决定是选取居中的峰（与寻找的位置最近的）还是最高的峰。

增加一个兴趣峰：

1. 点击“Add”键。在表格底部会多出一空白行。
2. 在下面的编辑区域对兴趣峰进行说明。

Name (名称) 说明兴趣峰的名称。它将是峰检出表格列的标题。

注意：峰的名称必须是不同的。

Position (位置) 说明要检索峰的位置，以及位置的单位（大小 / 分子量，Rel. Time，或时间）。

注意：峰的位置必须是不同的。

Tolerance (容忍) 峰检索的容忍值。如果峰距离设定位置的位差比给出的容忍值小，则认为该样品中的这个峰是被检出的。

3. 点击“OK”。新的兴趣峰将添加到表格里。

注意：峰定义表格里，兴趣峰是根据位置排序的。

如果要删除兴趣峰：

1. 选择要删除的峰所在的行。
2. 点击“Delete (删除)”按钮。

如果要修改兴趣峰：

1. 选择要修改的兴趣峰所在的行。
2. 在下面的编辑区编辑数值。
3. 点击“OK”。选定行的值已修改。

注意：行是根据峰的位置排序的。

计算的列：

除了发现特定的峰之外，根据运行模式的不同，在峰检出过程中还可以计算下列参数：

Total concentration (总浓度)	RNA	整个样品里面 RNA 的总浓度。
Ratio normalized area (归一区域比值)	DNA, RNA	选择两个兴趣峰。如果同时在样品中发现两个峰，就可以计算它们归一面积的比值。这对用 28S 和 18S 峰进行 RNA 质控尤为重要。
Relative abundance (相对丰度)	DNA, RNA, 蛋白	对于每一个兴趣峰，其相对于所有样品中最高归一面积峰的相对面积均进行了计算。(对于含有最高归一面积峰的样品，其相对丰度为 100%。对于所有其它样品，则是其归一面积相对于最高值的一个百分数。)

6.4.5.2 创建一个新的峰定义

如果要创建一个新的峰定义表格：

1. 打开“Analysis (分析)”环境右侧的“Peak Calling”标签页。
2. 从“Peak Calling Instruction”下拉列表中选择一峰定义表格。选定的表格将作为创建新表格的模板。选择“NewBinaryPeakDefinitionTable”，从空表格开始。
3. 根据您的需要，按照[修改峰定义表格](#)章节中的介绍，更改峰定义。
4. 点击“Peak Calling Instruction”下拉列表右侧的“Save as... (另存为)”按钮，保存新表格。输入唯一的新表格名称，点击“OK”。

6.4.6 分析 DNA 样品

这一章节介绍了如何分析 DNA 样品。它区分为两种类型的分析：(1) DNA 样品的标准分析；(2) 对使用了高压方法 (fast analysis) 的样品的分析。对于两种类型的样品，按 1-6 步骤操作。然后，根据你的样品的分析类型切换至相应的小节。

1. 如果还没做选择，切换至 DNA 模式。详细信息见 [Modes 模式](#) 章节。
2. 用“Experiment Explorer (实验浏览器)”载入你想要分析的样品。详细信息见 [Loading sample data \(载入样品信息\)](#) 章节。
3. 如果 size marker 是和样品一起运行的，根据 [Creating a reference marker \(建立一个 reference marker\)](#) 章节里介绍的建立一个新的 reference marker。
4. 查看你要分析的样品。更多关于数据检查的细节请参见 [Viewing sample data \(查看样品数据\)](#) 章节。
5. 选择要分析的样品。更多信息见 [Selecting samples for analysis or report \(选择样品进行分析或报告\)](#)。

6. 打开“Analysis 分析”参数面板以便指定分析属性。

继续下面的 DNA 样品的标准分析,或跳至“Fast Analysis (快速分析)”样品(见下方)。

DNA 样品的标准分析

1. 选择“Default DNA”分析流程。

注意：QIAxcel ScreenGel 软件 1.1 版使用改进了的默认流程，叫做“Default DNA v2.0”。为了不依赖于样品中最强的信号，在新的流程中，阈值参数被定义为噪声水平的倍数，它由样品数据估算得出。

2. 在 reference marker 章节，查看“Reference Marker Table”，并选择之前保存的 reference marker。
3. 点击“Start Analysis”键开始分析。

确认峰的检出工作正常。单个峰图最适合于检测峰检出的情况。

如果被分析的原始数据有太多杂信号，提高 smoothing filter window (平滑过滤器窗口)。点击该参数线并将窗口大小设置为例如 25 pts。若要使用时间依赖的平滑，可增加一个或多个平滑过滤器参数线。要进行此操作，可点击“Add”键，选择“Smoothing filter”，然后设置起始时间值和窗口大小。点击 OK 确认设置。在 RNA 模式下的“Default RNA”分析模式就是时间依赖平滑的一个例子。

如果在 Alignment marker 峰的前面或后面检出了峰，则提高 alignment marker 的阈值。

如果在迁移时间的某个范围里峰检测太过灵敏，则提高该区域的阈值。在“Analysis Properties”单元，点击“Add”键并从下拉参数列表中选择“Threshold”。最开始的时候，设置要提高阈值区域的起始时间，设置一个阈值，如 5 S/N。点击 OK 确认设置。然后，在受影响区域的末端通过增加第三个阈值定义重新将阈值设置为默认值（如“Default DNA”是 2 S/N）。将该阈值的起始时间设为受影响区域的末端，将阈值设为最初的阈值参数。点击 OK 确认设置。

再次点击“Start Analysis”键，根据修改后的分析流程重新开始一个新的分析。

在某些情况下，有可能需要对分析流程进行重复的修改。如果在修改的分析流程下峰的检出工作正常，则可以保存该分析流程，并在将来使用这一新的流程替代“Default DNA”分析流程。

注意：关于如何修改分析流程的详细信息请参考 [Modifying an analysis profile 修改分析概况](#) 章节。

注意：只有“Advanced User (高级用户)”可以修改并保存分析流程参数。“Basic User”可以选择其它更适合其样品的分析流程。

当分析完成后，被分析样品的单个峰图会在检出的 DNA 分子的峰的顶端显示 DNA 分子的大小。

结果表格总结了由 QIAxcel ScreenGel 软件计算出的检出峰的属性。右键表格的标题栏，选择“Show column 显示列”，然后选择你感兴趣的属性。或者，右键表格的标题栏，选择“Show all columns (显示所有列)”。该选项会显示由 QIAxcel ScreenGel 软件计算出的当前样品的所有检出峰的属性。

6.4.7 分析 RNA 样品

该章节介绍了如何分析 RNA 样品。它区分了两种不同的分析：大小和浓度确定，及 RNA 质控。对于两种应用，请按照步骤 1-8 操作，之后根据分析类型跳转至相应的小节。

1. 如果尚未选择，先切换至 RNA 模式。详细信息请见 [Modes \(模式 \)](#) 章节。
2. 用“Experiment Explorer 实验浏览器”载入要分析的样品。详细信息参见 [Loading sample data \(加载样品数据 \)](#) 章节。
3. 如果有 size marker 和样品一起运行，参照 [Creating a reference marker \(建立 reference marker \)](#) 里的描述建立一个新的 reference marker。
4. 查看要分析的样品。更多关于数据检验的细节请参见 [Viewing sample data \(查看样品数据 \)](#) 章节。
5. 选择要分析的样品。
6. 打开“Analysis”参数面板以设定分析研究属性。
7. 选择“Default RNA”分析流程。
8. 分析 RNA 样品。根据你的需要跳至下面的章节。继续进行 RNA 分子的大小和浓度确定，或进行质量控制。

确定 RNA 分子的大小与浓度

1. 在 reference marker 章节, 勾选 “Reference Marker Table” 并选择之前保存的 reference marker。
2. 点击 “Start Analysis” 键开始分析。

确定峰检测如期工作。

如果第一个检出的峰不是 alignment marker 的峰, 则第一步, 提高 alignment marker 的阈值。如果这还不够, 增加 “Suspend Integration” 参数, 使用 “Absolute” time 绝对时间单位来定义起点为 0 分钟。将该参数的终点设置为刚好在 alignment marker 峰开始之前 (如, 如果第一个 alignment marker 峰出现在 2.5 分钟, 则将参数终点设置在 2 分钟)。

如果分析流程太过敏感, 将噪音也检测为峰, 则应该提高阈值 (如从 2 S/N 提高到 5 S/N)。

如果基线跟着 28S 的峰, 则对大约后三分之一迁移时间的区域提高基线过滤窗口。可通过 “Add” 键在基线过滤器参数上增加第二个区间 (如, 设置起始时间为 6 分钟, 窗口大小为 80 秒)。

再次点击 “Start Analysis” 键, 根据修改过的分析流程开始一个新的分析。

在某些情况下, 可能需要对分析流程进行同样重复的修改。如果修改过的流程能够如你期望地进行峰检测, 则可以保存该分析流程, 并在以后应用新的 RNA 分析流程, 而可以不使用默认的分析流程。

3. 当分析完成后, 被分析过的样品的单个峰视图会在相应的峰顶端显示检测到的 RNA 分子的核苷酸分子量。

可以在峰结果表格里查看正确的浓度。如果在默认下不显示浓度, 可右键表格的标头, 选择 “Show column”, 然后选择浓度列, 它会显示以 ng/ul 表示的浓度。或者, 右键表头行, 选择 “Show all columns”。点击这一选项后将会显示由 QIAxcel ScreenGel 软件计算得出的当前样品的所有属性。

进行 RNA 质量控制分析, 不带 size marker

1. 在 reference marker 区域选择 “No Marker”
2. 点击 “Start Analysis” 键, 开始分析。
3. 确定峰检测正常如预期地工作。关于如何调整 “Default RNA” 的详细信息请见上文。
4. 要检查一个样品中 28S 对 18S 的比值, 在参数面板中切换至 “Peak Calling” 标签, 并选择 “Default RNA QC” 作为峰定义指导。由于分析是在无 reference marker 的情况下进行的, 调整峰定义说明, 让其基于相对迁移时间而非大小来搜索峰。点击 18S 的峰, 更新位置标准。将值设置为该峰在结果表格里所显示的相对

迁移时间，将单位改成“Rel. Time”，然后点击 OK 保存设置。对 28S 峰进行同样地的操作。关于如何定义峰定义指导，请参见 [Modifying peak calling instruction \(修改峰定义\)](#)。

AnalysisReportPeak CallingProperties

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	Tolerance
18 S	1869.00 nt	3.00 %
28 S	5025.00 nt	4.00 %

AddDelete

Name

Position

Size

▼

Tolerance

%

OKCancel

▼ Calculated Columns

☒ Total Concentration ("Total Conc.")

☒ Ratio Normalized Area ("Ratio")

28 S▼

Ratio

18 S▼

☐ Relative Abundance

RNA QC 的峰定义指导。

- 5. 点击 “Start Peak Calling” 键。
- 6. 在峰检出结果表格里查看峰检出的结果。该表格中有一行显示了被分析样品的峰检出结果。对于每一个兴趣峰，都会根据给出的峰定义指导的标准列出是否有趣味峰存在。并且，在 “Ratio” 列里会分别给出 28S 和 18S 峰的均一化面积的比值。另外，在 “Total RNA concentration” 列里会给出 RNA 的总浓度。关于峰检出结果表格的更多信息请参见 [Peak Calling \(峰检出\)](#)。

注意：若要将大小及浓度确定与 RNA 质量控制结合在一起，按照“确定 RNA 分子的大小与浓度”章节的第 1 和 2 步操作，然后按照“进行 RNA 质量控制分析，不带 size marker”第 4 步描述的步骤操作。这种情况下，无需对“Default RNA QC”峰检出指导进行修改即可应用。

6.4.8 分析蛋白样品

这一章节介绍了如何分析一个蛋白样品。它区别为两种类型的分析：低复杂性的样品（含有一个或少数几个蛋白）；分析高复杂性的样品，如那些含有多种蛋白的细胞裂解液。对于这两类样品，按 1-6 步操作。之后根据分析类型的不同转至不同的小节。

1. 如果尚未选择的话先切换至蛋白模式。详细信息参见 [Modes \(模式\)](#) 章节。
2. 用实验浏览器加载要进行分析的样品。详细信息请参见 [加载样品数据](#) 章节。
3. 如果 size marker 与样品一起运行，根据 [创建一个参考 marker](#) 章节的介绍建立一个新的 reference marker。
4. 检查你要分析的样品。关于数据查看的详细信息请参见 [查看样品数据](#) 章节。
5. 选择要分析的样品。详细信息见 [Selecting samples for analysis or report \(选择样品用于分析或报告\)](#) 章节。
6. 打开分析参数面板设定分析参数。这取决于要分析的样品的内容。因此，根据你的需要转到相应的小节。

继续进行低复杂度或高复杂度样品的分析（见下文）。

分析低复杂度样品

1. 选择“Default Protein 默认蛋白”概况。
2. 在 reference marker 区域勾选“Reference Marker Table (参考 Marker 表)”，并选中一个之前保存的参考 marker。
3. 点击“Start Analysis”按钮开始分析。

确认峰检出如期正常工作。单个峰图视图最适合用于查看峰检测情况。

如果有不属于样品的系统峰，使用暂停采集参数以避免在不应该有峰的位置检测到峰。要应用这一参数，在分析属性部分点击“Add”按钮在选中的分析概况中增加一个新的参数。选择“Suspend Integration (暂停采集)”，并设置起点和终点时间以定义要避免峰采集的区间。如果只分析一个样品，选择“Absolute (绝对)”时间作为单位，因为用分钟可能更容易定义准确的区间。如果系统峰重复地出现在相同的迁移时间，而你又同时分析多个样品，可尝试定义起点和终点以相对时间单位表示的“Suspend Integration (暂停采集)”，因为相对时间在样品之间更具可比性。

注意：如果不能定义“暂停采集”参数，或非常困难，在单个峰图视图下分析完样品后，使用“Delete Peak (删除峰)”功能。

再次点击“Start Analysis 开始分析”键根据修改后的分析概况开始一个新的分析，但请注意，手工删除的峰会再次被检测到。

在某些情况下，可能会经常重复地对分析流程进行修改。如果在修改后的分析概况下峰检测如期进行，保存分析概况，并在今后的蛋白分析中使用这个新的概况，而不是使用“Default Protein”分析概况。

4. 当分析完成后，被分析的样品的单个峰图视图会在峰的顶端显示检测到的样品的千道尔顿 (kD)。

在蛋白模式下，“Rel. Conc. [ng/μl]”列显示每个检测到的峰的相对浓度。对于所有的峰使用的是同一个参照用以计算相对浓度。因为染料与不同种类的蛋白的结合情况不同，因此仅能给出一个相对浓度值。该值可以用来比较不同样品之间对应蛋白（相同迁移时间）的相对浓度。如果列没有显示，右键表格标头行，选择“Show column”，然后选择“Rel. Conc. [ng/μl]”列。或者，右键表格的标头行，选择“Show all column”。该选项会显示当前选中样品的每一个检出峰的由 QIAxcel ScreenGel 软件计算所得的所有属性。

分析高复杂度的样品，如细胞裂解物

1. 选择“Protein Lysate (蛋白裂解物)”分析概况。
2. 在参考 marker 区域，勾选“Reference Marker Table”，并选择一个之前保存的参考 marker。
3. 点击“Start Analysis”按钮开始分析。

确认峰检出如期正常工作。单个峰图视图最适合用于查看峰检测情况。

由于分析的样品具有高度复杂性，通常会检测到很多峰。无论如何，如果样品中有系统峰，则根据前一节的介绍，利用“Suspend Integration”去除系统峰。

如果基线是随着信号的，提高基线过滤器窗口。可以通过点击参数值并改变窗口大小（如，改为 180 秒）来实现。然后点击 OK。

如果基线在较晚的迁移时间随着基线，在分析属性区域点击“Add”键在选中的分析概况中增加一个新的参数。选择“Baseline Filter”，将起始值设为较晚的迁移时间，并设置一个增加的窗口值。然后点击 OK。

点击“Start Analysis”根据修改后的分析概况开始一个新的分析。

在某些情况下，可能会经常重复地对分析流程进行修改。如果在修改后的分析概况下峰检测如期进行，保存分析概况，并在今后的蛋白分析中使用这个新的概况，而不是使用“Default Protein”分析概况。

4. 根据上一节第 4 点的描述查看结果。

检查来源于细胞裂解物的样品或含有多种蛋白的样品

1. 选择所有感兴趣的样品，并用与之前介绍的相同的分析概况对这些样品进行分析。
2. 切换至峰检出标签，并通过峰检出指导下拉菜单里的“NewPeakCallingInstruction”建立一个新的峰检出指导。

点击“Add”定义一个兴趣峰的检索标准。在“Name”区域里为你的兴趣蛋白定义一个名称,(如,如果蛋白是 26 kD 定义为 26),在“Position”区域里选择“Molec. Mass”作为单位定义兴趣峰的大小。设置一个容忍度值以便进行灵活的搜索。在“Calculated Columns”区域允许“Relative Abundance”。点击 OK。

3. 点击“Start Peak Calling”键开始峰检出。
4. 在峰检出结果表格里查看结果。

该表格将每个样品的结果列为单独一行。列则显示为在相应的样品中是否检测到了兴趣峰，如果检测到了兴趣峰还会显示计算所得的属性。

5. “Relative Abundance 相对丰度”列显示的是每个样品相对于其它样品所含的目的峰对应的蛋白有多少。相对峰度值是以百分比显示的。对于含有最高浓度该蛋白的样品，相对丰度是 100%。如果，对于另一个样品，其给出的相对丰度为 50%，则该第二个样品所含的目的蛋白的量是第一个样品所含该目的蛋白的量的一半（如，第一个样品浓度为 2ng/ul，则第二个蛋白为 1ng/ul）。

如果在默认状态下没有显示“Relative Abundance”列，右键表格的标头行，选择“Show column”，并选择“Relative Abundance”列。或者，右键表格的标头行，选择“Show all column”。该选项会显示所有检测到的峰的由 QIAxcel ScreenGel 软件计算出的属性。

注意：由于在复杂性样品中，同时会检测到很多蛋白，峰可能会重叠。由此导致复杂性样品的相对定量没有低复杂度样品的相对定量准确。

注意：由于 QIAxcel ScreenGel 软件可以对 10 到 100 kD 范围内的蛋白进行大小分析，超出该范围的蛋白不会标出大小值。而是在相应的峰上以“n/a”显示。

6.4.9 手动修改分析结果

QIAxcel ScreenGel 软件算法全自动分析数据。用户只能通过分析参数影响自动分析。在分析之后，用户可修改结果。

6.4.9.1 修改阈值

在单个峰图中，通过鼠标移动阈值可以交互的改变阈值参数。此时，软件会应用样品属性的分析参数和新的阈值对样品进行分析。

6.4.9.2 删除峰

在“Single Electropherogram View (单个峰图视图)”。下才可以删除一个峰。

要删除一个峰请按照下列步骤操作：

1. 切换到“Single Electropherogram View”单个峰视图。
2. 右击峰图中峰的顶部，并在右键菜单中选择“Delete Peak (删除峰)”。峰将被删除。

注意：在新分析之后，峰可再次删除，这取决于分析参数。重复以上步骤，再次删除。

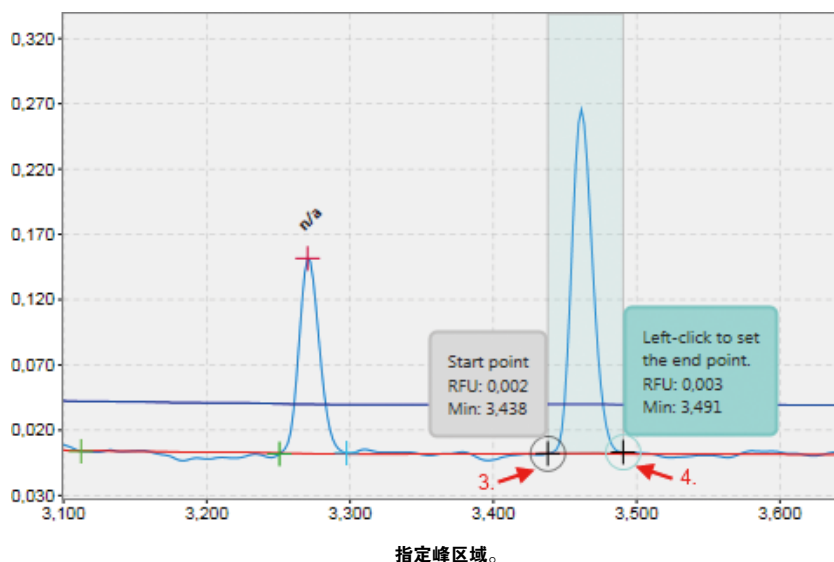
注意：峰只能由“基本用户”和“高级用户”来删除。

6.4.9.3 添加峰

只能在“Single Electropherogram View (单个峰图视图)”中添加峰。

如果要添加峰：

1. 切换到“Single Electropherogram View (单个峰图视图)”。
2. 右击峰图，在右键菜单中选择“Insert Peak (插入峰)”。
3. 标记出现，其信号随鼠标移动而移动。将标记移至待添加峰的左边界。左击设定左边界。
4. 相应地，左击设定待添加峰的右边界。如果峰可在标记区域内看到，则峰也添加到结果表格中，视图更新。



