

2017年11月

QIAxcel® Advanced 用户手册

用于QIAxcel ScreenGel® 软件版本 v1.6



目录

安全信息	1
正确使用	1
电气安全	3
环境	4
化学品	5
废物处置	5
机械危险	5
QIAxcel Advanced上的符号	6
简介	7
关于本用户手册	7
一般信息	7
QIAxcel Advanced的用途	8
QIAxcel Advanced用户的要求	9
一般描述	9
QIAxcel Advanced 的原理	9
QIAxcel Advanced 的外部特征	10
凝胶卡夹	11
计算机和软件	11
安装程序	13
要求	13
场地	13
电源要求	13
接地要求	14
拆开QIAxcel Advanced 的包装	14
安装QIAxcel Advanced	14
取出运输锁	15

仪器安装	16
交流电源线的安装	16
氮气瓶的安装	16
QIAxcel ScreenGel 软件的安装	16
从 CD 首次安装	17
升级 QIAxcel ScreenGel 软件.....	18
从 CD 重新安装	20
卸载软件	21
QIAxcel ScreenGel软件使用入门	22
打包QIAxcel Advanced.....	23
操作程序	24
拆开 QIAxcel 试剂盒的包装.....	24
安装 QIAxcel Advanced	26
准备缓冲液槽	26
加载缓冲液槽	28
安装 QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙	29
移除 QIAxcel 凝胶卡夹	30
储存 QIAxcel 凝胶卡夹	30
操作 QIAxcel Advanced	32
开始之前的准备事项	32
启动运行	33
QIAxcel ScreenGel 软件.....	43
概念	43
模式	43
用户角色	44
环境	46
谱	46
常规软件使用	48
在列表中编辑数据	50

显示错误和警告	51
显示修改	53
获得帮助	56
用户认证	58
运行	61
使用高级选项运行一个进程	62
提供样品信息	69
修改运行谱	72
运行谱选项	75
选择常规运行进程选项.....	77
选择运行参数	78
选择分析参数	82
选择 marker	83
选择峰检出指令	86
选择分布谱	87
选择报告/导出参数.....	88
运行参数和结果结构.....	90
创建一个新的运行谱	93
查看运行方式详细信息	95
"状态信息" 面板	96
分析	99
引入分析	100
操作样品和实验	100
样品图标的含义	102
加载样品数据	102
选择样品	105
选择样品用于分析或报告.....	107
扩展和折叠	107
激活实验	108
保存实验	108

关闭实验	110
导入 BioCalculator 数据.....	110
修改样品信息	111
处理不完整的实验.....	111
查看样品数据	112
将样品添加到视图.....	113
从视图中移除样品.....	116
导出视图到剪贴板.....	117
直接打印视图	119
结果表格	119
凝胶图视图	126
峰图视图	129
峰图概览	134
峰图叠加视图	138
查看样品参数	141
饱和信号	141
峰检测	143
峰检测步骤	144
修改分析谱	147
创建新分析谱	151
大小和浓度确定	152
大小和浓度确定步骤.....	153
创建参照marker	157
创建一个新的 size marker 表格.....	161
峰检出	163
激活峰检出功能	166
修改峰检出指令	166
创建一个新峰检出指令.....	170
峰组合检出	170
DNA 样品分析	172

标准 DNA 分析	172
快速分析 DNA 分析.....	175
弥散状 DNA 分析.....	178
gDNA 分析	181
分布分析	183
RNA 样品分析	192
标准 RNA 分析	192
RNA 质控分析	194
手动修改分析结果	196
修改阈值	197
删除峰	197
添加峰	197
移除分析结果	199
检查 alignment marker.....	199
修改关注区段	200
重复利用已使用的分析参数.....	200
重新分析多个实验	201
定制实验	203
创建一个新实验	204
修改一个实验	204
报告/导出	209
生成一份报告	209
报告选项	211
导出数据	227
导出选项	229
修改报告/导出谱.....	237
创建一个新的报告/导出谱.....	238
服务	239
校准卡夹	239
运行校准向导	240


重新校准卡夹	242
系统检查	242
全面检查	243
探测器检测	244
过滤器检查	245
运动检查	246
渗漏检测	247
维护	248
排胶	248
长时间排胶	249
排空氮气瓶	250
设置仪器 ID	251
故障排除文件夹与日志文件.....	252
配置	254
设置	254
项目管理	259
用户管理	260
维护程序	262
清洁 QIAxcel Advanced.....	262
轻微校正性维护.....	262
保险丝更换和清洁	263
氮气瓶更换	263
可选的氮气供应	264
堵塞的排胶过滤器	264
故障排除	266
系统安装	267
操作	268
DNA 应用	270
RNA 应用	273


词汇表	275
附录	277
附录 A	277
附录 B	281
附录 C	289
附录 D	292
附录 E	296
附录 H	297

安全信息

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


下列类型的安全信息会出现在整本手册中。

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


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


本手册中给出的建议是为了补充，而非取代用户所在国家通用的正常安全要求。


正确使用

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



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

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

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

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

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

<p>注意</p> 	<p>仪器损坏 [C2] 如果 压力1 状态为 低”，请在执行 解锁”命令前增加仪器压力。在低压下卸下卡夹并解锁有可能损坏仪器。</p>
<p>注意</p> 	<p>损坏仪器 [C5] 不要使用含有酸、碱或磨蚀剂的漂白剂、溶剂或试剂来清洁QIAxcel Advanced。</p>

电气安全

请在维修前，从电源插座上断开电源线连接。

警告	电气危险 本设备内外保护性导体 (地线)任何形式的中断, 以及保护性导体末端的断开都可能使得本仪器出现电气危险。 禁止有意的中断行为。 本设备内部具有致命的电压 当设备与电源相连时, 其末端可能带电, 打开设备盖或卸下部件有可能暴露带电部件。	[W4]
----	--	-------------



为了确保QIAxcel Advanced的使用满意度和保障安全操作, 请遵循以下使用建议:

- 电源线必须与具有保护性导体 (地线)的电源插座相连。
- 请勿调整或更换设备的内部元件。
- 请勿在移除盖子或任何部件的情况下操作本设备。
- 如有液体洒入设备, 请关掉仪器, 将其脱离电源插座, 并联系QIAGEN 技术服务部。
- 更换主保险丝时, 务必按照额定标签上规定的型号和额定电流进行更换。

如果本设备发生了电气危险, 请避免其他人对其进行操作, 并联系QIAGEN 技术服务部; 本设备在以下情况下可能具有电气危险:


- 电源线发生损坏。
- 长期储存于不良条件下。
- 经受了严重的运输负荷。

环境

操作条件

<p>警告</p> 	<p>爆炸性气体环境 [W5] QIAxcel Advanced 不适合在爆炸性气体环境中使用。</p>
<p>警告</p> 	<p>爆炸危险 [W6] QIAxcel Advanced 只能使用QIAGEN QIAxcel 试剂盒所提供的试剂和材料。其他试剂和材料的使用可能引起火灾或爆炸。</p>
<p>注意</p> 	<p>仪器损坏 [C3] 太阳直射可能使仪器部件漂白并造成塑料部件的损坏。 QIAxcel Advanced 必须避免阳光直射。</p>
<p>注意</p> 	<p>卡夹损坏 [C4] 在使用时,凝胶卡夹不应当在溶液槽的“ Wash park” (清洗停靠)位置之外的地方放置超过15分钟。否则将导致毛细管吸头过于干燥,影响卡夹的正常功能。干燥的吸头将使保修失效。 毛细管吸头是由玻璃制成的,非常脆弱。注意不要用任何坚硬的表面敲打吸头。否则将导致毛细管吸头破裂,影响卡夹的正常功能。破裂的吸头将使保修失效。</p>
<p>注意</p> 	<p>卡夹损坏 [C6] 如果处理少于12例样品,请分别使用QX DNA Dilution buffer或QX RNA Dilution buffer填充空白的样品孔。如未进行此操作,可能会导致那些特定毛细管道的损坏。</p>


化学品

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

* OSHA: 职业安全与健康管理局 (美国)。

† ACGIH: 美国政府工业卫生专家协会 (美国)。

‡ COSHH: 危害健康物质控制 (英国)。

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


废物处置

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







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

机械危险

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

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

QIAxcel Advanced上的符号

标记	位置	意义
	仪器背面的铭牌	CE 标志
	仪器背面的铭牌	加拿大和美国的CSA 认证标志
	仪器背面的铭牌	合法制造商
	仪器背面的铭牌	电气和电子废弃物 WEEE
	仪器背面的铭牌	美国联邦通信委员会的FCC 标志
	仪器背面的类型板	澳大利亚和新西兰 RCM标志 供应商 ID N17965

简介

感谢您选择QIAxcel Advanced。我们相信它将成为您实验室中不可缺少的一部分。

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

关于本用户手册

本用户手册按照以下章节提供了关于QIAxcel Advanced 的信息：

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

附录包含以下内容：

- 技术数据
- QIAxcel Advanced 的运行方式和配件
- 数据分析算法的描述
- 保修责任条款

一般信息

技术协助

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

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

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

如需了解QIAxcel Advanced系统的最新信息，请前往www.qiagen.com/p/QIAxcel。

政策声明

当新技术和配方成分出现时，QIAGEN 的政策是不断对产品进行改进。QIAGEN 保留随时更改参数的权利。为了生成有效且适当的文档，我们感谢您对本用户手册作出评论。请联系QIAGEN 的技术服务部门。

版本管理

本文档是QIAxcel Advanced用户手册，6.0 版。可从以下网址获取更新版本：www.qiagen.com/p/QIAxcel

QIAxcel Advanced的用途

QIAxcel Advanced是一个多通道毛细管电泳仪，旨在开展快速、全自动的 DNA 片段分析，或者定性定量的 RNA 分析。

QIAxcel Advanced只能与QIAxcel 卡夹联用，来执行相应QIAxcel 卡夹手册所提及的应用。

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

QIAxcel Advanced用户的要求

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

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

一般描述

QIAxcel Advanced system 系统根据DNA 和RNA 片段的分子量，开展片段的全自动分离，可在无需用户介入的条件下处理多达96份样品。QIAxcel Advanced system 系统由 QIAxcel Advanced 仪器，QIAxcel 试剂盒（包含QIAxcel 凝胶卡夹和试剂）、计算机以及 QIAxcel ScreenGel® 软件组成，这些产品经过优化，适合多种应用，并为DNA 片段和RNA分析带来了无以伦比的分辨率、速度和通量。

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

- DNA 片段分子量和浓度的确定
- 总RNA的28S /18S 比率，浓度和质量，cRNA /cDNA的和片段化RNA / DNA质量的确定

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

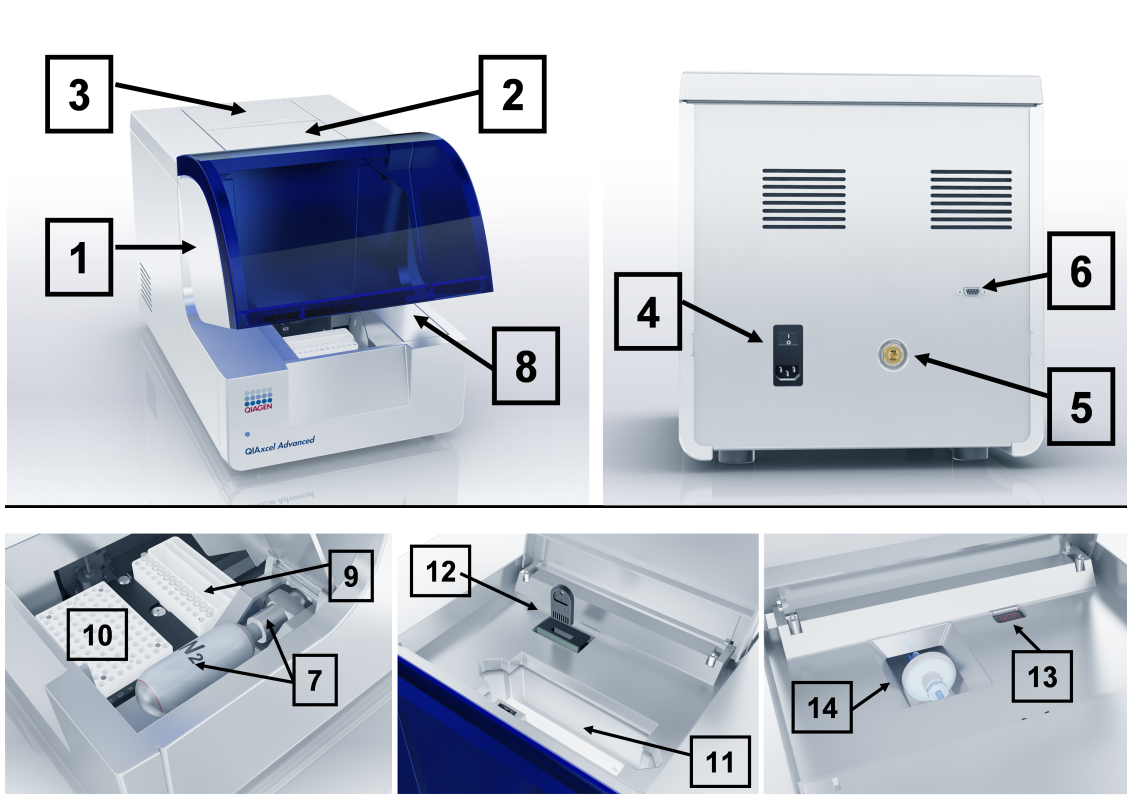
QIAxcel Advanced 的原理

QIAxcel Advanced 通过毛细管电泳技术来实现 DNA 和 RNA 样品的高分辨率和高灵敏度的分离。12通道的毛细管电泳仪采用了用完可直接丢弃的，含多次运行轮次的卡夹来开展经济的分析应用，可在短至25分钟的时间内分析多达96份样品。

1. QIAxcel Advanced 设有凝胶卡夹、运行缓冲液和洗涤缓冲液，并利用Intensity Calibration Marker（强度校准marker）来进行校准。
2. 待分析的样品（96孔板或12联管）放置在样品板支架上。

3. 选择所需的数据采集设置，样品通过QIAxcel 凝胶卡夹的毛细管。
4. <QIAxcel ScreenGel> 软件分析结果数据。

QIAxcel Advanced 的外部特征



QIAxcel Advanced 的外部特征。

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

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

凝胶卡夹

QIAxcel Advanced 可使用下表所列的任一款 QIAxcel 试剂盒进行操作。每个试剂盒包含了一个凝胶卡夹, 它是为特定用途而开发的。每个凝胶卡夹填充着含有专利的线性聚合物和溴化乙锭插入染料的凝胶基质。

卡夹	应用
QIAxcel DNA High Resolution Kit (1200)	分析分子量为 15 bp – 10 kb 间的DNA。96 个样品可在 <1.5 小时 内分析完。
QIAxcel DNA Screening Kit (2400)	快速分析 分析分子量为 15 bp – 5 kb 间的DNA。可在 40 分钟 内分析完 96 个 样品。
QIAxcel DNA Fast Analysis Kit (3000)	单重或多重定性PCR 应用中DNA 片段的常规评估。可在 25 分钟 内分析完 96 个 样品。
QIAxcel RNA QC Kit v2.0 (1200)	RNA 质量和定量分析。可在 <1.5 小时 内分析完 96 个 样品。

每个 QIAxcel 卡夹包含了使用 QIAxcel Advanced 所需的其他试剂:

- QX Intensity Calibration Marker (强度校准 Marker) — 校准每个新凝胶卡夹的信号强度
- QX DNA 或 RNA Separation Buffer (分离缓冲液) (QIAxcel DNA 或 RNA 试剂盒) — 实现DNA或RNA分子的分
- QX FA DNA Separation Buffer (分离缓冲液) (QIAxcel DNA Fast Analysis Kit) — 实现DNA 分子的分离 (仅用于 QIAxcel DNA Fast Analysis 卡夹)
- QX Wash Buffer (洗涤缓冲液) — 洗涤毛细管吸头, 防止交叉污染
- QX DNA 或 RNA Dilution Buffer (稀释缓冲液) — 用于样品浓度的优化
- QX Mineral oil (矿物油) — 覆盖溶液和/或样品, 防止蒸发
- QX Alignment Marker (对齐Marker) — 用于每次运行, 以均衡所有通道的迁移时间差异 (仅包含在 QIAxcel RNA QC Kit v2.0 和 QIAxcel Fast Analysis Kit 内, 其他卡夹须单独购买; 订购信息请参阅[附录C](#))

注: QIAxcel DNA Size Marker (分子大小Marker) 是使用 QIAxcel DNA 试剂盒所必需的。依据它生成的参照 marker 表来计算DNA片段的分子大小和浓度 (不包含在试剂盒中; 订购信息请参阅[附录C](#))。QIAxcel RNA Size Marker 是包含在 QIAxcel RNA QC Kit v2.0 中的。

计算机和软件

QIAxcel Advanced 自带 QIAxcel ScreenGel 软件。

一台满足 QIAxcel Advanced 仪器和 QIAxcel ScreenGel 软件运行要求的计算机将作为 QIAxcel Advanced system 的一部分提供给用户。但如果要使用其他计算机来操作 QIAxcel Advanced 仪器或运行 QIAxcel ScreenGel 软件, 则必须满足以下要求:

计算机规格:

- 至少 2.3 GHz 的 CPU
- 至少 80 GB 的可用硬盘空间, 并格式化为 NTFS 格式
- 至少 2 GB RAM (建议 4 GB RAM)
- 1024 x 768 或更高的屏幕分辨率
- 9 针串口或 I/O 卡 (未提供, 请联系 Q IAGEN 技术服务部以了解更多信息)。
- DVD/CD-ROM
- 指针装置 (鼠标或类似装置)
- Windows® 7 Professional (32 位或 64 位), 安装 Service Pack 1 或更高版本; Windows 10 (64 位), 最低版本要求 1607
- Adobe® Reader® 软件 8.2 版或更高版本 (用于阅读 PDF 报告)

必须在计算机上安装 PDF 阅读器才能查看 PDF 格式的报告。可从 www.adobe.com 下载 Adobe Reader。

附加配置步骤:

- 关闭所有自动进程或服务 (例如, 索引或类似进程或服务), 因为它们可能会使计算机负荷过重, 尤其是在连接到 Q IAxcelAdvanced 仪器时。
- 确保在 Q IAxcelAdvanced 运行期间停用节能选项和休眠功能。
- Windows 10 特别说明 - 如果使用“UEFI 启动”, 则必须禁用“安全启动”选项。否则, Q IAxcelAdvanced 设备驱动程序的设备驱动程序安装将在 Q IAxcelScreenGel 软件安装期间失败。

注意: 如果您对 Windows 配置有任何疑问, 请联系当地的 IT 支持部门。

如果将计算机连接到网络, 请注意以下事项:

- 确保将更新进程的下载和安装任务安排在 Q IAxcelAdvanced 工作时间以外的其他时间进行。
- 关闭 Windows 安全补丁安装后的自动重新启动, 防止计算机在 Q IAxcelAdvanced 工作时自动重新启动。

注意: 为完成安全更新的安装, 请稍后手动执行重新启动。

如果需要安装病毒防护软件, 确保将下列任务安排在 Q IAxcelAdvanced 工作时间以外的其他时间运行:

- 扫描 (还要确保 Q IAxcelScreenGel 创建的文件在创建期间或使用时的不被扫描)
- 所有类型的更新 (下载和安装)

注意: Q IAGEN 使用笔记本电脑附带的原始图像, 在未连接 Internet 的情况下对 Q IAxcelScreenGel 进行了测试。操作系统更新可能会导致 Q IAxcelScreenGel 出现异常行为。出现类似情况时, 请联系当地的 IT 支持部门。

注意: 要求的最低屏幕分辨率可与小字体组合使用。在更高的分辨率下, 可使用中等大小的字体 (例如, Windows 7 的中等大小字体 [25%] 设置要求的最低屏幕分辨率为 1400 x 1050)。不支持更大的字体。

安装程序

本章介绍拆包和安装QIAxcel Advanced的操作指南。

要求

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

场地

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


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

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

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

确保可以轻松触及位于仪器后方的开关和主电源输入插座。仪器后方应留有足够的间隙，以便从主电源输入插座中拔下电源线插头。

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

<p>警告</p> 	<p>爆炸性气体环境 QIAxcel Advanced 不适合在爆炸性气体环境中使用。</p> <p>[W5]</p>
---	---

<p>警告</p> 	<p>过热危险 为确保适当的通风，让QIAxcel Advanced 的两侧和后面留出至少10 cm (3.94 in.) 的空间。 确保QIAxcel Advanced 用于通风的狭缝和开口不得被遮挡。</p> <p>[W10]</p>
---	---

电源要求

QIAxcel Advanced在以下条件下操作：

- 100–240 VAC 50-60 Hz 360 VA

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

接地要求


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

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

拆开QIAxcel Advanced 的包装

在拆开QIAxcel Advanced 的包装之前，将包装搬到安装点，并确认包装上的箭头朝上。此外，检查包装是否受损。万一受损，请联系运输人员。

在抬动QIAxcel Advanced时，手指应位于仪器两侧的下方，并保持您的背部挺直。

<p>警告</p> 	<p>人身伤害和材料损坏的风险</p> <p>QIAxcel Advanced 非常重，一个人无法抬动。为避免人身伤害或仪器损坏，请勿单独搬抬仪器。</p> <p style="text-align: right;">[W2]</p>
---	---

在拆开QIAxcel Advanced 的包装之后，检查下列文件是否提供：

- 装箱单
- 保修登记表
- 快速入门指南

阅读装箱单，检查是否收到了所有配件。如果丢失任何物品，请联系QIAGEN 的技术服务部门。

软件CD中包含PDF版本的英文和中文的QIAxcel Advanced 用户手册。

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

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

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

安装QIAxcel Advanced

在操作QIAxcel Advanced之前：

- 运输锁必须取出
- 电源线必须安装
- 氮气瓶或外部氮气供应必须安装

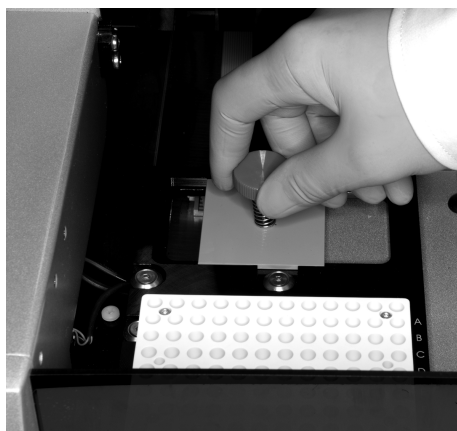
取出运输锁

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

注意：在运输仪器时，请重新装上运输锁。

按照下列步骤取出运输锁：

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



移除运输锁。

仪器安装

按照下列步骤安装QIAxcelAdvanced：

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

交流电源线的安装

按照下列步骤将QIAxcel Advanced 与电源插座连接：

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

氮气瓶的安装

重要：只使用QIAGEN 提供的氮气瓶 (货号 929705)。

1. 确保QIAxcel Advanced 的电源开关处于关 (off 关闭))的位置。
2. 打开氮气仓门，轻轻拉起氮气调节器的氮气瓶接口。请勿拉过制动孔。
3. 将氮气瓶顺时针拧入接口。
4. 转动，直至接口的针戳破氮气瓶。请勿拧得过紧；氮气瓶只能用手拧紧。
5. 轻轻放低氮气瓶到达装载 (平躺)位置。
6. 关闭氮气仓门。

或者，使用外部氮气供应，并连接到仪器后面。

QIAxcel ScreenGel 软件的安装

1.6 版 QIAxcelScreenGel 是第一个支持 Windows 10 64 位)的版本。QIAxcelScreenGel 的安装必须早于 QIAxcelAdvanced 与计算机的首次连接。用户必须具备 Windows 管理员权限方可安装 QIAxcelScreenGel，但这种权限要求仅针对软件安装。

有关计算机系统要求的详细信息，请参考 [计算机和软件](#) 章节。

1. 按计算机附带的计算机安装说明所述设置计算机。
2. 在安装QIAxcelScreenGel之前，关闭所有其他软件，并确保QIAxcelAdvanced 未连接至计算机。
3. 如果计算机上已安装旧版本的QIAxcelScreenGel软件，请参阅 [升级QIAxcelScreenGel软件](#) 章节。用户可使用专用更新软件包对软件进行更新。在此情况下，无法从CD 安装QIAxcelScreenGel软件。如果是首次安装软件，请遵循 [从CD 首次安装](#) 章节中提供的说明。首次安装只能从CD 进行。如果您之前安装过任何版本的QIAxcelScreenGel软件，并需要从CD 再次安装，请遵循 [从CD 重新安装](#) 程序。

注意：如适用，建议在所有安装步骤中使用默认设置。

我们建议不在计算机上安装除 QIExcelScreenGel 以外的任何其他 QIExcelAdvanced 控制软件。尤其不能安装 BioCalculator 软件。

但如果有必要在一段时间内在同一台计算机上安装这两款软件，请注意以下事项：

- 确保同一时间只打开一个软件。
- 如果要在 QIExcelScreenGel 与 BioCalculator 软件之间切换以运行 QIExcelAdvanced，请关闭打开的软件，使用电源开关关闭 QIExcelAdvanced，等待 20 秒后再次将其打开，然后再启动另一个软件。如果无法与仪器建立连接，可能需要重新启动计算机。

从 CD 首次安装

首次从 CD 安装 QIExcelScreenGel 软件时，请按下列步骤操作。

如果计算机中已安装该软件的旧版本，则无法从 CD 安装 QIExcelScreenGel 软件。请参阅 [QIExcelScreenGel 软件的安装](#) 章节。

前期需要完成的其他工作：

1. 确保计算机满足最低要求 (请参考 [计算机和软件](#) 章节)。
2. 使用拥有管理员权限的 Windows 帐户。
注意：仅在安装软件时要求具备 Windows 管理员权限。
3. 关闭计算机上运行的所有程序，并确保 QIExcelAdvanced 未连接至计算机 (即，从计算机上拔下电缆插头)。

首次从 CD 安装软件时：

4. 将 CD 放入计算机的 CD-ROM 驱动器。
5. 安装向导将自动开始安装 QIExcelScreenGel 软件并引导您完成安装过程。从下拉框中选择语言。
重要提示：如果安装向导未自动启动，双击“我的电脑”，然后双击 CD-ROM 驱动器。启动 setup.exe 程序。系统将开始安装 QIExcelScreenGel 软件。
注意：如适用，建议在所有安装步骤中使用默认设置。
注意：可在之后使用文件菜单切换已安装软件的语言。
6. 选择“安装 QIExcelScreenGel 软件”选项，开始进行安装。
注意：选择用户手册选项可以所选语言阅读用户手册。
7. 如果 Microsoft Visual C++ 2010 x86 Redistributable 尚未安装，此时将进行安装。在此情况下，会打开另一个对话框。接受许可协议并单击安装。单击完成完成该软件包的安装。如果您之前取消或关闭了对话框，QIExcelScreenGel 将无法运行。
8. QIExcelScreenGel 软件安装开始时如果所需版本的 Microsoft .NET Framework 尚未安装，将对其进行安装。在此情况下，会打开另一个对话框。单击安装以安装 Microsoft .NET Framework。这可能需要一些时间。如果您取消或关闭了对话框，QIExcelScreenGel 将无法运行。
9. 如果尚未安装 Microsoft .NET Framework 软件更新，将对其进行安装。在此情况下，会打开另一个对话框。单击“下一步”开始该软件包的安装。接受许可协议并单击下一步。单击完成完成该软件包的安装。如果您之前取消或关闭了对话框，QIExcelScreenGel 将无法运行。
10. 根据步骤 8-10 已安装的软件包情况，可能需要重新启动计算机，才能继续安装。重新启动后，安装程序会自动继续执行。
11. QIExcelScreenGel 安装向导打开。单击下一步。

12. 接受许可协议并单击下一步。
13. 选择程序安装路径。默认路径为 C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcelScreenGel。单击下一步。
注意:如果在 Windows 64 位系统中选择了 C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcelScreenGel, 安装将出现在 <%INSTALL_PATH_64%> 中。
14. 为采集的数据以及所有其他应用程序数据选择数据路径。默认路径为 <%DATA_PATH%>。单击下一步。
注意:不能将 C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcelScreenGel 选作数据路径。也不能将系统根路径 (例如 C:\Windows) 选作数据路径。

注意:本手册中所提及的路径都指的是 %DATA_DIR% 的数据路径。

注意:%DATA_DIR% 目录及其子目录可直接使用 QIAxcelScreenGel 软件的文件/打开数据目录菜单项在 Windows 资源管理器中打开。
15. 单击“安装”开始安装。这可能需要一些时间。
16. 如果计算机尚未安装驱动程序, 将打开“QIAGEN QIAxcelAdvanced 驱动程序安装程序”对话框。单击“下一步”。系统将安装驱动程序。单击“完成”完成驱动程序的安装。
17. 单击“完成”完成 QIAxcelScreenGel 安装向导。
18. 单击“退出”关闭安装窗口。
19. 将 QIAxcelAdvanced 连接到计算机。
20. 安装完毕后, QIAxcelScreenGel 软件便可从 Windows“开始”菜单下的 QIAGEN/QIAxcel 或桌面图标启动。可从 Windows“开始”菜单访问以可用语言版本提供的用户手册。

升级 QIAxcel ScreenGel 软件

要更新 QIAxcelScreenGel 软件, 计算机上必须已安装旧版本的软件, 并且必须使用升级软件包。升级软件包可从以下网址的“产品资源”下获取: www.qiagen.com/p/QIAxcel。更新前, 请阅读网页上提供的信息。实验和用户设置将得到保留。

可直接从任何旧版本的 QIAxcelScreenGel 软件升级到最新版本。此外, 还可以从旧的英文版本升级至其他可用的语言版本 (反之亦然)。

注意: 低于 1.4 版本的软件安装程序允许为当前用户或计算机的所有用户安装软件。如果当前安装的版本在安装时针对当前用户选择了特定选项, 则无法执行直接升级。在此情况下, [请先卸载软件](#) (所有实验、报告、用户创建的谱均将保留)。然后从 CD 重新安装任何可用版本的 QIAxcelScreenGel, 并确保为计算机的所有用户安装该版本。请按照 [从 CD 重新安装](#) 章节中的说明执行操作。从 CD 安装旧版本后, 请勿启动软件。使用更新软件包继续直接执行以下至更高软件版本的更新程序。如果软件版本低于计算机上最初安装的版本, 则无法启动中间安装。

前期需要完成的其他工作:

1. 确保计算机满足最低要求 (请参考 [计算机和软件](#) 章节)。
2. 使用拥有管理员权限的 Windows 帐户。
注意: 仅在安装软件时要求具备 Windows 管理员权限。
3. 关闭计算机上运行的所有程序, 并确保 QIAxcelAdvanced 未连接至计算机 (即, 从计算机上拔下电缆插头)。

使用从网站中下载的软件包更新软件：

4. 从 **QIAGEN** 网站上将最新版本的更新软件包下载到您的计算机上。可从以下网址的 **产品资源** 下获取：www.qiagen.com/p/QIAxcel。
5. 将更新软件包解压。
6. 启动 `setup.exe` 程序。系统将开始安装 **QIAxcelScreenGel** 软件。
7. 从下拉框中选择 **QIAxcelScreenGel** 软件的安装语言。
注意：可在之后使用文件菜单切换已安装软件的语言。
8. 选择 **“安装 QIAxcelScreenGel 软件”** 选项，开始进行安装。
9. 如果 **Microsoft Visual C++ 2010 x86 Redistributable** 尚未安装，此时将进行安装。在此情况下，会打开另一个对话框。接受许可协议并单击 **“安装”**。单击完成完成该软件包的安装。如果您之前取消或关闭了对话框，**QIAxcelScreenGel** 将无法运行。
10. **QIAxcelScreenGel** 软件安装开始时如果所需版本的 **Microsoft .NET Framework** 尚未安装，将对其进行安装。在此情况下，会打开另一个对话框。单击安装以安装 **Microsoft .NET Framework**。这可能需要一些时间。如果您取消或关闭了对话框，**QIAxcelScreenGel** 将无法运行。
11. 如果尚未安装 **Microsoft .NET Framework** 软件更新，将对其进行安装。在此情况下，会打开另一个对话框。单击 **“下一步”** 开始该软件包的安装。接受许可协议并单击下一步。单击完成完成该软件包的安装。如果您之前取消或关闭了对话框，**QIAxcelScreenGel** 将无法运行。
12. 根据步骤 8 -10 已安装的软件包情况，可能需要重新启动计算机，才能继续安装。重新启动后，再次启动 `setup.exe` 程序，并选择 **“安装 QIAxcelScreenGel 软件”**。
13. **QIAxcelScreenGel** 安装向导打开。单击下一步。
14. 接受许可协议并单击下一步。
15. 选择程序安装路径。默认路径为 `C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcelScreenGel`。单击下一步。
注意：如果在 **Windows 64 位** 系统中选择了 `C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcelScreenGel`，安装将出现在 `<%INSTALL_PATH_64%>` 中。
16. 为采集的数据以及所有其他应用程序数据选择数据路径。请使用与所安装软件版本相同的数据路径。默认路径为 `<%DATA_PATH%>`。单击下一步。
注意：不能将 `C:\Program Files\QIAGEN\QIAxcelScreenGel` 选作数据路径。也不能将系统根路径（例如 `C:\Windows`）选作数据路径。

注意：本手册中所提及的路径都指的是 `%DATA_DIR%` 的数据路径。

注意：`%DATA_DIR%` 目录及其子目录可直接使用 **QIAxcelScreenGel** 软件的 **“文件/打开数据目录”** 菜单项在 **Windows 资源管理器** 中打开。
17. 单击 **“安装”** 开始安装。这可能需要一些时间。
注意：使用 1.0.0 或 1.0.2 版本的 **QIAxcelScreenGel** 软件创建的参照 `marker` 在安装时将被移除。必要时，可再次通过相应的 `size marker` 运行创建参照 `marker`。
18. 如果计算机尚未安装驱动程序，将打开 **“QIAGEN QIAxcelAdvanced 驱动程序安装程序”** 对话框。单击 **“下一步”**。系统将安装驱动程序。单击 **“完成”** 完成驱动程序的安装。
19. 单击完成完成 **QIAxcelScreenGel** 安装向导。单击退出关闭安装窗口。
20. 将 **QIAxcelAdvanced** 连接到计算机。
21. 安装完毕后，**QIAxcelScreenGel** 软件便可从 **Windows 开始** 菜单下的 **QIAGEN/QIAxcel** 或桌面图标启动。可从 **Windows 开始** 菜单访问以可用语言版本提供的用户手册。
22. 使用之前创建的用户 **ID** 之一登录。

注意：无法从 BioCalculator 软件更新至 QIaxcelScreenGel 软件。但可以导入 BioCalculator 软件的运行文件。请参阅 [导入 BioCalculator 数据](#) 章节了解详细信息。无法导入为 BioCalculator 软件创建的运行设置或方法文件。

从 CD 重新安装

注意：低于 1.4 版本的软件安装程序允许为当前用户或计算机的所有用户安装软件。请务必使用为计算机所有用户安装软件的选项。

注意：不建议将 QIaxcelScreenGel 软件降级（即，将软件的新版本替换为旧版本）。使用新版本创建的实验和谱无法用于旧版本。但是，可能有必要从 CD 重新安装旧版本的软件，以执行升级。在此情况下，从 CD 重新安装软件后，请勿启动软件。而应继续直接执行上述更新程序。如果软件版本低于计算机上最初安装版本，则无法启动中间安装。

如果您之前安装过任何版本的 QIaxcelScreenGel 软件，并需要从 CD 再次安装 QIaxcelScreenGel 软件，请按下列步骤操作。

前期需要完成的其他工作：

1. 确保计算机满足最低要求（请参考 [计算机和软件](#) 章节）。
2. 使用拥有管理员权限的 Windows 帐户。
注意：仅在安装软件时要求具备 Windows 管理员权限。
3. 关闭计算机上运行的所有程序，并确保 QIaxcelAdvanced 未连接至计算机（即，从计算机上拔下电缆插头）。

