

英語版 January 2011 に対応

QIAxcel™ ScreenGel Software ユーザーマニュアル

QIAxcel システムで使用



Sample & Assay Technologies

目次

1	はじめに	6
1.1	コンピュータおよびソフトウェア	6
1.2	QIAxcel ScreenGel Software のインストール	6
1.3	ランの開始	7
2	QIAxcel ScreenGel Software	17
2.1	コンセプト	17
2.1.1	モード	17
2.1.2	ユーザーの権限	18
2.1.3	環境	19
2.1.4	プロファイル	20
2.1.5	ソフトウェアの一般的な使用	21
2.1.5.1	表でのデータの編集	22
2.1.5.2	エラーと警告の表示	23
2.1.5.3	変更の表示	25
2.1.5.4	ヘルプ	27
2.2	ユーザー認証	28
2.3	プロセス	31
2.3.1	高度なオプションでのプロセスの実行	33
2.3.1.1	サンプル情報の提供	39
2.3.2	プロセスプロファイルの変更	41
2.3.3	プロセスプロファイルのオプション	43
2.3.3.1	一般的なプロセスのオプションの選択	44
2.3.3.2	ランパラメータの選択	46
2.3.3.3	解析パラメータの選択	49
2.3.3.4	マーカーの選択	51
2.3.3.5	Binary peak definition table の選択	53
2.3.3.6	レポート/エクスポートパラメータの選択	54
2.3.3.7	ランパラメータと結果の構造	55
2.3.4	新規プロセスプロファイルの作成	58
2.3.5	メソッドの詳細の表示	60
2.3.6	ステータス情報パネル	61

2.4	処理解析	63
2.4.1	サンプルと実験の取り扱い	64
2.4.1.1	サンプルアイコンの意味	66
2.4.1.2	サンプルデータのロード	66
2.4.1.3	サンプルの選択	67
2.4.1.4	拡大および縮小	68
2.4.1.5	実験ファイルを有効にする	68
2.4.1.6	実験ファイルの保存	69
2.4.1.7	実験ファイルの終了	69
2.4.1.8	実験ファイルのインポート	69
2.4.1.9	実験ファイルのエクスポート	70
2.4.1.10	BioCalculator データのインポート	71
2.4.2	サンプルデータの表示	71
2.4.2.1	サンプルの表示への追加	72
2.4.2.2	サンプルを表示から削除	73
2.4.2.3	表示をクリップボードにエクスポート	74
2.4.2.4	Result テーブル	76
2.4.2.5	ゲル表示	79
2.4.2.6	エレクトロフェログラム表示	82
2.4.2.7	エレクトロフェログラムのオーバービュー	88
2.4.2.8	エレクトロフェログラム重ね合わせ表示	91
2.4.2.9	サンプルプロパティ	93
2.4.2.10	飽和シグナル	93
2.4.3	DNA の解析	95
2.4.3.1	DNA の解析手順	96
2.4.3.2	解析プロファイルの変更	100
2.4.3.3	新規解析プロファイルの作成	103
2.4.3.4	DNA リファレンスマーカーの作成	104
2.4.3.5	新規サイズマーカーテーブルの作成	106
2.4.3.6	Binary peak calling の実行	108
2.4.3.7	Binary peak definition table の変更	110
2.4.3.8	新規 binary peak definition table の作成	111

2.4.4	RNA の解析	112
2.4.4.1	RNA の解析手順	113
2.4.4.2	RNA リファレンスマーカーの作成	116
2.4.4.3	RNA 解析の手作業での修正	119
2.4.5	解析結果を手作業で変更	121
2.4.5.1	ピークの削除	121
2.4.5.2	ピークの追加	122
2.4.5.3	解析結果の削除	122
2.4.5.4	alignment marker のチェック	123
2.4.6	実験ファイルのカスタマイズ	124
2.4.6.1	新規実験ファイルの作成	124
2.4.6.2	実験ファイルの変更	125
2.4.7	レポート／エクスポート	128
2.4.7.1	レポートの生成	129
2.4.7.2	データのエクスポート	130
2.4.7.3	レポート／エクスポートプロファイルの変更	130
2.4.7.4	レポート／エクスポートオプション	131
2.4.7.5	新規レポート／エクスポートプロファイルの作成	139
2.4.8	BioCalculator サンプルデータのインポート	140
2.5	サービス	142
2.5.1	カートリッジのキャリブレーション	142
2.5.1.1	キャリブレーションウィザードの実行	143
2.5.1.2	カートリッジの再キャリブレーション	144
2.5.2	システムチェック	144
2.5.2.1	Complete Check	145
2.5.2.2	Detector Test	146
2.5.2.3	Filter Check	147
2.5.2.4	Movement Check	148
2.5.2.5	Leakage Test	149

2.5.3	メンテナンス	149
2.5.3.1	Purge	150
2.5.3.2	Long purge	151
2.5.3.3	Empty N2 bottle	152
2.5.3.4	Setting the instrument ID	152
2.5.3.5	Troubleshooting folder	153
2.6	Configuration	154
2.6.1	設定	154
2.6.2	プロファイル管理	159
2.6.3	ユーザー管理	159
3	用語集	161
4	Appendix	163

1 はじめに

この章では、QIAxcel ScreenGel Software のシステム要件とインストール方法について説明します。また、QIAxcel ScreenGel Software を使用してランを実行する方法についても簡単にまとめています。

1.1 コンピュータおよびソフトウェア

QIAxcel 装置と QIAxcel ScreenGel Software が動作する正しい仕様のコンピュータが、QIAxcel システムの一部として提供されていますが、別のコンピュータを使用して QIAxcel 装置を動作する、または QIAxcel ScreenGel Software を実行する場合、次の要件が必要です。

- Celeron® 540 CPU 1.86 GHz 以上
- 80 GB の空き容量のある、NTFS フォーマットのハードドライブ
- 512 MB RAM
- 画面解像度 1024 x 768 以上
- 9 ピンシリアルポートまたは I/O カード (I/O カードは QIAGEN からは提供していません。詳細については弊社テクニカルサービスまでご連絡ください)。
- Service Pack 3 適用の Microsoft® Windows® XP Professional または Microsoft Windows 7 Professional
- Adobe® Reader 8.2 以上 (PDF レポートの表示用)

1.2 QIAxcel ScreenGel Software のインストール

コンピュータのシステム要件については、1.1 章を参照してください。

QIAxcel ScreenGel Software のインストールが必要な場合、次のステップに従って行ないます。

1. Windows のコントロールパネルから、以前インストールした QIAxcel ScreenGel Software をアンインストールします。
2. CD をコンピュータの CD-ROM ドライブに入れます。
3. セットアップウィザードにより、QIAxcel ScreenGel Software のインストールが自動的に開始しますので、セットアッププロセスに従ってください。

重要：セットアップウィザードが自動的に開始しない場合、“My Computer” をダブルクリックして CD-ROM ドライブをダブルクリックします。**setup.exe** プログラムを起動します。これにより、QIAxcel ScreenGel Software のインストールが開始します。

4. ライセンス契約に同意します。
5. プログラムのインストールパスを選択します。デフォルトのパスは、**C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel** です。
6. 取得したデータとその他すべてのアプリケーションデータのデータパスを選択します。デフォルトのパスは次のとおりです。

- Microsoft Windows XP Professional では、**C:\Documents and Settings\All Users\Application Data\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel**

- Microsoft Windows 7 Professional では、**C:\ProgramData\QIAGEN\QIAxcel\ScreenGel**

注：このマニュアルでは、データパスはすべて %DATA_DIR% と記されています。

注：%DATA_DIR% ディレクトリとその下位ディレクトリは、メニュー項目 “File/Open Data Directory” を通じ、QIAxcel ScreenGel Software から直接 Windows Explorer で開くことができます。

7. インストール後、QIAxcel ScreenGel Software は、“QIAGEN/QIAxcel” の下にある Windows スタートメニューから、またはデスクトップアイコンから開始できます。

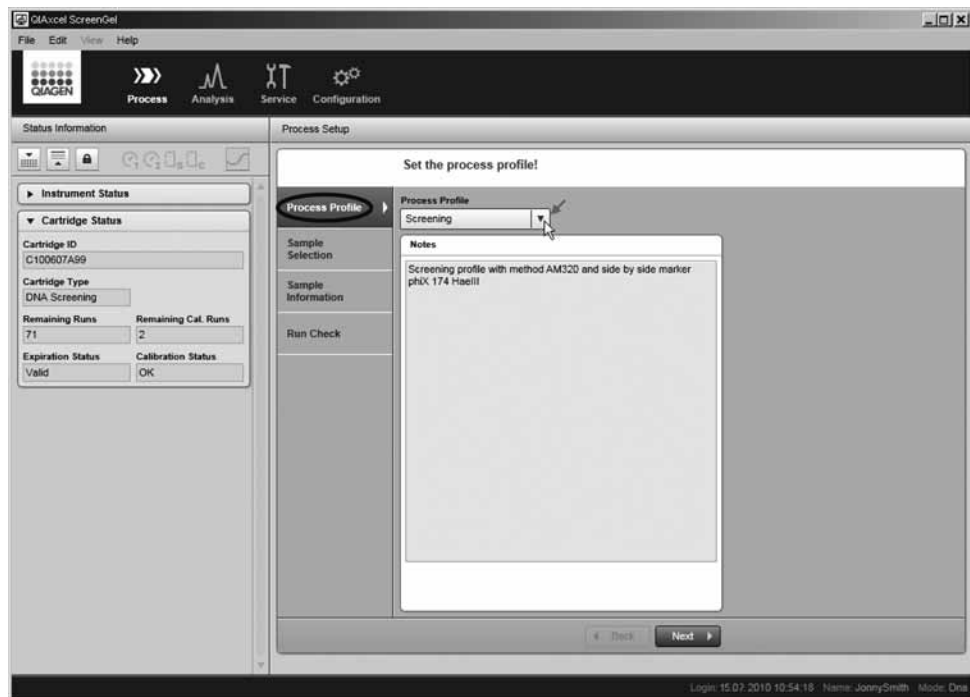
注：QIAxcel ScreenGel は、Microsoft が提供するいくつかのソフトウェアパッケージを使用します。これらのパッケージがシステムにインストールされていない場合、QIAxcel ScreenGel Software セットアップの開始時に自動的にインストールされます。関連するダイアログボックスが表示された後、“Install” ボタンをクリックして、これらの必要なソフトウェアパッケージをインストールします。

インストールされたソフトウェアパッケージによっては、セットアップに進む前にシステムの再起動が必要な場合があります。再起動後、インストール手順が自動的に再開します。

1.3 ランの開始

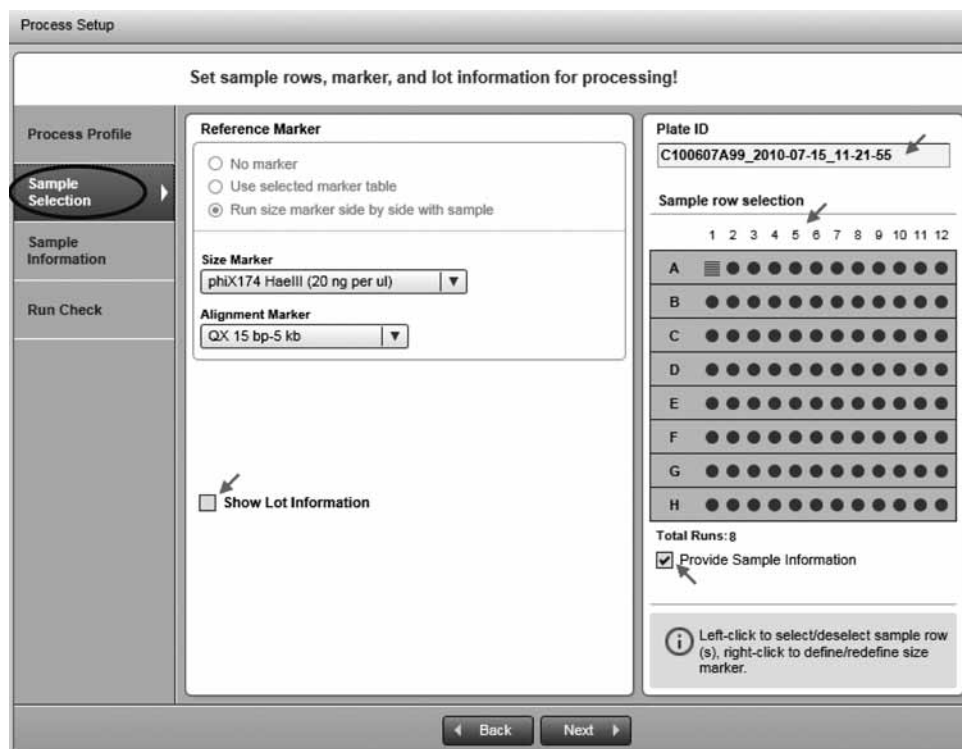
ルーチンユーザーは、QIAxcel ScreenGel Software のプロセスウィザードを使用して、既に定義されたプロファイルのみを実行できます（高度なプロセスオプションに関しては、33 ページの 2.3.1 章を参照）。ルーチンユーザーとしてランを実行するには、次のステップに従います。

1. QIAxcel システムの電源を入れます。装置は自動的に初期化操作を行いません。
2. コンピュータの電源を入れ、“QIAGEN/QIAxcel” の下にある Windows スタートメニューから、またはデスクトップアイコンから QIAxcel ScreenGel Software を起動します。
3. モード (DNA または RNA) を選択してログインします（詳細は 28 ページの 2.2 章を参照)。“Process” 環境が開き、プロセスウィザードの “Process Profile” の最初の画面が表示されます。
4. 使用する QIAxcel ゲルカートリッジをセットします。
注：“Process” 環境の左側にある “Status Information” で、カートリッジのステータスを調べることができます。詳細は 61 ページの 2.3.6 章を参照してください。
5. QX Alignment Marker の入ったバッファートレイをバッファートレイ・ホルダーに入れます。
6. サンプルストリップは A の位置に、96 ウェルプレートはサンプルプレートホルダーに置きます。
7. サンプルドアを閉めます。
注：装置のドアが閉まっている場合、バッファートレイは 5 分後に自動的に “Wash Park” ポジションに移動します。
8. QIAxcel ScreenGel Software で、“Process Profile” 画面で既定のプロセスプロファイルを選択します。



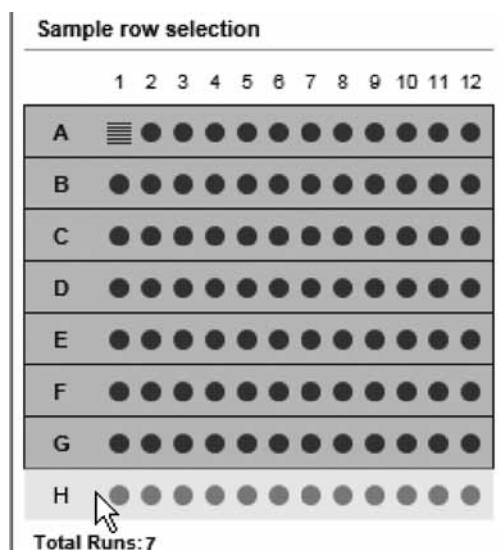
“Process Profile” 画面

9. 次の画面に進むには、“Sample Selection”  をクリックします。



“Sample Selection” 画面

10. 処理するサンプル列の選択は任意に変更できます。プロセスプロファイルで指定された列より少ない列を処理する場合には、このオプションを使用します。列を左クリックして、選択を解除／選択します。

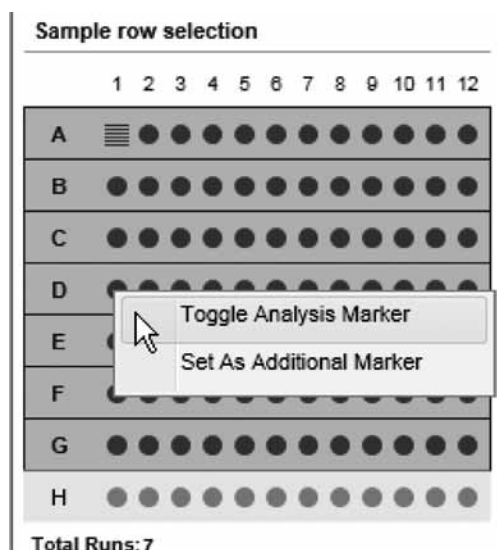


サンプル列 H の選択が解除された

注：サンプル列の変更は、使用するプロセスプロファイルで可能な場合にしか行なえません（46 ページの 2.3.3.2 章を参照）。

注：サイズマーカーを含む列の選択を解除することはできません。その場合には、まず次のステップに進んでから列の選択を解除します。

- オプションで、新たなマーカーポジションを右クリックして、プレートのサイズマーカーの位置を変更できます。表示されるコンテキストメニューから、オプション “Toggle Analysis Marker” を選択します。解析がプロセスプロファイルに含まれる場合には、このサイズマーカーを使用して自動解析が行なわれます。

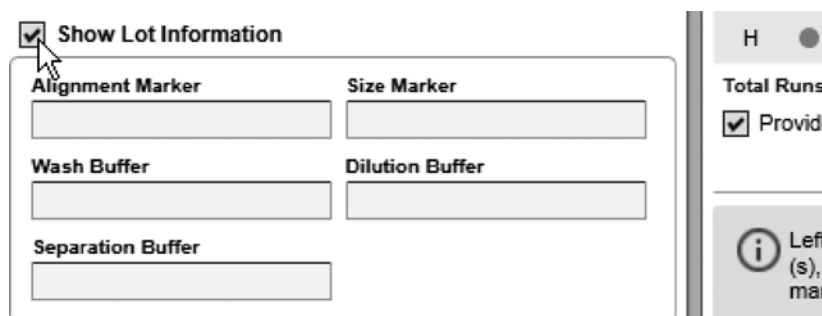


サイズマーカーの位置を D1 に変更する

注：サイズマーカーの位置は、使用するプロセスプロファイルで可能な場合にしか変更できません（46 ページの 2.3.3.2 章を参照）。

オプション：サンプルプレートに追加のサイズマーカーがある場合、追加サイズマーカーの位置を右クリックしてコンテキストメニューから “Set As Additional Marker” を選択します。回転した “はしご” マークが表示されます。もう一度右クリックして、コンテキストメニューから “Size Marker Name” を選択します。この情報はマニュアル解析に使用できますが、自動解析には使用されません。

- “No Marker” オプションを選択した場合、“Alignment Marker” ドロップダウンリストから既存のアライメントマーカーを選択します。“Alignment Marker” ドロップダウンリストが空白の場合、“Run Check” 画面で警告が表示されます。
- オプション：“Show Lot Information” ボックスにチェックを入れ、表示されたフィールドでロット情報を編集し、バッファとマーカーのロット情報を入力します。



表示されるロット情報フィールド

注：このオプションは、オプション “Enable input fields for Buffer lot IDs” または “...Marker lot IDs” が選択されている場合にのみ使用できます（154 ページの 2.6.1 章を参照）。

14. プレート ID をオプションで変更します。

プレート ID を編集する

注：プレート ID は、本プロセスの全ての結果（サンプルデータが保存される実験ファイル、生成されたレポート/エクスポートファイル）に適用されます。

注：設定オプション“Generate plate ID”を選択している場合、設定で指定された規則に従いプレート ID が自動的に生成されます。詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。プレート ID は変更可能です。

15. オプション：サンプル情報を入力する場合には、“Provide Sample Information” ボックスにチェックを入れます。入力しない場合にはステップ 18 に進みます。



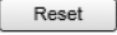

“Provide Sample Information” ボックスにチェックを入れる

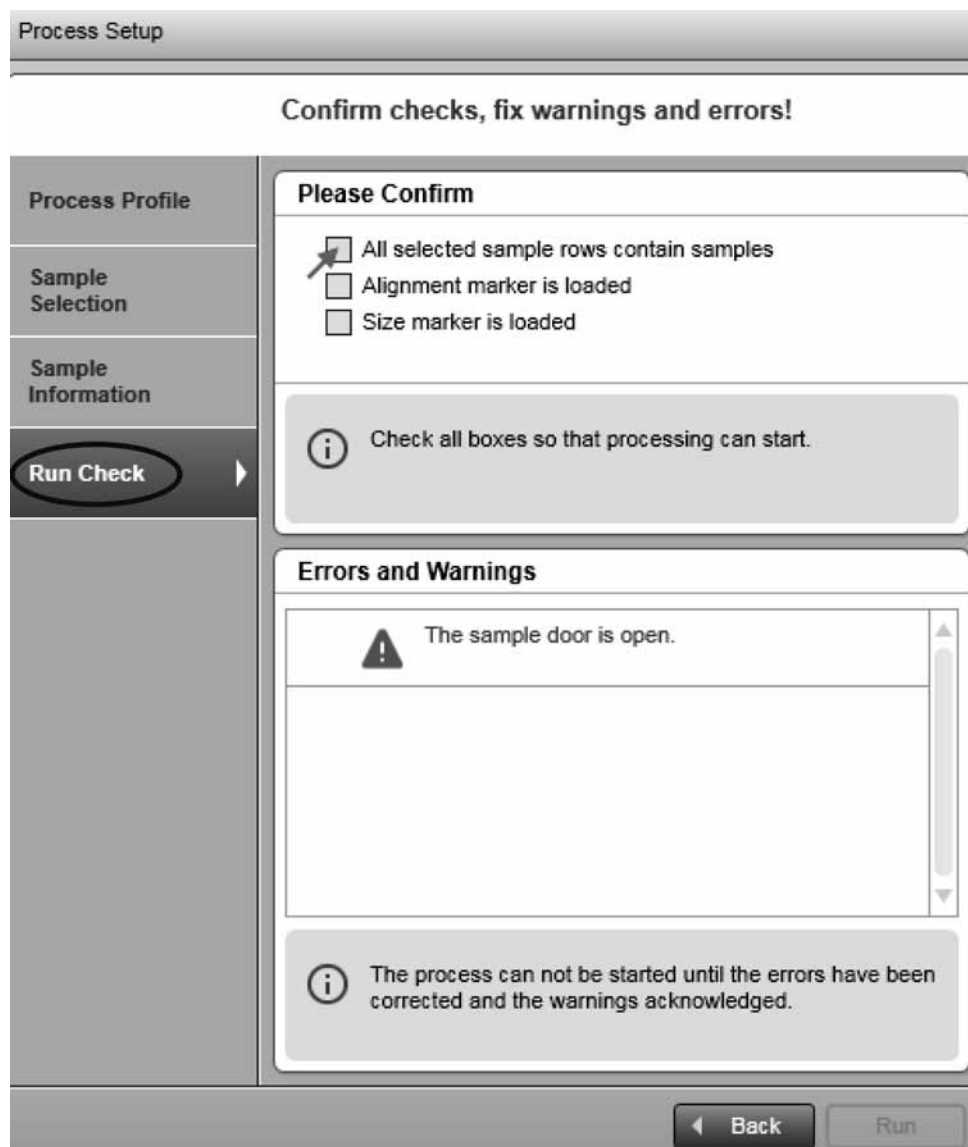
注：“Sample Information” 画面は、チェックボックスに印が付いている場合にのみ有効になります。

16. 次の画面に進むには、**Next** “Sample Information” をクリックします。

“Sample Information” 画面

注：この画面を有効にするには、前の画面で“Provide Sample Information” ボックスにチェックを入れる必要があります。

17. **オプション**：手入力またはファイルからのインポートで、サンプル情報を入力します。
- サンプル情報を手入力するには、ポジション A1（選択済）からサンプル情報を入力します。入力されたテキストがテーブルの下の編集可能なフィールドに表示されます。“Enter” キーを押して各ポジションの情報を確認します。次のポジションは、次の入力の際に自動的に選択されます。選択したポジションについてのみサンプル情報を入力するには、編集可能なフィールドにサンプル情報を入力し、“Enter” キーを押すか、もしくは  をクリックして確定します。
- ファイルからサンプル情報をインポートするには、 をクリックします。ダイアログボックスが表示され、全ての使用可能なインポートファイルが表示されます。このファイルは、設定で定義された“Sample Info Import” ディレクトリに保存されます。インポートファイルを選択して“OK” をクリックします。インポートされたデータは、以前に入力されたすべてのサンプル情報を上書きします。
- 注：サイズマーカーの位置は、“はしご” マークで表示されます。
- 注： をクリックしてサンプル情報を削除します。ポジション間を移動するには、“Tab” キーと“Shift” + “Tab” キーを使用します。
- 注：設定の詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。
18. 次の“Run Check” 画面に進むには、 をクリックします。

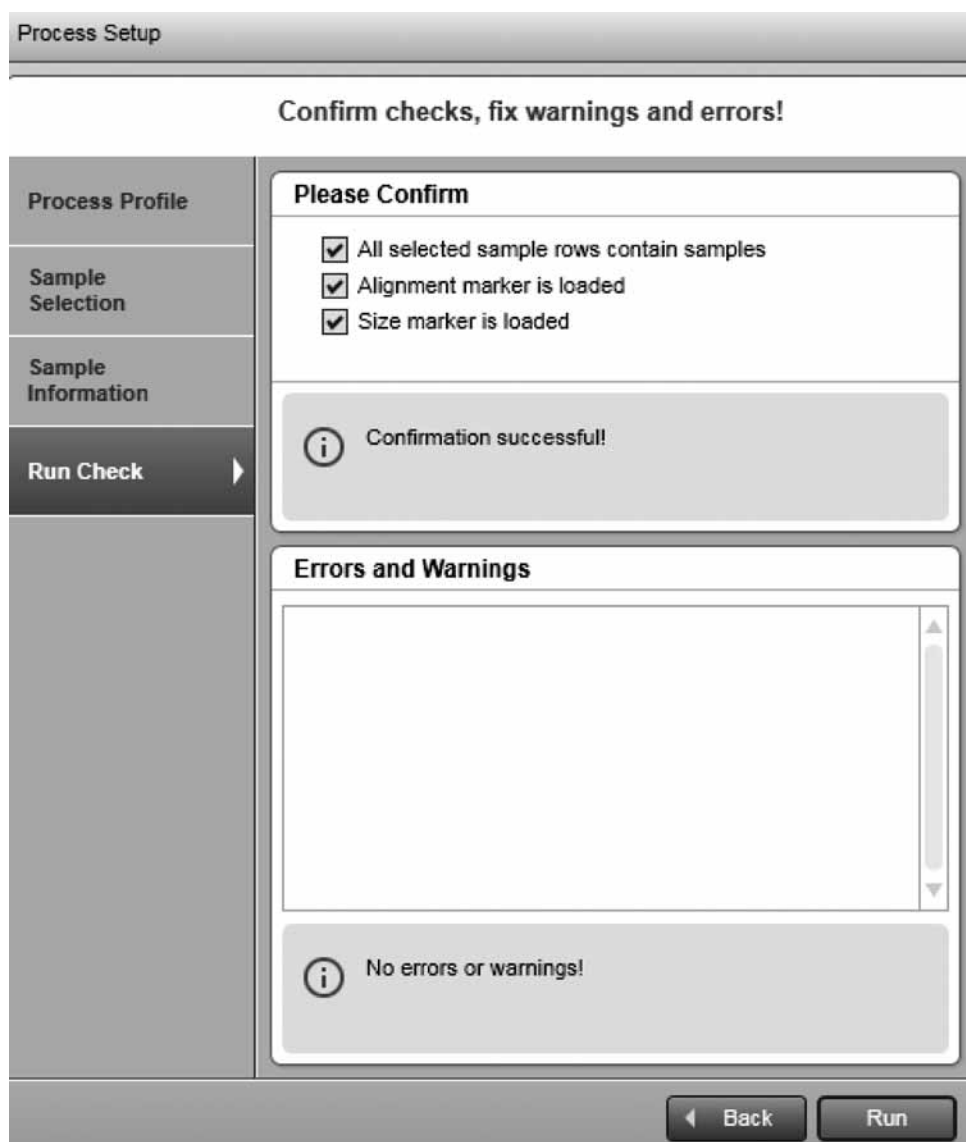


“Sample door is open” エラーのある “Run Check” 画面

19. すべてのチェックボックスを確認します。警告とエラーを解消します。◀ Back と Next ▶ を使用して移動します。

注：プロセスは、すべてのランチェックが確認され、エラー／警告が表示されない場合にしか開始できません。

注：“Run” ボタンが有効になっていない場合には、61 ページの 2.3.6 章と装置のステータスをチェックします。



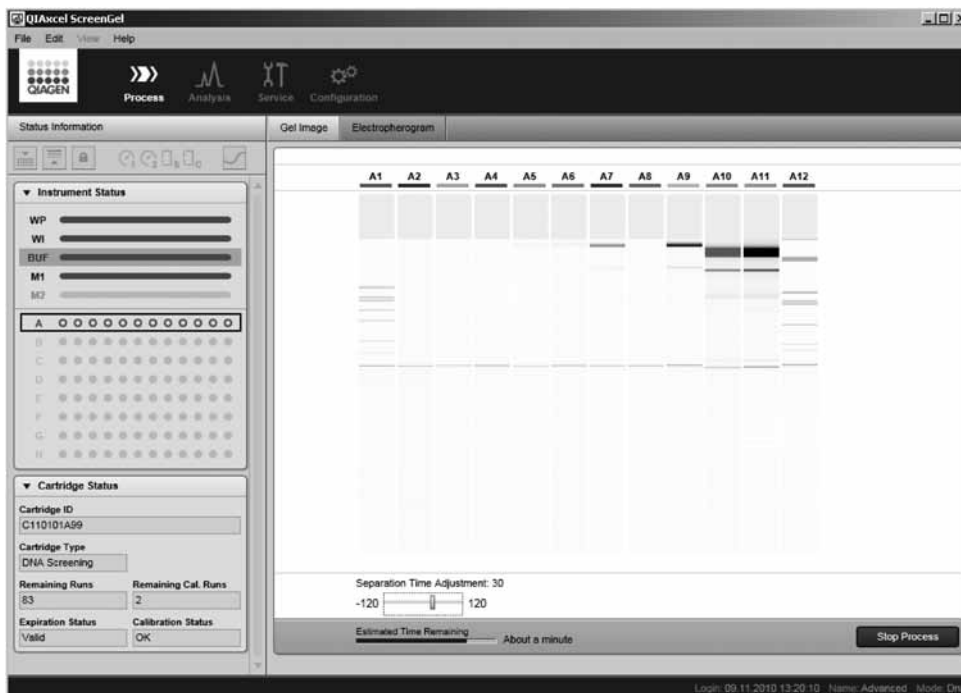
すべての確認ボックスをチェックし、すべての問題を解消した “Run Check” 画面

20. **Run** をクリックしてプロセスを開始します。

プロセスウィザードが閉じ、現在処理されている各列のプレビューが表示されます。装置のステータスが、左側の “Instrument Status” パネルに表示されます。プレビューの下にあるプログレスバーにプロセス全体の進捗が表示されます。

レポート設定によっては、生成されたレポートが表示される場合があります。

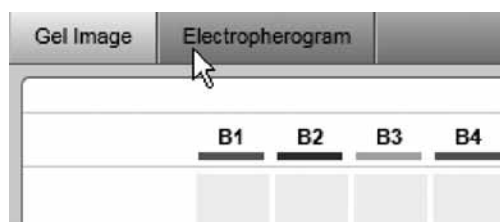
注：QIAxcel の稼働中にカートリッジドアあるいはサンプルドアを開けると、実行されている電気泳動が停止します。プロセスは停止し、復旧することはできません。現在処理されている列のサンプルデータは保存されません。サンプルデータは、プロセスが終了した列のみ保存されます。解析や binary peak calling、レポート/エクスポートは実行されないため、保存されたサンプルデータには生データのみが含まれます。



列 B で実行中のプロセス

プロセスラン中のアクション：

- ゲルとエレクトロフェログラムのタブをクリックして、それぞれの画面を切り替えることができます。



ゲル画像からエレクトロフェログラムへの切り替え

- オプションで電気泳動時間を調整できます。調整するには、“Adjust Separation Time” スライダーを動かします。スライダーを一番左に移動すると、電気泳動時間が 120 秒短くなり、一番右に移動すると 120 秒長くなります。スライダーを動かすと、実際に行なわれている電気泳動ならびにプロセスに含まれるすべての電気泳動時間が変更されます。



電気泳動時間を調整

注：スライダーは、マウスを使用して、またはキーボードの“Cursor left”または“Cursor right”キーを押して動かせます。

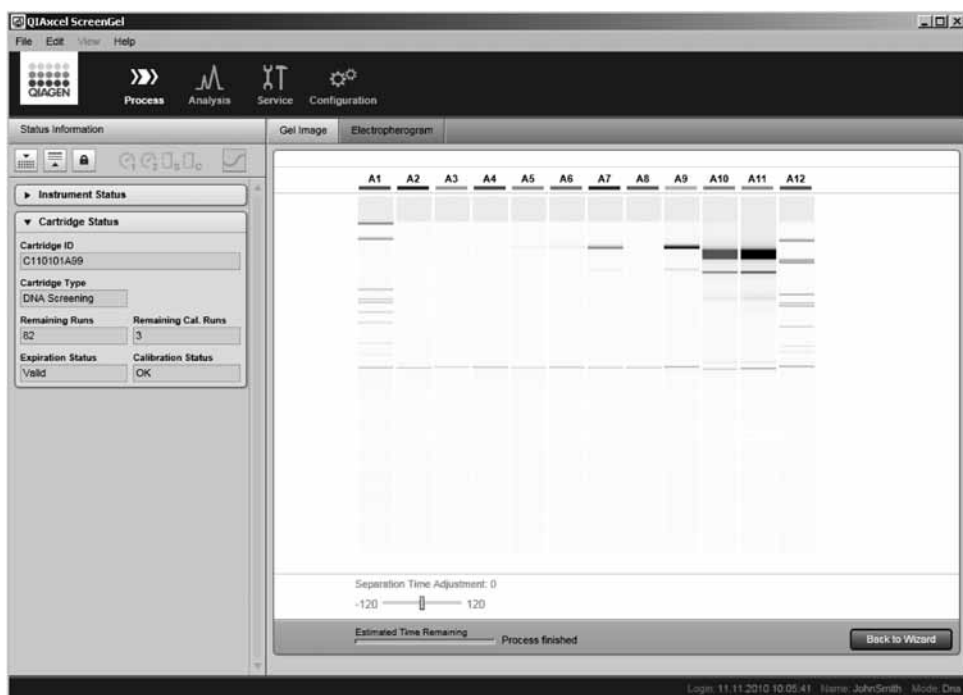
注：“Run” ボタンをクリックして次のプロセスを開始すると、スライダーは自動的に中心の位置にリセットされ、メソッドで定義された電気泳動時間が適用されます。

- プロセスは、プレビューの下にある **Stop Process** ボタンをクリックして停止できます。

注：装置のモーターが動いている場合、プロセスはこの移動の後に停止します。

注：プロセス中の列のサンプルデータは保存されません。サンプルデータは、終了した列についてのみ保存されます。解析や binary peak calling、レポート／エクスポートは実行されないため、保存されたサンプルデータには生データのみが含まれます。

プロセス終了後のアクション：



プロセス終了

- プロセスウィザードに戻り、プレビューの下にある “Back to Wizard” ボタンをクリックすることによって、次のプロセスを開始できます。
- サンプルデータを閲覧するには、解析環境に切り替えます。切り替えの方法の詳細については、19 ページの 2.1.3 章、64 ページの 2.4.1 章を、71 ページの 2.4.2 章をそれぞれ参照してください。次のプロセスを開始するには、プロセス環境に戻って “Back to Wizard” ボタンをクリックします。

2 QIAxcel ScreenGel Software

QIAxcel システム用に特別に開発された QIAxcel ScreenGel Software は、データ収集や解析用にデザインされた高性能で使い易いツールです。この画期的なソフトウェアにより、解析とデータ解釈が容易に行なえ、データはゲルおよびエレクトロフェログラムの両フォーマットで表示可能です。結果は個々に表示することも、サンプルおよびデータ比較のために重ねて表示させることもできます。複数のデータの同時解析により検出評価を単純化し、ユニークなアルゴリズムにより、DNA フラグメントのピーク数、各ピークの高さ、幅、面積などを含むピークの特徴を示す表を作成します。包括的なデータレポートを容易に作成・保存でき、ニーズに合った個々のドキュメンテーションにエクスポートすることも可能です。サンプル泳動からデータ解析、レポート作製、データエクスポートまでをカバーする包括的なプロセスプロファイルでサンプルプロセッシングを標準化することにより、ユーザートレーニングを最小限に抑えることができます。

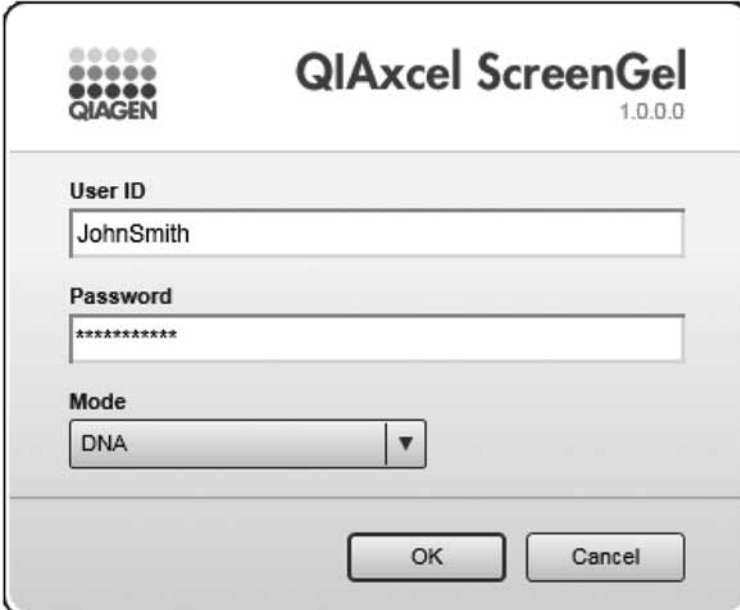
2.1 コンセプト

この章には、QIAxcel ScreenGel Software を使用する上で必要な以下の基本情報が記載されています。

- モード
- ユーザー管理
- 環境
- プロファイル
- ユーザーインターフェース

2.1.1 モード

QIAxcel ScreenGel Software には、DNA 解析用と RNA 解析用の 2 つのモードがあります。データ解析アルゴリズムを目的産物の特性に合わせることが、モードの主な目的です。また、モードは、正しいカートリッジが使用され、正しい種類のデータのみがファイルからロードされることを確認します。



ログインダイアログボックスでのモード選択

2.1.2 ユーザーの権限

QIAxcel ScreenGel Software では、許可された内容の異なる 4 つのユーザー権限があります。各ユーザーには、これら 4 つのユーザー権限のうちの 1 つが割り当てられます。この章では、各ユーザー権限の使用と許可の概要を説明します。

権限	用途	タスク	アクセス
Administrator	ユーザー管理 ソフトウェアの設定	ソフトウェアの インストール グローバル設定の構成 QIAxcel 上級ユーザーの 管理	設定環境
Routine User	ルーチンサンプルの処理	サンプルの処理 サンプルの検査	すべての環境 (限定アクセス)
Basic User	サンプル処理および データ解析 (プロファイル変更不可)	サンプルの処理 サンプルの解析	すべての環境 (限定アクセス)
Advanced User	サンプルの処理 プロファイルの作成および 変更 解析パラメータに完全に アクセスしてのデータ解析	プロファイルの作成/変更 サンプルの処理 サンプルの解析	すべての環境 (すべてのサンプル にアクセス)

■ Administrator

この権限は設定およびユーザーの管理のためのものです。

この権限に割り当てられたユーザーは、グローバル設定を変更し、ユーザーアカウントの管理（権利、ユーザー権限など）などユーザー管理を実行できます。ユーザーはプロファイルやプロセス環境、解析環境、サービス環境にアクセスすることはできません。

■ Advanced User

この権限は経験のあるユーザー向けのものです。

この権限を割り当てられたユーザーは、ユーザー管理以外のソフトウェアのすべての機能にアクセスできます。ユーザーは解析やプロセス、レポートプロファイルを作成可能なため、他のユーザーの作業の基盤を作製できます。異なるプロセスの結果の比較など高度な解析を実行し（124 ページの 2.4.6 章を参照）、必要に応じてプロファイルパラメータを変更できます。

■ Basic User

この権限では、既に定義されたプロファイル、特に解析プロファイルを使用できます。

この権限を割り当てられたユーザーは、ソフトウェアのすべての環境にアクセスできますが、解析プロファイルやプロセスプロファイルなど、新規のプロファイルを作成したり、既に定義されたプロファイルを変更することはできません。既に定義されたプロセスプロファイルを使用して新たなプロセスを設定する上で、マーカー設定および処理する列を変更できます。解析環境では、既存の実験プロファイルを開いて既に定義された解析とレポートプロファイルを適用できますが、個別の解析パラメータを変更することはできません。

■ Routine User

この権限は、大量のサンプルを日常処理するラボ向けのもので、ユーザーはウィザード機能により、効率的にプロセスを設定できます。

この権限を割り当てられたユーザーは、既に定義されたプロセスプロファイルを使用するプロセスしか実行できません。また、解析環境にはアクセスできません。

注：異なる権限を持つ複数のユーザーアカウントを作成することで、一人に複数のユーザー権限を割り当てることができます。

ユーザーアカウントの作成方法の詳細については、159 ページの 2.6.3 章を参照してください。

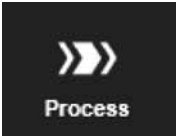


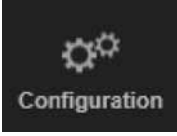
2.1.3 環境

QIAxcel ScreenGel Software は、異なる機能を有する 4 つの環境から構成されています。1 回に 1 つの環境しか使用できません。



“Process” 環境が有効になっている環境アイコン

環境を切り替えるには、環境アイコンをクリックします。環境の機能は、次の表に簡単に記載されています。

環境	詳細
	<p>QIAxcel システムで実行するランを有効にする環境。 データ取得をサポートし、統合されたデータ解析とレポート作成が可能。詳細は 31 ページの 2.3 章を参照。</p>
	<p>サンプルデータの解析を表示し、有効にする環境。 サンプルデータの高度な表示および解析ツール、ならびにレポートとエクスポート機能を提供。詳細は 63 ページの 2.4 章を参照。</p>
	<p>QIAxcel システムのメンテナンスまたはサービスのための環境。 装置およびカートリッジのメンテナンスとトラブルシューティングのすべての機能を含む。詳細は 142 ページの 2.5 章を参照。</p>
	<p>ユーザーとシステム設定の管理のための環境。 ユーザー管理やプロファイル管理、ソフトウェアの設定にアクセス可能。詳細は 154 ページの 2.6 章を参照。</p>

2.1.4 プロファイル

QlAxcel ScreenGel Software でのデータ取得および解析は、“プロファイル”により管理されます。プロファイルにより設定とパラメータが1つになり、様々な目的に再利用できるようになります（下記を参照）。

既定のプロファイルを使用するのが標準の手順です。QlAxcel ScreenGel Software は、変更できない既定のプロファイルとともにインストールされますが、変更が必要な場合、新規プロファイルを作成したり、必要に応じプロファイル設定を変更できます。

プロファイル	詳細
プロセスプロファイル	データ取得の設定を定義。電気泳動ランのすべてのパラメータを定義（43 ページ、2.3.3 章）
解析プロファイル	サンプルデータ解析の設定を定義（解析パラメータ [100 ページ、2.4.3.2 章]）
レポート/エクスポート プロファイル	様々な形式のサンプルデータおよび解析結果のレポートとエクスポートを定義（131 ページ、2.4.7.4 章）

注：プロセスプロファイルには、“Analysis profile” および “Report/Export Profile” が含まれる場合があります。それにより、解析およびレポートを含むプロセスの完全自動化が可能になります。

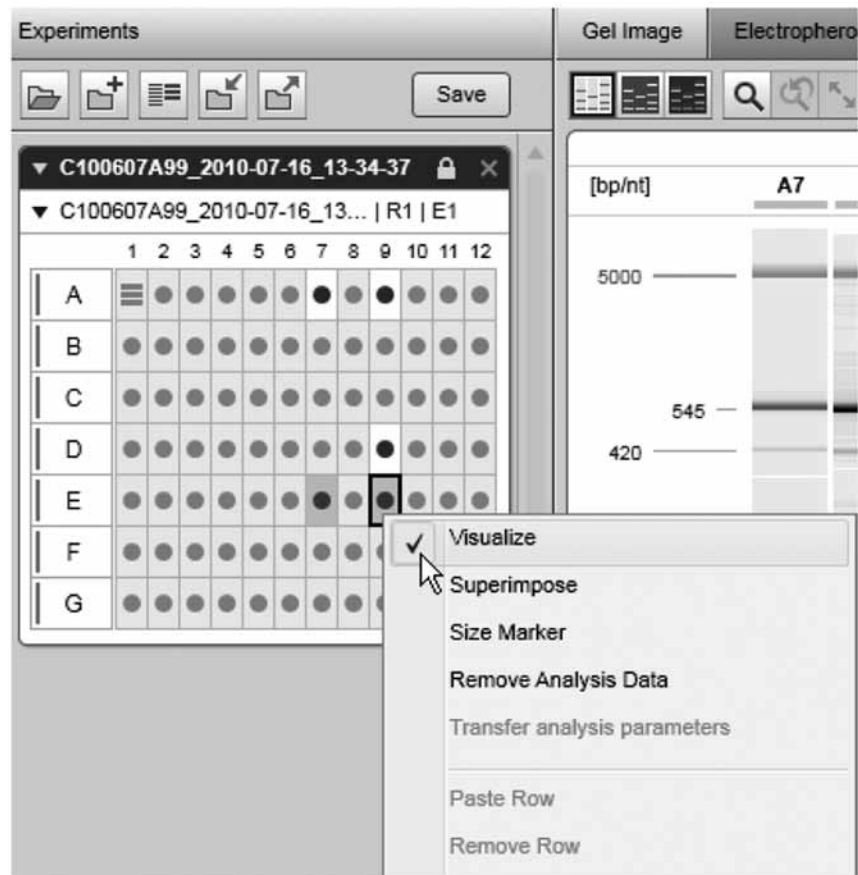
注：プロファイル名とすべてのプロファイルパラメータをプロセスプロファイルにコピーすると、解析およびレポート/エクスポートプロファイルがプロセスプロファイルに含まれるようになります。つまり、もとのプロファイルの変更は、プロセスプロファイルに自動的に反映されることはありません。これにより、誤ってプロセスプロファイルが変更されることを防止し、プロセスの安定性を保ちます。変更がプロセスプロファイルでも必要な場合、変更されたプロファイルを含めます。

2.1.5 ソフトウェアの一般的な使用

QIAxcel ScreenGel Software は、最新のグラフィカルユーザーインターフェースを備えた新しいソフトウェアです。ユーザーインターフェースの操作は、標準的な Windows と同じです。この章では、QIAxcel ScreenGel Software のユーザーインターフェースによく使われる用語といくつかのコンセプトについて説明します。

次の表では、このマニュアルで使用されるユーザーインターフェース関連の用語について説明しています。

用語	説明
左クリック	コンピュータのマウスまたはタッチパッドの左ボタンを押すこと。
右クリック	コンピュータのマウスまたはタッチパッドの右ボタンを押すこと。
ダブルクリック	左クリックを非常に早く 2 回行うこと。
ドラッグアンドドロップ	対象物（サンプルやレーン）を、コンピュータのマウスまたはタッチパッドを使用して別の場所に移動すること。対象物を選択するには、左クリックします。対象物を新しい場所にドラッグするには、マウスの左ボタンを押したままにします。マウスのボタンを放すと、対象物が新しい場所に置かれます。複数の対象物を選択した場合、選択したすべての対象物が左クリックで移動します。
コンテキストメニュー	特定のコントロールを右クリックすると、コンテキストに応じたメニューが表示されます。すべてのコントロールにコンテキストメニューがあるわけではありません。



“Experiment Explorer” のコンテキストメニュー

ツールチップ マウスのポインターをクリックせずにコントロールの上に移動すると、小さなテキストウィンドウが表示されます。すべてのコントロールにツールチップがあるわけではありません。通常、ツールチップにはコントロールの機能についての有用な情報や、発生する可能性のある問題（エラーや警告）についての有用な情報が記載されています。

ドロップダウンボックス ドロップダウンリストにより、既定の項目のリストから1つを選択できます。



ドロップダウンボックスの例

トグルボタン ボタンを左クリックして切り替えます。ボタンを押すと、“on” になります。ボタンをもう一度左クリックすると、“off” になります。

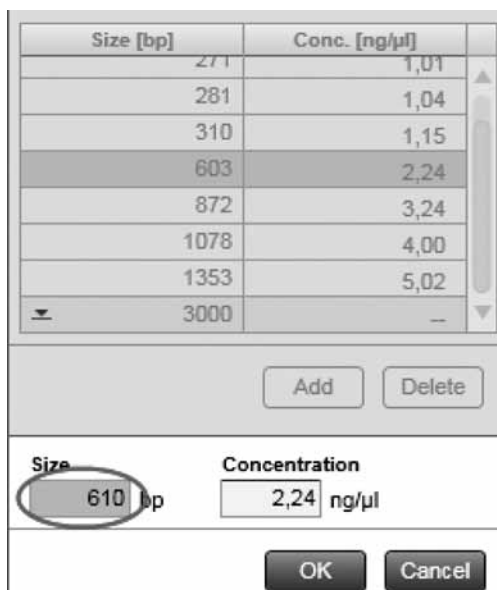
“Rubber band” 機能 “Rubber band” を拡げて、四角形の区域を定義します（ズーム）。左クリックをして開始点を定義し、マウスのボタンを押したままドラッグします。ドラッグすると “Rubber band” が表示され、四角形の区域の周りに表示されます。マウスのボタンを放すと、区域が定義され、“Rubber band” が表示されなくなります。定義された区域に基づき、（ズーム）機能を実行します。

ステータスバー（アプリケーションウィンドウの下にある情報を記載した行）に、ログインしている現在のユーザーや日時、ユーザーのログイン名、アプリケーションモード（DNA または RNA）が表示されます。

2.1.5.1 表でのデータの編集

QIAxcel ScreenGel Software のグラフィカルユーザーインターフェースには多くの表が含まれます。表のデータを編集可能な場合、表の下にある特定の編集エリアで実行できます。表のセル自体は編集できません。

編集可能な表の例としては、“Process” 環境のサイズマーカーテーブルがあります。



表の内容を編集する特別エリア

例えば、基本となるペアのサイズを 603 から 610 に変更するには、次の手順に従います。

1. 左クリックして必要な列をハイライト表示します。
2. 表の下にある “Size” 編集フィールドをクリックします。
3. 610 を入力します。

編集の間、編集エリアのコントロールしか編集できません。この場合、編集フィールドの “Size” と “Concentration”、および “OK” と “Cancel” ボタンを編集できます。

4. “Size” と “Concentration” フィールドの値を承認するには、“OK” をクリックします。
編集を取り消して変更を無効にするには、“Cancel” をクリックします。