注意：只有当相应区域内的信号高于 alignment marker 阈值时才可以在第一条 alignment marker 前或第二条 alignment marker 后增加一个峰。

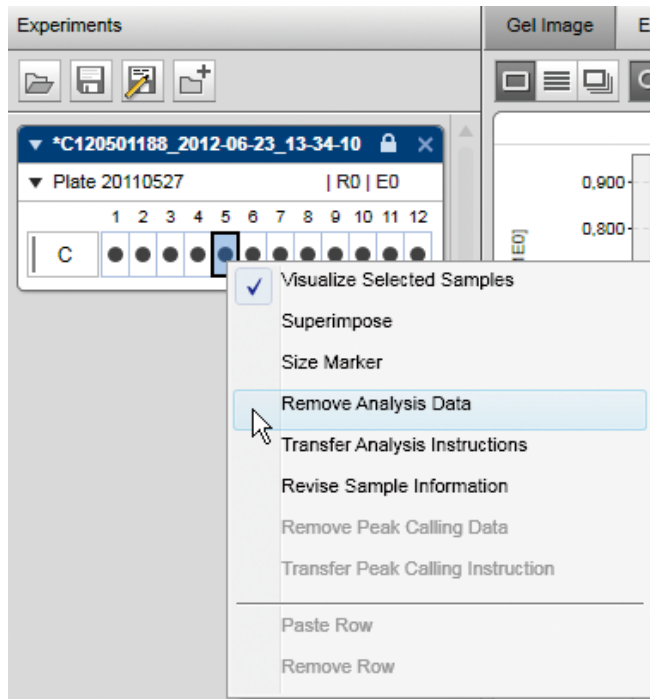
注意：峰只能由“基本用户”和“高级用户”来添加。

6.4.9.4 删除分析结果

只能在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中删除样品的分析结果。

如果要删除样品的分析结果：

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择样品。请参阅[选择样品](#)章节，了解如何选择多个样品。
2. 右击鼠标，在右键菜单中选择“Remove Analysis Data (删除分析数据)”。



删除 C 的分析结果。

这些样品的结果表格将为空。凝胶图像和峰图视图中样品的表示将更新：所有峰注释以及基线和阈值线消失。

注意：只有“基本用户”和“高级用户”可删除分析结果。

6.4.9.5 检查 alignment marker

如果要检查一个样品的 alignment marker:

1. 在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中选择样品。
2. 在“Analysis Instructions (分析指南)”面板中的“Analysis (分析)”环境右侧查看样品属性。请参阅[查看样品属性](#)，了解如何查看属性。
3. 检查样品的 alignment marker 是否正确。

如果不正确，平板的 alignment marker 可更改。在“Experiment Explorer (实验浏览器)”中，右击平板名称。在右键菜单中选择“Overwrite alignment marker (覆盖 alignment marker)”。在“Overwrite marker (覆盖 marker)”对话框中选择正确的 alignment marker，并点击“OK”确认。

注意：为确保分析兼容性，参照 marker 下拉列表只包含了与样品的 alignment marker 匹配的参照 marker 表格。

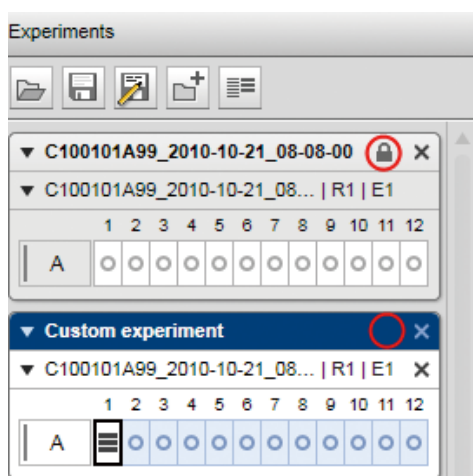
6.4.10 自定义实验

由于实验是根据每一个进程的结果自动创建的，故用户自定义的实验也可创建。这使得不同进程的样品也可以比较。

注意：创建和修改自定义实验的必须是“高级用户”。

自定义的实验可能包含单行或几组行以及平板。然而，在实验内，所有行仍按照平板分组。每次当一行或一块平板添加到实验中时，您得到它的副本。这意味着行 / 平板从中而来的源实验将不会被目标实验的所有更改所影响。

注意：您只能修改自定义实验的组分。实验组分中进程的自动结果将无法修改（详见下图。）




运行结果标有锁定符号。自定义实验未标出。

关于处理实验和“Experiment Explorer (实验浏览器)”的一般信息，请参阅[处理样品和实验](#)章节。

6.4.10.1 创建一个新实验

如果要创建一个自定义的新实验：

1. 点击  “Experiment Explorer (实验浏览器)” 顶部的。
2. 在对话框的编辑栏输入新实验的名称，点击 “OK”。

重要：实验名称之后不能更改。

3. 一个新的空白实验创建出，并显示在 “Experiment Explorer (实验浏览器)” 的底部，作为最后一个实验。

如果新实验在视图之外，请使用 “Experiment Explorer (实验浏览器)” 的滚动条。

新实验将自动激活。如果之前激活的实验已修改，则系统询问您是否保存修改。关于激活和停用的详细信息，请参阅[激活实验](#)章节。

请参阅[修改实验](#)章节，了解如何采集新实验的样品。

注意：与进程自动产生的实验相比，此实验的组分可随时修改。

注意：新实验只能由 “高级用户” 来创建。

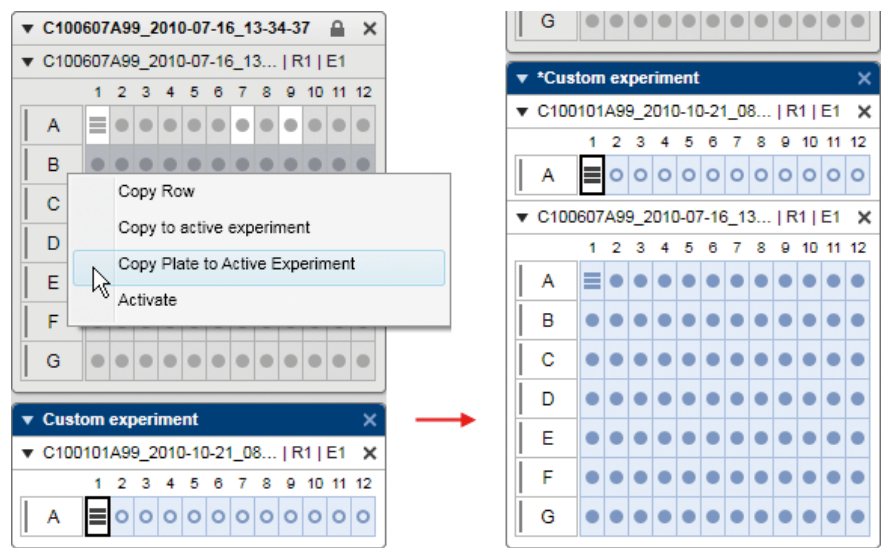
6.4.10.2 修改实验

如果一个自定义的实验须修改，请确保它已激活。关于激活实验的详细信息，请参阅[激活实验](#)章节。

注意：只有自定义实验的组分可以修改。实验组分中进程的自动结果将无法修改，因此下文所述的右键菜单禁用。

如果要修改实验：

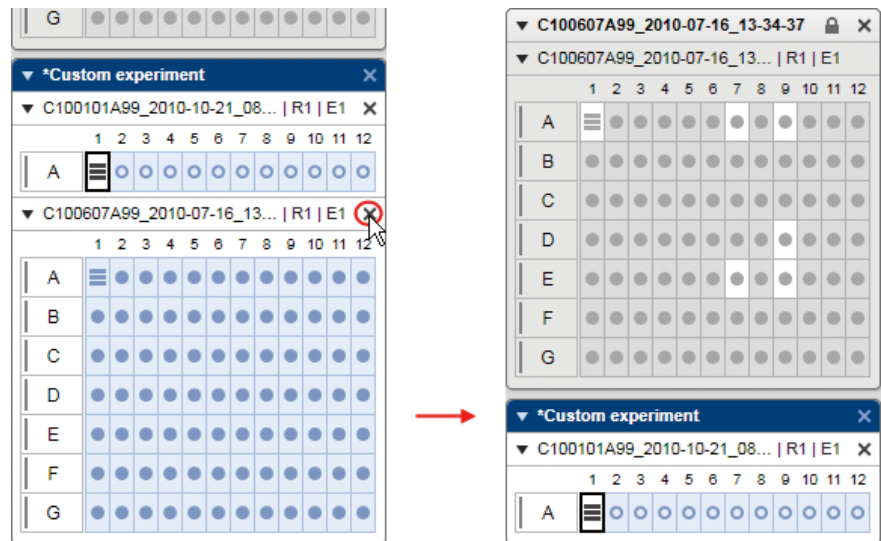
1. 在 “Experiment Explorer (实验浏览器)” 中激活自定义实验。
2. 加载包含样品的实验。待修改的实验仍然激活。关于加载的详细信息，请参阅[加载样品](#)章节。
3. 展开加载的实验，这样所需的平板和行可见。实验可展开而不激活。关于展开的详细信息，请参阅[扩展和折叠](#)章节。
4. 根据需要修改实验：
 - 如果要向激活的实验中添加平板，右击待添加的平板，在右键菜单中选择 “Copy Plate to Active Experiment (在激活实验中添加平板)”。平板副本将创建，并添加到激活实验的底部。



在激活实验中添加平板。

注意：整个平板将复制到实验中，而原先的平板保持不变。因此激活实验中此平板的任何修改都不会影响原先的平板。

- 如果要从激活实验中删除平板，点击平板的“Close（关闭）”按钮。平板将从实验中消失。



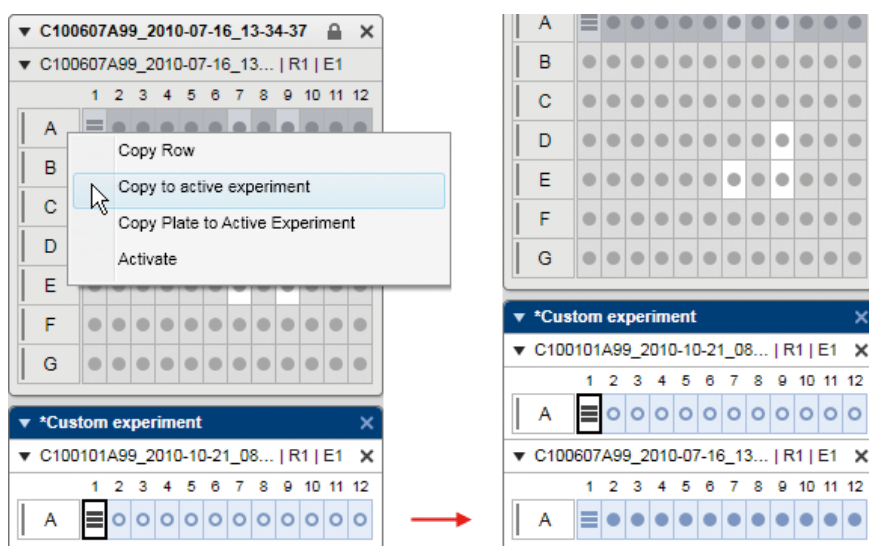
从激活实验中删除平板。

注意：此平板只是从激活实验中删除，而原先的平板保持不变。

- 添加行与添加平板类似。将鼠标光标放在待添加的行上，并选择菜单项“Copy to Active Experiment (复制到激活实验)”。

为保留行的背景，平板副本将创建，并添加到包含选定行副本的激活实验中。如果您向激活实验中添加同一块平板的另一行，则行的副本将创建，并添加到激活实验内的平板副本中。

以类似的方法可添加同一块平板的多行，但在选择的同时要按住“Shift”或“Ctrl”键。

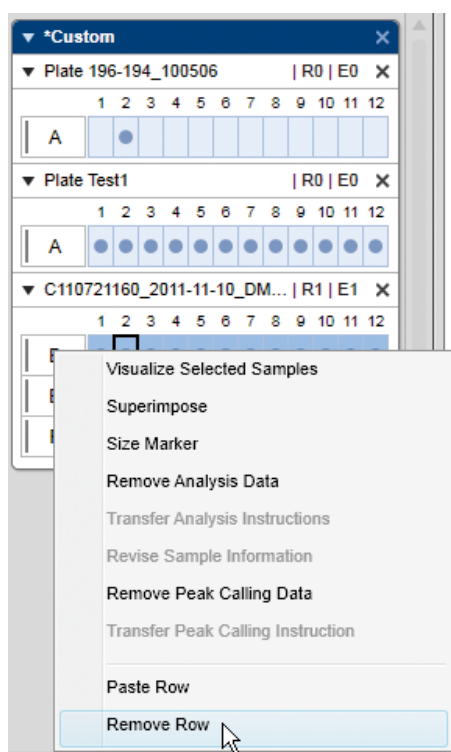


向激活实验中添加行。

注意：行只能在实验中出现一次。

注意：单个样品不能添加到激活实验中。添加完整的行，但只查看所需的样品。添加行的另一种方法是复制并粘贴到激活实验中。如果要这样做，右击您想要添加的行，在右键菜单中选择“Copy Row (复制行)”。然后，右击激活实验，在右键菜单中选择“Paste Row (粘贴行)”。如上文所述，行将粘贴到激活实验中。

- 如果要从激活实验中删除行，右击行字母，在右键菜单中选择“Remove Row (删除行)”。行将从激活实验中删除。如果这是平板中的最后一行，则平板也将删除。



从激活实验中删除平板的最后一行。

6.4.11 报告 / 导出

分析环境为报告（RTF 或 PDF 格式）和数据导出（XML 格式）提供了一个灵活且强大的工具。

为了方便的重复使用，相应的报告和导出配置可一起保存在报告 / 导出概况中。因此，将报告 / 导出概况与进程概况 (process profile) 整合，报告和数据导出可整合形成一个完全自动化的过程。

您可以单独指定报告和导出中应包含哪些信息。报告和导出文件可自定义，以满足您的要求。

每个报告 / 导出包含两个主要部分：

- 概览部分，包含所有样品的信息，如凝胶概览
- 样品信息部分，包含每个样品的详细信息

样品信息部分报告了每个样品的相关信息，而每个样品分成以下小节

- 样品标题
- 样品图像
- 结果表格
- 运行参数

- 分析
- 参照 marker

样品的顺序与视图中相同。

关于自定义报告和导出的详细信息，请参阅[修改报告 / 导出概况](#)章节。

6.4.11.1 生成一份报告

在“Analysis (分析)”环境下手动生成一份报告的基本过程如下：

1. 利用“Experiment Explorer (实验浏览器)”加载样品。
关于加载样品数据的详细信息，请参阅[加载样品数据](#)章节。
2. 在报告之前查看样品。
关于数据查看的详细信息，请参阅[查看样品数据](#)章节。
在这一步，“Gel view (凝胶视图)”或“Electropherogram overview (峰图概览)”特别有用。
3. 选择您想要报告的样品。
更多关于选择样品的详细介绍，请参见[选择样品用于分析或报告](#)。
4. 选择报告设置并开始报告。
在分析环境的右侧，报告工具栏可见。
如果不可见，您可以利用“View (视图)”菜单 (选择菜单项“View (视图)” / “Show Analysis Parameters (显示分析参数)”) 或点击视图选择栏最右侧的图标让其显示：



选择“Report (报告)”标签页：

选择一个预先定义的报告 / 导出概况。选定概况的报告设置显示在下拉列表下方。

关于详细信息，请参阅[修改报告 / 导出概况](#)章节。

确保至少选择了“RDF”或“RTF”报告格式中的一种。如果没有，选择另一个预先定义的报告 / 导出概况。(“高级用户”可根据需要修改设置。)

点击 **Start Report/Export** “Report (报告)” 标签页底部的，开始报告。

注意：如果视图中未选择任何样品，则按钮“Start Report/Export (开始报告 / 导出)”禁用。

报告文件将自动生成，并保存在指定的目录 (请参阅设置章节，了解如何指定报告目录)。

如果您选择了“Print report (打印报告)”选项，报告将在默认的打印机上打印。

注意：确保您指定了默认的打印机。

5. 查看报告文件。

如果您选择了“Display Report (显示报告)”和“PDF”选项，则生成的报告将在默认的 PDF 阅读器中自动打开。

6.4.11.2 导出数据

分析环境下数据的基因步骤如下：

1. 用实验浏览器加载样品。
2. 在输出前检查样品。

关于数据查看的详细信息见[查看样品数据](#)章节。

对于这一步，胶图和峰图概览非常有用。

3. 选择你希望输出的样品。

关于选择样品，见[选择样品用于分析或报告](#)章节。

4. 选择输出设置并开始输出。

在分析环境的右侧可以找到报告工具条。

如果看不到的话，你可以用 "View 视图 " 菜单显示它（选择菜单项 "View"/"Show Analysis Parameters"）或者点击视图选择条最右边的键：



选择工具栏上的 "Report" 标签。

选择一个预先定义好的报告 / 输出概况。所选择的概况的输出设置会显示在报告下方。详细信息见[输出选项](#)章节。

确认选择了至少一个输出选项。如果没有，选择另一个预选下义了的报告 / 输出概况。（“高级用户”或“基本用户”可以根据他们的希望修改设置。）

选择输出文件要保存的路径（关于如何设定输出路径请参照[输出选项](#)章节）。

点击 "报告" 标签底部的 "Start Report/Export" 键开始输出。

注意：如果在视图中没有选择任何样品（见步骤 3），则 "Start Report/Export" 键将失效。

注意：确保在报告 / 导出概况中至少选择了一个导出选项。生成的导出文件将自动保存在设置中指定的目录下。

6.4.11.3 修改报告 / 导出概况

注意：只有“高级用户”可修改报告 / 导出概况。

如果要修改报告 / 导出概况，步骤如下：

1. 打开“Report (报告)”标签页。

如果不可见,您可以利用“View (视图)”菜单 (选择菜单项“View (视图)” / “Show Analysis Parameters (显示分析参数)”)或点击视图选择栏最右侧的图标让其显示：



选择“Report (报告)”标签页。

2. 选择您想要修改的报告 / 导出概况。

在“Report/Export Profile (报告 / 导出概况)”下拉列表中选择报告 / 导出概况。

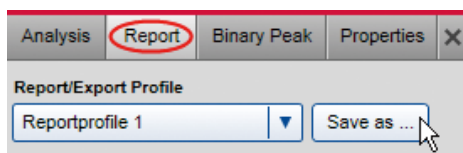
3. 根据您的需要修改概况选项。

请参阅报告 / 导出选项，了解详细信息。

注意：系统显示以概况名称开头的“*”，通知概况的修改。

4. 保存修改后的报告 / 导出概况。

点击“Save as ... (另存为)”按钮。在“Save Profile(保存概况)”对话框中点击“OK”。



保存报告 / 导出概况。

注意：如果您只使用一次修改后的报告 / 导出选项，则点击“Start Report/Export (开始报告 / 导出)”，而不保存修改。但是，当您选择另一个报告 / 导出概况时，您的修改将会丢失。

注意：QIAGEN 所提供的报告概况无法修改。不过，若要保存您的修改，在“Save Profile (保存概况)”对话框中输入一个新的概况名称。新的概况将会创建，其中包含您的修改。