要从 CD 重新安装：

4. 确保您已知晓所安装的 QIaxcelScreenGel 软件的数据路径。或者，启动已安装的 QIaxcelScreenGel 软件并登录。在文件菜单中选择打开数据目录。让启动的 Windows 资源管理器保持打开状态，并关闭软件。
5. [通过](#) Windows 控制面板卸载已安装的 QIaxcelScreenGel 软件。
6. 如果正在对 QIaxcelScreenGel 软件进行降级，则重命名或移动现有版本的数据目录。
7. 将 CD 放入计算机的 CD-ROM 驱动器。
8. 安装向导将自动开始安装 QIaxcelScreenGel 软件并引导您完成安装过程。该向导支持 QIaxcelScreenGel 软件的安装。从下拉框中选择语言。
重要提示：如果安装向导未自动启动，双击“我的电脑”，然后双击 CD-ROM 驱动器。启动 setup.exe 程序。系统将开始安装 QIaxcelScreenGel 软件。
注意：可在之后使用文件菜单切换已安装软件的语言。
9. QIaxcelScreenGel 需要使用由 Microsoft 提供的多个软件包。如果系统上未安装这些软件包，将在 QIaxcelScreenGel 软件安装开始时自动安装。当屏幕上显示相应对话框时，单击“安装”按钮安装这些必需的软件包。根据已安装软件包情况，可能需要重新启动系统才能继续安装。重新启动后，安装程序会自动继续执行。
10. 选择“安装 QIaxcelScreenGel 软件”选项，开始进行安装。
11. 低于 1.4 版本的软件安装程序允许为当前用户或计算机的所有用户安装软件。请务必使用为计算机所有用户安装软件的选项。
12. 接受许可协议。
13. 选择程序安装路径。默认路径为 C:\Program Files\QIAGEN\QIaxcelScreenGel。
14. 为采集的数据以及所有其他应用程序数据选择数据路径。默认路径为：

- Microsoft Windows XP Professional - C:\Documents and Settings\All Users\Application Data\QIAGEN\QIExcel\ScreenGel
- Microsoft Windows 7 Professional - C:\ProgramData\QIAGEN\QIExcel\ScreenGel

如果您从 CD 重新安装旧版本的软件，作为更新至最新版本的先决条件，请选择步骤 4 提及的路径。

如果执行的是降级，则所选数据路径中不得包含之前已安装版本的任何文件。尤其不能选择步骤 6 中已经过重命名的目录。

注意：不能将 C:\Program Files\QIAGEN\QIExcel\ScreenGel 选作数据路径。也不能将系统根路径（例如 C:\Windows）选作数据路径。

注意：使用 1.0.0 或 1.0.2 版本的 QIExcelScreenGel 软件创建的参照 marker 不能用于其他软件版本。必要时，可再次通过相应的 size marker 运行创建参照 marker。

注意：本手册中所提及的路径都指的是 %DATA_DIR% 的数据路径。

注意：%DATA_DIR% 目录及其子目录可直接使用 QIExcelScreenGel 软件的文件/打开数据目录菜单项在 Windows 资源管理器中打开。

15. 安装完成后，单击退出以关闭安装窗口。
16. 如果您从 CD 重新安装旧版本的软件，作为更新至最新版本的先决条件，请勿启动所安装的旧版本软件。继续直接执行 [更新程序](#)。执行更新程序时，使用与步骤 14 所使用的相同的数据路径。
17. 安装完毕后，QIExcelScreenGel 软件便可从 Windows 开始”菜单下的 QIAGEN/QIExcel 或桌面图标启动。可从 Windows 开始”菜单访问以可用语言版本提供的用户手册。

注意：降级时，可能会出现错误消息，指出其中一个 Microsoft 软件包无法安装，或者安装后 QIExcelScreenGel 软件无法启动。如果该计算机旨在作为 QIExcelScreenGel 软件的专用计算机，请访问 Windows 控制面板并卸载 QIExcelScreenGel 软件，以及所有以 Microsoft Visual C++ 20xx Redistributable -...”开头的项目和 Microsoft .NET Framework”项目。然后再次尝试安装 QIExcelScreenGel 软件。如果问题仍然存在，请联系 QIAGEN 技术服务部门。如果并不打算将该计算机用作 QIExcelScreenGel 软件的专用计算机，在卸载列出的项目时应小心谨慎。计算机上运行的其他软件也可能会使用这些项目。请备好其他软件的安装数据包，以便在需要修复时使用。

卸载软件

注意：如果您想更新软件，请勿将软件卸载。请按照 [升级 QIExcelScreenGel 软件](#) 章节中的说明执行操作。

卸载 QIExcelScreenGel 软件时，数据文件夹内的所有数据均将保留。

如果您想将 QIExcelScreenGel 软件连同所有数据（实验、报告）一并从 %DATA_DIR% 卸载，请确保您已知晓所安装的 QIExcelScreenGel 软件的数据路径。或者，启动已安装的 QIExcelScreenGel 软件并登录。在文件菜单中选择打开数据目录。让启动的 Windows 资源管理器保持打开状态。

要卸载 QIExcelScreenGel，按以下步骤操作：

1. 关闭 QIExcelScreenGel 软件。
2. 单击 Windows 开始菜单并选择控制面板，以打开控制面板。
3. 根据您的布局设置，单击程序和功能或添加/卸载程序。
4. 选择要卸载的 QIExcelScreenGel 并单击卸载。
注意：根据 Windows 配置，可能会有弹出消息询问您是否允许安装程序。允许程序进行安装。
5. 安装程序窗口随即打开。单击卸载。
6. 按照安装程序中的说明执行卸载。

7. 最后, 单击退出关闭安装程序窗口。

如果您想将 QIAxcelScreenGel 软件连同所有数据一并卸载, 请切换到 Windows 资源管理器, 然后再卸载软件。从数据文件夹中删除数据。

QIAxcel ScreenGel 软件使用入门


请在使用软件之前, 阅读软件的 [概念](#)。阅读之后, 再对软件进行设定。该项操作需要 Administrator (管理员) 角色的用户才能执行。

1. 从 Windows 开始菜单中的 QIAGEN™/“QIAxcel”目录或从桌面图标开始运行 QIAxcel ScreenGel 软件。
2. 作为 Administrator (管理员) 登录并点击 “OK” (首次登录时无需输入密码)。
3. 为 Administrator 账户设置有效密码。将旧密码一项的输入框空置, 输入一组新的有效密码, 之后再输入一次。

注意: 密码必须包含一个大写字符, 一个小写字符和一个数字。密码的最短长度为 8 个字符。

4. 默认情况下会显示 配置”环境。选择 用户管理”标签。
5. 为所有相关用户创建账户。如需更详细的信息, 请参考 [用户管理](#) 以及 [用户角色](#)。
6. 设定用于连接 QIAxcel Advanced system 的 COM 通道。默认选项为 COM1 通道。如需更详细的信息, 请参考 [设置](#)。
7. 进行 QIAxcel ScreenGel 软件的通用设定。如需更为详细的信息, 请参考 [设置](#)。

打包QIAxcel Advanced

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

如果您需要运输QIAxcel Advanced，按照下列步骤打包仪器：

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


操作程序


本章介绍了如何操作QIAxcel Advanced。

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

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

注意:在QIAxcel Advanced运行过程中打开卡夹门或样品门,将导致系统停止它正在进行的操作。正在进行的任何样品所运行的操作都无法恢复。不过由于样品使用体积小,可重新运行样品。

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

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

拆开 QIAxcel 试剂盒的包装

1. 在开始之前,仔细阅读QIAxcel 试剂盒附带的操作手册。
2. 从试剂盒中取出所有缓冲液瓶。试剂盒内容的详细描述请参阅操作手册。
3. 向QX Cartridge Stand QX卡夹座, QIAxcel 仪器所提供)的两个储液槽中分别加入10 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液),并用2 ml 矿物油覆盖。
4. 从包装中取出QIAxcel 凝胶卡夹,并用柔软的纸巾小心擦去毛细管吸头的软凝胶碎片。
注意: QIAxcel 凝胶卡夹上附带一个智能钥匙,它用于卡夹的全自动监测。请勿从卡夹上取下智能钥匙。
5. 从QIAxcel 凝胶卡夹背面取下排胶进气口密封贴片,将卡夹放置在QX Cartridge Stand (QX卡夹座)中。
注意: 须使用柔软的纸巾擦去可能从进气口渗漏出来的凝胶。
注意: 确保毛细管吸头浸没在QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)中。
6. 重要:在使用前,新卡夹须在室温下平衡至少20分钟。将凝胶卡夹放置于QX Cartridge Stand (卡夹座)中,使用QX Cartridge Stand Cover (卡夹座罩盖)避光,或将卡夹在仪器内锁止并置于“停靠”位置,同时保证装好各种缓冲液的缓冲液槽已正确放入仪器且位于停靠位置,在室温(15–25°C)放置平衡至少20分钟。不要将凝胶卡夹置于试剂盒纸盒中,或留在黑色的卡夹塑料包装壳内进行平衡。
注意: 不正确地操作卡夹或不足的平衡时间都可能导致QIAxcel仪器的损坏和导致保修失效。



QX Cartridge Stand中的QIAxcel凝胶卡夹。

安装 QIAxcel Advanced

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

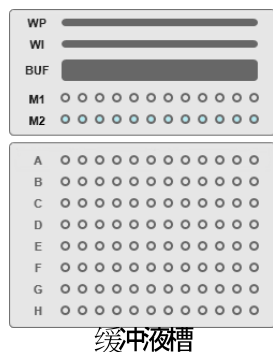
准备缓冲液槽

开始之前的重要事项

- 如果使用预分装的alignment marker，则应将装有QX Alignment Marker 的12 联管平衡至室温（15–25°C），并在使用前短暂离心。
- 在使用QIAxcel DNA试剂盒时，我们建议每50 次运行或每3 天更换一次alignment marker，两者取其先。可能还需要购买更多的marker 和缓冲液（订购信息请参阅附录C）。
- 在使用QIAxcel RNA QC Kit v2.0 时，我们建议每15 -20次运行或每3 天更换一次alignment marker，两者取其先。可能还需要购买更多的marker 和缓冲液（订购信息请参阅附录C）。
- 在不使用时，装有QX Alignment Marker 的12 联管应储存于-20°C。
- 卡夹所提供的QX Separation Buffer（分离缓冲液）和QX Wash Buffer（洗涤缓冲液）足够用于凝胶卡夹的最多次运行。
- 12 联管应松散地放在“MARKER1”位置。联管在管槽内卡得太紧或太松都可能带来吸样问题，并损坏卡夹的毛细管。
- 所有试剂都平衡至室温后方可使用。

操作步骤

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





卡夹类型	缓冲液槽的位置		
	Wash Park (洗涤停靠) (WP)	Wash Inject (洗涤吸取) (WI)	Buffer (缓冲液) (BUF)
DNA High Resolution (DNA 高分辨率)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	18 ml QX DNA Separation Buffer (分离缓冲液)
DNA Screening (DNA 筛选)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	18 ml QX DNA Separation Buffer (分离缓冲液)
DNA Fast Analysis (DNA快速分析)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	18 ml QX FA DNA Separation Buffer (FA 分离缓冲液)
RNA	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	8 ml QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)	18 ml QX RNA Separation Buffer (分离缓冲液)

3. 向上面3个位置加入矿物油，以防止蒸发。在“WP”和“WI”位置加入2 ml 矿物油，在“BUF”位置加入4 ml 矿物油。
4. 向QX 0.2 ml 12 联管的每孔中加入15 µl QX Alignment Marker，或使用预先分装好的联管。
5. 向每孔中加入1 滴矿物油，将联管插入缓冲液槽的“M1”位置。
6. 如果卡夹尚未校正，向每个QX 有色的0.2 ml 12 联管加入15 µl QX Intensity Calibration marker (强度校准 Marker)。再各加入一滴矿物油，将联管插入缓冲液槽的“M2”位置。


加载缓冲液槽

如果尚未使用：

1. 使用电源开关打开 QIaxcelAdvanced。
2. 打开计算机，从 Windows 开始”菜单下的 QIAGEN QIaxcel 或从桌面图标启动 QIaxcelScreenGel 软件。
3. 在 QIaxcelScreenGel 软件中，选择一个模式 (DNA 或 RNA) 并登录 (有关详细信息，请参阅 [用户认证](#) 章节)。运行环境将打开并显示运行向导的运行谱的第一个屏幕。

注意： 图标表示正在建立连接， 图标表示 QIaxcelAdvanced 已连接。如果仪器无法连接，将显示一则消息，通知您仪器不可用。如果此时您未打开仪器，请单击不需要仪器。如果您需要仪器，请单击故障排除。

按消息中提供的说明操作。有关更详细的说明，请参阅 [故障排除](#) 章节的 [系统安装](#) 部分。关闭消息。要尝


试重新连接到仪器，单击  图标。

注意：QIaxcelScreenGel 软件将针对序列号为 30281 以及拥有更高序列号的 QIaxcelAdvanced 仪器提供最新的仪器软件。如果软件是第一次连接到仪器，它会检查仪器上的仪器软件是否为最新版本。如果不是，将会更新仪器软件。此过程需要几分钟的时间才能完成。在此期间将显示一则消息。请等待更新操作完成。在更新完成前，请勿关闭仪器、拔除计算机与仪器之间的连接线缆，或关闭 QIaxcelScreenGel 软件。成功更新后，QIaxcelScreenGel 软件会自动连接到仪器。


按照下列步骤加载缓冲液槽：

1. 关闭卡夹门和样品门。

注意：在仪器操作过程中，QIaxcel Advanced 的卡夹门、样品门必须保持关闭。操作过程中打开任何门将导致系统停止它正在进行的操作。

2. 点击左侧 [状态信息](#) 面板中左侧的 ，将缓冲液槽支架移至仪器前方。等待缓冲液槽支架到达其停止位置。
3. 打开样品门。
4. 小心将装好的缓冲液槽放入缓冲液槽支架。注意不要将溶液洒在仪器内，或造成缓冲液槽中液体之间的交叉污染。

注意：12 联管应对着仪器前面，而缓冲液对着仪器后面。

5. 关闭样品门，点击 [状态信息](#) 面板中的 ，将缓冲液支架移至 **Wash Park** (洗涤停靠) 的位置。

注意：如果您随后马上加载样品，可让样品门开着。

注意：如果您关闭样品门，则缓冲液槽会在 5 分钟后自动移至 **Wash Park** (洗涤停靠) 的位置。

安装 QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙

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

1. 从QX Cartridge Stand (卡夹座)中取出QIAxcel 凝胶卡夹。
2. 打开卡夹门，在QIAxcel Advanced 中插入QIAxcel 凝胶卡夹。卡夹的描述标签应对着前方，而排胶进气口应对着仪器后方。

注意：确保排胶进气口密封贴片已取下，如同[拆开QIAxcel 试剂盒的包装](#)中所描述的。

3. 将智能钥匙插入卡夹附近的智能钥匙插槽。智能钥匙可以任意方向插入。

注意：如果智能钥匙未插入，则系统将不识别卡夹，也不会操作。

注意：如果设置选项“自动锁止卡夹”被选择，则卡夹将在智能钥匙被检测到之后自动锁止。因此，在插入卡夹之后应尽快插入智能钥匙。请参阅[设置](#)章节，了解设置的更多信息。

4. 关闭卡夹门。

卡夹ID 和卡夹类型将自动显示在[状态信息](#)面板中的“卡夹状态”中。

The screenshot shows the 'Instrument Status' (仪器状态) panel. Under 'Cartridge Status' (卡夹状态), it displays: Cartridge ID (卡夹 ID) as C140905A99, Cartridge Type (卡夹类型) as DNA Screening, Remaining Cycles (剩余轮次) as 82, Remaining Calibration Cycles (剩余校准轮次) as 2, Expiry Status (过期状态) as Valid (有效), and Calibration Status (校准状态) as OK. Under 'Calibration Details' (校准详细信息), it shows the Calibration Date (校准日期) as 9/5/2014 5:16:25 PM and the Person Who Accepted Calibration (接受校准人) as Sales. A table below lists 12 channels with their respective area, calibration factor, and result (all '合格').

通道	面积	校准因子	结果
1	0.0051	1.4144	合格
2	0.0051	0.9689	合格
3	0.0050	0.8727	合格
4	0.0045	1.0018	合格
5	0.0047	0.8044	合格
6	0.0045	0.7396	合格
7	0.0051	1.0330	合格
8	0.0054	1.1428	合格
9	0.0051	2.0957	合格
10	0.0049	0.7969	合格
11	0.0051	1.1086	合格
12	0.0051	0.7276	合格

卡夹状态区

移除 QIAxcel 凝胶卡夹

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

1. 按照[拆开QIAxcel 试剂盒的包装](#)中的描述,准备QX Cartridge Stand (卡夹座)。
2. 打开卡夹门。
3. 取出智能钥匙。
注意: 如果选择了“自动锁止卡夹”设置选项,则卡夹将在智能钥匙被取出之后自动解锁。因此,在取出卡夹之前应先取出智能钥匙。请参阅[设置](#)章节,了解设置的更多信息。
注意: 如果QIAxcel Advanced 是打开的,且“自动锁止卡夹”未勾选,则需确保QIAxcel 凝胶卡夹未锁止。如果已锁,请执行解锁操作。关于如何解锁,请参阅[状态信息](#)面板章节。
4. 取出QIAxcel 凝胶卡夹。
5. 在排胶进口气贴上密封贴片。
6. 将QIAxcel 凝胶卡夹置于QX Cartridge Stand (卡夹座)中。
注意: 确保毛细管吸头浸没在QX Wash Buffer (洗涤缓冲液)中。

储存 QIAxcel 凝胶卡夹

QIAxcel DNA 凝胶卡夹到货后的储存

QIAxcel DNA High Resolution Kit和QIAxcel DNA Screening Kit中的所有组分,除凝胶卡夹和QX Intensity Calibration Marker (强度校准Marker)外,都可储存于干燥室温(15–25°C),其在此条件下可保持稳定直至过期。

QIAxcel 凝胶卡夹和QX Intensity Calibration Marker (强度校准Marker)到货后应立即储存于2–8°C,其在此条件下可保持稳定直至过期。

QIAxcel DNA Fast Analysis Kit中的所有组分,除QIAxcel 凝胶卡夹、QX Intensity Calibration Marker、QX DNA Size Marker 50 bp–1.5 kb 和QX Alignment Marker 15bp/3 kb 外,都可以干燥室温条件保存。QIAxcel 凝胶卡夹和所有marker 都应到货后立即储存在2–8°C,其在此条件下可保持稳定直至过期。

QIAxcel RNA 凝胶卡夹到货后的储存

QX RNA Size Marker 200–6000 nt 应储存于–20°C 至–80°C，其在此条件下可保持稳定直至过期。

QX RNA Denaturation Buffer (变性缓冲液) 应储存于2–8°C，其在此条件下可保持稳定直至过期。

QIAxcel RNA QC Kit v2.0中的其他组分，除QIAxcel凝胶卡夹外，都可在室温 (15–25°C)下储存，其在此条件下可保持稳定直至过期。

QIAxcel凝胶卡夹应储存于2–8°C，其在此条件下可保持稳定直至过期。

偶尔使用

在第一次使用前，将QIAxcel DNA 和RNA 凝胶卡夹储存于2–8°C。如果QIAxcel凝胶卡夹不是每天使用，请用排胶进气口密封贴片密封进气口，将QIAxcel 凝胶卡夹放回黑色塑料壳包装，将毛细管吸头插入软胶中，并垂直储存在2–8°C (详见包装上的方向指示标签)。

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

在使用之前，QIAxcel 凝胶卡夹应放入QX Cartridge Stand (卡夹座)中，盖上罩盖，避免光线照射，静置至少20 分钟。

日常使用

如果QIAxcel 凝胶卡夹是每天使用，则卡夹可锁止在QIAxcel Advanced中的“停靠”位置。

注：如果卡夹储存在“停靠”位置，则QIAxcel Advanced必须保持在开着的状态，且卡夹须锁止。请勿关闭QIAxcel Advanced 的电源。

如果每天使用不止一个QIAxcel 凝胶卡夹，将第二个卡夹放入QX Cartridge Stand (卡夹座)中，避光或盖上罩盖。确保QX Cartridge Stand (卡夹座)的储液槽装有wash buffer (洗涤缓冲液)并覆盖矿物油 (请参阅[拆开 QIAxcel 试剂盒的包装部分](#))。或者，用排胶进气口密封贴片密封进气口，将QIAxcel 凝胶卡夹放回黑色塑料壳包装，将毛细管吸头插入软胶中，并垂直储存在室温 (详见包装上的方向指示标签)。

QIAxcel 凝胶卡夹可按此方式储存，直至卡夹标签上显示的失效日期。

操作 QIAxcel Advanced

样品可使用QIAxcel ScreenGel软件的“运行”环境来进行操作。

取决于用户登录的角色，软件行为不同。以 **Routine User** (常规用户) 角色登录的用户开始一项运行操作时会逐步获得引导。以 **Advanced User** (高级用户) 角色登录的用户将不会得到逐步引导，他们在开始运行操作时可自由定义分析和运行谱的参数。

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

开始之前的准备事项

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

注意：请参阅 [启动运行](#) 部分中的第 1、2、3、4、7 和 8 步，了解 alignment marker 或 size marker 的更多信息。这些步骤稍后可能会跳过。所需的 alignment marker 显示在软件中，可以现在准备。

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

注意：如果您需要把 size marker 和样品同时并行运行，请按样品板中要求的位置放置 size marker，请参阅 QIAxcel 试剂盒所附带的操作手册来准备 size marker。



注意	卡夹损坏 [C5] 如果处理少于 12 例样品，请分别使用 QX DNA Dilution Buffer (DNA 稀释缓冲液) 或 QX RNA Dilution buffer (RNA 稀释缓冲液) 填充空白的样品孔。如未进行此操作，可能会导致这些对应的毛细管道损坏。
----	--




启动运行

Routine User (常规用户)只能通过QIAxcel ScreenGel软件的运行向导运行预设好的“运行谱”(关于高级运行选项,请参阅[使用高级选项运行一个进程](#)章节)。**Routine User** (常规用户)请按照以下步骤进行运行:

1. 使用电源开关打开 QIAxcelAdvanced。
2. 打开计算机,从 Windows 开始”菜单下的 QIAGEN QIAxcel 或从桌面图标启动 QIAxcelScreenGel 软件。
3. 在 QIAxcelScreenGel 软件中,选择一个模式 (DNA 或 RNA) 并登录 (有关详细信息,请参阅[用户认证](#) 章节)。运行环境将打开并显示运行向导的运行谱的第一个屏幕。

注意:  图标表示正在建立连接,  图标表示 QIAxcelAdvanced 已连接。如果仪器无法连接,将显示一则消息,通知您仪器不可用。如果此时您未打开仪器,请单击不需要仪器。如果您需要仪器,请单击故障排除。

按消息中提供的说明操作。有关更详细的说明,请参阅 [故障排除](#) 章节的 [系统安装](#) 部分。关闭消息。要尝试重新连接到仪器,单击  图标。

注意: QIAxcelScreenGel 软件将针对序列号为 30281 以及拥有更高序列号的 QIAxcelAdvanced 仪器提供最新的仪器软件。如果软件是第一次连接到仪器,它会检查仪器上的仪器软件是否为最新版本。如果不是,将会更新仪器软件。此过程需要几分钟的时间才能完成。在此期间将显示一则消息。请等待更新操作完成。在更新完成前,请勿关闭仪器、拔除计算机与仪器之间的连接线缆,或关闭 QIAxcelScreenGel 软件。成功更新后, QIAxcelScreenGel 软件会自动连接到仪器。

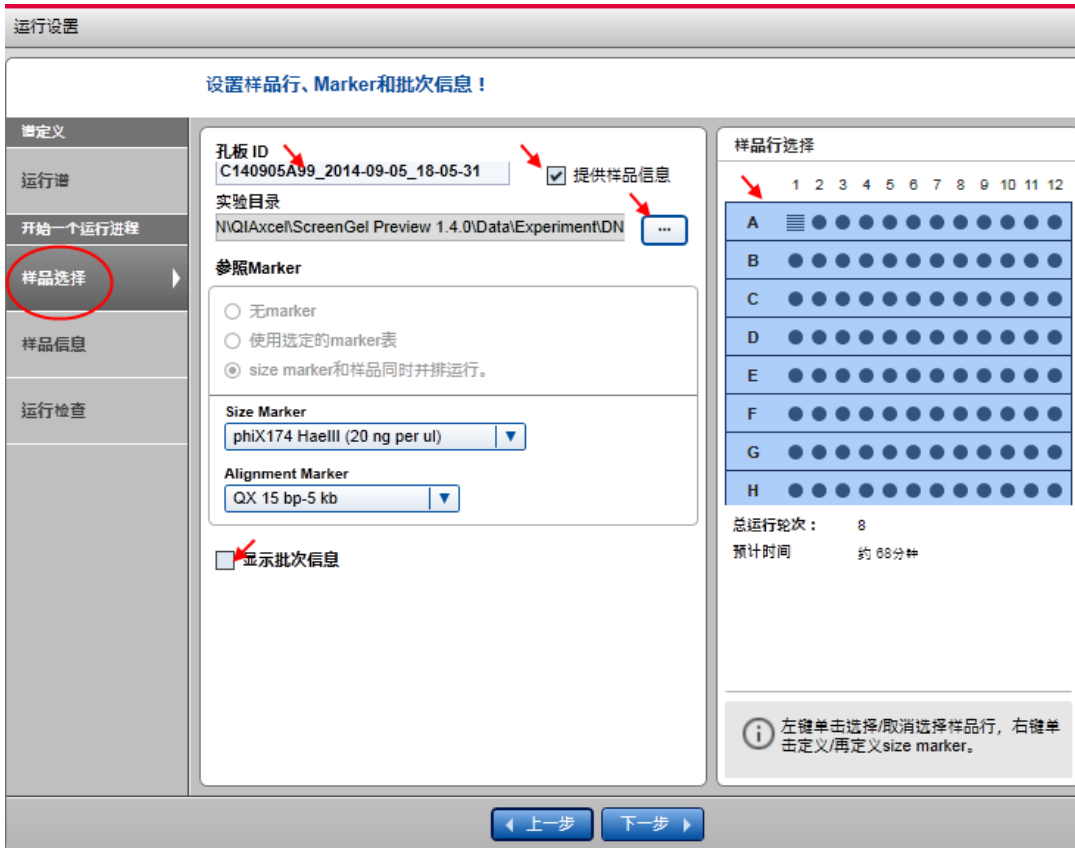
4. 按照 [安装QIAxcel 凝胶卡夹和智能钥匙](#) 部分中的描述安装QIAxcel凝胶卡夹。
注意: 您可以在“运行”环境左侧的“状态信息”面板中检查卡夹状态。请参考 [状态信息”面板](#) 章节以获得更为详细的信息。
5. 请按照 [加载缓冲液槽](#) 部分中的描述,将装有 QX Alignment Marker 的缓冲液槽放置于缓冲液槽支架上。
6. 将样品联管 (置于 A 位置) 或一个 96 孔板放置于样品孔板支架上。
7. 关闭样品门。
注意: 如果仪器门处于关闭状态,则缓冲液槽将在五分钟之后自动移动至“Wash park (洗涤停靠)”位置。
8. 在 QIAxcel ScreenGel 的“运行谱”界面中选择一个预设的运行谱。



“运行谱”界面。

注意：在 DNA 模式下，运行谱下拉列表不会并行显示包含峰检出和分布分析的谱。如果列表中缺少某个谱，请为包含 **DNA 信息库或**基因组 DNA 的样品激活分布分析功能，为快速分析**或**标准 DNA 分析激活峰检出功能。要执行这些操作，请从左上角的视图菜单中选择激活分布分析功能或激活峰检出功能。此设置因用户而异。当您在分析环境中打开一个包含峰检出或分布分析的实验进行分析时，它可能会自动发生变化。

9. 单击“下一步”按钮进入下一界面“样品选择”。



“样品选择”界面。

10. 您可以任意更改实验文件的保存目录。该目录可以设为本地或网络地址。
 注意：只有当所使用的运行谱允许时，此目录才会被更改 参见 [选择常规运行选项](#) 章节)。

11. 可任意改变孔板ID。

注意：孔板ID 将被用于命名该运行进程的全部结果，以储存实验样品数据，以及生成的报告/导出文件。因此，需要指定一个唯一的孔板ID。请参见 [运行参数与结果结构](#) 部分以获得更多信息。

注意：软件仅允许使用字母数字字符来定义孔板ID 这意味着括号、如ä或μ一类的特殊文字，以及& % \$ % % ` @ * + ~ # = < > | ; 等特殊字符将无法使用。)软件将会自动移除开始和结尾处的空格。

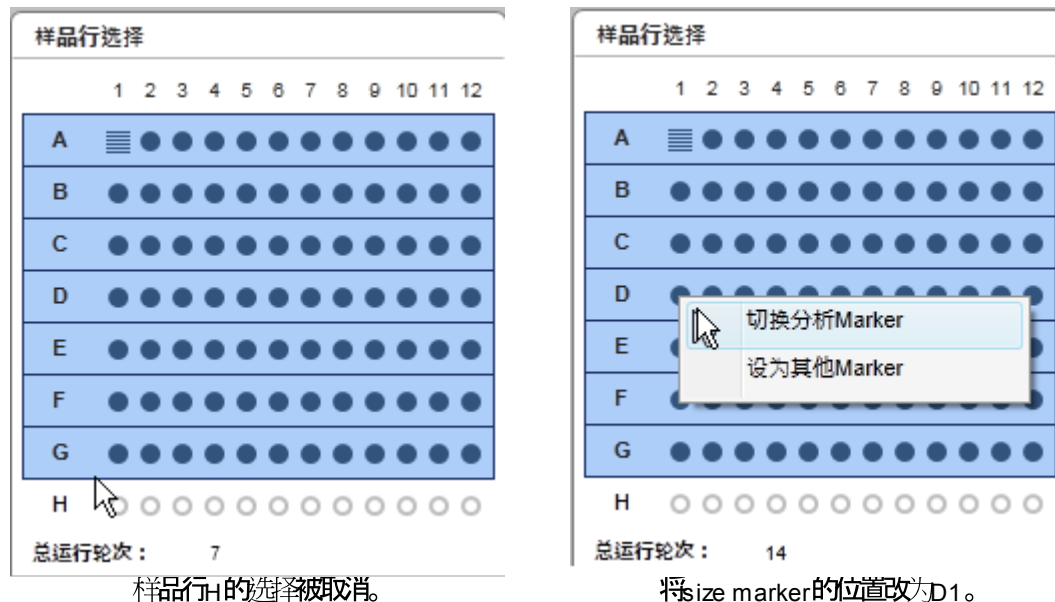
注意：在运行进程完成后，孔板ID将无法进行修改。

注意：如果选择了“生成孔板ID”的设置选项，系统将自动按照设置中指定的原则生成孔板ID。请参考 [设置](#) 部分以获得更多信息。不过，孔板ID可以被修改。

12. 您可以任意改变需处理的样品行选择。如果您需要处理的样品少于运行谱中所指定样品行，请使用本选项。在行上左键单击来取消选择/选择行。

注意：只有当所使用的运行谱允许时，才可更改样品行（参见[选择运行参数](#)）。

注意：当行中包含一个size marker时，无法取消对一个行的选择。如果您需要这样做，请先进至下一步，再进行取消行的操作。



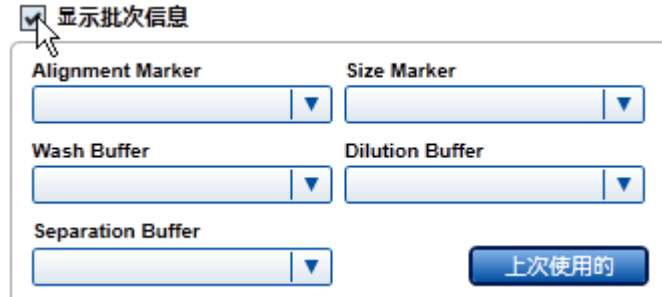
13. 您可以通过在新的marker位置右键单击，对孔板上size marker的位置进行任意更改。从弹出的关联菜单中选择“切换分析Marker”。如果运行谱中包含了分析步骤，则这一size marker在进程中将用于自动分析操作。

注意：只有当所使用的运行谱允许时，才能更改size marker的位置（参见[选择运行参数](#)）。

可选：如果您在样品孔板中还有其他的size marker，请右键单击该size marker位置并从弹出的关联菜单中选择“设为其他marker”选项。此时将出现一个旋转90度的梯子图标。再次右键单击，从关联菜单中选择“Size Marker名称”。在处理进程中，本信息可用于手动分析，但无法用于自动分析。

14. 如果选择了“无Marker”选项，请从“Alignment Marker”下拉框中选择预先准备好的alignment marker。如果您将“Alignment Marker”下拉框留空，则之后需要在“运行检查”界面中确认一个相关的警告。

15. 可选: 勾选“显示批号信息”选框, 来提供缓冲液和marker的批号信息, 并在显示出的输入栏中对批号信息进行编辑。




可见的批号信息编辑域。

注意: 仅当 启用缓冲液批号ID的输入栏”或 “..Marker 批号ID”设置选项被选定时, 本项才可用 (参见 [设置](#)。)

注意: 可从下拉列表中选择最近使用的批号信息。通过单击“上次使用的”按钮, 可调用最近一次使用的批号信息组合。

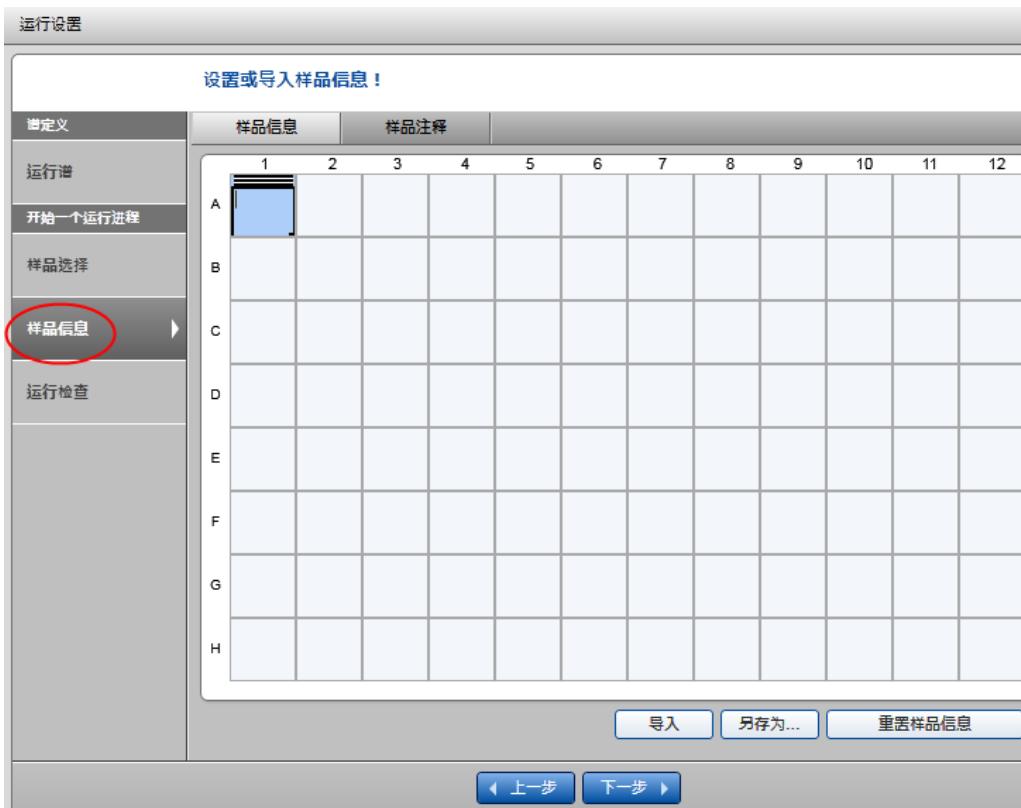
16. 可选: 如果您希望提供样品信息, 请勾选“提供样品信息”选框。如果无需提供, 请进入步骤19。