注：“OK” と “Cancel” ボタンは、編集可能なフィールドの値が変更され有効な場合にのみ、使用できます。

2.1.5.2 エラーと警告の表示

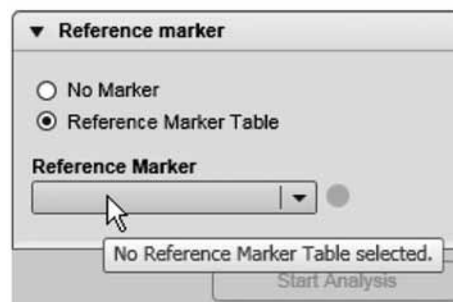
QIAxcel ScreenGel Software では、黄色のコントロールはエラーまたは警告、入力されたデータが一致しないまたは不完全なことを示します。

編集中の評価

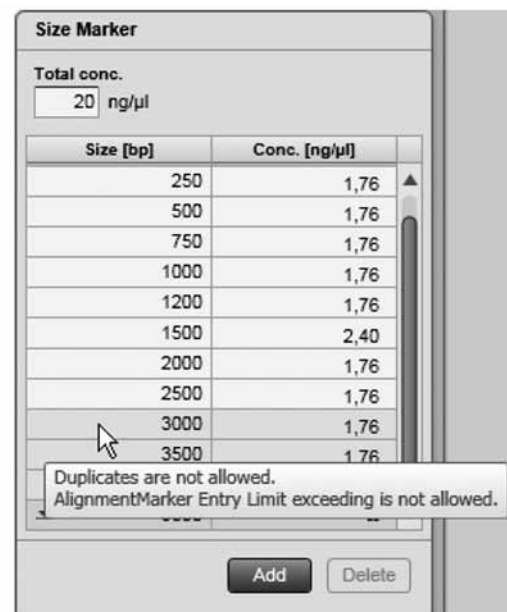
不正確な値が編集可能なフィールドに入力されると、背景が黄色になります。また、問題を説明するツールチップが表示されます。次のスクリーンショットは、エラーと対応するツールチップの例を示すものです。



マイナスの値は入力できません。



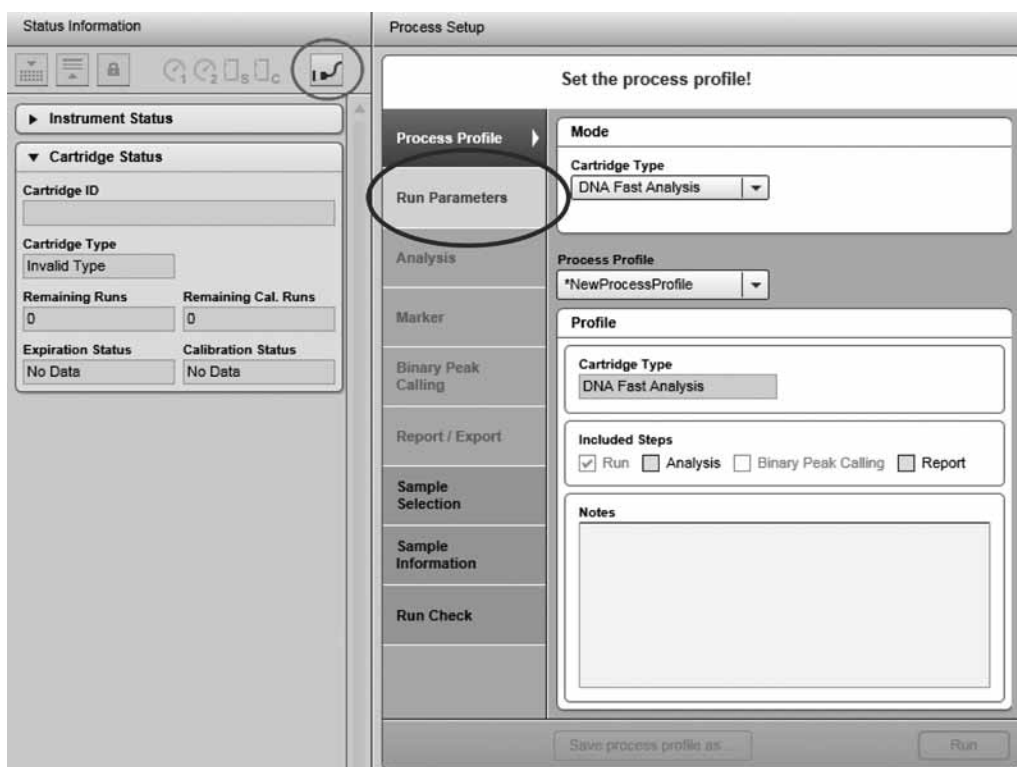
項目を選択する必要があります。



1. 重複入力はできません。
2. Alignment Marker の範囲を超えることはできません。

プロセス画面

“Process” ウィザード画面にエラーまたは警告が含まれている場合、画面マーカーの背景が黄色になります。この画面でデータをチェックし、問題を修正してください。

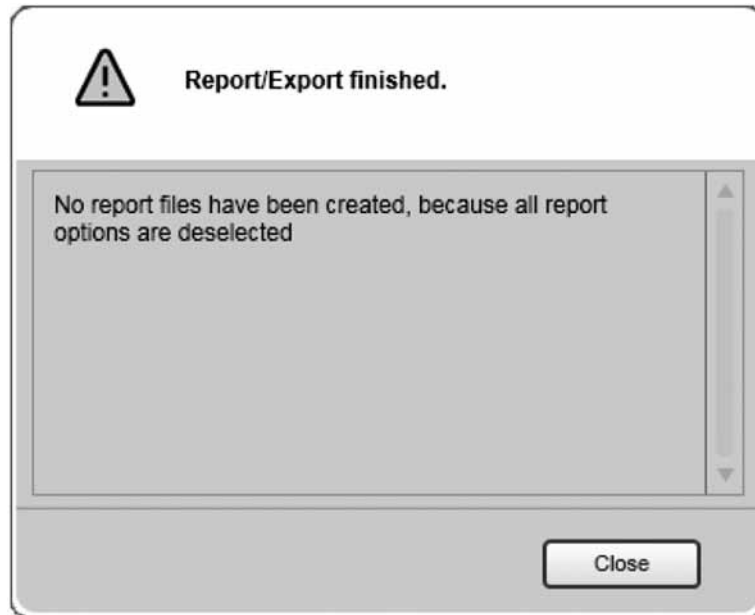


ランパラメータが不完全で、装置が接続されていない

注：エラー／警告が検出されても、ステップマーカー “Run Check” は青色（通常の状態）のままです。プロセスを開始するには、ルーチンユーザー向けの手順の実行の章（7 ページ、1.3 章）または 33 ページの 2.3.1 章に記載されたとおりに操作します。

メッセージボックス

QIAxcel ScreenGel の大半の問題は、メッセージボックスを使用して報告されます。

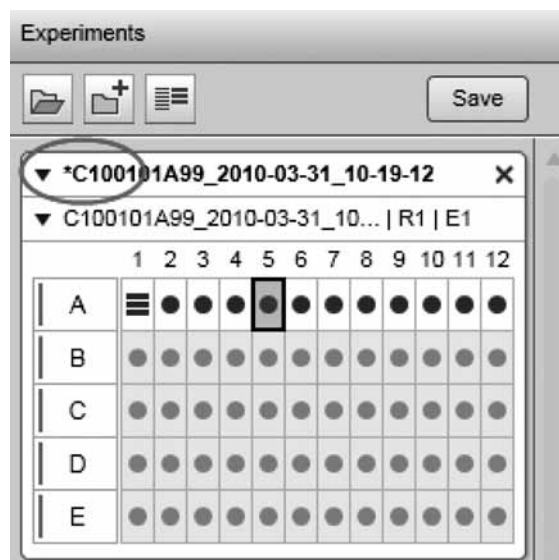


エラーメッセージボックス

2.1.5.3 変更の表示

QIAxcel ScreenGel には、変更された対象物の名前の左側にあるアスタリスクを使用して、Windows と互換性のある方法で変更が表示されます。いくつかの例を示します。

“Analysis” 環境／実験ファイルの変更（解析の適用や削除、レーンの順序の変更など）
実験ファイル名がアスタリスク付きで表示されます。



変更された実験ファイル

注：変更されたプロファイルも同様に表示されます。

“Process” 環境／ “Process” ウィザードでのパラメータの変更

選択したプロセスプロファイルが、アスタリスク付きで表示されます。

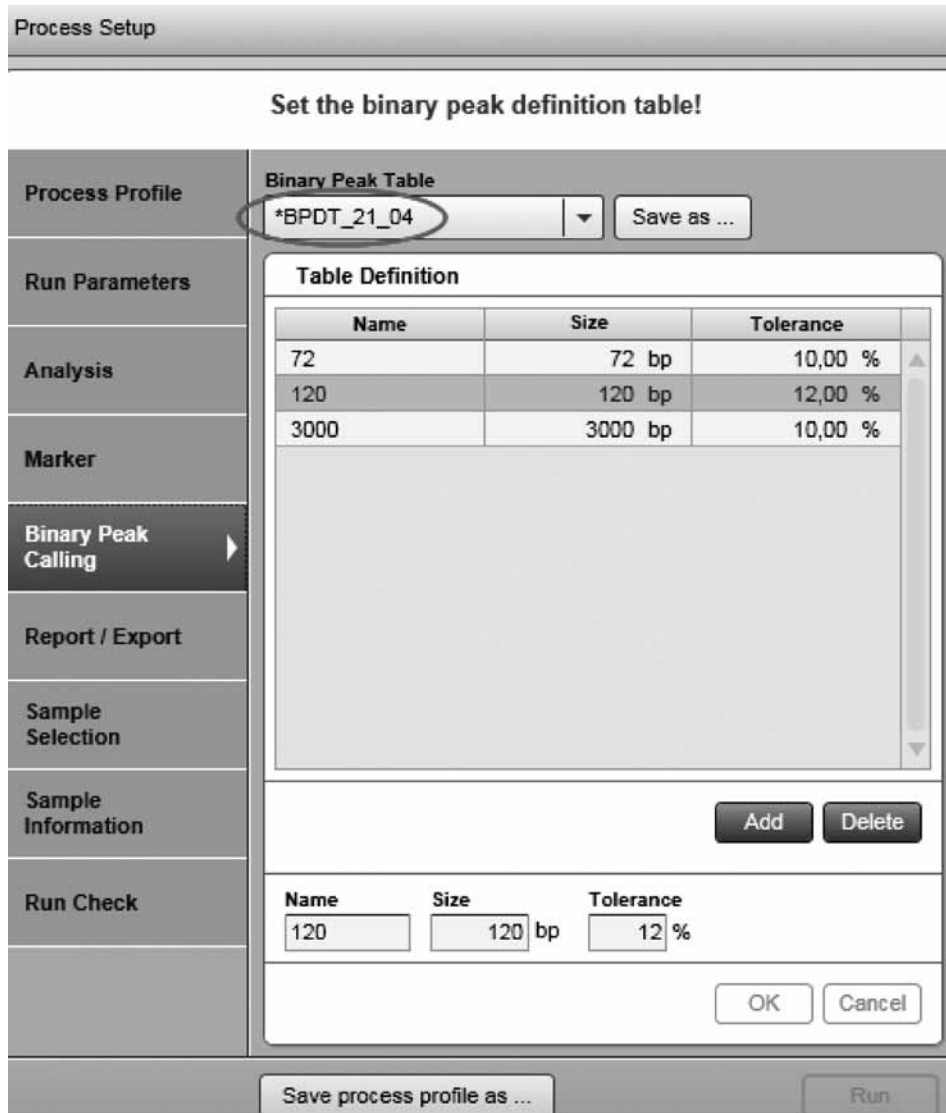
The screenshot shows the 'Process Setup' wizard with the following details:

- Process Profile:** *AM320_21_04 (highlighted with a red circle)
- Cartridge Type:** DNA Screening
- Profile:** Cartridge Type: DNA Screening
- Included Steps:** Run, Analysis, Binary Peak Calling, Report
- Notes:** (Empty text area)
- Buttons:** Save process profile as ..., Run

変更されたプロセスプロファイル

“Binary Peak Calling” 画面でのパラメータの変更

“Binary Peak Table” ドロップダウンリストにある選択した binary peak definition table も、アスタリスク付きで表示されます。

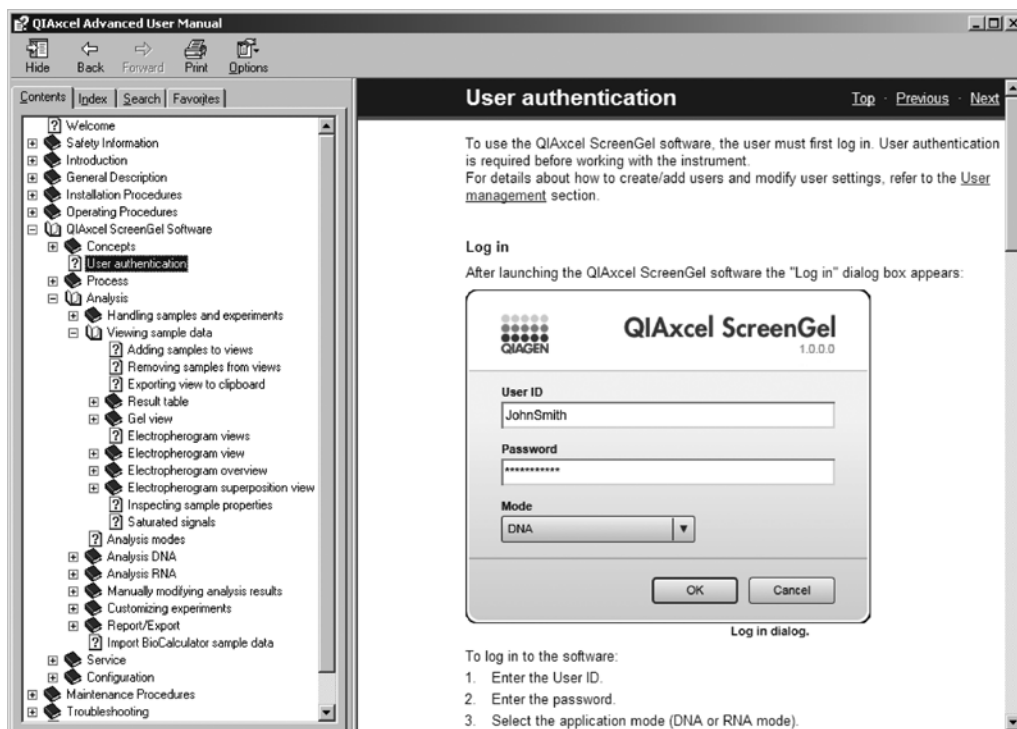


変更された binary peak definition table

注：変更を保存せずに、プロセスを開始または“Process”環境から移動することができます。QIAxcel ScreenGel Softwareでは、プロセスプロファイルや対応する解析プロファイル、レポート/エクスポートプロファイル、binary peak definition tableを保存することを促すメッセージは表示されません。“Process”環境から移動する、またはログアウトする、アプリケーションを終了する場合、プロファイルを再使用するには変更を保存してください。

2.1.5.4 ヘルプ

QIAxcel ScreenGel Softwareには、状況に対応したヘルプシステムがあります。“F1”キーを押すと、状況に対応したヘルプのページが表示されます。次ページの画像には、ログイン画面に対応するヘルプページが表示されています。



ログイン画面で“F1”キーを押した後に表示されるヘルプページ

注：“QIAGEN”／“QIAxcel”の下にあるスタートメニューフォルダにも、PDF および CHM 形式のユーザーマニュアルへのリンクが含まれています。

2.2 ユーザー認証

QIAxcel ScreenGel Software を使用するには、ユーザーはまずログインする必要があります。装置を使用する前にユーザー認証が必要です。

ユーザーを作成／追加し、ユーザー設定を変更する方法の詳細については、159 ページの 2.6.3 章を参照してください。

ログイン

QIAxcel ScreenGel Software を起動すると、“Log in” ダイアログボックスが表示されます。



ログインダイアログ

ソフトウェアにログインするには、

1. ユーザー ID を入力します。
2. パスワードを入力します。
3. アプリケーションモード (DNA または RNA) を選択します。
4. “OK” をクリックします。

注：モードを変更するには、ログアウトしてからもう一度ログインするか、アプリケーションを再起動します。

注：21 CFR Part 11 support が設定 (154 ページ、2.6.1 章) で有効になっており、“Maximum number of failed logins” が設定されている場合、ログインの失敗回数が制限されます。

注：最後に使用したモードが、“Mode” ドロップダウンリストで事前に選択されます。

ログアウト

ログアウトするには、

1. アプリケーションメニューバーから、“File” / “Logout” を選択します。
2. ログアウトするかどうかを尋ねるダイアログボックスが表示されます。“Yes” ボタンをクリックして、ログアウトを確認します。
3. ログアウトした後、ログインダイアログボックスが表示されます。

注：QIAxcel ScreenGel Software を終了する場合、まずログインダイアログボックスをキャンセルします。

引き継ぎ

ユーザーは、別のユーザーに現在のセッションを引き継ぐことができます。すべての実行中の実験を含む現在の作業環境が、拡張されたユーザー権限 (例：高度な解析およびメンテナンス) とともに別のユーザーに移行できるため、引き継ぎは特に有用です。

注：引き継ぎは、ユーザーの権限 (18 ページ、2.1.2 章) が同等以上のユーザーにしか行なえません。

引き継ぎを行なうには、

1. アプリケーションメニューバーから、“File” / “Handover...” を選択します。
2. “Hand over” ダイアログボックスが表示されます。
3. ユーザー ID とパスワードを入力し、“OK” をクリックします。

ユーザーパスワードの変更

パスワードを変更するには、

1. アプリケーションメニューバーから、“File” / “Change Password...” を選択します。
2. “Change password” ダイアログボックスが表示されます。
3. 以前のパスワードを入力します。
4. 新しいパスワードを入力します。

注：パスワードは、大文字と小文字、数字をそれぞれ 1 つ含むものでなければなりません。
パスワードは 8 文字以上としてください。

5. 新しいパスワードを確認します。
6. “OK” をクリックします。

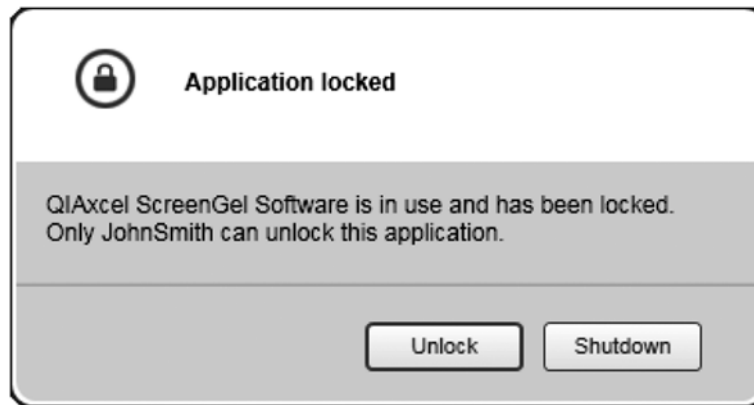
ユーザーがパスワードを変更できるダイアログボックス

ソフトウェアのロック

コンピュータから離れる場合、ソフトウェアをロックし、他ユーザーのアクセスをブロックできます。

ソフトウェアをロックするには、

1. アプリケーションメニューバーから、“File” / “Lock Application” を選択します。
2. アプリケーションがロックされると、次のダイアログボックスが表示されます。



アプリケーションのロックを解除可能なダイアログボックス

自動ソフトウェアロック

21 CFR Part 11 要件に対応するため、所定の時間の後ソフトウェアを自動的にロックできます。設定で 21 CFR Part 11 support を有効にし、自動ロック時間を指定できます。詳細については 154 ページの 2.6.1 章を参照してください。

ソフトウェアのロック解除

ソフトウェアのロックを解除するには、

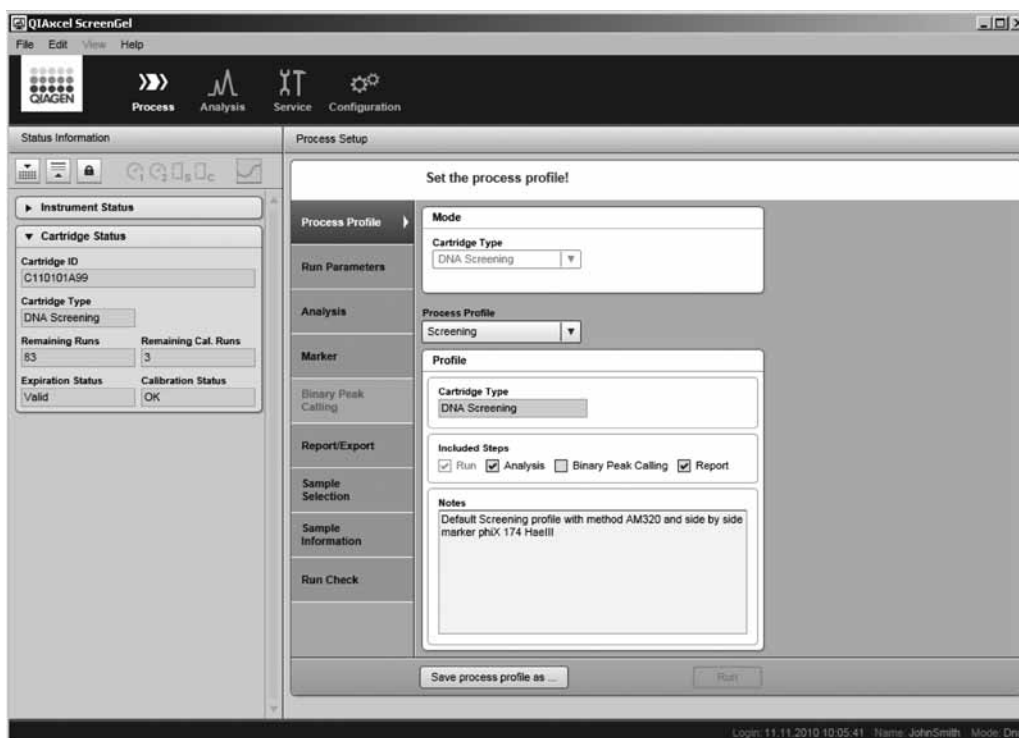
1. “Unlock” ボタンをクリックします。
2. “Login” ダイアログボックスが表示されます。
3. ユーザー ID とパスワードを入力し、“OK” をクリックします。

注：ユーザーの権限（18 ページ、2.1.2 章）が同等以上のユーザーしか、アプリケーションのロックを解除できません。

2.3 プロセス

“Process” 環境には、データ取得に必要な次のすべての機能があります。

- プロセスパラメータを定義
- サンプルプロセスを開始
- データ取得プロセスを監視



有効な“Process Profile”画面のある“Process”環境と、左側の“Status Information”パネル（上級ユーザー向け表示）

プロセスのパラメータを“Process”プロファイルに保存して再利用できます。

プロセスを完全に自動化するには、解析パラメータの“Analysis”プロファイルとマーカー情報、レポート/エクスポートパラメータの“Report”プロファイルを含むプロセスプロファイルを定義します。詳細については、20 ページの 2.1.4 章を参照してください。

既定のプロセスプロファイルを使用してデータ取得を開始する方法の詳細については、7 ページの 1.3 章を参照してください。これはデータ取得および解析、レポートのすべてのパラメータが事前に定義されているということです。特定のサンプル情報を入力し、プロセスを開始することができます。これを実行できるのは、“Routine User”または“Basic User”、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーです。

プロセスパラメータの定義およびプロセスの開始方法の詳細については、33 ページの 2.3.1 章を参照してください。それには、“Basic User”または“Advanced User” 権限が必要ですが、解析パラメータおよびメソッドに関しては、“Basic User” 権限を持つユーザーについては一部制限があります。

プロセスプロファイルを作成、保存して再利用する方法の詳細については、58 ページの 2.3.4 章および 41 ページの 2.3.2 章を参照してください。それには、“Advanced User” 権限が必要です。プロセスの間に取得したデータは実験ファイルに保存されます。詳細については、55 ページの 2.3.3.7 章および 64 ページの 2.4.1 章を参照してください。

2.3.1 高度なオプションでのプロセスの実行

“Advanced User” または “Basic User” 権限を割り当てられたユーザーは、必要に応じプロセスプロファイルを変更できます。例えば、“Basic User” 権限のユーザーは変更したプロセスプロファイルを開始できるものの保存はできないなど、制限が適用されます。適用される場合、制限には注釈が付きまます。

注：“Routine User” 権限を割り当てられたユーザーとしてプロセスを開始する方法の詳細については、7 ページの 1.3 章を参照してください。

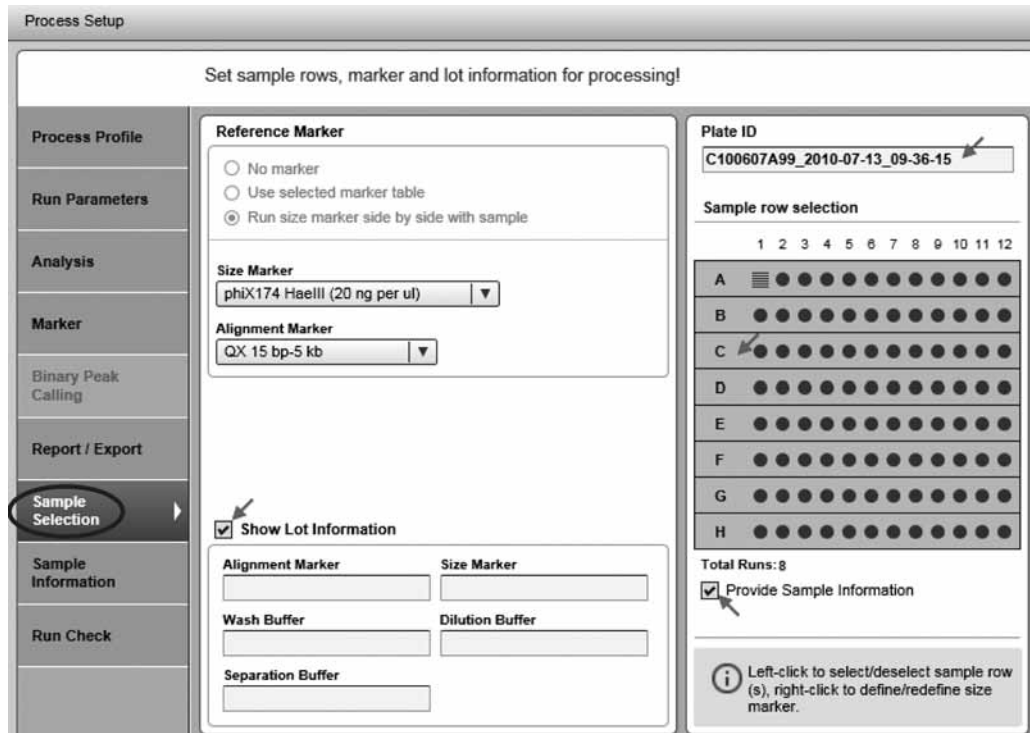
高度なオプションを使用してランを実行するには、次のステップに従います。

1. QIAxcel システムの電源を入れます。装置は自動的に初期化操作を行いません。
2. コンピュータのスイッチを入れ、“QIAGEN/QIAxcel” の下にある Windows スタートメニューから、またはデスクトップアイコンから QIAxcel ScreenGel Software を起動します。
3. モード (DNA または RNA) を選択してログインします (詳細は 28 ページの 2.2 章を参照)。“Process” 環境が開き、プロセスウィザードの “Process Profile” の最初の画面が表示されます。
4. 使用する QIAxcel ゲルカートリッジをセットします。
注：“Process” 環境の左側にある “Status Information” で、カートリッジのステータスを調べることができます。詳細については 61 ページの 2.3.6 章を参照してください。
5. QX Alignment Marker の入ったバッファートレイをバッファートレイ・ホルダーに入れます。
6. サンプルストリップ (A の位置) または 96 ウェルプレートサンプルプレートホルダーに置きます。
7. サンプルドアを閉めます。
注：装置のドアが閉まっている場合、バッファートレイは 5 分後に自動的に “Wash Park” ポジションに移動します。
8. QIAxcel ScreenGel Software の “Process” 環境で、“Process Profile” 画面からプロセスプロファイルを選択します。

“Default screening” プロファイルを選択した “Process Profile” 画面

注：“NewProcessProfile” を選択して、最初からプロセスプロファイルを作成します。選択した後、“*NewProcessProfile” が表示されます。これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。

9. オプション：43 ページの 2.3.3 章に記載されたとおり、プロセスプロファイルのオプションを変更します。“Basic User” に対する制限は、ここに記載されています。
10. オプション：“Sample Selection” 画面に切り替えます。



“Sample Selection” 画面

11. オプション：処理するサンプル列の選択を変更します。“Run Parameters”で指定された列より少ない列を処理する場合には、このオプションを使用します。列を左クリックして、選択を解除／選択します。

オプション：新たなマーカーポジションを右クリックして、プレートのサイズマーカーの位置を変更します。表示されるコンテキストメニューから、オプション “Toggle Analysis Marker” を選択します。解析がプロセスプロファイルに含まれる場合には、プロセスの間にこのサイズマーカーを使用して自動解析が行なわれます。

注：ここでのサンプル列やサイズマーカーの位置の変更は、プロセスプロファイルで認められている場合にのみ可能ですが（46 ページの 2.3.3.2 章を参照）、“Run Parameters”画面に切り替えて変更を行なえます。

注：サイズマーカーを含む列の選択を解除することはできません。

オプション：サンプルプレートに追加のサイズマーカーがある場合、その場所を右クリックして、表示されているコンテキストメニューから “Set As Additional Marker” を選択します。回転した “はしご” マークが表示されます。もう一度右クリックして、コンテキストメニューから “Size Marker Name” を選択します。この情報は手作業での解析に使用できますが、プロセスの間の自動解析には使用されません。

12. オプション：サイズと alignment marker を、“Size Marker” と “Alignment Marker” ドロップダウンリストで必要に応じて選択します。

注：“No Marker” オプションを選択している場合、用意された alignment marker を選択します。“Alignment Marker” ドロップダウンリストで alignment marker を選択していない場合、後で “Run Check” 画面に警告が表示されます。

13. オプション：“Show Lot Information” ボックスにチェックを入れて、バッファとマーカーのロット情報を記入します。

注：このオプションは、オプション “Enable input fields for Buffer lot IDs” または “... Marker lot IDs” が設定で選択されている場合にのみ使用できます（154 ページの 2.6.1 章を参照）。

14. **オプション**：プレート ID を変更します。
注：プレート ID を使用して、このプロセスのすべての結果に名前を付けます：サンプルデータを保存する実験ファイル、ならびに生成されたレポート／エクスポートファイルに使用されます。
注：設定オプション “Generate plate ID” を選択している場合、設定で指定された規則に従いプレート ID が自動的に生成されます。詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。ただし、変更が可能です。
15. **オプション**：サンプル情報を入力する場合には、“Provide Sample Information” ボックスにチェックを入れます。入力しない場合には、ステップ 17 に進みます。
16. **オプション**：39 ページの 2.3.1.1 章に記載されたとおり、手入力またはファイルからのインポートで、“Sample Information” 画面でサンプル情報を提供します。
注：この画面にアクセスするには、“Sample Selection” 画面で “Provide Sample Information” ボックスにチェックを入れる必要があります。
17. “Run Check”画面に切り替えます。すべてのチェックボックスを確認します。警告とエラーのある問題を解消します。



エラーのある “Run Check” 画面

注：プロセスは、すべてのランチェックが確認され、エラーが表示されない場合にしか開始できません。警告をチェックするか、または警告の原因を削除する必要があります。

注：“Advanced User” には、キャリブレーションされていないカートリッジおよび“赤色”のマークがついたリファレンスマーカー（“Basic User” には“黄色”）の確認を求められることがあります。

注：“Run” ボタンが有効になっていない場合には、カートリッジのステータス情報パネル（61 ページ、2.3.6 章）と装置のステータスをチェックします。

18. “Run” ボタンをクリックしてプロセスを開始します。

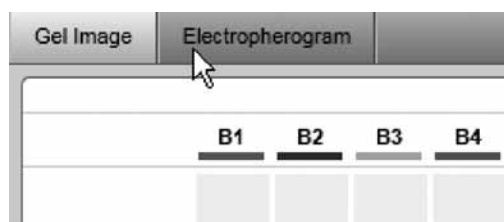
プロセスウィザードが閉じ、現在処理されている各列のプレビューが表示されます。装置が実行した電気泳動が、左側の “Instrument Status” パネルに表示されます。プレビューの下にあるプログレスバーに、プロセス全体の進捗が表示されます。

レポート設定によっては、生成されたレポートが表示される場合があります。

注：QIAxcel の移動中にカートリッジドアあるいはサンプルドアを開けると、実行されている電気泳動が停止します。プロセスは停止し、復旧することはできません。現在処理されている列のサンプルデータは保存されません。サンプルデータは、終了した列についてのみ保存されます。解析や binary peak calling、レポート／エクスポートは実行されません。よって、保存されたサンプルデータには生データのみが含まれます。

プロセスランの間のアクション：

- それぞれのタブをクリックして、ゲルとエレクトロフェログラム画面を切り替えることができます。



ゲル画像からエレクトロフェログラムへの切り替え

- オプションで電気泳動時間を調整します。調整するには、“Adjust Separation Time” スライダーを動かします。スライダーを一番左に移動すると、電気泳動時間が 120 秒短くなり、一番右に移動すると 120 秒長くなります。スライダーを動かすと、実際に行なわれている電気泳動ならびにプロセスに含まれる以後のすべての電気泳動時間が変更されます。



電気泳動時間を調整

注：スライダーは、マウスを使用して、またはキーボードの左カーソルまたは右カーソルキーを押して動かせます。

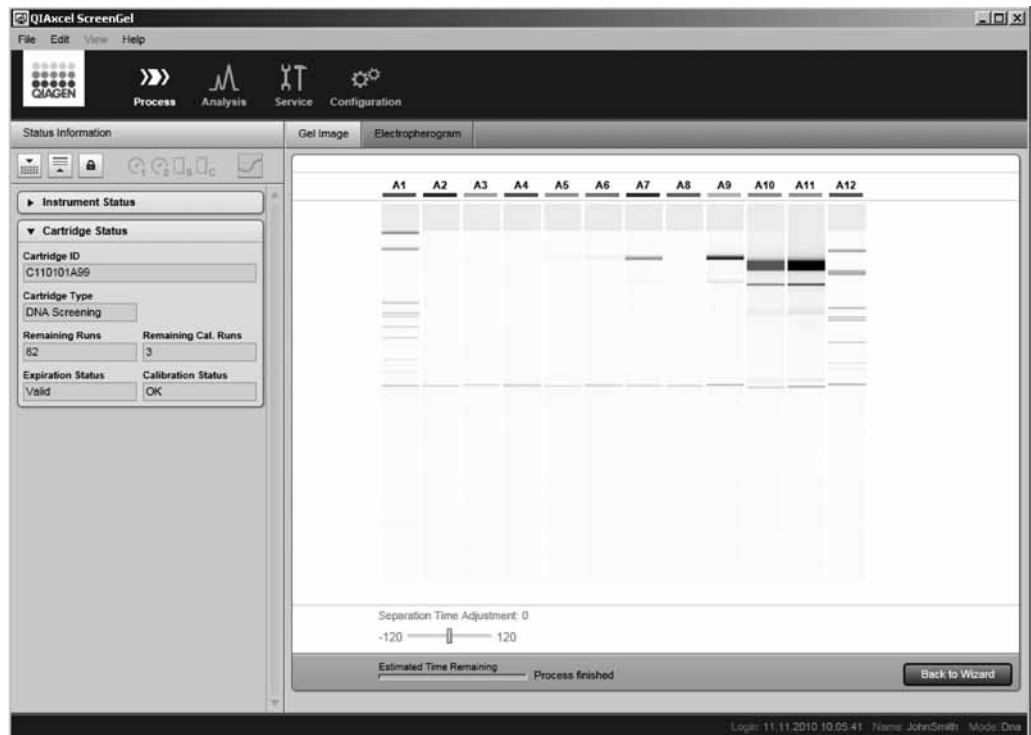
注：“Run” ボタンをクリックして次のプロセスを開始すると、スライダーは自動的に中心の位置にリセットされ、メソッドで定義された電気泳動時間が適用されます。

- プロセスは、プレビューの下にある **Stop Process** ボタンをクリックして停止できます。

注：装置のモーターが動いている場合、プロセスはこの移動の後に停止します。

注：処理された列のサンプルデータは保存されません。サンプルデータは、終了した列についてのみ保存されます。解析や binary peak calling、レポート／エクスポートは実行されません。よって、保存されたサンプルデータには生データのみが含まれます。

プロセス終了後のアクション：

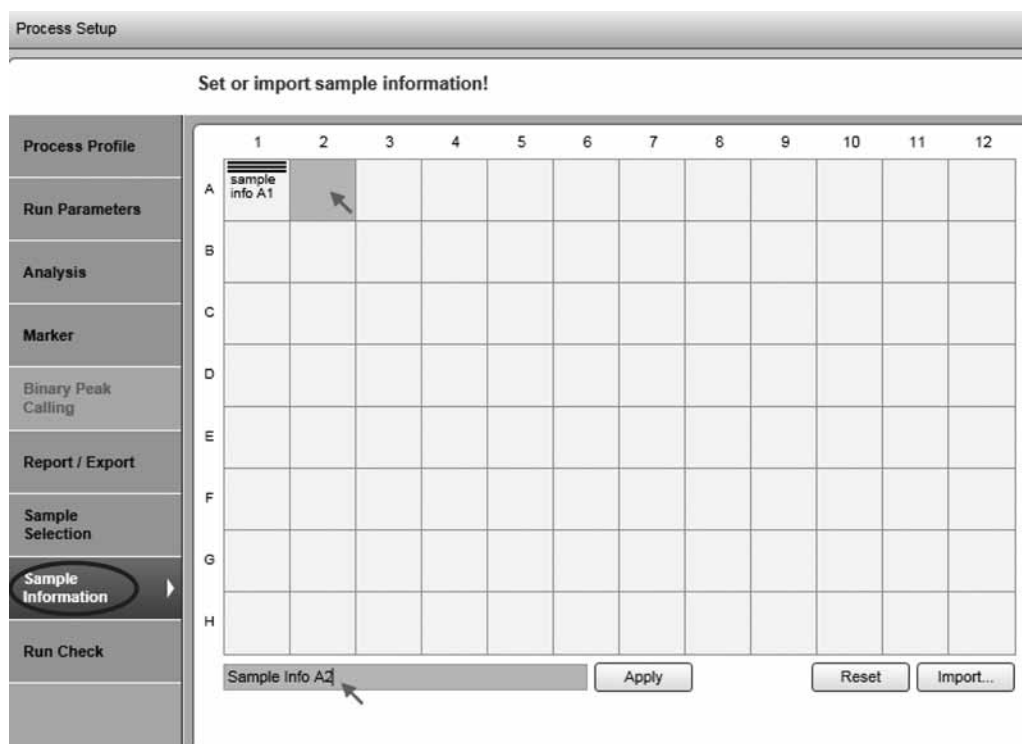


プロセス終了

- プロセスウィザードに戻り、プレビューの下にある“Back to Wizard” ボタンをクリックして、次のプロセスを開始できます。
- サンプルデータを調べるには、解析環境に切り替えます。切り替えの方法の詳細については、19 ページの 2.1.3 章、64 ページの 2.4.1 章および 71 ページの 2.4.2 章をそれぞれ参照してください。次のプロセスを開始するには、プロセス環境に戻って “Back to Wizard” ボタンをクリックします。

2.3.1.1 サンプル情報の提供

“Sample Selection” 画面にアクセスするには、“Sample Selection” 画面で “Provide Sample Information” チェックボックスにチェックを入れる必要があります。



“Sample Information” にサンプル情報を入力する；A1 のサイズマーカー

サンプル情報を手入力するには、選択済みのポジション A1 でサンプル情報を入力します。入力されたテキストが、テーブルの下の編集フィールドに表示されます。“Enter” キーを押して各ポジションの情報を確認します。次のポジションは、次の入力で自動的に選択されます。選択したポジションについてのみサンプル情報を入力するには、ポジションをクリックして、編集可能なフィールドにサンプル情報を入力します。

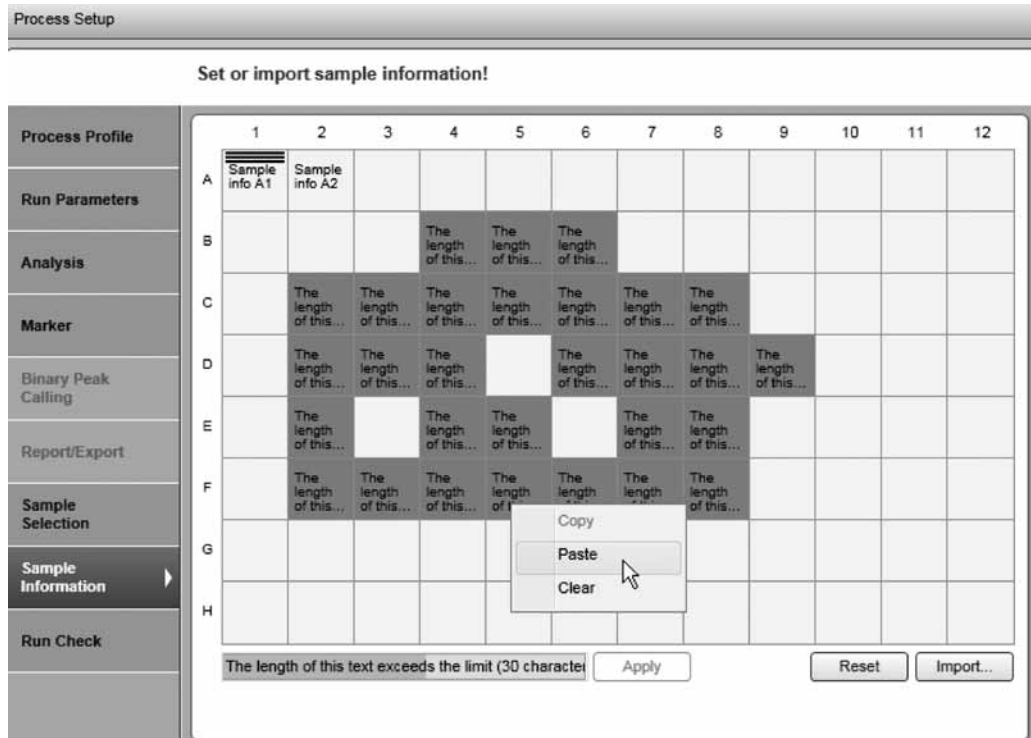
サンプル情報グリッドを移動するには、矢印と “Tab” / “Shift” + “Tab” キーを使用します (Microsoft® Excel® の表と同様)。

複数のセルを選択するには、

- “Ctrl” キーを押したまま左クリックして、選択したエリアにセルを追加するか、このセルの選択を解除します。
- 左クリックしてドラッグし、セルの四角形のエリアを選択します。

以前クリップボードにコピーしたプレーンテキストは、選択したセルに貼り付けることができます。“Ctrl” キーと “V” キーを同時に押すか、コンテキストメニューの “Paste” を使用します。クリップボードに保存されたテキストが選択したすべてのセルに貼り付けられます。また、選択したセルは、テキストを貼り付けた後もハイライト表示のまま残ります。

注：貼り付けたテキストの長さが最大値 (30 字) を超える場合、セルの背景色が変わります。長すぎるテキストの編集フィールドの背景色は、次のように 2 色に色分けされます。最初の 30 文字 (左側) については青色 (正常)、上限 (30) を超える文字については黄色 (エラー) で表示されます。この場合、“Apply” ボタンは無効となります。また、編集フィールドにツールチップテキストが表示されます。



選択したセルに貼り付けられた長すぎるテキスト（30文字超）

“rack file” からサンプル情報をインポートする（以下の注を参照）には、**Import...** ダイアログボックスが表示され、使用可能なすべてのインポートファイルが一覧表示されます（“Sample Info Import” ディレクトリに保管されたファイル、[154 ページの 2.6.1 章を参照]）。インポートファイルを選択して “OK” をクリックします。インポートされたデータが、以前に入力されたすべてのサンプル情報を上書きします。

注：上記の “rack file” とは、QIAsymphony™ アプリケーションで使用する XML 形式のプレーンテキストファイルです。ファイルの例は、“Sample Info Import” ディレクトリにあります（154 ページの 2.6.1 章を参照）。

注：インポートしたサンプル情報は読み取り専用です。ダイアログボックスで変更できません。

注：サイズマーカーの位置は、“はしご” マークで表示されます。

注：サンプル情報を消去するには、“Reset” ボタンを使用します。

2.3.2 プロセスプロファイルの変更

注：“Advanced User” または “Basic User” 権限を割り当てられたユーザーのみが、プロセスプロファイルを変更できます。“Basic User” 権限のあるユーザーには、変更されたプロセスプロファイルを保存できないなどの制限が適用されます。制限がある場合、制限の内容はこのマニュアルに記載されています。

プロセスプロファイルを変更するには、次の手順に従います。

1. “Process” 環境を起動します。

“Process” 環境アイコンをクリックして “Process” 環境に切り替え、“Process Profile” 画面を選択します。



プロセスプロファイルを変更するステップ

注：前回のプロセスが終了したばかりの場合には、右下にある“Back to Wizard” ボタンをクリックします。

2. 変更するプロセスプロファイルを選択します。

“Process Profile” ドロップダウンリストを使用して、プロファイルを選択します。

注：各プロセスプロファイルは、特定の種類のカートリッジに関連しています。よって、正しい種類のカートリッジが挿入された場合にのみプロセス（例えばデータ取得）を開始可能です。

選択するプロセスプロファイルがリストにない場合、正しい種類のカートリッジが選択されているかを確認します。装置が接続されている場合、挿入されたカートリッジの種類は自動的に検出されます。プロセスプロファイルを変更して別の種類のカートリッジを適用する場合、カートリッジまたは少なくともカートリッジキーを取り除くか、装置の接続を外します。カートリッジを選択します。変更するプロセスプロファイルを“Process Profile” ドロップダウンリストから選択します。

3. プロセスプロファイルのオプションを必要に応じて変更します。

詳細については、43 ページの 2.3.3 章を参照してください。

4. 変更したプロセスプロファイルを新しい名前で保存します。
- プロセスセットアップの下にある “Save Process Profile as ...” ボタンをクリックして、表示される “Save Profile” ダイアログボックスに新しい名前を入力します。
- 注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。
- 注：不完全または整合性のないデータを含むプロセスプロファイル画面がある場合、黄色でハイライト表示され、“Save Process Profile as ...” ボタンが無効になります。印の付いたプロセスプロファイル画面を選択して、データを修正します。すべてのデータが正しい場合、“Save Process Profile as ...” ボタンが有効になり、プロセスプロファイルを保存できます。

2.3.3 プロセスプロファイルのオプション

プロセスプロファイルのオプションは、複数の画面に分けられます。プロセスプロファイル全体を指定するには、以下の画面の順序に従います。“Run Parameters” 画面に切り替えるには、画面のタブをクリックします。

プロセスプロファイルを変更

注：画面のタブをクリックすると、各画面に戻れます。変更が必要ない場合には、設定を省略することができます。

注：不完全または不正確なオプションのある画面のタブは、黄色でハイライト表示されます。ただちにその画面を修正する必要はありませんが、不完全または不正確なプロセスプロファイルを保存または開始することはできません。

“Process Profile” 画面	詳細
Process Profile	プロセスの範囲を指定します。データ取得に加えて、解析やレポートなど追加のステップを指定することができます。詳細については、44 ページの 2.3.3.1 章を参照してください。
Run Parameters	ランパラメータは、使用するメソッドや処理する列、サイズマーカーの位置など、データ取得の詳細を指定します。詳細については、46 ページの 2.3.3.2 章を参照してください。
Analysis Parameters	解析パラメータは、データ取得後の完全自動化された解析用の解析パラメータを指定します。詳細については、49 ページの 2.3.3.3 章を参照してください。 注：この画面は、解析がプロセスの範囲にない場合には無効となります。
Marker	マーカーは、解析に使用するマーカーやアライメントマーカーやサイズマーカーの種類を指定します。詳細については、51 ページの 2.3.3.4 章を参照してください。 注：この画面は、解析がプロセスの範囲内にはない場合には無効となります。
Binary Peak Calling	DNA モードのみ有効です。 解析に基づき、完全自動化された binary peak calling のパラメータを指定します。詳細については、51 ページの 2.3.3.4 章を参照してください。 注：この画面は、binary peak calling がプロセスの範囲にない場合、無効となります。
Report/Export	プロセス中の最後のステップとして完全自動化されたレポートおよびエクスポートのレポートおよび/またはエクスポートパラメータを指定します。詳細については、54 ページの 2.3.3.6 章を参照してください。 注：この画面は、レポート/エクスポートがプロセスの範囲にない場合には無効となります。

2.3.3.1 一般的なプロセスのオプションの選択

1. “Process Profile” 画面を選択します。
画面の選択方法の詳細については、43 ページの 2.3.3 章を参照してください。
2. プロセスの範囲を指定します。
追加のステップを選択します。

Analysis	<p>解析にはプロセスでの解析が含まれます。データ取得の終了後、ソフトウェアは、“Analysis” および “Marker” 画面で設定されたプロセスオプションに基づき、サンプルデータを自動的に解析します（49 ページの 2.3.3.3 章および 51 ページの 2.3.3.4 章で説明）。</p> <p>“Analysis Parameters” および “Marker” 画面が有効になります。</p> <p>DNA モードのみ：“Binary Peak Calling” を含めることができます。</p>
Binary Peak Calling	<p>DNA モードのみ有効です。</p> <p>解析に基づき、プロセスに binary peak calling が含まれます。解析後、binary peak calling が、“Binary Peak Calling” 画面（53 ページの 2.3.3.5 章に記載）で設定されたプロセスオプションに基づき、自動的に実行されます。</p> <p>注：このステップは、“Analysis” がプロセスの範囲内にはない場合には無効となります。</p>
Report	<p>レポートには、プロセスの最終ステップとしてレポートおよび／またはエクスポートが含まれます。ソフトウェアはレポートとエクスポートを自動的に生成します。</p>

3. オプション：プロセスプロファイルで “Notes” を編集します。

この “Notes” フィールドを使用して、プロファイルの使用目的についての簡単な説明を記載できます。この注は、プロセスプロファイルを選択するたびに表示されます。

Process Setup

Set the process profile!