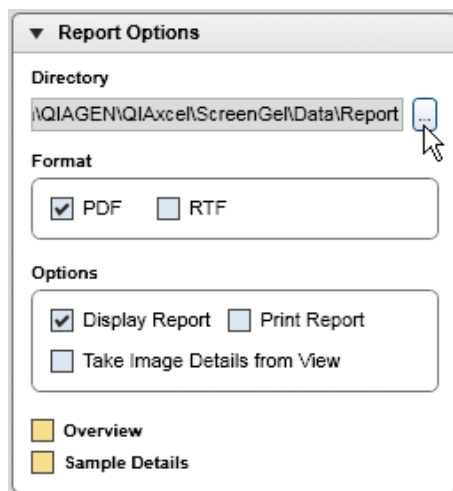
6.4.11.4 报告 / 导出选项

报告 / 导出设置分成三组：

- “Report Options (报告选项)” 包含了一般选项，如报告目录和报告格式
- “Export Options (导出选项)” 包含了导出格式和发表设置

注意：您可以点击组名称左侧的 ▼ 和 ►，折叠和展开每个组。

“Report Options (报告选项)”



“Report Options (报告选项)”。

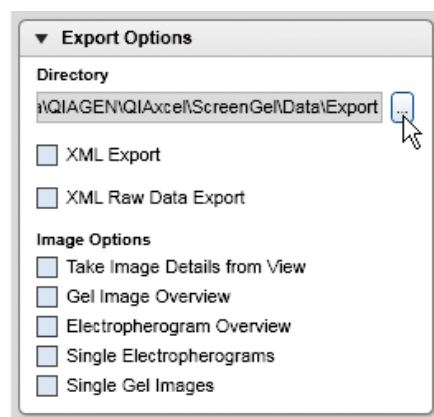
选项如下所述。

Directory (目录)	选择生成的报告文件应保存在哪个目录。您可以在设置中设定目录。关于更多信息, 请参阅设置章节。
PDF	PDF 格式的文件将生成。
RTF	RTF 格式的文件将生成。
Display Report (显示报告)	如果您选择了此选项, 并选择了“PDF”格式选项, 那么生成的报告将利用默认的 PDF 阅读器自动显示。
Print Report (打印报告)	如果您选择了此选项, 生成的报告文件将自动发送至默认的打印机。 注意: 确保您的系统有默认的打印机。
User Image as Displayed (使用显示的图片)	使用该选项获得与 QIAxcel ScreenGel 软件所显示的在对齐、刻度、标签、缩放等方面相信的图片。 注意: 该选项仅在分析环境下可用, 在运行过程中不一定可用。
Overview (概览)	该报告包含一节概览章节。
Sample Details (样品细节)	该报告包含一节样品章节。

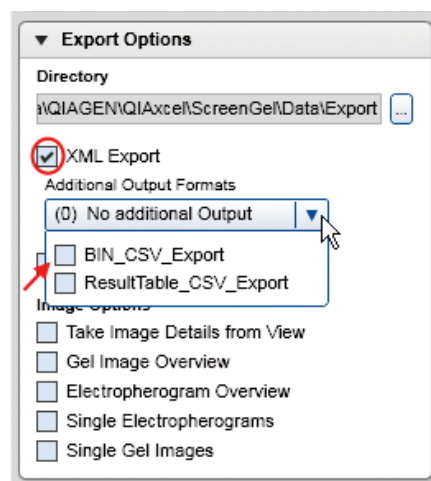
如果其中一个复选框“PDF”或“RTF”被选中, 只有在“Overview”或“Sample Details”也相应的选中时, 报告 / 导出流程才可用。

“Export Options (导出选项)”

指定数据导出的一般选项, 如格式和发表设置



“报告”选项。



额外的输出板式。

选项如下所述。

XML	如果您选择了此项，则 XML 格式的导出报告将会产生。
XML Raw Data Export	如果您选择了此项，选中样品的峰图视图会以 XML 格式输出。

发表设置如下所述。

Separate Image Files (单独的图像文件)	如果您选择了此项，则导出的每幅图像将会生成一个单独的文件。这建议用于需要较高分辨率的发表目的。
File Type(文件类型)	选择图像文件的文件类型。
Resolution(分辨率)	选择图像文件的分辨率；目前的分辨率有：75 dpi (每英寸像素)、150 dpi、300 dpi 和 600 dpi。

内容选项如下所述。

Overview (概览)	报告 / 导出包含了一个概览部分。
Sample Information (样品信息)	报告 / 导出包含了一个样品部分。

注意：只有当“Content Selection(内容选择)”面板中至少选择了一个复选框(“Overview (概览)”或“Sample Information (样品信息)”)时，报告 / 导出概况才有效。

Overview (概览) 章节

如果选中“Overview 概览”选项，在报告的概览部分会自动包括以下信息：

Report Date (报告日期)	报告生成的日期和时间
Experiment Name (实验名称)	样品数据所属的实验名称
Cartridge ID (卡夹 ID)	处理样品所用卡夹的 ID
Cartridge Expiration Status (卡夹过期状况)	如果卡夹超过有效期，该信息会自动显示。
Calibration Status (校准状态)	处理过程中卡夹的校准状态
Instrument ID (仪器 ID)	用于操作样品的仪器序列号。
Data Acquisition Status (数据采集状态)	仅出现在 不完整的实验 时。 它给出计划的以及执行的运行的信息（如 8 个运行里两个是成功执行了的）。
Corrupt Experiment Accepted by (接受损坏的实验)	只有当用户接受了一个不完整的实验时。接受该实验的用户名。
Corrupt Experiment Accepted on: (接受损坏的实验)	只有当用户接受了一个不完整的实验时。实验被接受的日期和时间。

选择您希望概览部分包含的下列选项信息：

☒ Overview

☐ Experiment Plate Comment

☐ Reported by

☐ Experiment Properties

☐ Experiment Path

☐ Peak Calling Result Table

☐ Overall Result Table

☐ Gel Image Overview


☐ Electropherogram Overview

可选的概览信息。

☒ Overview

- ☐ Experiment Plate Comment
- ☐ Reported by
- ☐ Experiment Properties
- ☐ Experiment Path
- ☐ Peak Calling Result Table
- ☐ Overall Result Table
- ☒ Gel Image Overview
- ☒ Align Samples
- ☒ Zoom to Alignment Marker

Gel Layout



Lanes per Row
12 ▼

Rows per Page
1 ▼

Overview

☒ Overview

- ☐ Experiment Plate Comment
- ☐ Reported by
- ☐ Experiment Properties
- ☐ Experiment Path
- ☒ Peak Calling Result Table
- ☐ Peak Calling Instruction Table

Result Table Columns	
<input checked="" type="checkbox"/>	Sample Information
<input checked="" type="checkbox"/>	Found
<input type="checkbox"/>	Size
<input type="checkbox"/>	Concentration

☒ Calculated Columns (if present)

- ☐ Overall Result Table
- ☐ Gel Image Overview
- ☒ Electropherogram Overview
- ☒ Align Samples
- ☒ Zoom to Alignment Marker
- ☐ Individual Scaling

Electropherograms per Page
4 ▼

“Gel Overview (凝胶概览)” 的特殊选项。

“Electropherogram Overview (峰图概览)” 的特殊选项。

可选项如下所述。

Experiment Plate Comment (实验板批注)	实验板批注
Reported by (报告人)	生成报告 / 导出的用户 ID
Experiment Path (实验路径)	实验所存储的路径。
Electropherogram Overview (峰图概览)	如果您选择了此项，则所有选定样品的峰图概览将包含在内。顺序与视图中相同。
	Electropherograms per page (每页的峰图)
	对于“峰图概览”，指定每页的峰图数量。此选项只影响峰图的高度。宽度不变。
Gel Overview (凝胶概览)	如果您选择了此项，则所有选定样品的凝胶图像将包含在内。附加选项出现，指定凝胶布局（详见上图）：
	Standard layout (标准布局)
	指定每行的通道数量：8、12、16、24、32、36 或 48。通道从左到右打印，如第一个布局图所示。通道顺序与视图中相同。 如果您有意更改通道顺序，请使用此项。
	Horizontal plate layout (水平板布局)
	通道顺序是根据平板位置固定的，从左上方的 A1 开始，到右下方的 H12 结束。未选择样品的位置为空。
	Vertical plate layout (垂直板布局)
	通道顺序是固定的，从左上方的 H1 开始，到右下方的 A12 结束。未选择样品的位置为空。
	Reverse vertical plate layout (逆向垂直板布局)
	通道顺序是固定的，从左上方的 A1 开始，到右下方的 H12 结束。未选择样品的位置为空。
	Split plate layout (拆开的板布局)
	通道顺序是固定的。垂直板布局被拆开，如最后一个图所示。未选择样品的位置为空。
	Individual Scaling (单独缩放)
	适用于所有的凝胶概览布局。选择此项，单独自动缩放每个凝胶通道的对比度。

样品部分

每个样品的下列信息自动包含在内：

信息	描述	报告部分
Experiment Name (实验名称)	样品数据所属的实验名称。	样品标题
Plate ID (平板 ID)	样品所属的平板 ID。	样品标题
Position (位置)	样品在平板上的位置。	样品标题
Runs per Row (每行的运行数)	如果同一个样品处理多次，则此数量确定了产生样品数据的运行。	样品标题
Run Date (运行日期)	操作开始的日期和时间。	样品标题
Cartridge ID (卡夹 ID)	处理样品所用卡夹的 ID。	运行参数
Cartridge Calibration Status (卡夹校准状态)	处理过程中卡夹的校准状态。	运行参数

选择您希望样品部分包含的下列选项信息：

☒ Sample Details

☐ Experiment Plate Comment

☐ Run Information

☐ Method Information

☐ Cartridge Information

☐ Sample Information

☐ Analysis Parameter

☐ Reference Marker Table

☐ Single Electropherograms

☐ Single Gel Images

☐ Result Table

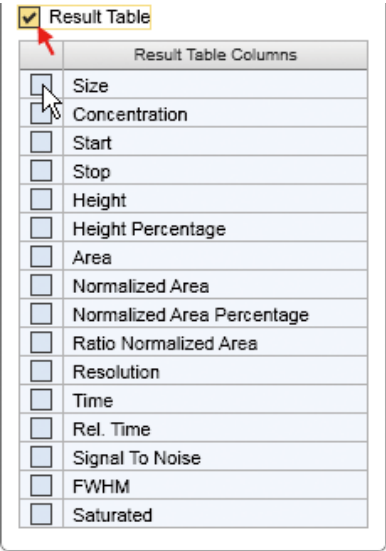
可选的样品信息。

选项	描述	报告部分
Experiment Plate Comment (实验板批注)	实验板批注。	样品标题
Method Name (方法名称)	处理样品所用的方法名称。	样品标题
Method Sample Injection Time (方法 - 样品注射时间)	方法中定义的样品注射时间。	样品标题
Method Sample Injection Voltage (方法 - 样品注射电压)	方法中定义的样品注射电压。	样品标题
Method Separation Time (方法 - 分离时间)	方法中定义的分离时间。	样品标题
Method Separation Voltage (方法 - 分离电压)	方法中定义的分离电压。	样品标题
Rise Time (上升时间)	操作过程中的上升时间值。	运行参数
Sample Info (样品信息)	样品信息。	样品标题
Sample Injection Time (样品注射时间)	应用的样品注射时间。 注意： 如果进程概况 (process profile) 运行参数中指定了另一个样品注射时间，则此时间不同于方法中的样品注射时间。	样品标题
Separation Time (分离时间)	方法运行时应用的分离时间。 注意： 如果用户在运行过程中调整了分离时间，则此时间不同于方法中的分离时间。	样品标题
Processed by (操作人)	操作样品的用户 ID。	样品标题
Cartridge Expiry Date (卡夹到期日)	处理样品所用卡夹的到期日。	样品标题
Analysis Parameter (分析参数)	在 DNA 模式中：应用在每个样品上的分析参数将包含在报告 / 导出中。 在 RNA 模式中：应用在 size marker 上的分析参数将包含在报告 / 导出中。	分析
Electropherogram Single View (单个峰图视图)	峰图将包含在内。	样品图形
Gel Single View (单个凝胶视图)	凝胶通道将包含在内。 注意： 如果您两个都选，“Electropherogram Single View” 和 “Gel Single View”，则凝胶通道将在峰图的正下方。	样品图形

选项	描述	报告部分
Reference Marker Table (参照 marker 表格)	分析过程中所用的参照 marker 表格将包含在内。	参照 marker
RNA Result Row (RNA 结果行)	仅适用于 RNA 模式。 如果您对 RNA 样品选择此项 (即与 size marker 标记样品不同), 则结果行将包含在报告 / 导出内。 结果行指的是 RNA 结果表格中此样品的那一行。	RNA 结果行
Result Table (结果表格)	如果您选择此项, 则峰表格将包含在报告 / 导出内。系统提供了下列额外选项, 以设置参数列表下方的结果表格。 注意: 在 RNA 模式中, 结果表格将只包含 size marker 样品。 注意: 如果未选择此项, 则额外的设置选项不可见。	结果表格
Total Concentration (总浓度)	如果您选择此项, 则所有峰的总浓度将添加到结果表格中。 注意: 只有在选择了 “Result Table (结果表格)” 选项时, 此选项可用。	结果表格

注意: 在 RNA 模式下, 如果你希望将 28S/18S 的比值也列入报告, 则选择总览选项 “Peak Calling Result Table” (更多信息参见[分析 RNA 样品](#)章节)。

选择您希望结果表格中包含的下列选项信息:




“Result Table (结果表格)” 选项。

结果表格选项如下所述。

Height Percentage	添加结果表格列 "Height %"
Normalized Area	添加结果表格列 "NA"
Normalized Area Percentage	添加结果表格列 "NA %"
Size	添加结果表格列 "Size [bp]"
Concentration	添加结果表格列 "Conc. [ng/μl]"
Resolution	添加结果表格列 "Res."
Ratio Normalized Area	添加结果表格列 "Ratio NA"
Time	添加结果表格列 "Time"
Rel.Time	添加结果表格列 "Rel. Time"
Start	添加结果表格列 "Start"
Stop	添加结果表格列 "Stop"
Height	添加结果表格列 "Height"
Area	添加结果表格列 "Area"

注意：请参阅 DNA 结果列章节，了解各列的更多信息。

注意：您可以指定结果表格的字段顺序，利用  按钮对字段重新排序。

6.4.11.5 创建一个新的报告 / 导出概况

注意：只有“高级用户”才能创建一个新的报告 / 导出概况。

如果要创建一个新的报告 / 导出概况，步骤如下：

1. 打开“Report (报告)”标签页。

如果不可见，您可以利用“View (视图)”菜单 (选择菜单项“View (视图)” / “Show Analysis Parameters (显示分析参数)”) 或点击视图选择栏最右侧的图标让其显示：



选择“Report (报告)”标签页。

2. 选择一个报告 / 导出概况。

从“Report/Export Profile (报告 / 导出概况)”下拉列表中选择概况。选定的概况作为创建新概况的模板。

注意：选择“NewReport/ExportProfile”，从头开始创建一个报告 / 导出概况。选择后，系统将显示“* NewReport/ExportProfile”。

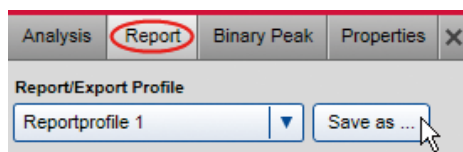
3. 根据您的需要设置概况选项。

请参阅[报告 / 导出选项](#)，了解报告 / 导出选项的详细信息。

注意：系统在概况名称前面显示“*”，提示概况的修改。

4. 将修改后的报告 / 导出概况以新名称保存。

点击“Save as ... (另存为)”按钮，在弹出的“Save Profile (保存概况)”对话框中输入一个新的概况名称。

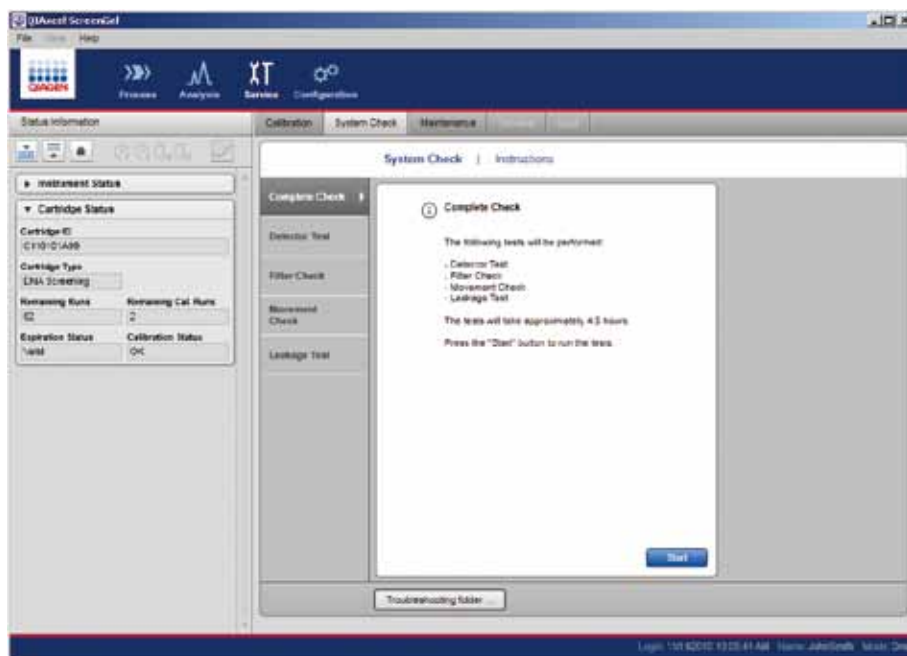


保存报告 / 导出概况。

6.5 维修

“Service (维修)” 环境提供了卡夹校准的功能以及 QIAxcel Advanced 仪器的故障排除和维护工具。

在维修环境的左侧,“Status Information(状态信息)” 面板显示(详见 [“状态信息”](#) 面板)。



“Service (维修)” 环境及激活的 “System Check (系统检查)” 界面。“Status Information (状态信息)” 面板显示在界面左侧。

注意: “Service (维修)” 环境的 “Terminal (终端)” 和 “Logs (日志)” 界面只能由维修人员访问, 本手册不作介绍。

6.5.1 校准卡夹

在样品分析之前, 每个新卡夹都需要强度校准。每个毛细管的强度被标准化, 且一个系数被应用到随后的每次运行中。这校正了卡夹中每个毛细管之间的天然强度读数差异。每个卡夹的强度校准数据保存在单个文件中, 名为 `<cartridge-id>_<instrument-id>.xcc`。此文件保存在 `%DATA_DIR%\CatridgeCalibrationData\` 目录下。

注意: 如因任何理由, 需要使用另一台包含校准文件的计算机, 则文件应转移到新的计算机中。否则, 必须对卡夹进行重新校准。

6.5.1.1 运行校准向导

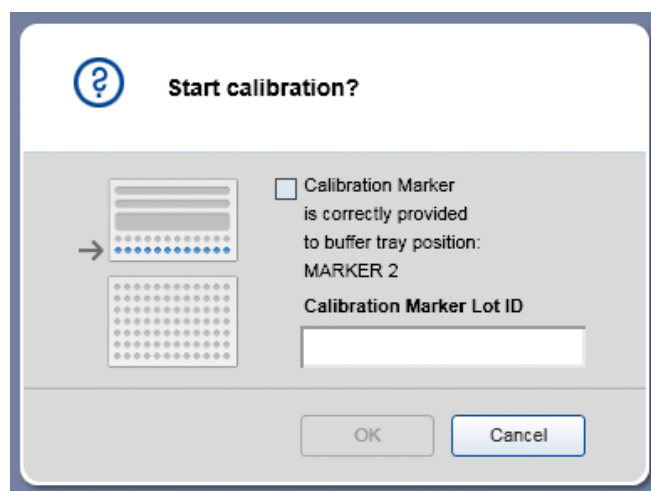
卡夹的强度校准是在“Service（维修）”环境的“Calibration（校准）”界面中进行的：