“提供样品信息”选框已勾选。

注意: 如果勾选了此选项, 则会激活“样品信息”界面。

17. 单击“下一步”按钮, 进入下一界面“样品信息”。



“样品信息”界面。

18. 可选: 如需提供样品信息, 可进行手动输入或从文件进行导入。
- 手动提供样品信息时, 向窗格中直接输入样品信息。默认条件下会预先选定A1位置。请按下 **Enter** (回车) 或 **Tab** 键以确认每一位置的信息; 下一位置将被自动选择, 以供下一次输入。如需提供某一特定位置的样品信息, 请单击该位置并输入样品信息。
- 如需将所提供的样品信息保存为“**rack file** (文件)”的格式 以供下次重新使用, 请单击“另存为”按钮。请在弹出的对话框中, 浏览至需要储存样品信息的目录, 键入一个唯一的文件名, 再单击 **OK**”。
- 如需从一个文件导入样品信息, 请单击“导入”按钮。您可在所弹出对话框的下方选择需要导入的文件类型。对话框中将列举可选的文件类型。或者您可任意浏览样本信息的存储目录, 选定文件并单击 **OK**”。导入的数据将覆盖所有之前提供的样本信息。
- 如需输入样品注释, 单击“样品注释”。如需在特定位置输入注释, 在“样品注释”选项卡中单击相应单元格并输入文本。
- 注意: 样品注释也可从文件中和样品信息一同导入。[提供样品信息](#)
- 如需更为详细的信息, 请参考章节 [显示样品信息](#), 或在窗格中单击一个位置, 并按下F1键。
- 注意: **size marker**的位置以“梯子”符号表示。
- 注意: 点击“重置”按钮来清除样品信息; 使用箭头和 **Tab** / **Shift+Tab** 键在不同位置之间导航。
19. 单击“下一步”按钮, 进入下一界面“运行检查”。



“运行检查”界面与“样品”开启的错误提示。

20. 确认所有的复选框。解决警告和错误所提示的相关问题。使用“后退”和“下一步”来进行导航。
注意: 只有当所有的运行检查都被确认, 且未显示错误/警告时, 才能启动该运行进程。

注意: 可能需要将操作 [移交](#) 给一位高级用户。

注意: 如果“运行”按钮仍处于非激活状态, 请检查 [“状态信息”面板](#) 以获得关于卡夹和设备状态的相关信息, 或参考 [故障排除](#) 章节。



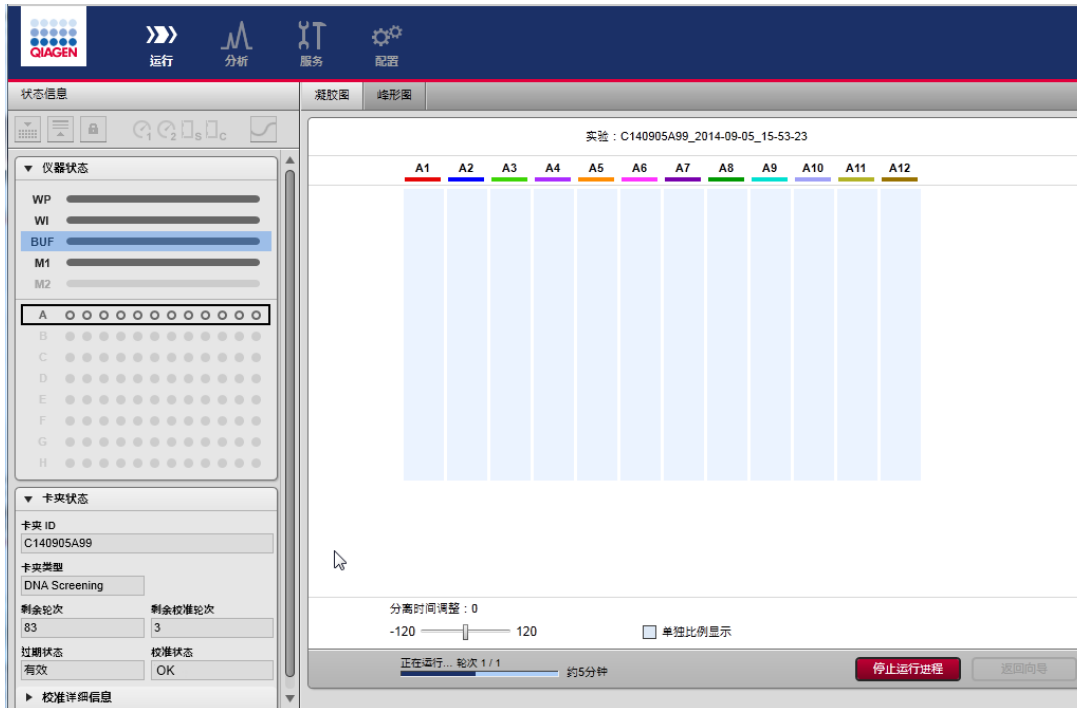
“运行检查”界面 所有选项都已确认 相关问题都已解决。

21. 通过单击“运行”按钮启动运行。

进程向导将被关闭，每一个当前处理的行将显示预览。仪器所执行的动作都将显示在左侧“仪器状态”面板中。预览下方的进度条显示了整个运行过程的进度和预计的剩余处理时间。

基于报告设置，可能会显示一个生成的报告。

注意：在QIAxcel的运行过程中打开卡夹门或样品门将导致系统中止当前正在执行的动作。运行进程将停止且无法恢复。正在处理的行的样品数据将不会保存。只有完成的行的样品数据会被保存。不会执行分析、峰检出或报告/导出等操作。因此，保存的数据仅为原始数据。



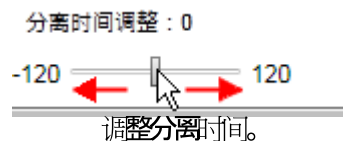
正在运行的操作。

- 通过点击各自的标签，您可以在凝胶图和峰图预览之间进行切换。



从凝胶图像切换到峰图。

- 可任意调整分离时间。移动预览下方的“调整分离时间”滑块来实现本功能。将其移动至最左侧的位置会减少120秒分离时间，将其移动至最右侧的位置将延长120秒。移动滑块将影响实际进行当中的分离操作，以及该运行进程中所有的后续分离操作。



调整分离时间。

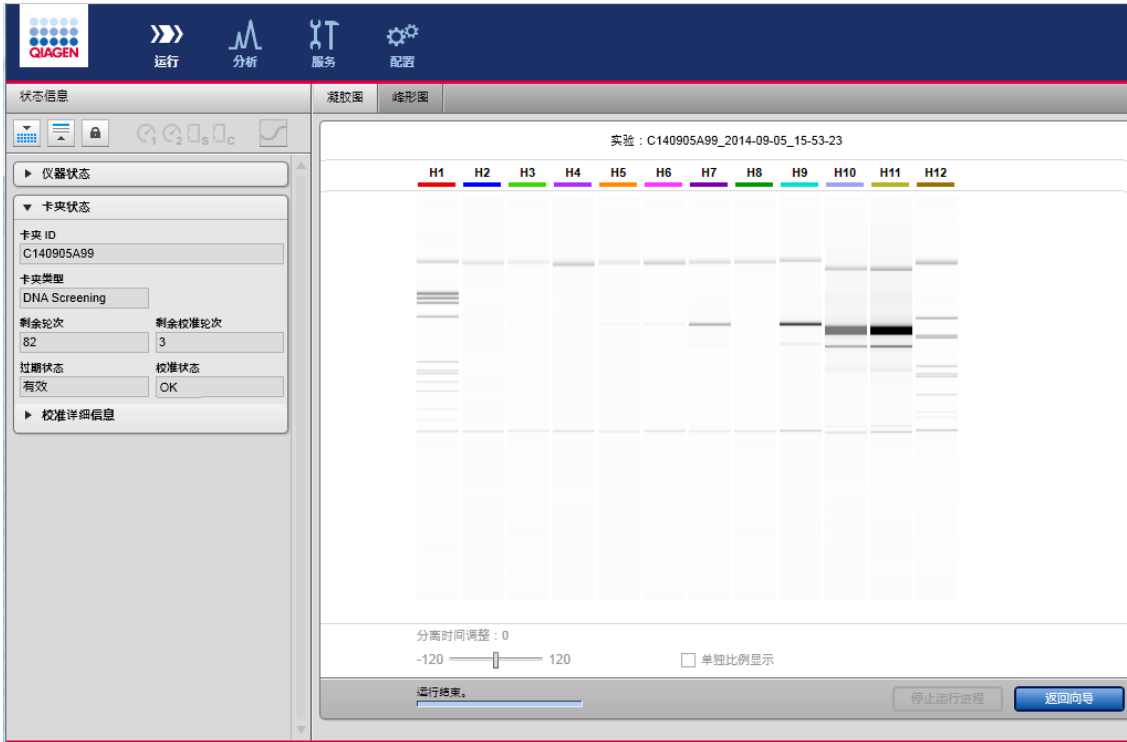
注意：当点击“运行”按钮以启动下一运行进程操作时，滑块将自动重置到中间位置，分离时间会按照运行方式中的定义重新应用。

- 任意切换复选框“单独比例显示”的开/关状态，来为所有样品的全体最大信号高度匹配颜色。请参见 [凝胶图视图](#) 部分以获得关于单独比例显示的更多信息。复选框“单独比例显示”的初始状态为关。
- 可通过点击预览下方的“停止运行进程”按钮停止运行进程。

注意:如果仪器电机当前仍在移动,则进程将在其移动完成后停止。

注意:正在处理的行的样品数据将不会保存。只有完成的行的样品数据会被保存。不会执行分析、峰检出或报告/导出等操作。因此保存的数据仅为原始数据。

运行进程完成后的动作:



进程已经完成。

- 通过返回进程向导,单击预览下方的 返回向导'按钮,可开始下一运行进程。
- 如需查看样品数据,请切换至分析环境。如需了解如何操作的相关信息,请分别参考 [环境](#) [操作样品和实验](#) 以及 [查看样品数据](#)等相关章节。返回运行环境并单击 返回向导'按钮以启动下一运行进程。

QIAxcel ScreenGel 软件

用户友好的 QIAxcel ScreenGel 软件专为配合 QIAxcel Advanced 系统的使用而研发。本软件提供了用于简化数据分析流程的交互工具，能够迅速完成数据诠释工作，并提供灵活的浏览结果和数据的方式，可以输出峰形图和凝胶图两种格式。

本软件为标准化的样品处理流程提供了向导式的运行设置和便捷的分析和模板谱，并提供方便的可自定义的结果输出形式。

相比其他的色谱分析软件包，QIAxcel ScreenGel 软件所基于的独特算法已被证实能够更为稳定和精确地分析独立数据。本软件能够计算多种峰属性值，例如峰的数量、峰的高度，峰的宽度和峰的面积大小。

概念

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

- 模式
- 用户管理
- 环境
- 谱
- 用户界面

模式

QIAxcel ScreenGel 软件目前有两种模式 - 一种适用于 DNA 分析，一种适用于 RNA 分析。模式的主要目的是根据待分析物的性质来采用对应数据分析的算法。此外，模式确保使用有效的卡夹类型，且只有正确的数据类型才能从文件中加载。



在登录对话框中进行模式选择。

用户角色

QIAXcel ScreenGel 软件分为四种不同的用户角色，他们的权限不同。每个用户都被指定为一种用户角色。这一章节会介绍每种角色的权限：

角色	作用	任务	访问
管理员 Administrator	用户管理 软件配置	软件的安装 通用设置的配置 管理用户账户	配置环境
常规用户 Routine User	常规的样品处理和查看数据	样品处理 查看样品	所有环境 (限制访问)
基本用户 Basic User	样品处理 and 数据分析, 无修改谱的权限	样品处理 样品的分析 报告/导出	所有环境 (限制访问)
高级用户 Advanced User	样品处理, 数据分析, 有修改分析参数的权限, 创建/修改谱	创建/修改谱 样品处理 样品的分析 报告/导出	所有环境 (完全访问)

- **Administrator (管理员)**
此角色是为管理设置和用户而设的。
指定为此角色的用户可更改通用设置和执行用户管理，例如用户账户的管理（权限、用户角色等）。用户不能访问谱、运行“环境、分析”环境或“服务”环境。
[可移交](#) 给 Administrator (管理员)”角色的用户。
- **Advanced User (高级用户)**
此角色是为经验丰富的用户而设的。
指定为此角色的用户可访问除用户管理外的软件的全部功能。用户可创建分析、运行和报告谱，从而为其他用户的工作打下基础。他们可执行高级分析，如比较不同运行的结果（请参阅[定制实验](#)部分），如有必要的话，也可修改谱参数。
[可移交](#) 给 Advanced User (高级用户)”角色的用户。
- **Basic User (基本用户)**
此角色可使用预设的谱和部分分析谱。
分配此角色的用户拥有本软件全部环境的访问权限；不过，他们无法创建新的谱或修改预设的谱，例如分析和运行谱。当使用预设的谱设置运行时，他们可以修改marker设置及需要运行的行。在分析环境中，他们可以打开现有的实验，并使用预设的分析谱执行常规分析，但他们不能修改独立的分析参数。他们可使用预设的报告/导出谱使用报告和导出功能，可以更改报告/导出参数，但不可保存这一更改。
[可移交](#) 给 Basic User (基本用户)”和 Advanced User (高级用户)”角色的用户。
- **Routine User (常规用户)**
此角色是为常规处理大量样品的实验室而设的。在向导的指引下，用户开展高效的运行设置。
分配此角色的用户仅可使用预设的运行谱进行操作。在分析环境中，他们仅可打开现有的实验来进行浏览查看数据。
- [可移交](#) 给 Routine User (常规用户)”、Basic User (基本用户)”和 Advanced User (高级用户)”角色的用户。

注意：通过创建几个不同角色的用户账户，一个人可被指定为几种用户角色。请参阅用户管理部分，了解如何创建用户账户的信息。

请参考 [用户管理](#) 章节，以获得关于如何创建用户账户的相关信息。

环境

QIAxcel ScreenGel 软件由四个提供不同功能的环境所组成。每次只能激活 (其中)一个环境。



环境图标“分析”环境处于激活状态。

如需在环境之间切换, 请点击环境图标。环境的功能在如下列表中进行了简单的描述:



该环境控制 QIAxcel Advanced system 上的运行进程。

支持数据获取, 可整合数据分析与报告。如需更详细的信息, 请参考 [运行](#) 章节。



该环境能够显示和执行样品数据的分析功能。

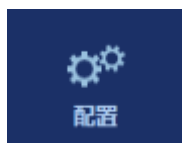
为样品数据提供高级可视化和分析工具, 并且具有报告和导出的功能。如需更详细的信息, 请参考 [分析](#)

章节。



该环境为 QIAxcel Advanced system 提供维护或服务。

包含关于设备和卡夹的维护和故障排除在内的全部相关功能。如需更详细的信息, 请参考 [服务](#) 章节。



该环境提供了用户管理和系统配置的相关功能。

提供用户管理、项目管理和软件选项 (设置) 等功能。如需更详细的信息, 请参考 [配置](#) 章节。

谱

在 QIAxcel ScreenGel 软件中的数据获取和分析的过程是通过所谓“谱”来进行控制的。谱整合了设置和参数信息, 能够方便的重新应用于不同的实验目的 (参见下列表格)。

标准流程即为使用预设的谱。QIAxcel ScreenGel 软件安装时附带了一组预设的, 且不可修改的谱。不过, 如果有必要进行修改, 有经验的用户可以创建新的谱或根据需要更改谱的设置。请参见下列表格:

谱	描述
运行谱	用于定义数据获取的相关设置信息。定义电泳的全部参数。
分析谱	用于定义样品数据分析 (分析参数) 的相关设置信息。
峰检出指令	用于定义感兴趣的峰的搜索检出标准。 注意: 在DNA模式中, 仅在 峰检出功能激活 的状态下峰检出指令才可用。
分布谱	用于为DNA文库的质量评估定义标准, 比如文库的分布等, 包括摩尔比或高度, 以及摩尔浓度或浓度的质控。 注意: 只有在DNA模式中且 分布分析功能激活 的状态下, 分布谱才可用。
报告/导出谱	用于定义样品数据与分析结果的报告和导出的各种形式。

注意: 运行谱可包含一个“分析谱”, 一个“峰检出指令”或一个“分布谱”, 和一个“报告/导出谱”, 这些内容能够帮助实现包括分析和报告在内的全自动化处理进程。

注意: 通过将谱名称及全部参数拷贝至一个运行谱之中, 可将分析、分布和报告/导出谱, 及峰检出指令都纳入一个运行谱中。这意味着对于原始谱文件的调整将不会自动发生在运行谱中。这就避免了运行谱被误操作更改, 从而确保了运行的稳定性。如果运行谱中确实也需要进行调整, 只需重新将调整后的谱文件纳入即可。

在软件启动时, 会一次性载入可用的谱和运行方式。

在之前版本的 QIAxcel ScreenGel 软件中创建的谱会自动转换 (迁移) 为最新的版本。

注意: 使用更新版本的 QIAxcel ScreenGel 软件创建或保存的谱将无法在之前的软件版本中打开。

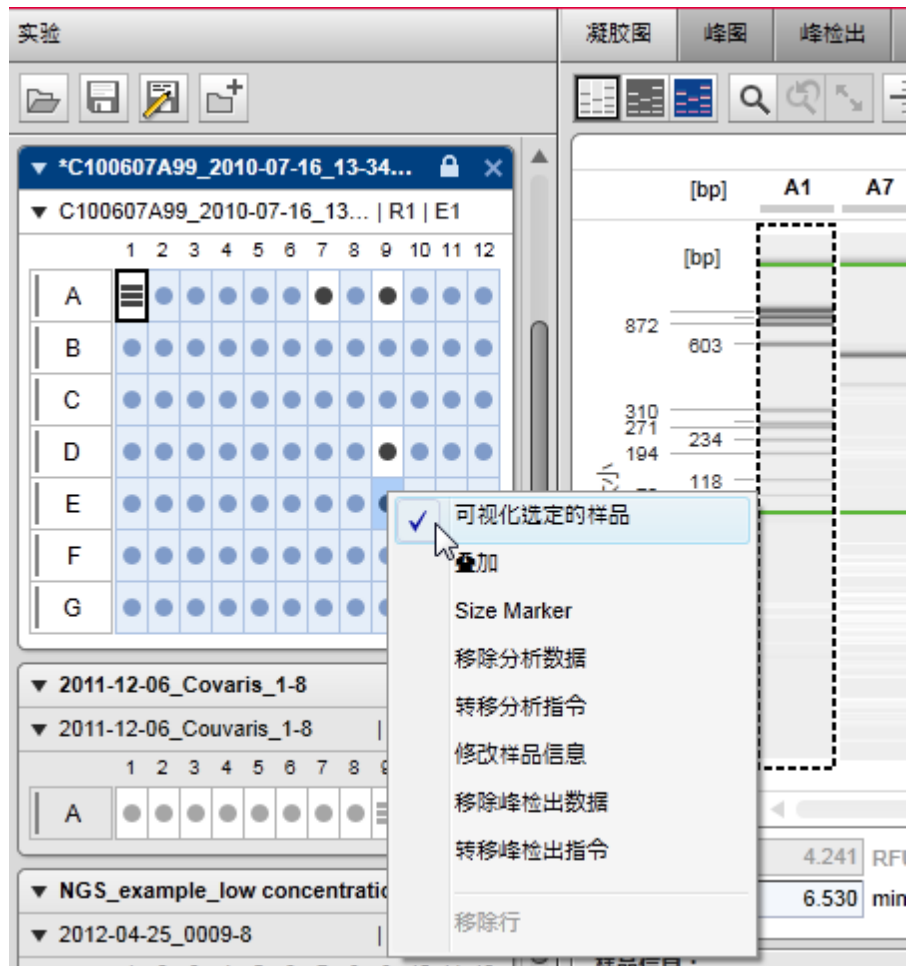
注意: 随软件安装的预设谱的名称以软件所选择的语言显示, 用户创建的谱名称以用户创建时采用的语言显示, 关于如何更改软件显示的语言, 请参考 [设置](#)。

常规软件使用

QIExcel ScreenGel 软是一款具有最先进图像用户界面的现代化应用软件。本软件用户界面行为的控制与标准的Windows控制方法相同。本章节阐述了常用术语和一些关于 QIExcel ScreenGel 软件用户界面的专有概念。

在下列表格中解释了本手册中所使用的用户界面相关术语。

左键单击	按下计算机鼠标或触控板的左侧按钮。
右键单击	按下计算机鼠标或触控板的右侧按钮。
双击	非常快速的连续两次左键单击
拖放	使用计算机鼠标或触控板，将一个物体 (样品, 泳道) 移动至另外的位置。左键单击以拾取该物体。持续按下鼠标左键，直至将该物体拖动至新的位置。释放鼠标按钮，将物体放置于新位置。 如果选择了多于一个物体，左键单击将会拾取全部所选物体。
“Ctrl”键单击	在按下鼠标左键的同时持续按下 Ctrl 键。
“Ctrl”+“A”	在按下 A 键的同时持续按下 Ctrl 键。
关联菜单	当右键单击某一控制项时，会弹出一个关联菜单。并非所有的控制项都提供关联菜单。



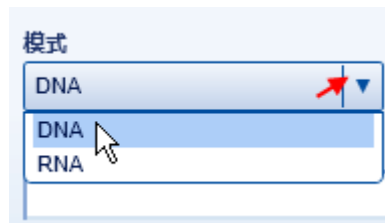
“实验浏览器”中的关联菜单。

工具提示

当鼠标指针悬停在某一控制项上方但未点击时，会弹出一个小的文字窗口。并非所有的控制项都含有工具提示。通常工具提示会给予用户一些有关该控制项功能，或可能出现问题的有用信息（错误或警告）。

下拉框

用户可通过下拉列表从预设的选项列表中选择一项。首先，左键单击三角图标以开启列表。之后向下移动鼠标至正确的选项。左键单击以选择该项。



下拉框示例。

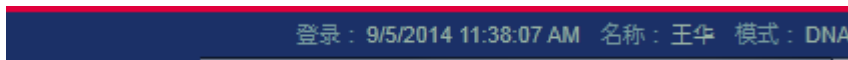
切换按钮

左键单击该按钮以实现功能切换。当按钮处于按下的状态，功能被“打开”。再次左键单击该按钮，将功能“关闭”。

橡皮筋”功能

使用“橡皮筋”来定义一个矩形区域（用于放大）。左键单击以定义起始点，在拖动过程中持续按下鼠标按键。在拖动过程中，显示出的“橡皮筋”区域生成一个矩形选区。释放鼠标按键以确定所选区域。“橡皮筋”工具消失。系统会基于所选区域执行相关功能（放大）。

状态栏（应用程序窗口下方的信息栏）显示了当前登录用户、日期和时间、用户登录名和应用模式（DNA 或 RNA）。



状态栏

软件中有些区域可展开或折叠，比如在“分析”环境中通过单击 ▼ 来折叠“实验浏览器”和“参数面板”；并通过单击 ▶ 再次展开。

在列表中编辑数据

QIAxcel ScreenGel 的图像用户界面包含了许多列表。当列表数据处于可编辑状态时，编辑操作可通过该列表底部一个特殊的编辑区域进行。表格自身中的区域是不可直接编辑的。

可编辑表格举例：位于“运行”环境中的 Size Marker 列表。



编辑列表内容的特定区域。

举例来说，需要将碱基对的大小由603调整至610：

1. 通过左键单击高亮显示目的行。
2. 点击表格底部的“大小”编辑区域。
3. 输入 610。
在编辑过程中，仅有编辑区域是可用的。在本例中，编辑区域“大小”和“浓度”，以及“OK”和“取消”按钮被激活。
4. 单击“OK”；以应用输入“大小”和“浓度”输入栏的数值。
如需取消编辑并放弃更改，则可单击“取消”。

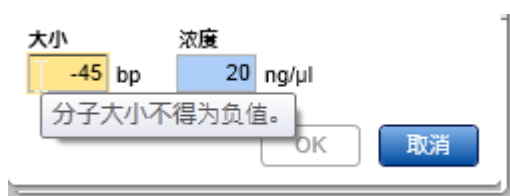
注意 “OK”和 取消”按钮仅当可编辑区域中的数值发生了变动且该值有效的情况下才可用。

显示错误和警告

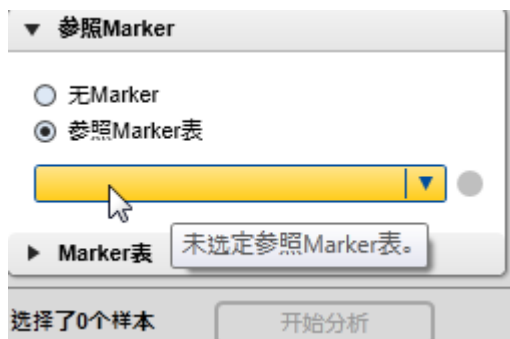
在 QIAxcel ScreenGel中, 黄色控件表示输入的数据中存在错误、警告、不一致以及不完整性。

编辑过程中进行验证

如果不正确的值被输入一个可编辑域, 该域的背景将变为黄色。此外, 还将弹出一个工具提示来对存在的问题进行解释。下列屏幕截图显示了一些错误的案例以及相应的工具提示。



分子大小不得为负值。



未选定参照Marker表



1. 不允许存在重复。

2. 不允许超出Alignment Marker条目限制区间。

运行界面

如果一个“运行”向导界面中出现了一个错误或警告，其屏幕标志的背景将变为黄色。您需要检查本界面中的数据，并更正该问题。

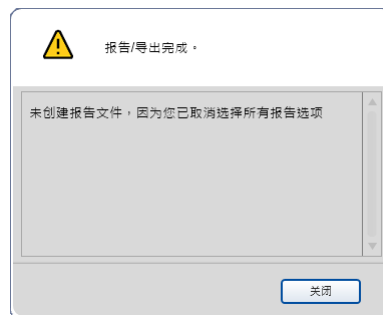


“运行参数”界面设置尚未完成，因此运行谱无效。此外，设备尚未连接。

注意：即使检出了错误警告，标签“运行检查”仍将为蓝色（常态）。要开始一个运行进程，Routine User（常规用户）的具体操作请见描述于 [启动运行](#) 章节中，还可进一步参考 [使用高级选项运行一个进程](#) 章节。

信息提示框

QIAxcel ScreenGel中的大部分问题，都将在信息提示框中进行报告。



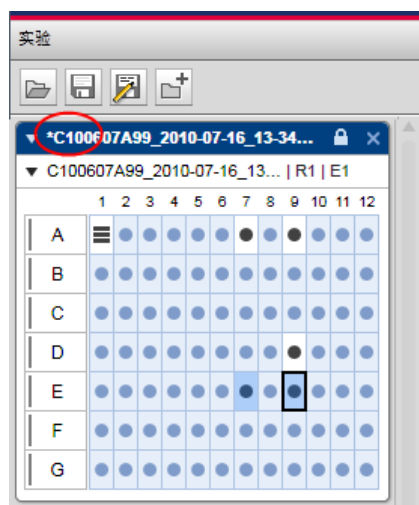
错误的信息提示框。

显示修改

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

分析”环境/实验的修改 (应用或删除分析，更改通道次序等)

实验的名称将出现一个星号。



修改后的实验

注:更改的谱以相同方式显示。

运行”环境/改变”运行”向导中任一参数

选定的运行谱将出现一个星号。



修改后的运行谱。

峰检出”界面中参数的更改

峰检出指令”下拉列表中选定的峰检出指令将出现星号。

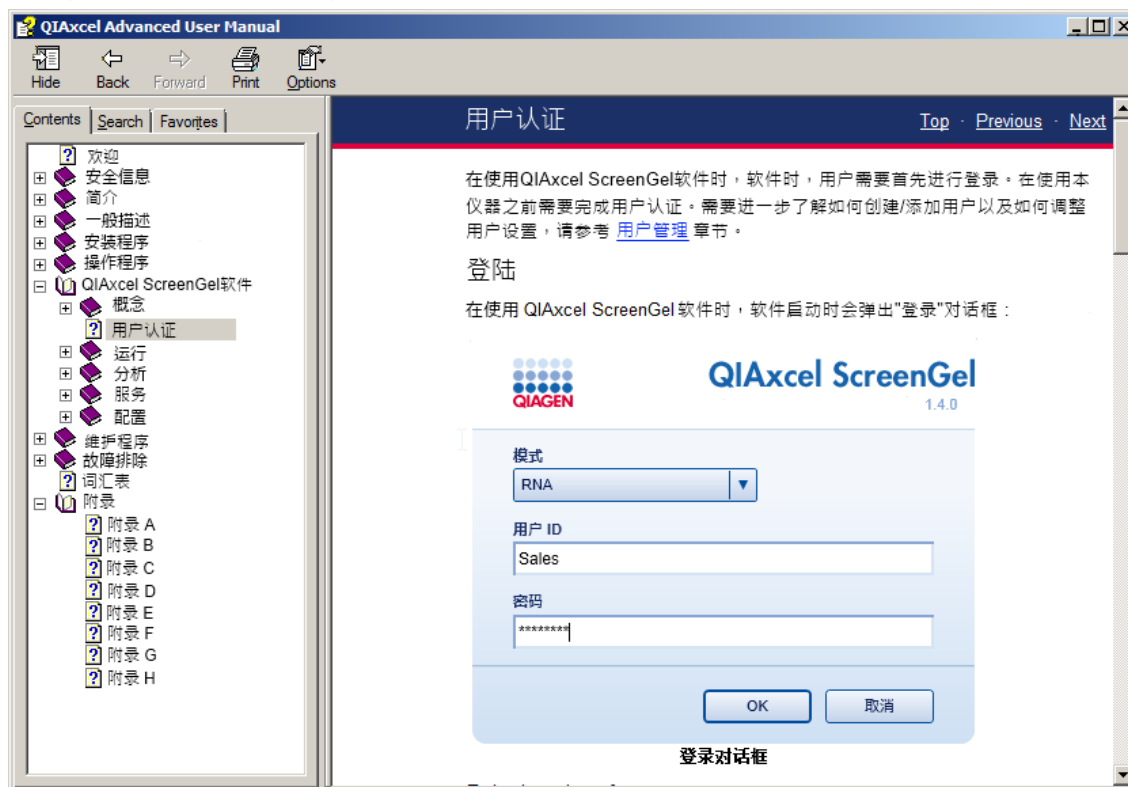


修改后的峰检出指令。

注：您可以启动运行进程或离开“运行”环境而不需保存您的更改。QIAxcel ScreenGel软件将不会提醒您保存运行谱或嵌入的分析谱、报告/导出谱，或峰检出指令。如果您要离开“运行”环境、注销或退出应用程序，而又希望在以后的实验中再次应用这些设置，则应该保存这些更改。

获得帮助

QIAxcel ScreenGel软件有一个内容敏感型的帮助系统。在按下F1键后，涉及特定内容的帮助页面将显示。下列图像显示了登录界面对应的帮助页面：



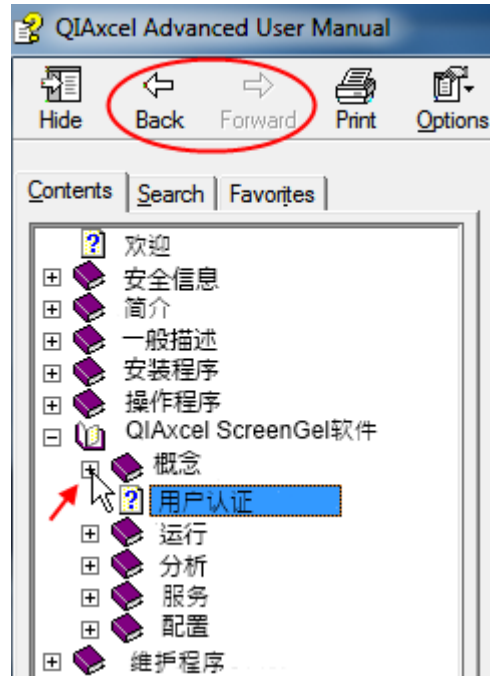
在登录界面按下F1键之后显示的帮助页面。

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



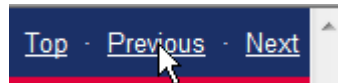
从帮助菜单中访问帮助

请在 [QIAxcel ScreenGel 软件](#) 章节中查找有关软件特性的一个描述，这些对应着不同软件环境的特性被分类组织进入不同的章节。请使用左侧的内容树 **content tree** 浏览帮助系统。



单击以展开内容树。

帮助系统提供了指向其他章节的多个链接。可使用帮助系统中的导航链接或按钮返回之前的主题。



单击以返回之前的浏览。

用户认证

使用 QIAxcel ScreenGel 软件时, 用户需要首先进行登录。在使用本仪器之前需要完成用户认证。需要进一步了解如何创建/添加用户以及如何调整用户设置, 请参考 [用户管理](#) 章节。

登录

在 QIAxcel ScreenGel 软件启动时会弹出“登录”对话框:

The image shows a login dialog box for QIAxcel ScreenGel. At the top left is the QIAGEN logo, and to its right is the text "QIAxcel ScreenGel". Below this, there is a "模式" (Mode) dropdown menu with "DNA" selected. Underneath is a "用户 ID" (User ID) text input field containing "JohnSmith". To the right of this field is a "取消" (Cancel) button with a close icon. Below the User ID field is a "密码" (Password) text input field with masked characters. To the right of this field is a "登录" (Login) button with a key icon. At the bottom left of the dialog box, the slogan "Sample to Insight" is displayed.