Process Profile

Mode

Cartridge Type
DNA Screening

Process Profile
Screening

Profile

Cartridge Type
DNA Screening

Included Steps
 Run Analysis Binary Peak Calling Report

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

Save process profile as ... Run

2.3.3.2 ランパラメータの選択

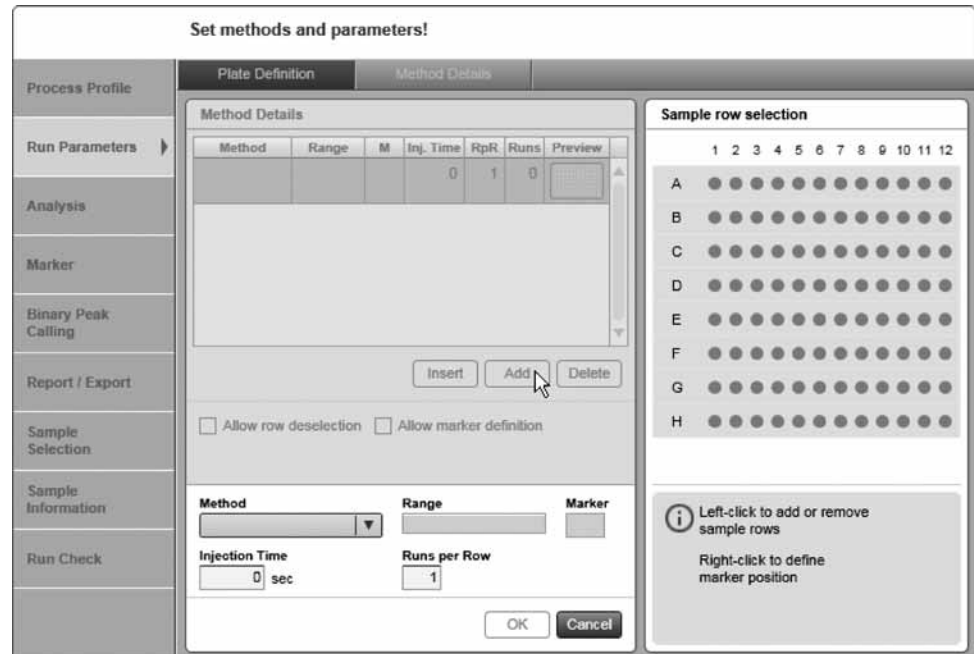
“Method Details” リストで処理する列や、使用するメソッドなどを定義します。また、サイズマーカーの位置も指定できます。

注：プロセスの間、定義したリストは連続的に処理されます。詳細については、55 ページの 2.3.3.7 章を参照してください。

次のように手順を進めます。

- 1a. “Method Details” リストが空の場合、“Add” ボタンをクリックして最初の定義を開始します。新たな空のエントリが “Method Details” リストに表示されます。ステップ 2 に進みエントリを指定します。

注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。



“Add” ボタンがクリックされた後、“Method Details” リストを空にします

1b. “Method Details” リストが空でない場合、次のオプションが可能です。

- | | |
|----|--|
| 追加 | <p>“Add” ボタンをクリックして、リストの下に新規エントリを追加します。ステップ 2 に進んでエントリを指定します。</p> <p>注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。</p> |
| 挿入 | <p>左クリックしてエントリを選択後、“Insert” ボタンをクリックして、選択したエントリの前に新たなエントリを挿入します。ステップ 2 に進んでエントリを指定します。</p> <p>注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。</p> |
| 変更 | <p>変更するエントリを選択します。ステップ 2 に進んでエントリを変更します。</p> |
| 削除 | <p>削除するエントリを選択してから、“Delete” ボタンをクリックします。エントリがリストから削除されます。ステップ 6 に進む。</p> <p>注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。</p> |

2. 処理する列を選択します。

右側の “Sample Row Selection” 表示で、表示を左クリックしてサンプル列をプレートに追加または削除します。“Range” フィールドには、選択した列が表示されます。

オプション：編集可能なフィールド “Runs per row” で、1 列あたりのランの回数を定義します。メソッドが、ここで指定した回数だけ実行されます。

3. オプション：サイズマーカーの位置を定義します。

注：このポジションのサイズマーカーがサンプルと同時に実行される場合に、自動解析に使用されます。

右クリックしてサイズマーカーのポジションを定義します。“Marker” フィールドに、設定するマーカーの位置が表示されます。

注：“Method Details” リストの1つのエントリについては、1つのサイズマーカーしか定義できません。各列でサイズマーカーを含むプレートランのプロセスプロファイルを指定する場合、“Method Details” リストで各列につき個別にエントリを作成します。

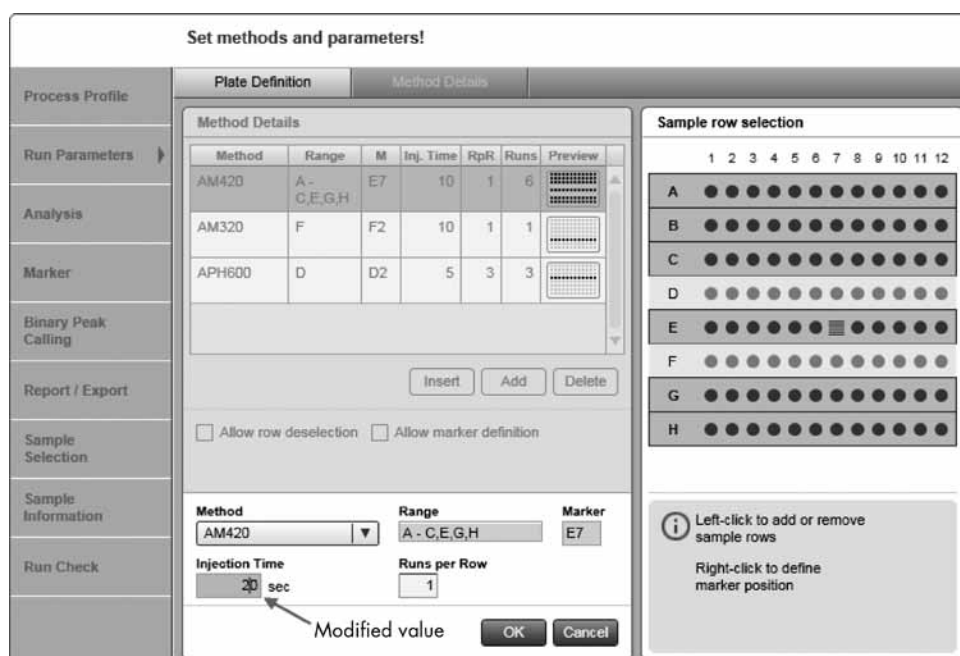
4. “Method” ドロップダウンリストからメソッドを選択します。

注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。

注：“Method” ドロップダウンリストには、プロセスプロファイルの定義の対象となるカートリッジの種類で使用可能なメソッドのみが表示されます。

注：各 QIAxcel Kit 用に多数のデフォルトのメソッドを用意しています。選択したメソッドの詳細については、60 ページの 2.3.5 章を参照してください。

必要に応じ、“Injection Time” フィールドでサンプル注入時間を変更します。メソッドで定義されたサンプル注入時間に代わり適用されます。



変更されたサンプル注入時間

5. “OK” をクリックして確認します。

注：“OK” ボタンは、列を定義しメソッドを選択したすぐ後に有効になります。

指定したパラメータが、“Method Details” リストで作成されたエントリに表示されます。

注：ステップ 2 から 5 までで行なったすべての指定を取り消すには、“Cancel” をクリックします。この場合、エントリは作成されません／選択したエントリは変更されません。

注：“Method Details” リストの列 “Runs” には、このエントリで指定された列の合計数が表示されます。“Range” が “A-C” で、“RpR” (“Runs per Row”) が “2” の場合、“Runs” は $3 \times 2 = 6$ となります。

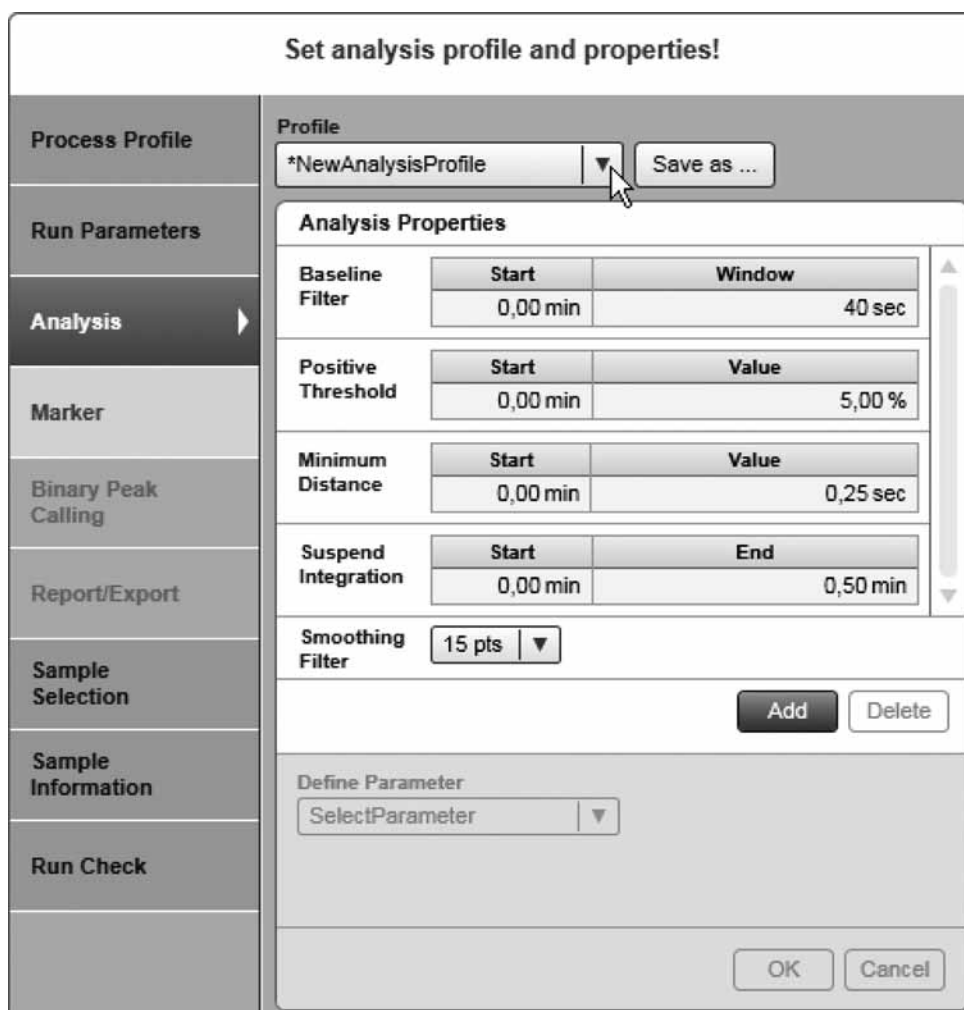
6. ステップ1～5を繰り返して、“Method Details”ですべてのエントリを定義します。
7. オプション：“Allow row deselection”
このオプションを選択すると、プロセスを準備中に“Sample Selection”画面で列の選択解除を許可します。このオプションを使用すると、“Routine User”権限を割り当てられたユーザーでも、ランをカスタマイズできます。
注：これは、“Advanced User”権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。
8. オプション：“Allow marker definition”
このオプションを選択すると、プロセスの準備中に“Sample Selection”画面でサイズマーカーの位置の再定義を許可します。このオプションを使用すると、“Routine User”権限を割り当てられたユーザーでもランをカスタマイズできます。
注：これは、“Advanced User”権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。

2.3.3.3 解析パラメータの選択

注：“Analysis”画面は、分析がプロセスプロファイルに選択されている場合にのみ有効になります。詳細については、44ページの2.3.3.1章を参照してください。

次のように解析パラメータを指定します。

1. 解析プロファイルを選択します。
“Profile”ドロップダウンリストを使用して、解析プロファイルを選択します。選択したプロファイルの解析パラメータが、ドロップダウンリストの下に表示されます。



変更する解析プロファイルの選択

注：DNA モードでは、解析プロファイルはサンプルの完全自動解析に使用されます。

注：RNA モードでは、解析プロファイルはサイズマーカーサンプルの自動解析にのみ使用されます。RNA サンプルは、一連の固定パラメータで解析されます。

注：“NewAnalysisProfile” を選択して、最初から解析パラメータを定義することができます。これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。

注：選択した解析プロファイルで現在設定されたすべての解析パラメータは、プロセスプロファイルにコピーされます。もとの解析プロファイルをさらに変更しても、このプロセスプロファイルの解析パラメータには影響はありません。これにより、プロセスプロファイルが間違っても変更されることがなくなり、プロセスの安定性が保たれます。後の解析プロファイルの変更をこのプロセスプロファイルにも含める場合、“Profile” のドロップダウンリストから選択して変更した解析プロファイルを再び読み込みます。

2. オプション：解析パラメータを変更します。100 ページの 2.4.3.2 章の記事を参考に、この画面で必要に応じ解析パラメータを変更できます。

注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。

注：変更はこのプロセスプロファイルにのみ適応されます。変更されたパラメータも選択した解析プロファイルに含める場合、解析プロファイルを次のとおり保存します。

3. オプション：変更した解析パラメータを保存します。

注：これは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか利用できません。

変更した解析パラメータは、“Save as ...” ボタンをクリックして保存できます。“Save Profile” ダイアログボックスが表示されます。このダイアログボックスには、選択した解析プロファイルの名前が表示されます。次の2つのオプションがあります。

選択した解析プロファイルに変更を保存する場合、“OK” をクリックします。新規の解析プロファイルとして変更した解析パラメータを保存するには、新しい解析名を入力してから、“OK” をクリックします。この新しい解析プロファイルとすべての解析パラメータの名前は、プロセスプロファイルに含まれます。

2.3.3.4 マーカーの選択

注：“Marker” 画面は、解析がプロセスプロファイルに選択されている場合にのみ有効になります。詳細については、44 ページの 2.3.3.1 章を参照してください。

Set the size/reference and alignment markers!

Process Profile Run Parameters Analysis Marker Binary Peak Calling Report/Export Sample Selection Sample Information Run Check	Marker Selection <input type="radio"/> No Marker <input type="radio"/> Reference Marker Table <input checked="" type="radio"/> Run size marker side by side with sample Size Marker phiX174 HaeIII (20 ng per ul) ▼ Save as ...	Size Marker Total conc. 20 ng/ul <table border="1"> <thead> <tr> <th>Size [bp]</th> <th>Conc. [ng/ul]</th> </tr> </thead> <tbody> <tr><td>15</td><td>--</td></tr> <tr><td>72</td><td>0,27</td></tr> <tr><td>118</td><td>0,44</td></tr> <tr><td>194</td><td>0,72</td></tr> <tr><td>234</td><td>0,87</td></tr> <tr><td>271</td><td>1,01</td></tr> <tr><td>281</td><td>1,04</td></tr> <tr><td>310</td><td>1,15</td></tr> <tr><td>603</td><td>2,24</td></tr> <tr><td>872</td><td>3,24</td></tr> <tr><td>1078</td><td>4,00</td></tr> <tr><td>1353</td><td>5,02</td></tr> </tbody> </table> Add Delete Size [] bp Concentration [] ng/ul OK Cancel	Size [bp]	Conc. [ng/ul]	15	--	72	0,27	118	0,44	194	0,72	234	0,87	271	1,01	281	1,04	310	1,15	603	2,24	872	3,24	1078	4,00	1353	5,02
Size [bp]	Conc. [ng/ul]																											
15	--																											
72	0,27																											
118	0,44																											
194	0,72																											
234	0,87																											
271	1,01																											
281	1,04																											
310	1,15																											
603	2,24																											
872	3,24																											
1078	4,00																											
1353	5,02																											

マーカーの選択

このプロセスプロファイルを実行する際に使用するマーカーを定義します。

1. サイズマーカーのオプションのうち1つを選択します。
2. 選択したオプションで使用する正しいマーカーを選択します。

マーカーオプションの詳細については、以下の説明を参照してください。

マーカーオプション 詳細

No Marker

DNA モードについてのみです。

自動解析がピーク検知のみの場合にこのオプションを選択。

注：自動解析でサイズマーカーを使用しないため、サイズと濃度の定義は行なえません。

Reference Marker Table

以前に保存されたリファレンスマーカーテーブルに基づきサイズおよび/または定量解析を実行する場合に、このオプションを選択します。

“Reference Marker Table” ドロップダウンリストから、使用するリファレンスマーカーテーブルを選択します。

注：互換性を確保するため、ドロップダウンリストには、このプロセスプロファイルで定義されたのと同じメソッドで処理されたサイズマーカーによるリファレンスマーカーテーブルのみが含まれます。互換性のあるリファレンスマーカーテーブルがない場合には、ドロップダウンリストは無効とマークされ空白となります。この場合、サンプルと同時にサイズマーカーを使用してプロセスを実行するか、または以前のプロセスからリファレンスマーカーテーブルを作成します（104 ページの 2.4.3.4 章および 116 ページの 2.4.4.2 章をそれぞれ参照）。

注：現在カートリッジが挿入されていない場合、選択したリファレンスマーカーテーブルの互換性をチェックできません。ドロップダウンリストは無効とマークされ空白となるか、以前選択したリファレンスマーカーテーブルのみが表示されます。プロファイルで使用するカートリッジを挿入し、このカートリッジに対応するリファレンスマーカーテーブルとこのプロセスプロファイルで定義されたメソッドを選択します。

注：“Reference Marker Table” ドロップダウンボックスの右側にある記号の説明については、以下の表を参照してください。

● (緑)	<p>選択したリファレンスマーカーテーブルは完全に対応しています。</p> <p>リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、現在挿入されているのと同じカートリッジで、このプロセスプロファイルで定義されたのと同じメソッドで 2 か月以内に処理されました。</p>
● (黄)	<p>リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、現在挿入されているのと同じカートリッジで、このプロセスプロファイルで定義されたのと同じメソッドで 2 か月以上前に処理されました。</p>
● (赤)	<p>リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、このプロセスプロファイルで定義されたのと同じメソッドで処理されましたが、現在挿入されているのは別のカートリッジで処理されました。</p>
● (灰色)	<p>リファレンスマーカーテーブルは、このプロセスプロファイルで定義されたメソッドに対応していません。こうした状況は、メソッドが “Run Parameters” 画面で変更され、リファレンスマーカーテーブルがまだそれに応じて変更されていない場合に発生する場合があります。新たに選択したメソッドに対応する別のリファレンスマーカーテーブルをドロップダウンリストから選択します。</p>

Run size marker side by side with sample	<p>サイズマーカーをサンプルと同時に泳動する場合にこのオプションを選択します。</p> <p>“Size Marker” ドロップダウンリストから、使用するサイズマーカーを選択します。</p> <p>“Alignment Marker” ドロップダウンリストで、バッファートレイの MARKER1 ポジションで使用する alignment marker を選択します。</p> <p>注：“Run size marker side by side with sample” オプションを選択しているが、サイズマーカーおよび/または alignment marker が指定されていない場合、“Marker” 画面は無効と見なされます。</p> <p>注：DNA モードのみ：適切なサイズマーカーを使用すると、サイズと濃度の判定の精度が向上します。対象となる DNA フラグメントのサイズになるべく近い DNA フラグメントを含むマーカーを選択します。解析する DNA フラグメントは、サイズマーカーの最大フラグメントと最小フラグメントの間になければなりません。</p> <p>注：DNA モードのみ：アライメントマーカーの範囲は、サイズマーカーの範囲に対応している必要があります。対応していない場合、右側の “Size Marker” テーブルで、列が黄色にハイライト表示されて問題が示され、“Marker” 画面は無効と見なされます。</p> <p>注：サイズマーカーの位置の定義方法の詳細については、46 ページの 2.3.3.2 章を参照してください。</p>
--	--

2.3.3.5 Binary peak definition table の選択

注：DNA モードのみ

注：“Binary Peak Calling” 画面は、解析と binary peak calling がプロセスプロファイルに選択されている場合にのみ有効になります。詳細については、44 ページの 2.3.3.1 章を参照してください。

Binary peak calling のコンセプトの説明については、108 ページの 2.4.3.6 章を参照してください。

Binary peak calling のピークを定義します。

1. Binary peak definition table を選択します。

“Binary Peak Table” ドロップダウンリストを使用して、定義済みの binary peak definition table を選択します。テーブルの定義がドロップダウンリストの下に表示されます。

注：選択した binary peak definition table で設定されたすべてのパラメータは、プロセスプロファイルにコピーされます。もとの binary peak definition table をさらに変更しても、このプロセスプロファイルにある binary peak パラメータには影響はありません。これにより、プロセスプロファイルが間違っても変更されることがなくなり、プロセスの安定性が保たれます。もとの binary peak definition table の変更をこのプロセスプロファイルに含める場合、“Binary Peak Table” ドロップダウンリストから選択して、変更した binary peak definition table を読み込みます。

注：“NewBinaryPeakDefinitionTable” を選択して、新規テーブルを作成します (“Advanced User” のみ)。ステップ 2 に進んでピークを定義します。

2. Binary peak definition table を変更します。binary peak definition table は、110 ページの 2.4.3.7 章にあるとおり、必要に応じ変更できます。

注：これを実行できるのは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーだけです。

注：変更はこのプロセスプロファイルにのみ適応されます。変更を選択されている binary peak definition table にも適応する場合、binary peak definition table を次のとおり保存します。

3. 変更した binary peak definition table を保存します。

注：これを実行できるのは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーだけです。

“Save as...” ボタンをクリックして、変更した binary peak definition table を保存できます。“Save Profile” ダイアログボックスに選択した binary peak definition table 名が表示されます。次の2つのオプションが選択可能です。変更を選択した binary peak definition table に保存する場合には、“OK” をクリックします。変更を新しい binary peak definition table に保存するには、新しい binary peak definition table 名を入力してから “OK” をクリックします。この新しい binary peak definition table の名前とすべてのパラメータは、プロセスプロファイルに適用されます。

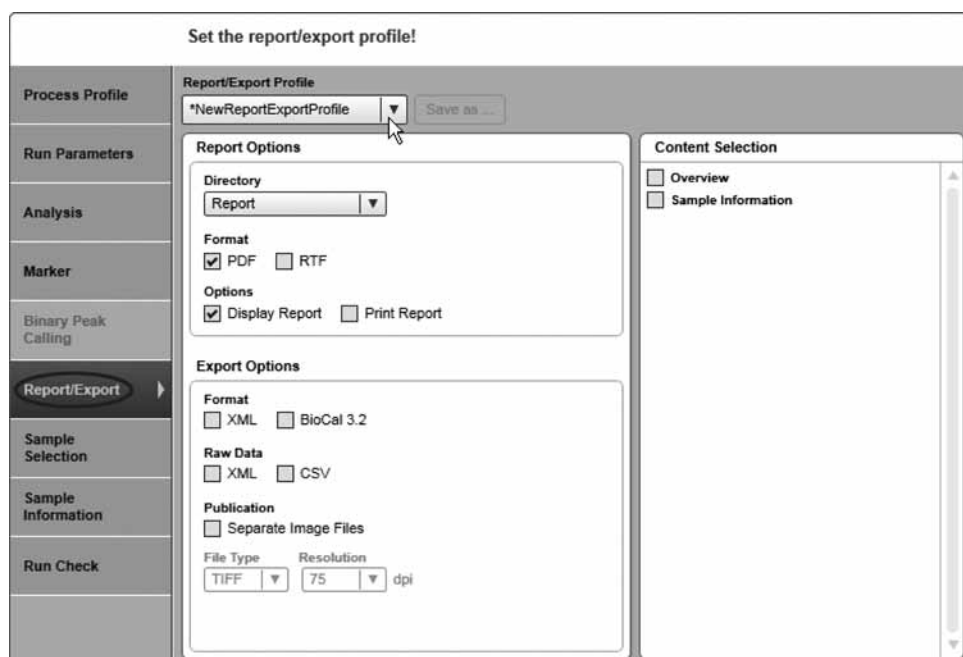
2.3.3.6 レポート/エクスポートパラメータの選択

注：“Report/Export” 画面は、“Report” がプロセスプロファイルに選択されている場合にのみ有効になります。詳細については、44 ページの 2.3.3.1 章を参照してください。

次のように、レポートとエクスポートパラメータを指定します。

1. レポート/エクスポートプロファイルを選択します。

“Report/Export Profile” ドロップダウンリストを使用して、レポート/エクスポートプロファイルを選択します。選択したプロファイルのパラメータが、ドロップダウンリストの下に表示されます。



新規レポート/エクスポートプロファイル

注：選択したレポート/エクスポートプロファイルで現在設定されているすべてのレポート/エクスポートパラメータは、プロセスプロファイルにコピーされます。もとのレポート/エクスポートプロファイルをさらに変更しても、このプロセスプロファイルのレポート/エクスポートパラメータには影響はありません。これにより、プロセスプロファイルが間違っても変更されることがなくなり、プロセスの安定性が保たれます。もとのレポート/エクスポートプロファイルの変更をこのプロセスプロファイルに含める場合、“Report/Export Profile” ドロップダウンリストから選択して、変更したレポート/エクスポートプロファイルを読み込みます。

2. レポート/エクスポートパラメータを変更します。
- レポート/エクスポートパラメータは、この画面で必要に応じ変更できます。詳細については、131 ページの 2.4.7.4 章を参照してください。
- 注：変更はこのプロセスプロファイルにのみ含まれます。変更したパラメータを選択したレポート/エクスポートプロファイルに含める場合、下記のとおりレポート/エクスポートプロファイルを保存します。
- 注：レポート/エクスポートプロファイルは、“Content Selection” で 1 つ以上のチェックボックス (“Overview” または “Sample Information”) が選択されている場合にのみ適用されます。チェックボックスと “Report/Export” 画面は、選択がない場合には黄色でハイライト表示されます。
3. 変更したレポート/エクスポートパラメータを保存します。
- 注：これを実行できるのは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーだけです。
- 変更したレポート/エクスポートパラメータは、“Save as...” ボタンをクリックして保存できます。“Save Profile” ダイアログボックスが表示されます。このダイアログボックスには、選択したレポート/エクスポートプロファイルの名前が表示されます。次の 2 つのオプションがあります。変更を選択したレポート/エクスポートプロファイルに保存する場合には、“OK” をクリックします。変更したレポート/エクスポートパラメータを新規レポート/エクスポートプロファイルに保存するには、新しいレポート/エクスポートプロファイル名を入力してから、“OK” をクリックします。この新しいレポート/エクスポートプロファイルの名前とすべてのパラメータは、プロセスプロファイルに適用されます。

2.3.3.7 ランパラメータと結果の構造

この章には、プロセス定義と結果の関係を説明する例が記載されています。

QIAxcel DNA Screening Cartridge で：

- 列 A と B は、メソッド AM320 で、ポジション A1 のサイズマーカーを使用して 2 回実行
 - 列 C と D は、メソッド AH420 で、ポジション C1 の同じサイズマーカーで 3 回実行
- 同じアライメントマーカーを両方のメソッドに使用。

プロセス定義の “Run Parameters” と “Sample Selection” 画面を参照。

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	
<input type="button" value="Insert"/> <input type="button" value="Add"/> <input type="button" value="Delete"/>						
<input checked="" type="checkbox"/> Allow row selection <input checked="" type="checkbox"/> Allow marker definition						
Method <input type="text" value="AH420"/>		Range <input type="text" value="C,D"/>		Marker <input type="text" value="C1"/>		
Injection Time <input type="text" value="20"/> sec		Runs per Row <input type="text" value="3"/>				
<input type="button" value="OK"/> <input type="button" value="Cancel"/>						

メソッドが異なるため、2つのエントリが定義されます。“Method” にメソッドの種類、“Range” にランの範囲、“M” にサイズマーカーの位置、“RpR” に列ごとのラン数、“Runs” に各メソッドのランの合計数が表示されます。“Runs” 列に、各メソッドのランの合計数が表示されます。


“Run Parameters” 画面

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
 Provide Sample Information

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

“Sample Selection” 画面

“Plate ID” が、結果の名前として使用されます。

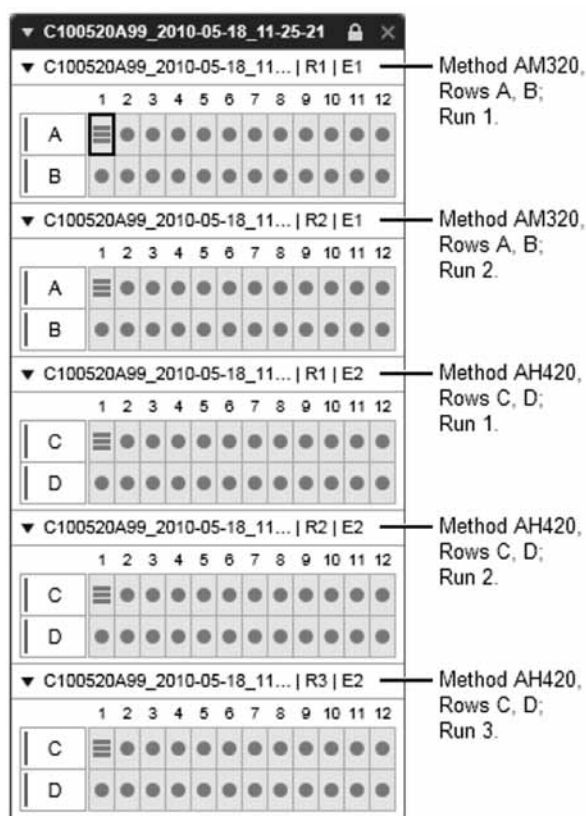
“Sample row selection” には、“Run Parameters” 画面のランの要旨が表示されます。

この例のランの合計数 (“Total Runs”) は 10 です。

A と B の 2 倍 = メソッド AM320 で 4 ラン

C と D の 3 倍 = メソッド AH420 で 6 ラン

プロセスが終了すると、サンプルデータが、“Experiment Explorer” の “Analysis” 環境に表示されます。



プロセスで生成されるすべてのサンプルデータは、1つの“Experiment”にまとめられ、“Plate ID”に従い名前が付けられます。プレートIDは、“Sample Selection”画面で指定されたものです。

すべてのサンプルデータは、プロセスで生成されると、“plates”ごとにグループ化されます。

プレートの名前からランを特定します。名前は次の要素と結びついています。

実験名 実験名は、“Sample Selection”で指定された作成された“Plate ID”です。

R# ラン番号で、“#”は1から始まる数を表示します。メソッドAM320の例では、ラン回数R1とR2が生成されます。

E# エントリ数 (“Run Parameters”の“Method Details”リストにあるエントリ)で、“#”は1から始まる数を表示します。この例では、“Method Details”リストに2つのエントリが含まれるため、エントリ数E1とE2が生成されます。

よって、列AとBのメソッドAM320のサンプルデータがまず一覧表示され、各ランにつき別々に表示されます。

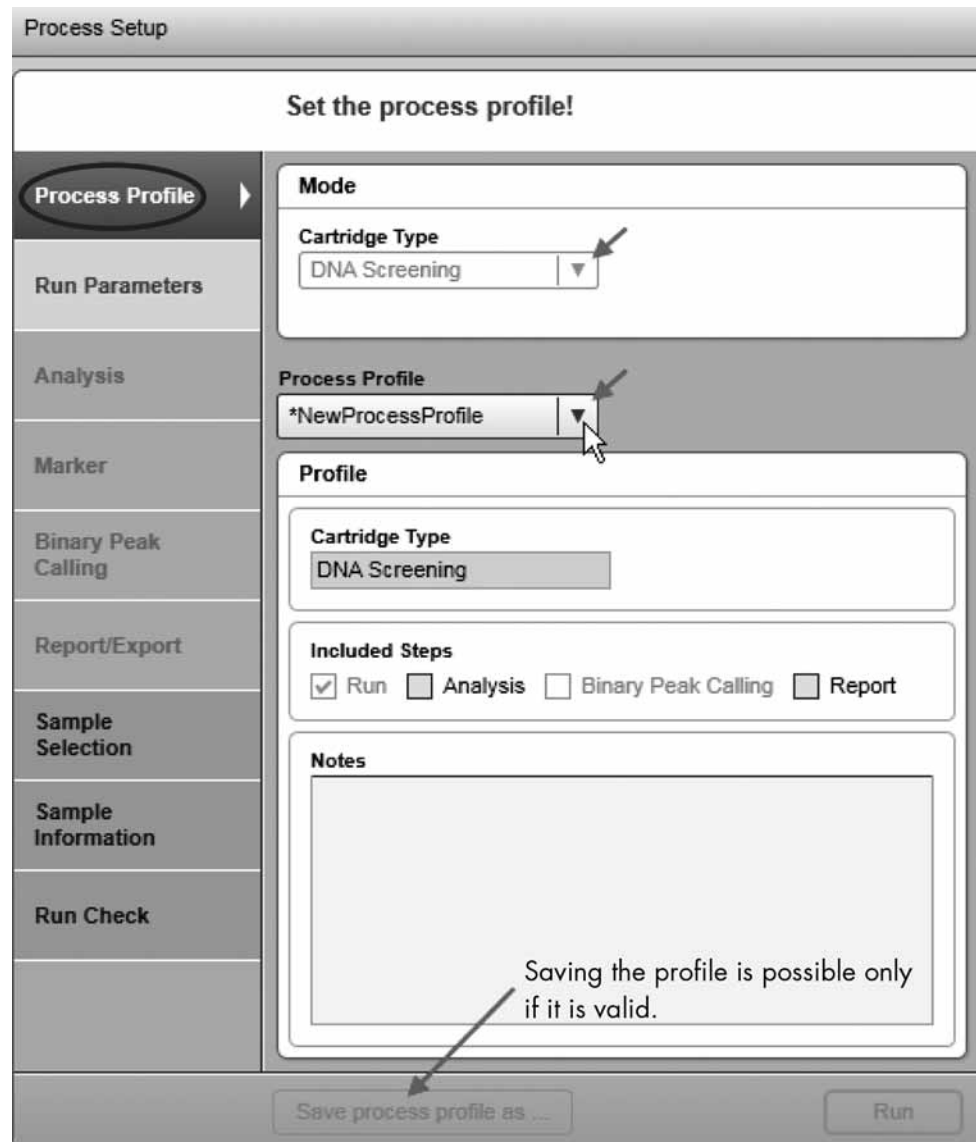
2.3.4 新規プロセスプロファイルの作成

注：“Advanced User”権限を割り当てられたユーザーのみが、新規プロセスプロファイルを作成できます。

新規プロセスプロファイルを作成するには、次の手順に従います。

1. “Process”環境を開きます。

“Process”環境アイコンをクリックして“Process”環境に切り替えます。“Process Profile”画面を選択します。



新規プロセスプロファイル作成のための主なステップ

注：前回のプロセスが終了したばかりの場合には、右下にある“Back to Wizard” ボタンをクリックします。

2. カートリッジの種類を選択します。

新規プロセスプロファイルに使用するカートリッジの種類を選択します。

注：各プロセスプロファイルは、カートリッジの種類と連動します。よって、正しい種類のカートリッジが挿入された場合のみプロセス（データ取得）を開始可能です。

注：装置が接続されている場合、挿入されたカートリッジを自動的に検出します。カートリッジの種類は変更できません。別の種類のカートリッジ向けにプロセスプロファイルを作成する場合、カートリッジまたは少なくともカートリッジキーを装置から外します。

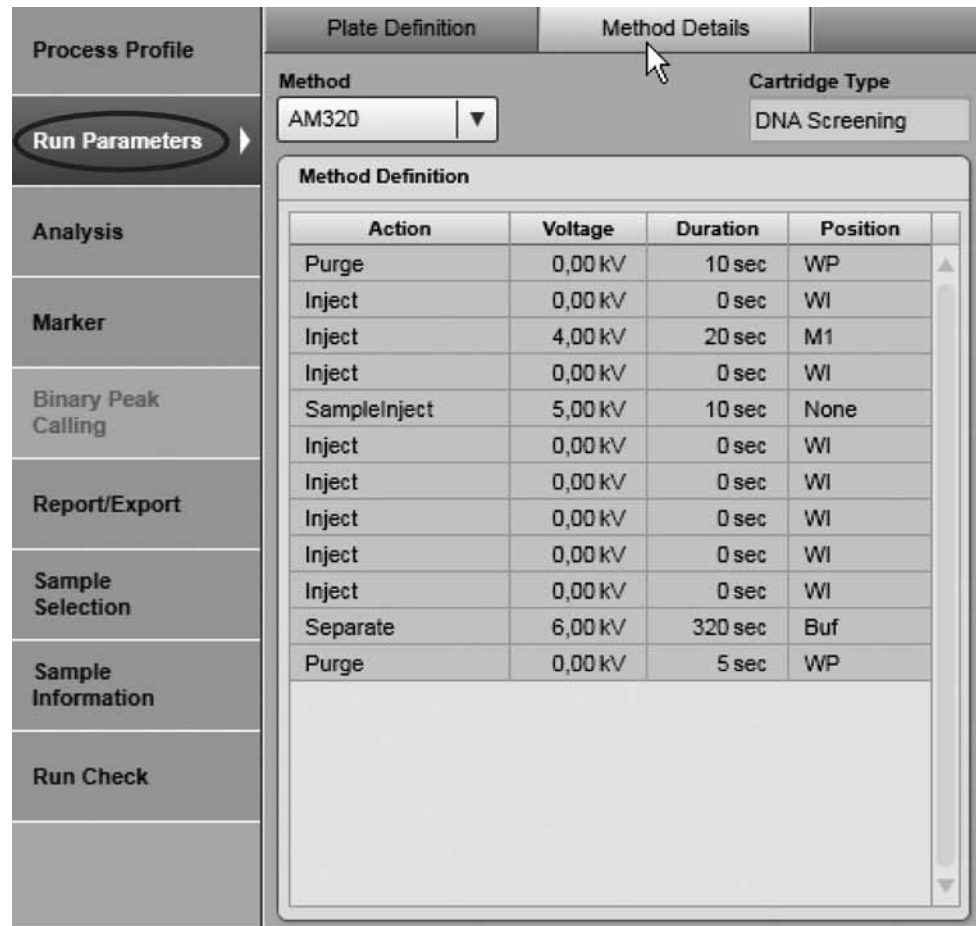
3. プロセスプロファイルを選択します。
“Process Profile” ドロップダウンリストを使用して、プロセスプロファイルを選択します。選択したプロファイルが、新規プロファイル作成のテンプレートとなります。
注：“NewProcessProfile” を選択して、最初からプロセスプロファイルを作成します。選択した後、“*NewProcessProfile” が表示されます。この操作ができるのは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーだけです。
4. 必要に応じてプロセスプロファイルオプションを設定します。
詳細については、43 ページの 2.3.3 章を参照してください。
5. 変更したプロセスプロファイルを新しい名前で作成します。
プロセスセットアップの下にある “Save Process Profile as ...” ボタンをクリックして、表示される “Save Profile” ダイアログボックスに新しい名前を入力します。
注：この操作ができるのは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーだけです。
注：不完全または一貫しないデータを含むプロセスプロファイル画面がある場合、黄色でハイライト表示され、“Save Process Profile as ...” ボタンが無効になります。印の付いたプロセスプロファイル画面を選択して、データを修正します。すべてのデータが正しい場合、“Save Process Profile as ...” ボタンが有効になり、プロセスプロファイルを保存できます。

2.3.5 メソッドの詳細の表示

プロセスプロファイルの設定中に、メソッドの詳細を表示できます。

注：この機能は、“Advanced User” および “Basic User” 権限のあるユーザーのみが使用できます。次のように手順を進めます。

1. “Process Profile” 画面で、プロセスプロファイルを選択します。
2. “Run Parameters” 画面に切り替えます。“Plate Definition” タブで表示するメソッドを含むエントリを選択します。
3. “Method Details” タブに切り替えます。
4. 必要に応じ、表示する別のメソッドを選択します。
注：別のメソッドを選択すると、もとの “Plate Definition” タブのエントリが変更されます。正しいメソッドを選択していることを確認します。



“Method Details” 画面

メソッドで定義されたすべてのアクションが一覧表示されます。ランの間、アクションが順に実行されます。

ポジションの略称の意味の詳細は、“Process” 環境の左側にある “Status Information” パネルの “Instrument Status” の章を参照してください。

2.3.6 ステータス情報パネル

“Process” 環境で画面の左側のパネルは、“Status Information” パネルと呼ばれています。このパネルは、次のように区分されます。

- 上部のツールバー
- “Instrument Status”
- “Cartridge Status”

“Instrument Status” と “Cartridge Status” は、縮小と拡大が可能です。

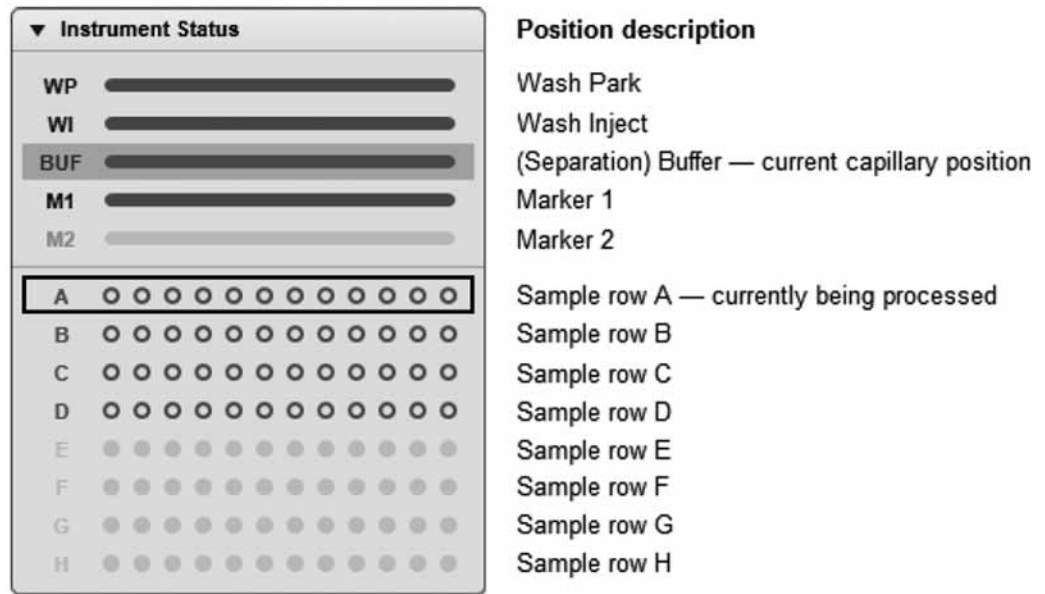
“ツールバー” ボタンとステータスアイコンについては、次の表で説明しています。



プロセスツールバー

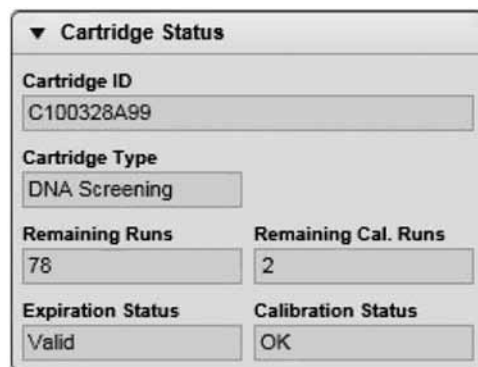
アイコン	意味
	<p>“Load Position” ボタン。このボタンをクリックして、バッファートレイを機器の前面に移動し、アクセスしやすくします。</p> <p>注：サンプルドアまたはカートリッジドアのいずれかが開いている場合には、モーターが動きません。</p>
	<p>“Wash Park Position” ボタン。このボタンをクリックして、カートリッジをバッファートレイの “Wash Park” ポジションに移動します。</p> <p>注：サンプルドアまたはカートリッジドアのいずれかが開いている場合には、モーターが動きません。</p>
	<p>“Latch” ステータス：固定解除／固定。挿入された QIAxcel ゲルカートリッジの現在の固定ステータス。手作業でカートリッジを固定または固定解除するには、このボタンをクリックします。</p> <p>重要： “Pressure 1” ステータスが低い場合、固定解除の前にシステム圧力を高めます。圧力を下げてカートリッジの固定を解除すると、装置が損傷する場合があります。</p>
	<p>“Pressure 1” ステータス：OK/Low。OK は、サンプル泳動の圧力が適切なことを示します。</p> <p>LOW の場合は、窒素が現在のサンプル泳動を行なうには十分ですが、泳動が終了したら N₂ シリンダーを取り替えてください。</p>
	<p>“Pressure 2” ステータス：OK/Low。OK は、サンプル泳動の圧力が適切なことを示します。</p> <p>Low を示す場合は、窒素ガス圧が現在のサンプル泳動を行なうのに十分ではないので、解析を行なえません。N₂ シリンダーを交換してください。</p>
	<p>サンプルドア： 閉／開。</p>
	<p>カートリッジドア： 閉／開。</p>
	<p>接続ステータス： 接続、切断、QIAxcel 装置との接続を確立中。</p> <p>注：切断されている場合、アイコンをクリックして装置に接続できます。</p>

“Instrument Status” パネルには、バッファートレイとサンプルプレートが表示されます。QIAxcel ゲルカートリッジのキャピラリーの現在位置は、プロセスを実行中の場合にはハイライト表示されます。次の例では、サンプル列 A～D は、同じメソッドで処理されています。



“Instrument Status” パネル

“Cartridge Status” パネルには、カートリッジの ID やカートリッジの種類、残りの泳動回数、残りの校正回数、有効期限ステータス、キャリブレーションのステータスなど、現在挿入されている QIAxcel ゲルカートリッジに関する情報が表示されます。



“Cartridge Status” パネル

注：キャリブレーションのステータス “Not OK” とは、カートリッジのキャリブレーションが行なわれておらず、キャリブレーションが必要なことを示すものです。キャリブレーションの情報については、142 ページの 2.5.1 章を参照してください。

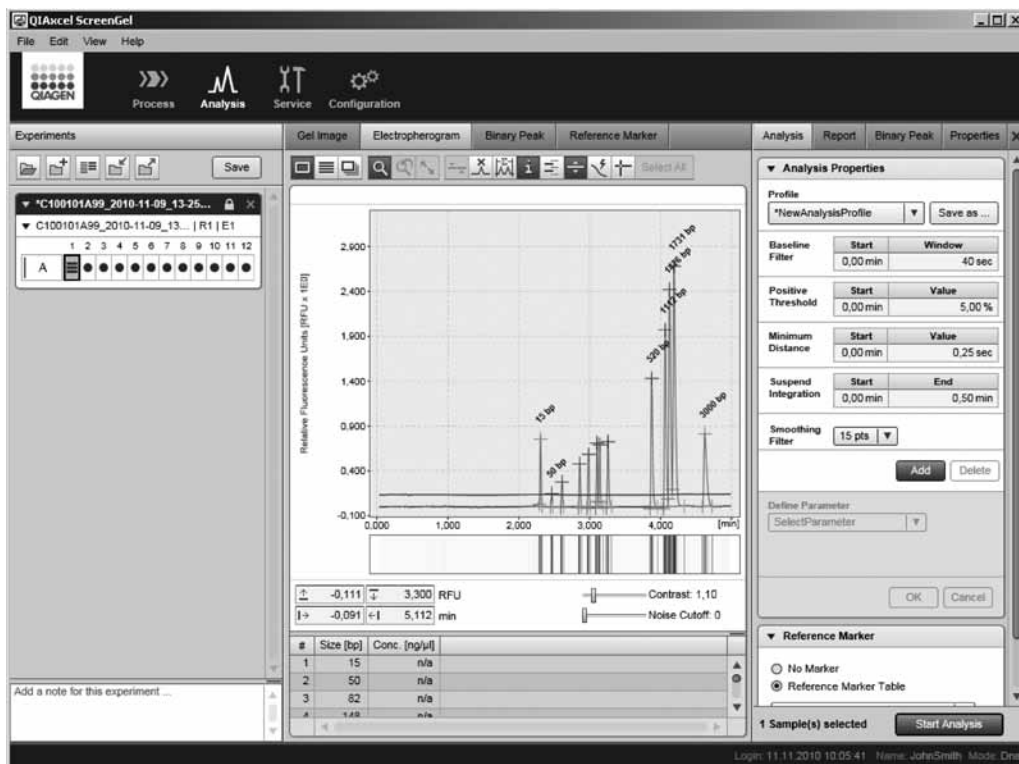
注：“Status Information” パネルが、“Process” 環境と “Service” 環境に表示されます。

2.4 処理解析

“Analysis” 環境は、QIAxcel 装置のエレクトロフェログラムを視覚化し、解析アルゴリズムを提供するものです。

ソフトウェアを使用し、ゲル表示や単独のエレクトロフェログラム表示、エレクトロフェログラムスーパーポジション表示など、サンプルの生データをカスタマイズ可能な形で複数表示できます。エレクトロフェログラム表示により、解析結果を視覚化し、結果を迅速に評価できるようになります。

QIAxcel ScreenGel Software の解析アルゴリズムは、様々なピーク特性を自動的に判定します。解析アルゴリズムは、単一のサンプルや一連のサンプルに適用可能で、ユーザーがカスタマイズすることができます。DNA サンプルについては、目的産物のサイズと濃度を測定可能です。RNA については、28S/18S の比率とトータル RNA の濃度を判定可能です。自動化された解析の後、解析結果を修正できます。



“Electropherogram” を表示した “Analysis” 環境。左が “Experiment Explorer”、右が “Analysis” パネル