1. 在缓冲液槽中加入 QX Intensity Calibration Marker，详细操作请参阅[准备缓冲液槽](#)中的第 7 步。

2. 点击“Start calibration（开始校准）”按钮，启动校准运行。

注意：校正程序的总运行时间约为 16 分钟。

3. 确认加载了 QX Intensity Calibration marker。或者，输入 Lot ID。点击 OK 开始校正。



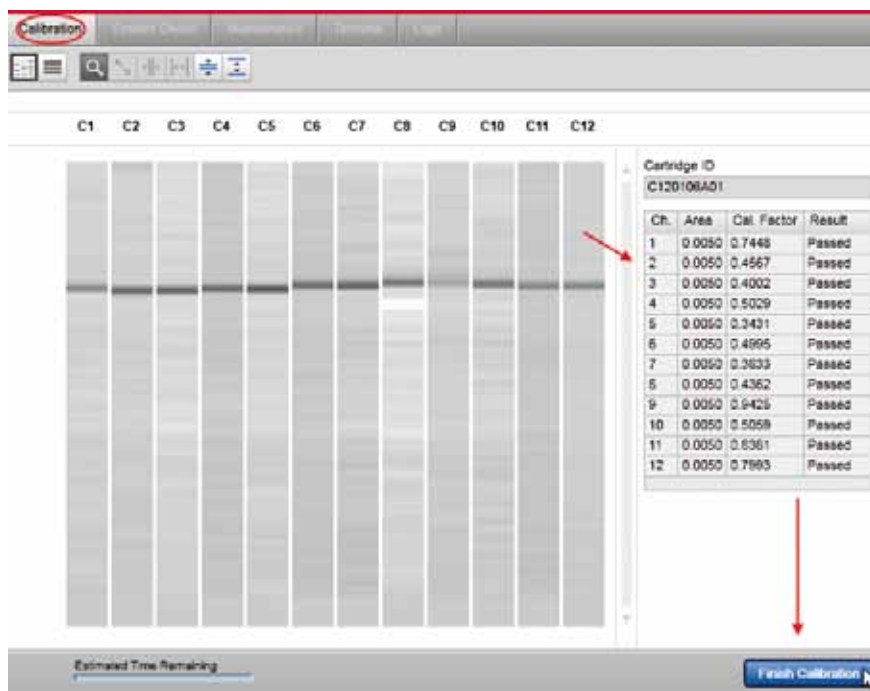
确认对话框。

4. 一旦校准完成，校准结果显示在凝胶 / 峰图视图的旁边。结果表格显示了面积、校准系数和每个通道的结果（“Pass（通过）”或“Fail（失败）”）。

注意：对于一个成功校准的卡夹，其标准化面积的校准范围应在相应的试剂盒操作手册里所描述的。

注意：如果一个或多个通道失败，则校准过程应当重复。如果问题仍然存在，请联系 QIAGEN 的技术服务部门，或参阅您正在使用的 QIAxcel 试剂盒手册中的“[疑难解答](#)”章节。

5. 接受校准结果。卡夹目前已校准。



校准结果。

注意：如果一个或多个通道失败，放弃校准结果。

注意：即使一个或多个通道失败，“高级用户”仍可接受校准结果。在这种情况下，校准状态将是“Conditional OK”。

6.5.1.2 重新校准卡夹

如果要重新校准卡夹，则重复[运行校准卡夹](#)中详细介绍的步骤。在重新校准卡夹时，之前校准过程的校准结果被放弃。

注意：也可以校准一个无校准运行的卡夹。在这种情况下，可使用三次常规运行来取代一次校准运行。

6.5.2 系统检查

“Service (维修)” 环境的 “System Check (系统检查)” 界面提供了检测 QIAxcel Advanced 仪器中问题的几个程序：

- 完整检查

完整检查开展下面列出的所有系统检查。

- 检测器检测

检测器检测检查了所有 12 个通道的原始计数。

- 过滤器检查

过滤器检查检测了经过过滤器的堵塞。

- 移动检查

移动检查确认了样品托盘可正确移动，且位置传感器按预期方式工作。

- 渗漏检查

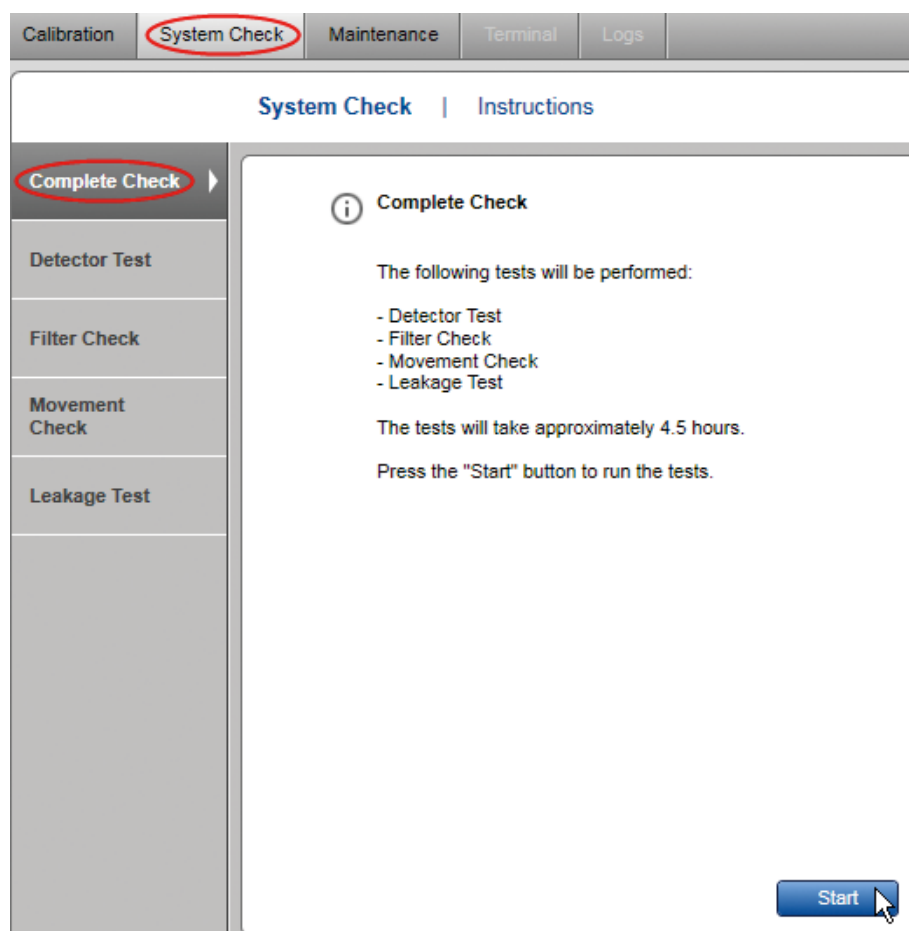
渗漏检测检查了氮气渗漏。

注意：检测结果保存在 %DATA_DIR%\SystemTest\ 目录下。

注意：疑难解答文件夹的功能如[疑难解答文件夹](#)章节所述。

6.5.2.1 完整检查

“完整检查” 开展所有的系统检查：检测器检测、过滤器检查、移动检查和渗漏检测。



完整检查。

注意：完整检查大约需要 4.5 小时。

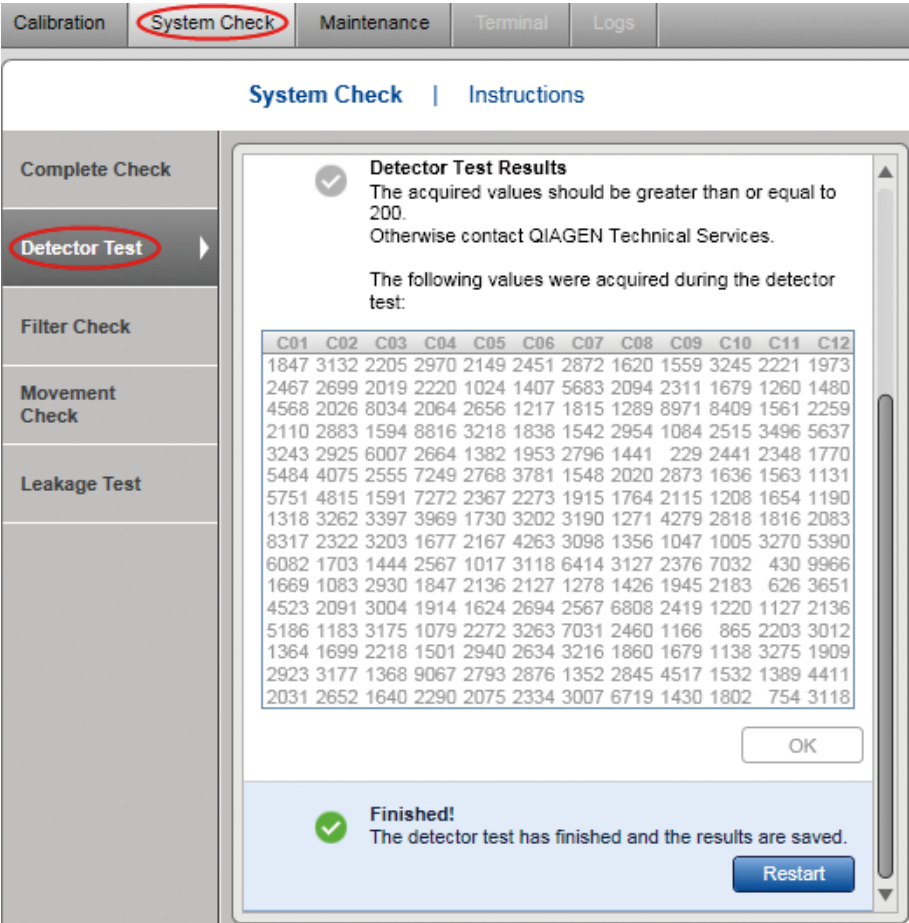
6.5.2.2

检测器检测

“检测器检测”确认 QIAxcel Advanced 仪器的所有 12 个通道的检测器按预期方式工作。当新卡夹的一个或多个通道未提供数据信号，且基线平坦时，这可能会开展。

按照界面上的指示开展“检测器检测”。检测只需要几秒。在检测结束时，显示采集数据，并保存结果。

注意：如果未特别说明，在插入和锁定卡夹时开展此检测。



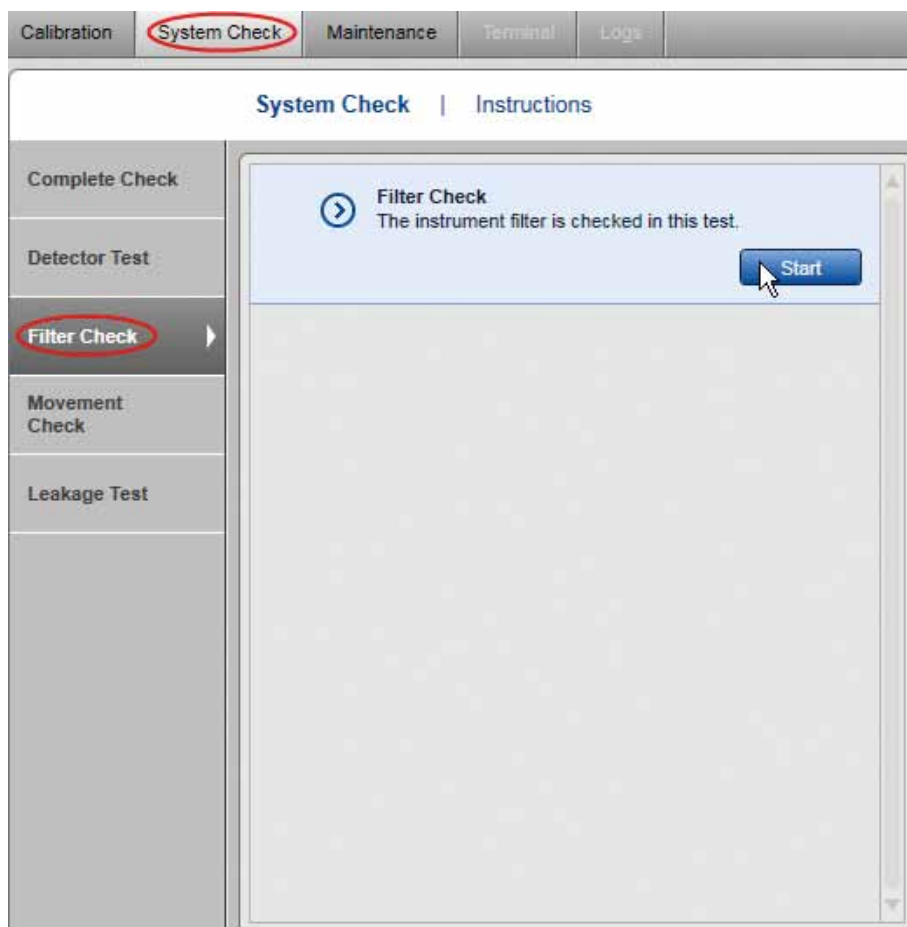
检测器检测已完成。

6.5.2.3 过滤器检查

在极少数情况下，QIAxcel Advanced 仪器内部的净化过滤器将被残留凝胶堵塞。利用“过滤器检查”可发现这种堵塞。这大约需要 2 分钟。在检查结束时，显示过滤器状态（通过或失败），并保存结果。

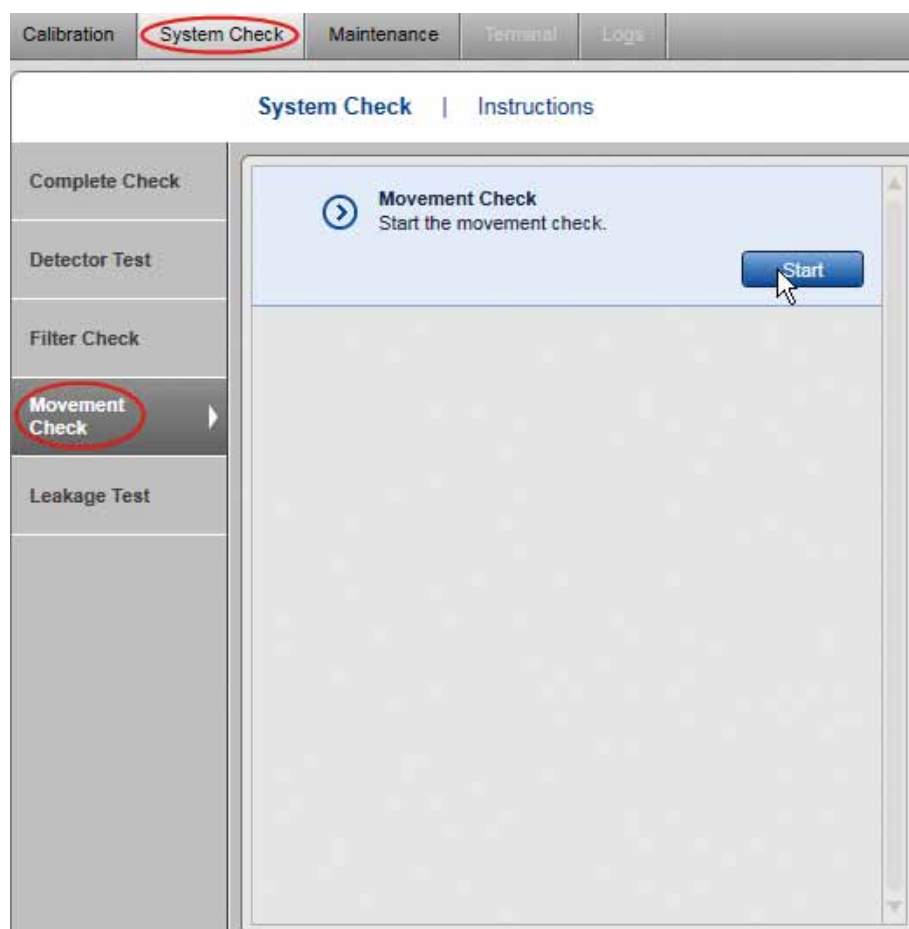
注意：检查时需要一张干净的纸巾，如 Kimwipe。

按照向导中的指示开展“过滤器检查”：



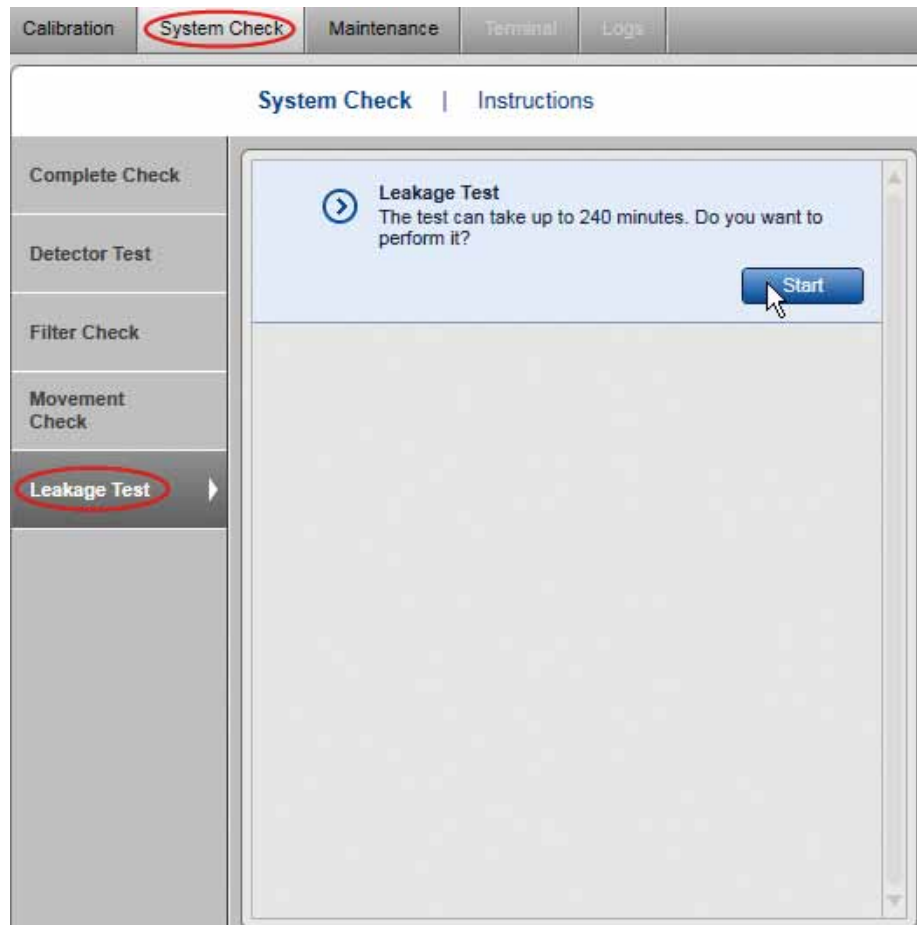
6.5.2.4 移动检查

“移动检查”确认托盘发动机和托盘传感器按预期方式工作。这种检测是全自动的，不需要用户干预，除了取出卡夹。这只需几秒。在检测结束时，显示检测概况（通过或失败），并保存结果。



6.5.2.5 渗漏检测

“渗漏检测”检查了 QIAxcel Advanced 仪器中氮气管道的渗漏情况。这种全自动的检测大约需要 240 分钟。在检测后, 如果检测到渗漏, 则计算渗漏速率, 并保存检测结果。



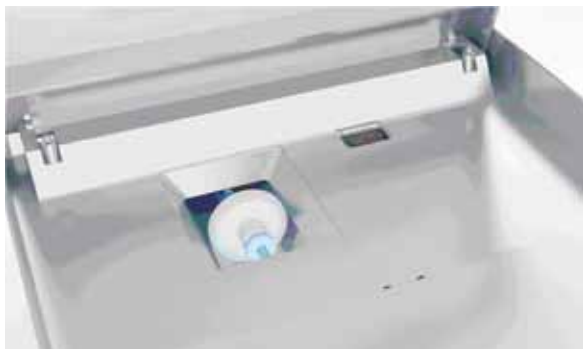
6.5.3 维护

“Service (维修)” 环境的维护界面提供了 QIAxcel Advanced 仪器和卡夹的一些维护和故障排除程序:

- Motor Teaching (仅适用于维修人员; 此处不作介绍)
- Purge
- Long purge
- 清空氮气瓶
- 设置仪器 ID
- 疑难解答文件夹