登录对话框

请按照以下步骤登录软件:

1. 选择应用模式 (DNA 或 RNA 模式)。
2. 输入用户 ID。
3. 输入密码。
4. 单击“登录”。

注意: “模式”下拉列表中已经预选了上次使用的模式。

注意: 如需变更模式, 注销并重新登录, 或重启软件。

注意: 如果 [设置](#) 中对 21 CFR Part 11 的支持已经激活, 并已设定了“登录失败的最大次数”, 则登录失败的可尝试次数是有限制的。如果超出了登录失败的可尝试次数, 用户账户会被锁定。Administrator (管理员) 可在 [用户管理](#) 中解锁该用户帐户。如果 Administrator (管理员) 账户被锁定, 请联系 QIAGEN 技术服务部。

注意: 请参考 [用户管理](#) 章节, 以获得关于如何创建用户账户的相关信息。

注意: 请参考 [开始使用 QIAxcel ScreenGel 软件](#) 章节, 以查看关于首次登陆的相关信息。

注销

请按照以下步骤进行注销:

1. 从应用程序的菜单栏选择“文件”/“注销”。
2. 将弹出一个对话框, 询问您是否立即注销。单击“是”按钮确认注销操作。

3. 注销之后, 会弹出一个登陆对话框。

注意: 如果您希望退出 QIAxcel ScreenGel 软件, 应首先取消登陆对话框。

移交

用户可以将当前进程移交给另一位用户。移交功能在在的当前工作环境下特别有用, 包括全部开放实验, 均可移交给另一位具有相同或更高权限的用户, 这样就可满足如换班、高级分析、或维护的需要。

注意: 仅可移交给同等或更高的[用户角色](#)。

请按照以下步骤进行移交:

1. 从应用程序的菜单栏选择“文件”/“移交...”。
2. 将弹出“切换用户”对话框。
3. 输入用户ID和密码, 并单击“登录”。

更改用户密码

请按照以下步骤更改您的密码:

1. 从应用程序的菜单栏选择“文件”/“更改密码...”。
2. 软件会弹出“更改用户..的密码”对话框。
3. 输入旧的密码。
4. 输入新的密码。

注意: 密码必须包含一个大写字符, 一个小写字符和一个数字。密码的最短长度为8个字符。

5. 确认新的密码。
6. 单击“OK”。



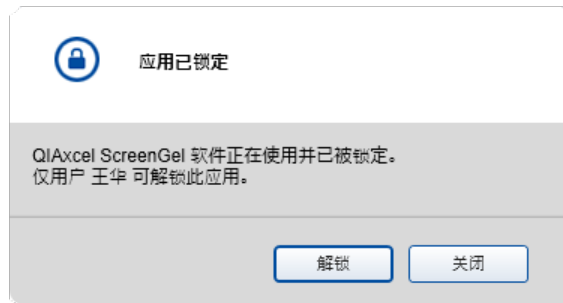
更改用户密码的对话框。

锁定软件

本软件可以被锁定，以在电脑无人照料的情况下阻止用户访问。

请按照以下步骤锁定软件：

1. 从应用程序的菜单栏选择“文件”/“锁定应用”。
2. 一旦应用被锁定，则会显示如下对话框：



解锁应用程序的对话框。

软件自动锁定

为了支持21 CFR Part 11 的要求，本软件可在无人操作一定的时长后自动锁定软件。您可以在设置当中激活对21 CFR Part 11 的支持，并指定自动锁定的时间长度。如需更为详细的信息，请参考 [设置](#) 章节。

解锁软件

请按照以下步骤解锁软件：

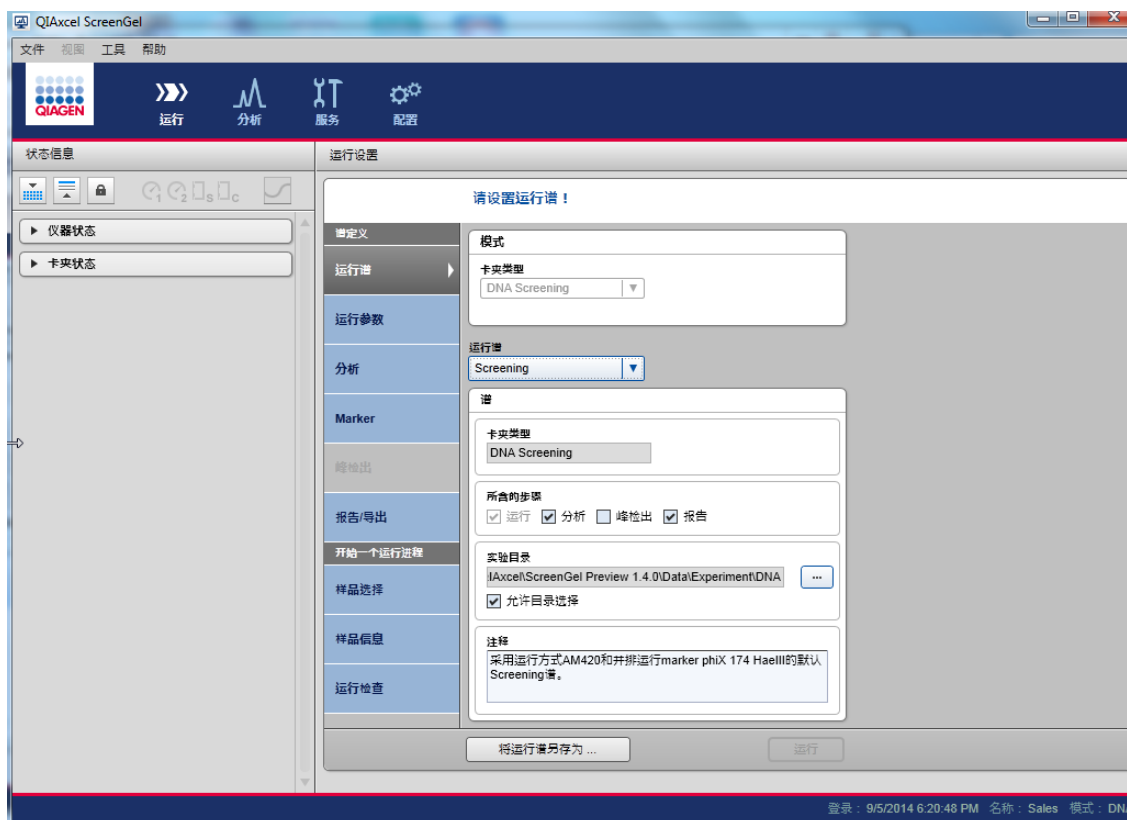
1. 单击“解锁”按钮。
2. 软件会显示出登录对话框。
3. 输入用户ID和密码，并单击“登录”。

注意：只有同等或更高的 [用户角色](#) 可解锁应用。

运行

运行”环境提供了数据获取所需的所有功能：

- 定义运行参数
- 开始样品操作
- 查看数据获取进程



包含激活的运行谱界面及左侧状态信息面板的运行环境（高级用户视图）。

操作参数可保存于运行谱中，以便再次使用。

请参考 [启动运行](#) 章节以获得关于如何使用预设的运行谱启动数据获取过程的相关信息。这意味着用于数据获取以及分析和报告的全部参数都已设定完成。必须在输入特定的样品信息后，运行进程方可启动。这一操作可由“Routine User（常规用户）”、“Basic User（基本用户）”和“Advanced User（高级用户）”身份的角色开展。

请参考 [使用高级选项运行一个进程](#) 章节以获得关于如何定义运行参数和启动运行进程的详细信息。这需要“Basic User（基本用户）”或“Advanced User（高级用户）”的用户角色负责实施；不过，“Basic User（基本用户）”的角色在分析参数和运行方式等方面会受到一些限制。

如果要想运行进程完全自动化，定义一个运行谱，其中包含具有分析参数和marker信息的“分析”谱，峰检出指令和具有报告/导出参数的“报告”谱。请参阅[创建一个新的运行谱](#)和[修改运行谱](#)章节以获得如何准备和保存运行谱以备重复应用的相关信息。这一操作需要“Advanced User（高级用户）”角色的用户来开展。

运行操作过程中获取的数据将保存在一个实验中。请参阅[运行参数和结果结构](#)以及[处理样品和实验](#)章节，以了解详细信息。



使用高级选项运行一个进程


如有必要,指定为 **Advanced User** (高级用户)或 **Basic User** (基本用户)的用户可修改运行谱。**Basic User** (基本用户)会有一些限制,例如可启动一个修改过的运行谱,但无法保存。有限制之处会有相关注释。

注意:关于 **Routine User** (常规用户)如何启动运行进程的信息,请参阅[启动运行](#)章节。

按照下列步骤开展带有高级选项的运行:

1. 使用电源开关打开 QIExcelAdvanced。
2. 打开计算机,从 Windows 开始”菜单下的 QIAGEN QIExcel 或从桌面图标启动 QIExcelScreenGel 软件。
3. 在 QIExcelScreenGel 软件中,选择一个模式 (DNA 或 RNA)并登录 (有关详细信息,请参阅[用户认证](#)章节)。运行环境将打开并显示运行向导的运行谱的第一个屏幕。

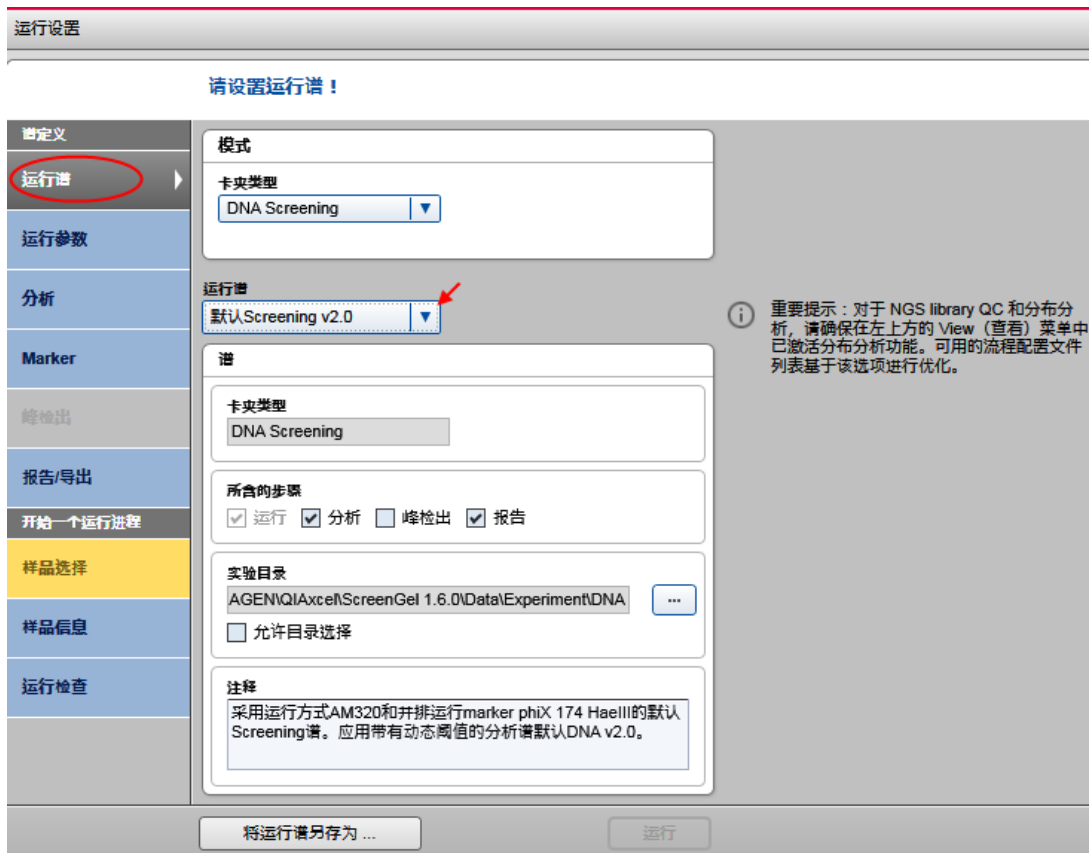
注意:  图标表示正在建立连接,  图标表示 QIExcelAdvanced 已连接。如果仪器无法连接,将显示一则消息,通知您仪器不可用。如果此时您未打开仪器,请单击不需要仪器。如果您需要仪器,请单击故障排除。

按消息中提供的说明操作。有关更详细的说明,请参阅[故障排除](#)章节的[系统安装](#)部分。关闭消息。要尝试重新连接到仪器,单击  图标。

注意:QIExcelScreenGel 软件将针对序列号为 30281 以及拥有更高序列号的 QIExcelAdvanced 仪器提供最新的仪器软件。如果软件是第一次连接到仪器,它会检查仪器上的仪器软件是否为最新版本。如果不是,将会更新仪器软件。此过程需要几分钟的时间才能完成。在此期间将显示一则消息。请等待更新操作完成。在更新完成前,请勿关闭仪器、拔除计算机与仪器之间的连接线缆,或关闭 QIExcelScreenGel 软件。成功更新后,QIExcelScreenGel 软件会自动连接到仪器。

4. 按照[安装QIExcel 凝胶卡夹和智能钥匙](#)部分中的描述安装QIExcel凝胶卡夹。
注意:您可以在“运行”环境左侧的“状态信息”面板中检查卡夹状态。请参考[状态信息”面板](#)章节以获得更为详细的信息。
5. 请按照[加载缓冲液槽](#)部分中的描述,将装有QX Alignment Marker的缓冲液槽放置于缓冲液槽支架上。
6. 将样品联管 (置于A位置)或一个96孔板放置于样品孔板支架上。
7. 关闭样品门。
注意:如果仪器门处于关闭状态,则缓冲液槽将在五分钟之后自动移动至“Wash park (洗涤停靠)”位置。

8. 在QIAxcel ScreenGel“运行”环境中，在“运行谱”界面选择一个运行谱。运行谱下拉列表列出了当前模式和卡夹类型的可用运行谱。QIAxcel ScreenGel 软件自带一组预定义的运行谱。开始时，可以选择最适合您的样品类型的运行谱。



在运行谱界面中选中了“Screening”谱。

注意：在 DNA 模式下，运行谱下拉列表不会并行显示包含峰检出和分布分析的谱。如果列表中缺少某个谱，请为包含 DNA 信息库或基因组 DNA 的样品激活分布分析功能，为快速分析或标准 DNA 分析激活峰检出功能。要执行这些操作，请从左上角的视图菜单中选择激活分布分析功能或激活峰检出功能。此设置因用户而异。当您在分析环境中打开一个包含峰检出或分布分析的实验进行分析时，它可能会自动发生变化。

注意：选择“新运行谱”可从头开始创建一个运行谱。选择后系统将显示“新运行谱”。只有“Advanced User (高级用户)”才能开展此操作。不过，选择一个与您的需求相近的预设运行谱并进行简单调整，可能会更方便。

9. 可选：如有必要，按照[运行谱选项](#)章节中的介绍，修改运行谱选项；“Basic User (基本用户)”的限制会在此做出介绍。

注意：如果运行谱允许，实验目录、marker 和样品行可以在下方的“样品选择”界面中调整。由于这些调整会覆盖掉运行谱中定义的选项，因此只有在你希望重复使用这些参数时才对运行谱中的选项进行调整。

10. 可选: 切换到“样品选择”界面。



“样品选择”界面。

11. 可选: 更改孔板ID。

注意: 孔板ID将被用于命名该运行进程的全部结果, 以储存实验样品数据, 以及生成的报告/导出文件。因此, 需要指定一个唯一的孔板ID。请参见 [运行参数与结果结构](#) 部分以获得更多信息。

注意: 软件仅允许使用字母数字字符来定义孔板ID 这意味着括号、如ä或μ一类的特殊文字, 以及& % \$ ’ ’ @ * + ~ # = < > | ; 等特殊字符将无法使用。)软件将会自动移除开始和结尾处的空格。

注意: 在运行进程完成后, 孔板ID将无法进行修改。

注意: 如果选择了“生成孔板ID”的设置选项, 系统将自动按照设置中指定的原则生成孔板ID。请参考 [设置](#) 部分以获得更多信息。不过, 孔板ID可以被修改。

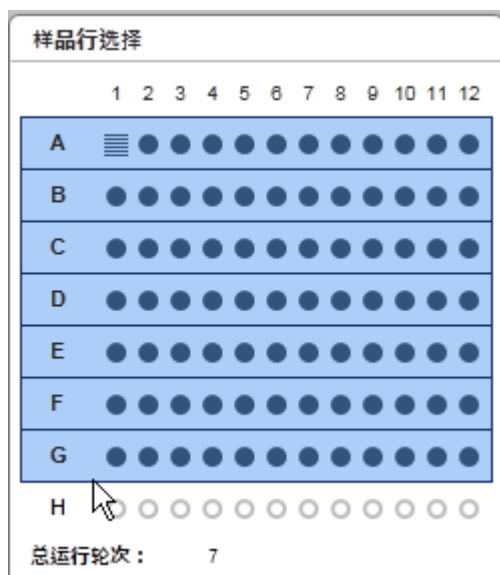
12. 可选: 调整实验保存的目录。

注意: 可为网络目录。但是, 在运行过程中 结果总是先存储在本地目录中 (参见 [设置](#)), 在运行结束后再复制到指定的目录下。

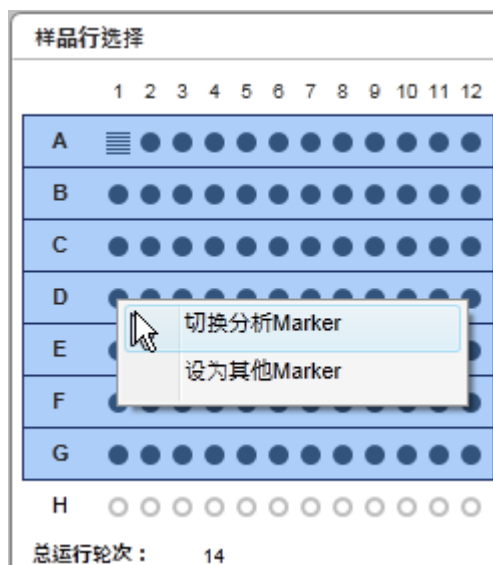
注意: 只有在运行谱允许的情况下才可以修改实验目录 (参见 [选择常规运行进程选项](#)); 不过, 你可以切换到“运行谱”界面下对其进行修改。

13. 可选: 更改需要进行处理的样品的行。如果您需要处理的行少于“运行参数”界面中所指定的行, 请使用本选项。左键单击某一行, 来进行取消选择/选择的动作。

可选: 通过在新的marker位置右键单击, 可对孔板上size marker的位置进行更改。从弹出的关联菜单中选择“切换分析Marker”。如果运行谱中包含了分析步骤, 则这一size marker在进程中将被用于自动分析操作。



样品行的选择被取消。



将size marker的位置改为D1。

注意: 只有在运行谱允许的条件下, 此处的更改样品行或size marker位置才能实现 (详见[选择运行参数](#)部分); 不过, 您也可以切换到“运行参数”界面, 修改这些设置。

注意: 无法取消选择包含size marker的行。

可选: 如果您在样品孔板中还有其他的size marker, 请右键单击该size marker位置并从弹出的关联菜单中选择“设为其他marker”选项。此时将出现一个旋转90度的梯子图标。再次右键单击, 从关联菜单中选择“Size Marker名称”。在处理进程中, 本信息可用于手动分析, 但无法用于自动分析。

14. 可选: 如有必要, 在“Size marker”和“Alignment Marker”下拉列表中选择size marker和alignment marker。本信息适用于运行进程中的自动分析。

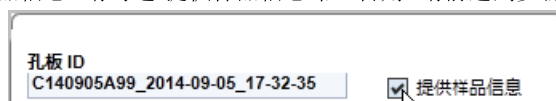
注意: 如果选择了“无Marker”选项, 请从“Alignment Marker”下拉框中选择预先准备好的alignment marker。如果您将“Alignment Marker”下拉框留空, 则之后需要在“运行检查”界面中确认一个相关的警告

15. 可选: 勾选“显示批号信息”框, 提供缓冲液和marker的批号信息。

对于每一种批号类型会存储最多5个之前应用过的批号信息。可以在下拉列表里选择这些最后使用过的值以重复应用。或者, 也可在组合框的编辑区域输入批号。通过单击“上次使用的”按钮, 可调用最近一次使用的批号信息组合。

注意仅当“启用缓冲液批号ID”的输入栏或“... Marker批号ID”设置选项被选定时, 本项才可用。 (详见[设置](#)部分)。

16. 可选: 如果您希望提供样品信息, 请勾选“提供样品信息”框。否则, 请前进到步骤18。



“提供样品信息”选项已勾选。

17. 可选: 在“样品信息”界面提供样品信息, 按照提供样品信息章节的介绍, 手工输入或从文件导入。如需了解详细信息, 请参考 [显示样品信息](#) 章节, 或点击窗格中的一个单元格并按下F1键。

注意: 必须在“样品选择”界面勾选“提供样品信息”框, 才能访问此界面。

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



“运行检查”界面中的错误提示。

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

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

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

19. 通过单击“运行”按钮起始运行进程。

进程向导将被关闭, 每一个当前处理的行将显示预览。仪器所执行的动作都将显示在左侧“仪器状态”面板中。预览下方的进度条显示了整个运行过程的进度和预计的剩余处理时间。

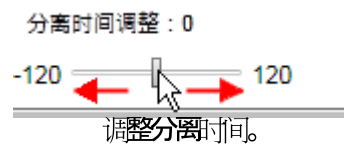
基于报告设置, 可能会显示一个生成的报告。

注意: 在QIAxcel的运行过程中打开卡夹门或样品门将导致系统中止当前正在执行的动作。运行进程将停止且无法恢复。正在处理的行的样品数据将不会保存。只有完成的行的样品数据会被保存。不会执行分析、峰检出或报告/导出等操作。因此, 保存的数据仅为原始数据。

- 通过点击各自的标签, 您可以在凝胶图和峰图预览之间进行切换。



- 可任意调整分离时间。移动预览下方的“调整分离时间”滑块来实现本功能。将其移动至最左侧的位置会减少120秒分离时间，将其移动至最右侧的位置将延长120秒。移动滑块将影响实际进行当中的分离操作，以及该运行进程中所有的后续分离操作。

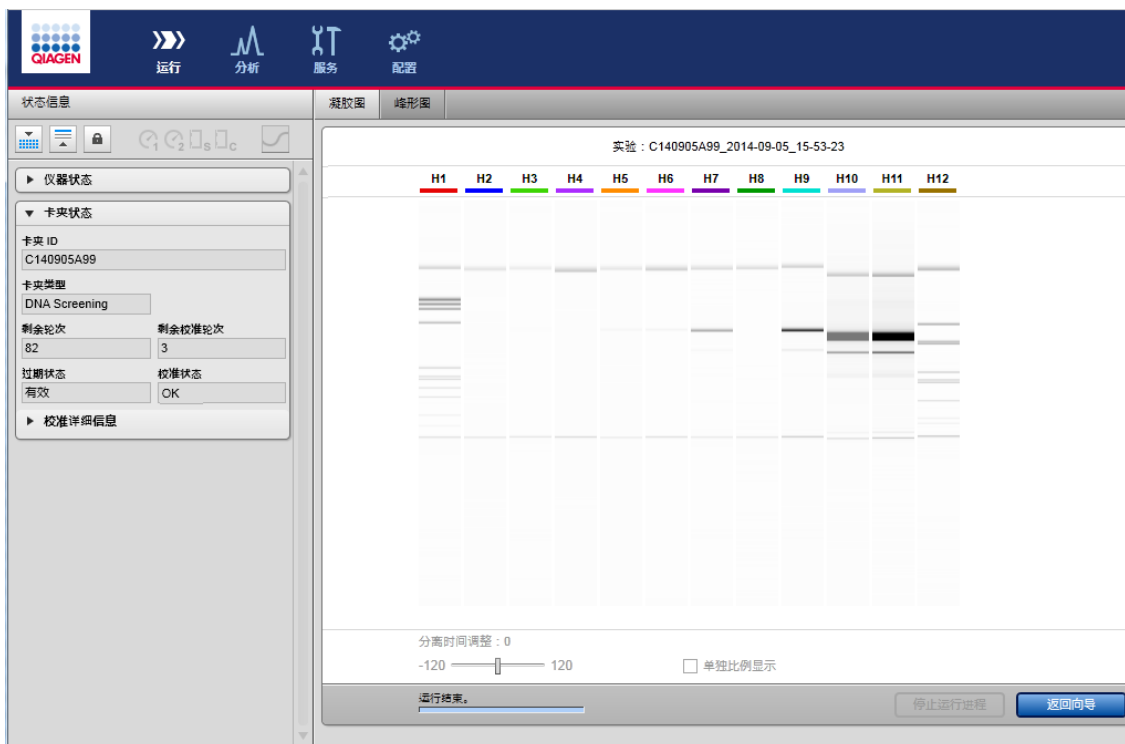


注意: 当点击“运行”按钮以启动下一运行进程操作时, 滑块将自动重置到中间位置, 分离时间会按照运行方式中的定义重新应用。

- 任意切换复选框“单独比例显示”的开/关状态, 来为所有样品的全体最大信号高度匹配颜色。请参见 [凝胶图视图](#) 部分以获得关于单独比例显示的更多信息。复选框“单独比例显示”的初始状态为关。
- 可通过点击预览下方的“停止运行进程”按钮停止运行进程。
注意: 如果仪器电机当前仍在移动, 则进程将在其移动完成后停止。

注意: 正在处理的行的样品数据将不会保存。只有完成的行的样品数据会被保存。不会执行分析、峰检出或报告/导出等操作。因此保存的数据仅为原始数据。

运行进程完成后的动作：



进程已经完成。

- 通过返回进程向导，单击预览下方的“返回向导”按钮，可开始下一运行进程。
- 如需查看样品数据，请切换至分析环境。如需了解如何操作的相关信息，请分别参考 [环境](#)、[操作样品和实验](#) 以及 [查看样品数据](#) 等相关章节。返回运行环境并单击“返回向导”按钮以启动下一运行进程。

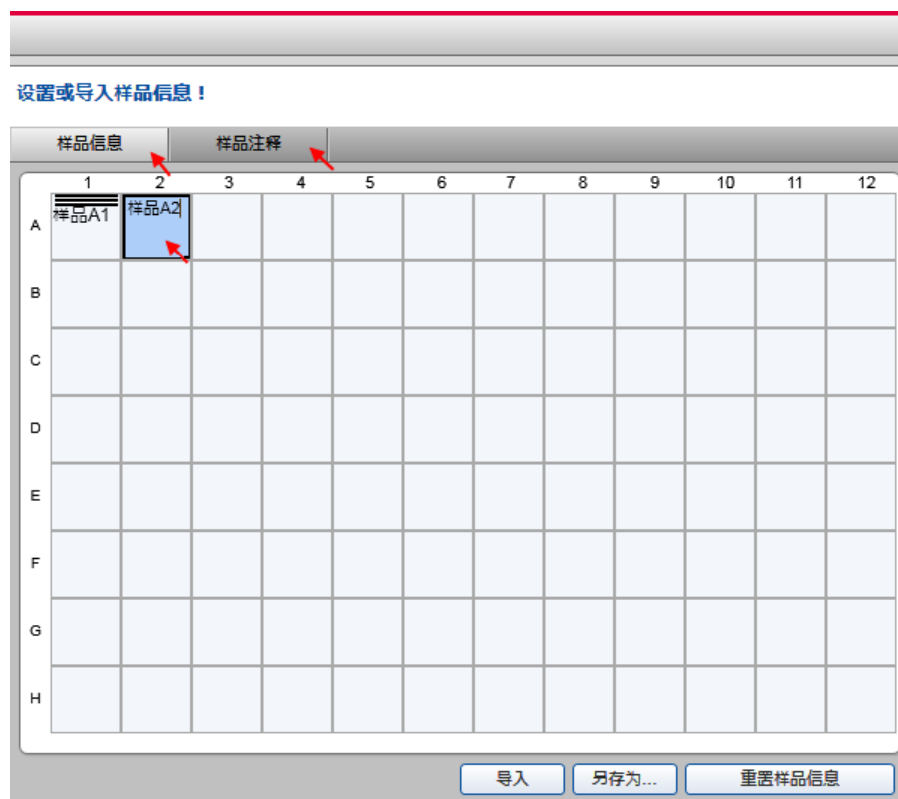
提供样品信息

如上文所述,如需访问“样品信息”界面,须在“样品选择”界面勾选“提供样品信息”选框。

利用“样品信息”界面来:

- 输入样品信息,通常为样品ID
- 输入注释
- 为所有孔板位置从一个文件导入样品信息和注释
- 保存样品信息(无注释)供以后使用

这些样品信息窗格在执行输入“样品信息”步骤时会自动激活。如需切换至样品注释,单击“样品注释”选项卡。如需切换回样品信息窗格,单击“样品信息”选项卡。



在“样品信息”界面中输入样品信息 size marker 位于A1位置。

注意: size marker 的位置以“梯子”符号表示。

手动输入样品信息时，向单元格中直接输入样品信息。默认条件下会预先选定A1位置。请按下 **Enter** “回车”或 **Tab** 键以确认每一位置的信息；下一个位置将被自动选择，以供下一次输入。如需提供某一特定位置的样品信息，请单击该位置并输入样品信息。

样品信息单元格支持自动递增功能。为样品信息文本指定连续编号：

1. 请在最左上方的格中输入主要的样品信息。
2. 拖动该格边界右下角的黑色小块，将选择范围拓展至需要选定的全部单元格。
3. 释放选择块。所有选定的格都将被步骤1所输入的主样品信息填充。这些单元格将从1开始进行顺序编号。

如需在样品信息单元格中导航浏览，请使用鼠标箭头和 **Tab** / **Shift+Tab** 键（与Microsoft Excel® 表格中的操作一致）。

如需选择多个单元格：

- 从一个或多个选定的单元格开始，按住 **Control** 键并左键单击单元格，将其添加至选择中或从选择中移除。
- 左键单击一个单元格，并以光标从单元格中开始拖动以选择一个矩形区域内的单元格。

如需复制一个所选单元格中的文本至多个单元格：

1. 选择（源）单元格。
2. 使用关联菜单中的 **Copy**（复制）项或按下 **Ctrl+C** 组合键，将文本复制到剪贴板。
3. 选择目标格。
4. 右击选中其中一个已选中单元格，但并非以光标选中单元格，使用关联菜单中的 **Paste**（粘贴）项。文本将从剪贴板粘贴到全部所选单元格中。此外，在文本粘贴操作之后，所选的第一个单元格仍将保持高亮显示。

如需复制一列：

1. 选择需要复制列的全部单元格。
2. 使用关联菜单中的 **Copy**（复制）项，将全部所选单元格中的文本复制到剪贴板中。
注意：“**Ctrl+C**”组合键仅能捕获最后一次选定的单元格文本。
3. 左键单击希望粘贴文本的列的第一个单元格。
4. 使用关联菜单中的 **Paste**（粘贴）项或按下 **Ctrl+V** 组合键。来自剪贴板的单元格将粘贴进入上一步选定单元格所在的列。

注意：用户可以按照同样的运行方式，复制一行或其他选定的区域。需要粘贴时，点击左侧最上方的单元格。

从一个Microsoft Excel 表格中复制多个单元格：

1. 从 **Microsoft Excel** 表格中将单元格复制到剪贴板。
2. 在“样品信息”界面中，单击最左侧的单元格进行粘贴。
3. 使用关联菜单中的 **Paste**（粘贴）项或按下 **Ctrl+V** 组合键。来自剪贴板的单元格将粘贴进入上一步选定的单元格。



单元格中粘贴了过长超过30个字符的文本。

注意:如果所粘贴文本长度超出了最大值(30),则单元格的背景将会发生改变。

如需清除样品信息,单击“重置样品信息”按钮。

注意:具有样品信息修改权限的用户(参见[用户管理](#)部分)可在运行之后使用实验浏览器中的关联菜单对样品信息进行编辑。在分析环境的实验浏览器中选择样品,右键单击该样品并选择关联菜单中的“修改样品信息”选项,之后输入新的样品信息。

编辑样品注释

如需输入样品注释,单击“样品注释”。如需为特定位置输入一个注释,在“样品注释”选项卡中点击相关单元格并输入文本。

如需根据行或根据列对孔板位置分类,分别单击列标题“行”和“列”。

如需将注释从一个单元格复制到另一个单元格:

1. 单击该(源)单元格。
2. 利用鼠标或在使用“**End**”、向左方向键或向右方向键时向下按住 **Shift** 键来选择需要复制的文本。
3. 选择关联菜单项“复制”或按下 **Ctrl-C** 键组合将文本复制到剪贴板。
4. 单击目标单元格。
5. 选择关联菜单项“粘贴”或按下 **Ctrl-V** 键组合。文本将从剪贴板复制到该单元格内。

如需清除所有样品注释,单击“重置样品注释”按钮。

样品注释也可与样品信息一同从某个文件中导入。

注意:样品注释被限制为150个字符。

导入样品信息

QIAxcel ScreenGel 软件提供了从文件导入样品信息的功能。本功能支持三种文件格式 (有或没有样品注释都可): Microsoft Excel 文件 (Excel 97-2003 Workbook (*.xls) Excel Workbook 2007-2010 (*.xlsx)) QIAGEN rack files (文件), 以及例如在 QIASymphony® 和 QIAgility® 中使用的 QIAGEN 的数据交换格式, 名为 QIAGEN qdef files (文件)。

注意: QIAGEN rack file 格式不支持样品注释。

如需从一个文件导入样品信息和/或样品注释, 请单击“导入”按钮。您可在所弹出对话框的下部选择需要导入的文件类型。对话框列表将列出可选的文件类型。或者您可任意浏览样品信息的存储目录, 选定文件并单击“OK”。导入的数据将覆盖所有之前提供的样品信息和样品注释功能。

注意: 在文件菜单下选择“打开数据目录”, 再选择“样品信息”, 可查看所有文件类型的示例。

注意: 如果设置选项“防止修改导入的样品信息”被选择, 则样品信息会以只读形式导入 (参见 [设置](#))。

如需从 Microsoft Excel 文件导入样品信息, 则有以下选项可用:

逐行输入	如果 Microsoft Excel 文件中样品以此顺序进行排列时: A1 A2A12 B1 B2 B12 H1 H12, 选择本项。全部的样品名称必须列于第一列中, 并以表格的第一行起始。所有孔板位置的样品名称都必须列于文件中。可选样品注释应列于第二列。
逐列输入	如果 Microsoft Excel 文件中样品以此顺序进行排列时: A1 B1 H1 A2 B2 H2 A12H12, 选择本项。全部的样品名称必须列于第一列中, 并以表格的第一行起始。所有孔板位置的样品名称都必须列于文件中。可选样品注释应列于第二列。
矩阵输入	如果 Microsoft Excel 文件中的样品以矩阵形式 (从列表中的 A1 至 L8 单元格) 写入时: 即: 第一行为 A1 A2 A8, 第一列为 A1 B1 H1 选择本项。 此选项不支持样品注释功能。

注意: QIAxcel ScreenGel 软件将从 Microsoft Excel 文件全部工作表中, 导入按字母排列的首个工作表内的样品信息。即如果您需要重命名 Microsoft Excel 文件中的工作表, 请确保输入相关样品信息的工作表能够按照其名称的字母顺序优先出现。

保存样品信息

如需将所提供的样品信息保存为“rack file rack 文件”的格式以供再次使用, 请单击“另存为”按钮。请在弹出的对话框中, 浏览选择储存样品信息的目录路径, 输入一个唯一的文件名, 再单击“OK”。

注意: 如果一个或多个单元格中的字符多于 30 个, “另存为”按钮将不可用。

注意: QIAGEN rack file 格式不支持样品注释。

修改运行谱

注意: 只有“Advanced User (高级用户)”和“Basic User (基本用户)”才能修改运行谱。“Basic User (基本用户)”会有一些使用限制, 如无法保存修改的运行谱。在本手册中, 有受限的地方会有相关注释。

如需修改运行谱, 请按照如下步骤实施:

1. 启动“运行”环境。
如果并未打开，通过点击“运行”环境按钮切换至“运行”环境。选择“运行谱”界面。



修改一个运行谱的步骤。

注意：如果上一次运行进程刚完成，请点击右下角的“返回向导”按钮。

2. 选择要修改的运行谱。
利用“运行谱”下拉列表来选择一个谱。

注意：每个运行谱都与某一卡夹类型相关。这样系统可确保只有插入了正确的卡夹类型后，运行进程（即数据获取）才能启动。

如果未列出您希望选择的运行谱，请确保选择了正确的卡夹类型。如果仪器已经连接，则系统会自动检测所插入的卡夹类型。如果您希望修改一个运行谱以应用另一种卡夹类型，请移除卡夹，或至少取出卡夹智能钥匙，再选择正确的卡夹类型。您希望调整的运行谱现在应该出现在“运行谱”下拉菜单中了，请选择运行谱并继续。