2.4.1 サンプルと実験の取り扱い

“Analysis” 環境の “Experiment Explorer” には、サンプルが簡潔な方法で表示され、サンプルを機能的にロード、管理できます。

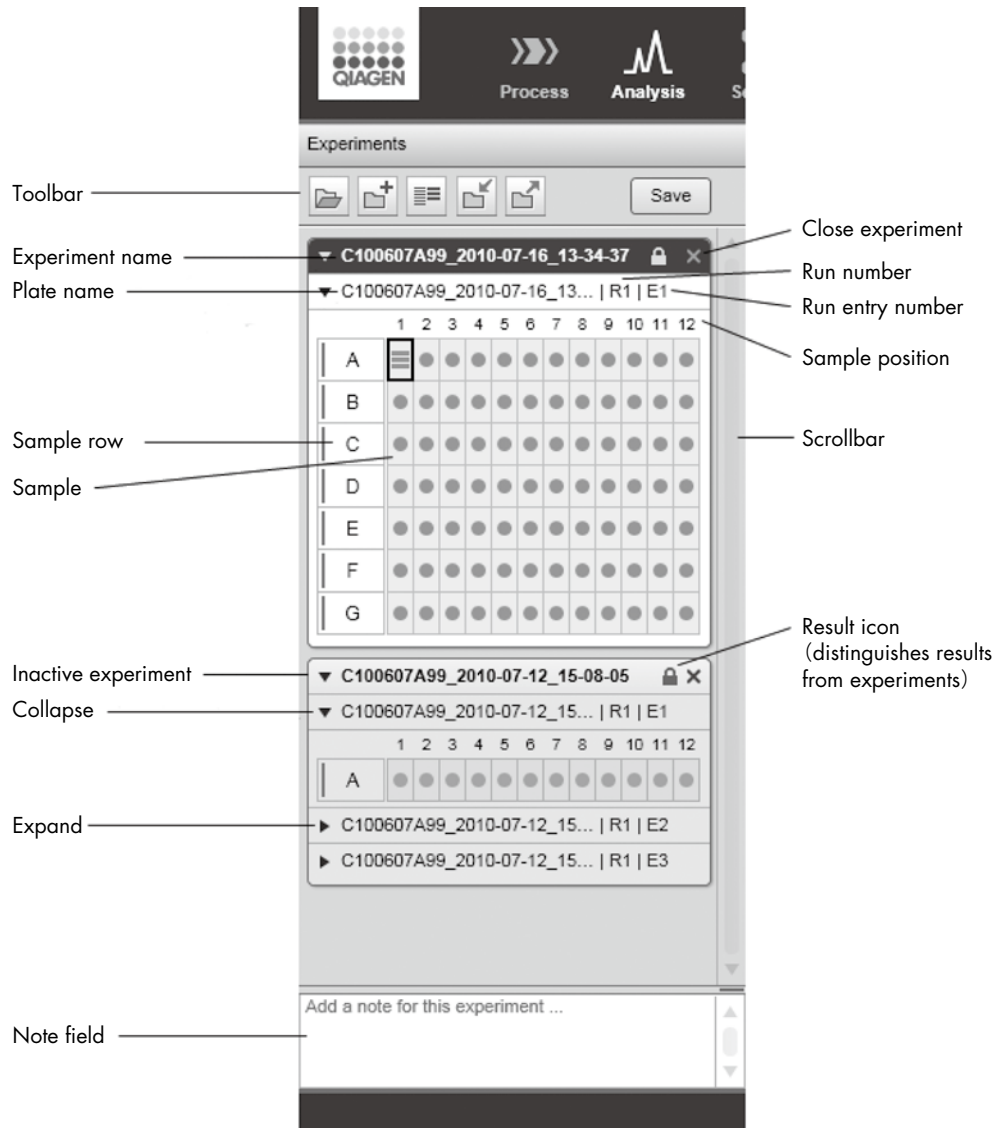
プロセス終了後、結果データは保存されます。“Analysis” 環境を選択すると、実験結果が自動的に experiment explorer にロードされます。

実験結果は、サンプルを処理順にプレートと列ごとにグループ化されます。詳細については、55 ページの 2.3.3.7 章を参照してください。

複数の実験をロード可能ですが、一度に表示できる実験結果は 1 つに限られます。また、実験の Note を、explorer の下にある Note field に入力できます。

また、カスタマイズした実験結果を作成し、別の実験のサンプル結果データと結合できます。

詳細については、124 ページの 2.4.6 章を参照してください。



“Experiment Explorer”

experiment explorer ツールバーには、次のボタンがあります。



デフォルトデータディレクトリから実験ファイルをロード：詳細については、66 ページの 2.4.1.2 章を参照してください。



新規実験フォルダの作成：詳細については、124 ページの 2.4.6.1 章を参照してください。



フィルターマーカーサンプル：このボタンをクリックすると、サイズマーカーサンプルを含まないすべてのサンプル列を非表示にできます。ボタンをもう一度クリックすると、サンプルを再び表示できます。このボタンを使用して、どの列にサイズマーカーサンプルが含まれているかを簡単に知ることができます。



実験ファイルのインポート：デフォルトのデータディレクトリ以外のディレクトリから実験をロードする場合には、このオプションを使用します。詳細については、69 ページの 2.4.1.8 章を参照してください。





















実験ファイルのエクスポート：デフォルトのデータディレクトリ以外のディレクトリに実験ファイルを保存する場合には、このオプションを使用します。詳細については、70 ページの 2.4.1.9 章を参照してください。





保存：実験ファイルをデフォルトのデータディレクトリに保存します。詳細については、69 ページの 2.4.1.6 章を参照してください。

2.4.1.1 サンプルアイコンの意味

“Experiment Explorer” で、サンプルは丸記号 、サイズマーカーは“はしご”記号  で表されます。これらの記号の表示は、解析や視覚化、選択ステータスにより若干異なります。

解析済み	意味	未解析
 	視覚化も選択もされていません。	 
 	視覚化されていますが、選択されていません。	 
 	視覚化されていませんが、選択されています。	 
 	視覚化、選択されています。	 


現在のスポット形成サンプルには、境界  があります。このサンプルは、単一のエレクトロフェログラム表示時に表示され、特性を調べることができます。

サンプルの“Size Marker”  は、サンプルコンテキストメニューを使用して変更できます。“Size Marker” オプションを使用して切り替えます。

リファレンスマーカーは、“Size Marker” を適切に使用して後でサンプルから作成できます。

2.4.1.2 サンプルデータのロード

デフォルトのデータディレクトリからサンプルをロードするには、次の手順に従います。

1. “Experiment Explorer” の上部の  をクリックします。
2. 名前でソートされた、保存されたすべての実験ファイルのリストを含む、ダイアログボックスが表示されます。

注：リストには、デフォルトのデータディレクトリに保存された実験のみが含まれます。設定の詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。また、“Experiment Explorer” で既にロードされている場合、実験ファイルはリストに表示されません。

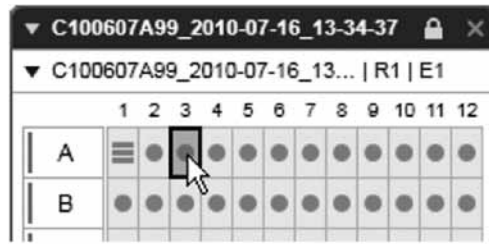
3. マウスでクリックしてリストから実験ファイルを選択して、“OK” をクリックします。
4. 実験ファイルがロードされ、“Experiment Explorer” に表示されます。

注：“Experiment Explorer” に既に実験ファイルがロードされていた場合、最後に開いた実験ファイルが、下に表示されます。新たにロードした実験ファイルは、自動的に有効になります。

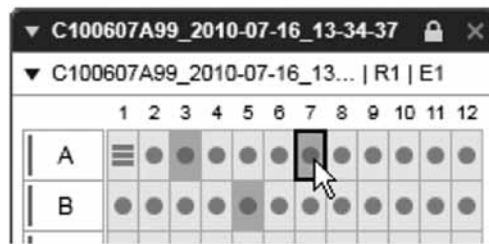
他のディレクトリから実験ファイルをロードするには、69 ページの 2.4.1.8 章にある “Import” 機能を使用します。

2.4.1.3 サンプルの選択

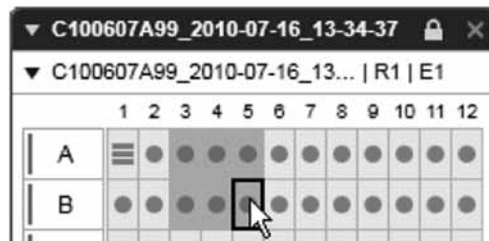
“Experiment Explorer” で、有効な実験ファイル内のサンプルを選択できます。実験を有効にするこの詳細については、68 ページの 2.4.1.5 章を参照してください。



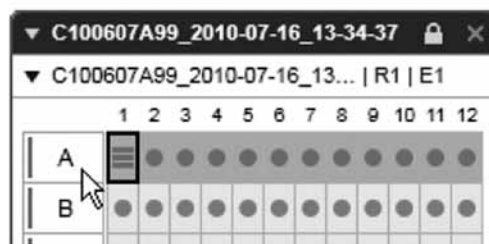
個別のサンプルを左クリックで選択します。



複数の個別サンプルを選択するには、“Ctrl” キーを押しながらサンプルを左クリックします。



四角形のエリアにある複数のサンプルを選択するには、“Shift” キーを押しながらサンプル（ここでは A3 と B5）を左クリックします。



列のすべてのサンプルを選択するには、列の文字を左クリックします。

複数の列を選択するには、“Ctrl” キーもしくは“Shift” キーを同時に押します。

サンプルを左クリックして、選択を切り替えます。サンプルを選択する間、最後に選択したサンプルが選択された状態となっています。

別の実験からサンプルを選択する必要がある場合、それらのサンプルを含む、新たにカスタマイズした実験を作成します。カスタマイズした実験の詳細については、124 ページの 2.4.6 章を参照してください。

2.4.1.4 拡大および縮小

全体を把握するため、実験やプレートを縮小することができます。

実験を縮小する：

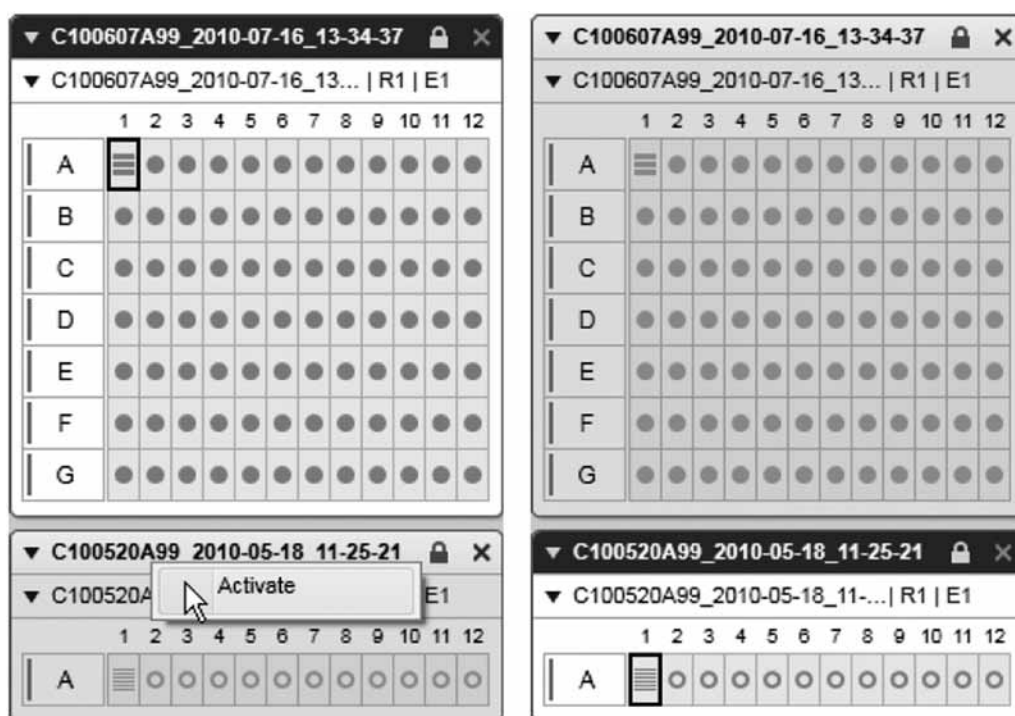
1. 実験名の左側の ▼ をクリックします。実験全体が実験名に縮小されます。
2. ▶ をクリックして再び拡大します。

注：プレート名の左側の ▼ をクリックして、実験内の単一のプレートを縮小できます。プレートがプレート名のみで縮小されます。▶ をクリックして再び拡大します。

2.4.1.5 実験ファイルを有効にする

1 回に 1 つの実験ファイルしか有効にできません。有効な実験ファイルのサンプルを視覚化し、解析できます。


“Experiment Explorer” で実験ファイルを有効にするには、実験ファイル名を右クリックしてコンテキストメニューから “Activate” を選択するか、または実験ファイル名のヘッダーをダブルクリックします。



コンテキストメニューを使用して実験ファイルを有効にする 実験ファイルが有効になる

以前有効だった実験ファイルが自動的に無効になります。この実験ファイルの解析内容を変更した場合、変更を保存するかを尋ねられます。保存するには “Yes”、変更を破棄するには “No” をクリックします。有効化を取り消すには “Cancel” を選択します。実験の保存の詳細については、69 ページの 2.4.1.6 章を参照してください。

2.4.1.6 実験ファイルの保存

有効な実験ファイルをデフォルトのデータディレクトリに保存するには、“Experiment Explorer”の上部の  をクリックします。

この実験ファイルのすべての変更は、設定で指定されたとおり、デフォルトのデータディレクトリに保存されます。保存内容には、解析結果ならびに、視覚化の設定についての情報が含まれます。

注：サンプルデータは個別に保存できません。


注：有効な実験ファイルを別のディレクトリに保存する場合、70 ページの 2.4.1.9 章にある “Export” 機能を使用します。

次の情報が、実験ファイルに保存されます。

- Binary peak 情報 (DNA のみ)。すなわち binary peak calling に使用した binary peak definition table。
 - 視覚化情報：サンプルの視覚化ステータス (重ね合わせ以外)、視覚化でのサンプルの順序。
- 次の情報は、サンプルにより異なるため、各サンプルに保存されます。
- ラン情報：カートリッジ情報や使用したメソッドのパラメータ、サンプル注入時間、分離時間を含む全てのランパラメータ。ラン情報は、プロセスの終了後ただちに保存され、後で変更されることはありません。
 - サンプルが解析されている場合には、解析情報：解析パラメータや、解析時に使用したリファンレンスマーカーテーブルを含む。

サンプルの詳細については、93 ページの 2.4.2.9 章を参照してください。設定とディレクトリ構成の詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。

2.4.1.7 実験ファイルの終了


実験ファイルが有効かどうかによらず、実験名の右側の  をクリックして、実験ファイルを終了できます。実験ファイルが変更されていた場合、変更を保存するかどうか尋ねられます。

保存するには “Yes”、変更を破棄するには “No” をクリックします。終了を取り消すには、“Cancel” を選択します。

実験ファイルの保存の詳細については、69 ページの 2.4.1.6 章を参照してください。

2.4.1.8 実験ファイルのインポート

注：実験ファイルをディスクに提示する方法の詳細については、以下の説明を参照してください。デフォルトのデータディレクトリ以外のディレクトリからサンプルをロードするには、次の手順に従います。

1. ツールバーにある “Experiment Explorer”  をクリックします。
2. ダイアログボックスが表示され、インポートする実験ファイルを選択できるようになります。設定で指定のとおり、デフォルトのインポートディレクトリでまずナビゲーションが開始します。実験ファイルのインポート元のディレクトリに移動します。実験フォルダに移動します。
3. 実験ファイル (ファイル拡張子が **.xdr** または、**.xrr** または **.xcr**) をリストから選択して、“Import” をクリックします。

4. 実験ファイルがロードされ、“Experiment Explorer” に表示されます。

注：“Experiment Explorer” に既にロードされている実験ファイルがある場合、新たに開いた実験ファイルは最後の実験ファイルとして下に表示されます。この実験ファイルは自動的に有効になります。表示の範囲外にある場合には、スクロールバーを使用します。

注：選択した実験のモード（DNA/RNA）が現在のモードと異なる場合、実験ファイルはインポートできません。

デフォルトのデータディレクトリから実験ファイルをロードするには、66 ページの 2.4.1.2 章にあるとおりに、“Load” 機能を使用します。

ディレクトリ構成の詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。

“Analysis” 環境で作業を許可されているすべてのユーザーは、実験ファイルのインポートとエクスポートを行なえます。

ディスクでの実験ファイルの提示

実験ファイルは、実験の名前の付いたフォルダとしてディスクに提示されます。


フォルダには、実験の説明をする実験名のついたファイルが含まれます。このファイルの拡張子は、実験を行なったモードにより異なります（DNA では .xdr、RNA では .xrr、カートリッジの較正中に作成されたキャリブレーションのデータでは .xcr）。

また、フォルダには、サンプル列のサンプルデータをそれぞれ含む複数のファイルが含まれます。ファイル名は、実験名に基づき拡張されます。

注：実験のファイルは、操作できないようになっています。実験ファイルのあるディレクトリから別のディレクトリにコピーする場合、実験フォルダ全体をコピーするようにしてください。コピーが部分的な場合、実験ファイルの構造は損傷していると診断され、実験ファイルをロードまたはインポートできません。

2.4.1.9 実験ファイルのエクスポート

デフォルトのデータディレクトリ以外のディレクトリに有効な実験ファイルを保存するには、次の手順に従います。

1. ツールバーにある “Experiment Explorer”  をクリックします。
2. ナビゲーションを行なうダイアログボックスが表示されます。設定で指定のとおり、デフォルトのエクスポートディレクトリでまずナビゲーションが開始します。実験ファイルのエクスポート先のディレクトリに移動します。
3. “Export” ボタンをクリックします。有効な実験ファイルのコピーが、指定したディレクトリに保存されます。実験ファイルは開いたままで、引き続き有効です。

注：“Save” ボタンを使用して保存されるすべての実験ファイルは、デフォルトのデータディレクトリに保存されます。

デフォルトのデータディレクトリに実験ファイルを保存するには、69 ページの 2.4.1.6 章にあるとおりに、“Save” 機能を使用します。

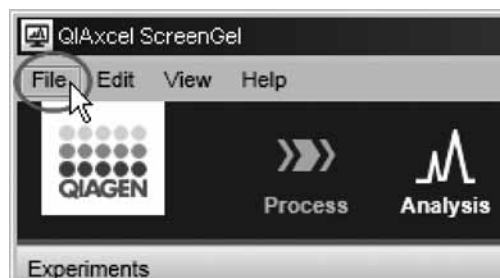
ディスクでの実験ファイルの提示方法については、69 ページの 2.4.1.8 章を参照してください。ディレクトリ構成の詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。

2.4.1.10 BioCalculator データのインポート

BioCalculator ソフトウェアからのデータファイルは、QIAxcel ScreenGel Software にインポートできます。

次のように手順を進めます。

1. “File” メニューから、“Import BioCalculator Data” を選択します。



“File” メニューを開く

注：このメニューオプションは、“Analysis” 環境しか使用できません。

2. ダイアログボックスが表示され、インポートする BioCalculator データファイルを選択できるようになります。設定で指定のとおり、デフォルトの “BioCalculator Data” ディレクトリでまずナビゲーションが開始します。BioCalculator データファイルのインポート元となるディレクトリに移動します。ファイルタイプを使用してフィルタをかけます。

3. リストからインポートするファイルを選択して、“Import” をクリックします。

注：一回に 1 種類のファイル “.hff” しかインポートできません。選択した “.hff” ファイルが参照する “.hda” ファイルは、“.hff” ファイルと同じフォルダにあるはずですが。

注：複数の “.hda” ファイルを選択するには、ファイルの種類を “HDA” に変更します。

4. ファイルが変換され、“Experiment Explorer” に表示されます。

“.hff” ファイルを選択した場合、“.hff” ファイルと同じ数の列とサンプルを含む実験が作成されます。これが個別のプレートで繰り返されます。

注：不完全な列がある場合、空白のサンプル位置は空白のままとなります。

注：サンプルの位置が複数回参照される場合、個別のプレートも生成されます。

注：“Experiment Explorer” に既にロードされている実験ファイルがある場合、新たに開いた実験ファイルは最後の実験ファイルとして下に表示されます。この実験ファイルは自動的に有効になります。

注：選択した実験のモード（DNA/RNA）が現在のモードと異なる場合、ファイルはインポートできません。

デフォルトのデータディレクトリから実験をロードするには、66 ページの 2.4.1.2 章にあるとおり、“Load” 機能を使用します。

ディレクトリ構成の詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。

2.4.2 サンプルデータの表示

“Analysis” 環境には、生データと解析結果を視覚化する次の複数のオプションがあります。

- 複数のサンプルを表示可能なゲル表示 — ゲル表示（79 ページ、2.4.2.5 章）を参照。
- 解析結果とともに単一のサンプルを視覚化する、単一エレクトロフェログラム表示 — エレクトロフェログラム表示（82 ページ、2.4.2.6 章）を参照。

- 複数のエレクトロフェログラムを互いに視覚化する、エレクトロフェログラムオーバービュー — エレクトロフェログラムのオーバービュー (88 ページ、2.4.2.7 章) を参照。
 - 1 回のプロットで複数のエレクトロフェログラムを視覚化する、エレクトロフェログラム重ね合わせ表示 — エレクトロフェログラム重ね合わせ表示 (91 ページ、2.4.2.8 章) を参照。
- すべての表示で、データをズーム、縮尺してデータ検索が可能です。

2.4.2.1 サンプルの表示への追加

“Experiment Explorer” から次のものにサンプルをドラッグして、サンプルを表示に追加できます。

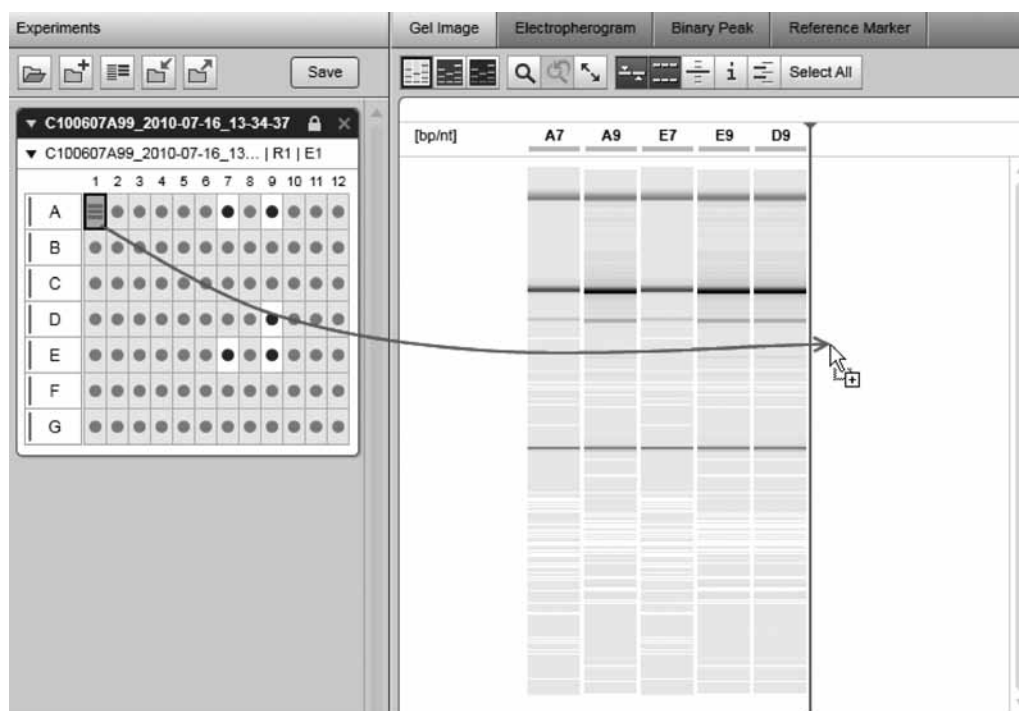
- ゲル表示
- エレクトロフェログラムのオーバービュー
- エレクトロフェログラムの重ね合わせ表示

次のように手順を進めます。

1. “Experiment Explorer” で、視覚化するサンプルを選択します。
2. 選択したサンプルを左クリックして右側の表示エリアにドラッグしドロップします。選択したすべてのサンプルが表示されます。

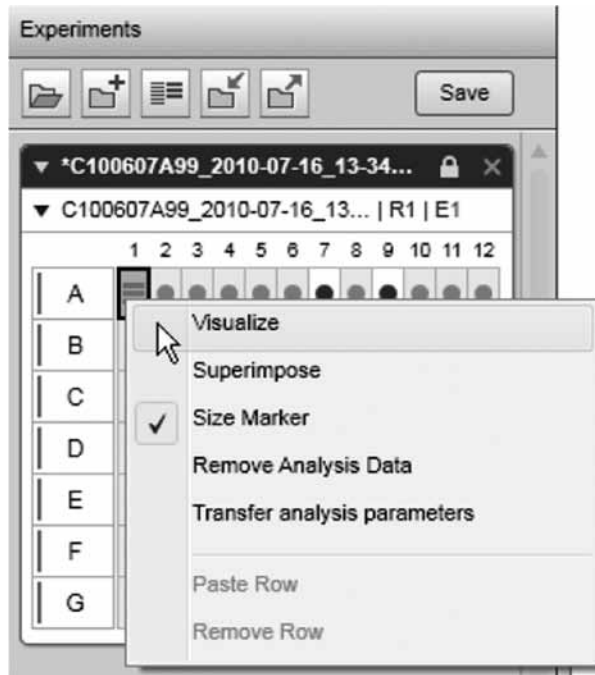
注：ゲル表示とエレクトロフェログラムオーバービューでは、ドロップ時の位置を示すマーカーが表示されます。すべてのサンプルは、選択した場所に表示されます。レーンの順序を変更 (82 ページ) も参照してください。

注：エレクトロフェログラム重ね合わせ表示のみ。



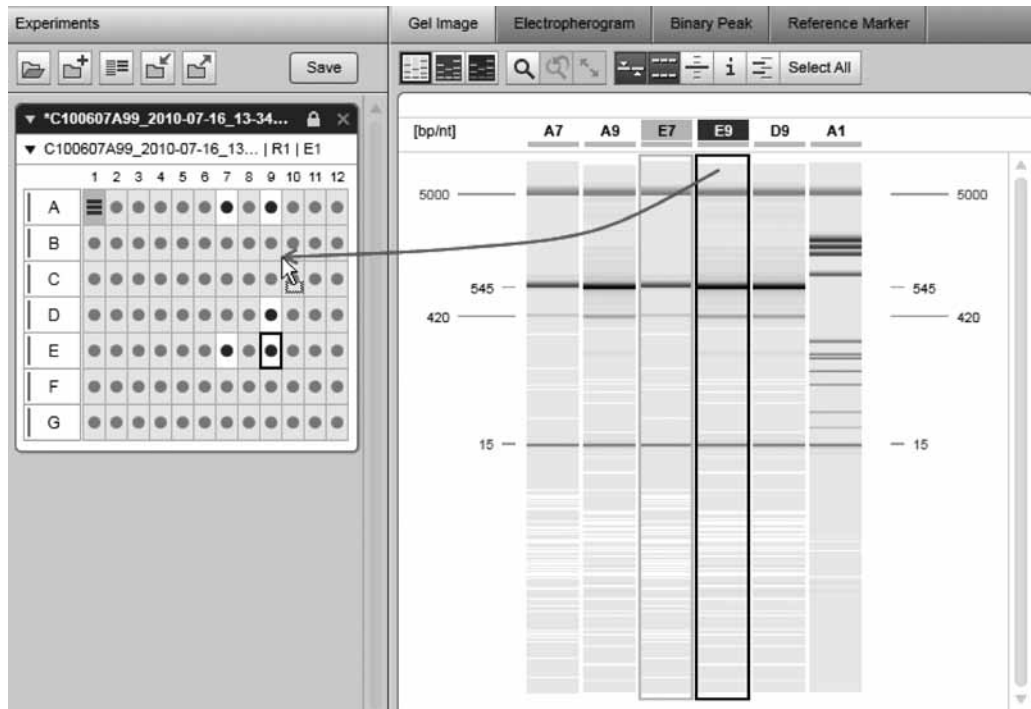
サンプル A1 を、D9 の右側のゲル画像に追加

あるいはサンプルコンテキストメニューから、サンプルを表示に追加することもできます。“Visualize” オプションを使用して、サンプルを表示に追加します。



2.4.2.2 サンプルを表示から削除

ゲルイメージから “Experiment Explorer” に選択したサンプルをドラッグして、表示からサンプルを削除できます。

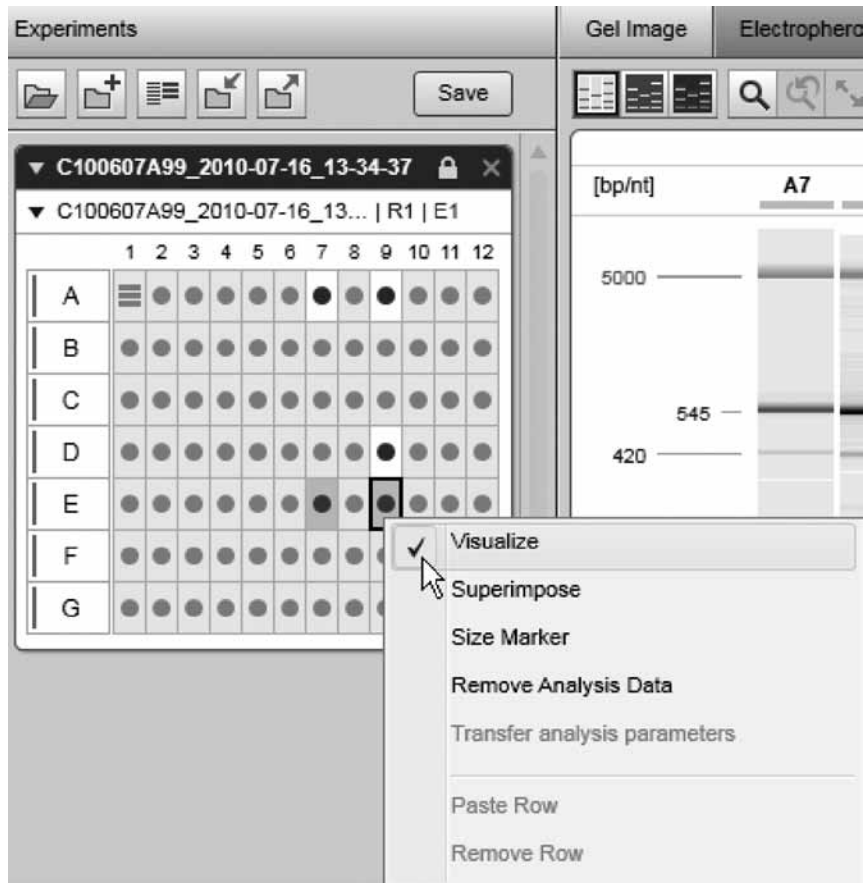


サンプル E7 と E9 をゲル画像から削除

注：サンプルは、“Experiment Explorer” のどこにでもドロップできます。

もしくは、“Experiment Explorer” でサンプルのコンテキストメニューを使用します。

1. 視覚化する必要のないサンプルを選択します。
2. 選択したサンプルを右クリックして “Visualize” オプションの印を外し、表示からサンプルを削除します。



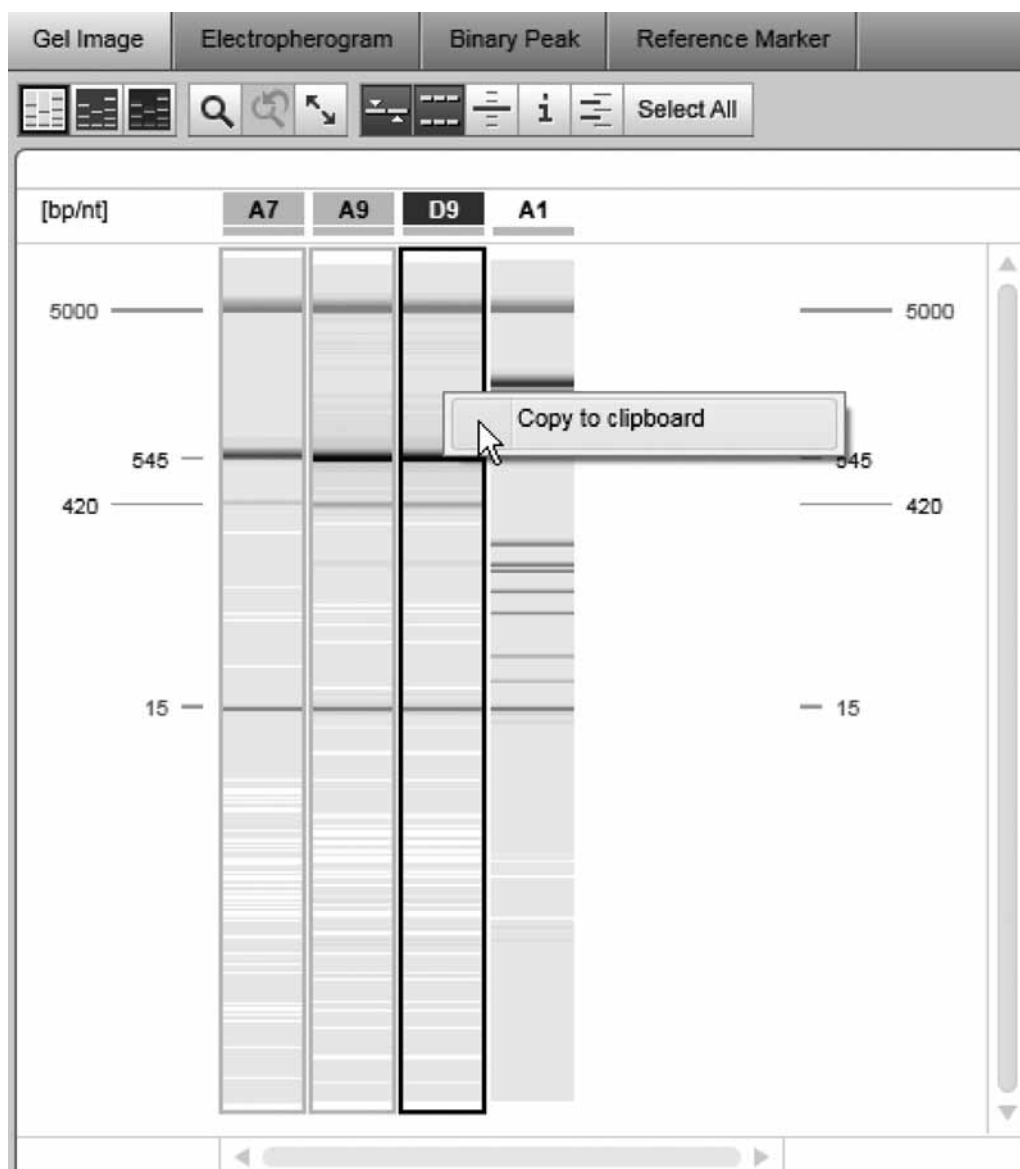
サンプル E7 と E9 をコンテキストメニューを使用して削除

注：重ね合わせ表示からサンプルを削除するには、“Superimpose” オプションの印を外します。

2.4.2.3 表示をクリップボードにエクスポート

サンプル表示は、クリップボードにコピーできます。

1. コピーするレーン/エレクトロフェログラムを選択します。
2. 選択したサンプルを右クリックして、“Copy to clipboard” を選択します。
3. 表示するアプリケーションに切り替え、貼り付けます。



選択したサンプル A7 と A9、D9 をクリップボードにコピー



A7 と A9、D9 を貼り付け

2.4.2.4 Result テーブル

解析の result テーブルが、エレクトロフェログラム表示の下にある “Analysis” 環境に表示されます。解析されたサンプルを選択すると、結果が result テーブルに表示されます。表示される列は、モードにより異なります。

#	NA	Size [bp]	Conc. [ng/μl]
1	4,356		
2	7,608		
3	1,306		
4	2,260		
5	2,750		
6	3,347E-003	271	1,01
7	3,325E-003	281	1,04
8	3,720E-003	310	1,15
9	7,419E-003	603	2,24
10	1,053E-002	872	3,24
11	1,341E-002	1078	4,00
12	1,666E-002	1353	5,02
13	5,850E-003	5000	n/a

DNA result テーブル

result テーブルの変更

result テーブルに表示される情報は、エレクトロフェログラム表示とオーバービューにつき個別にカスタマイズすることができます。カスタマイズは、結果の以後のすべての表示に適用されます。

注：エレクトロフェログラム重ね合わせ表示では、カスタマイズできない小さな result テーブルが表示されます。

列の追加

列を追加する：

1. テーブルのヘッダーを右クリックします。
2. “Show Column” から、表示する列を選択します。

注：すべての列を表示するには、“Show all Columns” オプションを選択します。アプリケーションのデフォルトを表示するには、“Restore Default Columns” を選択します。

列の削除

列を非表示にする：

1. 列のヘッダーを右クリックします。
2. コンテキストメニューから、“Hide Column” オプションを選択します。

列の順序の変更

表示される列の順序は、列のヘッダーを希望する場所にドラッグして変更できます。ドラッグの間、列の位置を示すマーカーがドロップの際に表示されます。

列の幅の変更

列の幅は、テーブルのヘッダーでセルの縦方向の境界をドラッグして変更できます。

result テーブルの扱い**ピークを選択および削除**

result テーブルでピークを選択すると、ピークがエレクトロフェログラムでハイライト表示されます（単一のエレクトロフェログラム表示およびエレクトロフェログラムオーバービュー）。result テーブルでピークを選択するには、“#” 列でピークの数字を左クリックします。ピークを選択を解除するには、コンテキストメニューオプション “Unselect Peak” を使用するか、別のセルをクリックします。選択したピークを result テーブルから削除するには、コンテキストメニューオプション “Delete Selected Peak” を使用します。

分析結果のエクスポート

Windows のクリップボードを使用して、result テーブルの内容を他のアプリケーションにエクスポートできます。テーブルのセルの選択方法には、次のようにいくつかあります。

- マウスの左ボタンを押したままマウスでセルを選択。
- 行の最初の列をクリックして行を選択。“Shift” キーと “Ctrl” キーを使用して、複数の列を選択することも可能。
- 列のヘッダーをクリックして列を選択。
- 最初の列の列ヘッダーをクリックしてすべてのセルを選択。

選択をコピーする：

1. セルを選択します。
2. 選択したセルを右クリックします。
3. “Copy selected cells to clipboard” をクリックします。
4. データを Microsoft Excel など他のアプリケーションに貼り付けます。

注：ローカルシステムを使用して、結果データをエクスポートします。数字の解釈に、エクスポート先のアプリケーションがローカルシステムを使用していることを確認します。

DNA result 列

次の列を、DNA モードで使用できます。

列	説明
Start	開始ピークの開始時間 / X 値 (分)。
Stop	ピークの終了時間 / X 値 (分)。
Height	最大値に達したときのピークの高さ
Height %	全シグナル強度の合計に対するシグナル強度
Area	ピーク面積 (シグナルの下と基本線の上にある面積の和)。

NA	補正面積、修正後のピーク面積とも呼ばれる。これはピーク面積をピークの高さで割ったもの。
NA %	全補正ピーク面積の合計に対する補正ピーク面積の比率
Ratio NA	前のピークに対する面積の比率。alignment marker のピークとテーブルのデータピークには空白のフィールドがある。
Res.	前のピークに対する分離能。テーブルの最初のピークでは、ここが空欄になる。
Time	ピークが最大値に達したときの時間 / X 値
Reltime	最大ピークの相対時間 / X 値 (ゼロから 1 の間隔でマップされた下の alignment marker と上の alignment marker との間にあるピークの相対位置)。
Size [bp]	フラグメントサイズ。
Conc. [ng/ml]	サンプル溶液の濃度 (ng/μl)。

RNA result 列




次の列を、RNA モードで使用できます。

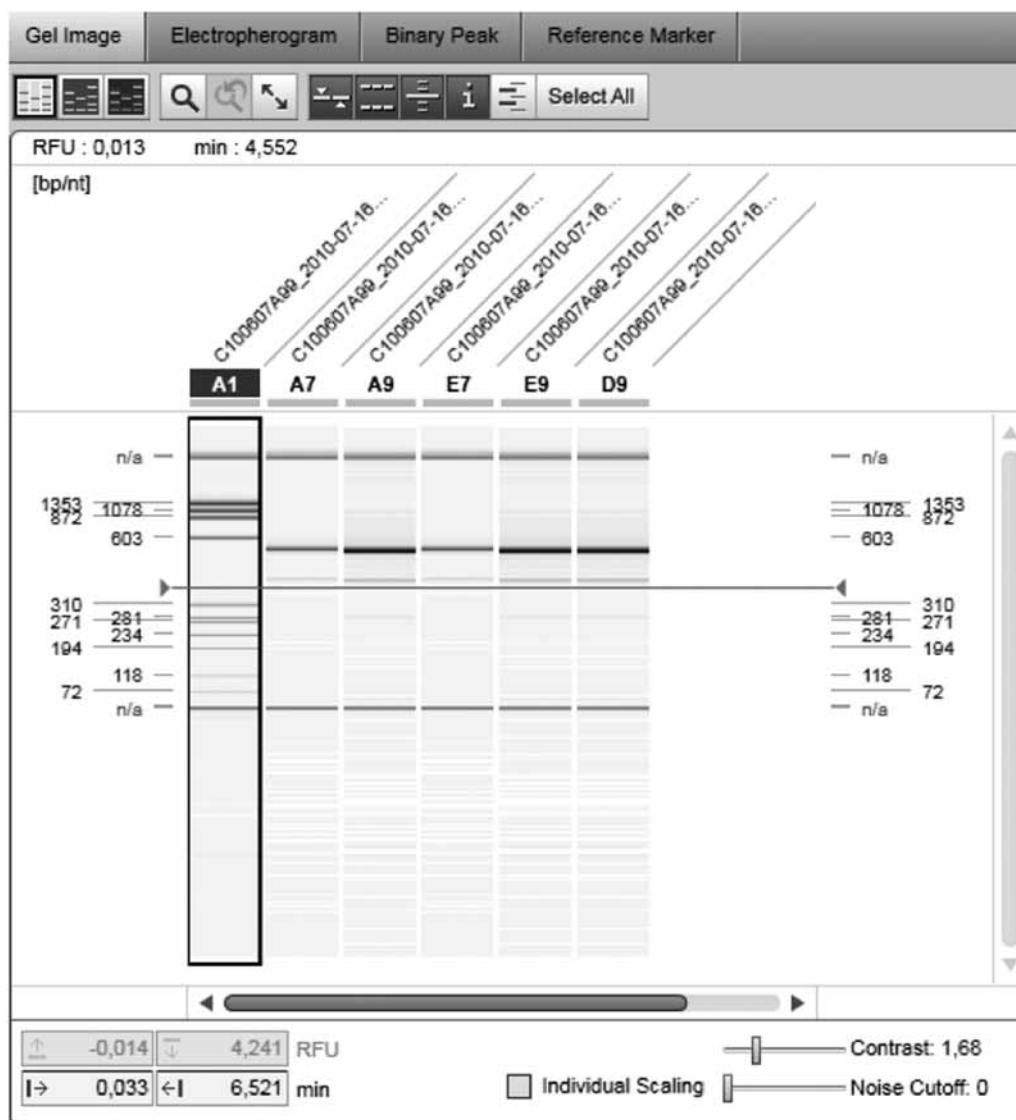
列	説明
Sample	Sample info (サンプル情報) この列は非表示にできません。
Pos.	プレートでのサンプルの位置。
Plate Id	プレート ID。
M	リファレンスマーカーのピークが発見されたかどうかの指標。 Yes または no。
18S	18S フラグメントのピークが発見されたかどうかの指標。 Yes または no。
28S	28S フラグメントのピークが発見されたかどうかの指標。 Yes または no。
Size 18S	サンプルから計算された 18S フラグメントのサイズ (リファレンスマーカーに基づく)。
Size 28S	サンプルから計算された 28S フラグメントのサイズ (リファレンスマーカーに基づく)。
Total RNA Conc.	サンプルから計算されたトータル RNA 濃度 (リファレンスマーカーに基づく)。
Ratio	ピーク面積の 28S/18S 比率。

2.4.2.5 ゲル表示

ゲル表示では、サンプルのゲル画像が表示されます。

ゲル表示のレーンは、次の 3 つのモードで表示できます。

- | | |
|---|--------|
| ボタン | モード |
|  | 通常モード |
|  | 反転色モード |
|  | カラーモード |











ルーラーとサンプルラベル、ピーク記号付きのゲル表示

各ゲル画像の上に、サンプル番号が表示されます（例：A1、A2 など）。ゲル画像で、マウスのポインターをサンプル番号の上に動かすと、ツールチップを表示できます。このツールチップには、プレートや反復回数、サンプルのプロセスに使用したメソッドについての情報が記載されています。

マウスのポインターをゲルレーンの上に移動すると、現在のカーソルの位置での値が表示の左上隅に表示されます。

サンプルを詳細表示するには、ゲルレーンをダブルクリックします。表示がエレクトロフェログラム表示に変わります。ゲル表示に戻るには、“Gel Image” タブを再び選択します。

表示の上にあるボタンを主に使用して、ゲル表示を操作できます。

ボタン	意味
	<p>ズームモードのオン/オフを切り替えます。</p> <p>ズームモード（ボタンを押した状態）では、マウスを使用して拡大する部分を選択します（“Rubber band” 機能 — ソフトウェアの一般的な使用 [21 ページ、2.1.5 章] を参照）。また、マウスのスクロールホイールを使用して、拡大縮小を行なえます。</p> <p>オフにすると、ドラッグアンドドロップ機能が有効になり、レーンの順序を変更（82 ページ）できます。</p> <p>注：ゲル表示の左下隅のコントロールを使用して、ズームモードに関係なく、ズーム部分に絶対値を設定できます。</p>
	<p>オートスケール。</p> <p>ズーム部分をデータ全体にリセットし、すべてのズームを取り消します。</p>
	<p>ズームの取り消し。</p> <p>前のズーム状態に戻ります。</p>
	<p>alignment marker に従い、解析したサンプルの位置合わせを切り替えます。</p> <p>注：位置合わせは、alignment marker が正しく特定されている解析されたサンプルについてのみ使用できます。よって、このボタンは、表示されたサンプルのうち 2 つ以上が解析されている場合にのみ有効となります。</p>
	<p>緑色の alignment marker バンドのハイライト表示を切り替えます。</p> <p>注：ハイライト表示は、alignment marker が正しく特定されている解析されたサンプルについてのみ使用できます。よって、このボタンは、表示されたサンプルのうち 2 つ以上が解析されている場合にのみ有効となります。</p>
	<p>カーソル位置でのルーラーを切り替えます。</p>
	<p>サンプルのラベルを切り替えます。ラベルは、見やすいように、レーンの上に斜め方向に表示されます。</p>
	<p>ゲル表示の両方の側で、分と塩基対/ヌクレオチドとの間でピークラベルの単位を切り替えます。</p>

コントラスト設定のコントロールはゲル表示の右下にあります。

機能	詳細
Individual scaling	<p>チェックボックスに印が付いていない（QIAxcel ScreenGel の開始時にはこの状態がデフォルト）場合、すべてのサンプルの最大シグナル高全体に色が付けられます。サンプルの比較にこのオプションを使用します。</p> <p>チェックボックスに印が付いている場合、各サンプルの最大シグナル高に個別に色が付けられます。サンプルの強度が大きく異なる場合、このオプションを使用します。</p> <p>オプションの変更は、すべての実験で以後のゲル表示に適用されます。</p>

Contrast	スライダーを使用して、必要に応じコントラストを変更します。コントラストの値は、実験結果と共に保存されます。よって、他の実験のゲル画像を個別にカスタマイズできます。
Noise cutoff	スライダーを使用して、シグナルのノイズ表示をカスタマイズします。スライダーを一番左に動かすと、全てのシグナルが表示されます。スライダーを一番右に動かすと、小さなシグナルが抑えられ、ノイズが減少します。コントラストとして、ノイズ遮断の値は実験結果と共に保存されます。

レーンの順序の変更

ゲルレーンの順序を、ドラッグアンドドロップで変更できます。レーンの順序は、サンプルを視覚化するすべての表示に影響を与えます。変更された順序は、実験結果と共に保存されます。




レーンの順序を変更：

1. ゲル表示で、1つ以上のレーンを選択します。
2. 選択したレーンのヘッダーを左クリックして、新しい場所にドラッグします。ドラッグの間、ドロップするとレーンの新しい位置を示すマーカーが表示されます。
3. マーカーが新たな正しい位置を示したら、レーンをドロップします。レーンはその場所に配置されます。複数のレーンを選択した場合、レーンは以前と同じ順序で挿入されます。

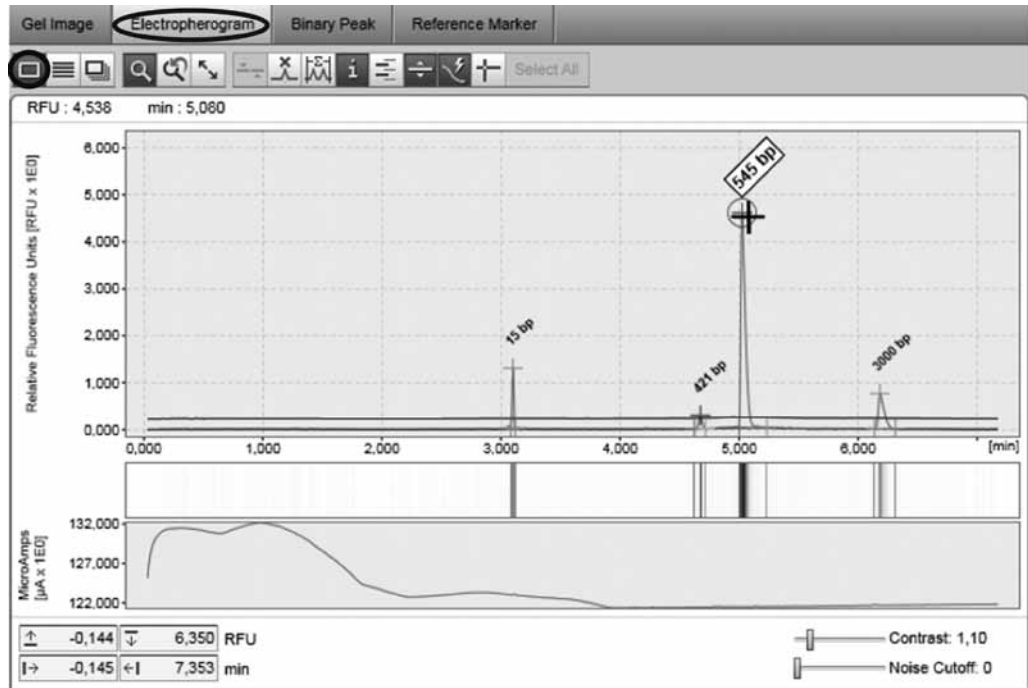
注：ズーム  をオフに切り替えると、ゲルレーンの内部でもドラッグを行なえます。

2.4.2.6 エレクトロフェログラム表示

“Electropherogram” タブを Analysis 環境でクリックすると、エレクトロフェログラム表示が有効になります。ツールバーで次のボタンを使用して、3つのエレクトロフェログラム表示を選択できます。

ボタン	意味
	単一のエレクトロフェログラム表示。
	複数の単一エレクトロフェログラム表示のあるオーバービューモード。
	複数の重ね合わせエレクトロフェログラムのある重ね合わせ。