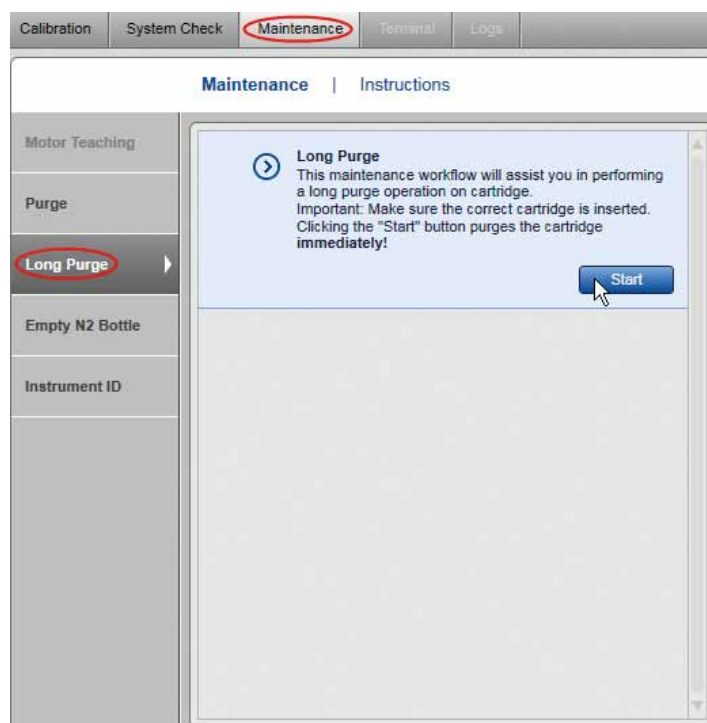
6.5.3.1 Purge

“Purge”方法让用户能够去除凝胶卡夹中的气泡，并清洁毛细管。此过程是全自动的，不到一分钟即可完成。



6.5.3.2 Long purge

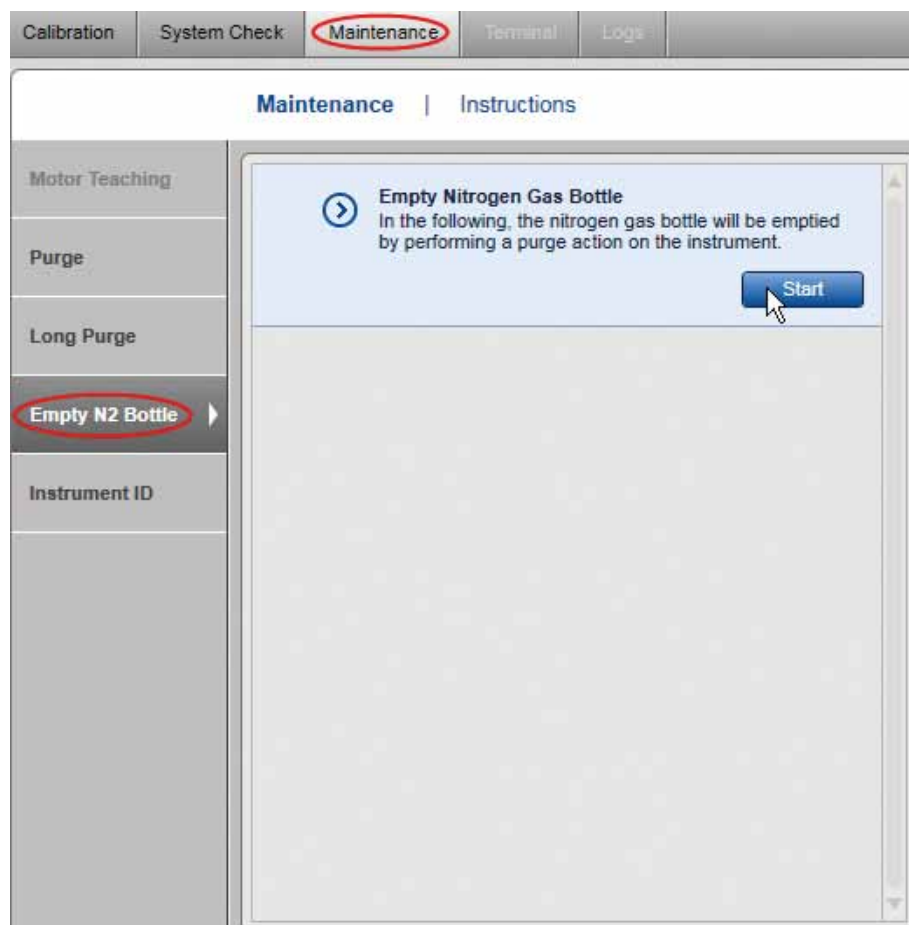
“Long purge”方法让用户能够去除凝胶卡夹中的气泡，并彻底清洁毛细管。此过程是全自动的，大约需要 3 分钟。



6.5.3.3 清空氮气瓶

如果要取出加压的氮气瓶,您必须先释放剩余的压力。“Empty N2 Bottle (清空氮气瓶)”功能清空氮气,这大约需要一分钟。

注意: 您必须先取出 QIAxcel 凝胶卡夹,才能开展此功能。



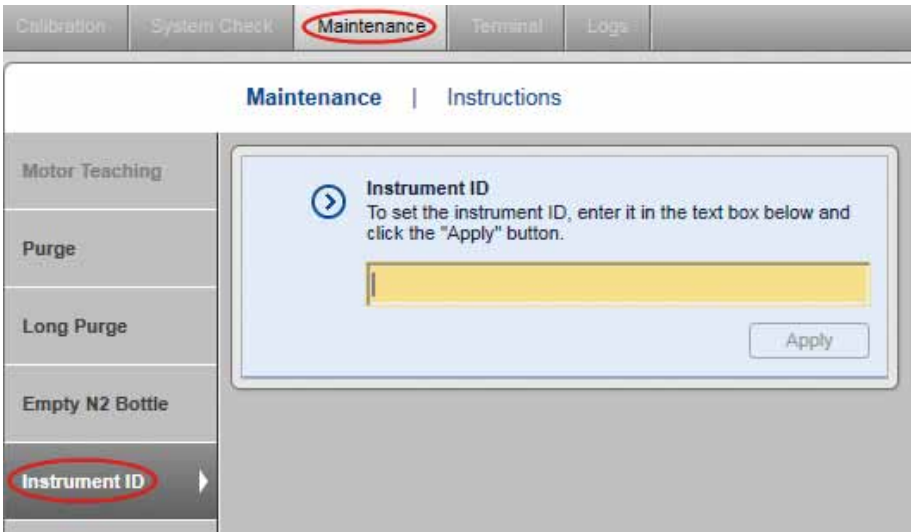
重要: 重复此操作,直至净化操作最后听不到嘶嘶声。

6.5.3.4 设置仪器 ID

只有当仪器 ID 为设定时,才能设置 QIAxcel 仪器的 ID (序列号)。仪器 ID 可在仪器外壳后侧的标签上找到。

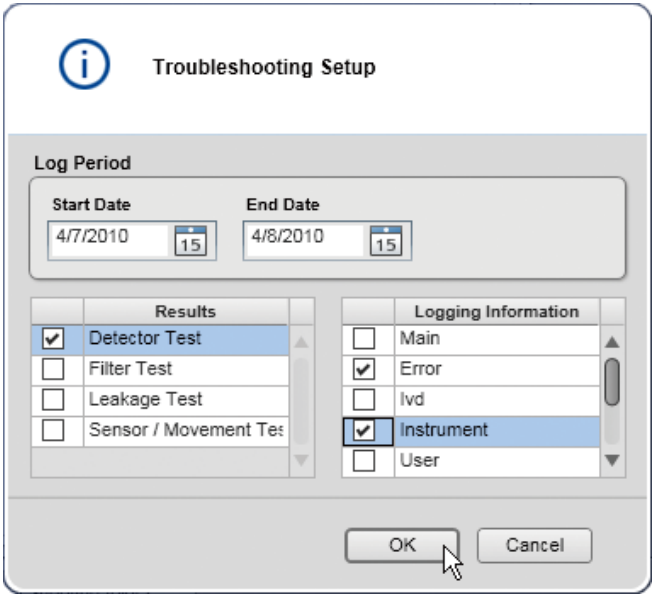
需要仪器 ID 来识别每台仪器,并确认某一台仪器上的卡夹已校准 (请参阅[校准卡夹](#))。

重要: 在点击 “Apply (应用)” 按钮前确保您输入了正确的仪器 ID。一旦设定, 仪器 ID 将无法更改, 除 QIAGEN 维修人员外。



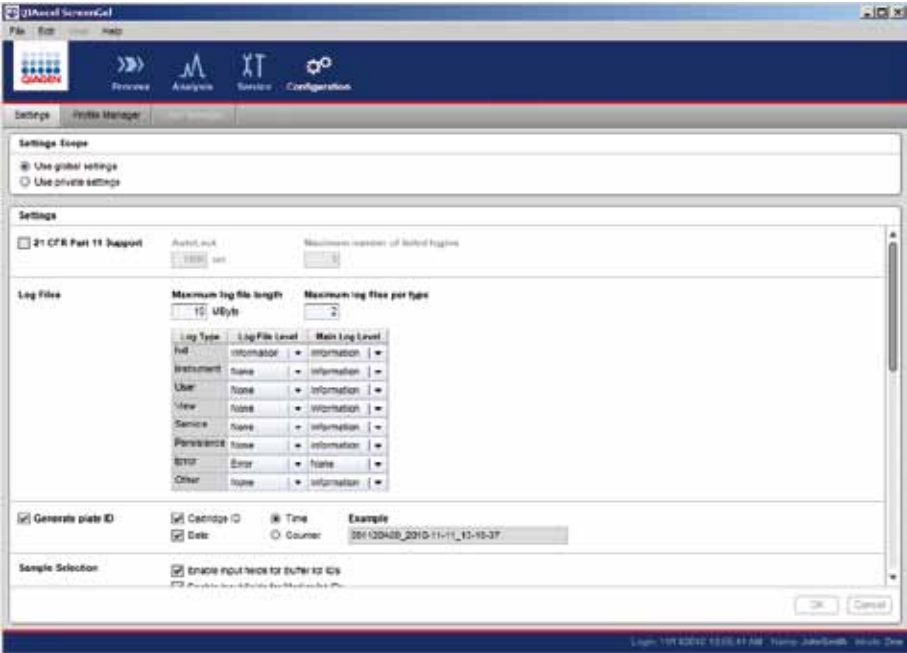
6.5.3.5 疑难解答文件夹

“Troubleshooting folder (疑难解答文件夹)” 按钮位于 “Maintenance (维护)” 界面和 “System Check (系统检查)” 界面的底部。它打开了一个对话框，允许指定时间内产生的日志文件和检测结果可导出。导出的文件保存在[设置](#)中指定的 “Troubleshooting (疑难解答)” 目录内。



6.6 配置

在“Configuration (配置)”环境中可管理应用程序设置、用户和概况：



“Configuration (配置)”环境及激活的“Settings (设置)”界面。

6.6.1 设置

QIAxcel ScreenGel 软件中的“Configuration (配置)”环境提供了一些设置选项，如下所述。

注意：通用设置选项对于“常规用户”或“基本用户”来说是只读的。请参阅[用户角色](#)，了解更多信息。

- 使用通用设置
- 通用设置选项可用于在一些用户之间分享一般设置和概况。
- 使用个人设置
- 在使用个人设置时，一般设置和用户创建的概况都是私有的。
注意：只有当用户有权维护个人设置时，个人设置选项才激活(请参阅[用户管理](#))。

根据功能性将设置分组。下表给出了设置概览：

21 CFR Part 11 Support 21 CFR Part 11（FDA 关于电子记录的指引）所需的控制功能。选择此项，激活自动锁定，并限制登录失败的次数。

选项	描述
AutoLock	超过指定的空闲时间后，系统自动锁定 QIAxcel ScreenGel 软件,操作正在运行除外。如要解锁，用户必须再次登录。请参阅 用户身份验证 章节，了解如何解锁的更多信息。 注意： 空闲时间是指无用户操作或仪器动作的时间。
Maximum number of failed logins	在指定的登录失败次数达到后，系统自动锁定用户账户。只有管理员才能解锁。

Log files QIAxcel ScreenGel 软件在一个主要的日志文件中记录所有日志信息。此外，个别日志消息类型也可创建单独的日志文件（IVD、仪器等）。
在设置时，用户可定义日志记录的详细程度，每种日志类型的最大文件大小和日志文件的最大数量。

Maximum log file length

10 MByte

Maximum log files per type

2

Log Type	Log File Level	Main Log Level
Ivd	Information ▼	Information ▼
Instrument	Verbose ▼	Information ▼
User	None ▼	Information ▼
View	None ▼	Information ▼
Service	None ▼	Information ▼
Persistence	None ▼	Information ▼
Error	Verbose ▼	Error ▼
Other	None ▼	Information ▼

日志文件的大小是受限的；此大小由“Maximum log file length（日志文件最大长度）”来设定。为了总有最新的日志文件，在达到最大量时将创建新的文件。日志文件的数量是由“Maximum log files per type（每种类型的最多日志文件）”来设定的。对于某个特定的日志文件类型，当文件最大数量达到时，最旧的文件将会删除。
主要日志文件的详细程度实在上表的第三列中设定的。个别日志文件的详细程度是在第二列设定的。
从“Critical（关键）”到“Verbose（详细）”，详细程度增加。在选择“Critical（关键）”时，只有关键的日志信息记录在日志文件中。在选择“Verbose（详细）”时，所有日志信息记录在日志文件中。

Generate plate ID 在激活时，定义如何构建自动生成的平板 ID。下列选项定义了平板 ID 的构建。

☒ **Generate plate ID**
☒ Cartridge ID
 ☒ Time
 Example

☒ Date
 ☐ Counter
 091120A99_2010-11-10_13-49-29

选项	描述
Cartridge ID	如果选择了此项，则生成的平板 ID 将在开头包含卡夹 ID。
Date	如果选择了此项，则生成的平板 ID 将包含数据获取的日期。如果包含卡夹 ID，则日期放在卡夹 ID 的后面。
Time or Counter	指定如何实现平板 ID 的唯一性：通过操作开始的时间（包括小时、分钟和秒）或下一个平板 ID 生成的递增计数。 注意： 如果平板 ID 在自动生成后被编辑，则时间不反映确切的操作开始时间，而是反映操作设置过程中生成平板 ID 的时间。

不可编辑的“Example(例子)”字段显示了生成的平板 ID 是什么样。

Sample Selection 指定了在操作向导的“Sample Selection (样品选择)”界面可输入那些可选信息。

选项	描述
Enable input fields for Buffer lot IDs	如果您想要提供缓冲液的批号 ID，只选此项。如果此项未选，则您无法在操作设置过程中提供缓冲液的批号 ID。
Enable input fields for Marker lot IDs	如果您想要提供 marker 的批号 ID，只选此项。如果此项未选，则您无法在操作设置过程中提供 marker 的批号 ID。
Provide Sample Information	如果您通常提供样品信息，选择此项。即使此项未选择，您也能提供样品信息，但需要在操作向导的“Sample Selection (样品选择)”界面手动选择“Provide Sample Information (提供样品信息)”选项。

仪器	选项	描述
	Latch cartridge automatically	如果选择此项，则系统将在卡夹插入且卡夹门关闭后自动锁定卡夹。
	Perform calibration automatically	如果选择此项，则如果插入的卡夹仍为校准，系统自动开展卡夹校准。
	COM Channel	指定 QIAxcel Advanced 仪器要连接的 COM 通道。在登录后，系统自动利用指定的 COM 端口连接 QIAxcel Advanced 仪器。
Rise Time	上升时间是获取过程中 Bessel 过滤器应用在原始数据上的一个参数。此参数不能更改，除非您了解 Bessel 过滤器的功能和更改上升时间参数的影响。	
Gel Image Representation	定义登录后凝胶视图的默认查看设置。	
Directories	指定所获取的原始数据及其他所有应用数据的目录。 下面所列目录的基本目录最初（即 QIAxcel ScreenGel 安装后）是应用数据目录，这是在 安装 ScreenGel 软件 时指定的。所有这些目录都是可配置的。下列目录可指定：	
	目录名称	描述
	Export	导出目录。所有导出文件都在此目录中产生，而无论报告文件选择了哪个目录（如下所述）。
	Report	默认的报告目录。如果在报告概况的“Directory（目录）”下拉列表中选择了“Default（默认）”，则报告在此目录中产生。此外，也可指定 3 个自定义的报告目录（见下）。

Header & footer	报告页眉和页脚的目录。在报告生成过程中，系统在此寻找报告中包含的页面和页脚。
Sample info import	样品信息的导入目录（分别参阅 运行程序 和 运行带高级选项 的操作）。导入“rack file”的例子可在默认目录 %DATA_DIR%\SampleInfo\Import\ 中找到。
Sample info export	样品信息的导出目录（分别参阅运行程序和运行带高级选项的操作）。
Troubleshooting	疑难解答文件夹 创建文件所储存的目录。
Experiment	此目录包含 2 个子目录：“DNA”和“RNA”。实验数据文件（作为操作运行结果采集或在“Analysis（分析）”环境中综合）保存在这些子目录中（根据应用模式）。
Experiment backup	此目录与“Experiment（实验）”有着相同的子结构（即两个子目录：“DNA”和“RNA”）。如果选择了“Save experiments in experiment backup folder as well（同时在实验备份文件夹中保存实验）”选项，则这些目录包含了已保存实验的副本。
Save experiments in experiment backup folder as well	如果选择了此项，则 QIAxcel ScreenGel 在“Experiment backup（实验备份）”目录的“DNA”和“RNA”子目录中创建已保存实验的副本（参见上文）。如果未选择此项，则实验将只保存在“Experiment（实验）”目录的“DNA”和“RNA”子目录中。

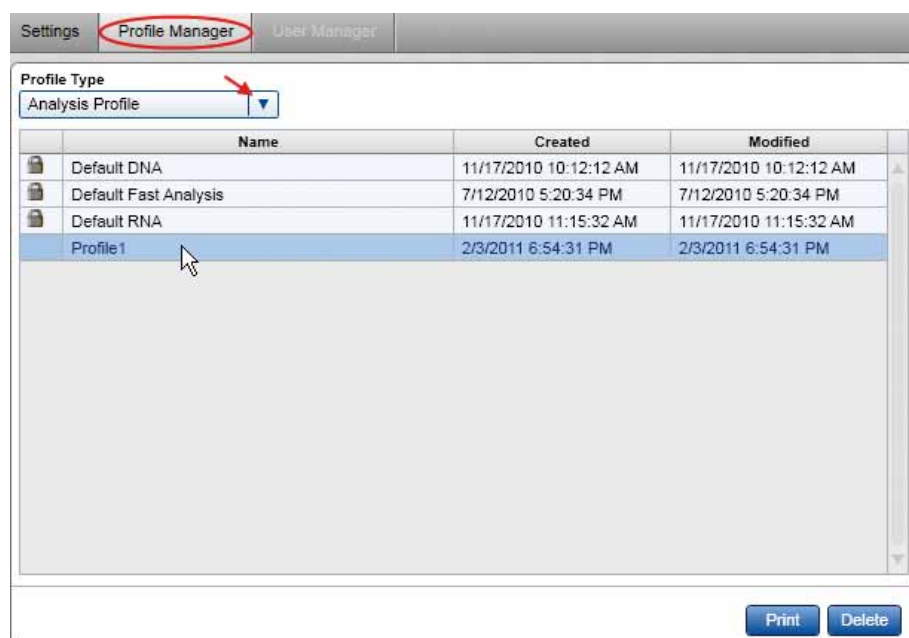
注意：上述目录可以直接在 Windows 资源浏览器中打开，在 QIAxcel ScreenGel 中通过菜单项“File（文件）”/“Open Data Directory（打开数据目录）”。

在点击“OK”之后，大部分设置更改立即生效。下表列出了需要其他操作的设置：

Generate plate ID section	下一次登录后激活。
Instrument - COM channel	与仪器重新连接后激活。 注意： 在点击“OK”后，系统询问您是否与新 COM 通道连接。
Directories	下一次登录。

6.6.2 概况管理

QIAxcel ScreenGel 软件的一些对话框允许创建新概况，例如分析概况、size marker 表格和参照 marker 表格。“Profile Manager(概况管理器)”列出了按类型分组的所有概况。利用“Profile Manager (概况管理器)”可打印概况详情或删除概况。



注意：标有锁定符号的概况是 QIAGEN 提供的默认概况。这些概况无法删除。

6.6.3 用户管理

管理员有权访问 “User Manager (用户管理器)” 标签页，在此修改用户账户：

The screenshot shows the 'User Manager' window. At the top, there is a 'Settings' tab and a 'User Manager' tab (highlighted with a red circle). Below the tabs is a table with the following columns: User ID, Role, First Name, Last Name, DMA, RNA, Private Settings, Skip Run Checks, Last Password Change, Created, and Modified. The table contains three rows of data:

User ID	Role	First Name	Last Name	DMA	RNA	Private Settings	Skip Run Checks	Last Password Change	Created	Modified
Administrator	Administrator			✓	✓	✓		1/10/2011 12:25:06 PM	5/15/2011 1:40:45 PM	1/10/2011 12:25:06 PM
JohnSmith	Advanced User	John	Smith	✓	✓		✓	1/13/2011 9:40:31 AM	1/10/2011 12:25:21 PM	2/3/2011 9:18:07 AM
JonnySmith	Routine User	Jonny	Smith	✓	✓			1/10/2011 12:27:31 PM	1/10/2011 12:26:14 PM	1/10/2011 12:27:01 PM

Below the table, there is a checkbox labeled 'Show deactivated user accounts' and a 'Define user account' section. The 'Define user account' section includes the following fields and options:

- User ID: JonnySmith
- Initial password: (password field)
- First name: Jonny
- Mode: ☒ DMA
- Options: ☒ Activated
- Role: Routine User (dropdown menu)
- Confirm password: (password field)
- Last name: Smith
- ☒ RNA
- ☐ Allow private settings
- ☐ May skip confirmation of run checks

At the bottom right of the 'Define user account' section are 'Apply' and 'Cancel' buttons.