3. 按要求更改运行谱选项。



定义运行谱的界面。

请参阅[运行谱选项](#)部分，了解详细信息。

4. 将修改后的运行谱另存为一个新名称。

点击运行进程设置下方的“将运行谱另存为...”按钮，在弹出的“将运行谱另存为...”对话框中输入一个新的运行谱名称。

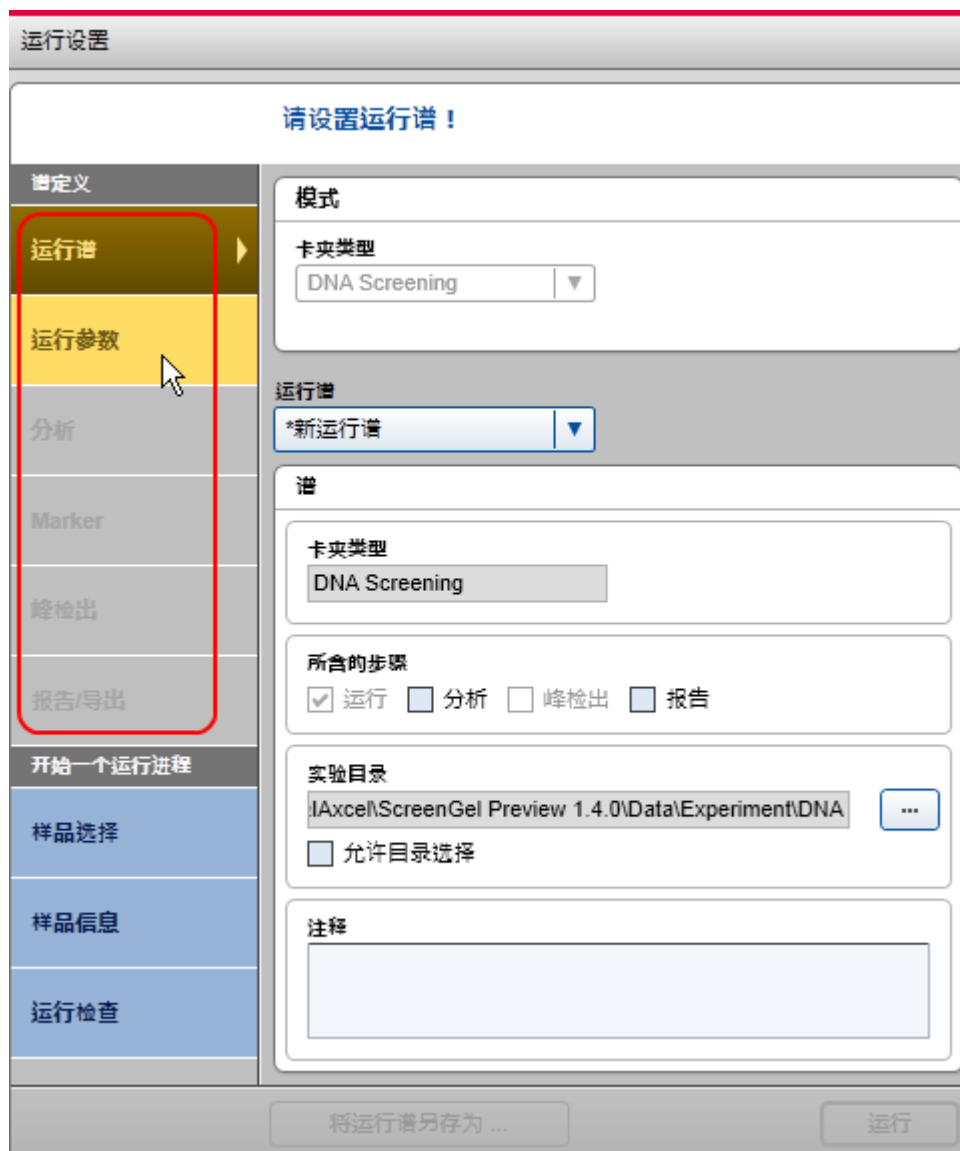
注意：这仅适用于 **Advanced User**（高级用户）。

注意：如果运行谱界面包含不完整或不一致的数据，则会以黄色高亮显示，“将运行谱另存为...”按钮不可用。点击黄色高亮标示的界面修改数据，当所有数据都正确时，“将运行谱另存为...”按钮可用，可保存运行谱。

注意：您可以开始一个运行进程，或不保存改动离开“运行”环境。QIAxcel ScreenGel不会提醒你保存运行谱或嵌入的分析谱、报告/输出谱或峰检出指令。如果您要离开“运行”环境，注销或退出应用，而又希望在以后的实验中应用这些设置，则应该保存这些改动。

运行谱选项

运行谱选项分为几个界面。如果要设定完整的运行谱，请按照下文所述的界面顺序。如需切换至“运行参数”界面，请点击界面名称：



定义一个运行谱。

注意：您可以点击界面名称回到每一个界面。如果不需要修改，可跳过此界面。

注意：选项不完整或不正确的界面将以黄色高亮显示。不必立即修改，但您无法保存或启动不完整或不正确的运行谱。

运行谱”界面选项描述如下。

运行谱	指定运行进程内容。除数据获取之外，还可包含如分析和报告等附加步骤。如需更详细的信息，请参考 选择常规运行进程选项 章节。
运行参数	指定数据获取的详细信息，如使用的运行方式，处理的行和size marker位置。关于详细信息，请参阅 选择运行参数 章节。
分析	指定数据获取后全自动分析采用的分析参数。关于详细信息，请参阅 选择分析参数 章节。 注意：如果分析未被选择在运行谱内容内，则此界面不可用。
Marker	指定分析所用的marker alignment marker 和size marker。关于详细信息，请参阅 选择marker 章节。 注意：如果分析未被选择在运行谱内容内，则此界面不可用。
峰检出	指定峰检出的参数。关于详细信息，请参阅 选择峰检出指令 章节。 注意：如果峰检出未被选择在运行谱内容内，则此界面不可用。
分布分析	根据弥散状结果表制定分布分析的参数。关于详细信息，请参阅 选择分布谱 章节。 注意：如果分布分析未被选择在运行谱内容内，则此界面被禁用。
报告/导出	指定运行进程中最后一个步骤的全自动报告/导出的参数。关于详细信息，请参阅 选择报告/导出参数 章节。 注意：如果报告/导出未被选择在运行谱内容内，则此界面不可用。

注意：在DNA模式中，峰检出界面或分布分析界面只有在相应功能（峰检出或分布分析）激活状态下才可用。如需激活，从“视图”菜单中选择相应选项。请注意，在某个给定的时间只能激活一组功能。

选择常规运行进程选项

1. 选择“运行谱”界面。
请参考 [运行谱选项](#) 章节以获得关于如何在该界面选择的相关信息。
2. 指定运行进程内容。
可选择附加步骤：

分析	在运行谱内容内选中分析。这意味着当数据获取完成时，软件将基于“分析”和“Marker”界面中的进程选项设置，自动在后台分析样品数据（在 选择分析参数 和 选择marker 章节中进行描述）。 “分析参数”和“Marker”界面选项被激活。
峰检出	在运行谱内容内选中峰检出，峰检出基于峰分析结果表。这意味着在分析之后，将基于“峰检出”界面中的进程选项设置自动执行峰检出操作，（在 选择峰检出指令 章节中进行描述）。 注意：如果未在运行谱内容内选中“分析”，则本步骤不可用。 注意：在DNA模式中，仅在峰检出功能激活的状态下此选项才可用。如需激活峰检出功能，从“视图”菜单中选择“激活峰检出功能”。
分布分析	在运行谱内容内选中分布分析，分布分析基于弥散状分析结果表。这意味着在分析之后，将基于“分布分析”界面中的进程选项设置自动执行峰分布分析操作，（在 选择分布谱 章节中进行描述）。 注意：如果未在运行谱内容内选中“分析”，则本步骤不可用。此外，所用的分析谱中必须已选定“弥散状分析谱”选项。 注意：在DNA模式中，仅在分布分析功能激活的状态下此选项才可用。如需激活分布分析功能，从“视图”菜单中选择“激活分布分析功能”。
报告	在运行谱内容内选中报告和/或导出作为最后步骤。这意味着软件将自动生成报告和导出结果。
3. 可选：您可以更改实验文件的保存目录。
注意：可为网络目录。但是，在运行过程中，结果总是先存储在本地目录中（参见 [设置](#)），在运行结束后再复制到指定的目录下。
4. 可选：允许目录选择。
准备运行进程时，在“样品选择”界面选择本项，以允许进行目录选择。使用这一选项后，即使是“Routine User（常规用户）”角色，也可自行选择实验保存目录。
5. 可选：在运行谱中编辑一个注释。
可在该输入栏中添加一个关于运行谱的简要描述。每次选定该运行谱都将显示本注释。此输入栏的输入内容最多限制在2000字符和25行。



选择运行参数

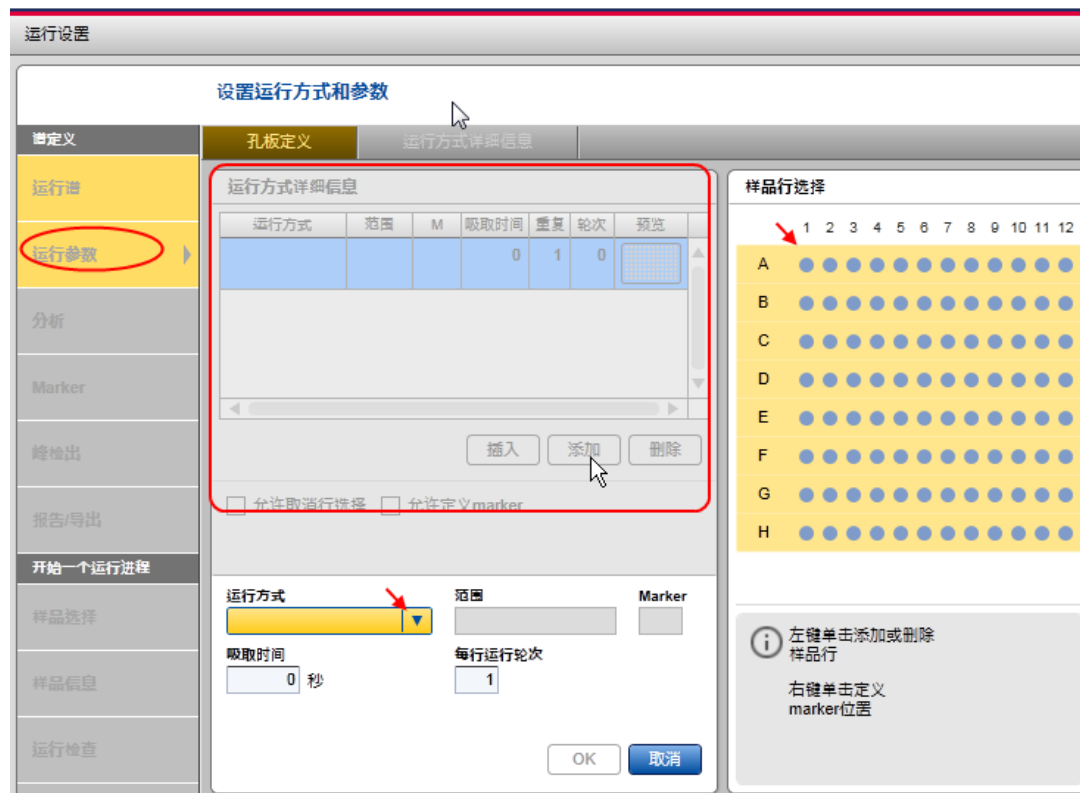
定义所需的运行方式和样品行。选择至少一个运行方式。此外也可指定size marker的位置。

注意：在运行进程中，将按顺序进行列表中的操作。关于运行参数与结果结构之间的关联信息，请参阅 [运行参数与结果结构](#) 章节。

请按照下列步骤进行处理：

- 1a. 如果“运行方式详细信息”列表为空，请单击“添加”按钮以开始进行首个定义。“运行方式详细信息”列表中将出现一个空白条目。进入步骤2来定义该条目。

注意: 本选项仅 **Advanced User** (高级用户) 角色可用。



单击 **添加** 按钮后出现空白的 **运行方式** 详细信息列表。

1b. 如果 **运行方式详细信息** 列表不为空, 您可在如下选项中进行选择:

添加 单击 **添加** 按钮, 在列表底部加入一个新条目。进入步骤2来定义该条目。

注意: 本选项仅 **Advanced User** (高级用户) 角色可用。

插入 通过左键单击选择一个条目, 之后单击 **插入** 按钮, 用于在所选项之前插入一个新条目。进入步骤2来定义该条目。

注意: 本选项仅对 **Advanced User** (高级用户) 角色可用。

修改 选择一个您需要修改的条目。进入步骤2来修改该条目。

删除 选择您需要删除的条目, 之后单击 **删除** 按钮。该条目将从列表中被删除。继续步骤6进行操作。

注意: 本选项仅对 **Advanced User** (高级用户) 角色可用。

2. 选择需要处理的行。

在右侧的 **样品行选择** 视图中, 左键单击该视图以在孔板中添加或移除一个样品行。范围域显示了您选定的样品行。

注意：仅适用于 DNA 模式。如果您后来细化了使用分布分析的运行谱，请注意以下事项：

- 如果您在此屏幕的“样品行选择”中减少了运行的行数，这些减少的行也会从分布分析屏幕中自动移除，以确保运行谱的一致性。
- 如果您后来添加了行，分布分析屏幕中不会自动作出调整。

可选：在“每行运行轮次”中指定每行的运行次数。该运行方式会按照您在此处要求的次数运行。

3. 可选：确定size marker的位置。

注意：如果size marker和样品同时并行运行，则该位置的size marker将被用于自动分析。

右键单击以指定size marker的位置。“Marker”域显示了您所设定的marker位置。

注意：对于“运行方式详细信息”列表中的一个条目，仅能指定一个size marker位置。如果您希望定义一个运行谱并为一个孔板的每一行都指定size marker，请在“运行方式详细信息”列表中针对每一行分别创建条目。

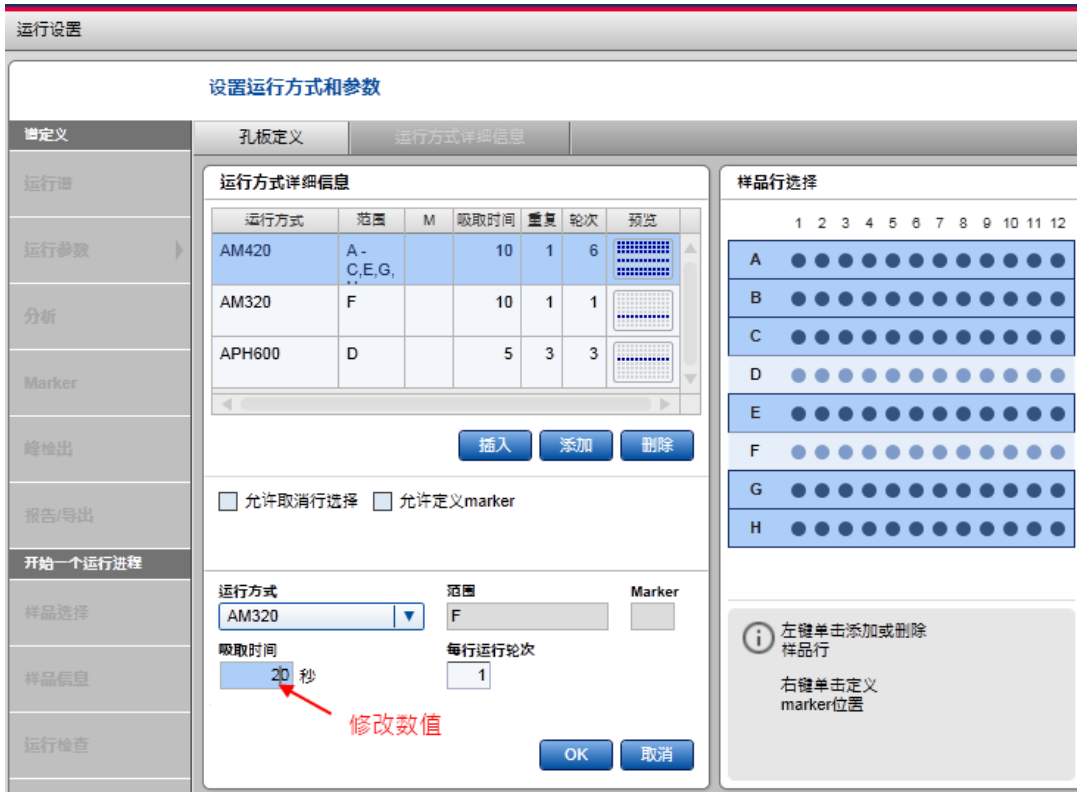
4. 从“运行方式”下拉列表中选择适当的运行方式。

注意：本选项仅“Advanced User（高级用户）”角色可用。

注意：“运行方式”下拉列表中仅包含卡夹类型和指定的运行谱所适用的运行方式。

注意：每一个QIAxcel 试剂盒都含有多种默认运行方法可选。完整列表请参见 [附录B](#)。如果您希望查看所选运行方式的详情，请参考 [查看运行方式详细信息](#) 章节。

如果需要，可在“吸取时间”可编辑域中更改样品的吸取时间。此时间将取代运行方式中所定义的产品吸取时间被应用于运行进程。



已调整样品吸取时间。

5. 点击 **OK** 来进行确认。
 注意：一旦定义了行并选择了运行方式，**OK** 按钮即变得可用。
 指定的参数出现在“运行方式详细信息”列表创建的条目中。
 注意：单击 **取消** 选项，以放弃步骤2至5中进行的全部设定。条目将不会创建/所选条目将不会更改。
 注意：“运行方式详细信息”列表中的 **轮次** 列包含了条目所指定的运行轮次总数：如果 **范围** 为 **A-C** 且 **重复**（每行运行轮次）为 **2**，则 **轮次** 为 $3 \times 2 = 6$ 。
6. 在“运行方式详细信息”中重复步骤1-5，来定义所有的条目。
7. 可选：允许取消行选择。
 在准备运行进程时选择此项，即使是 **Routine User**（常规用户）角色，也可在“样品选择”界面取消之前选择的行。这个项对例如为整板中仅需运行的行准备运行谱时很有用。
 注意：本选项仅 **Advanced User**（高级用户）角色可用。
8. 可选：允许定义marker。
 在准备运行进程时选择此项，即使是 **Routine User**（常规用户）角色，也可在“样品选择”界面定义 **size marker** 的位置。
 注意：本选项仅 **Advanced User**（高级用户）角色可用。

选择分析参数

注意: 只有当分析在运行谱内容内被选中, 分析”界面才会启用。关于详细信息, 请参阅[选择常规运行进程选项](#)章节。

指定分析参数, 步骤如下:

1. 选择一个分析谱。
利用“谱”下拉列表来选择分析谱。所选谱文件的分析参数将显示于下拉列表的下方。

运行设置

设置分析谱和参数

谱定义

运行谱

运行参数

分析

Marker

峰检出

报告/导出

开始一个运行进程

样品选择

样品信息

运行检查

谱

*新分析谱 另存为 ...

分析参数

弥散状分析谱

平滑处理过滤器	开始	视窗
	0.00 min	15 pts

基线过滤器	开始	视窗
	0.00 min	40 sec

最小间距	开始	数值
	0.00 min	0.25 sec

忽略时段	开始	终止
	0.00 min	0.50 min

添加 删除

定义参数

选择参数

OK 取消

选择一个需要修改的分析谱。

注意: 分析谱将用于所有样品的全自动分析。

注意: 为了在进程中执行分布分析, 所用的分析谱中必须选中“弥散状分析谱”选项。

注意:选择“新分析谱”,从头开始定义[分析参数](#)。这只适用于“Advanced User (高级用户)”。

注意:当前在选定的分析谱中所设的全部分析参数都将复制到运行谱。基本分析谱的进一步修改不影响此运行谱中的分析参数。这防止了运行谱被意外更改,并确保运行进程稳定性。如果基本分析谱中的修改也要包含在此运行谱中,则在“槽”下拉列表中选择它,将修改后的分析谱包含进去。

2. 可选:修改分析参数。您可以根据您的需要,在此界面修改分析参数,参考[修改分析谱](#)章节。
注意:这只适用于“Advanced User (高级用户)”。

注意:如果您使用相对迁移时间定义“忽略时段”间隔,请确保相对迁移时间能够匹配当前的marker模式。请参见[修改分析谱](#)以获得更为详尽的信息。

注意:修改仅包含在此运行谱中。如果修改后的参数还要包含在选定的分析谱中,则按照下文所述,保存分析谱。

3. 可选:保存修改后的分析参数。
注意:这只适用于“Advanced User (高级用户)”。

点击“另存为...”按钮可保存修改后的分析参数。一个对话框将出现,它包含了选定分析谱的名称。您有两个选择:

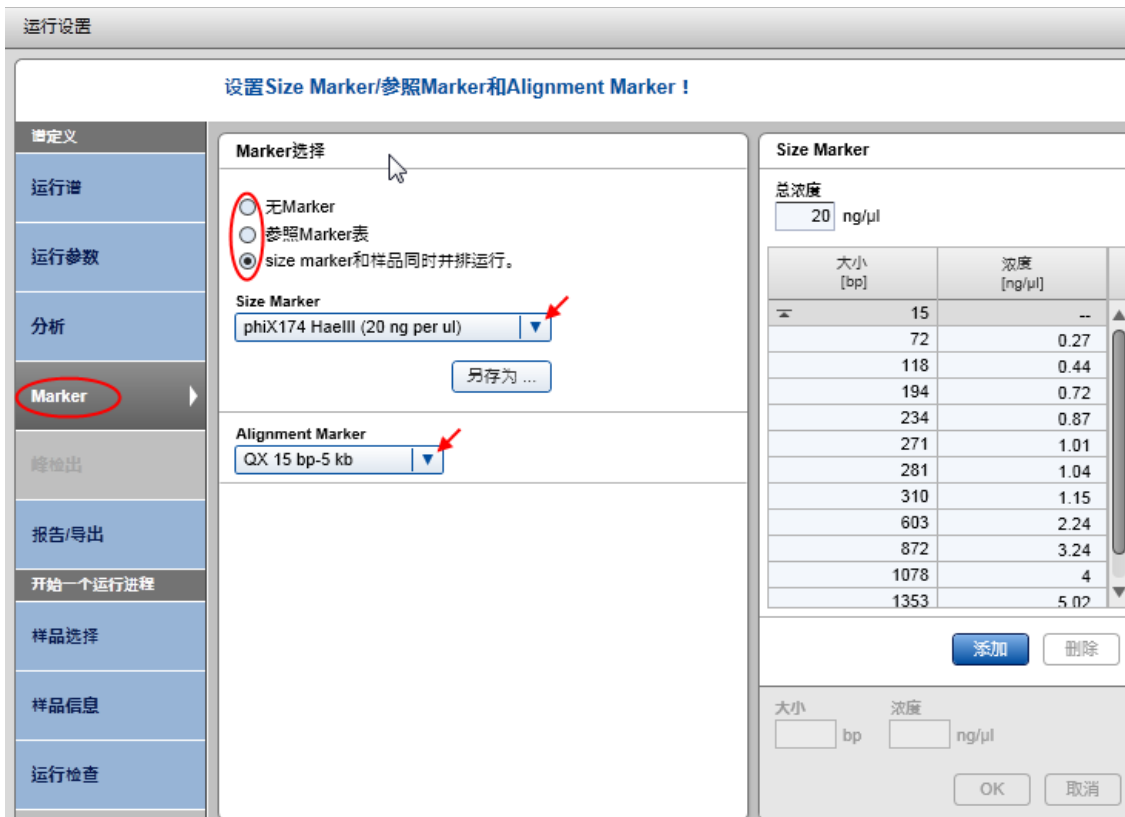
如果您希望在选定的分析谱中保存修改,请点击“OK”;或者输入一个新的分析谱名称,将修改后的分析参数另存为一个新的分析谱,然后点击“OK”。这个新的分析谱的名称及所有分析参数将包含在该运行谱中。

选择 marker

注意:“Marker”界面仅在分析位于运行谱范围内时才会被启用。详情请参考[选择常规运行进程选项](#)章节。

定义运行此运行谱时所用的marker。

注意:只有当分析在运行谱内容内被选中,“Marker”界面才启用。关于详细信息,请参阅[选择常规运行进程选项](#)章节。



Marker的选取。

定义运行此运行谱时所使用的marker。

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

关于marker 选项的信息，详见下面的介绍。

无marker 如果自动分析仅用于峰检测，则选择此项。

注意: 在自动分析时将不使用size marker，因此无法确定大小和浓度。

参照marker表 如果需要分析大小和/或确定浓度，请选择本项。分析大小和/或浓度的操作基于一个之前保存的参照 marker表。

在“参照Marker表”下拉列表中选择要使用的参照marker表。

注意 为了确保兼容性，下拉列表只包含了一些参照marker 表，这些marker 必须是以此运行谱中定义的相同的运行方式处理的。如果无兼容的参照marker 表格，则下拉列表被标为无效和空白。在此情况下，运行size marker 和样品同时并行运行的进程，或从之前的运行进程中创建一个兼容的参照marker 表 请参阅[创建参照marker](#)。

注意 如果当前未插入任何卡夹，则系统不能检查选定参照marker表格的兼容性。下拉列表被标为无效和空白，或只包含了之前选择过的参照 marker 表。插入待处理的卡夹，并选择与此卡夹和此运行谱中定义的运行方式兼容的参照 marker 表。

注意: 关于“参照 Marker表”下拉框右侧符号的含义，详见下表：

●	选定的参照 marker 表完全兼容。 那意味着作为参照 marker 表的size marker 的操作时间点距离本次使用相同卡夹和此运行谱中定义的时间点不到90 天 (DNA)60 天 (RNA))。
●	那意味着作为参照 marker 表的size marker 的操作时间点距离本次使用相同卡夹和此运行谱中定义的时间点超过90 天 (DNA)60 天 (RNA))。
●	作为参照 marker 表的size marker 是以此运行谱中定义的时间点超过90 天 (DNA)60 天 (RNA))。
●	参照 marker 表与此运行谱中定义的运行方式不兼容。如果 运行参数”界面中的运行方式已更改,而参照 marker 表未相应更改,则可能发生该情况。在下拉列表中选择另一个与当前所选运行方式兼容的参照 marker表。

size marker和样品同时并行运行

如果样品板需要size marker, 则选择此项。

在 **Size Marker**”下拉列表中选择需要使用的size marker。

可选: 如有所需, 可在 **Size Marker**”表上方修改size marker的总浓度。之后软件会自动重新计算单个片段的浓度。

注意: 仅有 **Advanced User** (高级用户)”有使用这一功能的权限。

在 **Alignment Marker**”下拉列表中, 选择缓冲液槽上MARKER1 位置需要使用的alignment marker名称。

注意: 如果选择了 **size marker和样品同时并行运行**”选项, 但未指定 size marker和/或 alignment marker, 则 Marker屏幕将视为无效。

注意: 仅适用于DNA 模式: 使用正确的size marker 将提高大小和浓度确定的准确性。选择一个包含的DNA 片段与您的目的DNA 片段大小接近的marker。待分析的DNA 片段必须落在size marker 的最小和最大片段之间。

注意: 仅适用于DNA 模式: 此外, alignment marker 的范围必须大于size marker 的范围。如果没有, 则右侧的 **Size Marker**”表会以黄色高亮显示这些不符合的行 (条目), 而 **Marker**”界面将被认为无效。

注意 请参阅[选择运行参数](#)章节, 了解如何定义 size marker 位置的更多信息。

选择峰检出指令

注意: 仅当运行谱内容中选择了分析和峰检出这两项时, 峰检出”界面才被激活。如需更详细的信息, 请参考[选择常规运行进程选项](#) 章节。

请参考 [峰检出](#) 章节以获得关于峰检出概念的解释。

为峰检出定义指令。

1. 选择一个峰检出指令。

从 [峰检出指令](#)”下拉列表选择一个预设的峰检出指令。指令的内容会在下拉列表的下方显示。

注意: 所选峰检出指令中全部参数的当前设定都将拷贝至运行谱中。对原峰检出指令的进一步调整将不会影响此运行谱中的峰检出参数。这将保护运行谱不受非预期改变的影响, 从而确保运行进程的稳定性。如果希望将原峰检出指令中所做的调整包含到运行谱中, 则需要从 [峰检出指令](#)”下拉列表中重新选择修改后的峰检出指令。

注意: 选择 [新峰检出指令](#)”来创建一个全新指令 (仅为 **Advanced User** 高级用户)”可用)。由于新的峰检出指令尚为空白, 因此 [峰检出](#)”屏幕会以黄色高亮显示。进入步骤2来定义本指令。

2. 修改峰检出指令。用户可在本界面依照 [修改峰检出指令](#) 章节中的描述, 按需对峰检出指令进行调整。

注意: 本项操作只能由 **Advanced User** (高级用户)”开展。

注意: 如果指定使用相对迁移时间对峰的位置进行搜索, 请确保相对迁移时间与 **marker** 模式相匹配。请参见 [修改峰检出指令](#) 以获得更为详尽的信息。

注意: 所作调整仅存在于此运行谱中。如果需要在选定的峰检出指令中包含所作的修改, 请按照如下描述保存峰检出指令。

3. 保存修改后的峰检出指令。

注意: 本项操作只能由 **Advanced User** (高级用户)”开展。

可通过点击 [另存为...](#)”按钮来保存修改后的峰检出指令。弹出的对话框中包含了所选峰检出指令的名称。您可在两个做法选择一个: 如需在所选的峰检出指令中保存修改, 点击 **OK**”; 或者为峰检出指令输入一个唯一的全新名称, 来将修改存至新的峰检出指令中, 之后点击 **OK**”。此全新峰检出指令的名称及其所有参数都将涵盖于该运行谱中。

选择分布谱

定义将在运行进程中使用的分布谱，并指定需要用这些谱分析的行。至少选择一个分布谱。一个样品行只能以一个分布谱分析。所作的选择列于“分布谱分配”列表中，其中每行都指定了一个分布谱的使用。

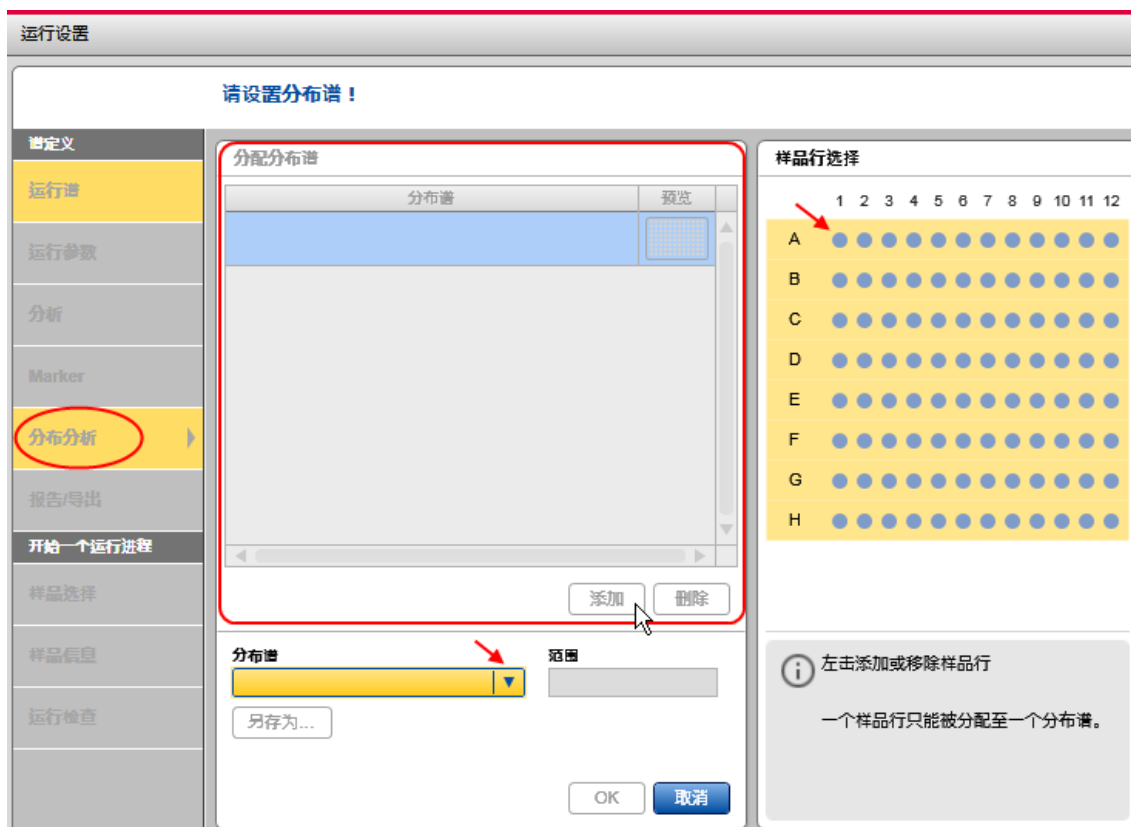
弥散状分析后，分布分析将在运行进程中自动执行。因此，作为运行的前提，应已在分析界面中选择“默认弥散状DNA”谱并在“Marker”界面中选择size marker或参照marker。如需更多信息，请参考[分布分析](#)。

注意：运行进程设置中的此界面只有在分析和分布分析包含于运行谱内时才会被启用。详情请参考[选择常规运行进程选项](#)。

如需定义分布谱的使用：

- 1a. 如果“分布谱分配”列表为空，单击“添加”按钮来进行首个分配。在分配列表中出现一个空条目。继续执行步骤2来指定条目。

注意：只有被指定为“高级用户”的用户才能使用此选项。



单击“添加”按钮后出现的空分布谱分配列表。

- 1b. 如果“分布谱分配”列表不为空，则以下选项为可用：

添加

单击“添加”按钮，在列表底部添加一个新的分配。继续执行步骤2来指定分配。

注意:只有被指定为“高级用户”的用户才能使用此选项。

修改 选择要删除的分配。继续执行步骤2来修改分配。

删除 选择此分配并单击“删除”按钮将其从列表中移除。继续执行步骤6。

注意:只有被指定为“高级用户”的用户才能使用此选项。

2. 从“分布谱”下拉框中选择所需分布谱。

注意:只有被指定为“高级用户”的用户才能使用此选项。

注意:在选定分配谱中设定的所有参数都被复制到了运行谱中。“分析”环境中对分布谱的进一步修改不会影响运行谱中的分布参数。这避免了对运行谱不必要的更改,确保了运行的稳定性。如果想将基础分布谱中的修改纳入运行谱内,在“分布谱”下拉列表中再次选择已修改的分布谱进行添加。

3. 选择需要以此分布谱分析的样品行。

在“样品行选择”面板中,左击样品行来选择或取消选择样品行。“范围”字段显示作出的行选择。可以只选择将在运行进程中运行的样本中的一行,即在“运行参数”界面中已选择的行中的一行。

注意:已经在分配列表中被分配给某个分布谱的行无法再被选择。

注意:如果在细化运行谱时于运行参数屏幕中减少了运行行数,这些减少的行会在此屏幕中被自动移除。如果在运行参数屏幕中添加了行,且您也想为添加的行使用分布分析,则需要在此屏幕中调整行选择。

4. 单击“OK”确认。

注意:一旦指定好行并选定分布谱后,“OK”按钮将启用。

指定的参数出现在“分布谱分配”列表的已创建条目中。

注意:单击“取消”来放弃步骤2和3中创建的所有条目。条目将不会被创建,或选定的条目将不会被修改。

5. 重复步骤1至4,在“分布谱分配”列表中定义所有分配。

在此界面中无法查看或编辑分布谱参数。如需查看或编辑[分布谱参数](#),请切换至“分析”环境。

如果在运行谱中选完分布谱后对分布谱进行了修改,则该分布谱的名称前将显示一个“*”。这表示此运行谱将使用的分布谱参数与“分析”环境中可见的该分布谱参数不同。如需查看当前运行谱定义的分布谱参数,按以下步骤操作:

1. 选择已修改分布谱的行。
2. 单击“分布谱”下拉框下面的“另存为”按钮,并以新的分布谱名称保存此分布谱。
注意:只有被指定为“高级用户”的用户才能使用此选项。
3. 切换至“分析”环境,查看已保存分布谱的参数。
4. 您可利用“配置”环境中的[谱管理器](#)来删除过时的分布谱。