単一のエレクトロフェログラム表示について、この章で説明します。オーバービューモードと重ね合わせモードについては、以下の章で説明します。



ピーク記号と電流表示のある単一のエレクトロフェログラム

単一のエレクトロフェログラム表示は、記録されたシグナルを示すプロットと、メインプロットの下にあるシグナルのゲル表示から構成されます。

ズーム部分のサイズとゲル表示のコントラスト設定のコントロールは、シグナルのグラフ表示の下にあります。現在のカーソル位置は、表示の左上隅に表示されます。

ツールバーにある次のボタンを使用して、主にエレクトロフェログラムを操作できます。

ボタン

意味



ズームモードのオン/オフを切り替え。詳細については、ズームと縮尺 (84 ページ) を参照。



オートスケール。詳細については、ズームと縮尺 (84 ページ) を参照。



ズームの取り消し。詳細については、ズームと縮尺 (84 ページ) を参照。



ピークを挿入。詳細については、ピークの追加 (122 ページ、2.4.5.2 章) を参照。



時間範囲の手作業での統合。詳細については、手作業での範囲の統合 (87 ページ) を参照。



ピークのラベルを切り替え。詳細については、ピーク記号 (86 ページ) を参照。



ピークのラベル単位を切り替え。詳細については、ピーク記号 (86 ページ) を参照。



ピークの閾値を切り替え (表示/非表示)。詳細については、ピーク記号 (86 ページ) を参照。



電流を切り替え。

このボタンをクリックすると、データ取得時に測定した電流を表示する図が、ゲル表示の下に表示されます。



ルーラーを切り替え。

ピークの高さと位置の比較に使用する垂直ルーラーと水平ルーラーを有効にします。

コントラスト設定のコントロールは、ゲル表示の右下にあります。

機能

詳細

Contrast

スライダーを使用して、必要に応じコントラストを変更します。コントラストの変更は、以後のすべての実験の単一エレクトロフェログラム表示に適用されますが、ゲル表示のコントラスト設定には影響はありません。

Noise cutoff

スライダーを使用して、シグナルのノイズ表示をカスタマイズします。スライダーを一番左に動かすと、すべてのシグナルが表示されます。スライダーを一番右に動かすと、小さなシグナルが抑えられ、ノイズが減少します。コントラストについては、ノイズ遮断の値を変更しても、ゲル表示の設定には影響はありません。

ズームと縮尺

“エレクトロフェログラム”表示により、ズームと縮尺を使用してデータを検索できます。

ボタン

意味



ズームモードのオン/オフを切り替え。

このボタンをクリックすると、マウスを使用して拡大する部分を選択できます。“Rubber band”機能の使用法の詳細については、ソフトウェアの一般的な使用（21 ページ、2.1.5 章）を参照してください。また、マウスのスクロールホイールを使用して、拡大縮小を行なえます。



オートスケール。

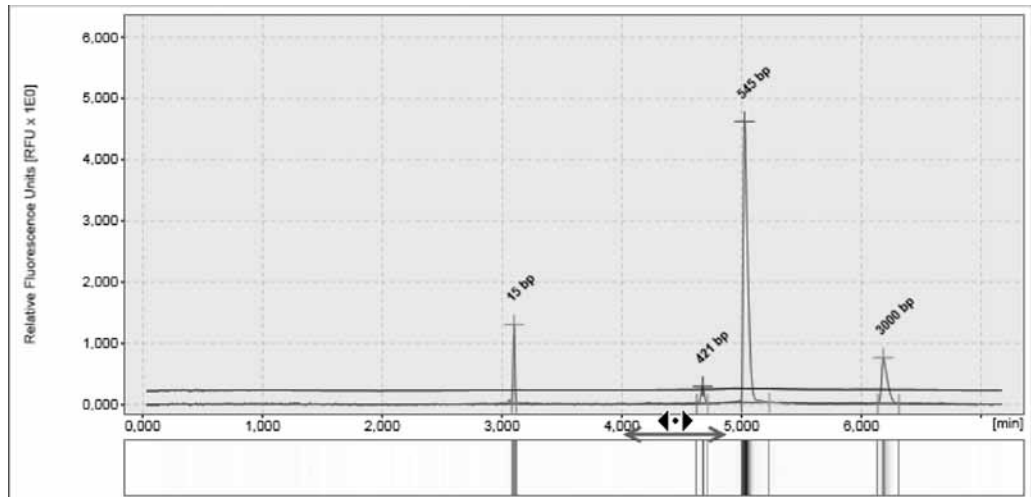
ズーム部分をデータ範囲全体にリセットし（時間と RFU 次元の両方で）、すべてのズームを取り消します。



ズームの取り消し。

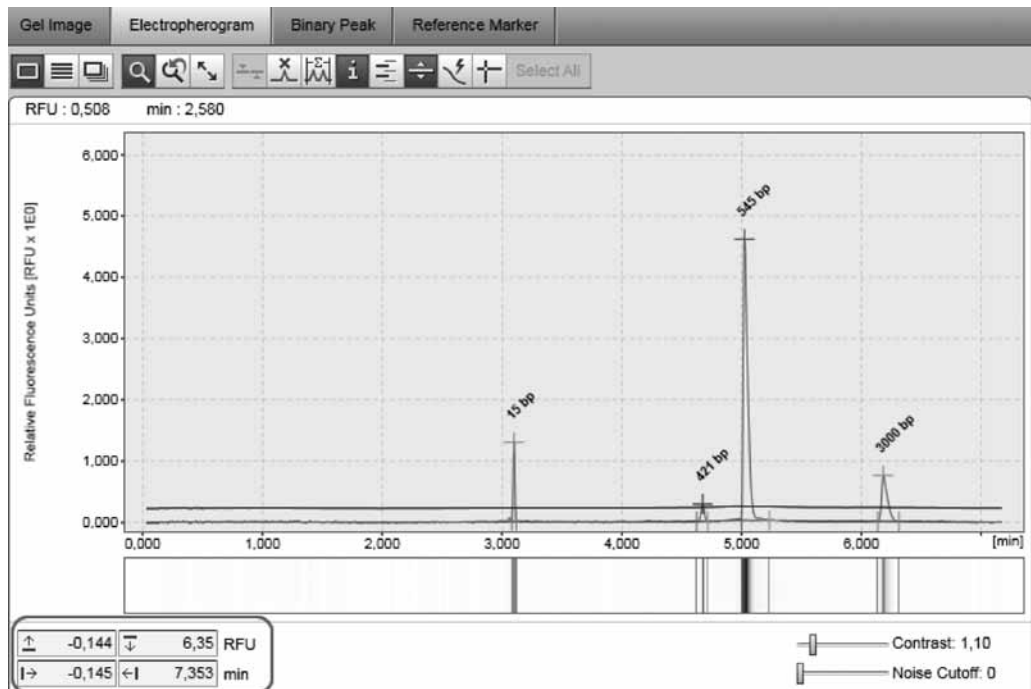
前のズーム状態に戻ります。

ズームモードに関係なく、軸を使用してすべてのエレクトロフェログラムをスライドできます。X 軸をドラッグして、ズーム部分を横方向にシフトできます。ズーム部分を横方向にシフトするには、Y 軸をドラッグします。



X軸をドラッグ

ツールボタンに加え、“Electropherogram”表示の左下隅にあるコントロールを使用して、ズーム部分を絶対値に設定できます。



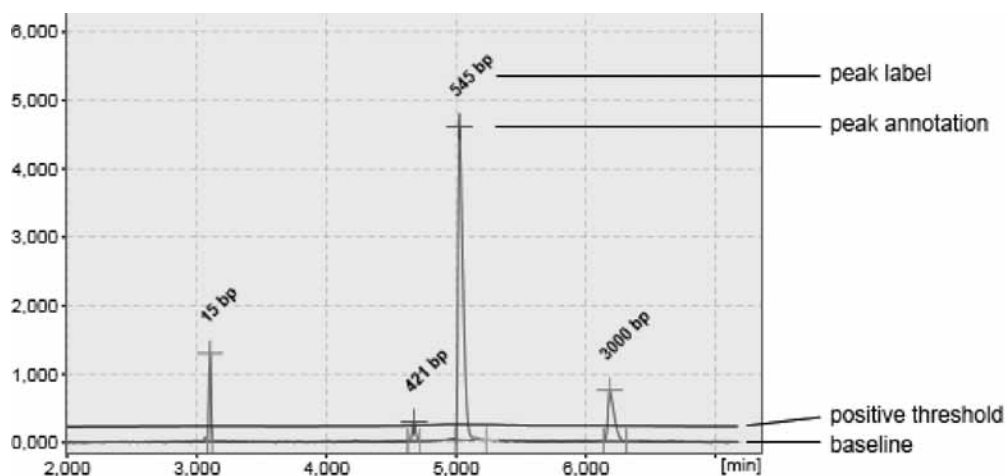
入力フィールドでズーム部分を絶対値に設定

注：RFU 値の場合、実際の値の範囲内の値しか使用できません。実際の値の範囲外にある値は認められず、入力フィールドの背景が黄色になります。

注：時間値の場合、最高で 1 時間の値の入力が可能です。

ピーク記号

解析したサンプルで、解析結果は生シグナルとともに表示されます。各ピークには、開始時（緑色）および頂点時（赤色）、終了時（青緑色）のピークマーカーがあります。



ピーク記号

ピークに加え、検出したベースライン（赤色で表示）と、ベースラインの上にあるピーク検知の閾値（青色で表示）が、エレクトロフェログラムに表示されます。

ピーク記号と閾値は、次のボタンを使用してカスタマイズできます。

ボタン

意味



各ピークの頂点の上のピークラベルを切り替え（表示／非表示）。

注：これらのピークサイズラベルのみが表示されるため、隣のラベルとは重なりません。マウスのカーソルをピークの頂点に動かすと、ピークサイズが記載されたツールチップが表示されます。



塩基ペア／ヌクレオチドや時間との間でピークラベル単位を切り替え。



ピークの閾値（青色で表示）を切り替え（表示／非表示）。

閾値パラメータは、マウスで閾値を移動して、インタラクティブに変更できます。その際、サンプル特性の解析パラメータと新たな閾値を使用して、サンプルが再解析されます。また、“Analysis Parameters” パネルの “Analysis” 画面で現在選択している解析プロファイルに、変更済みと印が付けられ（解析プロファイル名の左側にアスタリスクが表示されます）、保存できるようになります。

result テーブルの操作

機能

詳細

ピークの選択

エレクトロフェログラムで、ピークの頂点マーカーを左クリックします。または、result テーブルで “#” 列でピークの数字を左クリックします。

エレクトロフェログラムで、ピークには赤丸がつき、result テーブルでハイライト表示されます。


ピークを選択解除

result テーブルで、選択したピークのコンテキストメニューを開いて、“Unselect Peak” オプションを選択します。

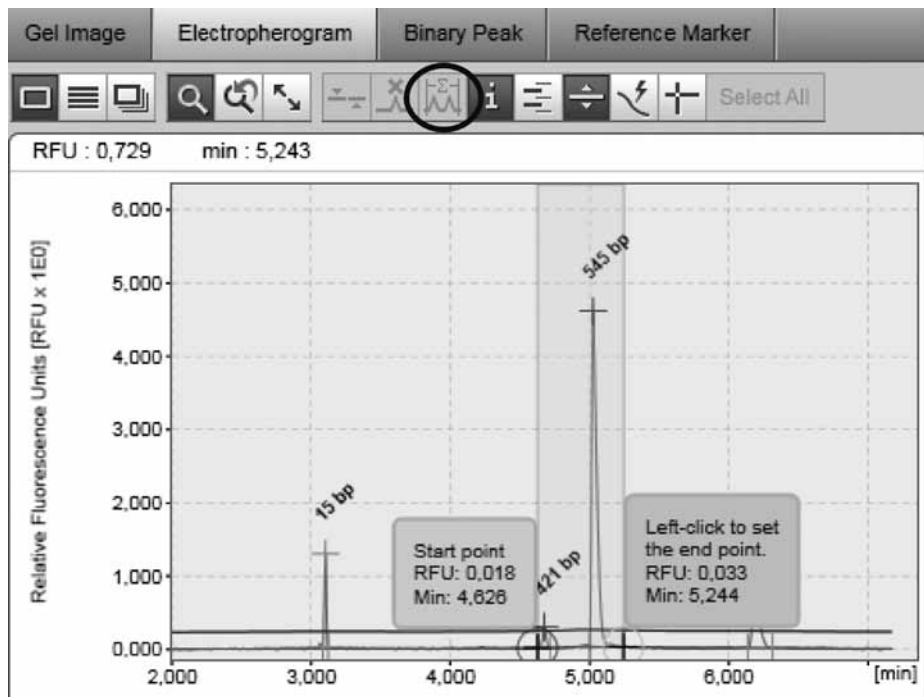
エレクトロフェログラムの赤丸と、result テーブルのハイライト表示が消えます。

- ピークの追加 ピークの追加方法の詳細については、ピークの追加（122 ページ、2.4.5.2 章）を参照してください。
ピークが result テーブルに追加されます。
- ピークの削除 ピークの削除方法の詳細については、ピークの削除（121 ページ、2.4.5.1 章）を参照してください。
ピークが result テーブルから削除され、エレクトロフェログラムにあるピークのマーカーが消えます。

手作業での範囲の統合

時間範囲の手作業での統合は、範囲統合ツール（）でできます。

“Range Integration” ボタンをクリックした後、範囲を指定する必要があります。指定するには、まず範囲の左側の境界をクリックしてから、右側の境界をクリックします。




範囲を選択して手作業で統合

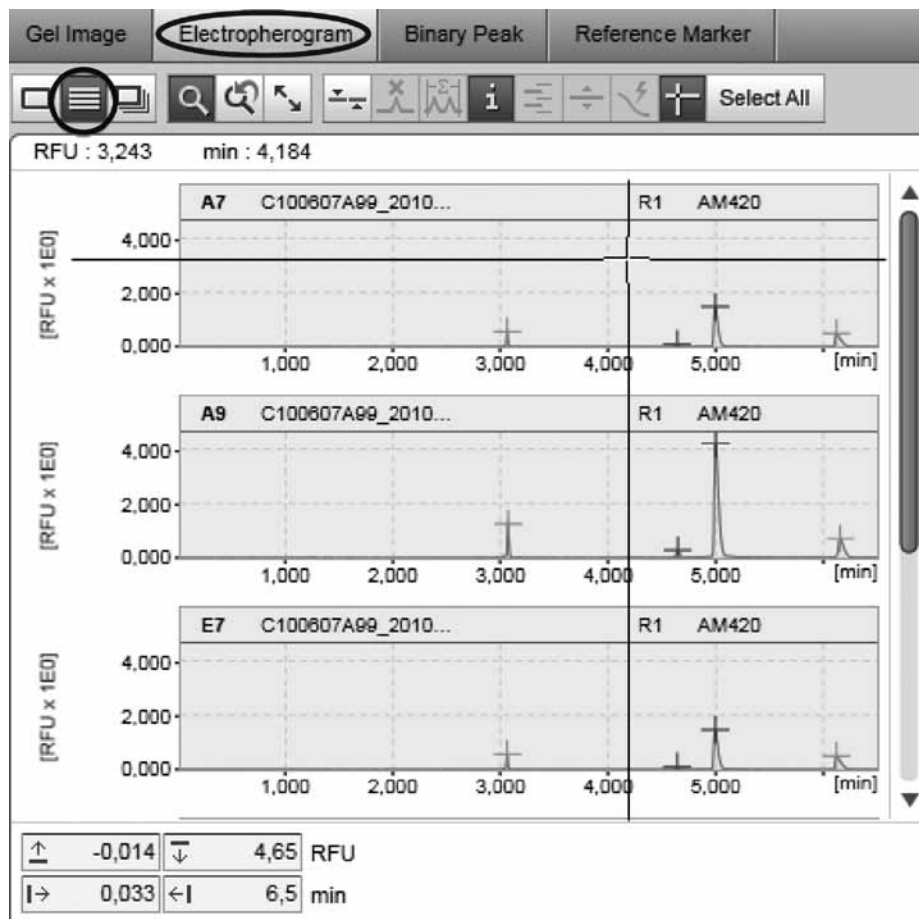
範囲を選択すると、選択した範囲の境界と範囲の標準化された面積の合計、標準化された面積全体に対する標準化された面積の比率を示すダイアログボックスが表示されます。

注：計算された値は、ダイアログボックスのコンテキストメニューを使用して、クリップボードにコピーできます。

注：alignment marker のピークは、標準化された面積の計算には含まれません。

2.4.2.7 エレクトロフェログラムのオーバービュー


エレクトロフェログラムのオーバービューには、複数のエレクトロフェログラムが上下に表示されます。これは、取得したデータを比較するためのものです。エレクトロフェログラムのオーバービューでは、ルーラーツール  が特に有用です。ルーラーツールは、alignment marker のピークとサンプルのピークの両方など、複数のサンプル間でピーク位置を比較するためのものです。解析されたサンプルでは、各ピークには、高さ時間のピークマーカがあります（サンプルのピークは赤色、alignment marker のピークは緑色）。



ルーラーツールを使用した解析後の概要

ズームと縮尺の機能は、単一のエレクトロフェログラム表示と非常に似ています（84 ページのズームと縮尺を参照）。ズームがすべてのエレクトロフェログラムに影響を与えるというのが、唯一の相違点です。

スクロールバーまたは矢印キーを使用して移動します。エレクトロフェログラムを詳細に調べるには、ダブルクリックします。

表示がエレクトロフェログラム表示に変わります。オーバービューに戻るには、もう一度  をクリックします。

ツールバーにある次のボタンを使用して、主にエレクトロフェログラムを操作できます。

ボタン

意味



ズームモードのオン/オフを切り替え。詳細については、ズームと縮尺（84 ページ）を参照。



オートスケール。詳細については、ズームと縮尺（84 ページ）を参照。



ズームの取り消し。詳細については、ズームと縮尺（84 ページ）を参照。



位置合わせを切り替えます。

このボタンをクリックすると、表示されたサンプルの位置合わせが、alignment marker に従い行なわれます。サンプルの位置合わせにより、サンプルのピーク位置の比較を行ないやすくなります。

注：位置合わせは、alignment marker が正しく特定されている解析されたサンプルについてのみ使用できます。よって、このボタンは、表示されたサンプルのうち 2 つ以上が解析されている場合にのみ有効となります。



解析済みのサンプルのピークマーカーを切り替えます（表示／非表示）。



ルーラーを切り替え。


ピークの高さと位置の比較に使用する垂直ルーラーと水平ルーラーを有効にします。

順序の変更

エレクトロフェログラムの順序は、ドラッグアンドドロップにより変更できます。変更された順序は、サンプルを視覚化するすべての表示について有効です。変更された順序は、実験結果を保存する際に保存されます。

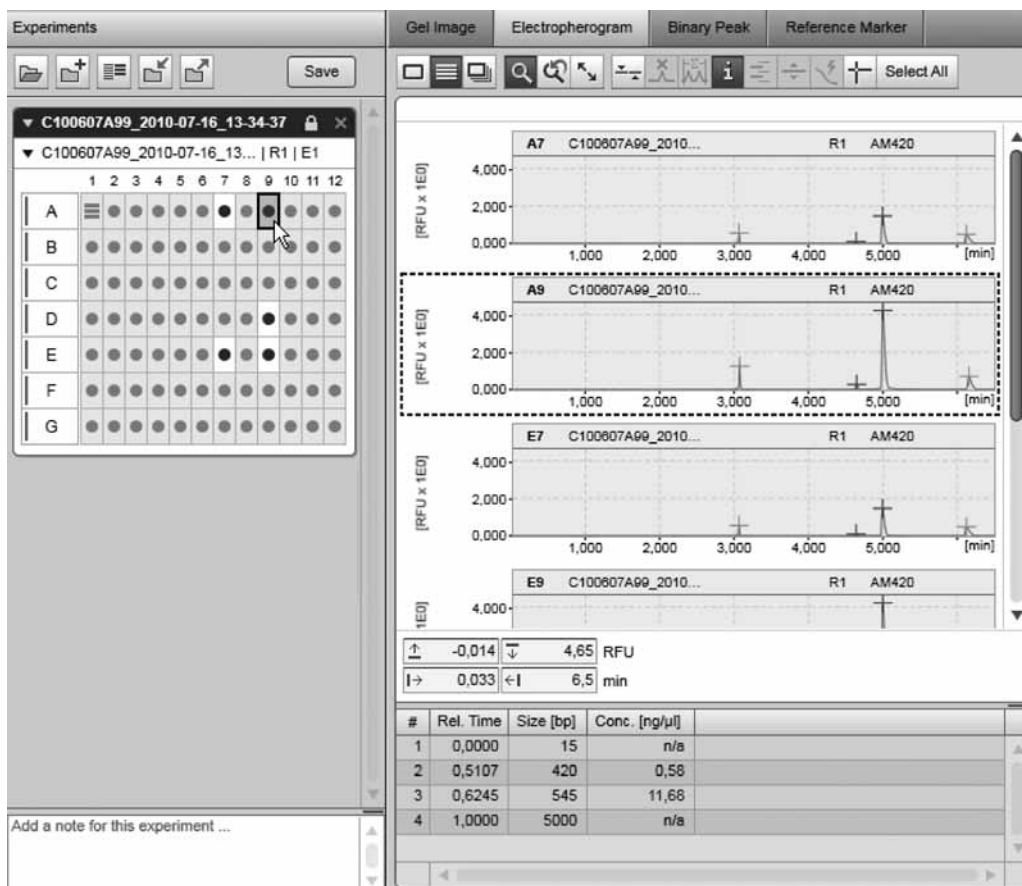
順序を変更：

1. ゲル表示で、1 つ以上のエレクトロフェログラムを選択します。
2. 選択したエレクトロフェログラムを新しい位置にドラッグします。ドラッグの間、ドロップするとエレクトロフェログラムの新しい位置を示すマーカーが表示されます。
3. マーカーが新たな正しい位置を示したら、エレクトロフェログラムをドロップします。エレクトロフェログラムはその場所に配置されます。複数のエレクトロフェログラムを選択した場合、エレクトロフェログラムはドラッグ前と同じ順序で挿入されます。

注：エレクトロフェログラムの順序を変更できるようにするには、 ズームボタンをオフに切り替える必要があります。

result テーブルの操作

エレクトロフェログラムのオーバービューの下に、サンプルの result テーブルが表示されます。サンプルは、“Experiment Explorer” で境界がグレーに変わります。result テーブルを表示するには、左クリックして “Experiment Explorer” またはエレクトロフェログラムオーバービューでサンプルを選択します。



サンプル A9 の result テーブルを調べる

機能

詳細

ピークの選択

エレクトロフェログラムで、ピークの頂点マーカーを左クリックします。または、result テーブルで“#”列でピークの数字を左クリックします。エレクトロフェログラムで、ピークには赤丸が付き、result テーブルでハイライト表示されます。

ピークの選択解除

result テーブルで、選択したピークのコンテキストメニューを開いて、“Unselect Peak” オプションを選択します。エレクトロフェログラムの赤丸と、result テーブルのハイライト表示が消えます。

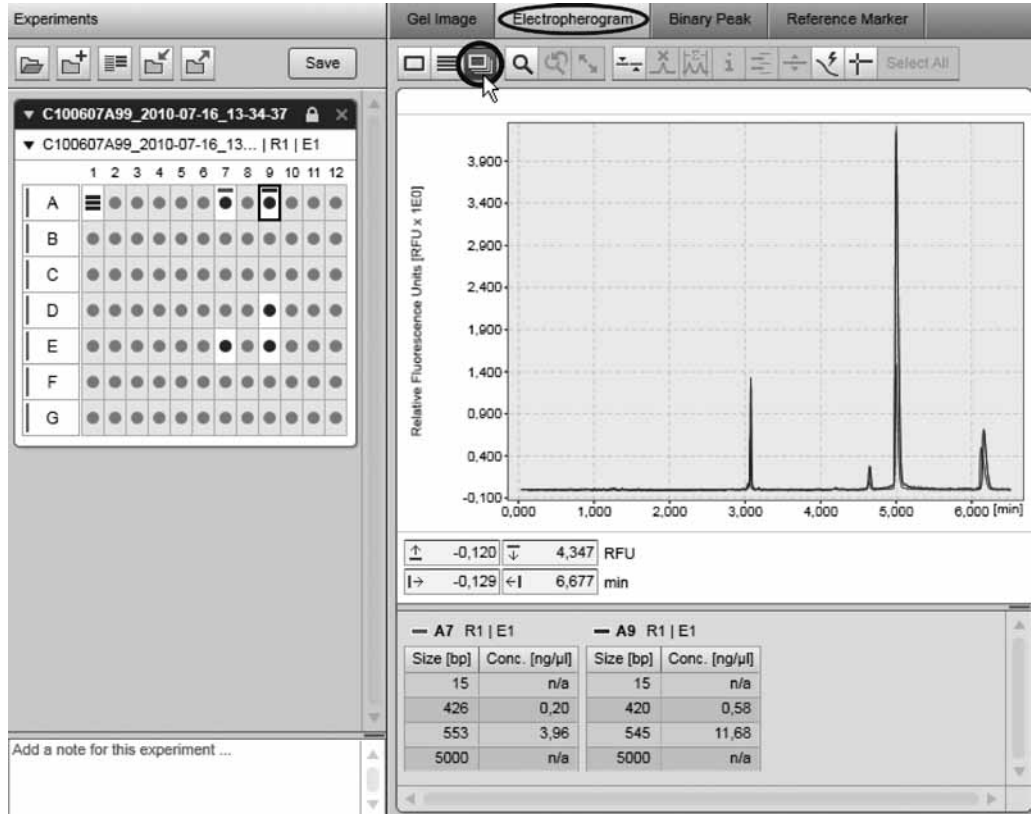
ピークの削除

削除するピークを、result テーブルで選択します。result テーブルのコンテキストメニューを開き、“Delete selected peak” オプションを選択します。ピークが result テーブルから削除され、エレクトロフェログラムオーバービューにあるピークのマーカーが消えます。

2.4.2.8 エレクトロフェログラム重ね合わせ表示

エレクトロフェログラム重ね合わせ表示は、最大で 12 のエレクトロフェログラムを 1 つのプロットで表示します。これにより、複数の測定を簡単に比較できます。

異なるサンプルからのシグナルを区別するため、各サンプルには独自の色が付けられています。



エレクトロフェログラム重ね合わせ表示

重ね合わせ表示の下側に、すべてのサンプルの小さな result テーブルが対応する色とともに表示されます。result テーブルの表示順序は、ゲル表示やエレクトロフェログラムオーバービューでのサンプルの順序と同じです。

ツールバーにある次のボタンを使用して、エレクトロフェログラムを操作できます。

ボタン

意味



ズームモードのオン/オフを切り替え。詳細については、ズームと縮尺 (84 ページ) を参照。



オートスケール。詳細については、ズームと縮尺 (84 ページ) を参照。



ズームの取り消し。詳細については、ズームと縮尺 (84 ページ) を参照。



位置合わせを切り替えます。

このボタンをクリックすると、表示されたサンプルの位置合わせが、alignment marker に従い行なわれます。サンプルの位置合わせにより、サンプルのピーク位置の比較を行ないやすくなります。

注：位置合わせは、alignment marker が正しく特定されている解析されたサンプルについてのみ使用できます。よって、このボタンは、表示されたサンプルのうち 2 つ以上が解析されている場合にのみ有効となります。



電流を切り替え。

このボタンをクリックすると、データ取得時に測定した電流を表示する図が、エレクトロフェログラム表示の下に重ね合わせ表示されます。



ルーラーを切り替え。

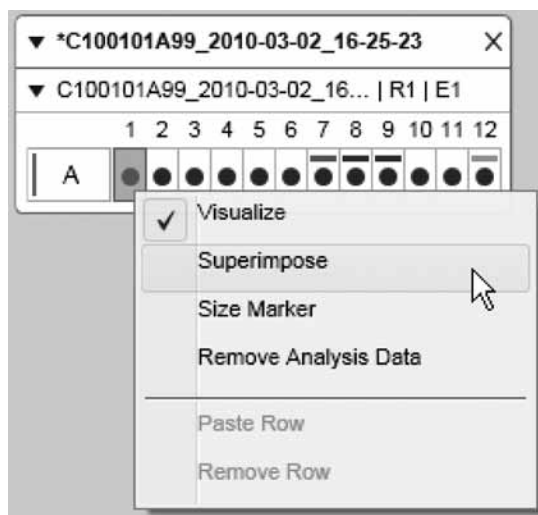
ピークの高さと位置の比較に使用する垂直ルーラーと水平ルーラーを有効にします。

サンプルの追加と削除

その他のすべての表示とは異なり、重ね合わせ表示では、選択したすべてのサンプルが自動的に表示されることはありません。

重ね合わせ表示にサンプルを追加する：

1. “Experiment Explorer” で、追加するサンプルを選択します。
2. “Experiment Explorer” で、選択したサンプルのコンテキストメニューを開きます。
3. “Superimpose” オプションを選択します。



選択したサンプルが、重ね合わせ表示に追加されます。“Experiment Explorer” では、重ね合わせ表示で表示されるすべてのサンプルには、重ね合わせでの色に従い、色の付いた四角が付けられます。

注：最大で 12 のエレクトロフェログラムを重ね合わせることができます。上限を超えると、警告が表示されます。

または、最大で 12 の選択したサンプルを、“Experiment Explorer” から重ね合わせ表示にドラッグアンドドロップします。

サンプルを重ね合わせ表示から削除するには、次の手順に従います。

1. “Experiment Explorer” で、削除するサンプルを選択します。
2. “Experiment Explorer” で、選択したサンプルのコンテキストメニューを開きます。
3. “Superimpose” オプションの選択を解除します。

2.4.2.9 サンプルプロパティ

サンプルプロパティを表示する：

1. “Experiment Explorer” でサンプルを選択します。
2. Analysis 環境の右側に、サンプルプロパティが表示されます。右側のツールバーが表示されない場合、次のアイコンをクリックして開きます。

プロパティ表示には、次の情報を含む 5 つの部分があります。

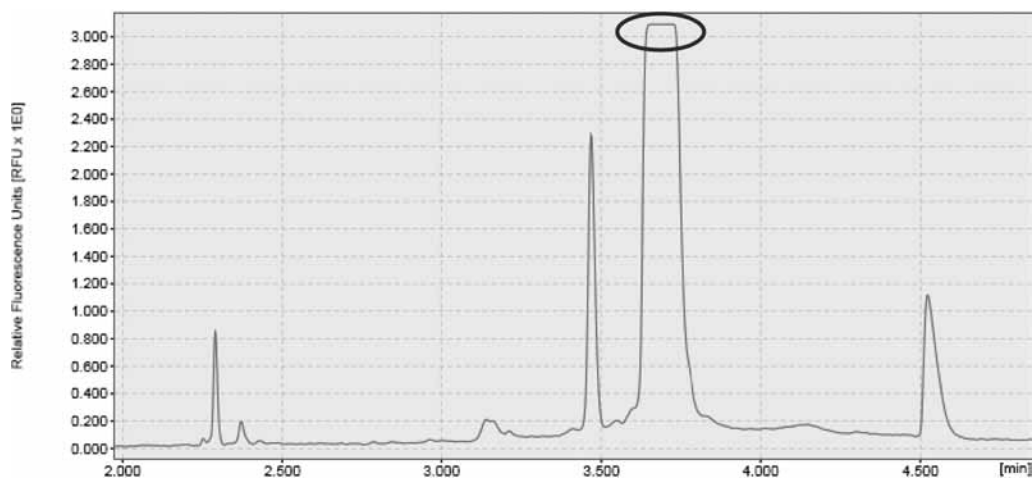
- **Sample**
この部分には、日付や実験 ID、プレート ID など、サンプルとデータ取得についての一般的な情報が含まれています。
- **Analysis Instructions**
解析の説明には、解析パラメータや alignment marker、解析に使用した “reference marker” が表示されます。
- **Method**
ここには、データ取得時に使用したメソッドの名前やアクションが表示されます。
- **Cartridge**
ここには、カートリッジ ID やカートリッジの種類など、カートリッジについての情報が表示されます。
- **Platform**
ソフトウェアのバージョンや装置の情報（ファームウェアのバージョンやシリアル番号）が表示されます。

2.4.2.10 飽和シグナル

飽和シグナルの特定

高濃度の DNA を注入してシグナルがオーバーロード状態になると、検出シグナルが飽和します。飽和シグナルとは、シグナルのレベルが検出器の上限を超えているシグナルを指します。

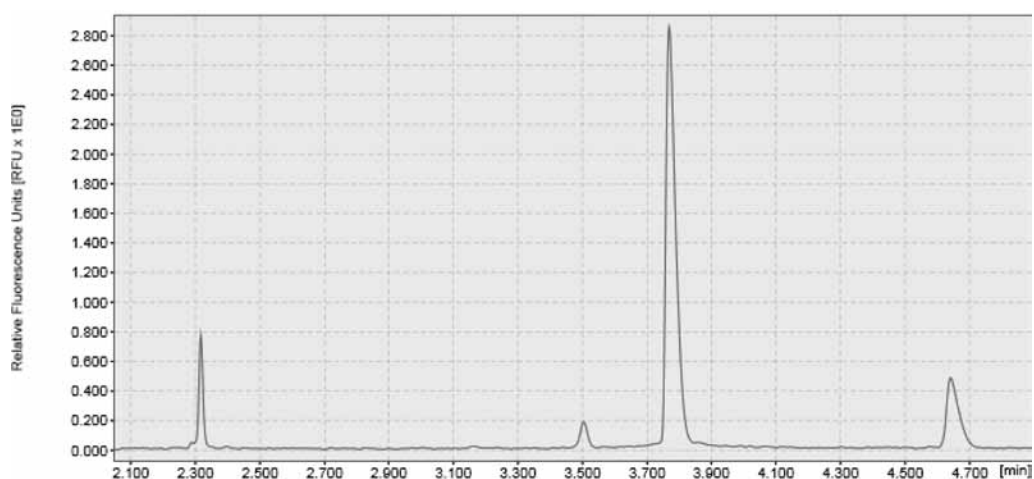
飽和シグナルは通常、エレクトロフェログラムの平らな頂点という形で表示されます。このシグナルはまた、“クリップ” とも呼ばれます。



飽和シグナルの例

飽和シグナルの防止

オーバーロードやシグナルの飽和を防止するには、QX DNA Dilution Buffer でのサンプルの希釈や注入サンプル量の減少という2つの方法があります。注入時間を短くすると、注入サンプル量を減らせます。飽和していないシグナルでは、エレクトロフェログラムの頂点が尖った形となります。

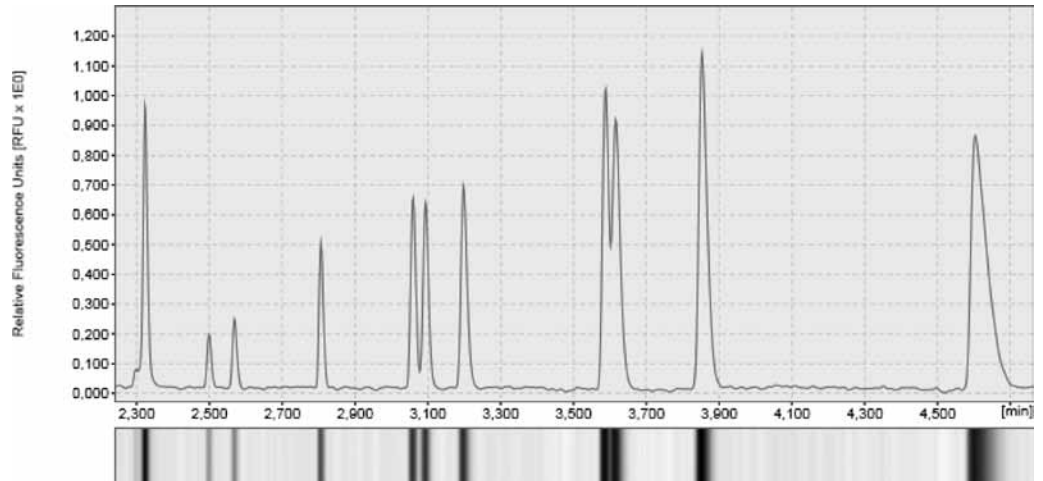


通常の（飽和していない）シグナル

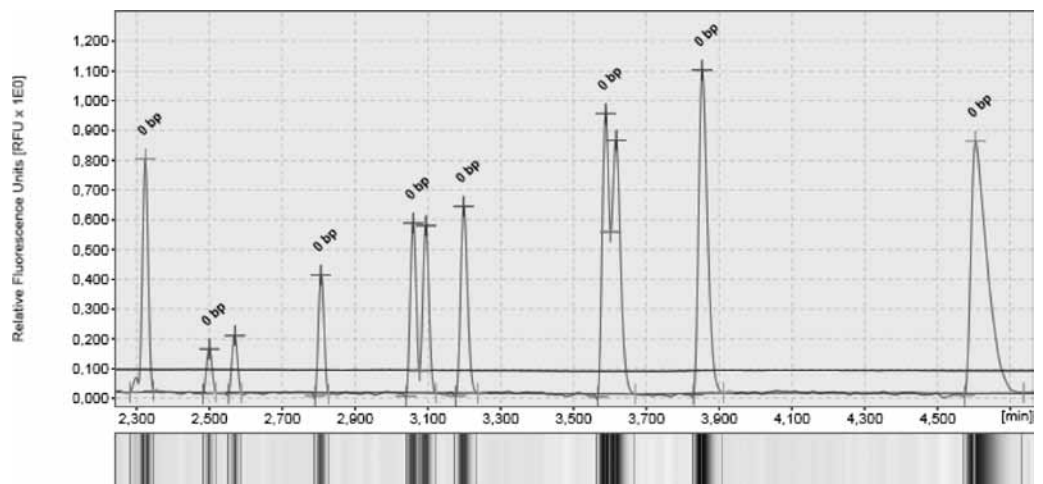
2.4.3 DNA の解析

DNA サンプルの解析は、2段階のアプローチを使用して実行します。まず、生データでピークを検出します。次のステップで、ピークの位置とピーク濃度を、サンプルを "reference marker" にマッピングして判定します。

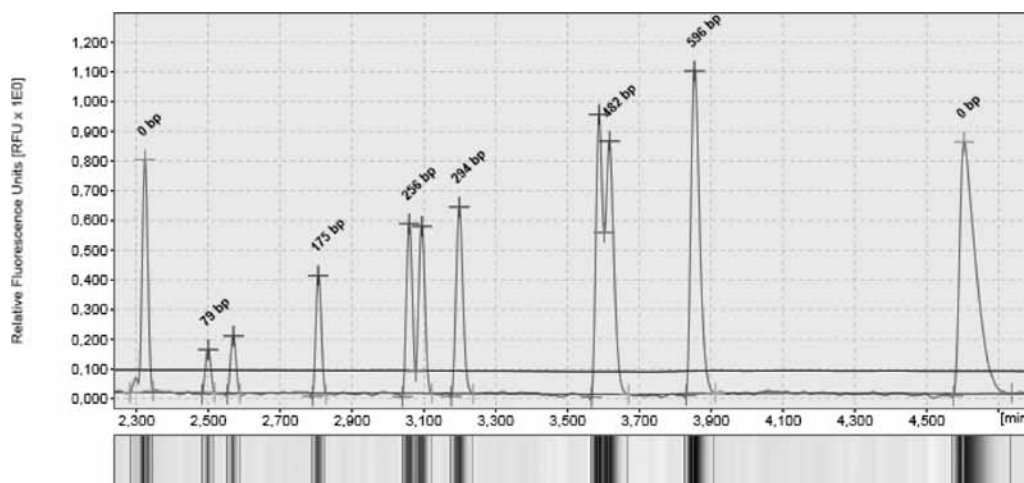
次の画像には、解析のステップが示されています。



解析前の生データ



ピーク検出後の生データ



サイズと濃度の計算後の生データ

また、binary peak calling を実行できます。

Binary peak calling とは、解析されたサンプルについての特別な見解です。指定されたピークがサンプルで検出されているかどうかの概要を（タブ形式で）示すものです。詳細については、108 ページの 2.4.3.6 章を参照してください。

注：サンプル解析は、“Basic User” および “Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーのみが実行できます。


2.4.3.1 DNA の解析手順


次のように手順を進めます。

1. “Experiment Explorer” を使用して、解析するサンプルをロードします。詳細については、66 ページの 2.4.1.2 章を参照してください。
2. サイズマーカーがサンプルと共に電気泳動されていた場合、DNA リファレンスマーカーの作成（104 ページ、2.4.3.4 章）にあるとおりに、新規リファレンスマーカーを作成します。
3. 解析するサンプルを視覚化します。データ解析の詳細については、71 ページの 2.4.2 章を参照してください。
4. 解析するサンプルを選択します。

注：ここでは、Experiment Explorer での選択ではなく、表示内の選択が関係します。

サンプルの選択方法は、解析するサンプルの表示や数により異なります。

表示	単一のサンプルを選択	複数のサンプルを選択
ゲル画像	サンプルのゲルレーンのヘッダーをクリックして単一のサンプルを選択します。“Experiment Explorer” での解析向けにサンプルを選択することは、この環境ではできません。	複数サンプルの選択は、“Shift” キーまたは “Ctrl” キーを使用して（Windows Explorer 同様に）ゲルレーンのヘッダーをクリックして実行できます。 または、ツールバーで “Select All” キー  をクリックして、視覚化されたすべてのゲルレーンを選択できます。

単一のエレクトロフェログラム	“Experiment Explorer” で単一のサンプルを選択します。この表示では、視覚化されたサンプルを解析します。	この表示では利用できません。
エレクトロフェログラム オーバービュー	サンプルのエレクトロフェログラムをクリックして、単一のサンプルを選択します。“Experiment Explorer” での解析向けにサンプルを選択することは、この環境ではできません。	複数サンプルの選択は、“Shift” キーまたは “Ctrl” キーを使用して (Windows Explorer 同様に) エレクトロフェログラムをクリックして実行できます。 または、ツールバーで “Select All” キー  をクリックして、視覚化されたすべてのゲルレーンを選択できます。
エレクトロフェログラムの 重ね合わせ	この表示では利用できません。	この表示では利用できません。

5. “Analysis” パラメータ画面を開き、解析を指定します。

表示されていない場合、“View” メニューを使用して (メニュー項目 “View” / “Show Analysis Parameters” を選択)、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。





“Analysis properties” パネルで、定義済みの解析特性を選択するか、“Default DNA” プロファイルまたは “NewAnalysisProfile” を選択してデフォルトパラメータを使用します。選択したプロファイルの解析パラメータが、ドロップダウンリストの下に表示されます。

解析パラメータの詳細な説明については、100 ページの 2.4.3.2 章を参照してください。

“Reference Marker” の “Reference Marker Table” に印を付け、以前保存したリファレンスマーカーを選択します。“Reference Marker” の詳細は、コンボボックスの下に表示されます。

注：新規のリファレンスマーカーをステップ 2 で作成した場合、そのマーカーが既に選択されています。ステップ 6 に進みます。

注：リファレンスマーカーなしでサンプルを解析できます。この場合、ピークにはサイズと濃度の注記はありません。

注：互換性を確保するため、リファレンスマーカーのドロップダウンリストには、選択したサンプルの alignment marker に適合するリファレンスマーカーテーブルのみが含まれています。適合するリファレンスマーカーテーブルがない場合には、ドロップダウンリストは無効とマークされ空白となります。この場合、必要に応じサンプルの alignment marker をチェックするか (alignment marker のチェック [123 ページ、2.4.5.4 章] を参照)、新規のリファレンスマーカーを作成します (DNA リファレンスマーカーの作成 [104 ページ、2.4.3.4 章] を参照)。

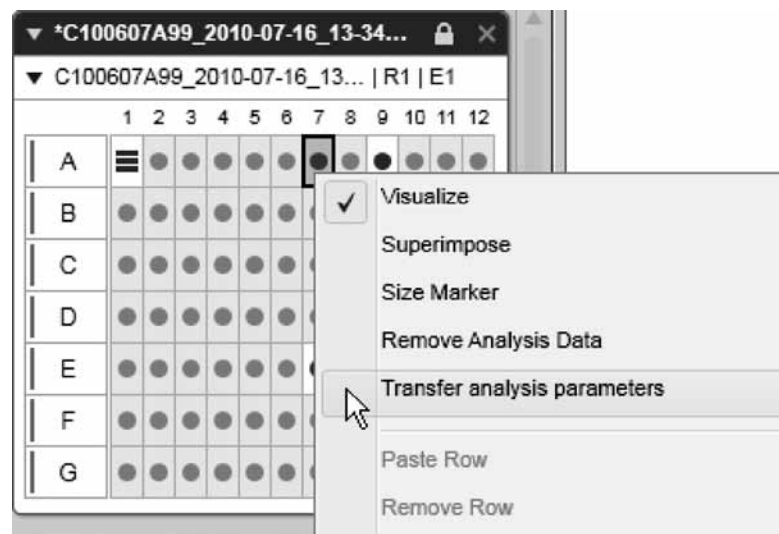
注：サンプルを選択しないと、リファレンスマーカーのドロップダウンリストは空白となります。リファレンスマーカーを選択する前に、解析するサンプルを選択します。

注：“Reference Marker Table” ドロップダウンリストの右側にある記号の説明については、次ページの表を参照してください。

● (緑)	選択したリファレンスマーカーテーブルは 完全に対応しています 。 つまり、リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、サンプルと同じカートリッジとメソッドを使用して、2か月以内に処理されました。
● (黄)	リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、サンプルと同じカートリッジとメソッドを使用して、 2か月以上前に処理されました 。
● (赤)	リファレンスマーカーテーブルは、サンプルと同じメソッドで処理されましたが、 別のカートリッジ を使用しました。
● (灰色)	リファレンスマーカーテーブルは、サンプルに 対応していません 。こうした状況は、リファレンスマーカーが、サンプルのカートリッジの種類やメソッド、alignment marker に一致しない場合に発生します。

重要：正しいサイズマーカーを選択すると、サイズと濃度の測定の精度が向上します。対象となる DNA フラグメントのサイズに最も近い DNA フラグメントを含むマーカーを使用します。解析する DNA フラグメントは、サイズマーカーの最大フラグメントと最小フラグメントの間になければなりません。また、alignment marker の範囲は、サイズマーカーの範囲に対応している必要があります。

注：ロードしたサンプルが既に解析済みの場合、選択したサンプルの解析パラメータは、“Analysis” パラメータ画面に移動されます。パラメータを移動するには、次の図にあるとおり、“Experiment Explorer” のコンテキストメニューからメニュー項目 “Transfer analysis parameters” を選択します。



解析パラメータをサンプルから “Analysis” 画面に移動

注：プレートの alignment marker は変更できます。alignment marker を変更するには、“Experiment Explorer” のコンテキストメニューからメニュー項目の “Overwrite alignment marker” を選択します (マウスのカーソルをプレート名の上に置いてください)。“Overwrite Marker” ダイアログボックスが表示されます。ドロップダウンリストから alignment marker を選択し、“OK” をクリックして選択を確認します。

6. “Start Analysis” ボタンをクリックして解析を開始します。
7. 解析結果を表示します。解析された各サンプルについて、結果が “Analysis” 環境の下 (76 ページの 2.4.2.4 章を参照) と単一のエレクトロフェログラム表示 (82 ページの 2.4.2.6 章を参照) のプロットにタブ形式で表示されます。
8. “Experiment Explorer” にある “Save” ボタンをクリックして、解析結果を保存します。

2.4.3.2 解析プロファイルの変更

解析プロファイルを変更するには、次の手順に従います。

1. “Analysis” 環境の右側にある“解析”タブを開きます。
表示されていない場合、“View”メニューを使用して（メニュー項目“View” / “Show Analysis Parameters”を選択）、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。

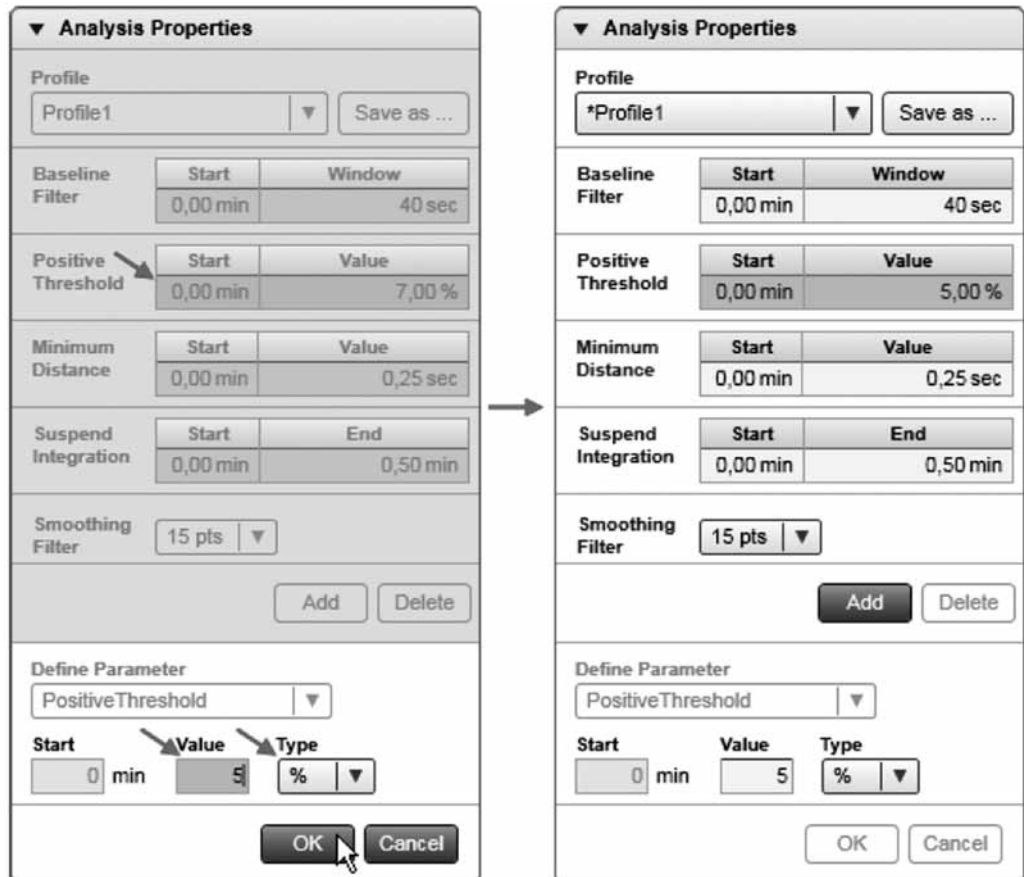


2. “Analysis properties” パネルの“Profile” ドロップダウンリストで、変更する解析プロファイルを選択します。
3. 以下のように、解析パラメータを変更します。
4. 変更したプロファイルを保存するには、“Profile” ドロップダウンリストの右側にある“Save as...” ボタンをクリックします。