添加新用户。

编辑用户账户

如果要编辑现有的用户账户：

1. 选择要修改的用户账户。
2. 详细信息显示在对话框的底部。
3. 根据需要修改参数。
4. 点击“Apply (应用)”按钮。

注意：在“User Manager (用户管理器)”中，现有用户账户的用户名、角色、密码和授权可更改。用户 ID (登录名) 是用户的唯一识别符，不能更改。

添加用户

如果要添加新用户：

1. 点击“Add (添加)”按钮。
2. 指定一个尚未使用的用户 ID、用户角色和密码。关于用户角色的详细信息，请参阅[用户角色](#)章节。

注意：密码必须包含一个大写字母、一个小写字母和一个数字。密码至少要有 8 个字符。

3. 设置模式和选项的调整。
4. 点击“Apply (应用)”按钮。

注意：您可以为一个人创建几个用户账户，赋予它们不同的用户 ID。这可能有助于分清不同的角色。

停用用户账户

用户账户不能删除，但如果用户不在处理 QIAxcel ScreenGel 软件的数据，那么他们的账户可以停用。

如果要停用用户账户：

1. 从用户列表中选择要停用的用户账户。
2. 在用户设置中取消勾选“Activated (激活)”选项。停用的用户将无法登录。
3. 点击“Apply (应用)”按钮。

注意：只有激活的用户才显示在用户表格中。如果要显示停用的用户，勾选用户表格下方的“Show deactivated user accounts (显示停用用户账户)”复选框。

7. 维护程序

7 维护程序

下列维护程序必须执行，以确保 QIAxcel Advanced 的可靠操作：

- 清洁 QIAxcel Advanced
- 轻微校正性维护

按照下列程序操作，确保 QIAxcel Advanced 无灰尘和液体泄漏。

重要：在维修前请将电源线从电源插座上拔下。

维修



QIAxcel Advanced 提供为期 1 年的保修，从发货之日算起。保修包括因机械故障引起的所有维修。应用程序开发、软件升级、配件和一次性物品不在保修范围内。

QIAGEN 提供全面的服务支持协议，包括保修延长、全面覆盖支持协议，以及仪器 / 应用程序培训，包括现场安装。服务支持协议能最大限度地提高生产力，确保仪器的高性能。此外，维修历史将全面记录，且所有部件经过认证和保障。

联系您当地的 QIAGEN 现场服务专家或当地经销商，了解 QIAGEN 灵活的服务支持协议的更多信息。

7.1 清洁 QIAxcel Advanced

清洁剂

<div>CAUTION</div> <div></div>	<div>仪器损坏</div> <div>[C5]</div> <div>请勿使用漂白剂、溶剂、或含有酸、碱或研磨剂的试剂来清洁 QIAxcel Advanced。</div> <div>警告</div>
<div>WARNING</div> <div></div>	<div>电击危险</div> <div>[W11]</div> <div>请勿打开 QIAxcel Advanced 的任何面板，本手册中介绍的除外。</div> <div>人身伤害和材料损坏的风险</div> <div>只开展那些本用户手册中专门介绍的维护。</div>

只用湿布擦拭仪器。

仪器内部的样品板支架应偶尔使用柔软的湿布清洁。

利用温和的去污剂洗涤缓冲液槽，用去离子水或反渗透水彻底冲洗，让它干燥，再装满新鲜的缓冲液。在使用新的 QIAxcel 凝胶卡夹之前，应清洁缓冲液槽。

7.2 轻微校正性维护

本章节让您熟悉维护 QIAxcel Advanced 或校正失败所需的行动。

7.2.1 保险丝更换和清洁

1. 关闭 QIAxcel Advanced 的主电源开关。
2. 从电源插座和仪器后面拔下电源线。
3. 使用一个小的平头螺丝刀取出位于电线插口上方的保险丝盒组件。



更换保险丝。

4. 更换保险丝。
只能用时间延迟 4 安培、250 伏, 标有“T4A250V”的保险丝(货号 9241178)更换。
如果没有可更换的保险丝, 请联系 QIAGEN 的技术服务。
5. 重新插入保险丝盒组件, 并插上电线。
6. 打开电源, 检查仪器是否正常运行, 即检查状态面板中的状态改变(请参阅[操作 QIAxcel Advanced](#))。如果仪器不能正常运行, 或保险丝再次熔断, 请拔下插头, 并联系 QIAGEN 的技术服务。

7.2.2 氮气瓶更换

当“[Status Information \(状态信息 \)](#)”面板显示一个或两个低压警告时, 应更换氮气瓶。
取出旧的氮气瓶。

注意: 如果要取出加压的氮气瓶, 必须先清空氮气瓶(请参阅[清空氮气瓶](#))。

1. 打开样品门, 取出缓冲液槽。
2. 轻轻提起氮气瓶接口。不要超过制动孔。
3. 逆时针旋转氮气瓶, 让残留的氮气逐渐漏出。

注意: 根据当地法规, 按照可回收的钢材料处理空的氮气瓶。

插入新的氮气瓶

4. 按顺时针方向将新的、未刺穿的氮气瓶旋入接口。

重要：只使用 QIAGEN 提供的氮气瓶（货号 929705）。

5. 直至接口内的针刺穿氮气瓶。请勿旋得过紧：氮气瓶只能用手拧紧。

6. 轻轻按下氮气瓶，直至它处于收起（下）的位置。

7.2.3 备用氮气供应

QIAxcel Advanced 外部氮气接口（位于仪器后面）可提供干净、无冷凝压缩的氮气。这个外部氮源可替代内部氮气瓶。经过调节的氮气最小输入压力必须是 50 psi (345 kPa)，而最大输入压力不能超过 75 psi (517 kPa)。

如果要连接外部氮源，使用仪器附带的聚氨酯管（内径 2 mm x 外径 3.18），额定压力为 150 psi。额外管道可单独购买（货号 9018435）。

将聚氨酯管紧紧插入仪器后面的接头中，利用此管将外部氮源的输出端与 QIAxcel Advanced 连接。

打开外部氮源压力，将输入压力设在 50-75 psi (345-517 kPa)。

7.2.4 净化过滤器堵塞

在新的样品运行之前，通过向仪器的净化管和净化口施加压力，可将新鲜的凝胶从卡夹的凝胶储液槽净化到毛细管中。在少数情况下，当 QIAxcel 凝胶卡夹未直立放置，或未维持平衡条件时，凝胶可能进入仪器的净化管。放在仪器内的净化过滤器防止凝胶进入仪器的压力阀。过滤器或净化管中的凝胶将变干，从而堵塞过滤器或净化管。

如果要发现净化过滤器或净化管的堵塞，可开展 QIAxcel ScreenGel 软件的过滤器检查。如果过滤器堵塞，需要更换净化过滤器。在极少数情况下，净化管需要用水冲洗，以溶解堵塞净化管的凝胶碎片。

注意：只有当过滤器检测失败且管道堵塞时，才需要更换净化过滤器和清洁净化管。

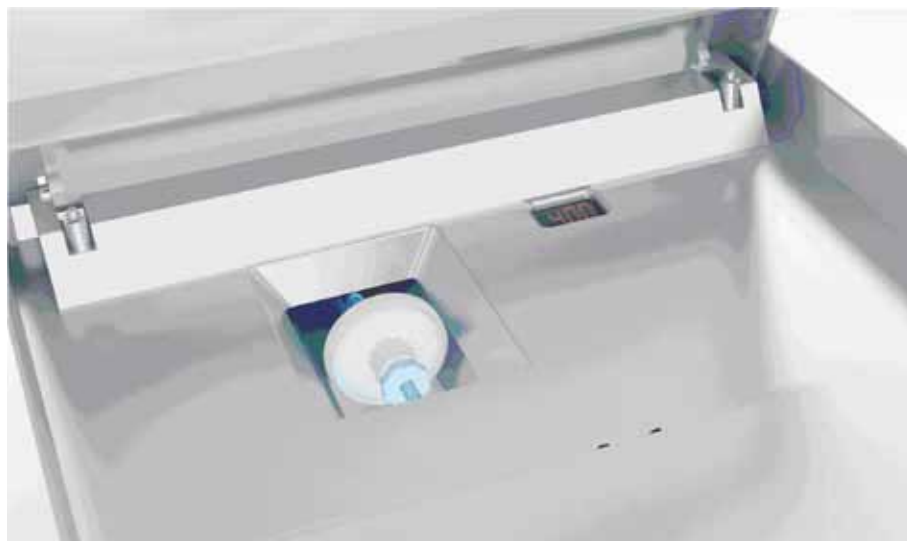
注意：作为预防性维护，更换净化过滤器或清洁净化管是不必要的。

开展过滤器检查

1. 打开 QIAxcel Advanced。
2. 启动 QIAxcel ScreenGel 软件。
3. 在维修环境下访问系统检查标签页，按照指引开展过滤器检查（请参阅[过滤器检查](#)）。
4. 如果过滤器检查失败，更换过滤器并再次检测。

净化过滤器的更换

1. 打开维修门。
2. 取出净化过滤器。



注意：请勿用力拉管子。

3. 放入新的净化过滤器，并与连接器紧紧连接。
4. 再次开展过滤器检查。

注意：如果过滤器检查再次失败，继续净化管清洁程序（如下）。

向 QIAGEN 订购额外的过滤器。

过滤器、5、更换、QX；请联系 QIAGEN 技术服务。

净化管的清洁

随 QIAxcel Advanced 仪器送达的 Purge Line Cleaning Kit 包含了一个清洁刀片、一个 120 ml 注射器、管子和额外的净化过滤器。

收集容器（如玻璃烧杯）和去离子水必须由用户提供。

步骤如下：

1. 从仪器中取出样品盒缓冲液槽，并关上样品门。
2. 从仪器中取出 QIAxcel 凝胶卡夹，将其置于 QX Cartridge Stand 中（请参阅[取出 QIAxcel 凝胶卡夹](#)）。
3. 小心擦拭接收器和净化口的凝胶碎片。
4. 确保您以“高级用户”在“DNA”模式登录。
5. 将清洁刀片放入卡夹托架中，并将智能钥匙插入插座。

6. 关闭卡夹门，并在 QIAxcel ScreenGel 软件中点击锁定。

注意：等待直至锁定完成，大约需 10 秒钟。

注意：如果自动锁定激活，在关闭卡夹门后清洁刀片将自动锁定。

7. 打开卡夹门，并检查清洁刀片是否卡紧，不能移动。
8. 打开维修门，取出净化过滤器（见上文）。
9. 将管子与靠近卡夹托架门的连接器连接，而另一端置于烧杯内（举例）。

注意：将管子连接到仪器后面的错误端可能会严重损害仪器。

10. 在 120 ml 注射器中装满去离子水，并与清洁刀片的管子连接。

11. 缓慢注水，并小心经过管子到达收集容器。

注意：当水注入管子时，不应有可察觉的阻力。如果察觉到阻力，在管子中装入少量水，等待几分钟，让干燥的凝胶溶解。再次尝试，看看阻力是否消失。如果没有，请联系 QIAGEN 的技术服务。

12. 等待 10 分钟。

13. 再次装满注射器，重复冲洗步骤。

14. 在注射器中装满空气，吹打几次，直至干燥的管子中无任何液滴。

15. 从仪器的连接器中取出干燥的管子。

16. 解除锁定清洁刀片，取出智能钥匙和清洁刀片。

注意：如果自动锁定激活，则智能钥匙取出后清洁刀片将自动解除锁定。

17. 放入一个新的净化过滤器（见上文）。

注意：紧紧连接净化过滤器，不要拔出管子。

18. 关上门，再次开展过滤器检查。

注意：如果过滤器检查再次失败，请联系 QIAGEN 的技术服务。

8. 疑难解答

8 疑难解答

本章节告诉您在使用 QIAxcel Advanced 和 QIAxcel ScreenGel 时如果出现错误该如何做。

如果您需要就某个错误联系 QIAGEN 的技术服务，请记录导致错误的步骤以及弹出对话框上的信息。这将帮助 QIAGEN 的技术服务专家解决错误。

8.1 系统安装

意见和建议	
仪器无法开机	
a) 电源线未连接	检查电源连接
b) 保险丝熔断	更换保险丝
计算机软件无法与系统通讯	
a) RS232 电缆未连接计算机和系统	检查 RS232 电缆的连接
b) 不正确的 COM 端口设置	检查 COM 端口设置（请参阅 设置 章节）
c) 固件版本与软件版本不匹配	如果从 QIAxcel ScreenGel 软件切换回 3.2.05 或更低版本的 BioCalculator 软件，在启动 3.2.05 或更低版本的 BioCalculator 软件之前，关闭并打开 QIAxcel Advanced 的电源开关。
d) 软件无法检测到 COM 端口	检查与 COM 端口相关的注册表项的用户权限。相关注册表项通常名为 <i>HKEY_LOCAL_MACHINE\SYSTEM\ControlSet001\Enum\ACPI\PNP0501\XXXXXX\DeviceParameters</i> 。确保用户“Everyone（每个人）”都至少有此项的阅读权限，否则如果 QIAxcel ScreenGel 正由不具有管理员权限的用户操作，则 COM 端口扫描程序（这在应用程序启动时调用）可能失败。
手提电脑上无串行端口	
一些手提电脑无串行端口	联系计算机制造商，索取适当的串行端口连接器。
QIAxcel ScreenGel 软件无法启动	
a) QIAxcel ScreenGel 软件未安装	按照 QIAxcel ScreenGel 软件。
b) Microsoft Windows 版本过低	QIAxcel ScreenGel 软件应在 Windows XP 和 Windows 7 上操作（请参阅 计算机和软件 ，了解详细信息）。

8.2 操作

意见和建议	
氮气瓶不能用很长时间	
a) 气体泄漏	仔细检查氮气瓶，确保它很紧。
b) 如果氮气瓶只能用几天，则可能内部泄漏	联系 QIAGEN 的技术服务。
样品托盘无法移动	
a) 放了运输锁	取出运输锁
b) 样品门未关闭	关闭样品门
无法将卡夹插入系统	
卡夹安装反了	确保卡夹前盖正对着系统的前面，并确认净化盖已取出。
卡夹无法锁定	
a) 氮气压力低	更换氮气瓶
b) 卡夹门打开	关闭卡夹门
c) 卡夹智能钥匙未插入	插入智能钥匙
无法运行系统	
a) 样品门和 / 或卡夹门打开	关闭样品门和 / 或卡夹门
b) 卡夹智能钥匙未检测到	插入卡夹智能钥匙
c) 压力低	更换氮气瓶

8.3 DNA 应用

意见和建议

通道中的 DNA 峰信号差异

新卡夹需要校准 校准卡夹（请参阅[校准卡夹](#)）。

通道中的峰迁移缓慢

- | | |
|----------------------|--|
| a) 凝胶卡夹毛细管中有气泡 | 开展 purge（净化）或 long purge（3 分钟净化）（请参阅 维护 ），去除气泡，或更换 QX Separation Buffer。 |
| b) 因温度低而导致电流过低 | 提高室温。 |
| c) 因毛细管尖端部分干燥而导致电流过低 | 开展 purge（净化）或 long purge（3 分钟净化），清洁毛细管尖端（请参阅 维护 ）。 |

QX Alignment Marker 的信号弱

降解 / 旧的 QX Alignment Marker 更换 QX Alignment Marker。

通道中无信号

- | | |
|--------------------|--|
| a) 无样品注入 | 检查样品体积（最少 10 µl） |
| b) 毛细管通道堵塞 | 通过净化方法清除阻塞（请参阅 维护 ）。如果这没有用，更换卡夹。 |
| c) 毛细管或卡夹中的光纤破裂 | 更换卡夹。 |
| d) 光源问题（LED 关闭） | 检查所有 LED 是否发光。联系 QIAGEN 的技术服务。 |
| e) 卡夹未净化 / 净化过滤器堵塞 | 开展过滤器检查。 |

通道中分辨率丧失

- | | |
|-------------------|--|
| a) 一些通道的凝胶陈旧或通道堵塞 | 开展 purge（净化）或 long purge（3 分钟净化），为通道中注入新胶，或重复净化方法几次，去除堵塞（请参阅 维护 ）。 |
| b) 饱和信号 | 减少样品注射时间或选择一个更合适的方法。 |
| c) 卡夹过期 | 使用新的卡夹。 |

过宽或饱和的 DNA 峰 / 条带

- | | |
|--------------|---|
| a) DNA 浓度过高 | 用 QXDNA Dilution Buffer 稀释 DNA 溶液。
减少注射时间。
选择一个适合高浓度 DNA 样品的方法（如 0H500[请参阅 附录 B]） |
| b) 通道破裂，背景过高 | 致电 QIAGEN 技术服务，更换卡夹。 |

意见和建议

DNA 信号过低

- | | |
|----------------|--|
| a) DNA 浓度过低 | 增加注射时间。
选择一个适合低浓度 DNA 样品的方法 (如 0L500[请参阅 附录 B]) |
| b) 样品溶液中的盐浓度过高 | 脱盐或稀释 DNA 样品, 降低盐浓度, 增加 DNA 注射。 |

分离电流 (μA) 过低

- | | |
|-----------------------------|--------------------------|
| a) QX Separation Buffer 被污染 | 更换 QX Separation Buffer。 |
| b) 毛细管通道阻塞 | 更换 QIAxcel 凝胶卡夹。 |

分离电流 (μA) 过高

- | | |
|-----------------------------|---------------------------------------|
| a) QX Separation Buffer 被污染 | 更换 QX Separation Buffer。 |
| b) 样品溶液中的盐浓度过高 | 脱盐或用 QXDNA Dilution Buffer 稀释 DNA 样品。 |

凝胶图像文件夹中的数据挤在一起

- | | |
|---|---|
| a) 在第一个峰之前或最后一个峰之后检测到多余的峰 | 去除多余的峰和 / 或重设参数设置 (请参阅 分析 章节)。 |
| b) 错误的峰被识别, 作为比对的第一个峰或最后一个峰 | 去除多余的峰和 / 或重设参数设置 (请参阅 分析 章节)。 |
| c) 上面的 alignment marker 丢失, 或低于阳性阈值设置 | 手动添加 alignment marker, 重新处理数据, 并为下一次运行更换新 marker。 |
| d) 样品信号太强, 导致 alignment marker 低于阳性阈值设置 | 稀释样品或使用 H 方法进行样品分析 (请参阅 附录 B)。 |

数据未比对

- | | |
|---|--------------------------|
| a) 上面的 marker 丢失 | 更换成新的 alignment marker。 |
| b) 因气泡引起的迁移问题 | 净化并再次运行样品。 |
| c) 因温度过低引起的迁移问题 | 提高分离温度。 |
| d) “Analysis (分析)” 环境中的 “Analysis (分析)” 按钮未激活 | 激活 “Analysis (分析)” 按钮。 |

意见和建议

结果表格中无大小检出

参照 marker 被关闭 选择正确的 marker 表格。

错误的大小检出

- a) 使用了错误的参照 marker 表格 选择正确的 marker 表格。
- b) 参照 marker 表格设置错误 确保参照 marker 表格中 Reltime 和 size (bp) 列的峰数量相同。
- 上面的 alignment marker 出现在两个峰中 稀释样品或更改参数设置。

8.4 RNA 应用

意见和建议

比对关闭

- | | |
|------------------------|--|
| a) 第一个峰低于阳性
阈值 | 降低阳性阈值 (请参阅 修改分析概况)。
污染, 例如盐污染都可能导致个别通道的异常迁移, 它可能太大, 影响正确比对。使用较少样品或对 RNA 样品进行再次纯化, 使迁移延迟。 |
| b) 降解 / 旧的校准
marker | 更换校准 marker。 |

rRNA (28S/18S) 的比值过低

- | | |
|----------|------------|
| RNA 样品降解 | 更换 RNA 样品。 |
|----------|------------|