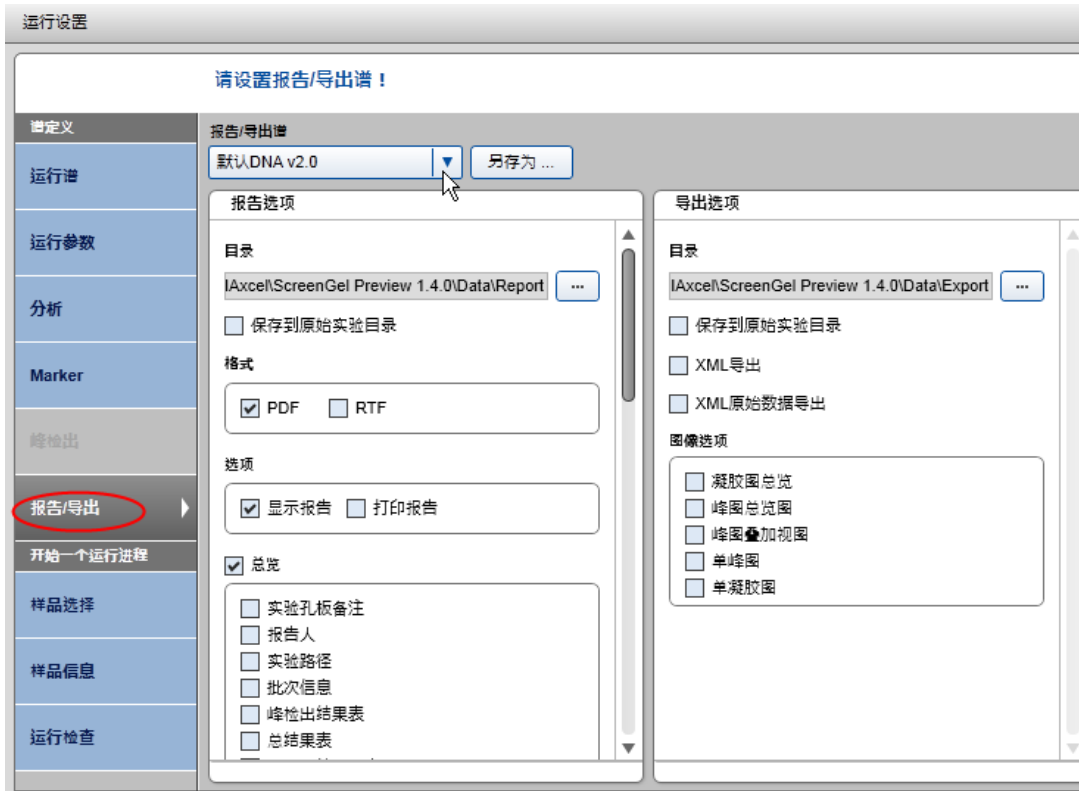
选择报告/导出参数

注意:只有当运行谱内容中选择了“报告”选项时,“报告/导出”界面才启用。关于详细信息,请参阅[选择常规运行进程选项](#)章节。

指定报告和导出参数的步骤如下:

1. 选择报告/导出谱。

利用“报告/导出谱”下拉列表来选择报告/导出谱。选定谱的参数显示在下拉列表下方。



选择一个报告/导出谱。

注意：当前在选定的报告/导出谱中所设的所有报告/导出参数将复制到运行谱。对基本的报告/导出谱的进一步修改不影响此运行谱中的报告/导出参数。这防止了运行谱被意外更改，并确保运行进程稳定性。如果基本报告/导出谱中的修改也要包含在此运行谱中，则在“报告/导出谱”下拉列表中选择它，将修改后的报告/导出谱包含到运行谱中。

注意：报告/导出谱如选择的“使用显示的图像”不会在“报告/导出谱”下拉列表里显示。该选项仅在分析环境下可用。更多信息请参见[报告/导出选项](#)章节。

注意：在DNA模式中，如果峰检出功能是激活的，包含选定分布分析选项的报告/导出谱不列在“报告/导出谱”下拉列表中。相似地，如果分布分析功能是激活的，包含选定峰检出选项的报告/导出谱不会被列出。

2. 修改报告/导出参数。

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

注意：修改仅包含在此运行谱中。如果修改后的参数还要包含在选定的报告/导出谱中，则按照下文所述来保存报告/导出谱。

注意：至少选定一个格式复选框（PDF或RTF）和一个内容选项（总览或样品详细信息）时，或选定一个导出复选框时，报告/导出谱才变得可用。如未做选择，则复选框和“报告/导出”界面都将以黄色高亮显示。

3. 保存修改后的报告/导出参数。

注意：该项操作仅能由“Advanced User（高级用户）”来执行。

点击“另存为...”按钮可保存修改后的报告/导出参数。您有两个选择：如果您希望在选定的报告/导出谱中保存修改，请点击“OK”；或者输入一个新的报告/导出谱名称，将修改后的报告/导出参数另存为一个新的报告/导出谱，然后点击“OK”。这个新的报告/导出谱的名称及所有参数将包含在该运行谱中。

运行参数和结果结构

本章节提供了一个例子，来介绍运行进程定义和结果结构之间的关系：

使用QIAxcel DNA Screening 卡夹：

- A行和B行将以AM320运行方式运行两次，其中size marker在A1位置
- C行和D行将以AH420运行方式运行三次，使用同一个size marker在C1位置

两种运行方式都将使用同一个alignment marker。

查看运行进程定义的“运行参数”和“样品选择”界面。

运行方式	范围	M	吸取时间	重复	轮次	预览
AM320	A,B	A1	10	2	4	
AH420	C,D	C1	20	3	6	

允许取消行选择 允许定义marker

运行方式: AH420 范围: C,D Marker: C1
 吸取时间: 20 秒 每行运行轮次: 3

* 此方法消耗了卡夹智能钥匙中的 1个运行轮次。

“运行参数”界面。

因为采用了两种不同的运行方式，两个条目被定义。每种条目定义了行和size marker的位置以及每行的运行轮次数目（“运行方式详细信息”列表中的“重复”列）。在“轮次”一列中列举了每种运行方式的运行轮次总数。

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

孔板 ID
C100520A99_2010-05-18_11-25-21

样品行选择

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

总运行轮次： 10
 预计时间 约102分钟
 提供样品信息

i 左键单击选择/取消选择样品行，右键单击定义/再定义size marker。

“样品选择”界面。

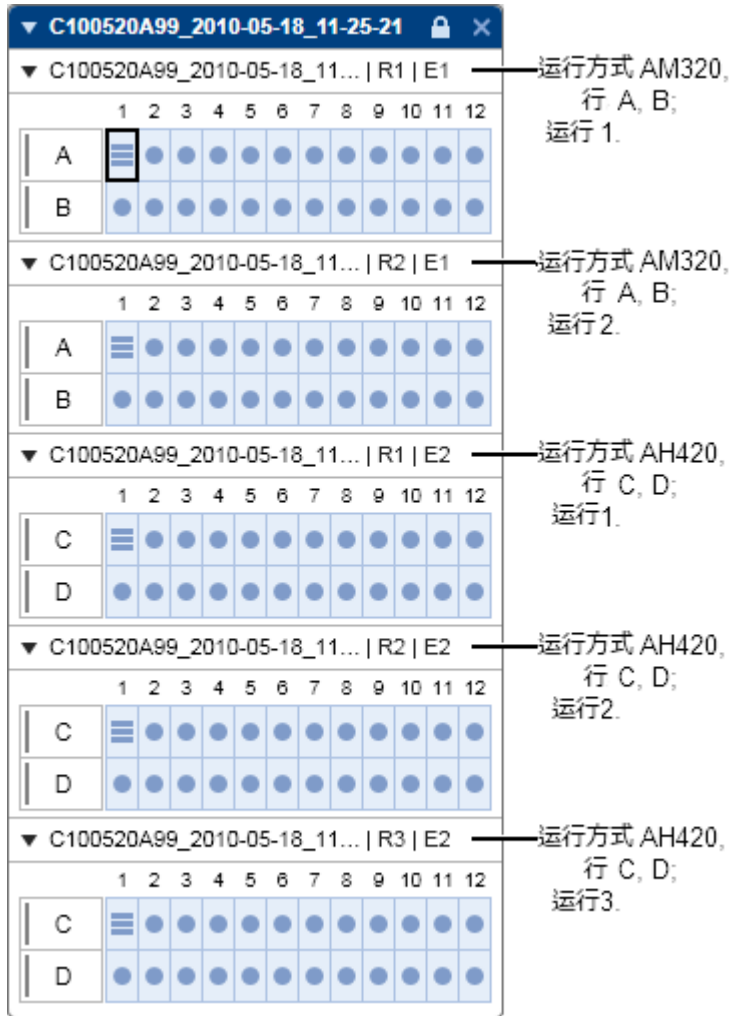
孔板ID”将用作结果的名称。

样品行选择显示了“运行参数”界面中运行定义的概要。

本例中的运行轮次总数（总轮次”）为10：

- 2 乘以A行和B行 = AM320 运行方式共运行4次
- 3 乘以C行和D行 = AH420 运行方式共运行6次

当运行进程完成时，样品数据显示于“实验浏览器”的“分析”环境中。



运行进程结束生成的实验。

该运行进程所产生的所有样品数据合并成一个实验，并根据“孔板ID”进行命名，孔板ID在“样品选择”界面中指定。

所有样品数据根据所谓的“孔板”分组，因为它们是由这次运行进程产生的。

孔板名称区分了这些运行进程。它包含：

实验名称 实验名称是根据 **样品选择** 界面指定的 **孔板 ID** 创建的。

R# 运行编号，其中 **#** 代表了从1 开始的一个数字。在**AM320** 的例子中的运行重复次数为2，分别生成**R1** 和**R2**。

E# 条目数（运行参数 界面里 **运行方式详细信息** 列表中的条目数），**#** 代表从1 开始的一个数字。在这个例子中，生成的条目数为**E1** 和**E2**，因为 **运行方式详细信息** 列表里含有两个条目（分别为**AM320**和**AH420**）。

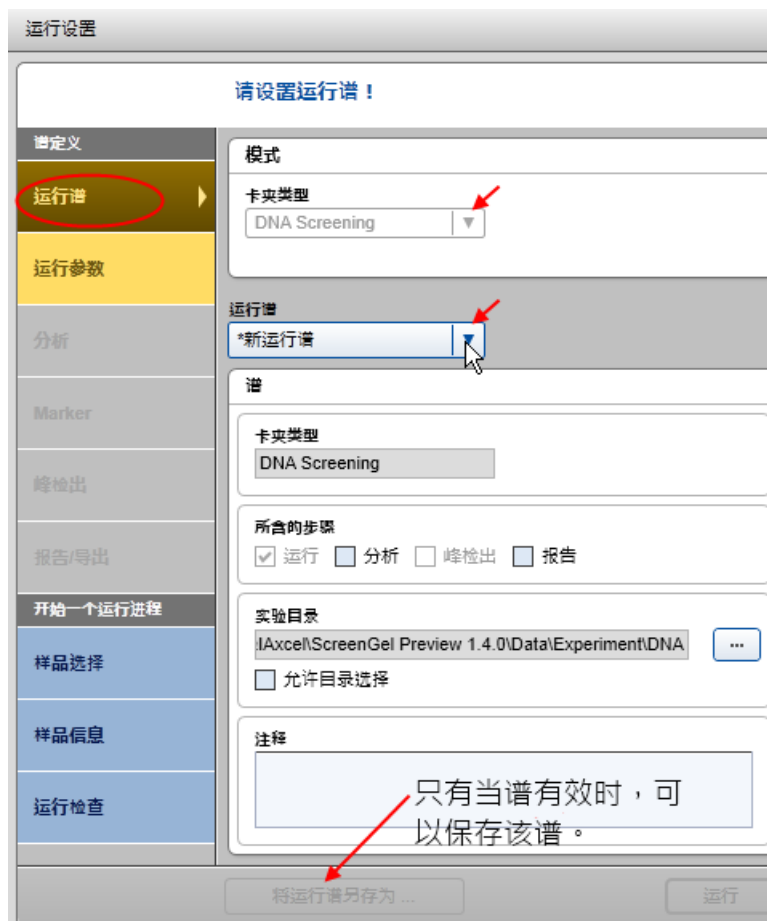
因此，**AM320** 运行方式的**A** 行和**B** 行的样品数据首先列出，且每次重复运行的数据都单独列出。

创建一个新的运行谱

注意：只有 **Advanced User**（高级用户）可创建一个新的运行谱。

如果要创建一个新的运行谱，步骤如下：

1. 打开 **运行** 环境。
如果未打开，点击 **运行** 环境的图标，切换到 **运行** 环境。选择 **运行谱** 界面。



创建一个新运行谱的主要步骤。

注意: 如果上一次操作刚刚完成, 请点击右下角的“返回向导”按钮。

2. 选择卡夹类型。

选择新的运行谱要使用的卡夹类型。

注意: 每个运行谱都与某一卡夹类型相关。因此, 系统才可确保只有插入了正确的卡夹类型后, 进程 (即数据获取) 才能启动。

注意: 如果仪器已连接, 系统会自动检测插入的卡夹类型, 且卡夹类型无法修改。如果您想要创建另一个卡夹类型的运行谱, 请取出卡夹, 或至少拔出卡夹智能钥匙, 或断开电脑与仪器的连接。

3. 选择运行谱。

使用“运行谱”下拉列表来选择运行谱。选定的运行谱将作为新运行谱创建时的模板。

注意: 选择“新运行谱”可从头开始创建一个运行谱。选择后系统将显示“*新运行谱”。只有 **Advanced User** (高级用户) 才能开展此操作。

4. 根据您的需要设定运行谱的选项。

请参阅[运行谱选项](#), 了解详细信息。

5. 将修改后的运行谱另存为一个新名称。

点击“将运行谱另存为...”按钮, 在弹出的对话框中输入一个新的名称。

注意:这只适用于 **Advanced User** (高级用户)”。

注意:如果运行谱界面包含不完整或不一致的数据,则它们会以黄色高亮显示,“将运行谱另存为...”按钮不可用。进入黄色高亮标记的运行谱界面改正数据。如果所有数据都正确,则“将运行谱另存为...”按钮启用,运行谱可保存。

查看运行方式详细信息

在运行谱的定义过程中,您可以查看运行方式的详情。

注意:此功能只适用于 **Advanced User** (高级用户)”和 **Basic User** (基本用户)”。

步骤如下:

1. 在“运行谱”界面选择一个运行谱。
2. 切换至“运行参数”界面。在“孔板定义”下选择您希望查看的运行方式条目。
3. 切换到“运行方式详细信息”页面。
4. 如有需要,可选择另一个要查看的运行方式。
注意:选择另一个运行方式查看的话,您刚才查看的“孔板定义”中的条目将被修改为这一运行方式。请确保您选择了正确的运行方式。



“运行方式详细信息”界面。

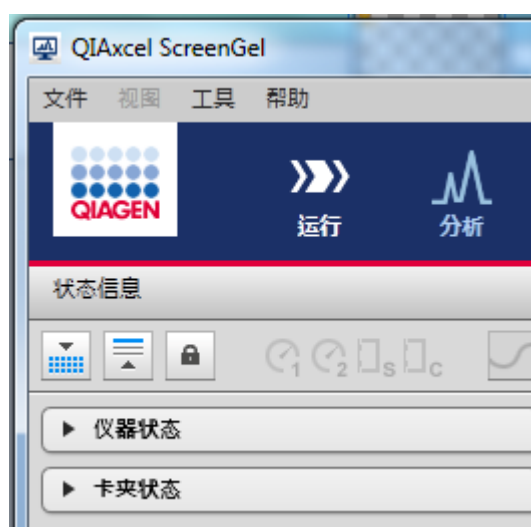
运行方式中定义的所有操作都列出。在运行过程中，操作将被依次执行。

关于位置缩写的更多信息，请参见 运行”环境左侧的 状态信息”栏的 仪器状态”部分。

“状态信息” 面板

在 运行”环境界面左侧的面板称为 状态信息”面板。该面板分为

- 上方的工具栏
- 仪器状态”
- 卡夹状态”



“状态信息”面板

仪器状态”和 卡夹状态”均可折叠和展开。

下列表格中将对 工具栏 的按钮和状态图标进行说明。



加载位置”按钮。点击本按钮将缓冲液槽移至仪器前方，以加载样品和缓冲液。

注意：当样品门或卡夹门开启的时候，电机不会移动。



洗涤停靠位置”按钮。单击本按钮将卡夹移至缓冲液槽的 (Wash park 洗涤停靠)”位置。

注意：当样品门或卡夹门开启的时候，电机不会移动。



表示当前插入的QIAxcel凝胶卡夹处于“锁止”状态。单击本按钮以解锁QIAxcel凝胶卡夹。

重要：如果 压力1”状态低，则需要在解锁之前增加系统压力。在压力减低的条件下解锁卡夹可能会损坏仪器！



表示当前插入的QIAxcel凝胶卡夹处于“解锁”状态。单击本按钮以锁定QIAxcel凝胶卡夹。

重要：如果 压力1”状态低，则需要在解锁之前增加系统压力。在压力减低的条件下解锁卡夹可能会损坏仪器！



压力1”状态：OK/低。OK表示样品运行过程处于充足的压力下。低表示氮气压力对于当前的样品运行是足够的；不过一旦当前的样品行运行结束，即应更换氮气瓶。



压力2”状态:OK/低。OK表示样品运行过程处于充足的压力下。低表示氮气压力不足以保证当前的样品运行,将不会执行分析。氮气瓶需要更换。



样品门:关闭/开启。

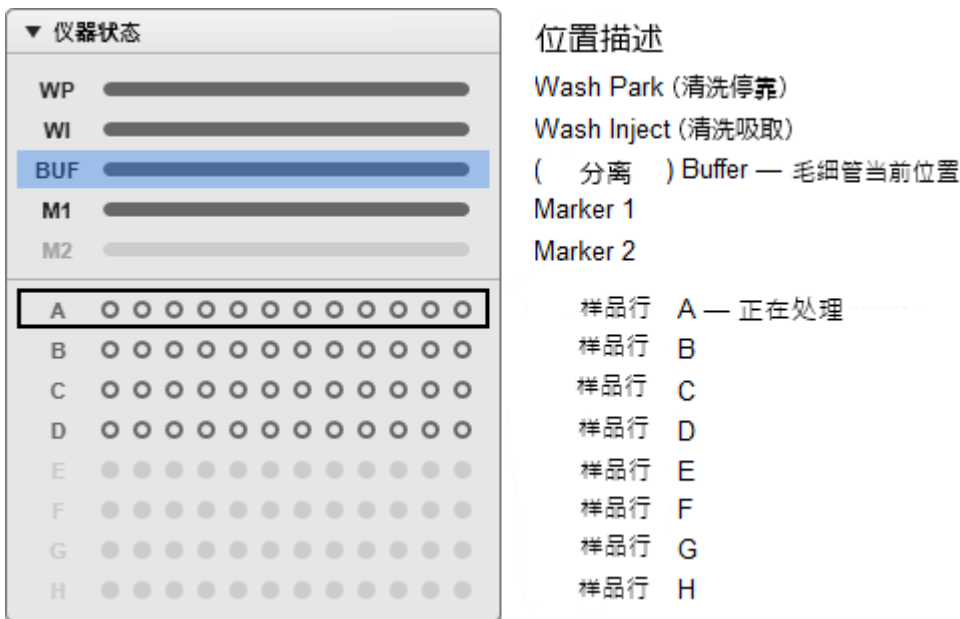


卡夹门:关闭/开启。



连接状态 QIAxcel Advanced仪器已连接、未连接和正在建立连接。
注意:处于未连接状态时,可点击图标以连接设备。

仪器状态”面板显示了缓冲液槽和样品孔板。当运行谱运行时, QIAxcel凝胶卡夹毛细管的即时位置会以高亮的形式显示。在如下案例中,样品A-D行使用了相同的运行方式进行处理。



“仪器状态”面板。

“卡夹状态”面板显示了当前插入QIAxcel凝胶卡夹的相关信息,如卡夹ID、卡夹类型、剩余的运行轮次数目、剩余的校准运行轮次数目、过期状态和校准状态。当单击展开“校准详细信息”时,将显示附加的校准详细信息。

▶ 仪器状态

▼ 卡夹状态

卡夹 ID
C140905A99

卡夹类型
DNA Screening

剩余轮次
82

剩余校准轮次
2

过期状态
有效

校准状态
OK

▼ 校准详细信息

校准日期
9/5/2014 5:16:25 PM

接受校准人
Sales

通道	面积	校准因子	结果
1	0.0051	1.4144	合格
2	0.0051	0.9689	合格
3	0.0050	0.8727	合格
4	0.0045	1.0018	合格
5	0.0047	0.8044	合格
6	0.0045	0.7396	合格
7	0.0051	1.0330	合格
8	0.0054	1.1428	合格
9	0.0051	2.0957	合格
10	0.0049	0.7969	合格
11	0.0051	1.1086	合格
12	0.0051	0.7276	合格

“卡夹状态”面板。

注意：卡夹状态“不佳”意味着卡夹尚未校准和需要被校准。关于校准操作的相关信息，请参考 [校准卡夹](#) 章节。

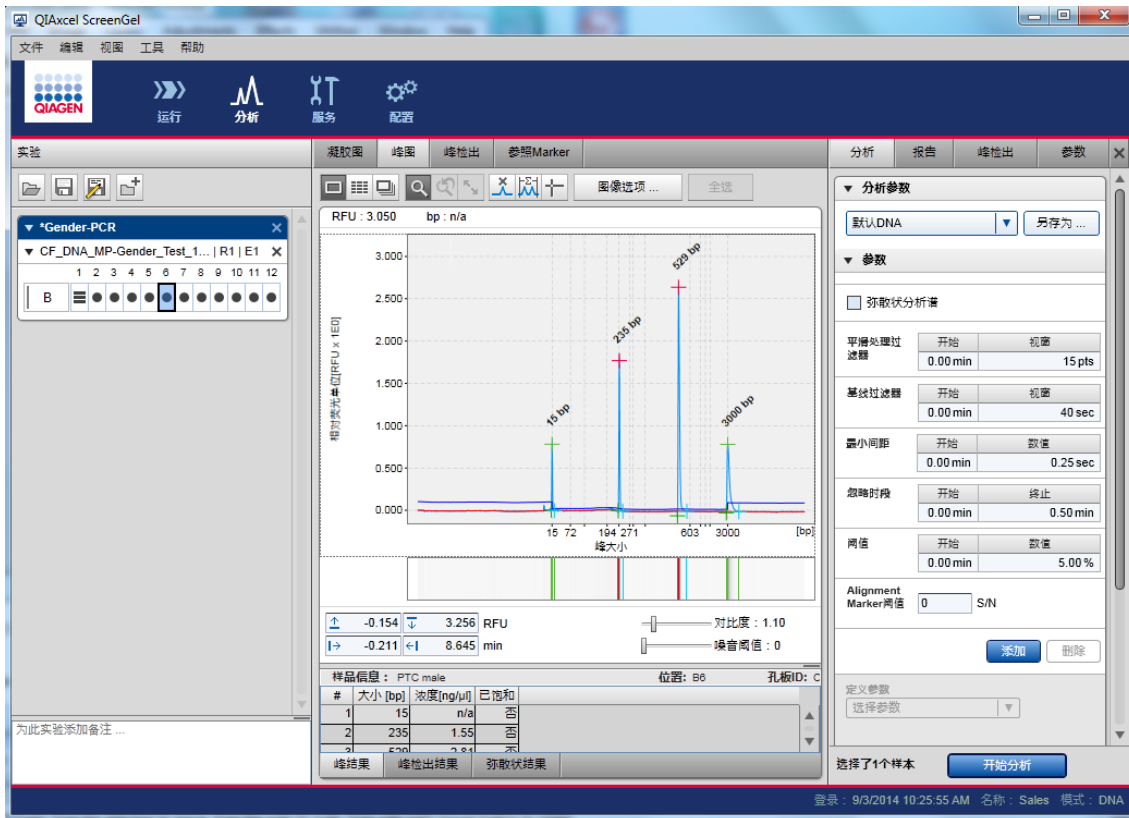
注意：“状态信息”面板显示于“运行”和“服务”两个环境中。

分析

“分析”环境为QIAxcel Advanced仪器所获取的峰图提供了可视化和分析的先进算法。

本软件为原始样品数据提供了数种自定义视图，举例来说，包括凝胶视图、单个峰图视图和峰图叠加视图。峰图视图同时显示了分析结果，用户据此可以快速对结果做出评估。

QIAxcel ScreenGel 软件所提供的分析算法能够自动确认多种峰值属性。分析算法可应用于单一样品或一组样品（称为实验），也可由用户进行自定义。可以确定待分析物的大小和浓度。DNA模式具有样品质量评估的功能，比如在一个工作流程中的靶向富集步骤之后进行质量评估，例如检查特定大小的片段存在与否（峰检出），以及测定并评估DNA片段的摩尔浓度和大小分布（分布分析）。RNA模式提供了RNA完整性得分（RNA Integrity Score RIS），后者可作为一个客观评估真核RNA样品质量的工具。此外，还可计算如28S/18S比率以及总RNA浓度一类的参数。



“分析”环境包含了激活的峰图界面，以及位于左侧的实验浏览器和位于右侧的分析面板。

左侧的“实验”面板显示了操作样品和实验的功能。中央面板显示了多个图形视图和结果表。如需更多信息请参考[查看样品数据](#)。

在参数面板的右侧，可设置分析参数和报告/导出选项。

如“分析”不可见，您可使用“视图”菜单选择菜单项“视图”/“显示分析参数”，或通过点击视图选择栏最右侧的图标，将其显示出来。



引入分析

在开始 (或重新开始) 分析样品前, 要确保实验 [已加载](#) 到左侧的“实验浏览器”中, 而且在中央区对样品进行了 [视图化显示](#)。此外, 还要确保要分析的样品已被 [选定作为分析样品](#)。更多详细信息, 请参阅 [操作样品和实验](#) 章节和 [查看样品数据](#) 章节及其子章节。

样品分析采用两步法进行。第一步, 利用原始数据进行峰检测。这样一来, 就可以找到 alignment marker 峰, 并可初步获得基本的峰属性, 例如, 峰起点和峰终点、作为时间函数的峰顶点以及峰面积。峰检测完成后, 可以根据 [凝胶视图](#) 或 [电泳图总览](#) 中找到的 alignment marker 峰来查看以及对齐样品。由于峰检测是分析的基础, 因此请确保正确地找到各个峰, 尤其是 alignment marker 峰。有关详细信息, 请参阅 [峰检测](#)。

第二步, 通过将样品中检测到的峰与参照 marker 峰相比照来确定峰大小和峰浓度。该参照 marker 是基于本次或之前运行中使用过的 size marker 创建的。要使用上次运行中的 size marker 进行分析, 请谨记要使用相同的卡夹、方法、仪器和 alignment marker。有关大小和浓度, 请参阅章节 [大小和浓度测定操作](#)。该软件允许您将第一和第二个分析步骤结合起来。

作为可选项, 也可以进行第三个分析步骤。根据峰检测和大小测定的情况, 可以选择采用 [峰检出](#) 或 [分布分析](#)。这些分析可以用来检查样品是否符合某些特定预期。

对于特定样品, 请按照 [DNA 样品分析](#) 和 [RNA 样品分析](#) 中的逐步说明进行操作。

我们也可以将分析步骤纳入数据采集过程, 从而享受全进程自动化带来的益处。以软件最初提供的分析参数作为起点, 自定义参数, 以便样品分析给出良好、可靠的结果。将这些参数保存到 [谱](#) 并使用它们来创建全自动的自定义 [进程配置文件](#)。

操作样品和实验

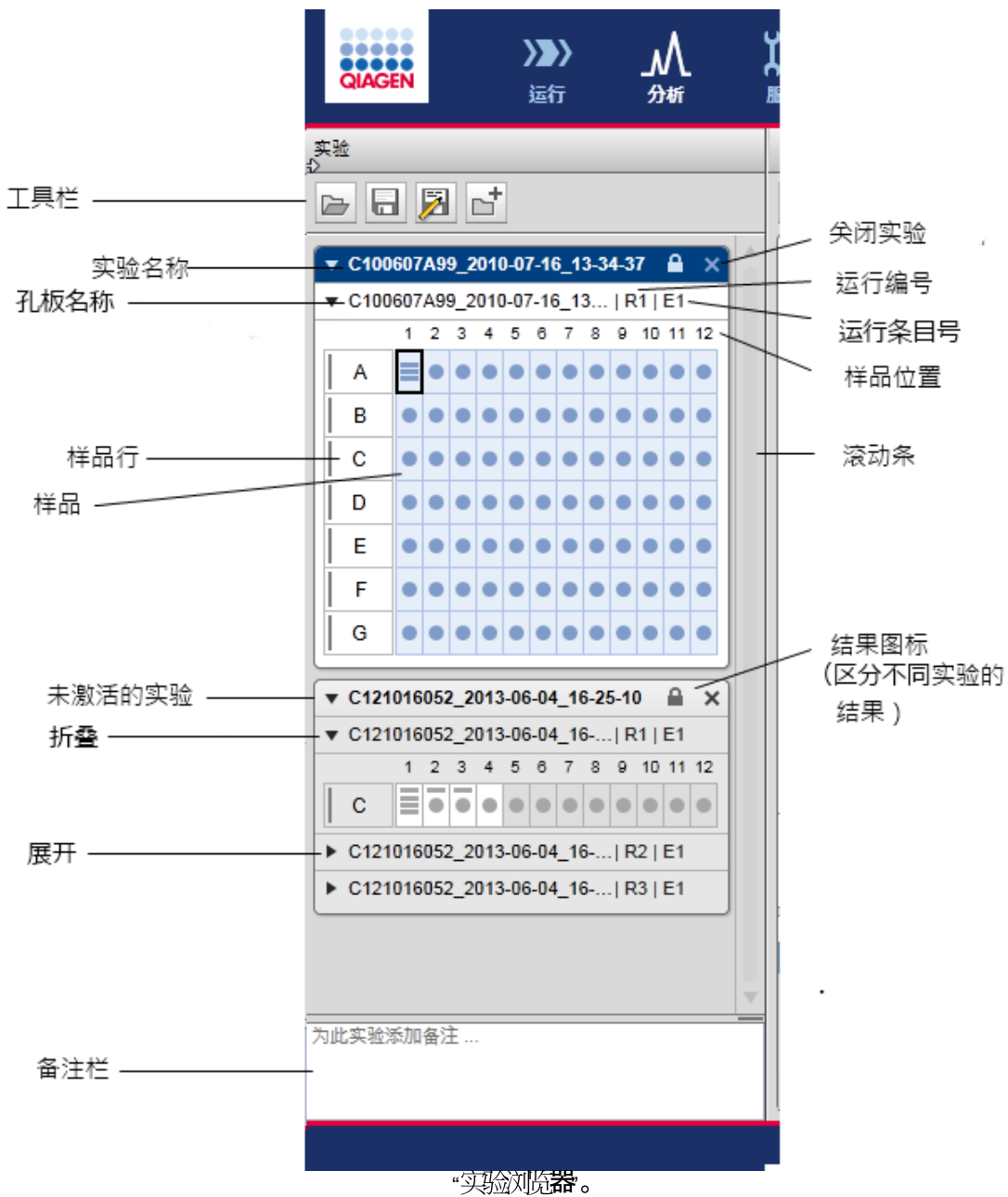
在“分析”环境中的“实验浏览器”能够以简明的方式显示样品, 并提供载入和管理样品的相关功能。

当运行进程完成后, 结果数据将保存在一个实验文件中。如果选择了“分析”环境, 该实验将自动载入实验浏览器。

实验文件以孔板和行作为单位, 按照处理的顺序分组样品。如需更详细的信息, 请参考 [运行参数与结果结构](#) 章节。

可载入数个实验, 但每次只能激活其中的一个。可对实验中的样品进行浏览和分析。可以在浏览器底部的备注区域针对所激活的实验输入备注内容。

可创建自定义实验 (定制实验) 以整合源自不同实验的样品结果数据。请参考 [创建一个新实验](#) 章节以获得更为详细的信息。



实验浏览器的工具栏包含了以下按钮：



载入实验：从磁盘中载入实验，请参考 [加载样品数据](#) 章节以获得更为详细的信息。



保存激活的实验：将激活的实验保存到磁盘中。请参考 [保存实验](#) 章节以获得更为详细的信息。





移动/重命名实验：保存一个激活的实验；可更改名称和路径。请参考 [保存实验](#) 章节以获得更为详细的信息。

注意 此功能不会创建一份实验的拷贝。











创建新实验(定制实验)：请参考 [创建一个新实验](#) 章节以获得更为详细的信息。

样品图标的含义

在“实验浏览器”中，样品以孔  符号表示，而size marker以梯子  符号表示。

根据分析与否、可视化状态和选择状态的不同，这些符号略有差异：

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


此外，当前关注的样品具有边框 。此样品以单个峰图视图显示，您可查看其属性。

使用样品关联菜单，可更改样品的 **Size Marker** 属性 。使用 **Size Marker** 选项来进行切换。

之后可用具有 **Size Marker** 属性的样品创建参照marker。

加载样品数据

如果要从磁盘加载样品，步骤如下：

1. 点击“实验浏览器”顶部的 。
2. 弹出的对话框中包含了所有在当前运行模式下生成的实验（例如来说，在DNA模式下您将不会看到RNA实验）。从最近经常打开的目录或默认实验目录开始导航。您可浏览不同的目录。
注意：若要打开校准结果，选择结尾是 **[Calibration Results]** 的路径。

-
3. 用鼠标双击打开列表中的实验，或用鼠标左键点击实验后点击“载入”。

4. 实验将被加载,并显示于“实验浏览器”中。

注意:如果“实验浏览器”中已有加载的实验,则刚打开的实验将作为最后一个显示。最近加载的实验会自动被激活。

注意:在DNA模式中,包含峰检出或分布分析的已加载实验触发软件分别自动激活峰检出或分布分析功能。

此外,您也可通过在Windows Explorer(浏览器)进行拖动和释放操作,来打开一个或更多实验文件。为实现这一操作,您需要首先找到欲打开实验文件所在的文件夹,并将它们拖入“实验浏览器”中。在所有被拖放进入“实验浏览器”的实验文件中,只有能够以指定模式打开(例如在DNA模式下,只有DNA实验能被打开)的文件才会被成功载入和显示出来。应用程序不能打开的文件将会被忽略。

注意:当分析和报告完成时,关闭实验。



载入实验的文件对话框。

磁盘上一个实验的表示

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

载入前一版本软件的实验

要载入由前一版本的QIAxcel ScreenGel生成的实验,请按照上述方法操作。所加载的实验将自动转换(并转移)为新的版本。

注意:一个经转移的实验将不能再由前一版的软件打开。

在1.0.x版的QIAxcel ScreenGel中,实验在磁盘上显示为由该实验名称命名的文件夹。此文件夹中包括一个以实验名命名的文件用以描述实验的结构。扩展名取决于实验建立的模式(xdr 为DNA .xrr 为RNA .xcr 为卡夹校准时的校准文件)。另外,文件夹还包含一些其它文件,每一个文件均包含样品行的样品数据。文件名在实验名的基础上进行扩展。

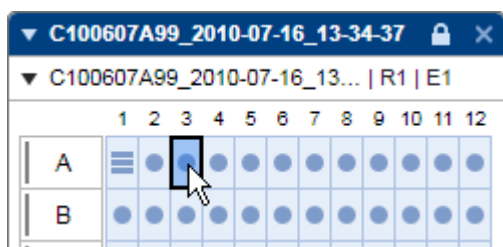
当1.0.x版本创建的一个实验载入到QIAxcel ScreenGel 1.1版或更高版本软件时,它会自动地转换(转移)为QIAxcel ScreenGel 1.1版软件或更高版本,即自动转换为最新版本。在保存实验后,存有实验和样品文件的文件夹会被一个带有适当的新文件扩展名的独立实验文件所替换(见前文)。