注：解析プロファイルのパラメータは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか変更できません。

パラメータは、次のことを実行して変更できます。

1. パラメータをクリック。
2. 値（および可能な場合には単位）を変更。
3. “OK” をクリックします。

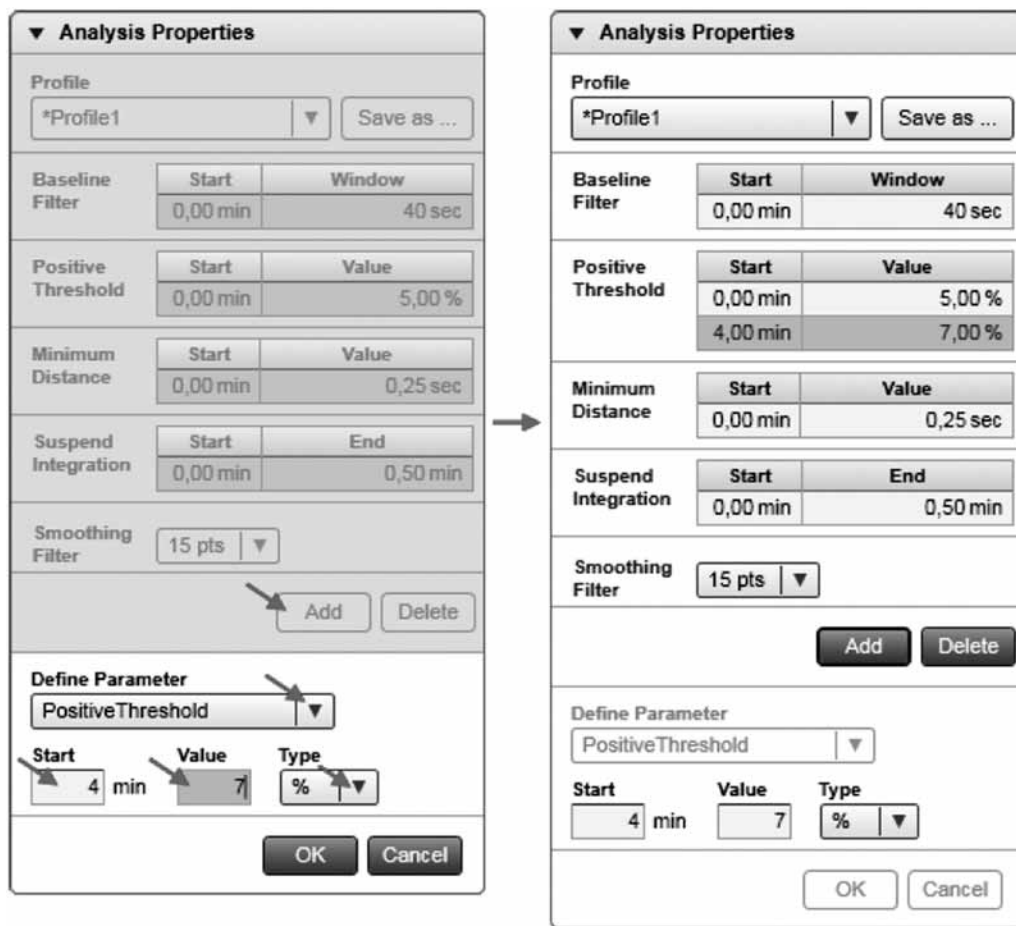


閾値パラメータを変更

上の図に表示された各パラメータには、対応する時間ポイントがあります。“Smoothing filter”の場合を除きすべてのパラメータを時間に関して変更できるため、時間ポイントが必要です。

閾値パラメータを4分から7%引き上げる：

1. パラメータの下にある“Add”ボタンをクリックします。
2. パラメータの種類を選択します。
3. 時間と設定を調整します。
4. “OK”をクリックして変更を承認します。



注：0.0 分時点の初期パラメータの時間は変更できません。

パラメータの説明と適切な設定を行なう方法は、以下の表に示されています。DNA 解析アルゴリズムとそのパラメータの詳細は、英語版 User Manual の Appendix A をご覧ください。

パラメータ	説明	値の調整
Baseline Filter	このパラメータは、ベースライン検知を決定します (エレクトロフェログラムで赤色の線を表示)。	“Window” パラメータを、単一ピークの幅の 2 倍に設定してください。大半のサンプルでは、デフォルト値 (40 秒) で十分です。
Positive Threshold	この閾値パラメータは、ピーク検出時に使用します。ベースラインを閾値の分上回るシグナルが、ピークとして検出されます。閾値は、サンプルの最高シグナルの比率として、またはエレクトロフェログラムの (推定) ノイズレベルの倍数として、RFU で定められます。	デフォルト設定 (サンプルの最高シグナルの 5%) が、大半のサンプルでの開始点となります。閾値は、関連するピークが閾値より低く、ピークとして認識されていない場合には、引き下げてください。

		異なる単位を使用して、閾値を指定できます。固定の RFU 値に閾値を設定するには、“RFU” 単位を使用します。サンプルで最高シグナルの比率として閾値を指定するには、“%” 単位を使用します。ノイズレベルの倍数として閾値を指定するには、“S/N” 単位を使用します。ノイズレベルは、サンプルデータから推定されます。
		注： 閾値パラメータは、“single electropherogram view” でインタラクティブに変更できます。閾値（青色で表示）をマウスでドラッグするだけです。その際、サンプルは、新しい閾値を使用して再解析されます（その他すべてのパラメータは、サンプル特性から取得されます）。
Minimum Distance	このパラメータは、ピークの疑わしきチェックの際に使用されます。2つのピークが独自のピークとして認識されるのに必要な最低の距離を定義します。 テールやフロントの長い、ノイズのあるデータの場合、ノイズのスパイクがピークの境界で最低ピークの閾値と複数回交差する場合があります。このパラメータにより、こうしたノイズピークの検知を防止できます。	デフォルトの設定（0.25 秒）は、大半のサンプルに適しています。 フロントやテールの長い、ノイズの非常に多いデータでは、場合によっては値を大きくし、クラスタの境界でのノイズピークが検出されないようにする必要があります。
Suspend Integration	このパラメータは、定義期間のピーク検出をオフにします。これにより、result テーブルで不要なピークが発生しなくなります。	デフォルトの設定は 0.5 分（0.0 分から開始）です。つまり、0.5 分より前のピークは、result テーブルには表示されません。
Smoothing Filter	このパラメータは、スムージングウィンドウの幅、すなわちスムージングの強さを定義します。スムージングフィルタにより、データの S/N 比が改善しますが、解像度は下がります。	デフォルトの幅（15 データポイント）は、大半のサンプルに適した設定です。2つの近いピークを判別できない場合、スムージングフィルタパラメータを下げるか無効にして（“0pts” に設定）、解像度を最適化できます。

2.4.3.3 新規解析プロファイルの作成

新規解析プロファイルを作成：

1. “Analysis” 環境の右側にあるツールバーで “解析” タブを開きます。
2. “Profile” ドロップダウンリストから、既存の解析プロファイルを選択します。選択したプロファイルが、新規プロファイル作成のテンプレートとなります。“NewAnalysisProfile” を選択して、デフォルトのパラメータで開始します。





- 100 ページの 2.4.3.2 章に記載されたとおり、必要に応じ解析パラメータを変更します。
- “Profile” ドロップダウンリストの右側にある “Save as...” ボタンをクリックして、新規プロファイルを保存します。
- 名前をプロファイルに割り当て、“OK” をクリックします。

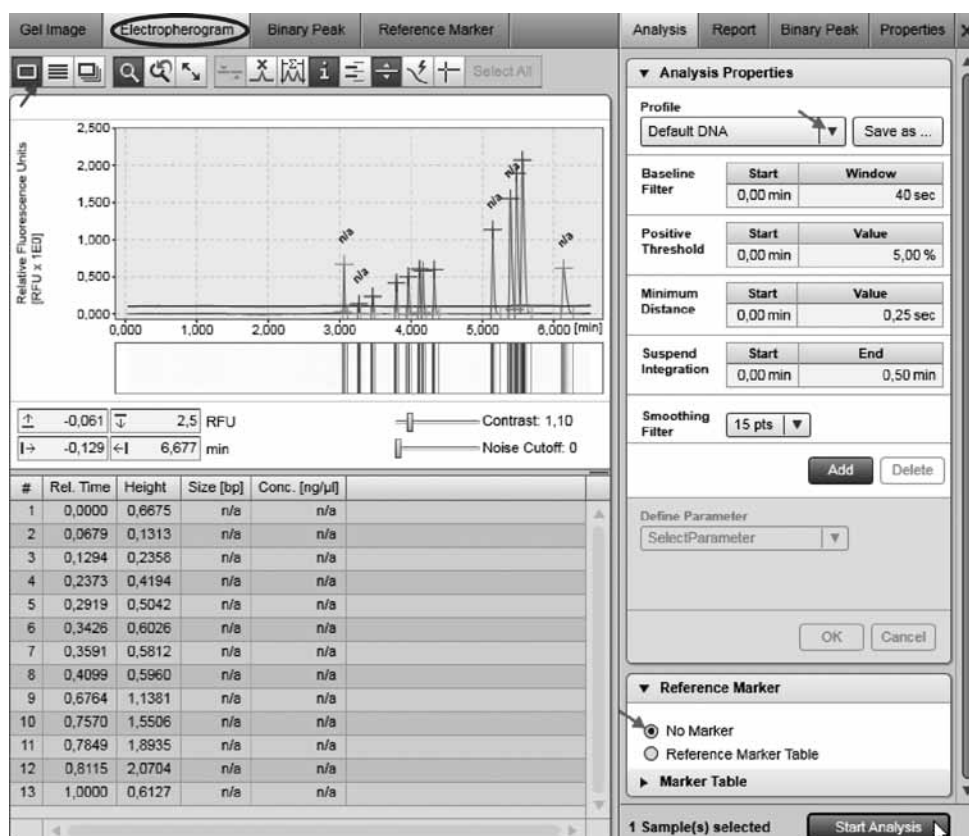
注：“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーのみが、新規解析プロファイルを作成できます。

2.4.3.4 DNA リファレンスマーカーの作成

新規リファレンスマーカーを作成するには、ピーク時間と面積のある、解析済みのサイズマーカーが必要です。リファレンスマーカーは、サイズマーカーのサンプルのピークとサイズマーカーテーブル（alignment marker を含む）を一致させて作成します。

次のように手順を進めます。

- “Experiment Explorer” で、サイズマーカーを含むサンプルを選択します。“Size Marker”（記号が  あるいは ）とフラグがついていない場合、右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Size Marker” オプションを選択してフラグをつけます。アイコンが  あるいは  に変わります。

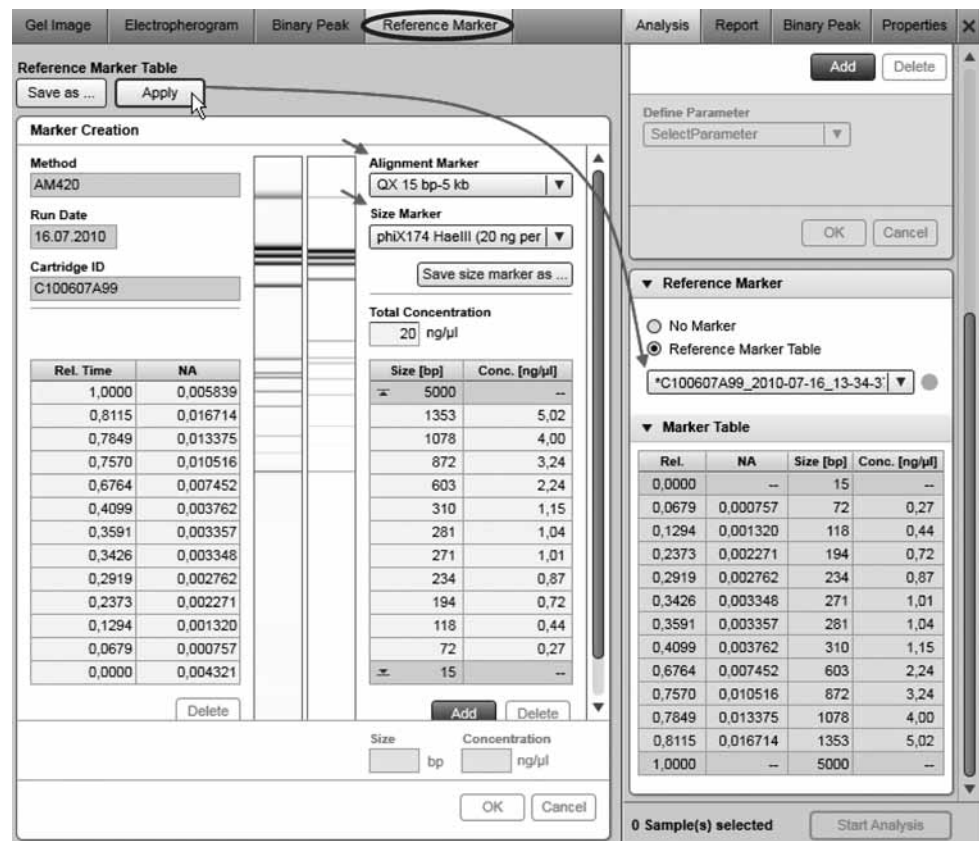


#	Rel. Time	Height	Size [bp]	Conc. [ng/μl]
1	0,0000	0,6675	n/a	n/a
2	0,0679	0,1313	n/a	n/a
3	0,1294	0,2356	n/a	n/a
4	0,2373	0,4194	n/a	n/a
5	0,2919	0,5042	n/a	n/a
6	0,3426	0,6026	n/a	n/a
7	0,3591	0,5812	n/a	n/a
8	0,4099	0,5960	n/a	n/a
9	0,6764	1,1381	n/a	n/a
10	0,7570	1,5506	n/a	n/a
11	0,7849	1,8935	n/a	n/a
12	0,8115	2,0704	n/a	n/a
13	1,0000	0,6127	n/a	n/a

サイズマーカーサンプルの解析

- サイズマーカーサンプルを、“Single Electropherogram View” で開きます。
- “Analysis properties” ツールバーでプロファイルを選択するか、または “NewAnalysisProfile” のデフォルトパラメータを使用します。

4. リファレンスマーカーとして “No Marker” を選択します。
5. 解析を開始します。
解析の結果は、注釈のあるピーク時間と面積のついたサンプルとなります。
6. 正しいピークが検出されたことを確認します。121 ページの 2.4.5 章にあるとおりに “Insert/Delete Peak” オプションを使用するか、解析パラメータを変更してサイズマーカーサンプルを再解析します。
7. “Reference Marker” 画面に切り替えます。
サイズマーカーサンプルのピークテーブル (“Reltime” と “NA” 列のある) が、画面の左側に表示されます。
注：サイズマーカーを “Experiment Explorer” で選択していない、または選択したサイズマーカーサンプルを解析していない場合には、パネルは空となります。この場合、上記のステップをまず繰り返します。



リファレンスマーカーの作成

8. “Reference Marker” 画面で、alignment marker と、サイズマーカーサンプルで使したサイズマーカーを選択します。
サンプルゲル表示 (左側) と理論的なリファレンスマーカーゲル表示 (右側) の比較が、画面中央に表示されます。
注：新規サイズマーカーの作成は、新規サイズマーカーテーブルの作成 (106 ページ、2.4.3.5 章) に記載されています。

9. サイズマーカーサンプルのピーク数がリファレンスマーカーのピーク数（2つの alignment marker のピークとサイズマーカーのピークとの和）と一致する場合、リファレンスマーカーをサンプル解析に使用できます。作成したリファレンスマーカーを、“Analysis” パラメータ画面の “Reference Marker” パネルの下にコピーするには、“Reference Marker” 画面の上部にある “Apply” ボタンをクリックします。

オプションで、以後の実験の解析にこのリファレンスマーカーテーブルを使用する場合には、画面の上部にある “Save as...” ボタンを使用してリファレンスマーカーを保存します。

注：リファレンスマーカーが無効、すなわち左側と右側のピークの数不一致の場合、“Apply” および “Save as...” ボタンは無効となり、警告が画面の上部に表示されます。

サイズマーカーサンプルで予想以上のピークが検出された場合、サイズマーカーサンプルピークテーブル (“ReItime” と “NA” のある) の下にある “Delete” ボタンを使用して、ピークを削除できます。または、単一のエレクトロフェログラム表示に切り替え、正しいピークが検出されたかどうかチェックします。121 ページの 2.4.5 章にあるとおりに “Insert/Delete Peak” オプションを使用するか、解析パラメータを変更してサイズマーカーサンプルを再解析します。





注：DNA リファレンスマーカーは、“Basic User” および “Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーのみが作成できます。

サンプル解析を続けるには、DNA の解析手順（96 ページ、2.4.3.1 章）のステップ 3 を参照してください。

2.4.3.5 新規サイズマーカーテーブルの作成


カスタムのサイズマーカーを使用するには、新規のサイズマーカーテーブルを手作業で作成する必要があります。

次のように手順を進めます。

1. “Experiment Explorer” で、サイズマーカーを含むサンプルを選択します。“Size Marker”（記号が  あるいは ）とフラグがついていない場合、右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Size Marker” オプションを選択してフラグをつけます。アイコンが  あるいは  に変わります。
2. “Analysis” 環境の “Reference Marker” 画面を開きます。

Gel Image Electropherogram Binary Peak **Reference Marker**

Reference Marker Table

Save as ... Apply  Number of rows of Size Marker does not correspond to Peak Table.

Marker Creation

Method: AM420

Run Date: 16.07.2010

Cartridge ID: C100607A99

Rel. Time	NA
1,0000	0,006551
0,6245	0,039115
0,0000	0,007200

Delete

Alignment Marker: QX 15 bp-5 kb

Size Marker: *NewSizeMarker

Save size marker as ...

Total Concentration: 0 ng/µl

Size [bp]	Conc. [ng/µl]
5000	--
0	0,00
15	--

Add Delete

Size: 550 bp Concentration: 20 ng/µl

OK Cancel

新規サイズマーカーの編集

3. サイズマーカードロップダウンリストから "NewSizeMarker" を選択して、空のサイズマーカーテーブルを作成します。
4. 下の "Add" ボタンをクリックして、新たな列をテーブルに追加します。
5. サイズと、オプションで濃度を定義します。
6. "OK" をクリックして、テーブルの変更を保存します。すべての列を定義するには、ステップ4からのステップを繰り返します。
7. サイズマーカードロップダウンリストの下にある "Save Size Marker as..." ボタンをクリックして、新規サイズマーカーを保存します。

注：新規サイズマーカーは、"Advanced User" 権限を割り当てられたユーザーしか作成できません。

注：サイズマーカーのフラグのついたサンプルを選択すると、上の図のようにサイズマーカーの列数と選択したサンプルの peak table の列数が一致しないとの警告が表示される場合があります。

2.4.3.6 Binary peak calling の実行

Binary peak calling は、設定された特定のピークが検出されるか否かを簡単な形式で表示させます。

このため、検索するピークセットを含む binary peak definition table が必要です。

作成方法については、111 ページの 2.4.3.8 章を参照してください。

注： Binary peak calling は、“Basic User” および “Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーのみが実行できます。

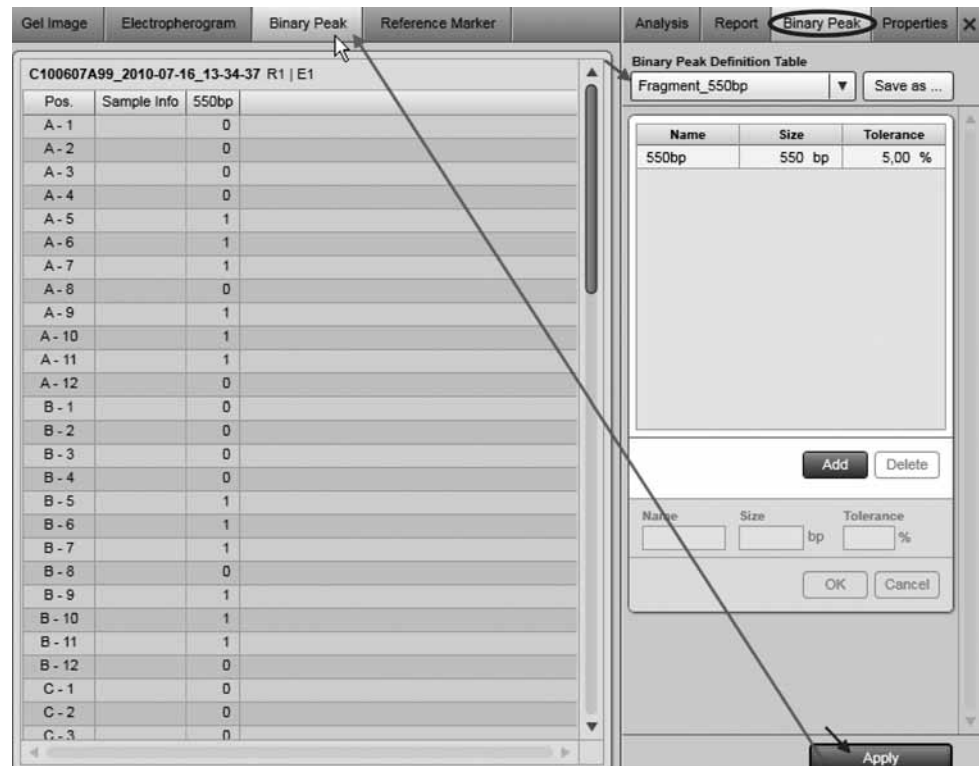
Binary peak calling を実行するには、次の手順に従います。

1. サンプルの binary peak calling を実行する必要がある実験ファイルをロード（66 ページ、2.4.1.2 章）し有効化（68 ページ、2.4.1.5 章）します。
2. まだ解析を行っていない場合には、DNA の解析手順（96 ページ、2.4.3.1 章）に記載されたとおりに、対象となるサンプルの解析を行ないます。

注： サンプルは、binary peak calling を実行する前に解析する必要があります。

3. “Analysis” 環境の右側にある “Binary Peak” タブを開きます。
4. 検索するピークを含む “Binary Peak Table” ドロップダウンリストから、binary peak definition table を選択します。
5. “Binary Peak” タブの下にある “Apply” ボタンをクリックして、binary peak calling を開始します。binary peak definition table が実験結果に割り当てられ、“Analysis” 環境の中程にある “Binary Peak” 画面が有効になります。
6. 結果を表示するには、“Analysis” 環境の中程にある “Binary Peak” 画面に切り替えます。結果の構造は、以下に記載されています。

注： “Analysis” 環境の中程にある “Binary Peak” 画面は、binary peak definition table が実験に割り当てられていなかった、すなわち binary peak calling が実行されなかった場合には無効となります。



Binary peak calling の結果を表示

- Binary peak calling の結果を保存するには、“Experiment Explorer” にある “Save” ボタンをクリックして解析結果を保存します。

Binary peak calling の結果

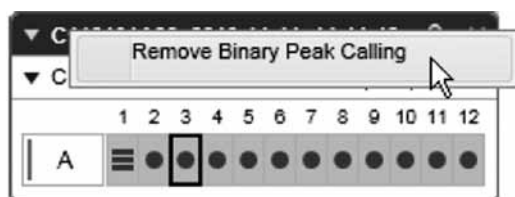
Binary peak calling は、1 プレートあたり 1 つのテーブルで、“Experiment Explorer” のプレートの名前ごとにキャプチャされます。プレートのサンプルは、各サンプルにつき 1 行としてテーブル上に表示されます。“Pos.” と “Sample info” の列は、サンプルを特定します。これらの列は固定されています。

次のピーク列は、binary peak definition table により定義されます。binary peak definition table の各列の後には、“Name” によりキャプチャされた、binary peak result table の列があります。

値	詳細
1	ピークをサンプルで検出。
0	ピークはサンプルで検出されず。

注：サンプルを解析していない場合、ピーク列は空白となります。つまり 1 も 0 も含みません。

注：実験から binary peak calling の結果を削除するには、以下の図にあるように、“Experiment Explorer” で実験名を右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Remove Binary Peak Calling” を選択します。このメニュー項目は、binary peak calling を実験で実行し、結果を保存した場合にのみ有効となります。



Binary peak calling の結果を実験から削除

ピーク列の表示を設定することができます。ピーク列を非表示にするには、列のヘッダーを右クリックして、表示されるコンテキストメニューから“Hide Column”を選択します。非表示の列を表示するには、テーブルのヘッダーを右クリックして、“Show all columns”を選択します。ピーク列の順序は固定されています。ピークのサイズ順にソートされます。

Binary peak result table の構成要素は、クリップボードにコピーできます。コピーするセルを選択します。“Ctrl”キーと“C”キーを押すか、テーブルを右クリックして、表示されるコンテキストメニューから“Copy selected cells to clipboard”を選択します。

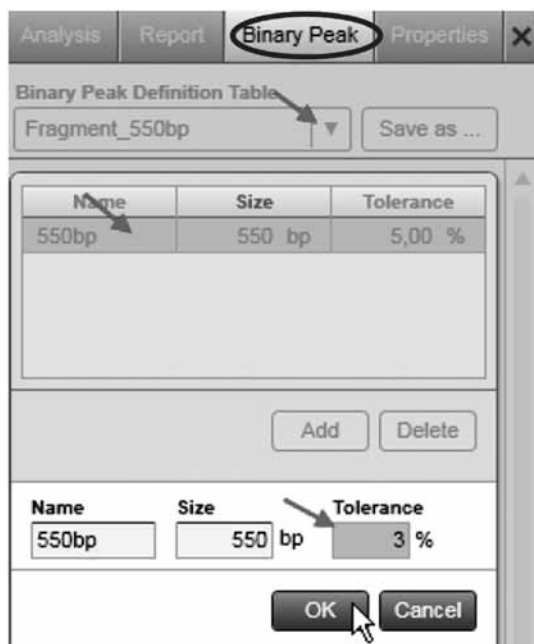
2.4.3.7 Binary peak definition table の変更

Binary peak definition table には、ピークの数(フラグメントサイズ)と、許容される差異の値(パーセント)が含まれます。各ピークに、名前を定義できます。

注: Binary peak table は、“Advanced User”の権限を割り当てられたユーザーしか変更できません。

Binary peak definition table を変更するには、次の手順に従います。

1. “Analysis”環境の右側にある“Binary Peak”タブを開きます。
2. 変更する binary peak definition table を、“Binary Peak Table”ドロップダウンリストから選択します。
3. 以下の記述のとおり、必要に応じてピークの定義を変更します。



列の変更

注: 表示される“Binary Peak Table”ドロップダウンリストの名前には、左側にアスタリスクがついていますが、これはテーブルが変更されていることを示すものです。

4. “Binary Peak Table” ドロップダウンリストの右側にある “Save as...” ボタンをクリックして、変更した binary peak definition table を保存します。

peak definition の変更

行を削除：

1. 行を選択します。
2. “Delete” ボタンをクリックします。

行を変更：

1. 変更する行を選択します。
2. 下の編集エリアで、値を編集します。

Name これが、binary peak result table の列のヘッダーとなります。

Size 検索するピークを指定します。

Tolerance ピーク検索の許容値。サンプルでは、サイズの差が上記の定義の所与の許容値より小さい場合には、ピークは検出されたものと見なされます。

3. “OK” をクリックします。選択した行の値が変更されます。

注：行はピークサイズごとにソートされるため、テーブルでの位置は定義されたピークサイズにより異なります。

行を追加：

1. “Add” ボタンをクリックします。空白フィールドのある新規の行が、テーブルの下に表示されます。
2. この行の値を編集します。
3. “OK” をクリックします。新しい行がテーブルに追加されます。

注：行はピークサイズごとにソートされるため、テーブルでの位置は定義されたピークサイズにより異なります。

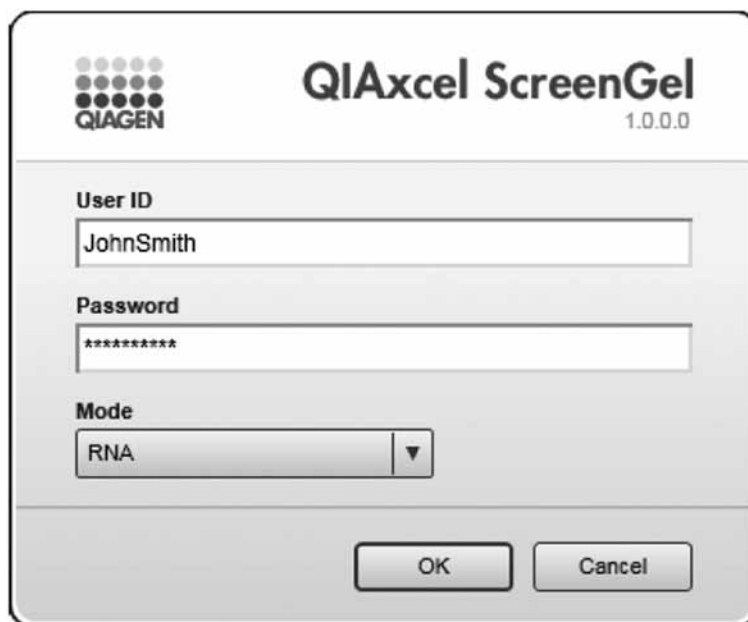
2.4.3.8 新規 binary peak definition table の作成

新規 binary peak definition table を作成：

1. “Analysis” 環境の右側にある “Binary Peak” タブを開きます。
2. Binary peak definition table を、“Binary Peak Table” ドロップダウンリストから選択します。選択したテーブルが、新規テーブル作成のテンプレートとなります。“New Binary Peak Definition Table” を選択して、空のテーブルから開始します。
3. 110 ページの 2.4.3.7 章に記載のとおり、必要に応じピーク定義を変更します。
4. “Binary Peak Table” ドロップダウンリストの右側にある “Save as...” ボタンをクリックして、新しいテーブルを保存します。新しい名前を入力して、“OK” をクリックします。

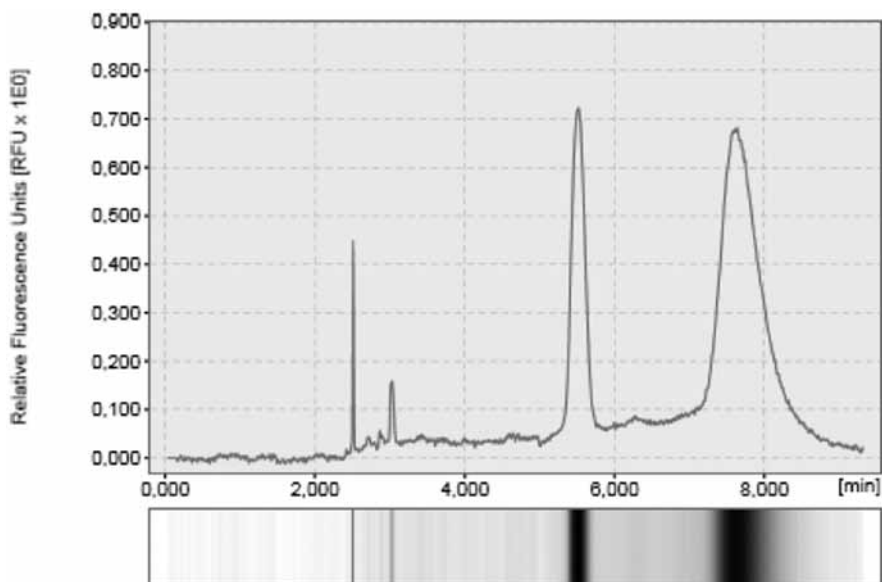
2.4.4 RNA の解析

QIAxcel ScreenGel の RNA モードは、ログインの際に有効になります。RNA モードに切り替えるには、ログアウトしてモードを“RNA”に切り替え、再びログインします。

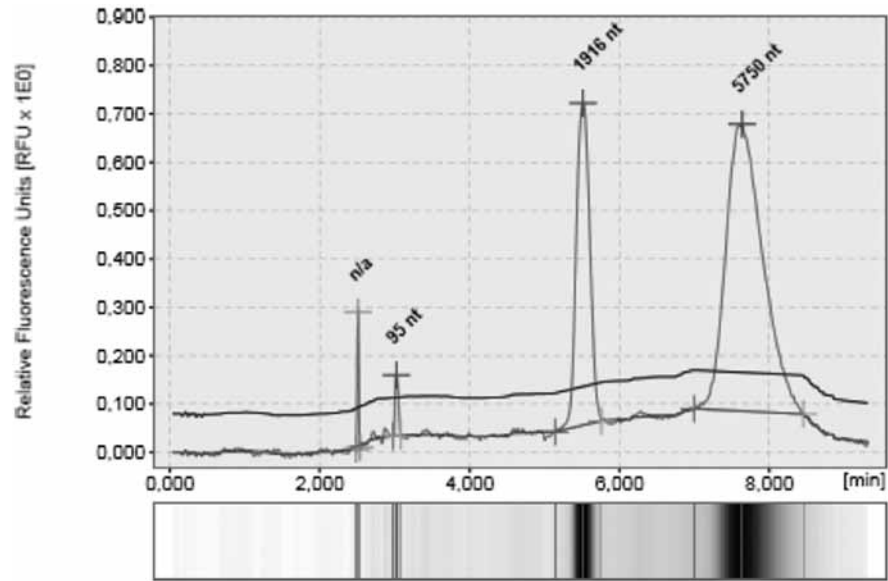


The image shows the login dialog box for QIAxcel ScreenGel 1.0.0.0. It features the QIAGEN logo in the top left and the software name and version in the top right. The dialog contains three input fields: 'User ID' with the text 'JohnSmith', 'Password' with asterisks, and 'Mode' with a dropdown menu set to 'RNA'. At the bottom, there are 'OK' and 'Cancel' buttons.

RNA サンプルの解析は、単一のステップで実行されます。生データでのピーク検知の後、ピークの位置とピーク濃度が、サンプルを“Reference Marker”にマッピングして判定されます。次の画像には、解析のプロセスが示されています。



解析前の生データ

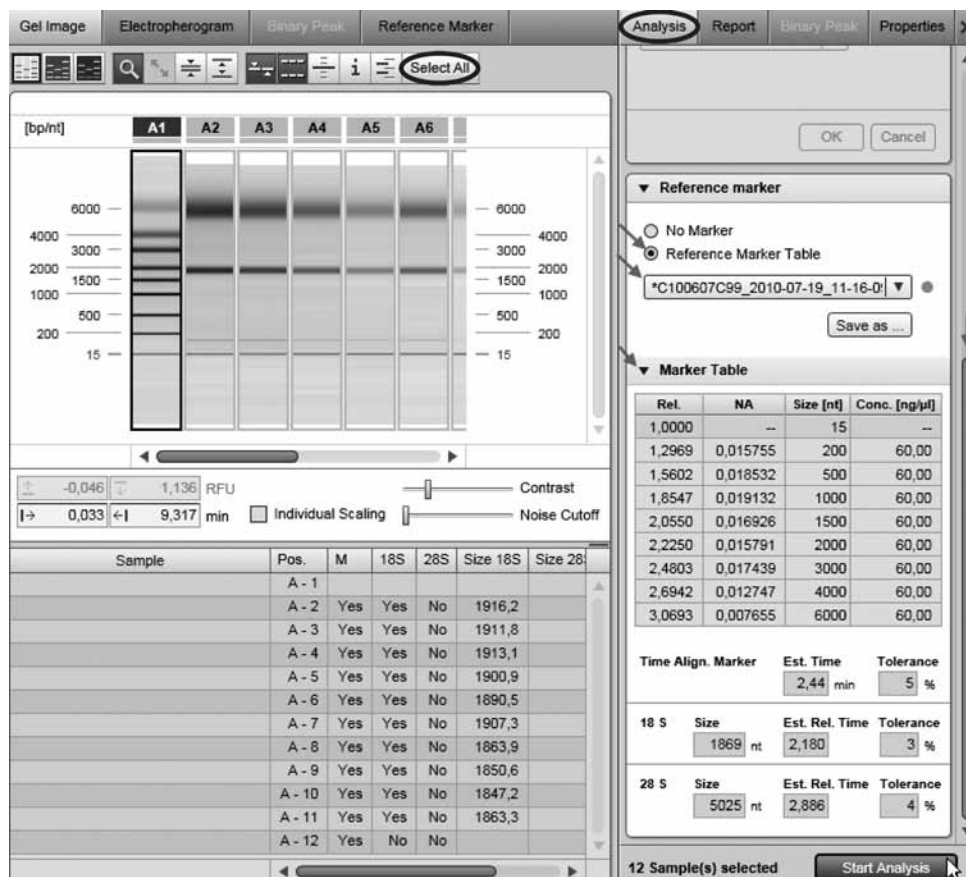


解析後の生データ

2.4.4.1 RNA の解析手順

次のように手順を進めます。

1. “Experiment Explorer” を使用して、解析するサンプルをロードします。詳細については、66 ページの 2.4.1.2 章を参照してください。
2. サイズマーカーがサンプルと共に電気泳動されていた場合、RNA リファレンスマーカーの作成（116 ページ、2.4.4.2 章）にあるとおりに、新規リファレンスマーカーを作成します。
3. 解析するサンプルを視覚化します。詳細については、71 ページの 2.4.2 章を参照してください。このステップでは “Gel Image” 表示が特に有用です。



新たに作成したりファレンスマーカーを使用して RNA サンプルを解析

4. 解析するサンプルを選択します。

注：ここでは、“Experiment Explorer” での選択ではなく、表示内の選択が関連しています。サンプルの選択方法は、解析するサンプルの表示や数により異なります。


表示 **単一のサンプルを選択**

ゲル画像 サンプルのゲルレーンのヘッダーをクリックして単一のサンプルを選択します。“Experiment Explorer” での解析向けにサンプルを選択することは、この環境ではできません。

複数のサンプルを選択

複数サンプルの選択は、“Shift” キーまたは “Ctrl” キーを使用して (Windows Explorer 同様に) ゲルレーンのヘッダーをクリックして実行できます。

または、ツールバーで “Select All” キー **Select All** をクリックして、視覚化されたすべてのゲルレーンを選択できます。

<p>単一のエレクトロフェログラム</p>	<p>“Experiment Explorer” で単一のサンプルを選択します。この表示では、視覚化されたサンプルを解析します。</p>	<p>この表示では利用できません。</p>
<p>エレクトロフェログラム オーバービュー</p>	<p>サンプルのエレクトロフェログラムをクリックして、単一のサンプルを選択します。“Experiment Explorer” での解析向けにサンプルを選択することは、この環境ではできません。</p>	<p>複数サンプルの選択は、“Shift” キーまたは “Ctrl” キーを使用して (Windows Explorer 同様に) エレクトロフェログラムをクリックして実行できます。 または、ツールバーで “Select All” キー  をクリックして、視覚化されたすべてのゲルレーンを選択できます。</p>
<p>エレクトロフェログラムの重ね合わせ</p>	<p>この表示では利用できません。</p>	<p>この表示では利用できません。</p>

5. “Analysis” パラメータ画面で、サンプル解析に使用するリファレンスマーカーテーブルを選択します。

表示されていない場合、“View” メニューを使用して (メニュー項目 “View” / “Show Analysis Parameters” を選択)、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。



注：新規のリファレンスマーカーをステップ 2 で作成した場合、そのマーカーが既に選択されています。ステップ 6 に進みます。

“Reference Marker” の “Reference Marker Table” に印を付け、以前保存したリファレンスマーカーを選択します。“Reference Marker” の詳細は、コンボボックスの下に表示されます。“Reference Marker Table” ドロップダウンリストの右側にある記号の説明については、以下の表を参照してください。

● (緑)	<p>選択したリファレンスマーカーテーブルは完全に対応しています。</p> <p>つまり、リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、サンプルと同じカートリッジとメソッドを使用して、2 か月以内に処理されました。</p>
● (黄)	<p>リファレンスマーカーテーブルに使用したサイズマーカーは、サンプルと同じカートリッジとメソッドを使用して、2 か月以上前に処理されました。</p>
● (赤)	<p>リファレンスマーカーテーブルは、サンプルと同じメソッドで処理されましたが、別のカートリッジを使用しました。</p>
● (灰色)	<p>リファレンスマーカーテーブルは、サンプルに対応していません。こうした状況は、リファレンスマーカーが、サンプルのカートリッジの種類やメソッド、alignment marker に一致しない場合に発生します。</p>

注：互換性を確保するため、“Reference Marker” ドロップダウンリストには、選択したサンプルの alignment marker に適合するリファレンスマーカーテーブルのみが含まれています。互換性のあるリファレンスマーカーテーブルがない場合には、ドロップダウンリストは無効とマークされ空白となります。この場合、必要に応じサンプルの alignment marker をチェックするか（alignment marker のチェック [123 ページ、2.4.5.4 章] を参照）、新規のリファレンスマーカーを作成します（RNA リファレンスマーカーの作成 [下記の 2.4.4.2 章] を参照）。

注：RNA モードでは、“Analysis Properties” は、リファレンスマーカー作成でサイズマーカーのサンプルの解析にのみ影響を与えます。その他のすべてのサンプルは、パラメータを固定した特別の RNA アルゴリズムを使用して解析されます。

6. “Start Analysis” ボタンをクリックして解析を開始します。解析された各サンプルについては、結果は result テーブルと “Single Electropherogram View” に表示されます。result テーブルの詳細については、76 ページの 2.4.2.4 章を参照してください。
7. 解析されたすべてのサンプルのフラグメントを検出可能であったことを確認します。確認するには、“Gel Image” または “Electropherogram overview” の下にある result テーブルを表示します。詳細については、71 ページの 2.4.2 章と 76 ページの 2.4.2.4 章をそれぞれ参照してください。





注：alignment marker のピークと 18S ピーク、28S ピークは、リファレンスマーカーで定義された予想（相対）時間値と許容値を使用して検出されます。サンプルによっては、RNA サンプルが一部劣化しており、28S/18S 比を計算できない場合などでは、すべてのピークが特定できない場合があります。この問題の解決方法については、119 ページの 2.4.4.3 章を参照してください。

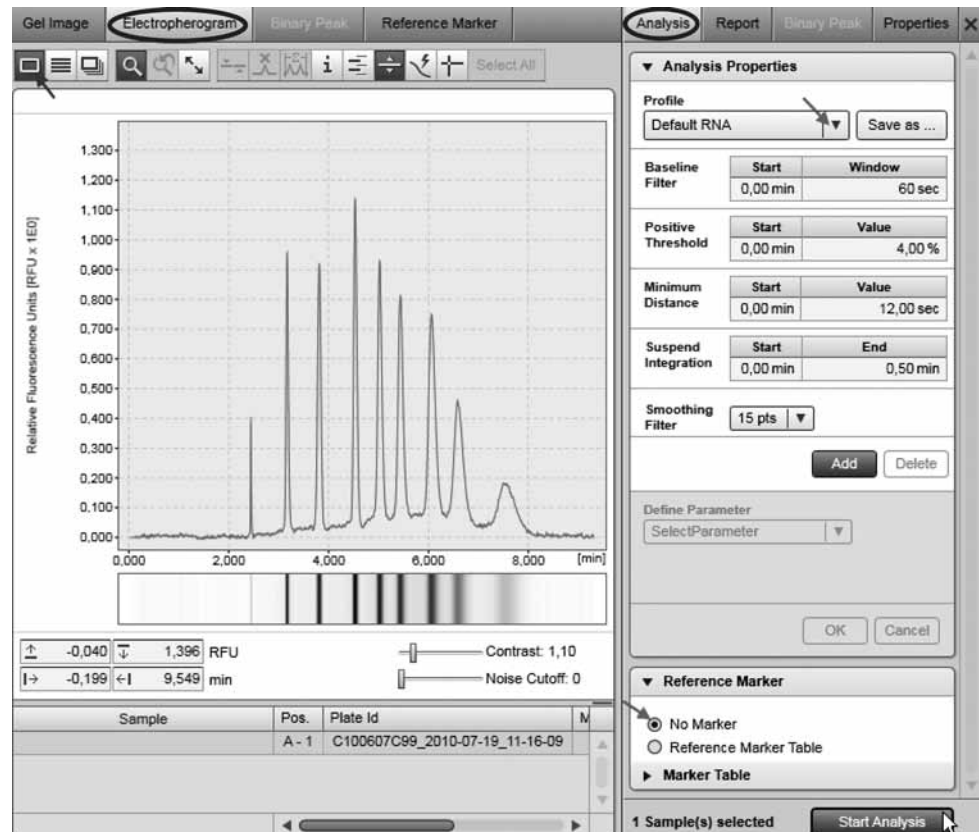
8. “Experiment Explorer” にある “Save” ボタンをクリックして、解析結果を保存します。

2.4.4.2 RNA リファレンスマーカーの作成

新規リファレンスマーカーテーブルを作成するには、ピーク時間と面積のある、解析済みのサイズマーカーが必要です。リファレンスマーカーは、サイズマーカーのサンプルのピークとサイズマーカーテーブル（alignment marker を含む）を一致させて作成します。

次のように手順を進めます。

1. “Experiment Explorer” で、サイズマーカーを含むサンプルを選択します。“Size Marker” とフラグがついていない場合（すなわち記号が  あるいは  ）、右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Size Marker” オプションを選択してフラグをつけます。アイコンが  あるいは  に変わります。



デフォルトのパラメータを使用してサイズマーカーサンプルを解析

2. サイズマーカーサンプルを、“Single Electropherogram View” で開きます。
3. “Analysis” パラメータ画面の “Analysis Properties” パネルで、解析プロファイルを選択します。デフォルトのパラメータでは、“Default RNA” プロファイルまたは “New Analysis Profile” を使用します。

表示されていない場合、“View” メニューを使用して（メニュー項目 “View” / “Show Analysis Parameters” を選択）、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。

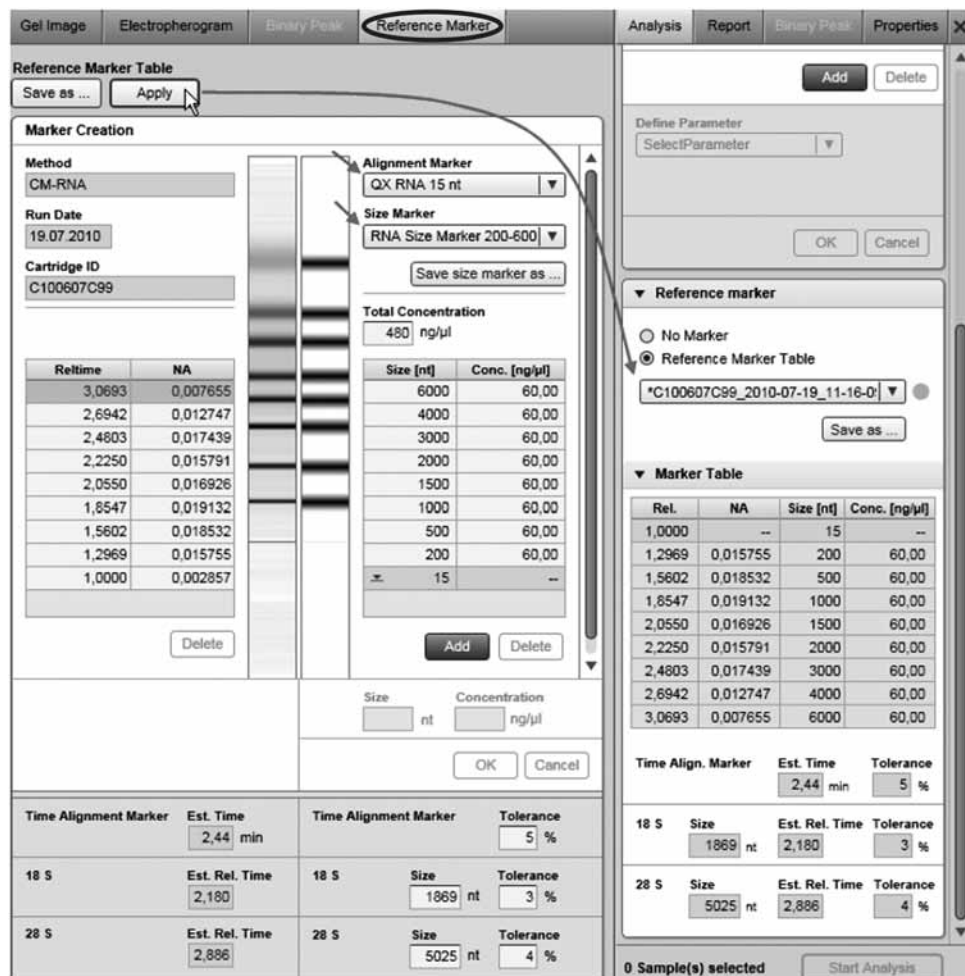


4. “Reference Marker” で、“No Marker” を選択します。
5. “Start Analysis” ボタンをクリックして解析を開始します。解析の結果は、マークされたピークのあるサンプルとなります。
6. 正しいピークが検出されたことを確認します。121 ページの 2.4.5 章にあるとおりに “Insert/Delete Peak” オプションを使用するか、解析パラメータを変更してサイズマーカーサンプルを再解析します。解析パラメータの詳細については、100 ページの 2.4.3.2 章を参照してください。

注：サイズマーカーのピーク（多くの場合最後）が、ベースラインが上がったことで（それにより閾値のラインが上昇）検出されない場合、ベースラインをほぼフラットにするには、“Baseline Filter” の “Window” パラメータを増やします。ピークのショルダーで追加のピークが誤って検出された場合、“Delete Peak” オプションを使用してこのピークを削除します。

7. “Reference Marker” 画面に切り替えます。サイズマーカーサンプルのピークテーブル (“Reltime” と “NA” 列のある) が、画面の左側に表示されます。

注：サイズマーカーを “Experiment Explorer” で選択していない、または選択したサイズマーカーサンプルを解析していない場合には画面は空となります。この場合、上記のステップをまず繰り返します。



リファレンスマーカーの作成

8. “Reference Marker” 画面で、alignment marker と、サイズマーカーサンプルで使用したサイズマーカーを選択します。

サンプルゲル表示 (左側) と理論的なりファレンスマーカーゲル表示 (右側) の比較が、画面中央に表示されます。

注：新規サイズマーカーの作成は、新規サイズマーカーテーブルの作成 (106 ページ、2.4.3.5 章) に記載されています。

9. オプションで、“Reference Marker” 画面の下で、alignment marker と 18S/28S フラグメントの検出の許容値を定義します。オプションでフラグメントの予想サイズを変更します。1869 と 5025 nt のデフォルト値はヒト RNA を参照しており、その他の種では変更が可能です。バクテリア 16S や 23S rRNA など、rRNA のサイズが非常に異なる種では、変更の必要があります。

注：予想時間値 (alignment marker について) や予想相対時間値 (18S/28S フラグメントについて) は、サンプルのピークを使用してサンプル解析中に変更できます。

10. サイズマーカーサンプルのピーク数がリファレンスマーカーのピーク数（2つの alignment marker のピークとサイズマーカーのピークとの和）と一致する場合、リファレンスマーカーをサンプル解析に使用できます。作成したリファレンスマーカーを、“Analysis”パラメータ画面の“Reference Marker”部分にコピーするには、“Reference Marker”画面の上部にある“Apply”ボタンをクリックします。

オプションで、以後の実験の解析にこのリファレンスマーカーテーブルを使用する場合には、画面の上部にある“Save as...”ボタンを使用してリファレンスマーカーを保存します。

注：リファレンスマーカーが無効、すなわち左側と右側のピークの数不一致の場合、“Apply”および“Save as...”ボタンは無効となり、警告が画面の上部に表示されます。

サイズマーカーサンプルで予想以上のピークが検出された場合、サイズマーカーサンプルピークテーブル（“ReTime”と“NA”のある）の下にある“Delete”ボタンを使用して、ピークを削除できます。削除しない場合、“Single Electropherogram View”に戻り、ステップ6からのステップを繰り返します。