RNA 样品的信号过低

- | | |
|---------------|--|
| a) RNA 样品的浓度低 | 将样品体积增加至 5 µl。将样品与等体积的 RNA 上样缓冲液混合。例如, 如果使用了 2 µl RNA 样品, 则与 2 µl RNA 上样缓冲液混合。 |
| b) RNA 样品降解 | 更换 RNA 样品。 |

RNA 峰过宽

- | | |
|--------------|--------------------|
| a) RNA 样品降解 | 更换 RNA 样品。 |
| b) RNA 变性不完全 | 重复 RNA 变性过程。 |
| c) 缓冲液太久 | 每 25 次运行更换一次分离缓冲液。 |

只有 18S RNA 峰被检测到

- | | |
|-----------|--------------|
| RNA 变性不完全 | 重复 RNA 变性过程。 |
|-----------|--------------|

通道中的校准 marker 信号差异

- | | |
|-------------------------------------|------------------------------------|
| a) 新卡夹需要校准 | 校准卡夹 (请参阅 校准卡夹)。 |
| b) 卡夹强度校准不正确 | 校准卡夹 (请参阅 校准卡夹)。 |
| c) 降解 / 旧的 QX
Calibration Marker | 更换 QX Calibration Marker |

意见和建议

一些通道的峰迁移延迟

- | | |
|-------------------------------|--|
| a) 毛细管中有气泡 | 通过长时间净化来去除气泡（请参阅 维护 ）。 |
| b) 校准 marker 或 RNA
样品管中有气泡 | 去除这些管中的气泡。 |

8.5 蛋白应用

意见和建议

通道中缓慢的峰迁移时间

- | | |
|-------------------|--|
| a) 凝胶卡夹中有气泡 | 运行一次 purge 或 long purge (详见 维护 章节) 以去除气泡, 或更换 QX Separation Buffer |
| b) 部分干的毛细管头导致电流太低 | 运行一次 purge 或 3 分钟 purge 以清理毛细管头 (见 维护 章节)。 |

QX Pro Alignment Marker 信号弱

- | | |
|----------------------------------|----------------------------|
| 降解的 / 旧的 QX Pro Alignment Marker | 更换 QX Pro Alignment Marker |
|----------------------------------|----------------------------|

通道中没有信号

- | | |
|---------------------------|---|
| a) 没有吸入样品 | 检查样品体积 (最少需要 10 µl)。 |
| b) 堵塞的毛细管通道 | 用 purge 方法清除堵塞 (见 维护)。如果无效, 换个卡夹。 |
| c) 卡夹内的毛细管断裂或光纤断裂 | 更换卡夹 |
| d) 光源问题 (LED 熄灭) | 检查 LED 是否亮着。联系 QIAGEN 技术支持。 |
| e) 卡夹无法 purge/purge 过滤器堵塞 | 进行过滤器检测。 |

通道丢失分辨率

- | | |
|---------------------|--|
| a) 一些通道中的胶是旧的或通道堵塞了 | 进行 purge 或 3 分钟 purge 以使通道充满新鲜的胶, 或重复 purge 方法数次以清除堵块 (见 维护) |
| b) 过期的卡夹 | 使用新的卡夹 |

宽的或饱和的蛋白峰 / 带

- | | |
|--------------|---|
| a) 蛋白浓度过高 | 用 QX Pro Labeling Buffer 稀释样品。
减少进样时间。
选择一个针对高浓度样品的方法 (如, PH800s4kv)。 |
| b) 高背景的断裂的通道 | 联系 QIAGEN 技术支持或更换卡夹。 |

蛋白信号过低

- | | |
|---------------|---|
| a) 标记后蛋白浓度过低 | 增加进样时间。
选择针对低浓度样品的方法 (如 PL800s4kV) |
| b) 样品溶液中盐浓度过高 | 通过缓冲液置换去除样品中的盐 (胶过滤, 超滤, 沉淀)。 |
| c) 蛋白中的干扰物 | 通过胶过滤更换缓冲液 |

意见和建议

分离电流 (μA) 过低

- | | |
|--------------------------------|------------------------------|
| a) QX Pro Separation Buffer 不足 | 更换 QX Pro Separation Buffer。 |
| b) 堵塞的卡夹通道 | 更换 QIAxcel 卡夹 |

分离电流 (μA) 过高

- | | |
|-----------------------------|-------------------------|
| a) QX Separation Buffer 受污染 | 更换 QX Separation Buffer |
| b) 样品中的盐浓度过高 | 标记样品前对蛋白样品进行脱盐处理 |

出现假穗峰

- | | |
|--------------------|---|
| a) 检测到不是来源于样品中蛋白的峰 | 删除额外的峰并 / 或重新设置参数设定(见 分析 章节)。 |
|--------------------|---|

数据挤在胶图文件夹里

- | | |
|--|--|
| a) 在第一个峰前或最后一个峰后检测到了额外的峰 | 删除额外的峰并 / 或重置参数设定 (见 分析 章节)。 |
| b) 将错误的峰识别为第一个峰或最后一个峰用于对齐 | 删除额外的峰并 / 或重置参数设定 (见 分析 章节)。 |
| c) 高位或低位 alignment marker 缺失或低于 alignment marker 的阈值设定 | 手动添加 alignment marker 并重新处理数据。 |

数据没有对齐

- | | |
|--------------------------|--|
| a) alignment marker 的峰缺失 | 更换 alignment marker 或手工编辑 alignment marker 峰 (峰高低) |
| b) 由气泡引起的迁移问题 | purge 并重新运行样品 |
| c) 由低环境温度造成的迁移问题 | 增加分离时间 |
| d) 数据分析没有正确的进行 | 重新对样品进行分析 (见 分析 章节)。 |

结果表格里没有分子量检出结果

- | | |
|---------------------------|---|
| a) 关闭了 reference marker | 选择正确的 marker 表, 并建立一个 reference marker |
| b) reference marker 表设置问题 | 确定在 Rel.Time 和 Size (bp) 列里的峰的数目与 reference marker 表里的一致。如果需要可以删除峰。 |

意见和建议

胶图里没有大小刻度

- | | |
|---------------------------------|--------------------------------|
| a) 数据没有对齐 | 确认所有 alignment marker 都正确识别了。 |
| b) 样品用了不同的 reference marker 表分析 | 用同一个 reference marker 表分析检视的样品 |

蛋白的分子量偏移

- | | |
|-------------------|---|
| a) 表观分子量与理论分子量有区别 | 对样品进行脱盐或用 QX Pro Labeling Buffer 稀释样品。在开始标记之前用相应蛋白所使用的同样的缓冲液将 size marker 稀释到适当的浓度 (5 μ l size marker + 15 μ l sample buffer)。使用没经过进一步稀释的标记后的 size marker 进行分析。 |
|-------------------|---|

本页故意留空

9. 词汇表

9 词汇表

术语	描述
缓冲液槽	缓冲液槽是一个可移动的塑料槽，它位于 QIAxcel Advanced 的缓冲液槽支架上，装有 QX Separation 和 Wash Buffer，以及 QX Intensity 和 Alignment Marker。
缓冲液槽支架	缓冲液槽支架位于 QIAxcel Advanced 内，样品门下方。在样品分析之前，将装有 QX Separation 和 Wash Buffer，以及 QX Intensity 和 Alignment Marker 的缓冲液槽置于缓冲液槽支架内。
卡夹门	此门让 QIAxcel 凝胶卡夹可加载到 QIAxcel Advanced 内。在 QIAxcel Advanced 的操作过程中，此门应保持关闭。
通道	每个 QIAxcel 凝胶卡夹有 12 个通道（毛细管），让待分析的样品通过。
方法	方法是命令和参数的集合，可应用到单个样品运行。系统预装了多个默认方法。
矿物油	覆盖溶液和 / 或样品，以防止蒸发。
氮气门	氮气门位于样品门的右侧，允许氮气瓶的插入和取出。
位置	包含某些东西的架子 / 平板的区域。具体例子是微孔板中的孔和样品板支架中的插槽。
电源开关	位于 QIAxcel Advanced 后面左下角的按钮。它让用户可打开和关闭 QIAxcel Advanced。
“进程概况 (process profile)”	这定义了数据获得的设置。定义电泳运行的所有参数。
净化口	净化口位于 QIAxcel Advanced 仪器内，与 QIAxcel 凝胶卡夹的净化孔对齐。
QX Alignment Marker	实现样品迁移时间的校准。
QXDNA or RNA Dilution Buffer	实现浓缩样品的稀释。
QX 或 QX Pro Alignment Marker	允许计算样品的迁移时间
QX DNA, RNA, 或 Pro Separation Buffer	允许在 QIAxcel 凝胶卡夹上分离 DNA, RNA 或蛋白分子。
QXDNA or RNA Separation Buffer	实现 QIAxcel 凝胶卡夹中 DNA 或 RNA 分子的分离。
QXDNA or RNA Size Marker	实现参照 marker 表格的创建，让 DNA/RNA 的大小和 / 或浓度确定成为可能。

术语	描述
QXDNA or RNA Wash Buffer	用于毛细管尖端的清洗，以防止交叉污染。
QX Intensity 或 QX Pro Calibration Marker	实现每个新的凝胶卡夹中信号强度的校准。
样品门	此门让您能接触到样品板支架和缓冲液槽支架。在 QIAxcel Advanced 的操作过程中，此门应保持关闭。
样品板支架	样品板支架位于 QIAxcel Advanced 内，样品门的下方。包含待分析样品的 96 孔板或样品联管可置于样品板支架中。
维修门	此门让您能接触到净化过滤器和压力计。
智能钥匙	QIAxcel 凝胶卡夹附带的这个钥匙拥有卡夹相关的信息(如卡夹识别符、卡夹状态和运行数量)。智能钥匙应当插入 QIAxcel Advanced 的智能钥匙插座中，实现样品分析。
智能钥匙插座	智能钥匙插座让 QIAxcel Advanced 仪器能够读取和显示智能钥匙的信息。

本页故意留空

10. 附录

10 附录

本附录包含了技术数据、QIAxcel 的方法和配件、数据分析算法的介绍，以及保修条款。

10.1

附录 A

技术数据

QIAGEN 保留随时更改参数的权利。

环境条件

操作条件

电源	100–240 V AC, 50–60 Hz, 360 VA
过压类别	II
温度	15–30°C (59–86°F)
相对湿度	10–75% (非冷凝)
海波	不高于 2000 m (6500 ft.)
操作地点	仅限室内使用。
污染级别	2
环保分类	3K2 (IEC 60721-3-3)

运输条件

温度	制造商包装内 –25°C 至 60°C (–13°F 至 140°F)
相对湿度	不超过 75% (非冷凝)

储存条件

温度	制造商包装内 15°C 至 30°C (59°F 至 86°F)
相对湿度	不超过 75% (非冷凝)

机械数据和硬件特征

尺寸 (关门)	宽: 370 mm (14.57 in.) 高: 405 mm (15.94 in.) 深: 555 mm (21.85 in.)
尺寸 (开门)	宽: 370 mm (14.57 in.) 高: 706 mm (27.80 in.) 深: 555 mm (21.85 in.)
重量	27 kg (59.52 lb.)
容量	每次运行最多 96 个样品
软件	QIAxcel Advanced 覆盖的 QIAxcel ScreenGel 软件提供了默认的操作步骤。升级的操作步骤可从 www.qiagen.com/QIAxcelAdvanced 上下载。

废旧电气和电子设备 (WEEE)

本章节提供了用户处理废旧电气和电子设备的信息。

打叉的带轮垃圾桶标志（见下图）表示本产品不能与其他废弃物一同处理；根据当地的法律和法规，它必须送到经过批准的处理机构或指定的收集点，进行回收。

处理时废旧电子设备的单独收集和回收有助于节约自然资源，并确保该产品是以保护人类健康和环境的方式回收的。



一经要求，QIAGEN 可提供回收，但收取额外的费用。在欧盟，根据特定的 WEEE 回收要求，当 QIAGEN 提供替代产品时，它也提供带 WEEE 标志的电子设备的免费回收。

如果要回收电子设备，请联系您当地的 QIAGEN 销售办事处，索取必需的表格。一旦提交表格，QIAGEN 将会联系您索取安排电子废弃物收集的后续信息，或为您提供单独的报价。

FCC 声明

“美国联邦通讯委员会”(USFCC)(47 CRF 15.105)宣布,本产品的用户必须被告知以下事实和情况。

本设备符合 FCC 的第 15 部分条款。其操作符合以下两个条件:(1) 本设备不会造成有害干扰,(2) 本设备必须接受任何外来干扰,包括那些可能导致意外操作的干扰。

这种 A 类电子装置符合加拿大 ICES-003。

下列声明适用于本手册所覆盖的产品,除非另有说明。其他产品的声明将出现在所附文件上。

注意:根据 FCC 规定中的第 15 部分条款,本设备经过检测,并符合 A 类数字设备的限制。当设备在商业环境中运行时,这些限制旨在提高合理的保护,防止有害干扰。本设备产生、使用,并可能辐射无线电频率能量,如果不安装说明书安装和使用,可能会造成对无线电通讯的有害干扰。在住宅区操作此设备可能会导致有害干扰,在这种情况下,用户必须自费校正干扰。



QIAGEN GmbH, Germany 对本设备的未经授权改造或连接非 QIAGEN GmbH, Germany 指定的连接电缆和设备不负有任何责任。这种未经授权的改造、替换或连接所引起的干扰校正应当由用户负责。

符合声明

公司的名称和地址

QIAGEN GmbH

QIAGEN Strasse 1

40724 Hilden

Germany

我们郑重声明，产品

QIAxcel Advanced

符合以下欧盟指令的所有适用要求

Low Voltage Directive (LVD)
Electromagnetic
Compatibility Directive (EMC)

2006/95/EC

2004/108/EC

以及相关的统一标准

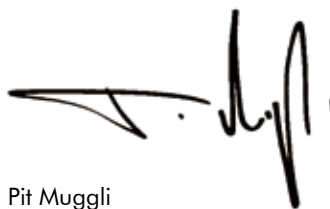
IEC 61010-1 (Ed. 2)

IEC 61010-2-081 (Ed.1)

IEC 61326-1

EN 61000-6-2

2011 年 4 月 1 日，Hombrechtikon



Pit Muggli

质量和合规性自动化系统高级主管



10.2

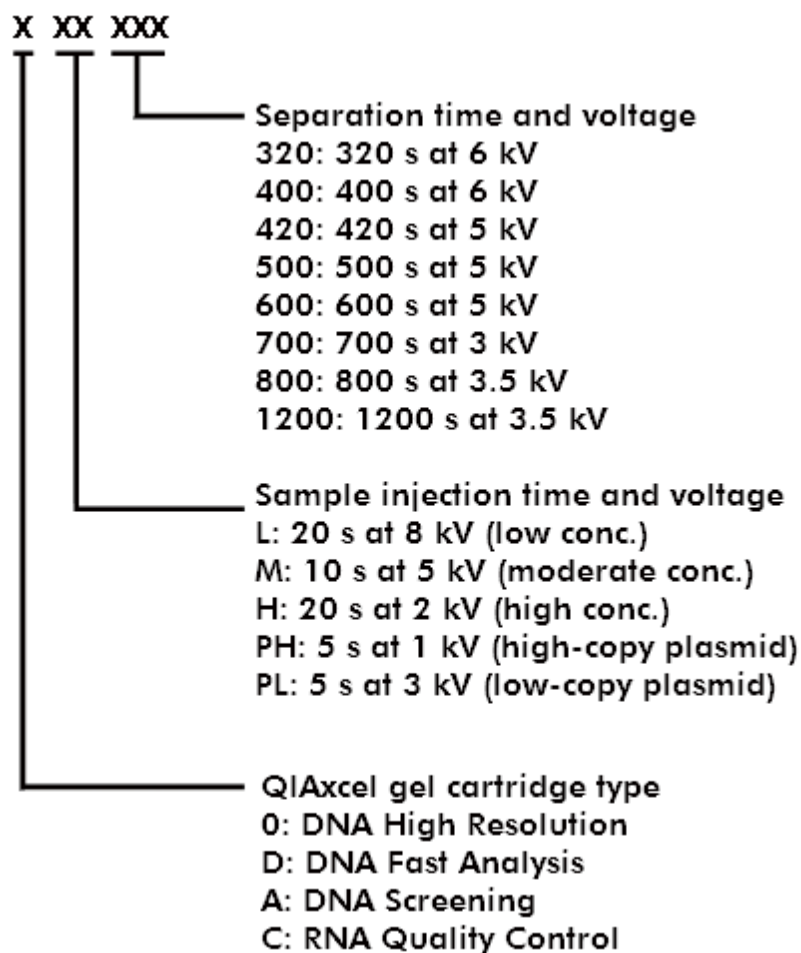
附录 B

QIAxcel Advanced 的方法

每个 QIAxcel 试剂盒都有多个默认方法。注意,只有特定卡夹类型适用的方法才能选择。

注意: 如果您需要创建一个自定义方法,请联系 QIAGEN 的技术服务。

每个方法名都是一个缩写,提供了正在使用的特定 QIAxcel 试剂盒 /QIAxcel 凝胶卡夹的信息,样品注射时间和电压,以及分离时间和电压,如下文所述。



方法名缩写的介绍

请在下面找到每个 QIAxcel 凝胶卡夹类型可用方法的完整列表,以及关于其相关片段大小和最佳分辨率的信息。

QIAxcel DNA 高分辨率方法

QIAxcel DNA 高分辨率凝胶卡夹是为高分辨率（3–5 bp）的基因分型、高分辨率多重 PCR 和小于 20 个片段的 AFLP/RFLP 分析而设计的。此凝胶卡夹可分离大小在 15 bp–10 kb 的片段。分辨率取决于片段大小和运行分析的方法：

使用 QIAxcel DNA High Resolution Kit 的方法选择指引

Method	Fragment size			
	100–500 bp	500 bp – 1 kb	1–5 kb	5–10 kb
Best resolution				
OM400* OL400† OH400‡	20 bp	100 bp	500 bp	N/A
OM500* OL500† OH500‡	10 bp	50 bp	200 bp	N/A
OM700* OL700† OH700‡	3–5 bp	N/A	N/A	N/A
OM800* OL800† OH800‡	3–5 bp	N/A	N/A	N/A
OM1200* OL1200† OH1200‡	N/A	N/A	500 bp – 1 kb	1– 1.5 kb

* 对于 10–100 ng/μl 的 DNA 浓度（如对基因组 DNA 经过 30–40 个循环扩增的 PCR 产物），我们建议使用 OM400、OM500、OM700、OM800 和 OM1200 方法。

† 对于 <10 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 OL400、OL500、OL700、OL800 和 OL1200 方法。

‡ 对于 >100 ng/μl 的 DNA 浓度（如高产量 PCR 产物），我们建议使用 OH400、OH500、OH700、OH800 和 OH1200 方法。

M 方法

对于 10–100 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 OM400、OM500、OM700、OM800 和 OM1200 方法。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
OM400	5	10	6
OM500	5	10	5
OM700	5	10	3
OM800	5	10	3
OM1200	5	10	3.5

* 样品注射时间可调整（最少 1 秒；最多 60 秒）。如果信号已饱和，峰显示为平的顶部，则减少注射时间。如果信号低于默认设置阳性阈值的 7%，则增加样品注射时间。

L 方法

对于 <10 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 OL400、OL500、OL700、OL800 和 OL1200 方法。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
OL400	8	20	6
OL500	8	20	5
OL700	8	20	3
OL800	8	20	3
OL1200	8	20	3.5

* 样品注射时间可调整（最少 1 秒；最多 60 秒）。如果信号已饱和，峰显示为平的顶部，则减少注射时间。如果信号低于默认设置阳性阈值的 7%，则增加样品注射时间。

H 方法

对于 >100 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 0H400、0H500、0H700、0H800 和 0H1200 方法。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
0H400	2	20	6
0H500	2	20	5
0H700	2	20	3
0H800	2	20	3
0H1200	2	20	3.5

* 样品注射时间可调整（最少 1 秒；最多 60 秒）。如果信号已饱和，峰显示为平的顶部，则减少注射时间。如果信号低于默认设置阳性阈值的 7%，则增加样品注射时间。

注意：未纯化的 PCR 产物包含 dNTP 和引物，它们可能会贡献光密度 (OD)，造成 DNA 浓度的过高估计。

QIAxcel DNA 筛查方法

QIAxcel DNA 筛查试剂盒是为低分辨率 (>20 bp) 的基因分型、低分辨率多重 PCR、单个 PCR 筛查、质粒 DNA 消化检查以及质粒和寡核苷酸 DNA 的质量检查而设计的。此凝胶卡夹可分离大小在 15 bp-5 kb 的片段。分辨率取决于片段大小和运行分析的方法：