当用户将 QIAxcel ScreenGel 软件1.0.x版创建的RNA实验载入 QIAxcel ScreenGel 软件1.1或更高版时,参照marker列表中18S和28S峰的搜索标准将被自动转换为一个峰检出指令。

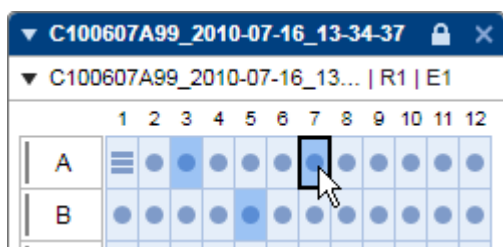
关于从BioCalculator 软件载入实验,请参考[导入BioCalculator 数据](#)章节。

选择样品

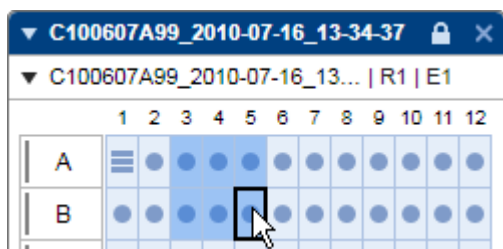
在“实验浏览器”中,激活实验内的样品可以选择。关于激活实验的更多信息,请参阅[激活实验](#)章节。



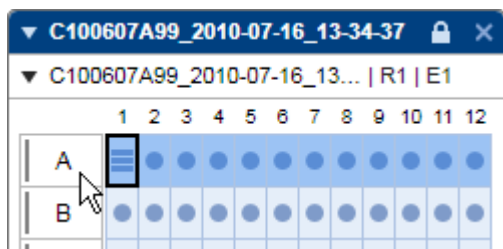
左击选择单个样品。



如需选择多个样品,按住 **Ctrl** 键的同时左击样品。



如需选择矩形区域内的多个样品,请在按住 **Shift** 键的同时(本例中)左键单击A3 和B5 样品。



如果要选择一行中的所有样品,左键单击行字母

如果要选择多行,同时按住 **Ctrl** 或 **Shift** 键。



要选择一整板的样品，右键单击孔板名并在下拉菜单里选择“选择整个孔板”。

如需选择实验中的所有样品，右键单击实验名，并在下拉菜单里选择“全选所有样品”。

左键单击样品，以切换关注点。在样品选择过程中，最后一个选择的样品将成为关注点。

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

选择样品用于分析或报告

在视图内的选择才是有效的——并非在“实验浏览器”中进行选择。对样品的选择是基于视图的：描述如下。

视图	单一样品选择	多个样品选择
凝胶图视图	通过点击样品的凝胶泳道标题来选择单一样品。在此环境下，从“实验浏览器”中无法选择样品用于分析。	可使用 Shift 或 Ctrl 键（与 Windows 浏览器用法相同），通过点击凝胶泳道的标题来选择多个样品。 或者，您可通过单击工具栏中的 全选 按钮来选择全部可见的凝胶泳道。
单峰图视图	在“实验浏览器”中选择单一样品。本视图中的可见样品将被分析。	本视图中不可用。
峰图概览视图	通过点击样品的峰图来选择单一样品。在此环境下，从“实验浏览器”中无法选择样品用于分析。	可使用 Shift 或 Ctrl 键（与 Windows 浏览器用法相同），通过点击峰图来选择多个样品。 或者，您可通过单击工具栏中的 全选 按钮，选择全部可见的凝胶泳道。
峰图叠加视图	本视图中不可用。	图表中的全部样品都将自动被选择。

扩展和折叠

为了获得更大范围的概览，无论实验是否激活，您可以折叠实验或孔板。

如果要折叠实验：

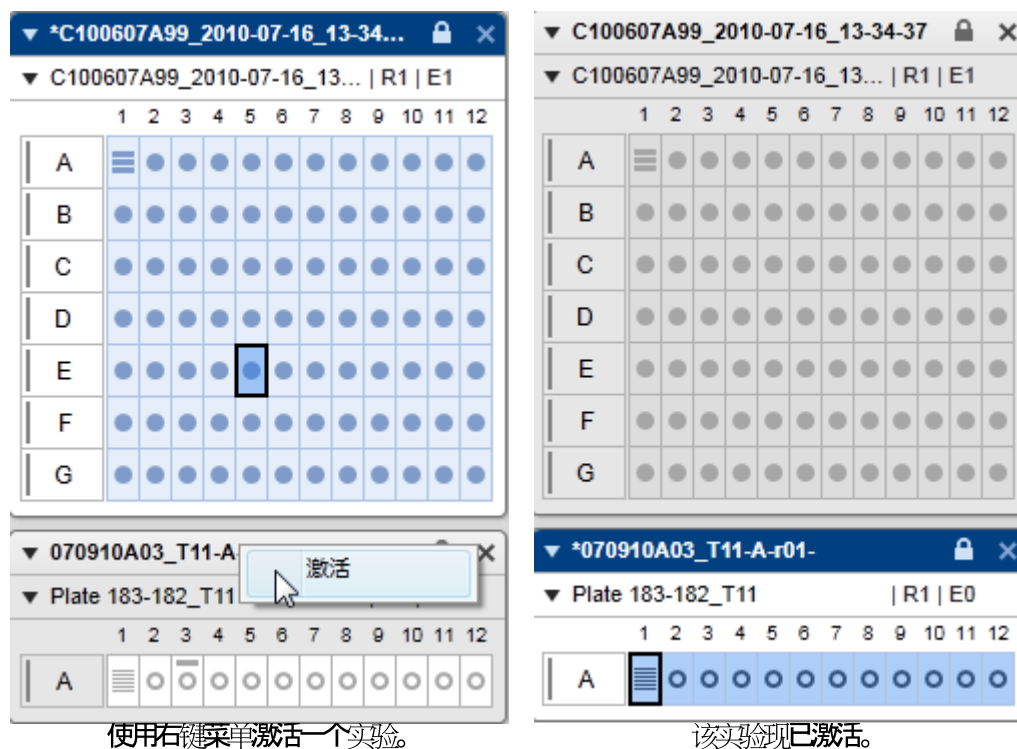
1. 点击实验名称左侧的 ▼。整个实验折叠，只剩下实验名称。
2. 点击 ► 再次展开。

注意：点击孔板名称左侧的 ▼，您可以折叠实验内的单块孔板。孔板折叠，只剩下孔板名称。点击 ► 再次展开。

激活实验

每次只能激活一个实验。激活实验中的样品可以查看和分析。

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




之前激活的实验将自动取消激活。如果此实验已修改，则系统会询问您是否保存修改。点击“是”保存，点击“否”放弃修改。选择“取消”，取消激活。关于保存实验的更多信息，请参阅[保存实验](#)章节。

注意：旧版本的实验结果将无法被取消激活。相反，当你激活其它实验时，它们将被关闭。你可以通过将它们保存为新版本格式来避免此种情况。注意，保存为当前最新版本的实验无法再以旧版本软件打开。


注意：在DNA模式中，包含峰检出或分布分析的已激活实验触发软件分别自动激活峰检出或分布分析功能。

保存实验

如果要将激活的实验保存到默认的数据目录，请在“实验浏览器”的顶部点击“保存激活的实验”按钮。

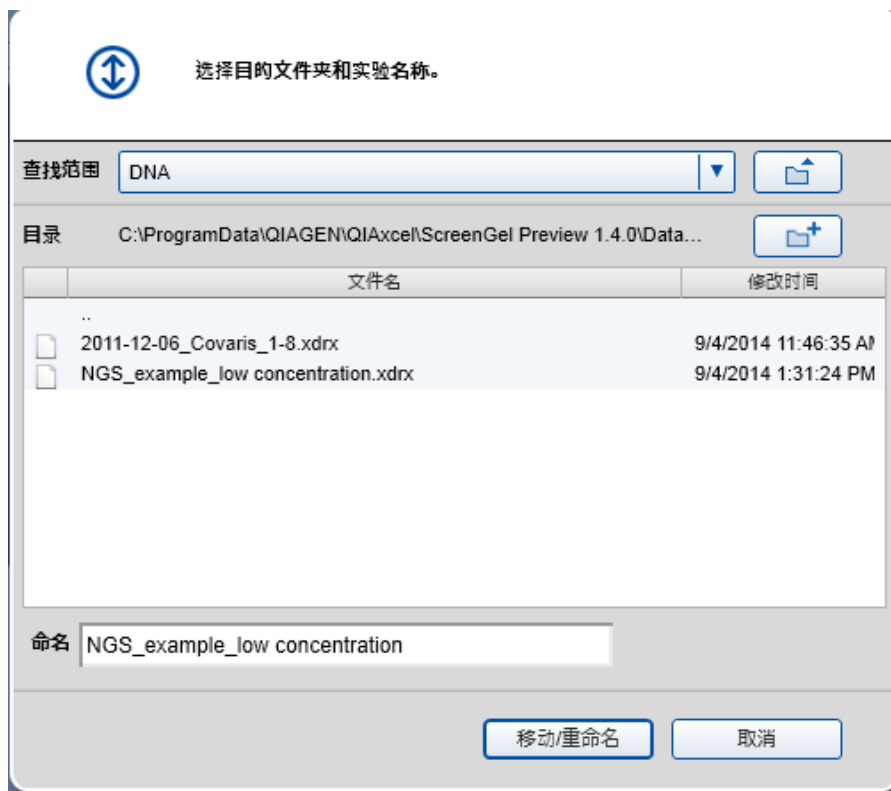
对此实验所做的所有修改将保存到设置中指定的默认数据目录。这包括分析结果以及关于视图配置的信息。

注意：样品数据不能单独保存。

如需将已激活的实验保存到另一个目录，使用“移动/重命名实验”按钮。该操作将打开一个文件对话框，用于选择不同的目录和实验名称。

注意: 为避免数据的冗余, 之前的实验文件将被清除。

如果实验是在实验浏览器里[生成](#)且并未被存储至磁盘, 则同样的文件对话框会打开。



保存实验的文件对话框。

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

注意: 实验名限制在40 个字符内。

下列信息保存在实验中:

下列信息保存在实验中:

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

下列信息也保存在每个样品中, 因为每个样品不同:

- 运行信息: 所有运行参数, 包括卡夹信息、所用运行方式的参数、样品吸取时间和分离时间。操作完成后运行信息立即保存, 之后无法进行更改。
- 分析信息 (如果样品已分析): 包括分析参数和分析过程中所用的参照marker表。

关于样品的详细信息, 请参阅[查看样品参数](#)章节。关于设置和目录配置的详细信息, 请参阅[设置](#)章节。

关闭实验

您可以点击实验名称右侧的 **x**，关闭实验，而无论实验是否激活。

如果此实验已修改，则系统会询问您是否保存修改。

点击 **是** 保存，点击 **否** 放弃修改。

选择 **取消** 取消关闭。

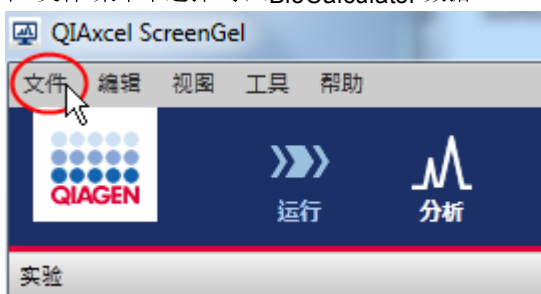
关于保存实验的更多信息，请参阅[保存实验](#)章节。

导入 BioCalculator 数据

用户可将源自BioCalculator软件的数据文件（QIAxcel ScreenGel 软件之前的QIAxcel软件版）导入QIAxcel ScreenGel 软件。

步骤如下：

1. 在“文件”菜单中选择“导入BioCalculator 数据”。



打开文件菜单。

注意：只有“分析”环境才有此菜单选项。

2. 在弹出的对话框中选择您需要导入的BioCalculator 数据文件。导航将从最近使用过的BioCalculator 导入目录，或默认的（My Documents 我的文档）目录起始。寻找需要导入BioCalculator数据文件的目录地址。使用文件类型进行过滤。
3. 从列表中选择要导入的文件，并点击“导入”。
注意：每次只能导入一个“hff”类型的文件。所选“hff”文件对应的“hda”文件应该与“hff”文件在同一个文件夹中。

注意：将文件类型更改为“HDA”可选择多个“hda”文件。

4. 文件将转换，并显示于“实验浏览器”中。
如果选定了“hff”文件，则创建的实验将包含与“hff”文件相同的行和样品。重复将以不同孔板表示。
实验文件将保存至默认的实验目录，后者在用户[设置](#)中进行定义。
注意：如果有不完整的行，则空的样品位置仍然为空。
注意：如果样品位置被多次提及，则将生成不同的孔板。
注意：如果“实验浏览器”中已有加载的实验，则刚打开的实验将作为最后一个实验显示。此实验会自动激活。
注意：如果选定文件的模式“DNA或RNA”与当前的模式不同，则文件无法导入。

5. [显示](#)样品。

注意: 通过在实验浏览器中右键单击一个样品并在其下拉菜单中选择 [转移分析指令](#)”, 可将该样品的分析参数和参照marker表导入到“分析”视图的分析参数中。

如需加载QIAxcel ScreenGel软件生成的实验, 请使用 [载入实验](#)”功能, 如[加载样品数据](#)章节所述。

修改样品信息

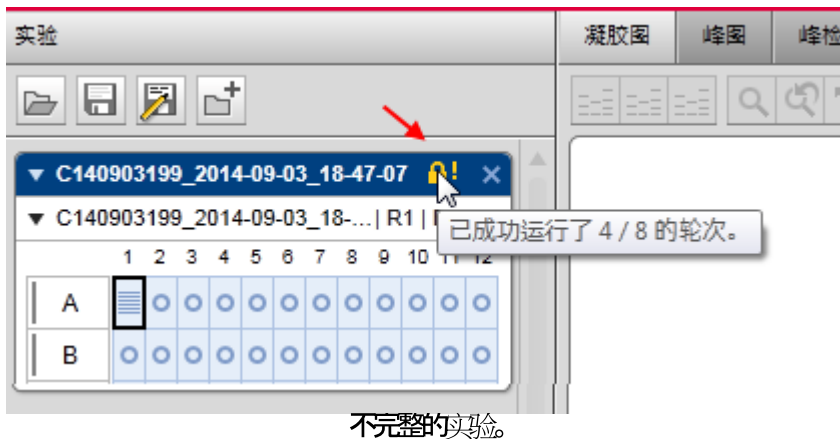
要在运行结束后修改样品信息或样品注释, 在实验浏览器中选择样品, 右键单击样品并在下拉菜单中选择 [修改样品信息或样品注释](#)”。在出现的对话框中输入新的样品信息和/或样品注释。

注意: 只有用户具备修改样品信息的权限时才可以下拉菜单中选择 [修改样品信息或注释](#)”。Administrator (管理员)可在右侧的[用户管理](#)部分进行授权。

注意: 报告中将标示出已被修改的样品名称或注释。

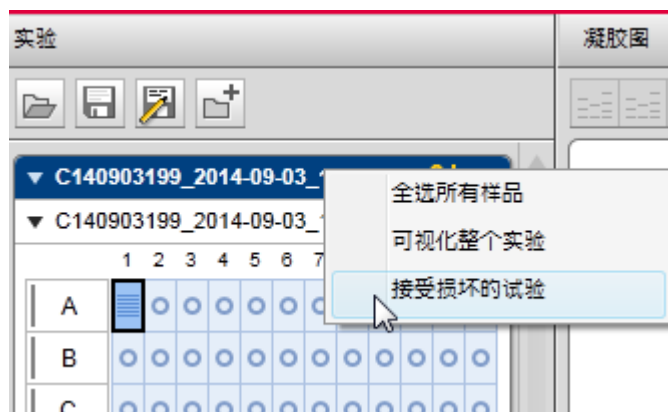
处理不完整的实验

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



不完整的实验。

您可以将该图标从实验中移除 (举例来说, 因为您可以成功地重新处理本项缺失的运行操作)。右键单击实验名并从下拉菜单中选择 [接受损坏的实验](#)”。



注意：本选项仅对拥有该权限的用户有效（基于他们的使用权限）。Administrator（管理员）可以在用户管理系统下授予他们“可接受不完整的实验”的权限。

在报告的总览部分会包含不完整的运行进程以及接受该实验的相关信息。

查看样品数据

“分析”环境为查看原始数据和分析结果提供了一些选择。

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

所有视图都允许通过缩放数据来查看数据。

将样品添加到视图

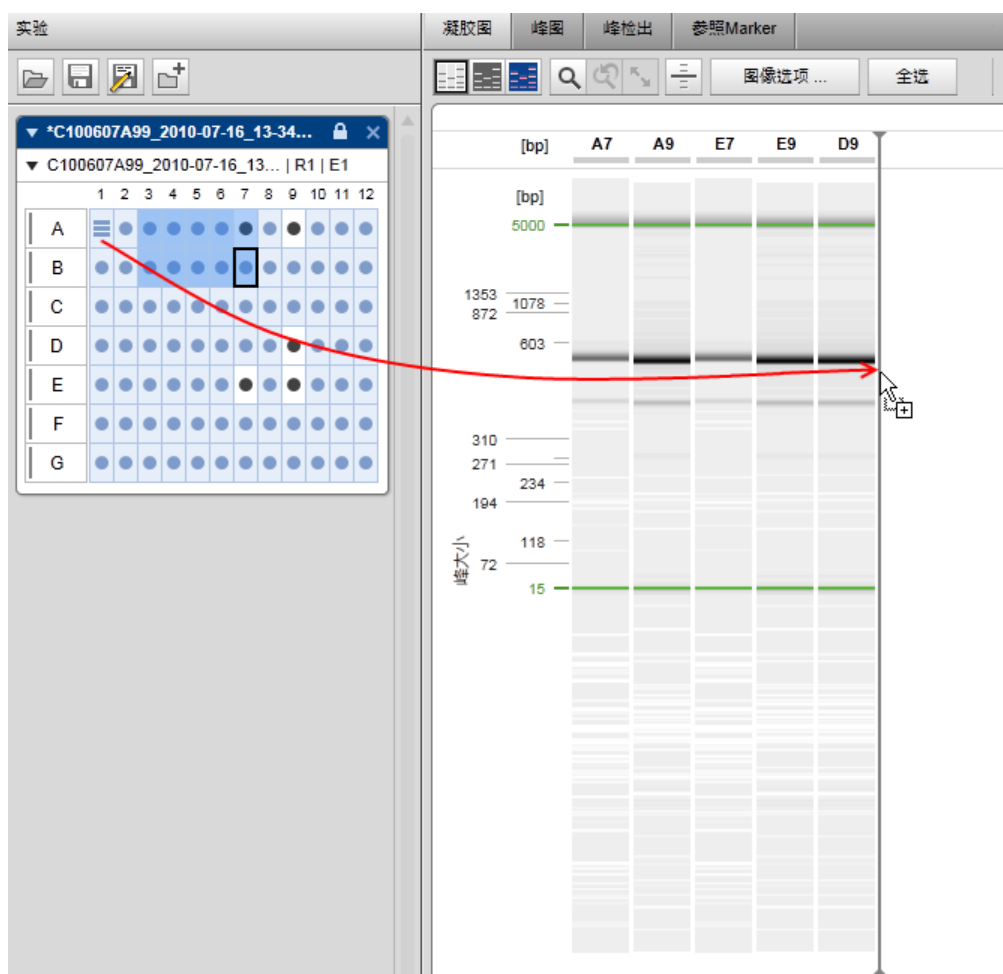
注意:在凝胶图视图和峰图视图下,最多一次可以查看97份样品。如果达到上限,则无法查看更多的样品。

样品可添加到视图中,只需将样品从“实验浏览器”拖动至:

- 凝胶图视图
- 峰图概览视图
- 峰图叠加视图 (参见本节末尾的描述)

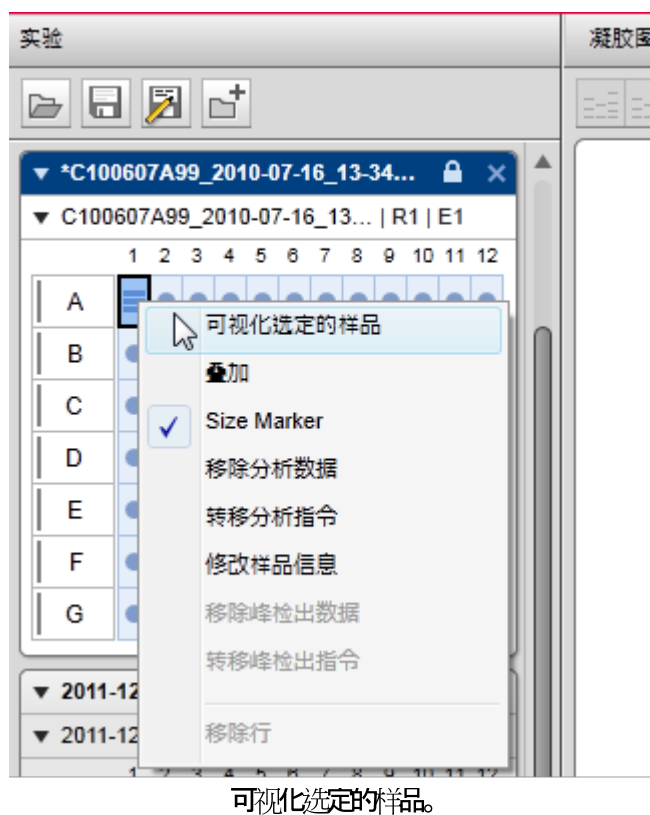
步骤如下:

1. 在“实验浏览器”中选择要查看的样品。
2. 左击选定的样品,拖动至视图,并放开。所有选定的样品将显示在视图中。
注意:在凝胶视图和峰图概览视图中,一个标记指示了鼠标放开的位置。所有样品都将显示在选定位置。请参阅[更改泳道顺序](#)。



将A1样本拖动至凝胶图像D9的右侧。

或者，也可以通过实验浏览器的关联菜单将样品添加到视图中。使用“可视化选定的样品”选项，将样品添加到视图中。



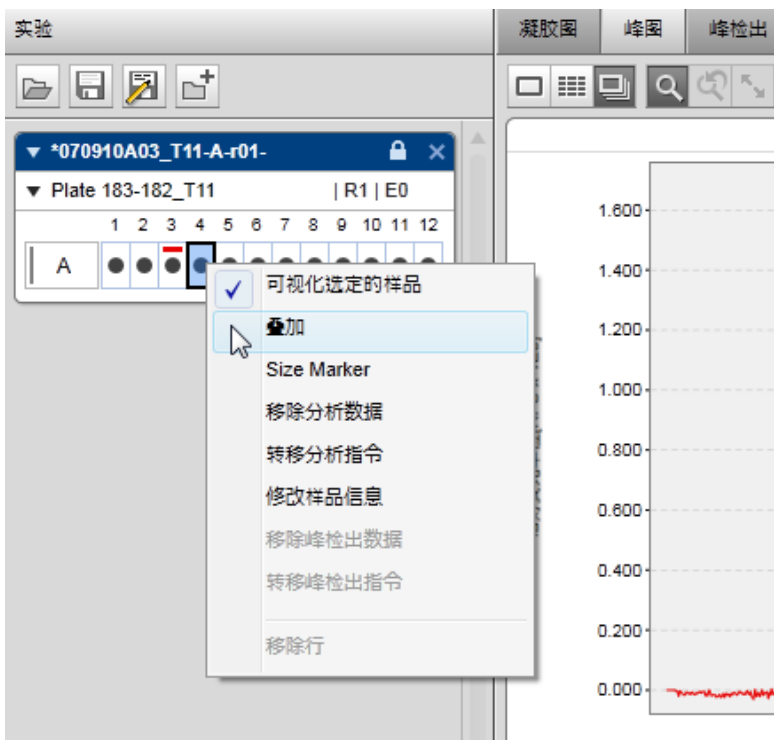
最后，要查看整个孔板，右键点击孔板名，并从下拉菜单中选择“可视化整个孔板”。要查看整个实验，右键点击实验名，并从下拉菜单中选择“可视化整个实验”。

不同于其他的视图，叠加视图不会自动显示所有可视化的所选样品。

请按照以下步骤，向叠加视图中添加样品：

1. 在“实验浏览器”中选择需要添加的样品。
2. 在“实验浏览器”中打开所选样品的关联菜单。

3. 选择“叠加”选项。



将A4样本加入叠加视图。

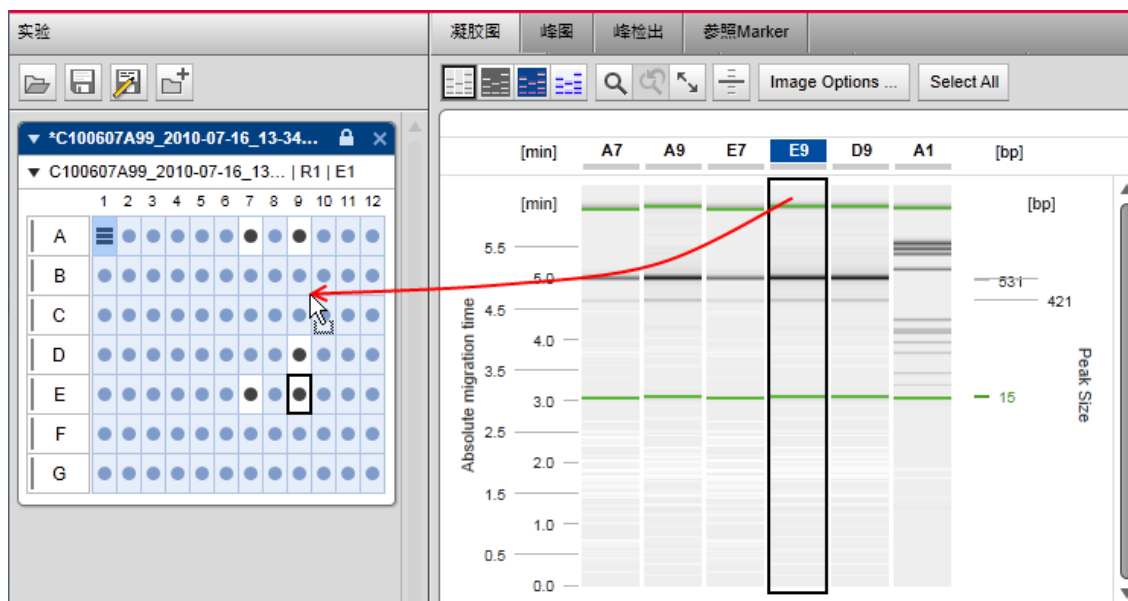
所选样品将加入到叠加视图当中。在“实验浏览器”中，显示于叠加视图中的全部样品都会被色块所标记，具体颜色与叠加视图中一致。

注意：至多可以叠加12张峰图。如果超出数量限制则会弹出一个警告。

另外，也可从“实验浏览器”中拖放最多12个选定样品至叠加视图中。

从视图中移除样品

样品可从视图中移除，只需将选定的样品从视图中拖回到“实验浏览器”。

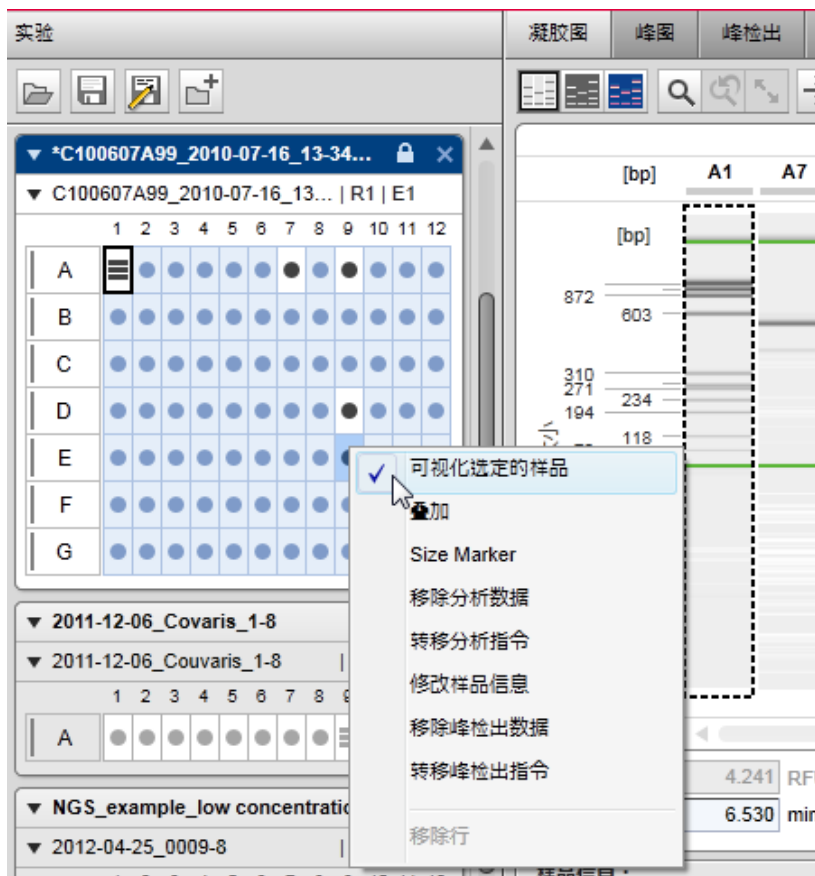


从凝胶图像中移除样品E9。

注意：您可以将样品放在“实验浏览器”中的任何地方。

或者，也可以在“实验浏览器”中使用样品的右键菜单：

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



通过关联菜单移除所选的96样品。

最后，如果整个孔板或整个实验是可视觉化的，你可以从视图中清除所有的样品。右键单击孔板名或实验名并从相应的下拉菜单中取消“可视化整个孔板”或“可视化整个实验”选项。

如需从叠加视图中移除样品，请按照如下运行方式进行操作：

1. 在“实验浏览器”中选择需要移除的样品。
2. 在“实验浏览器”中打开所选样品的关联菜单。
3. 取消选择“叠加”选项。

导出视图到剪贴板

样品视图可复制到剪贴板。

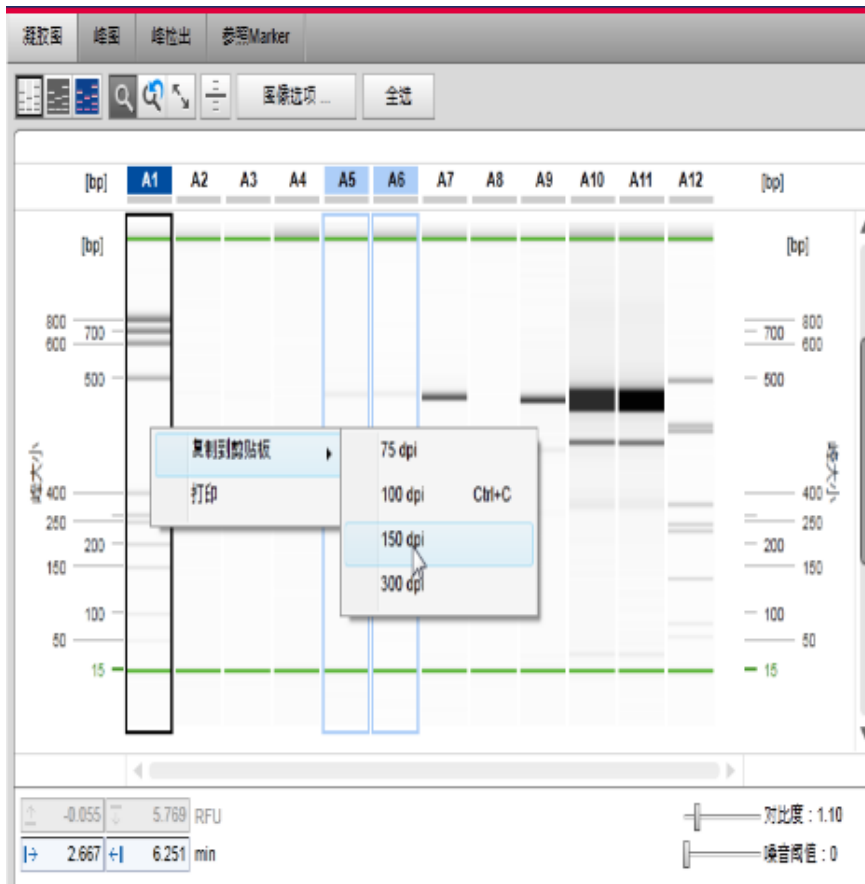
1. 选择要复制的泳道/峰图（在[凝胶图视图](#)或[峰图概览视图](#)中）。
2. 右击选定的样品，并选择“复制到剪贴板”。
3. 切换到您想要查看视图的应用程序，点击粘贴。

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

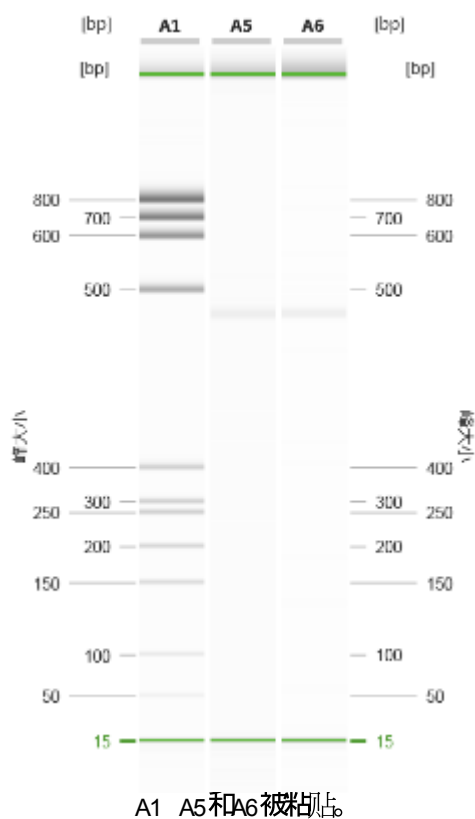
注意: 在您粘贴图片到一个应用程序时, 请注意该程序是否使用了正确的分辨率。QIAxcel ScreenGel 剪贴板内的图片使用了最适合的分辨率 (表明图片具有适当的像素)。你贴入图片的应用程序要能够正确解析相关信息。

注意: 拷贝到剪贴板的样品和在视图里显示的图像具有相同的设置 (如调色板, 对比度, 降噪及缩放因子)。

注意: 在单峰图视图和峰图叠加视图下, 如果视图中显示了凝胶泳道和电流曲线, 它们将会被一同拷贝到剪贴板。如果你隐藏了凝胶泳道和电流曲线, 则仅有样品会被拷贝到剪贴板。你同样可以从凝胶泳道和电流曲线访问弹出菜单 “复制到剪贴板”。



包括所选A1 A5和A6样品的凝胶图至剪贴板。



直接打印视图

你可以直接打印选中样品的图片：

1. 选择凝胶泳道/峰形图用于打印。
2. 右键选中样品，并在下拉菜单中选择“打印”。

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

发送到打印机上的文件与拷贝到剪贴板上的图片是一样的；如果凝胶泳道和电流曲线也显示在[单峰图视图上](#)和[峰图叠加视图上](#)，则它们也会一并被打印。

结果表格

样品的分析结果表格显示于分析环境下的峰图视图或凝胶视图下方。样品信息、样品注释（如输入）、样品在孔板上的位置以及孔板 ID 显示在结果表格顶部。在选定了一个已分析的样品后，其结果会显示在结果表格中。选择的模式不同则结果显示不同。右键单击表格的标题行，选择显示列，然后选择您感兴趣的参数。

样品信息：				位置: A7	孔板ID: C
#	大小 [bp]	浓度[no/ul]	已饱和		
1	15			显示所有列	
2	426			显示列	
3	554			恢复默认列	
4	5000				