11. サイズマーカーサンプルの解析結果を記録するには、実験ファイルを保存します。

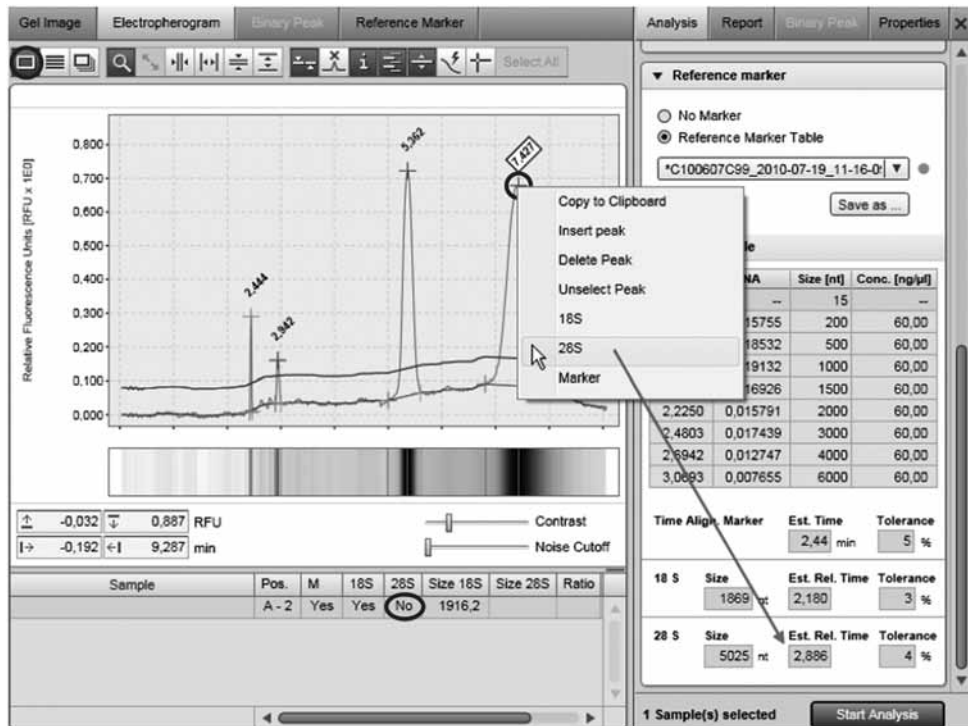
サンプル解析を続けるには、RNAの解析手順（113ページ、2.4.4.1章）のステップ3を参照してください。

2.4.4.3 RNA 解析の手作業での修正

alignment marker ピークの検出の予想時間値と、リファレンスマーカーの18S/28Sフラグメントの予想相対時間値は、“Single Electropherogram View”のコンテキストメニューを使用して、サンプルに基づき調整できます。

次のように手順を進めます。

1. “Experiment Explorer”で、使用するサンプルをクリックします。
2. “Single Electropherogram View”に切り替えます。

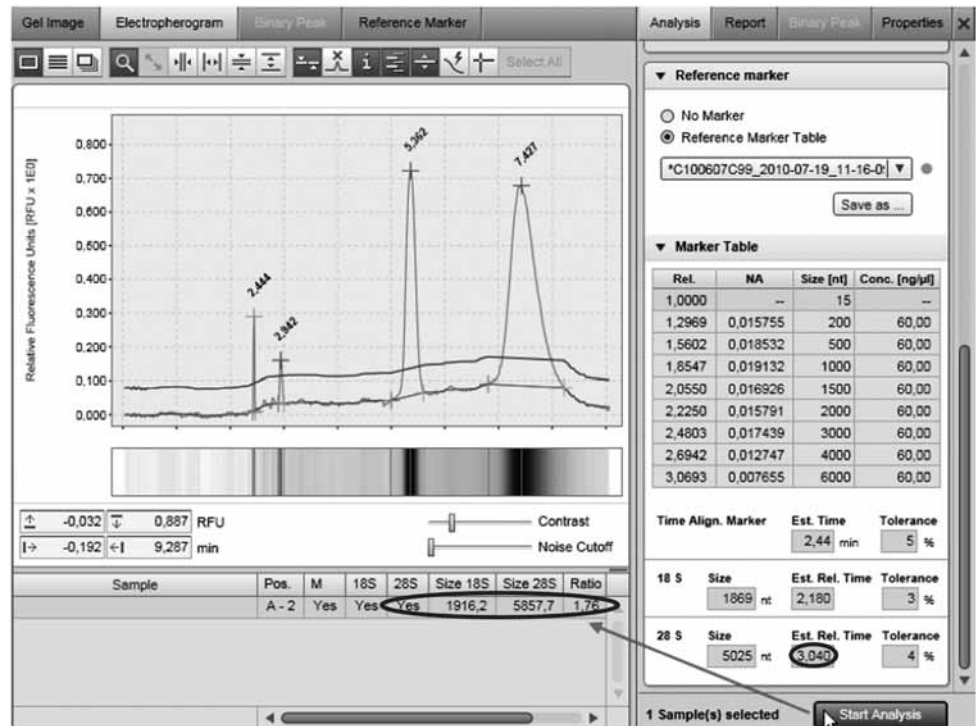


28S フラグメントの予想相対時間を修正します

3. エレクトロフェログラムで、予想（相対）時間値を更新するピークを右クリックします。表示されるコンテキストメニューで、“18S” または “28S”、“Marker” をそれぞれ選択します。リファレンスマーカーの対応する予想（相対）時間値が、選択したピークの（相対）時間で更新されます。更新する予想（相対）時間値すべてについて、このステップを繰り返します。

注：以後の実験の解析に更新したリファレンスマーカーを使用する場合、“Analysis” パラメータ画面の “Reference Marker” にある “Save as...” ボタンをクリックして、マーカーをもう一度保存します。

4. このサンプルの result テーブルを更新するには、“Start Analysis” ボタンをクリックして再度解析を行ないます。



28S フラグメントの修正した予想相対時間を使用して再解析したサンプル

すべてのサンプルの result テーブルを更新するには、“Gel Image” または “Electropherogram overview” に切り替えます。表示で更新するサンプルを選択します。“Start Analysis” ボタンをクリックして、再度解析を行ないます。選択したサンプルの結果列が更新されます。

2.4.5 解析結果を手作業で変更

QIAxcel ScreenGel Software のアルゴリズムは、データを完全に自動解析します。ユーザーは、解析パラメータを通じてのみ、自動化された解析に影響を及ぼすことができます。

解析後、ユーザーは結果を変更できます。

2.4.5.1 ピークの削除

ピークを削除：

1. “Electropherogram Single View” に切り替えます。
2. エレクトロフェログラムのピークの頂点を右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Delete Peak” を選択します。ピークが削除されます。

注：新規解析の後、解析パラメータによっては、ピークを再び検知できます。再び削除するには、上記のステップを繰り返します。

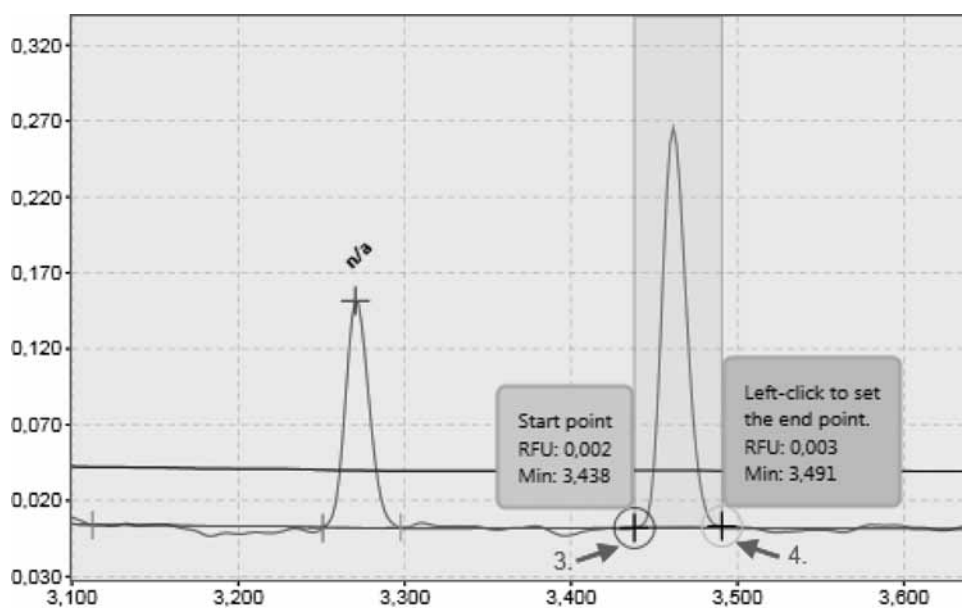
注：ピークの削除は、“Basic User” および “Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーのみが実行できます。

2.4.5.2 ピークの追加

ピークの追加は、“Electropherogram Single View” でのみ可能です。

ピークを追加する：

1. “Electropherogram Single View” に切り替えます。
2. エレクトロフェログラムを右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Insert Peak” を選択します。
3. マウスを動かしている間、シグナルとともに動くマーカーが表示されます。マーカーを、追加するピークの左の境界に移動します。左クリックして、左側の境界を設定します。
4. 次に、左クリックして追加するピークの右側の境界を設定します。ピークがマークされたエリアにある場合、ピークが result テーブルに追加され、表示が更新されます。



ピークエリアの指定

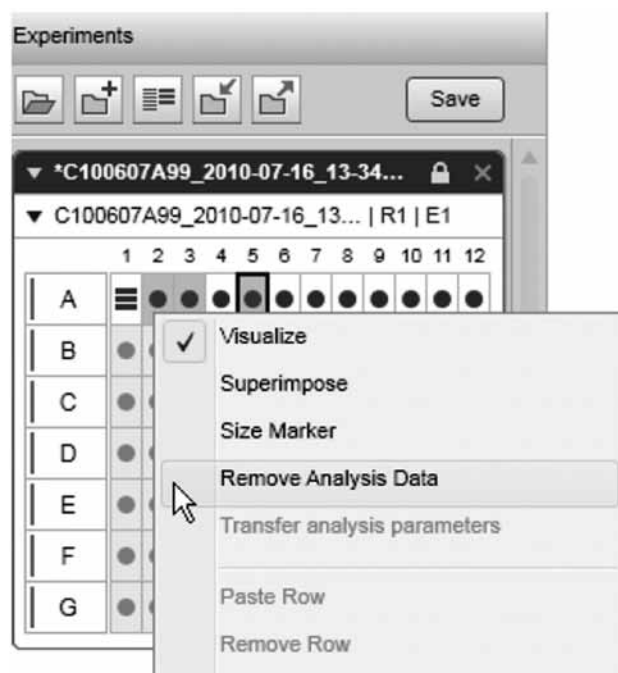
注：ピークの追加は、“Basic User” および “Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーのみが実行できます。

2.4.5.3 解析結果の削除

解析結果のサンプルからの削除は、“Experiment Explorer” を使用しないとできません。

解析結果をサンプルから削除する：

1. “Experiment Explorer” でサンプルを選択します。複数のサンプルの選択方法については、67 ページの 2.4.1.3 章を参照してください。
2. 選択を右クリックして、表示されるコンテキストメニューから “Remove Analysis Data” を選択します。



A2 および A3、A5 の解析結果を削除

これらのサンプルの result テーブルが空になります。ゲル画像とエレクトロフェログラム表示のサンプルの提示が更新されます。すべてのピークの表示とベースライン、閾値ラインが消えます。

注：“Basic User” と “Advanced User” の権限を割り当てられたユーザーしか、解析結果を削除できません。

2.4.5.4 alignment marker のチェック

サンプルの alignment marker をチェックする：

1. “Experiment Explorer” でサンプルを選択します。
2. “Analysis Instructions” パネルで、“Analysis” 環境の右側にサンプル特性を表示します。特性の表示方法の詳細については、サンプルプロパティ（93 ページ、2.4.2.9 章）を参照してください。
3. サンプルの alignment marker が正しいかどうかチェックします。

正しくない場合、プレートの alignment marker は変更できます。“Experiment Explorer” で、プレート名を右クリックします。コンテキストメニューのオプション “Overwrite alignment marker” を選択します。表示される “Overwrite Marker” ダイアログボックスで正しい alignment marker を選択し、“OK” をクリックして確認します。

注：解析の互換性を確保するため、リファレンスマーカーのドロップダウンリストには、サンプルの alignment marker に適合するリファレンスマーカーテーブルのみが含まれています。

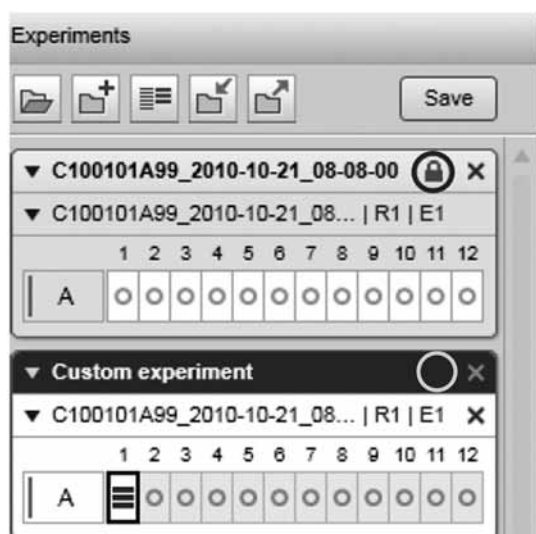
2.4.6 実験ファイルのカスタマイズ

実験ファイルはすべてのプロセスの結果として自動的に作成されるため、ユーザーがカスタマイズした実験ファイルを作成できます。これにより、異なるプロセスからのサンプルも比較できるようになります。

注：カスタマイズした実験ファイルの作成と変更には、“Advanced User” 権限が必要です。

カスタマイズした実験ファイルには、単一の列や列のグループ、プレートが含まれる場合がありますが、実験ファイル内ではすべての列はプレートにグループ化されます。列やプレートを実験ファイルに追加する度に、そのコピーが作成されます。つまり、列/プレートのもととなる元の実験ファイルは、コピー先の実験ファイルを変更しても影響は受けません。

注：カスタマイズした実験ファイルの内容のみを変更できます。プロセスから自動的に生成される実験ファイルの内容は変更できません。（下図を参照。）




ラン結果には鍵の印が付きます。カスタムの実験ファイルには印が付きません。

実験ファイルの取り扱いと“Experiment Explorer”の一般情報については、64 ページの 2.4.1 章を参照してください。

2.4.6.1 新規実験ファイルの作成

カスタマイズした新規実験ファイルを作成：

1. “Experiment Explorer” の上部を  クリックします。
2. 新規実験ファイルの名前を、表示されるダイアログボックスの編集フィールドに入力し、“OK” をクリックします。

重要：ファイル名は、後で変更できません。

3. 新規の空白の実験ファイルが、“Experiment Explorer” で、下に作成、表示されます。

新規の実験ファイルが表示の範囲外にある場合、“Experiment Explorer” のスクロールバーを使用します。新規の実験ファイルは自動的に有効になります。以前の有効な実験ファイルが変更された場合、変更を保存するかどうか尋ねられます。有効化と無効化の詳細については、68 ページの 2.4.1.5 章を参照してください。

新規実験ファイルのサンプル収集の方法は、125 ページの 2.4.6.2 章を参照してください。

注：プロセスで自動的に生成される実験とは対照的に、この実験ファイルの内容はいつでも変更できます。

注：新規の実験ファイルは、“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーしか作成できません。

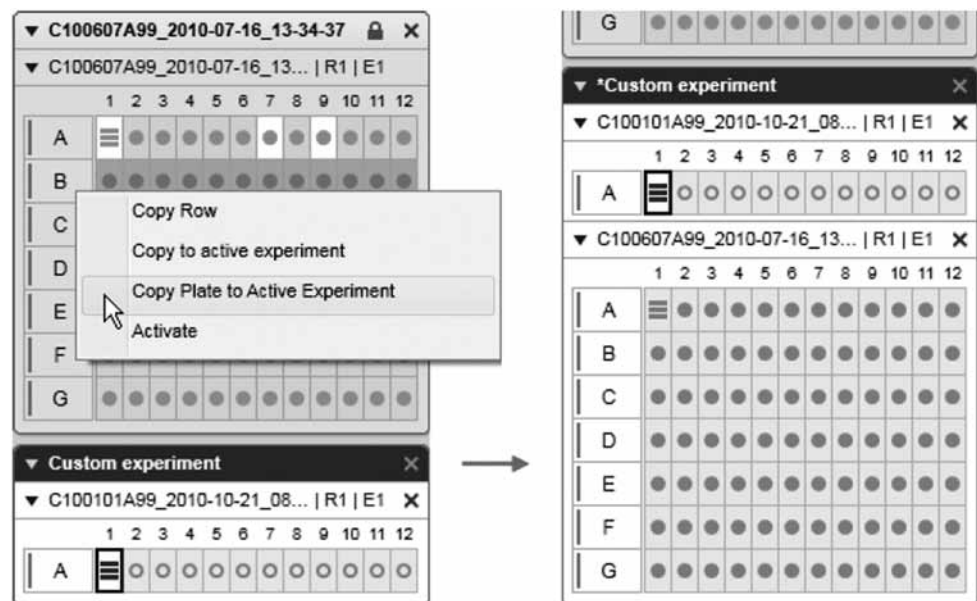
2.4.6.2 実験ファイルの変更

カスタマイズした実験ファイルを変更する場合、有効なことを確認します。実験ファイルを有効にするための詳細については、68 ページの 2.4.1.5 章を参照してください。

注：カスタマイズした実験ファイルの内容のみを変更できます。プロセスで自動的に生成される実験ファイルの内容は変更できないため、上述のコンテキストメニューオプションは無効となります。

実験ファイルを変更する：

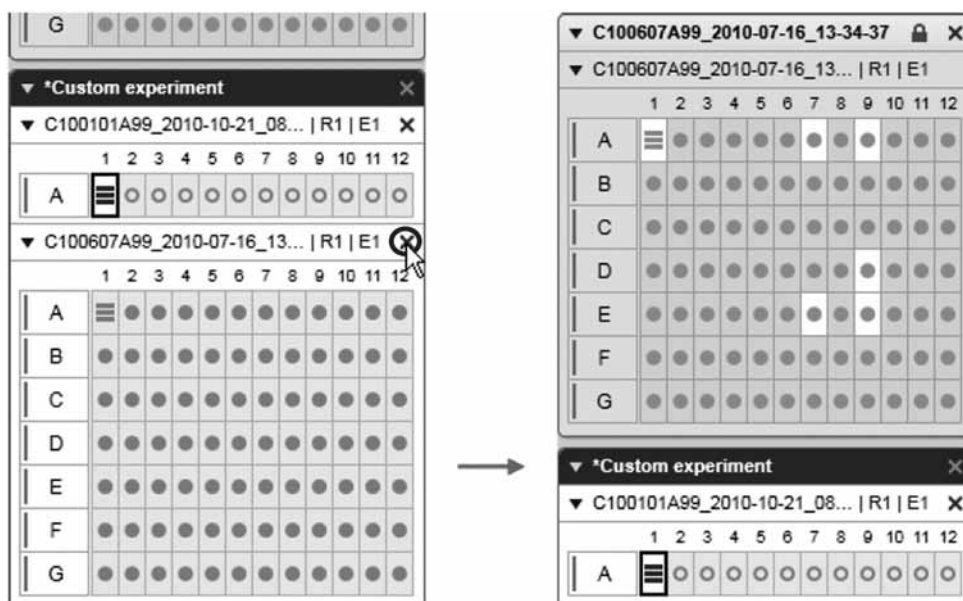
1. “Experiment Explorer” で、カスタマイズする実験ファイルを有効にします。
 2. サンプルを含む実験ファイルをロードします。変更する実験ファイルは有効のままです。ロードの詳細については、66 ページの 2.4.1.2 章を参照してください。
 3. ロードされた実験ファイルを拡大すると、必要なプレートと列が見えるようになります。有効化しなくても、実験ファイルは拡大できます。拡大の詳細については、68 ページの 2.4.1.4 章を参照してください。
 4. 必要に応じて実験ファイルを変更する。
- プレートを有効な実験ファイルに追加するには、追加するプレートを右クリックして、コンテキストメニューオプション “Copy Plate to Active Experiment” を選択します。プレートのコピーが作成され、下にある有効な実験ファイルに追加されます。



プレートを有効な実験ファイルに追加

注：プレート全体が実験ファイルにコピーされますが、もとのプレートには変更はありません。よって、このプレートを有効な実験ファイルで変更しても、もとのプレートには影響はありません。

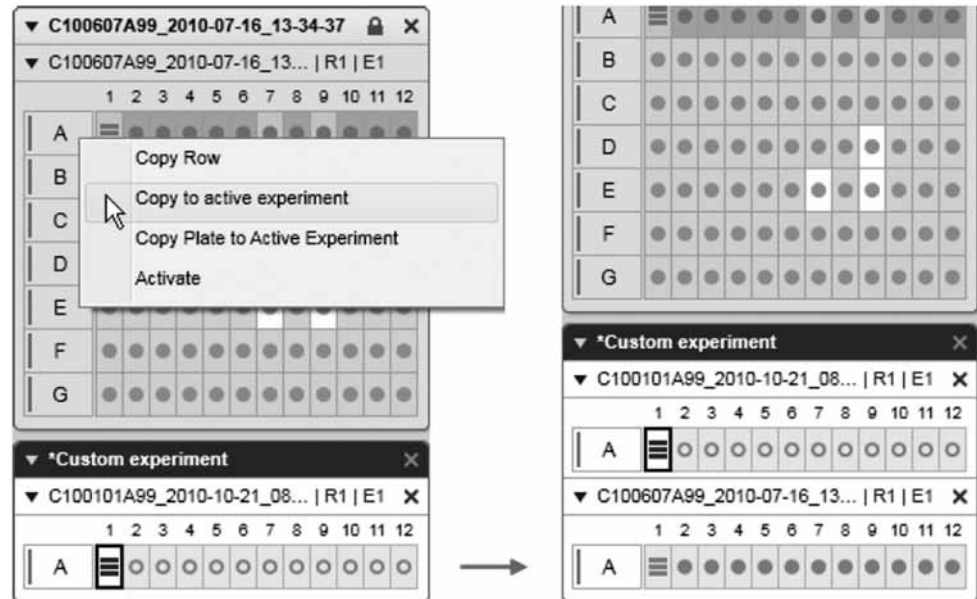
- 有効な実験ファイルからプレートを削除するには、プレートの “Close” ボタンをクリックします。プレートが実験ファイルから消えます。



プレートの有効な実験ファイルから削除

注：このプレートは、有効な実験ファイルからしか削除されず、もとのプレートには変更はありません。

- 列の追加は、プレートの追加と同じです。マウスのカーソルを列の上に置き、有効な実験ファイルに追加し、メニュー項目“Copy to Active Experiment”を選択します。
列のコンテキストを保つため、プレートのコピーが作成され、選択した列のコピーを含む有効な実験ファイルに追加されます。同じプレートから有効な実験ファイルに別の列を追加すると、その列のコピーが作成され、有効な実験ファイル内のプレートのコピーに追加されます。
同じプレートの複数の列を、“Shift”キーまたは“Ctrl”キーを押したまま選択して、同様に追加できます。



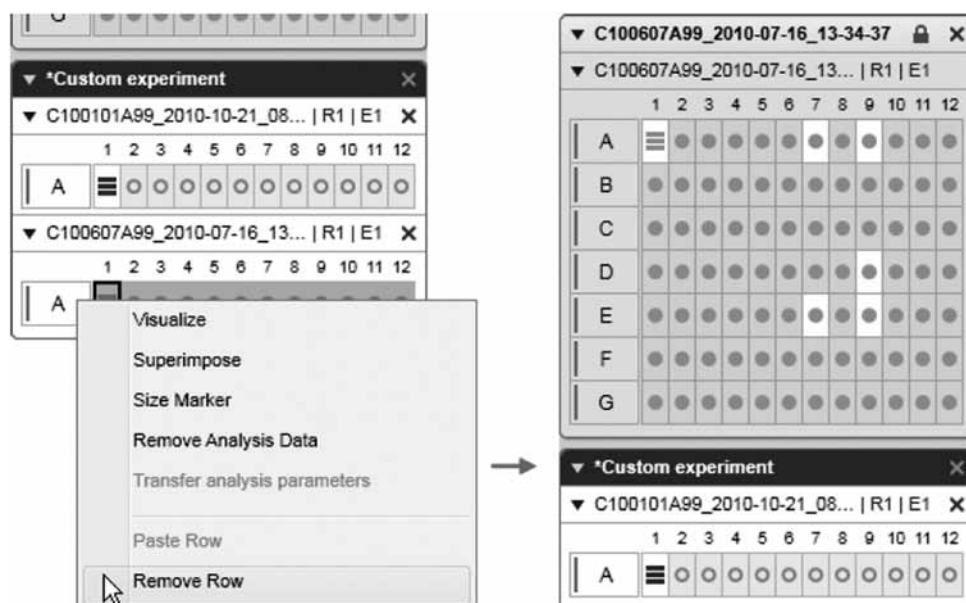
列を有効な実験ファイルに追加

注：列は、実験ファイルに1回しか置けません。

注：個別のサンプルは、有効な実験ファイルに追加できません。その代わりに列全体を追加し、必要なサンプルのみを視覚化します。

列を追加する別の方法としては、列をコピーしてから有効な実験ファイルに貼り付けます。それには、追加する列を右クリックして、コンテキストメニューオプション“Copy Row”を選択します。その後、有効な実験ファイルを右クリックして、コンテキストメニューからオプション“Paste Row”を選択します。列が上記のように有効な実験ファイルにコピーされます。

- 列を有効な実験ファイルから削除するには、列の文字を右クリックして、コンテキストメニューからオプション“Remove Row”を選択します。列が、有効な実験ファイルから削除されます。列がプレートの最終列の場合、プレートも削除されます。



有効な実験ファイルからプレートの最終列を削除

2.4.7 レポート／エクスポート

Analysis 環境には、レポート作成（RTF または PDF 形式）およびデータエクスポート（XML 形式）のための柔軟で強力なツールが備えられています。

再設定を簡単にするため、対応するレポートとエクスポートと一緒にレポート／エクスポートプロファイルに保存できます。よって、レポート／エクスポートプロファイルのプロセスプロファイルに含めることで、レポート作成とデータのエクスポートを統合して完全に自動化されたプロセスを作成できます。

どの情報をレポートとエクスポートに含めるかを個別に指定できます。レポートファイルとエクスポートファイルは、必要に応じカスタマイズできます。

各レポート／エクスポートには、次の 2 つの主要なセクションが含まれます。

- ゲルの概要など、すべてのサンプルについての情報の概要のセクション
- 各サンプルの詳細についてのサンプル情報のセクション

サンプル情報のセクションでは、各サンプルに関連する情報が、下位のセクションでグループ化された各サンプルにつき報告されます。

- サンプルのヘッダー
- サンプルのマップ
- Result テーブル
- ランパラメータ
- 解析結果
- リファレンスマーカー


サンプルの順序は、表示と同じです。

レポートとエクスポートのカスタマイズの詳細については、130 ページの 2.4.7.3 章を参照してください。

2.4.7.1 レポートの生成

“Analysis”環境でレポートを手作業で生成する基本的な手順は、次のとおりです。

1. “Experiment Explorer”を使用してサンプルをロードします。
サンプルデータのロードの詳細については、66 ページの 2.4.1.2 章を参照してください。
2. レポート作成前に、サンプルを解析します。
データ解析の詳細については、71 ページの 2.4.2 章を参照してください。このステップでは、“Gel View”や“Electropherogram overview”が特に有用です。
3. レポートを作成するサンプルを選択します。
ここでは、“Experiment Explorer”での選択ではなく、表示内の選択が関連しています。サンプルの選択は、表示やレポートでのサンプル数により異なります。

表示	単一のサンプルを選択	複数のサンプルを選択
Gel Image	サンプルのゲルレーンのヘッダーをクリックして単一のサンプルを選択します。“Experiment Explorer”での解析向けにサンプルを選択することは、この環境ではできません。	複数サンプルの選択は、“Shift”キーまたは“Ctrl”キーを使用して（Windows Explorer 同様に）ゲルレーンのヘッダーをクリックして実行できます。 または、ツールバーで“Select All”キー  をクリックして、視覚化されたすべてのゲルレーンを選択できます。
Single Electropherogram	“Experiment Explorer”で単一のサンプルを選択します。この表示では、視覚化されたサンプルを解析します。	この表示では利用できません。
Electropherogram Overview	サンプルのエレクトロフェログラムをクリックして、単一のサンプルを選択します。“Experiment Explorer”での解析向けにサンプルを選択することは、この環境ではできません。	複数サンプルの選択は、“Shift”キーまたは“Ctrl”キーを使用して（Windows Explorer 同様に）エレクトロフェログラムをクリックして実行できます。 または、ツールバーで“Select All”キー  をクリックして、視覚化されたすべてのゲルレーンを選択できます。
Electropherogram Superposition	この表示では利用できません。	この表示では利用できません。

4. レポート設定を選択し、レポート作成を開始します。
Analysis 環境の右側に、レポートツールバーがあります。
表示されていない場合、“View”メニューを使用して（メニュー項目“View”／“Show Analysis Parameters”を選択）、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。



“Report” タブを選択します。



“Report” タブ

既定のレポート／エクスポートプロファイルを選択します。選択したプロファイルのレポート設定が、ドロップダウンリストの下に表示されます。詳細については、下記の 2.4.7.3 章を参照してください。

レポート形式 “PDF” または “RTF” が 1 つ以上選択されていることを確認します。選択されていない場合、その他の既定のレポート／エクスポートプロファイルを選択します。（“Advanced User” 権限を割り当てられたユーザーは、希望に応じ設定を変更できます。）

“Report” タブをクリック  して、レポート作成を開始します。

注：サンプルが表示で選択されていない場合、ボタン “Start Report/Export” は無効になります（ステップ 3 を参照）。

レポートファイルが自動的に生成され、指定されたディレクトリに保存されます（レポートディレクトリの指定方法については、154 ページの 2.6.1 章を参照）。

“Print report” オプションを選択している場合には、レポートがデフォルトのプリンタで印刷されます。

注：デフォルトのプリンタがシステムにあることを確認します。

5. レポートファイルを確認します。

オプション “Display Report” と “PDF” を選択している場合、生成されたレポートはデフォルトの PDF リーダーで自動的に開きます。

2.4.7.2 データのエクスポート

データをエクスポートするには、129 ページの 2.4.7.1 章に記載された手順に従います。

注：エクスポートオプション（131 ページ、2.4.7.4 章）を 1 つ以上レポート／エクスポートプロファイルで選択していることを確認します。

注：生成されたエクスポートファイルは、設定で指定された “Export” ディレクトリに自動的に保存されます。このディレクトリの設定方法については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。

2.4.7.3 レポート／エクスポートプロファイルの変更

注：“Advanced User” の権限を割り当てられたユーザーしか、レポート／エクスポートプロファイルを変更できません。

レポート／エクスポートプロファイルを変更するには、次の手順に従います。

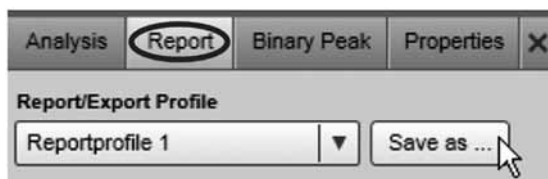
1. “Report” タブを開きます。

表示されていない場合、“View” メニューを使用して（メニュー項目 “View” / “Show Analysis Parameters” を選択）、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。



“Report” タブを選択します。

2. 変更するレポート/エクスポートプロファイルを選択します。
“Report/Export Profile” ドロップダウンリストで、レポート/エクスポートプロファイルを選択します。
3. 必要に応じてプロファイルオプションを変更します。
詳細については、下記の 2.4.7.4 章を参照してください。
注：プロファイルが変更されると、プロファイル名の最初に “*” が表示されます。
4. 変更したレポート/エクスポートプロファイルを保存します。
“Save as...” ボタンをクリックします。表示される “Save Profile” ダイアログボックスで、“OK” をクリックします。



レポート/エクスポートプロファイルを保存

注：変更したレポート/エクスポートオプションを一度しか使用しない場合、変更を保存せずに “Start Report/Export” をクリックします。ただし、別のレポート/エクスポートプロファイルを選択すると、変更は失われます。

注：QIAGEN が提供したレポートプロファイルは変更できません。ただし、変更を保存するには、新しいプロファイル名を “Save Profile” ダイアログボックスに入力します。変更を含む新しいプロファイルが作成されます。

2.4.7.4 レポート/エクスポートオプション

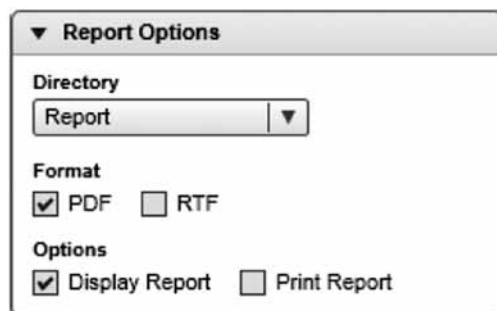
レポート/エクスポート設定は、次の 3 つのグループに分かれます。

- レポートディレクトリやレポート書式など、一般的なオプションを含む “Report options”
- エクスポートオプションや公開設定を含む “Export Options”
- どの実験やサンプル情報をレポート/エクスポートする必要があるかを指定する、“Content Selection”

注：グループ名の左側にある ▼ および ► をクリックして、各グループを縮小および展開できます。

“Report Options”

ディレクトリや書式、生成方法など、レポート生成の一般的なオプションを指定します。



“Report Options”

オプション	詳細
Directory	生成したレポートを保存するディレクトリを選択します。設定でディレクトリを設定を調整できます。詳細については、154 ページの 2.6.1 章を参照してください。
PDF	PDF 形式のファイルが生成されます。
RTF	RTF 形式のファイルが生成されます。両方の形式を選択できます。
Display Report	このオプションを選択し、オプション “PDF” を選択すると、生成されたレポートは、デフォルトの PDF リーダーを使用して自動的に表示されます。
Print Report	このオプションを選択すると、生成されたレポートファイルは、デフォルトのプリンタに自動的に送信されます。 注：デフォルトのプリンタがシステムにあることを確認します。

“Export Options”

形式や公開設定など、データエクスポートの一般的なオプションを指定します。

“Export Options”

形式オプション	詳細
XML	このオプションを選択すると、エクスポートファイルが XML 形式で生成されます。
BioCal 3.2	このオプションを選択すると、エクスポートファイルが “BioCalculator 3.2” 形式で生成されます。

注：サンプルを解析すると、解析結果がエクスポートされます。

生データオプション	詳細
XML	このオプションを選択すると、エレクトロフェログラムの生データが、XML 形式でエクスポートされます。
CSV	このオプションを選択すると、エレクトロフェログラムの生データが、CSV 形式でエクスポートされます。

公開オプション	詳細
Separate Image Files	このオプションを選択すると、エクスポートする各画像につき個別のファイルが生成されます。高解像度が必要な公開目的に推奨されます。
File Type	画像ファイルの種類を選択します。
Resolution	画像ファイルの解像度を選択します。選択可能な解像度は、75 dpi (1 インチあたりのドット数) および 150 dpi、300 dpi、600 dpi です。

“Content Selection”



“Content Selection”

コンテンツオプション 詳細

Overview レポート/エクスポートに、概要のセクションが含まれます。

Sample Information レポート/エクスポートに、概要のセクションが含まれます。

注：レポート/エクスポートプロファイルは、“Content Selection” で 1 つ以上のチェックボックス (“Overview” または “Sample Information”) が選択されている場合にのみ適用されます。

“Overview” のセクション

次の情報が自動的に含まれます。

概要情報 詳細

Report Date レポート生成日時です。

Experiment Name サンプルデータの属する実験の名前。

Cartridge ID サンプルを処理したカートリッジの ID。

Calibration Status 処理時のカートリッジのキャリブレーションのステータス。

概要のセクションに含める次のオプション情報を選択します。

▼ Content Selection

Overview

R	E	Optional Fields
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Experiment Plate Comment
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Reported by
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Electropherogram Overview
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Binary Peak Result Table
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Gel Overview...

Sample Information

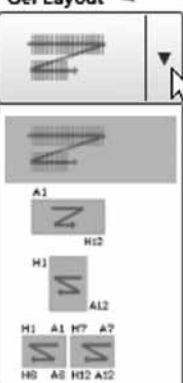
オプションの概要情報

▼ Content Selection

Overview

R	E	Optional Fields
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Experiment Plate Comment
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Reported by
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Electropherogram Overview
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Binary Peak Result Table
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Gel Overview...

Gel Layout



Lanes per Row 08 ▼

Individual Scaling

“Gel Overview” の特別オプション

▼ Content Selection

Overview

R	E	Optional Fields
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Experiment Plate Comment
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Reported by
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Electropherogram Overview
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Binary Peak Result Table
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Gel Overview...

Electropherograms per Page 4 ▼

Sample Information

“Electropherogram overview” の特別オプション

注: レポートに情報を含めるには “R” 列を、エクスポートするには “E” 列にチェックを入れます。情報をレポートとエクスポートの両方に含めるには、両方の列にチェックを入れます。

概要オプション

Experiment Plate Comment

Reported by

Electropherogram Overview

詳細

実験プレートのコメント

レポート/エクスポートを生成したユーザーの ID。

このオプションを選択すると、選択したすべてのサンプルのエレクトロフェログラムオーバービューが含まれます。順序は表示と同じです。

Electropherograms 1 ページあたりの “Electropherogram overview” については 1 ページあたりのエレクトロフェログラムの数を指定します。このオプションは、エレクトロフェログラム画像の高さのみ影響を与えます。幅は変わりません。

概要オプション

Gel Overview

詳細

このオプションを選択すると、選択したすべてのサンプルのゲル画像が含まれます。追加オプションが表示され、ゲルのレイアウトを指定します（上の図を参照）。

Standard layout 標準レイアウト 1 行あたりのレーン数を指定します。8 または 12、16、24、32、36、48。レーンは、最初のレイアウト図に示されたとおりに、左から右に印刷されます。レーンの順序は表示と同じです。

レーンの順序を意図的に変更する場合にこのオプションを使用します。

Horizontal plate layout レーンの順序は固定され、左上の A1 から始まり、右下の H12 が最後となります。選択されないサンプルの位置は、空白のままとなります。

Vertical plate layout レーンの順序は固定され、左上の H1 から始まり、右下の A12 が最後となります。選択されないサンプルの位置は、空白のままとなります。

Split plate layout レーンの順序は固定されます。垂直プレートのレイアウトは、最後の図に示されるように分割されます。選択されないサンプルの位置は、空白のままとなります。

Individual Scaling すべてのゲル概要レイアウトに適用されます。各ゲルレーンのコントラストを個別に自動縮尺するには、このオプションを選択します。

Binary Peak Result Table

DNA モードのみです。
Binary peak result テーブルが含まれます。

RNA Result Table

RNA モードのみです。
RNA result テーブルが含まれます。

サンプルセクション

次の情報が、各サンプルにつき自動的に含まれます。

情報	説明	レポートセクション
Experiment Name	サンプルデータの属する実験の名前。	サンプルのヘッダー
Plate ID	サンプルが属するプレートの ID。	サンプルのヘッダー
Position	プレートでのサンプルの位置。	サンプルのヘッダー
Runs per Row	同じサンプルを複数回処理した場合、この数がサンプルデータを処理したランを特定します。	サンプルのヘッダー
Run Date	プロセスを実施した日時。	サンプルのヘッダー
Cartridge ID	サンプルを処理したカートリッジの ID。	ランパラメータ
Cartridge Calibration Status	処理時のカートリッジのキャリブレーションのステータス。	ランパラメータ

サンプルセクションに含めるオプション情報を次のリストから選択します。

<input checked="" type="checkbox"/> Sample Information		
R	E	Optional Fields
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Experiment Plate Comment
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Method Name
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Method Sample Injection Time
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Method Sample Injection Voltage
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Method Separation Time
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Method Separation Voltage
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Rise Time
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Sample Info
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Sample Injection Time
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Separation Time
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Processed by
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Cartridge Expiry Date
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Analysis Parameter
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Electropherogram Single View
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Gel Single View
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Reference Marker Table
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Result Table...
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	Total Concentration

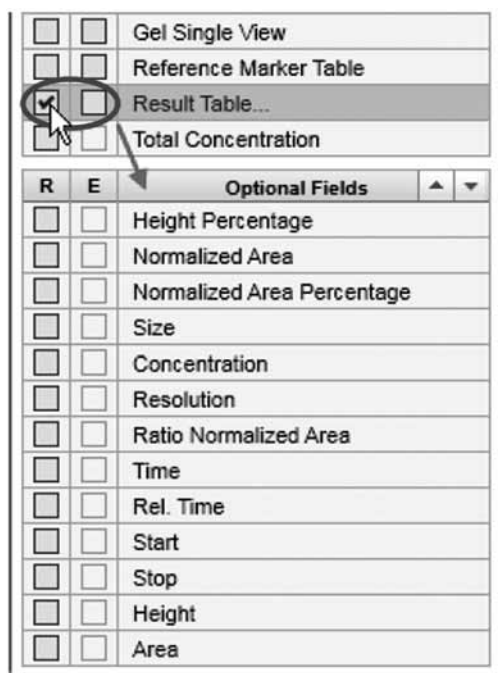
オプションサンプル情報

注: レポートに情報を含めるには "R" 列を、エクスポートするには "E" 列にチェックを入れます。情報をレポートとエクスポートの両方に含めるには、両方の列にチェックを入れます。

オプション	説明	レポートセクション
Experiment Plate Comment	実験プレートのコメント。	サンプルのヘッダー
Method Name	サンプルを処理したメソッドの名前。	サンプルのヘッダー
Method Sample Injection Time	メソッドで定義されたサンプルの注入時間。	サンプルのヘッダー
Method Sample Injection Voltage	メソッドで定義されたサンプルの注入電圧。	サンプルのヘッダー
Method Separation Time	メソッドで定義された分離時間。	サンプルのヘッダー
Method Separation Voltage	メソッドで定義された分離電圧。	サンプルのヘッダー
Rise Time	プロセス時のデータ収集時間の値。	ランパラメータ
Sample Info	サンプル情報。	サンプルのヘッダー
Sample Injection Time	適用されたサンプル注入時間。 注: この時間は、プロセスプロファイルランパラメータで別のサンプル注入時間が指定された場合には、メソッドのサンプル注入時間と異なる場合があります。	サンプルのヘッダー
Separation Time	メソッド実行中に適用された分離時間。 注: この時間は、ユーザーがランの間に分離時間を調整した場合には、メソッドの分離時間と異なる場合があります。	サンプルのヘッダー

Processed by	サンプルを処理したユーザーの ID。	サンプルのヘッダー
Cartridge Expiry Date	サンプルの処理に使用したカートリッジの有効期限。	サンプルのヘッダー
Analysis Parameter	DNA モード： レポート/エクスポートに含まれる、各サンプルに適用される解析パラメータ。 RNA モード： レポート/エクスポートに含まれる、サイズマーカーサンプルに適用される解析パラメータ。	処理解析
Electropherogram Single View	エレクトロフェログラムが含まれます。	サンプル画像
Gel Single View	ゲルレーンが含まれます。 注：“Electropherogram Single View” と “Gel Single View” の両方を選択すると、ゲルレーンがエレクトロフェログラムのすぐ下に表示されます。	サンプル画像
Reference Marker Table	解析の際に使用したリファレンスマーカーテーブルが含まれます。	リファレンスマーカー
RNA Result Row	RNA モードのみです。 このオプションを RNA サンプル向けに選択すると (サイズマーカーのフラグのついたサンプルとしてではなく)、結果行がレポート/エクスポートに含まれます。 結果行は、このサンプルの RNA result テーブルから行を参照します。	RNA 結果列
Result Table	このオプションを選択すると、ピークテーブルがレポート/エクスポートに含まれます。result テーブルをパラメータリストの下で設定するため、次の追加オプションが用意されています。 注：RNA モードでは、result テーブルはサイズマーカーサンプルについてのみ含まれます。 注：このオプションを選択しない場合、追加の設定オプションは表示されません。	Result テーブル
Total Concentration	このオプションを選択すると、すべてのピークの合計濃度が result テーブルに追加されます。 注：このオプションは、オプション “Result Table” を選択した場合にのみ使用できます。	Result テーブル

Result テーブルに含めるオプション情報を次のリストから選択します。




“Result table” オプション

“Result table” オプション

説明

Height Percentage	Result テーブル列に “Height %” を追加します。
Normalized Area	Result テーブル列に “NA” を追加します。
Normalized Area Percentage	Result テーブル列に “NA %” を追加します。
Size	Result テーブル列に “Size [bp]” を追加します。
Concentration	Result テーブル列に “Conc. [ng/μl]” を追加します。
Resolution	Result テーブル列に “Res.” を追加します。
Ratio Normalized Area	Result テーブル列に “Ratio NA” を追加します。
Time	Result テーブル列に “Time” を追加します。
Rel.Time	Result テーブル列に “Rel. Time” を追加します。
Start	Result テーブル列に “Start” を追加します。
Stop	Result テーブル列に “Stop” を追加します。
Height	Result テーブル列に “Height” を追加します。
Area	Result テーブル列に “Area” を追加します。

注：列の詳細については、DNA result 列の章（78 ページ）を参照してください。

注：  ボタンを使用して、result テーブルのフィールド順序を指定し、フィールドの順序を変更できます。

2.4.7.5 新規レポート／エクスポートプロファイルの作成

注：“Advanced User”の権限を割り当てられたユーザーしか、新規レポート／エクスポートプロファイルを作成できません。

レポート／エクスポートプロファイルを作成するには、次の手順に従います。

1. “Report” タブを開きます。

表示されていない場合、“View”メニューを使用して（メニュー項目“View”／“Show Analysis Parameters”を選択）、または表示選択バーの一番右にあるアイコンをクリックして、表示できます。



“Report”タブを選択します。

2. レポート／エクスポートプロファイルを選択します。

“Report/Export Profile”ドロップダウンリストから、プロファイルを選択します。選択したプロファイルが、新規プロファイル作成のテンプレートとなります。

注：レポート／エクスポートプロファイルを最初から作成するには、“NewReport/ExportProfile”を選択します。選択した後、“*NewReport/ExportProfile”が表示されます。

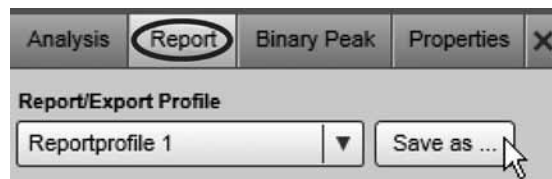
3. 必要に応じてプロファイルオプションを設定します。

レポート／エクスポートの詳細については、131ページの2.4.7.4章を参照してください。

注：プロファイルが変更されると、プロファイル名の最初に“*”が表示されます。

4. 変更したレポート／エクスポートプロファイルを新しい名前で保存します。

“Save as...”ボタンをクリックして、表示される“Save Profile”ダイアログボックスに新しいプロファイル名を入力します。



レポート／エクスポートプロファイルを保存

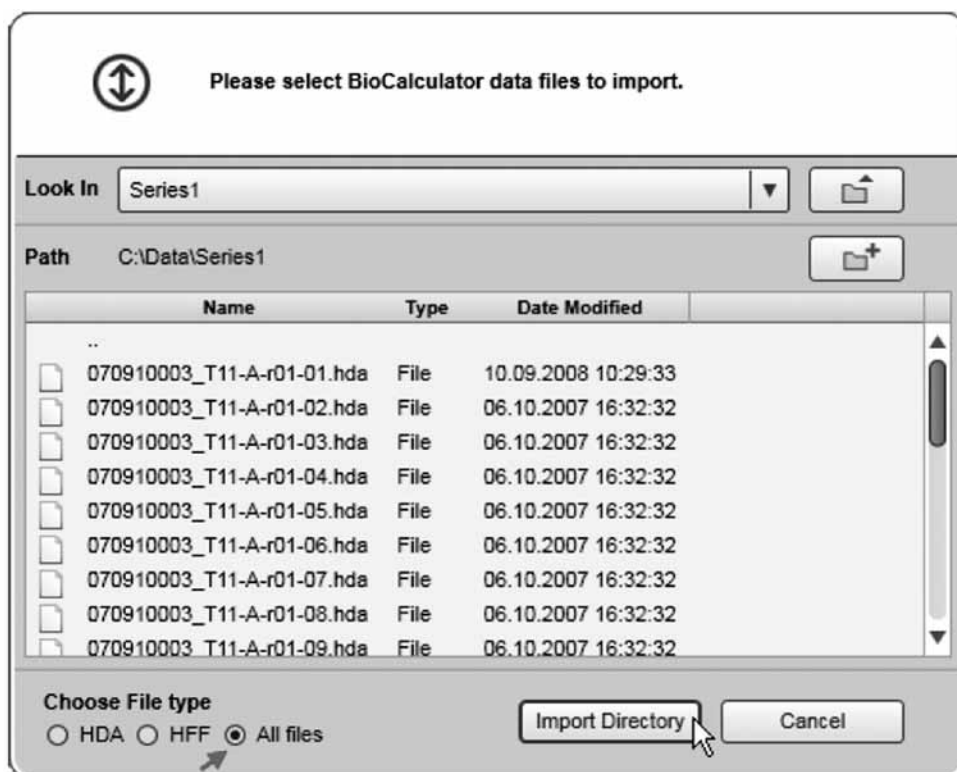
2.4.8 BioCalculator サンプルデータのインポート

QIAXcel ScreenGel Software は、バージョン 3.2.05 以前の BioCalculator ソフトウェアとは異なるファイル形式のサンプルデータを使用します。ただし、古いソフトウェアで取得したデータを、QIAXcel ScreenGel Software にインポートすることができます。

HDA ファイルをインポートする：

1. “Analysis” 環境を開きます。
2. “File” メニューから、“Import BioCalculator Data Files...” を選択します。
3. ファイルをインポートします。