使用 QIAxcel DNA Screening Kit 的方法选择指引

Method	Fragment size		
	<500 bp	500 bp – 1 kb	1–5 kb
	Best resolution		
AM320*	20 bp	100 bp	500 bp
AL320†			
AH320‡			
AM420*	20 bp	100 bp	500 bp
AL420†			
AH420‡			
APH600	Uncut plasmid DNA checking		
APL600			

* 对于 10–100 ng/μl 的 DNA 浓度（如基因组 DNA 扩增后 [30–40 个循环] 的 PCR 产物），我们建议使用 AM320 和 AM420 方法。

† 对于 <10 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 AL320 和 AL420 方法。

‡ 对于 >100 ng/μl 的 DNA 浓度（如高产量 PCR 产物），我们建议使用 AH320 和 AH420 方法。

M 方法

对于 10–100 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 AM320 和 AM420 方法，不过对于洗脱液中的高拷贝质粒 DNA (50–300 ng/μl)，我们建议使用 APH600 方法。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
AM320	5	10	6
AM420	5	10	5
APH600	1	5	6

L 方法

对于 <10 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 AL320 和 AL420 方法，不过对于洗脱液中的低拷贝质粒 DNA (<50 ng/μl)，我们建议使用 APL600 方法。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
AL320	8	20	6
AL420	8	20	5
APL600	3	5	6

* 样品注射时间可在 5–40 秒之间调整，以便获得最佳的信号。如果信号已饱和，峰显示为平的顶部，则减少注射时间。如果信号低于默认设置阳性阈值的 7%，则增加样品注射时间。

H 方法

对于 >100 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 AH320 和 AH420 方法。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
AH320	2	20	6
AH420	2	20	5

* 样品注射时间可在 5–40 秒之间调整，以便获得最佳的信号。如果信号已饱和，峰显示为平的顶部，则减少注射时间。如果信号低于默认设置阳性阈值的 7%，则增加样品注射时间。

注意：未纯化的 PCR 产物包含 dNTP 和引物，它们可能会贡献光密度 (OD)，造成 DNA 浓度的过高估计。

QIAxcel DNA 快速分析方法

QIAxcel DNA Fast Analysis Gel Cartridge 是为 PCR 片段的快速分析设计的。凝胶卡夹可分离大小在 15 bp–3 kb 的片段。

注意：QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge、QXDNA Size Marker 50 bp – 1.5 kb 和相应的方法不适合浓度确定。

使用 QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge 的方法

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)
DM80	15	8	15
DM80 v2.0†	15	8	15
DM150	10	10	10
DM190	10	15	10

* 样品注射时间可调整（最少 1 秒；最多 40 秒）。为了获得最佳的信号，我们建议最少 5 秒，最多 15 秒。

† DM80 v2.0 在运行之间含有一个长的清洗时间，因此改善了背景水平。

QIAxcel RNA 质量控制方法

QIAxcel RNA Quality Control Gel Cartridge 是为总 RNA、cRNA、片段化 RNA 和单链 cDNA 的质量控制而设计的。

- 对于浓度在 250-500 ng/μl 的片段化 RNA 和片段化 DNA，我们建议使用 CM-F-RNA 方法。
- 对于浓度在 300-1000 ng/μl 的总 RNA 或浓度在 100-500 ng/μl 的 cRNA，我们建议使用 CM-RNA 方法。
- 对于浓度在 50-300 ng/μl 的总 RNA 或浓度低于 100 ng/μl 的 cRNA，我们建议使用 CL-RNA。

注意：浓度 >1 μg/μl 的总 RNA 和 cRNA 应当在变性前用无菌 DEPC 水稀释至 1 μg/μl。

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)	Separation time (s)
CM-FRNA	7	20	3	600
CM-RNA	5	20	6	600
CL-RNA	8	20	6	600

* 样品注射时间可在 5-40 秒之间调整，以便获得最佳的信号。如果信号已饱和，峰显示为平的顶部，则减少注射时间。如果信号低于默认设置阳性阈值的 7%，则增加样品注射时间。

蛋白方法

每个蛋白方法都由样品的注射时间和电压，以及分离时间和电压的缩写构成。

M 方法

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)	Separation time (s)
PM600s5kV	10	5	5	600
PM800s4kV	10	5	4	800
PM1000s3kV	10	5	3	1000
PM1200s4kV	10	5	4	1200

* 样品的注射时间可以调整（最少 1 秒；最多 60 秒）。如果信号饱和减少注射时间，饱和的信号峰顶是平的；如果信号低于默认设置的阳性阈值则增加注射的时间。

L 方法

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)	Separation time (s)
PL600s5kV	10	10	5	600
PL800s4kV	10	10	4	800
PL1000s3kV	10	10	3	1000

* 样品的注射时间可以调整（最少 1 秒；最多 60 秒）。如果信号饱和减少注射时间，饱和的信号峰顶是平的；如果信号低于默认设置的阳性阈值则增加注射的时间。

M 方法

Method	Sample injection voltage (kV)	Sample injection time (s)*	Separation voltage (kV)	Separation time (s)
PH600s5kV	5	10	5	600
PH800s4kV	5	10	4	800
PH1000s3kV	5	10	3	1000

* 样品的注射时间可以调整（最少 1 秒；最多 60 秒）。如果信号饱和减少注射时间，饱和的信号峰顶是平的；如果信号低于默认设置的阳性阈值则增加注射的时间。

10.3

附录 C

QIAxcel 的配件

Product	Contents	Cat. no.
QIAxcel Advanced	Automated system for fast and fully automated DNA fragment analysis or qualitative and quantitative RNA analysis, QIAxcel ScreenGel software, 1-year warranty on parts and labor	9001941
QIAxcel Advanced Priority Package	Capillary electrophoresis device: includes Priority Package with computer, QIAxcel ScreenGel Software, installation, training, 2- year warranty on parts and labor, and 2 preventive maintenance visits	9002124
QIAxcel Advanced Priority Package Plus	Capillary electrophoresis device: includes Priority Package Plus with computer, QIAxcel ScreenGel Software, installation, training, 3- year warranty on parts and labor, and 3 preventive maintenance visits	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)	For 100 runs of 12 samples: 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

Product	Contents	Cat. no.
QIAxcel Protein Kit (1200)	For 100 runs of 12 samples; comprises the QIAxcel Protein Cartridge Kit and the QIAxcel Protein Reagent Kit (includes buffers, markers, and labeling dye)	929204
DNA size markers		
QX DNA Size Marker pUC18/HaeIII (50 µl)	DNA size marker with 9 fragments: 80–587 bp	929550
QX DNA Size Marker FX174/HaeIII (50 µl)	DNA size marker with 11 fragments: 72–1353 bp	929551
QX DNA Size Marker 25bp – 1.8 kb (50 µl)	DNA size marker with 12 fragments: 25bp – 1.8 kb	929552
QX DNA Size Marker 100 bp – 2.5 kb (50 µl)	50 µl DNA size marker with 14 fragments: 100 bp – 2.5 kb	929559
QX DNA Size Marker 25–500 bp v2.0	50 µl DNA size marker with 17 fragments: 25–500 bp	929560
QX DNA Size Marker 50–800 bp v2.0	50 µl DNA size marker with 11 fragments: 50–800 bp	929561
QX DNA Size Marker 250 bp – 4 kb v2.0	50 µl DNA size marker with 11 fragments: 250 bp – 4 kb	929562
QX DNA Size Marker 250 bp – 8 kb v2.0	50 µl DNA size marker with 11 fragments: 250 bp – 8 kb	929563
Alignment markers		
QX Alignment Marker 15 bp/600 bp (1.5 ml)	Alignment marker with 15 bp and 600 bp fragments	929530
QX Alignment Marker 15 bp/1 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 15 bp and 1 kb fragments	929521
QX Alignment Marker 15 bp/3 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 15 bp and 3 kb fragments	929522
QX Alignment Marker 15 bp/10 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 15 bp and 10 kb fragments	929523
QX Alignment Marker 15 bp/5 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 15 bp and 5 kb fragments	929524
QX Alignment Marker 50 bp/500 bp (1.5 ml)	Alignment marker with 50 bp and 500 bp fragments	929525
QX Alignment Marker 50 bp/1 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 50 bp and 1 kb fragments	929526
QX Alignment Marker 15bp/400bp (1.5 ml) A	Alignment marker with 15 bp and 400 bp fragments	929527

Product	Contents	Cat. no.
QX Alignment Marker 50 bp/3 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 50 bp and 3 kb fragments	929528
QX Alignment Marker 50 bp/5 kb (1.5 ml)	Alignment marker with 50 bp and 5 kb fragments	929529
QX RNA Alignment Marker (1.5 ml)	RNA alignment marker	929510
QX Pro Alignment Marker (1.5 ml)	Protein Alignment marker	929531
Calibration marker		
QX Intensity Calibration Marker (600 µl)	600 µl QX Intensity Calibration Marker	929500
QX Pro Calibration Marker (0.6 ml)	600 µl QX Pro Calibration Marker	929501
Buffers		
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 Pro Separation Buffer (40 ml)	40 ml QX Pro Separation Buffer	929608
QX Pro Labeling Buffer (25 ml)	25 ml Pro Labeling Buffer	929609
QX Pro Labeling Dye	250 µg QX Pro Labeling Dye	929610
QX Pro Reduction Agent	75 mg QX Pro Reduction Agent	929611
QX FA Separation Buffer (40 ml)	40 ml QX Separation Buffer; for use with QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridges	929610
QX Wash Buffer (40 ml)	40 ml QX Wash Buffer	929604
QX Mineral Oil (50 ml)	50 ml QX Mineral Oil	929605
Accessories		
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

Product	Contents	Cat. no.
QX Nitrogen Cylinder (6)	6 x QX Nitrogen Cylinder	929705
QX Cartridge Purge Tool	QX Cartridge Purge Tool	9241169

For up-to-date licensing information and product-specific disclaimers, see the respective QIAGEN kit, handbook or user manual. QIAGEN kit handbooks and user manuals are available at www.qiagen.com or can be requested from QIAGEN Technical Services or your local distributor.

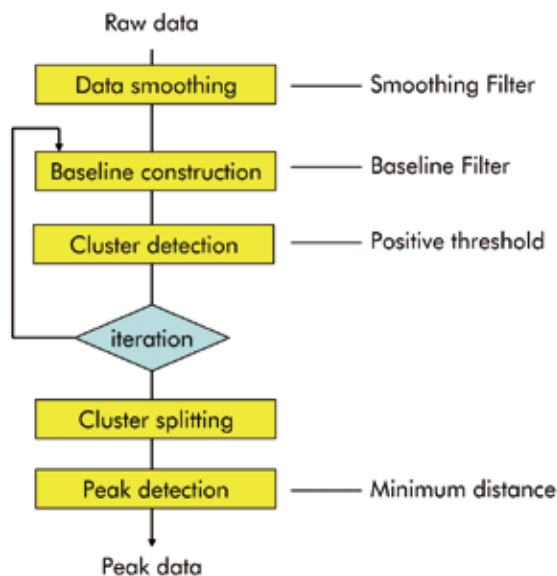
10.4

附录 D

DNA 分析算法的介绍

概要

下图显示了算法的流程图。数据分析的第一步是数据平滑处理。之后，使用一个迭代的方法来构建基线。基线构建的目标是有效去除峰但准确跟踪峰图中的其他任何物质，如基线漂移和转变。下一步是聚类检测。聚类定义为峰图中的数据子集，其中真实数据和构建的基线之间的信号差异极小。在这一步中，没有区分单个峰或基线未分离的多个峰。下一步是拆分包含一个以上峰的集群。最后，开展真正的峰检测，确定峰的顶点、起点、终点和面积。



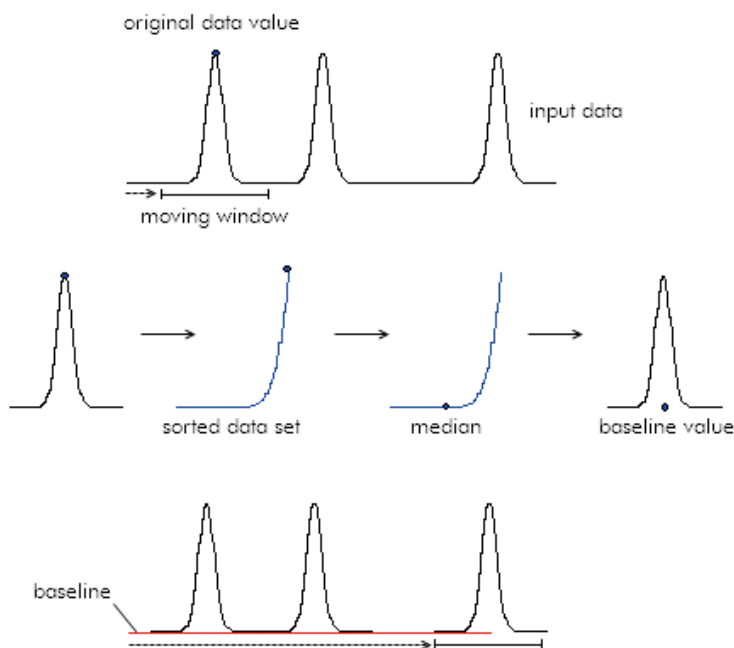
平滑处理

开展平滑处理，以提高数据的信噪比（S/N）。平滑处理是以 Savitzky-Golay 滤波及二阶多项式开展的。

基线构建

基线构建是基于移动的中值滤波。数据集的中值定义为按升序排序的数据集的中心点。移动的中值滤波将每个数据点更换为以数据点为中心的数据子集的中值，从而处理输入数据。

如果原始数据集是一个峰图，则电泳峰将向高端排序，因为它们有着较高的强度相对噪音峰。这意味着只要移动中值滤波的大小（滤波大小）至少是基线峰宽度的两倍，那个峰的数据点将永远不会到达数据子集的中心（中值），因此会被删除。



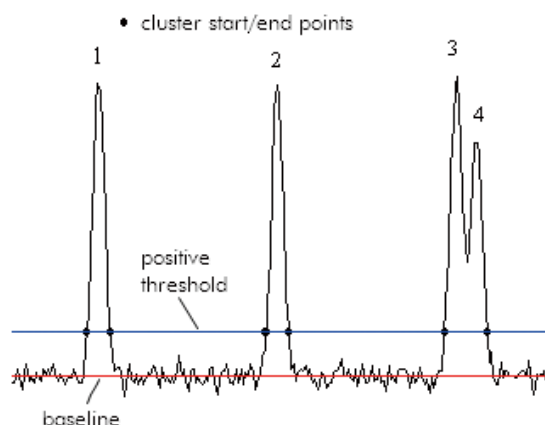
在数学上利用移动中值滤波构建基线的描述如下：

$$B(i) = \underset{x=i-r}{\overset{i+r}{Median}}(E(x))$$

其中 $B(i)$ 代表构建好的基线，而 $E(i)$ 代表峰图， r 代表滤波等级。

聚类检测

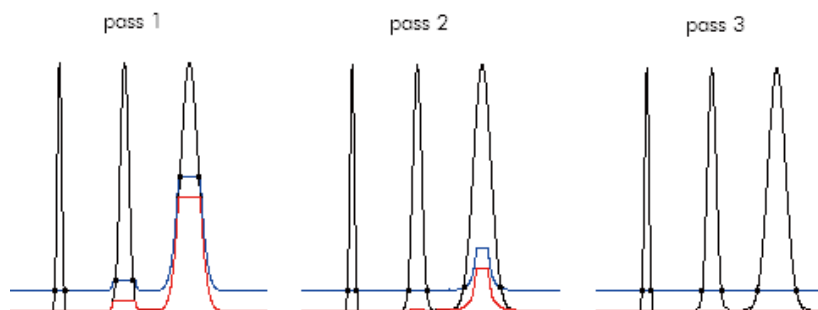
在基线构建之后，可开始真正的峰检测。此过程的第一步被称为聚类检测。聚类定义为峰图中的区域，即数据子集，其中原始数据和构建好的基线之间存在明显差异（详见下图）。寻找这些区域的参数是阳性阈值。阈值是一条与构建好的基线平行的虚拟直线，它标出峰要想检测到所必须有的最低高度（参照构建好的基线）。



鉴定出的区域可能包含一个峰（峰 1 和 2）或多个、基线未分离的峰（峰 3 和 4）。在任一种情况下，区域都被称为聚类。首先，聚类的起点和终点被标上点，即原始数据点与最低峰高阈值交叉的地方。

迭代过程

正如之前指出的，基线构建过程中峰的成功去除取决于基线滤波大小和峰的宽度。在某些情况下，这并不容易，有时甚至无法找到滤波大小和百分比点的值，实现峰图中所有峰的最佳去除。这对于峰宽各种各样的峰图（需要大的滤波）和非常不稳定的基线（需要小的滤波以准确保留这些相对高频率的基线干扰）尤其如此。下图显示了滤波太小对基线构建结果的影响。



在第一次通过时，峰 1 被去除，而在峰 2 和 3 中，构建好的基线开始跟随峰。若此算法没有进一步修饰，这将导致不准确的峰整合。为了解决此问题，算法迭代。这意味着多次通过基线构建和聚类检测，改善了每次通过的基线。整个迭代过程是基于即使第一次通过的基线构建并非最佳，通常大部分聚类仍能检测。

迭代过程的原理是将之前通过时获得的聚类信息用于优化这一次通过的基线构建。在下次通过时，与第一次相似，使用移动中值滤波来构建基线。然而，在确定基线之前，需要对上一次通过检测到的聚类与目前的滤波位置之间的重叠进行检查。如果检测到重叠，那些点将从分类的数据子集中删除，留下只对应原始峰图中基线点的数据点。如今采用这个经过缩减的新数据子集的中值，可确定基线的值。其他所有通过使用中值来计算基线点的值，推翻第一次通过时百分比点的设置。另一个百分比点的使用就不再必需，因为在确定基线值之前，几乎所有属于峰的数据点都已从分类数据子集中去除。然而，百分比点的值仍然在第一次通过的聚类检测结果中扮演重要角色。

第二次通过的图像显示了两次通过后计算的新基线。如今峰 2 下面的基线是正确的，但峰 3 下面的基线仍然不对。不过请注意，峰 3 的聚类起点和终点都相当靠近正确位置。因此，第三次通过将分类的数据子集中去除峰的更大部分，导致基线改善，如第三次通过所示。

聚类拆分

在聚类检测过程中，有着一个或几个峰的聚类将被确定。在聚类拆分步骤，将不止一个峰的聚类拆分成几个。这有助于下一步的峰检测。所使用的算法与聚类检测算法非常相似。通过迭代提高阈值，直至有着不止一个峰分解成几个聚类，从而开展聚类拆分。

峰检测

在聚类拆分之后，每个聚类只包含一个峰。寻找聚类中的最大数据点，确定峰的顶点。然后确定峰的确切起点和终点。为此使用两个标准；第一个标准将聚类的起点和终点定位于第一个点（两个方向，从聚类中间开始），其中原始数据与构建好的基线相互交叉。第二个标准检测万一存在重叠峰时聚类的边界（其中原始数据和基线未交叉）。在这种情况下，峰的起点和终点位于一些数据点的某个阈值之下的一阶导数的绝对值。从聚类的中间开始，聚类的起点和终点位于满足这两个标准的第一个点。

注意：在峰检测过程中，彼此太接近的峰会融合（基于最小距离参数）。为了确保重叠峰的检测，确保最小距离值小于两个峰之间的距离。如有必要降低最小距离，特别是当您的峰非常锐利且紧密分辨时。

10.5 附录 E

责任条款

如果维修或修改是由 QIAGEN 以外的人员来进行，则 QIAGEN 应解除其保修中的所有义务，除非本公司书面同意开展这种维修或修改。

保修中更换的所有材料将仅在原保修期内保修，而决不会超过原保修中的截止日期，除非本公司职员书面授权。读出设备、接口设备和相关软件仅在这些产品的原先制造商提供的期限内保修。任何人所作的陈述和保证，包括 QIAGEN 公司的代表，若与本保修协议中的条款不一致或冲突，而不具有对公司的约束力，除非书面写下并经过 QIAGEN 职员的批准。

凯杰企业管理（上海）有限公司
电话: 021-3865 3865
技术支持热线: 800-988-0325 400-880-0325
TechService-CN@qiagen.com
www.qiagen.com