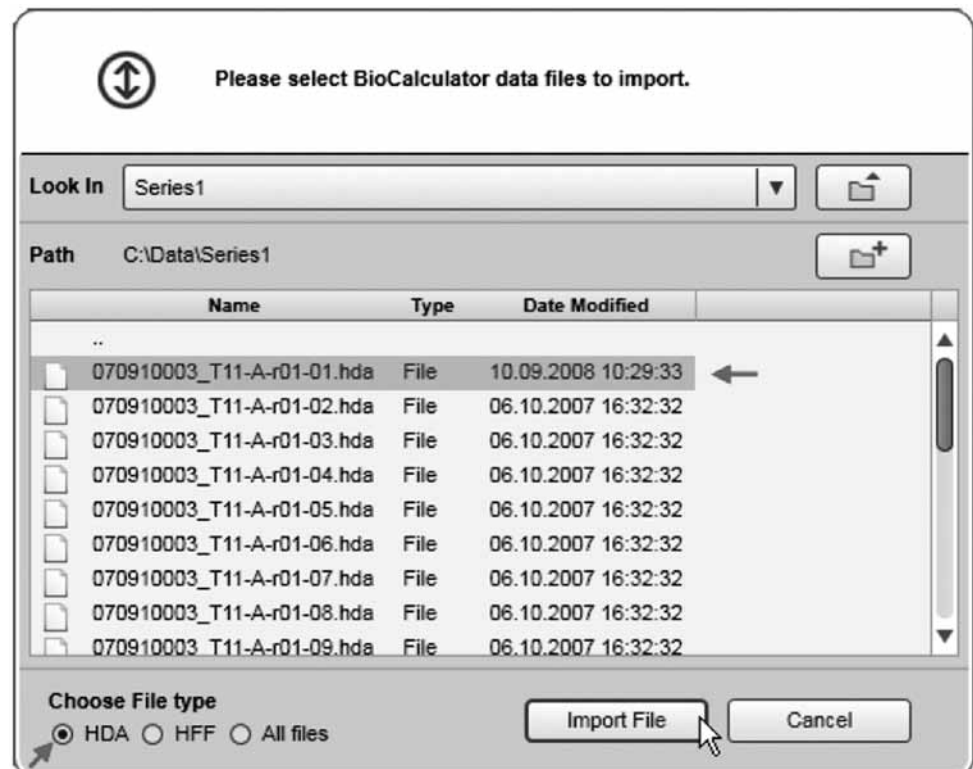
複数の BioCalculator データファイルを含むディレクトリ全体をインポートするには、フォルダを開いて “Import Directory” ボタンをクリックします。



ディレクトリのインポート

注：ディレクトリをインポートするには、“All files” オプションを選択します。

単一の HDA ファイルをインポートするには、ファイルリストに表示されたとおりにファイルを選択します。ファイルを選択したら、インポートボタンのテキストが “Import File” に変わります。ボタンを押して、選択したファイルをインポートします。



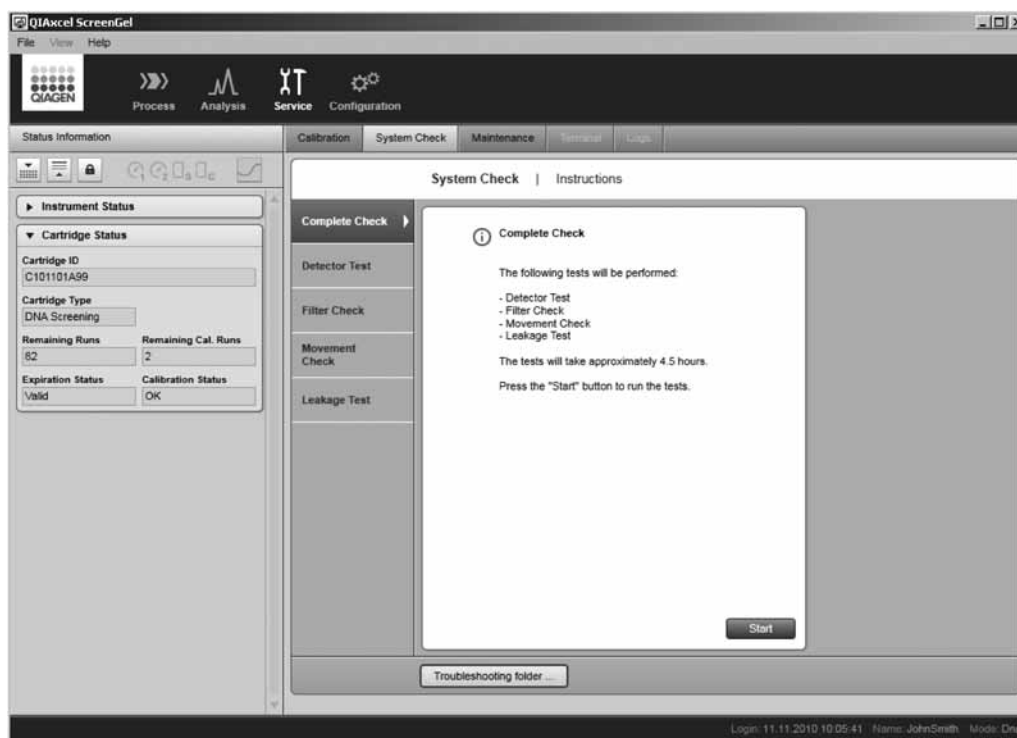
単一の HDA ファイルのインポート

注: または、BioCalculator フォルダファイル (HFF ファイル) をインポートできます。HFF ファイルをインポートするには、ダイアログボックスの下で HFF オプションを選択します。

2.5 サービス

“Service” 環境には、カートリッジのキャリブレーション機能やトラブルシューティング、QIAxcel 装置のメンテナンスツールが備わっています。

Service 環境の左側に、“Status Information” パネルが表示されます（ステータス情報パネル [61 ページ、2.3.6 章を参照）。



有効な “System Check” 画面のある “Service” 環境。“Service Information” パネルが、画面の左側に表示

注：“Service” 環境の “Terminal” と “Log” 画面には、サービス担当者しかアクセスできないため、このマニュアルでは説明しません。

2.5.1 カートリッジのキャリブレーション

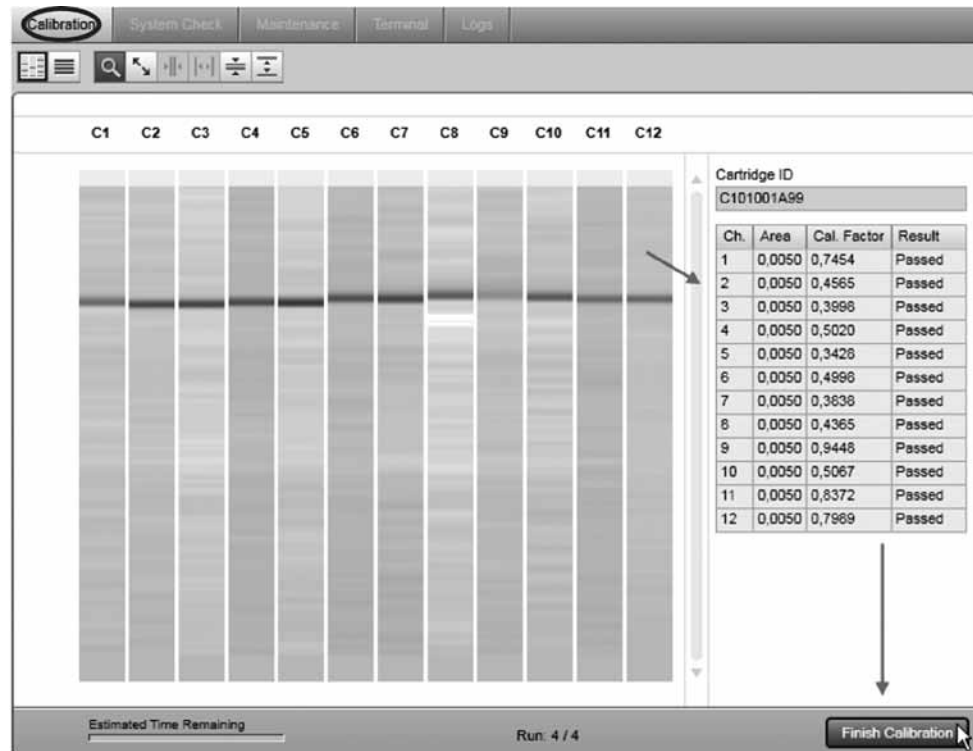
新しいカートリッジは、サンプル解析を行なう前にインテンシティキャリブレーションが必要です。各キャピラリーのインテンシティは標準化され、次の泳動から反映されます。これは、インテンシティの読み取りの際に生じるカートリッジの各キャピラリー間のばらつきを補正します。各カートリッジのインテンシティキャリブレーションのデータは、**<cartridge-id>_<instrument-i>.xcc** という名前の単一のファイルに保存されます。このファイルは、ディレクトリ **%DATA_DIR%\CatridgeCalibrationData** に保存されます。

注：較正ファイルの入ったコンピューターとは異なるコンピューターを使用する場合は、ファイルを新しいコンピューターに移します。あるいはカートリッジの再キャリブレーションが必要です。

2.5.1.1 キャリブレーションウィザードの実行

カートリッジのインテンシティキャリブレーションは、“Service” 環境の “Calibration” 画面で実行されます。

1. QX Intensity Calibration Marker を、バッファートレイにロードします。
2. “Start calibration” ボタンをクリックして、キャリブレーションのランを起動します。
3. キャリブレーションが終了したら、キャリブレーションの結果がゲル/エレクトロフェログラム表示の隣に表示されます。Result テーブルには、各チャンネルの面積やキャリブレーション係数、結果 (“Pass” または “Fail”) が表示されます。



キャリブレーション結果

注：正常にキャリブレーションが行なわれたカートリッジの正規化された面積のキャリブレーションの範囲は 0.004 ~ 0.006、もしくは QIAxcel DNA Fast Analysis Cartridge を使用した場合には 0.0035 ~ 0.0065 の範囲となります。

注：1 個以上のチャンネルで標準化面積が範囲内に収まっていない場合は、インテンシティ・キャリブレーションを再度行ないます。問題が解決しない場合、QIAGEN テクニカルサポートに連絡するか、使用している QIAxcel Kit に添付のハンドブックの “トラブルシューティング” を参照してください。

4. キャリブレーションの結果を承認します。カートリッジのキャリブレーションはこれで完了です。

注：いずれかのチャンネルで失敗した場合には、キャリブレーション結果を破棄してください。

注：“Advanced User” の権限を割り当てられたユーザーは、いずれかのチャンネルで失敗した場合でもキャリブレーション結果を受け入れることができます。この場合、キャリブレーションのステータスは、“Conditional OK” となります。

注：キャリブレーションに必要なトータル時間は約 16 分です。

2.5.1.2 カートリッジの再キャリブレーション

カートリッジの再キャリブレーションを行なうには、キャリブレーションウィザードの実行（143 ページ、2.5.1.1 章）に詳細が記載された手順を繰り返します。以前のキャリブレーション手順のキャリブレーション結果は、カートリッジの再キャリブレーションを行なうと破棄されます。

注：キャリブレーションの行なわれていないカートリッジのキャリブレーションを行なうことができます。この場合、1 回のキャリブレーションではなく、通常の 3 回のランを使用します。

2.5.2 システムチェック

“Service” 環境の “System Check” 画面には、QIAxcel 装置での問題を検知する様々な手順が記載されています。

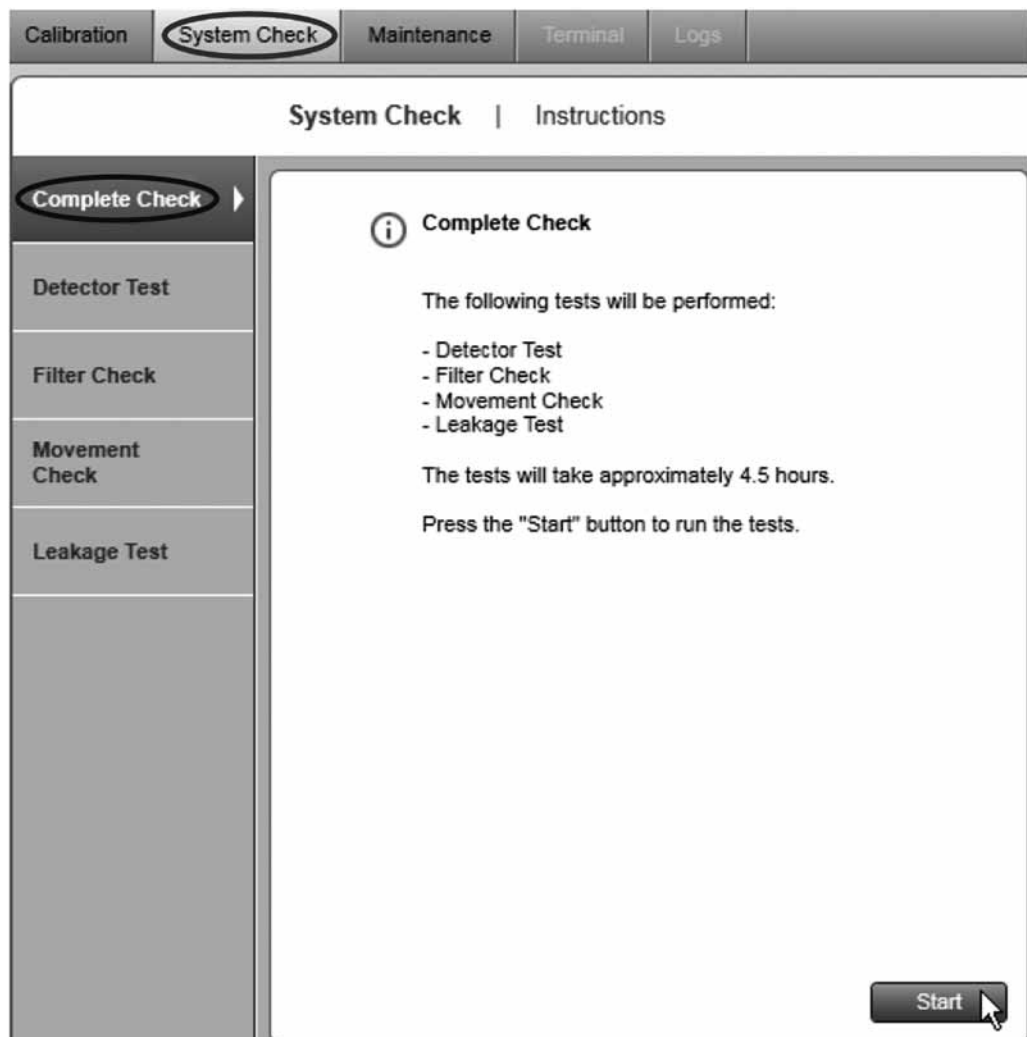
- Complete Check
Complete Check では、以下に記載されたすべてのシステムチェックを実行します。
- Detector Test
Detector Test では、12 チャンネルすべての検出器をチェックします。
- Filter Check
Filter Check では、パージフィルターの詰まりをチェックします。
- Movement Check
Movement Check では、サンプルトレイを正常に移動可能で、ポジションセンサーが想定どおりに機能することを確認します。
- Leakage Test
Leakage Test では、N₂ の漏れをテストします。

注：テスト結果は、ディレクトリ %DATA_DIR%\SystemTest\ に保存されます。

注：トラブルシューティングフォルダの機能は、153 ページの 2.5.3.5 章に記載されています。

2.5.2.1 Complete Check

“Complete Check” では、次のような実行可能なすべてのシステムチェックを実行します。



Complete Check

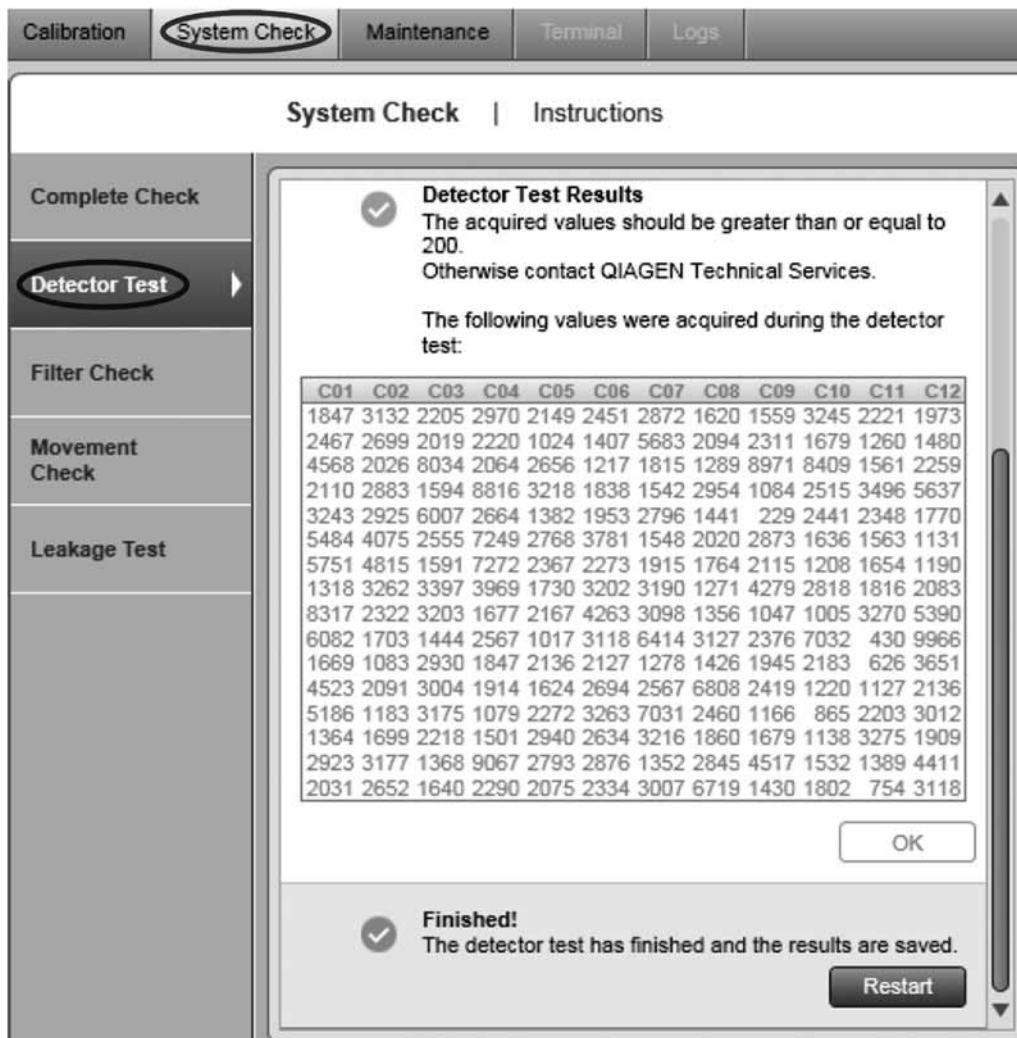
注：Complete Check には、約 4.5 時間かかります。

2.5.2.2 Detector Test

“Detector Test” では、QIAxcel 装置の 12 チャンネルすべての検出器が、想定どおりに機能することを確認します。新しいカートリッジで、1 つ以上のチャンネルにおいてデータシグナルが検出されず、ベースラインが平坦な場合、この検出器テストを行いません。

画面に示された指示に従い “Detector Test” を実行します。テストの所要時間は数秒です。テスト終了時に取得したデータが表示され、結果が保存されます。

注：その他指示のない場合には、挿入され固定されたカートリッジでこのテストを実行します。



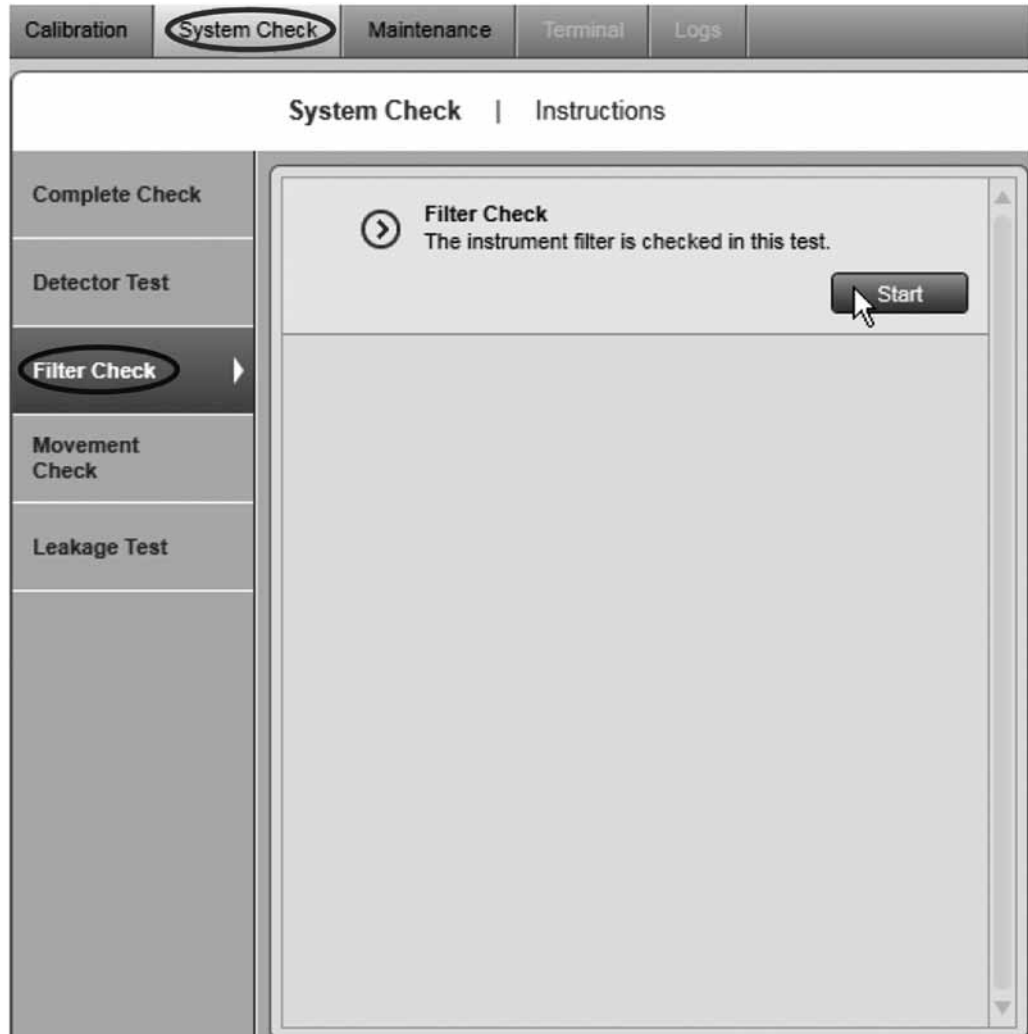
Detector Test の終了

2.5.2.3 Filter Check

ごく稀に、QIAxcel 装置の中にあるパージフィルタに、ゲルのキャリーオーバーが詰まることがあります。この詰まりは、“Filter Check” を使用して診断できます。診断の所要時間は約 2 分です。チェック終了時にフィルターのステータス（合格または不合格）が表示され、結果が保存されます。

注：このチェックには、キムワイプなどの清掃用ティッシュが必要です。

“Filter Check” は、ウィザードに表示された指示に従い実行されます。



2.5.2.4 Movement Check

“Movement Check”では、トレイのモーターとトレイのセンサーが想定どおりに機能することを確認します。このテストは完全に自動化されており、カートリッジの取り外し以外にユーザーが行なうことはありません。所要時間は数秒です。

テスト終了時にテストの概要（合格または不合格）が表示され、結果が保存されます。



2.5.2.5 Leakage Test

“Leakage Test” では、QIAxcel 装置の N₂ 配管の漏れをチェックします。このテストは完全自動化されており、所要時間は約 240 分です。テストの後、漏れが検出された場合には漏洩率を計算し、テストの結果を保存します。



2.5.3 メンテナンス

“Service” 環境のメンテナンス画面には、次のような、QIAxcel 装置とカートリッジのいくつかのメンテナンスとトラブルシューティング手順が示されています。

- Motor Teaching (サービス担当者のみ、ここでは説明しません)
- Purge
- Long Purge
- Empty N₂ Bottle
- Set Instrument ID
- Troubleshooting folder

2.5.3.1 Purge

“Purge” メソッドにより、ユーザーはゲルカートリッジから気泡を除去し、キャピラリーを洗浄できます。このプロセスは完全に自動化されており、所要時間は1分以下です。



2.5.3.2 Long purge

“Long Purge” メソッドにより、ユーザーはゲルカートリッジから気泡を除去し、キャピラリーを広範囲で洗浄できます。このプロセスは完全に自動化されており、所要時間は約 3 分です。



2.5.3.3 Empty N2 bottle

加圧N₂シリンダーを外すには、残圧をまず解除する必要があります。“Empty N2 Bottle”機能では、窒素をパージします。所要時間は約1分です。

注：このアクションを実行する前に、まず QIAxcel ゲルカートリッジを外す必要があります。



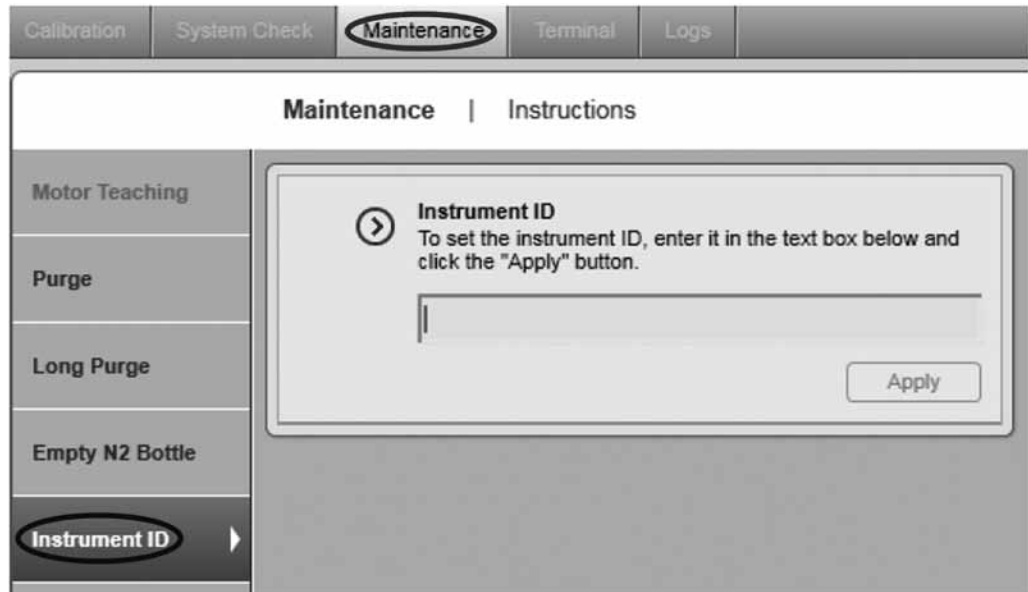
重要：パージ作業の終了時に気体の漏れる音が聞こえなくなるまで、この作業を繰り返します。

2.5.3.4 Setting the instrument ID

QIAxcel 装置の ID (シリアル番号) は、装置 ID が設定されていない場合にのみ設定できます。装置 ID は、装置の筐体の背面のラベルにあります。

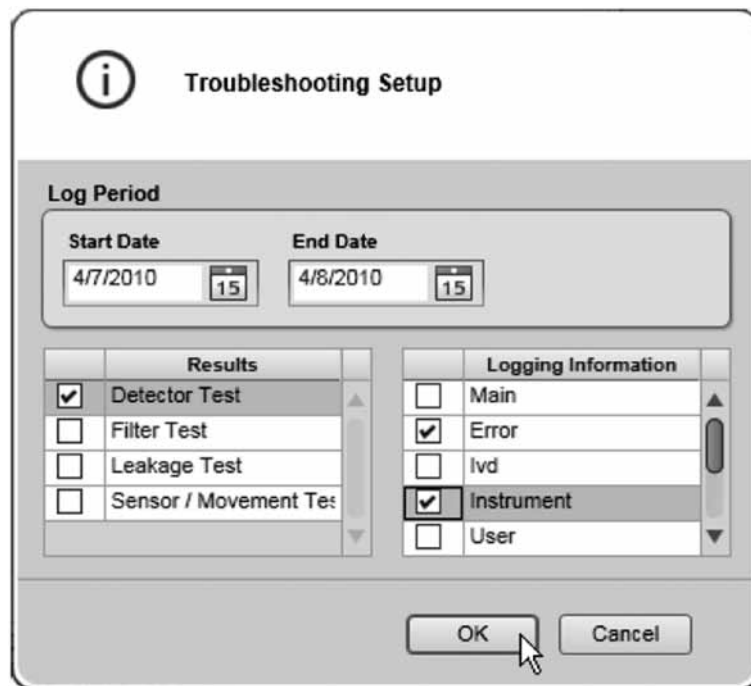
装置 ID は、各装置を特定し、カートリッジのキャリブレーションが特定の装置で行なわれていることをチェックするのに必要です (カートリッジのキャリブレーション [142 ページ、2.5.1 章] を参照)。

重要：“Apply” ボタンをクリックする前に、正しい装置 ID を入力したことを確認します。設定後は、QIAGEN のサービス担当者を除き、機器 ID を変更することはできません。



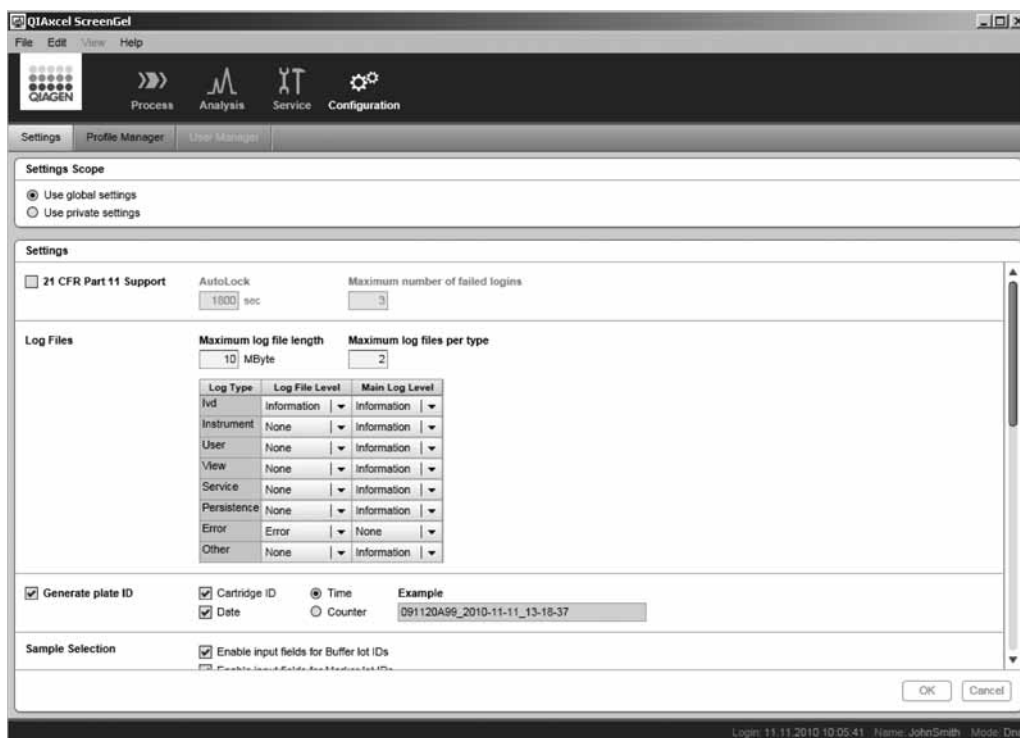
2.5.3.5 Troubleshooting folder

“Troubleshooting folder” ボタンは、“Maintenance” 画面と “System Check” 画面の下にあります。このフォルダでダイアログボックスが開き、ログファイルと生成されたテスト結果を指定時間内にエクスポートできるようになります。エクスポートされたファイルは、設定（154 ページ、2.6.1 章）で定義された “Troubleshooting” ディレクトリに保存されます。



2.6 Configuration

アプリケーション設定やユーザー、プロファイルは、“Configuration”環境で管理されます。



有効な “Configuration” 環境のある “Settings” 画面

2.6.1 設定

QIAxcel ScreenGel Software の “Configuration” 環境には、以下のようないくつかの設定オプションがあります。

注： “Routine User” または “Basic User” 権限を割り当てられたユーザーについては、グローバル設定オプションは読み取り専用となります。詳細については、18 ページの 2.1.2 章を参照してください。

設定範囲オプション	説明
Use global settings	グローバル設定オプションを使用して、複数のユーザー間で一般設定とプロファイルの両方を共有します。
Use private settings	プライベート設定を使用すると、一般設定と作成されたユーザーのプロファイルの両方がプライベートとなります。 注：プライベート設定オプションは、ユーザーにプライベート設定を保持する権利がある場合にのみ有効にできます（ユーザー管理 [159 ページ、2.6.3 章] を参照）。

設定は、機能に従いグループ化されます。次の表には、セクションの概要が記載されています。

セクション **説明**
 21 CFR Part 11 Support 21 CFR Part 11（電子記録についてのFDAのガイドライン）で必要な機能を管理します。このオプションを選択すると、自動ロックが有効になり、ログインの失敗回数が制限されます。

オプション 詳細

AutoLock プロセス実行中を除き、指定したアイドル時間が過ぎると QIAxcel ScreenGel Software が自動的にロックされます。ロックを解除するには、再度ログインする必要があります。ロック解除の方法については、28 ページの 2.2 章を参照してください。

注：アイドル時間とは、ユーザーのアクションまたは装置のアクションがない時間を指します。

Maximum number of failed login ログインの失敗回数が指定した数に達すると、ユーザーアカウントが自動的にロックされます。管理者しかロックを解除できません。

Log files QIAxcel ScreenGel Software は、全てのログメッセージを1つのメインログファイルに書き込みます。また、個別のログメッセージタイプ（IVD や装置など）向けに、個別のログファイルを作成できます。
 設定で、ユーザーはログの長さや最大ファイルサイズ、ログタイプ1つあたりの最大ログファイル数を定義できます。

Maximum log file length **Maximum log files per type**
 MByte

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 ▼

メインログファイルの長さは、上掲の表の3段目に設定されます。個別のログファイルの長さは、2段目に設定されます。

長さは、“Critical” から “Verbose” へと増加します。“Critical” を選択すると、必須のログメッセージのみがログファイルに書き込まれます。“Verbose” を選択すると、全てのログメッセージがログファイルに書き込まれます。

Generate plate ID このオプションを有効にして、自動的に生成されたプレート ID の構築方法を定義します。

次のオプションで、プレート ID の構築を定義します。

<input checked="" type="checkbox"/> Generate plate ID	<input checked="" type="checkbox"/> Cartridge ID	<input checked="" type="radio"/> Time	Example 091120A99_2010-11-10_13-49-29
<input checked="" type="checkbox"/> Date	<input type="radio"/> Counter		

オプション **詳細**

Cartridge ID このオプションを選択すると、生成されたプレート ID に開始時のカートリッジ ID が含まれます。

Date このオプションを選択すると、生成されたプレート ID にデータ取得日が含まれます。カートリッジ ID が含まれる場合、日付はカートリッジ ID の隣に表示されます。

Time or Counter プレート ID をどのように一意にするかをプロセスの開始時間（時間および分、秒を含む）または次のプレート ID 生成で増加するカウンターにより指定します。

注：プレート ID を自動生成後のプロセスセットアップの間に編集すると、時間には正確なプロセス開始時間は反映されませんが、プロセスセットアップの間にプレート ID が生成された時間は反映されます。

編集できない “Example” フィールドには、生成されたプレート ID がどのようなものが示されます。

Sample Selection どのオプション情報を、プロセスウィザードの “Sample Selection” 画面で入力可能かを指定します。

オプション **詳細**

Enable input fields for Buffer lot IDs バッファーにロット ID をつける場合にのみこのオプションを選択します。このオプションが選択されていない場合、プロセスセットアップの間にバッファーにロット ID を付けることはできません。

Enable input fields for Marker lot IDs マーカーロット ID をつける場合にのみこのオプションを選択します。このオプションが選択されていない場合、プロセスセットアップの間にマーカーにロット ID を付けることはできません。

Provide Sample Information サンプル情報を通常提供する場合にのみこのオプションを選択します。このオプションを選択していない場合でも、サンプル情報を提供できますが、その場合プロセスウィザードの “Sample Selection” 画面で “Provide Sample Information” オプションを手作業で選択する必要があります。

Instrument	オプション	詳細
	Latch cartridge automatically	このオプションを選択すると、カートリッジが挿入され、カートリッジドアを閉じた後に自動的に固定されます。
	Perform calibration automatically	このオプションを選択すると、挿入されたカートリッジのキャリブレーションがまだ実行されていない場合、キャリブレーションが自動的に実行されます。
	COM Channel	QIAxcel 装置を接続する COM チャンネルを指定します。ログイン後、指定した COM ポートを使用して QIAxcel への接続が自動的に試みられます。
Rise Time		データ収集時間は、生データ取得の間に適用される Bessel フィルターのパラメータ。このパラメータは、Bessel フィルターの機能と、データ収集時間パラメータを変更した際の影響を知らない場合には、変更しないでください。
Gel Image Representation		ログイン後のゲル表示のデフォルト表示設定を定義します。
Directories		<p>取得した生データと、その他すべてのアプリケーションデータのディレクトリを指定します。</p> <p>以下に記載されるディレクトリの基本ディレクトリは、最初は (QIAxcel ScreenGel のインストールの後)、ScreenGel Software のインストール (6 ページ、1.2 章) の間に指定される Application Data ディレクトリです。これらすべてのディレクトリは編集できます。</p> <p>次のディレクトリを指定できます。</p>
	ディレクトリ名	説明
	Export	エクスポートディレクトリ。すべてのエクスポートファイルは、レポートファイルでどのディレクトリが選択されたかによらず、このディレクトリで生成されます (下記のとおり)。
	Report	デフォルトのレポートディレクトリ。レポートプロファイルの "Directory" ドロップダウンリストで "Default" を選択している場合、レポートはこのディレクトリで生成されます。また、3 つのカスタムレポートディレクトリを定義できます (下記参照)。
	Report 1	最初のカスタムレポートディレクトリ。レポートプロファイルの "Directory" ドロップダウンリストで "Report 1" を選択している場合、レポートはこのディレクトリで生成されます。
	Report 2	2 番目のカスタムレポートディレクトリ。レポートプロファイルの "Directory" ドロップダウンリストで "Report 2" を選択している場合、レポートはこのディレクトリで生成されます。
	Report 3	3 番目のカスタムレポートディレクトリ。レポートプロファイルの "Directory" ドロップダウンリストで "Report 3" を選択している場合、レポートはこのディレクトリで生成されます。
	Header & footer	レポートのヘッダーとフッターのディレクトリ。レポート生成の間、このディレクトリが参照され、レポートに含まれるヘッダーとフッターが検索されます。

Sample info import	サンプル情報のインポートディレクトリ（手順の実行 [7 ページ、1.3 章] または高度なオプションでプロセスを実行 [33 ページ、2.3.1 章] をそれぞれ参照）。一例として、インポートされた “rack file” は、デフォルトディレクトリ <code>%DATA_DIR% \SampleInfo\Import\</code> にあります。
Sample info export	サンプル情報のエクスポートディレクトリ（手順の実行 [7 ページ、1.3 章] または高度なオプションでプロセスを実行 [33 ページ、2.3.1 章] をそれぞれ参照）。
SCORE	“SCORE” ソフトウェアとデータをやり取りするための特別のエクスポートディレクトリ。
.hda files	3.2.05 以前の BioCalculator ソフトウェアで作成された .hda ファイルのインポート用のデフォルトディレクトリ（140 ページの 2.4.8 章を参照）。
Troubleshooting	トラブルシューティングフォルダ（153 ページ、2.5.3.5 章）で作成されたファイルを保存するディレクトリ。
Experiment	“DNA” と “RNA” という 2 つのサブディレクトリを含むディレクトリ。実験データファイル（プロセス実行の結果として取得、または “Analysis” 環境で結合されたファイルの両方）は、（アプリケーションモードに従い）これらのサブディレクトリに保存されます。
Experiment backup	このディレクトリには、“Experiment” と同じサブディレクトリがあります（すなわち “DNA” と “RNA” という 2 つのサブディレクトリ）。これらのディレクトリには、オプション “Save experiments in experiment backup folder as well” を選択している場合、保存された実験のコピーが含まれます。
Save experiments in experiment backup folder as well	このオプションを選択すると、QIAxcel ScreenGel は、ディレクトリ “Experiment backup” の “DNA” または “RNA” サブディレクトリにも、保存された実験のコピーを作成します（上記参照）。このオプションを選択しない場合、実験は、“Experiment” ディレクトリの “DNA” または “RNA” サブディレクトリにのみ保存されます。

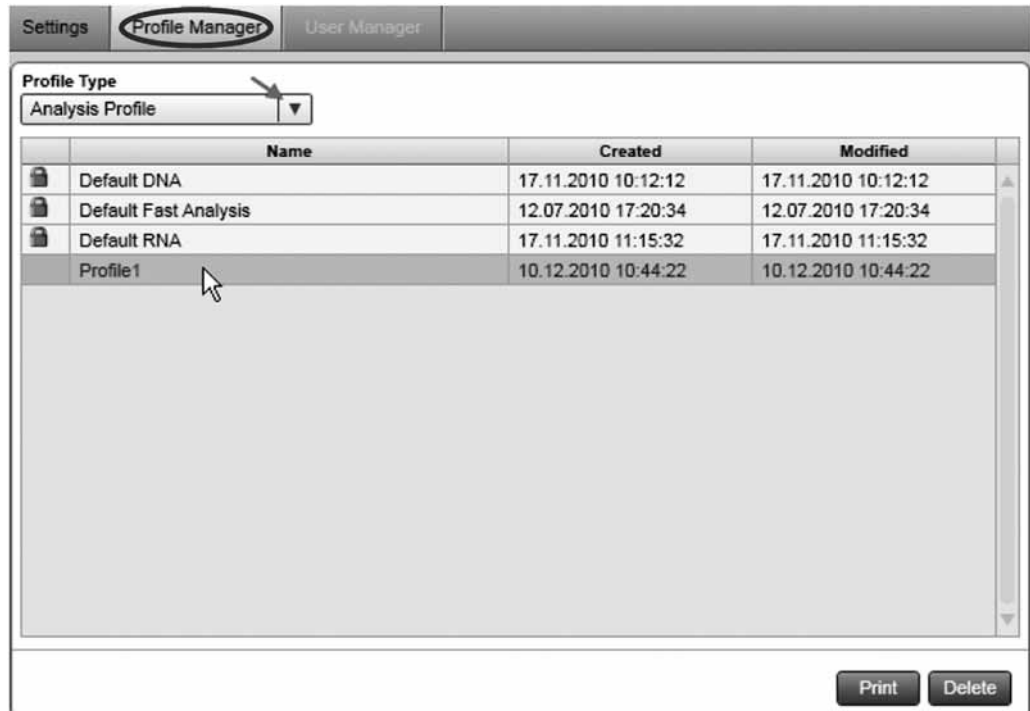
注：上記のディレクトリは、メニュー項目 “File” / “Open Data Directory” を通じ、QIAxcel ScreenGel Software から直接、Windows Explorer で開くことができます。

大半の設定の変更は、“OK” をクリックするとただちに有効になります。次の表には、追加のアクションが必要な設定が記載されています。

設定	以下のアクションの後に有効
Generate plate ID section	次のログイン。
Instrument - COM channel	装置への再接続。 注：“OK” をクリックすると、新しい COM チャンネルに再接続するよう尋ねられます。
Gel image representation section	次のログイン。
Directories	次のログイン。

2.6.2 プロファイル管理

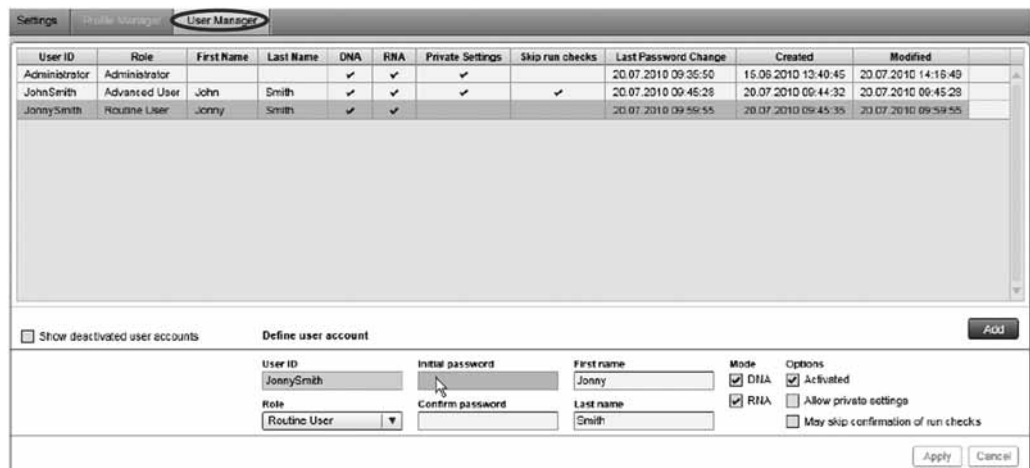
QIAxcel ScreenGel Software のいくつかのダイアログボックスを使用して、解析プロファイルやサイズマーカーテーブル、リファレンスマーカーテーブルなどの新規プロファイルを作成できます。“Profile Manager”には、タイプごとにすべてのプロファイルがグループ化されて掲載されています。プロファイルの詳細は印刷可能で、プロファイルは“Profile Manager”を使用して削除できます。



注：鍵のマークの付いたプロファイルは、QIAGEN が提供するデフォルトのプロファイルです。これらのプロファイルは削除できません。

2.6.3 ユーザー管理

管理者は、ユーザーアカウントを変更できる“User Manager”タブにアクセスできます。



新規ユーザーを追加

ユーザーアカウントを編集

既存のユーザーアカウントを編集：

1. 変更するアカウントを選択します。
2. 詳細が、ダイアログボックスの下にあるセクションに表示されます。
3. 必要に応じてパラメータを変更します。
4. “Apply” ボタンをクリックします。

注：“User Manager” で、既存のユーザーアカウントのユーザー名や権限、パスワード、認証を変更できます。ユーザー ID（ログイン名）は変更できません。

ユーザーの追加

新規ユーザーを追加：

1. “Add” ボタンをクリックします。
2. 未使用のユーザー ID とユーザー権限、パスワードを指定します。ユーザーの権限の詳細については、18 ページの 2.1.2 章を参照してください。

注：パスワードは、大文字と小文字、数字をそれぞれ 1 つ含むものでなければなりません。パスワードは 8 文字以上としてください。

3. モードとオプションの変更を設定します。
4. “Apply” ボタンをクリックします。

注：アカウントに異なるユーザー ID を付けて、1 人に複数のユーザーアカウントを作成できます。これは、異なる権限を区別するのに有用です。

ユーザーアカウントを無効にする

ユーザーアカウントは削除できませんが、ユーザーが QIAxcel ScreenGel Software のデータを扱わなくなった場合には無効にできます。

ユーザーアカウントを無効にする：

1. ユーザーのリストから、無効にするユーザーアカウントを選択します。
2. ユーザー設定で、“Activated” オプションの印を外します。無効にされたユーザーは、以後ログインできません。
3. “Apply” ボタンをクリックします。

注：有効なユーザーのみが、ユーザーテーブルに表示されます。無効にされたユーザーを表示するには、ユーザーテーブルの下にある “Show deactivated user accounts” チェックボックスにチェックを入れます。

3 用語集

用語	詳細
バッファートレイ	バッファートレイは、QIAxcel のバッファートレイホルダーにあり、QX Separation と Wash Buffers、QX Intensity、Alignment Markers を保持する、取り外し可能なプラスチックのトレイです。
バッファートレイホルダー	バッファートレイホルダーは、サンプルドアの下で QIAxcel の内側にあります。QX Separation と Wash Buffers、QX Intensity、Alignment Markers を保持するバッファートレイは、サンプル解析の前にバッファートレイホルダーに置かれます。
カートリッジドア	このドアから、QIAxcel ゲルカートリッジを QIAxcel にロードできます。このドアは QIAxcel の操作中は閉めておく必要があります。
チャンネル	各 QIAxcel ゲルカートリッジには 12 のチャンネル(キャピラリー)があり、このチャンネルを通じ解析用のサンプルを出し入れします。
メソッド	個別のサンプルランに適用される、一連のコマンドとパラメータです。いくつかのデフォルトのメソッドが事前にインストールされています。
ミネラルオイル	蒸発を防ぐため、溶液および/またはサンプルを覆います。
N ₂ ドア	N ₂ ドアはサンプルドアの右側にあり、このドアから N ₂ シリンダーの挿入と取り外しを行なえます。
位置/ポジション	物を収納可能な、ラック/プレートのエリア。例としては、サンプルプレートホルダーのマイクロプレートのウェルやスロットがあります。
電源スイッチ	QIAxcel の背面の左下隅にあるボタンです。このボタンで、QIAxcel をオンやオフにできます。
圧力ゲージ	QIAxcel の背面にあり、N ₂ の圧力を示します。
パージポート	QIAxcel 装置の内部にあり、QIAxcel ゲルカートリッジのパージホールと並んでいます。
QX Alignment Marker	サンプルの泳動時間をキャリブレーションします。
QX DNA または RNA Dilution Buffer	サンプルを希釈します。
QX DNA または RNA Separation Buffer	QIAxcel ゲルカートリッジの DNA または RNA 分子を分離します。
QX DNA または RNA Size Marker	リファレンスマーカーテーブルを作成し、DNA/RNA のサイズおよび/または濃度を判定します。
QX DNA または RNA Wash Buffer	クロスコンタミを避けるため、キャピラリーの先端を洗浄します。
QX Intensity Calibration Marker	各新規ゲルカートリッジのシグナル強度のキャリブレーションを行いません。

用語	詳細
サンプルドア	サンプルプレートホルダーとバッファートレイホルダーにアクセスするドアです。このドアは QIAxcel の操作中は閉めておく必要があります。
サンプルプレートホルダー	サンプルプレートホルダーは、サンプルドアの下で QIAxcel の内側にあります。解析用のサンプルを含む 96 ウェルプレートまたはサンプルストリップは、サンプルプレートホルダーに置きます。
スマートキー	QIAxcel ゲルカートリッジに取り付けられており、カートリッジの情報を収納しています（カートリッジ ID やキャリブレーションのステータス、ラン回数など）。サンプル解析を行なうために、スマートキーを QIAxcel のスマートキーソケットに挿入してください。
スマートキーソケット	このソケットを使用して、QIAxcel 装置で、スマートキーの情報を読み取り表示できます。

4 Appendix

Appendix には、技術データや QIAxcel のメソッドやアクセサリー、データ解析アルゴリズムの説明、保証条件が含まれています。詳細につきましては、英語版 User Manual をご参照ください。

Trademarks: QIAGEN®, QIASymphony™, QIAxcel™ (QIAGEN Group); Adobe® (Adobe Systems Inc.);
Celeron® (Intel Corporation); Excel®, Microsoft®, Windows® (Microsoft Corporation).

本文に記載の会社名および商品名は、各社の商標または登録商標です。

記載の QIAGEN 製品は研究用です。疾病の診断、治療または予防の目的には使用することはできません。

© 2011 QIAGEN, all rights reserved.

www.qiagen.co.jp

株式会社 キアゲン ■ 〒 104-0054 ■ 東京都中央区勝どき 3-13-1 ■ Forefront Tower II

Tel: 03-6890-7300 ■ Fax: 03-5547-0818 ■ E-mail: techservice-jp@qiagen.com