峰结果 峰检出结果 涂片/gDNA 结果

DNA 结果表格。

峰结果表格列出了样品中测得的峰。可以使用这个结果表格进行[标准 DNA 分析](#)、[DNA 样品的快速分析](#)以及[RNA 分析](#)。请参阅[峰结果列](#)一节，了解有关可用峰参数的详细信息。

峰检出结果表格列出了样品的峰检出结果。此结果表格还可用于进行[RNA 质量控制](#)。有关详细信息，请参阅[峰检出结果列](#)一节。

在 DNA 模式下，弥散状/gDNA 结果表格列出了样品中测得的弥散峰，并显示弥散峰的专有参数。只有在分析环境 ([弥散状 DNA 分析](#), [gDNA 分析](#)) 右侧的分析参数 面板中选择了分析谱选项弥散状 或gDNA 时，才会检测到弥散峰。请参阅[弥散状结果列](#)一节，了解有关弥散峰参数的详细信息。

如果以 DNA 模式执行分布分析，则会显示分布结果表格而不是峰检出结果表格。有关详细信息，请参阅[分布结果列](#)。

注意：峰检出和分布分析会在分析环境的中间面板生成一个额外的概览结果表格。如需更多信息，请分别参阅[峰检出](#)或[分布结果](#)。

修改结果表格

对于单峰图视图和峰图概览视图，显示在结果表格中的信息可单独自行选择。自行选择适用于进一步查看结果。

注意：峰图叠加视图下，所显示的小结果表格不可自行选择。

添加列

如果要添加列：

1. 右击表格标题。
2. 在右键菜单中选择“显示列”选择需显示的列。

注意：选择“显示所有列”选项，可显示所有列。选择“恢复默认列”选项，可显示默认列。

移除列

如果要隐藏列：

1. 右键单击表格标题。
2. 在右键菜单中选择“显示列”，取消选择不需显示的列。

更改列的顺序

将列标题拖至相应的位置，可更改显示列的顺序。在拖动列标题时，将显示一个标记，该标记为鼠标释放时列的位置。

注意：峰检出和分布结果表的列无法重新排列。

调整列的宽度

拖动表格标题的垂直单元格边框，可调整列的宽度。

注意：峰检出和分布结果表的列宽度无法重新更改。

与结果表格互动

选择和移除峰

在结果表格中选择一个峰时，峰在峰图中会被高亮显示出来（单峰图视图和峰图概览视图）。如果要在结果表格中选择一个峰，左击 # 列的峰编号。如果要取消选择峰，使用右键菜单选项 取消选择所选的峰”，或仅仅点击另一个单元格。如果要将选定的峰从结果表格中移除，使用右键菜单选项 删除所选的峰”。如需从结果列表中移除多个已选峰，首先在 # 列中通过按住 **Ctrl** 键，配合左键单击相应的峰编号来选定想要删除的峰。或者按住 **Shift** 键，并左键单击首峰和末尾峰的编号。在两者之间的所有峰都会被选中。右键单击所选项，并点击 删除所选的峰”。

导出分析结果

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

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

如果要复制您的选择：

1. 选择单元格。
2. 右击选定的单元格。
3. 点击 将所选的单元格复制到剪贴板”。
4. 将数据粘贴到其他应用程序，如Microsoft Excel。

注意：结果数据可利用Windows 系统本地设置导出。确保目标应用程序也使用本地设置来解读数字。

峰结果列

提供以下相关信息列：

#	样品中的峰数目。
大小[bp]	仅适用于DNA模式。以碱基对为单位的片段长度。
大小[nt]	仅适用于RNA模式。以核苷酸为单位的片段长度。

浓度[ng/μl]	以ng/μl为单位的片段浓度。 注意 Alignment marker峰将不会计算该值。
Mol.[nmol/l] (摩尔浓度)	以nmol/l为单位的摩尔浓度。本计算基于片段的大小和浓度。 注意: Alignment marker峰将不会计算该值。
已饱和	指示峰强度是否达到了可能的最大值 (参见 饱和信号 章节)。针对饱和峰计算的高度、面积和浓度都不正确。
S/N (信噪比)	峰的信噪比。噪音约为基线噪音数据点标准偏差的三倍。
NA 面积	标准化面积, 也称为校正后峰面积。这是峰面积被除以峰顶点的迁移时间所得。 峰面积 (信号线下方, 基线上方的面积之和)
NA %	标准化峰面积占全部标准化峰面积总和的百分比。 注意 Alignment marker峰将不会计算该值。
NA比率	该峰相对前一峰的面积的比值。表格中的Alignment marker峰和第一个数据峰的这项参数为空。
高度	峰的最大高度。
高度百分比 (高度%)	该峰值高度相对全部峰高度总和的百分比。 注意 Alignment marker峰将不会计算该值。
分辨率 Res.	相对下一峰的分离分辨率。 注意 Alignment marker峰将不会计算该值。
FWHM [sec]	达到最大强度的一半时的峰宽度 (半高位置的全宽), 这是关于峰分辨率的一个参数, 影响大小计算的精度。
起始 [min]	峰的开始时间X坐标值, 以分钟为单位。
时间 [min]	峰最大值的时间X坐标值。
终点[min]	峰的终点时间X坐标值, 以分钟为单位。
相对时间 Rel.Time	峰最大值的相对时间X坐标值。本值取决于用户所使用的模式: 在DNA模式中, 在具有两个alignment marker峰的情况下, 较低与较高alignment marker之间的峰相对位置被定义在0到1的区间之内, 即所有的峰都获得了一个0至1的相对时间。Alignment marker也被分别指定了0和1的两个相对时间。在仅有一个alignment marker峰存在的情况下, 相对迁移时间的计算按照RNA模式中的方式进行。 在RNA模式中, 软件会计算一个特定峰与较低的alignment marker的相对位置比值, 即alignment marker的相对时间为1, 而其他所有峰都获得一个高于1的相对时间值。

峰检出结果列

表格中的每一行对应于一个样品, 位置”和 样品信息”列用于定义样品。位置”列被固定。以下列由峰检出指令进行定义。如果在峰检出指令中选择设置了”计算的列”, 则所有关注的峰的列总计都将出现。后续列按关注的峰的名称进行分组, 并显示一些峰属性。如需改变每一关注峰的属性列表, 请右键单击表格标题, 并通过 显示

列”选项来对该属性进行选择/取消选择的操作。此改动将影响整个表格。

注意:如果样品未经分析,峰检出结果则不会显示到峰检出结果概览中。

峰检出结果列表中的一部分可以复制到剪切板中。选择需要复制的单元格,之后按下 **Ctrl**+**C** 的组合键。如需复制峰检出指令的完整峰检出结果,右键单击峰检出结果列表并选择 **拷贝[...]**的峰检出结果”选项。

弥散状结果列

有下列弥散峰属性可用:

样品中的峰数目。

注意:由于alignment marker峰不是弥散峰,本表格中的峰数目通常以2开始计算。

中值大小 [bp] 确定关注区段中值对应的片段大小。中值点是峰曲线上的一点,这一点左侧的几何学峰面积与右侧的相同。该值以碱基对为单位。

区段浓度 [ng/μl] 关注区段的持续计算所得浓度。本值以ng/μl为单位。

区段Mol. 摩尔浓 关注区段的摩尔浓度。本值的计算基于持续计算所得片段大小和浓度,并不是中值,以nmol/l度)[nmol/l] 为单位。

区段起点 [bp] 关注区段的起点,以碱基对为单位。

区段终点 [bp] 关注区段的终点,以碱基对为单位。

区段浓度百分比 关注区段的浓度 (区段起点和终点之间)除以所处整个弥散峰浓度计算得到的百分比。

区段NA 标准化 关注区段的标准化面积,弥散峰面积除以迁移时间所得。
(面积)

区段% NA 标准 关注区段的标准化面积 (区段起点和终点之间)除以所处整个弥散峰标准化面积计算得到的
(面积百分比) 百分比。

注意:上述表格中所列举的全部数值都基于一个弥散峰所指定的关注区段。移动该弥散峰的关注区段边界,软件将会重新计算相应的属性值。

此外,为整个样品计算了两种属性值。该值显示在弥散状结果表正上方:

总浓度[ng/μl] 整个样品片段的总浓度。对所有信号位于基线之上的数据点持续进行计算。计算从小片段alignment marker峰的终点开始,直到大片段alignment marker峰的起点结束。该值以ng/μl为单位。

总摩尔浓度[nmol/l] 整个样品中片段的总摩尔浓度。计算以对所有信号位于基线之上的数据点持续进行片段大小和浓度计算为基础。计算从小片段alignment marker峰的终点开始,直到大片段alignment marker峰的起点结束。峰峰顶前5秒结束。该值以nmol/l为单位。

如果该值不可见,请向右滚动水平滚动条以查看该值。

分布结果列

表格中的每一行对应于一个样品，以“位置”和“样品信息”列标识样品。与整个样品相关的列先出现。此后，根据既定关注区段的名称对列进行分组，并显示多个弥散峰属性。剩下的列随后被根据既定摩尔浓度比率名称分组。

如需更改列出的属性项目，右击表格标题并通过“显示列”选项选择或取消选中属性项目。更改将在整个表格中生效。

注意：如果某个样品并未以弥散状分析谱进行分析，则将不会出现在分布结果概览中。

注意：如果某个样品未以参照marker分析，则将不会计算其分布值。在这种情况下，样品“质量”将被列为“质量差”。

分布结果表可被复制到剪贴板。如需复制某个分布谱的完整结果，在分布结果表中右击并选择“复制[...]的分布结果”选项。

与整个样品相关的列：

位置	孔板上的位置。
样品信息	样品信息
总浓度[ng/μl]	整个样品中片段的总浓度。详情请参考 弥散结果列 。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。
总摩尔浓度[nmol/l]	整个样品中片段的总摩尔浓度。详情请参考 弥散结果列 。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。
质量	样品整体质量评估。 如果所有比率评估和高度检查（如适用）都合格，则列中将显示为“质量好”。也就是说，如果某项子评估不待审，则整体质量也会被报告为“质量差”。Size marker样品在此列中显示的结果为“未分析”。

注意：如果没有采用参照marker表分析样品，即如果[大小和浓度测定](#)操作不成功，则报告的“质量”将是“待审”，且“总浓度”和“总摩尔浓度”将显示为“f/a”。

与某个关注区段相关的列（以关注区段名称分组）：

摩尔浓度[nmol/l]	与关注区段相对应的片段的摩尔浓度（摩尔浓度）。详情请参考 弥散结果列 。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。
浓度[ng/μl]	与关注区段相对应的片段的浓度。详情请参考 弥散结果列 。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。
高度[S/N]	关注区段的最大信号高度，以信噪比[S/N]表示。噪声取值为基线的噪声数据点的标准偏差的三倍近似值。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。
高度检查	关于相关区段高度[S/N]的质量评估。

如果未检查区段的高度,则此列将显示为“未分析”;如果检查的关注区段高度超过该区段的指定最小高度,则显示为“质量好”;否则显示为“待审”。Size marker样品在此列中显示的结果为“未分析”。

大小起点值 [bp] 关注区段的起点 (bp)。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。

注意:起点的数值与分布谱中指定的起点数值可能略不相同。关注区段的起始点为与指定起点大小最接近的数据点。

大小终点值 [bp] 关注区段的终点 (bp)。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。

注意:终点的数值与分布谱中指定的起点数值可能略不相同。关注区段的起始点为与指定终点大小最接近的数据点。。

注意:如果没有采用参照marker表分析样品,即如果[大小和浓度测定](#)操作不成功,则报告的“高度检查”将是“未分析”,所有其他列将显示为“f/a”。

注意:如果关注区段的信号在没有任何一点都没有超过基线(表明样品中不含有关注区段),则“高度检查”在无需进行区段高度检查时将报告为“未分析”;在需进行区段高度检查时将被报告为“待审”。其他所有列均将显示为“f/a”。

与摩尔浓度比相关的列(以摩尔浓度比的名称分组):

比率 (摩尔浓度) 只有当比率的计算中选择了摩尔浓度作为依据时才会存在此列。

摩尔浓度比值。即被定义为分子的关注区段摩尔浓度除以作为分母的另一个关注区段的摩尔浓度或总摩尔浓度的比率。Size marker样品在此列中显示的结果为“f/a”。

比率 (浓度) 只有当比率的计算中选择了浓度作为依据时才会存在此列。

浓度比值。即作为分子的关注区段浓度除以作为分母的另一关注区段浓度或总浓度。Size marker样品在此列中的结果显示为“f/a”。

比率质量 比率的质量评估。在不需要检查比率质量时,该列显示“未分析”;当比率的值在一定范围内时,该列将显示“合格”;当比率不在此范围内时,该列显示“待审”。Size marker样品在此列中的结果显示为“待审”。

分子 在分布谱中定义。这是指关注区段,根据所选的计算方法,该关注区段的摩尔浓度或浓度被用作比率的分子。

分母 在分布谱中定义。或者是总样品,或者是另一个关注区段,根据所选的计算方法,该总样品或另一个关注区段的摩尔浓度或浓度被用作比率的分子。

注意:如果没有采用参照marker表分析样品,即如果大小和浓度测定操作不成功,则“比率质量”将报告为“待审”;而“比率”将显示为“f/a”。

注意:如果作为分子的关注区段的信号在没有任何一点都没有超过基线(表明样品中不含有该关注区段),则摩尔浓度/浓度值被假定为“0”。如果作为分母的关注区段的信号没有超过基线,则“比率质量”列将显示为“待审”。在这两种情况下,“比率”列都将显示为“f/a”。

关于定义分布谱的信息请参考[修改分布谱](#)章节。

凝胶图视图

凝胶图视图显示了样品的模拟胶图。

凝胶图视图中的通道可以三种视图模式显示



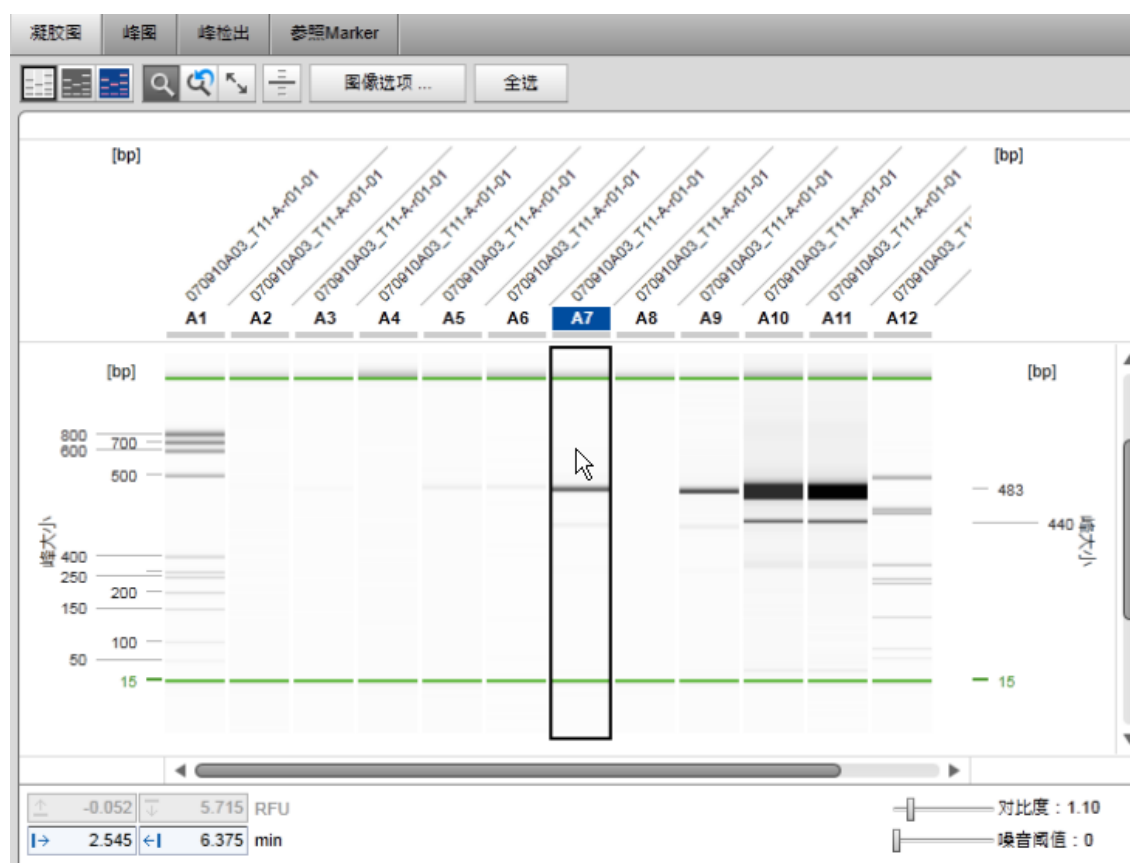
正常视图模式



反转视图模式



伪色渲染视图模式



带有标尺、样品标签和峰注释的凝胶视图。

左侧的Y轴为全图的刻度。当选择了大小作为刻度时，该刻度源自应用于全部样品的参照marker的条带（参见上图中的A1样品）。

右侧的Y轴仅描述在所选样品中检测到的条带（参见上方：由黑色边框突出显示，样品A7上方图片）。这一功能仅在应用中可用，在报告/导出图片中不可用（当使用显示的图像选项被选中时也不可用）。

在每一凝胶图图像上方显示出了样品位置（例如A1、A2等）。在一张凝胶图视图中，当鼠标指针指向样品数时会弹出一个工具提示。该工具提示会说明孔板信息、运行编号以及样品的运行方式。

如果鼠标指针悬停于凝胶图泳道的上方，当前指针位置的相关数值会出现在视图的左上角。

样品**结果表**显示在凝胶图的下方。此样品在“实验浏览器”中被标记并在凝胶图以黑色边框标记（详见上图中的样品 A7）。在“实验浏览器”或凝胶图中左击选中需要显示在结果表中的样品。

如需浏览样品的详细信息，请双击它的凝胶图泳道。视图即会变为单峰图视图。如需返回凝胶图视图，请重新选择“凝胶图视图”标签。

您可以通过视图中的以下按钮，与凝胶图视图互动：



切换缩放模式开/关

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

如果这个按钮没有按下，则拖放功能激活用于[更改泳道顺序](#)。

注意：凝胶图视图左下角的控制器可将缩放区域设为绝对值，而与缩放模式无关。

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



自动缩放

将缩放区域重置到整个数据范围，撤消所有缩放。



撤销缩放

返回到之前的缩放状态。



在指针位置切换出一个水平标尺。

如需设定凝胶图视图，请单击“图像选项”按钮以设置如下选项：

y轴单位

使用本选项，在凝胶图视图左侧选择Y轴的刻度单位。

如果您选择了“大小”选项，Y轴将基于参照marker显示出大小。凝胶图图像内的泳道将用alignment marker对齐。

注意 只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并使用相同的参照marker表进行了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，大小刻度才会被创建。否则，将弹出一条提示信息。在此情况下，使用相同的参照marker表重新分析样品，并确保 alignment markers 被正确定义，或者，从视图中移除包含不同 alignment marker的样品和那些无法正确定义alignment marker的样品。

如果您选择了“相对迁移时间”，Y轴将显示出相对迁移时间。凝胶图图像内的泳道将用alignment marker对齐。

注意 只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并完成了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，相对时间刻度才会被创建。否则，泳道将无法完成按Y轴对齐。将显示一条对应的提示信息。在此情况下，请重新分析样品，确保 alignment markers 被正确定义，或者，从视图中移除包含不同alignment marker的样品和那些无法正确定义alignment marker的样品。

如果您选择了“绝对迁移时间”，则泳道将不会进行对齐，Y轴将显示一个绝对的时间刻度。

单独比例显示

选择本项将自动单独调整每一条凝胶图泳道的对比度。

		如需在样品之间进行比较, 请勿选择本项。
显示样品信息		选择本项, 在每一凝胶图泳道的顶端显示样品信息。
显示孔板ID		选择本项, 在每一凝胶图泳道的顶端显示孔板ID。
显示运行方式		选择本项, 在每一凝胶图泳道的顶端显示所应用的运行方式。
显示分析详细信息	高亮显示alignment marker	选择本项, 将alignment marker条带以绿色高亮显示。 注意: 只有当alignment marker被正确定义时, 才能在分析样品时使用高亮显示功能。
	显示峰大小	如果选择本项, 右侧的Y轴将对所选样品中检测出的条带的大小进行描述。 注意: 如果未使用参照 marker分析样品, 则右侧的Y轴将显示“n/a (不可用)”。如果样品未经分析, 则会弹出相应的提示信息。 注意: 本选项在 RNA 模式中默认选定。
	显示中值的大小	仅适用于DNA模式。选择本项以显示所选样品中检测出的弥散峰中值大小。 注意: 如果未使用DNA 弥散状分析谱或无参照marker分析样品, 则右侧的Y轴将显示“n/a (不可用)”。如果样品未经分析, 则会弹出相应的提示信息。

对比度设置的控制条位于右侧凝胶图视图的下方。具体功能如下所述。

对比度	使用此滑动条可根据您的需要来更改对比度。对比度值可与您的实验一起保存。因此, 您可以自定义凝胶图图像, 而与其他实验无关。
噪音阈值	使用此滑动条可自定义信号中噪音的显示。将滑动条移至最左端, 可查看所有信号。将滑动条移向右端, 可抑制小的信号, 避免噪音。与对比度一样, 噪音阈值 (截断值)可与实验一起保存。

更改泳道顺序

通过拖放可更改凝胶泳道的顺序。更改后的顺序对查看样品的所有视图生效。更改后的顺序将在保存实验时保存。



如果要更改顺序:

1. 在凝胶视图中选择一个或多个峰图。
2. 左键单击选择单条或多条泳道的位置标签, 将其拖动至新的位置。在拖动过程中, 界面会弹出一个标识来指示泳道的新位置 (来指导用户进行释放动作)。
3. 当标识指示正确的新位置时释放泳道。泳道即会放置于该位置。如果选择了多于一条泳道, 则这些泳道将会按照之前的顺序插入新位置。

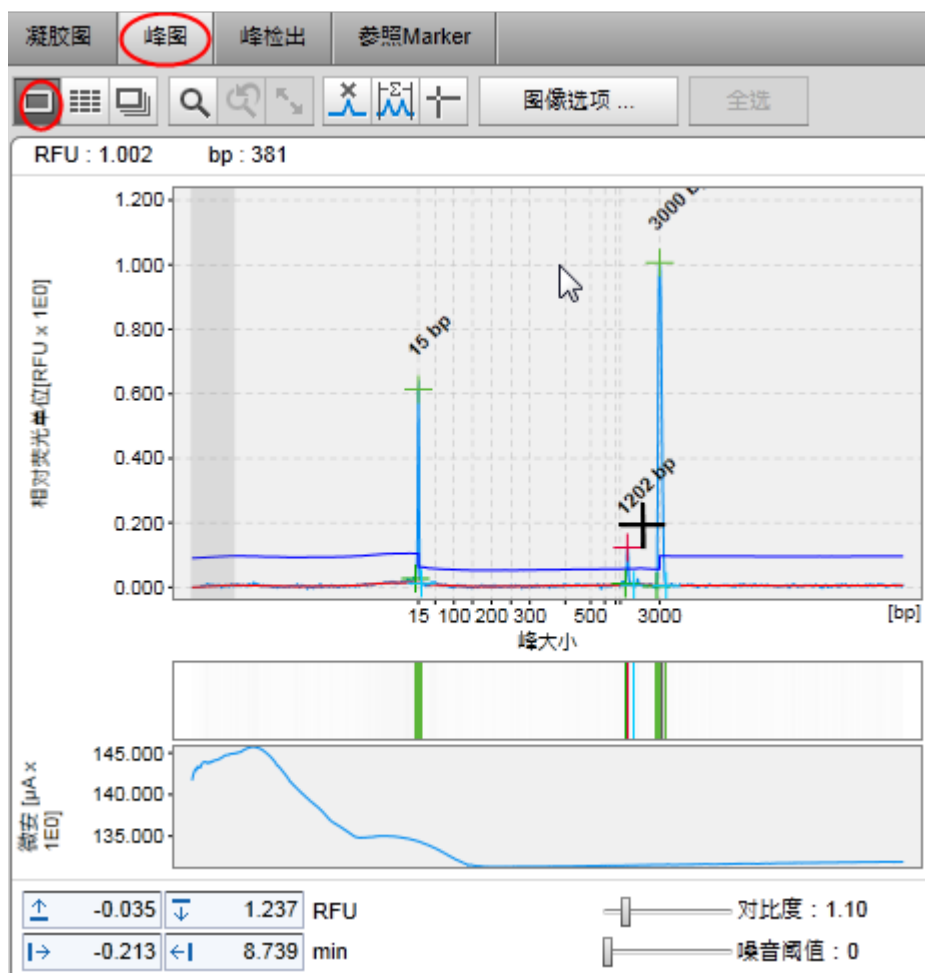
注意: 如果缩放按钮  被关闭, 拖放操作可在凝胶泳道内部点击开始。

峰图视图

在分析环境下点击“峰图”标签页，则峰图视图激活。利用工具栏的下列按钮，可选择两种峰图视图：

-  单峰图视图
-  峰图概览视图
-  峰图叠加视图

单峰图视图在本节中介绍。概览视图和叠加视图在后面的章节介绍。









具有峰注释并显示电流曲线的单峰图。

单峰图视图包含了一个显示已记录信号的图，在这个主图下方，有对应已记录信号的凝胶泳道图。

样品分析结果显示在峰图视图下方。关于不同类型结果表的详细信息请参考章节[结果表](#)。

凝胶泳道视图的缩放区域大小和对比度设置控制器位于信号图下方。当前的光标位置显示在视图的左上角。

您主要可以通过工具栏上的按钮（该表格中所列的所有按钮均处在“未按下”状态，左键点击按钮可以进行按下/释放）与电泳图进行交互：

-  切换缩放模式开启/关闭。详细信息请参见 [缩放和比例](#)。
-  自动缩放。详细信息请参见 [缩放和比例](#)。
-  撤销缩放。详细信息请参见 [缩放和比例](#)。
-  插入峰。详细信息请参见 [添加峰](#)。
-  手动指定时段以整合。详细信息请参见 [手动指定时段以整合](#)。
-  切换成标尺
激活垂直及水平标尺用来比较峰的高度和位置。

要设置峰图视图，点击“图像选项”按钮来进行如下设置：

- X轴单位
使用该选项来选择X轴的刻度单位。
若您选择了“大小”选项，则当样品依照参照marker表进行了分析，且已经正确地设置了alignment marker时，X轴上会显示基于参照marker的大小刻度。反之，坐标轴上会显示相应信息。
若您选择了“相对迁移时间”选项，则当样品已进行了分析，且已经正确设置了alignment marker时，X轴上会显示相对迁移时间。反之，坐标轴上会显示相应信息。
若您选择了“绝对迁移时间[min]”选项，则X轴上会显示绝对时刻。
注意：若未生成相对迁移时间刻度，请重新分析样品以正确定义alignment marker。若未生成大小刻度，请依照参照marker表重新分析样品以正确定义alignment marker。
- 显示凝胶泳道
选择该选项可以在电泳图像下方显示凝胶泳道视图，并与X轴对齐。
- 显示电流曲线
选择该选项可以显示数据采集过程中测量到的电流图表，若已有凝胶设置则显示在其下方，并与X轴对齐。
- 显示分析详细信息
选择该选项可以显示已分析样品的分析详细信息。可以选择额外选项。
 - 标注检测到的峰
选择该选项可显示检测到的峰的顶点标签。
若选择了“带标签”的选项，每个峰值顶点处会显示峰标注。
注意：仅当峰标注不会覆盖邻近的标注时才会显示。移动鼠标指针指向峰顶端时可获得关于峰标注的工具提示信息。
选择标注单位：“大小”或绝对或相对迁移时间。
注意：仅当样品已比对参照marker进行了分析时，标注才可显示“大小”信息（详细信息请参见 [大小及浓度测定](#)）。反之，则会显示“n/a”

注意:在DNA模式中,还可以选择第二个选项“标记中值”。若样品依照DNA弥散状分析谱进行了分析,选择该选项可以显示检测到的弥散峰的中值标签。您可以选择显示或隐藏相应标注。

选择“标记峰的起始和终止位置”选项可以标注检测到的峰的起始点和终点。

显示感兴趣的区段	仅适用于DNA模式。若样品依照DNA弥散状分析谱进行了分析,选择“显示感兴趣的区段”选项可以显示检测到的弥散峰中的关注区段。
显示忽略时段间隔	选择该选项可以显示忽略时段间隔。
显示阈值	选择该选项可以显示峰阈值(显示为蓝色)。 注意:阈值参数可以通过鼠标移动阈值而进行交互变更。详细信息请参见 修改阈值 。
显示基线	选择该选项可以显示基线(显示为红色)。

在凝胶视图下方右侧,是对比度设置的控制区域。控制功能如下所述。

对比度	使用该滑块可以按照您的需要改变对比度。对比度的改变可用于以后所有实验的峰图视图内的凝胶泳道显示,但不会影响凝胶图视图中的泳道的对比度设置。
噪音阈值	使用该滑块可以自定义地显示信号中的噪音。移动该滑块至最左侧可以看到所有信号。将该滑块向右侧移动可以抑制较弱的信号,消除噪音。如对比度一样,改变噪音消除值不会影响到凝胶图视图中的图像的设置。

缩放和比例

“峰图”视图允许通过缩放来浏览数据。



切换缩放模式开/关。

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



自动缩放。

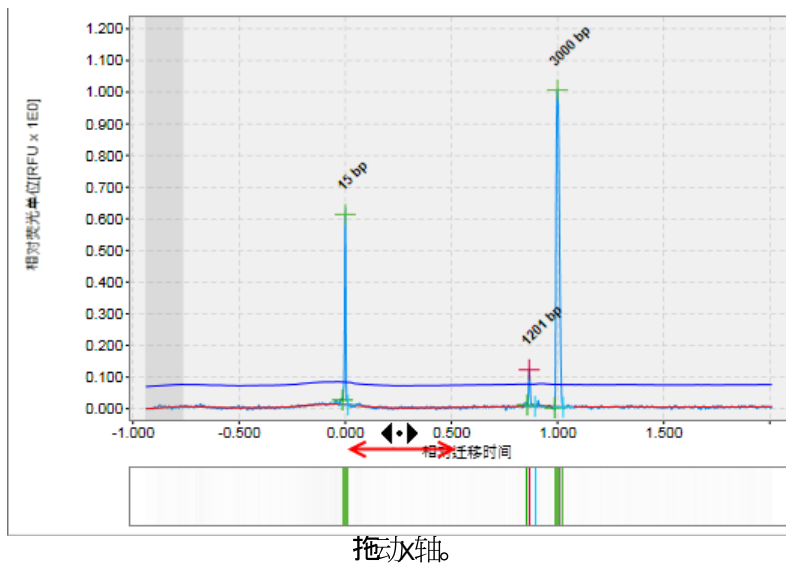
将缩放区域重置到整个数据范围(时间和RFU尺寸),撤消所有缩放。



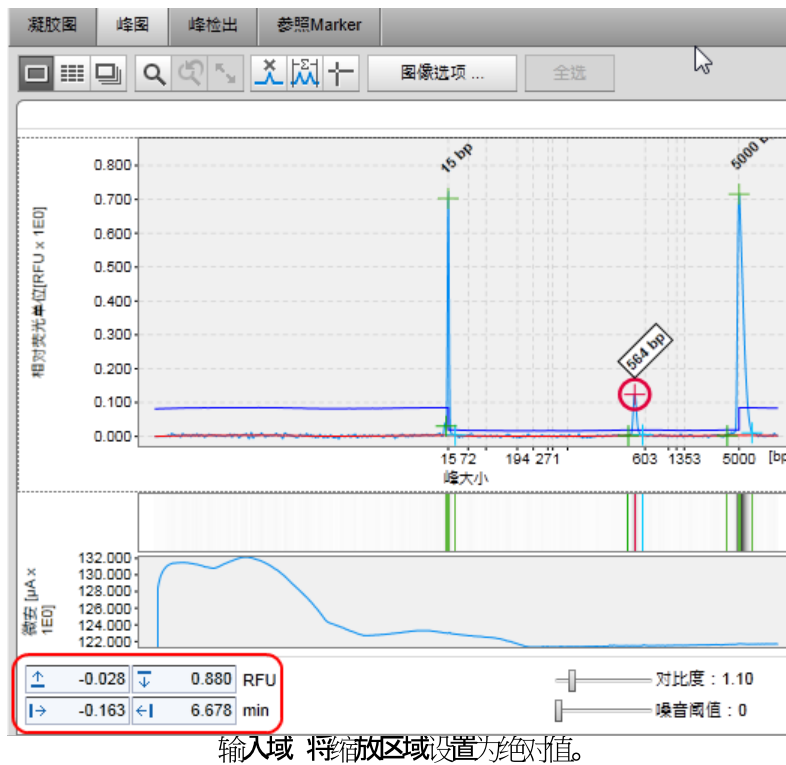
撤消缩放

返回到之前的缩放状态。

在无关缩放模式的条件下,所有峰图可利用轴线来挪动显示。您可以拖动X轴,水平挪动缩放区域。如果要垂直挪动缩放区域,拖动Y轴。



除了工具按钮之外，峰图”视图左下角的控制器也能将缩放区域设为绝对值。

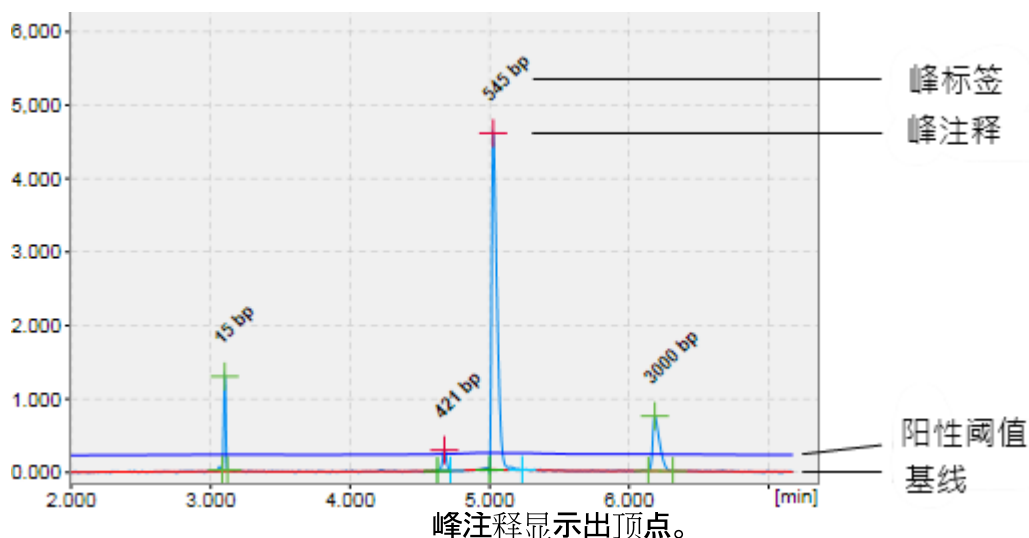


注意:对于RFU值,只有实际值以内的值才允许输入。实际值范围以外的值不接受,且输入栏的背景将变为黄色。

注意:对于时间值,允许输入长达一小时的上限值。

峰注释

在一个已分析的样品中, 分析结果与原始信号一起显示。每个峰都有峰标记, 以标明起始 (绿色)、顶端 (红色, 绿色表示alignment marker峰)和终点 (蓝绿色)和一个峰标签。在DNA模式下, 如果已经进行了[弥散或qDNA分析](#), 即如果已经采用了“弥散”或“qDNA”分析谱选项对样品进行了分析, 则可以标记峰的中值点 (用粉红色“x”标记)而不是顶点。



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


可通过点击“图像选项”按钮来设定峰标签的单位。峰标记怎样设置, 基线或阈值显示或隐藏均可通过“图像选项”进行设定。如需详细信息, 请参考[峰图视图](#)部分。

与结果表格互动

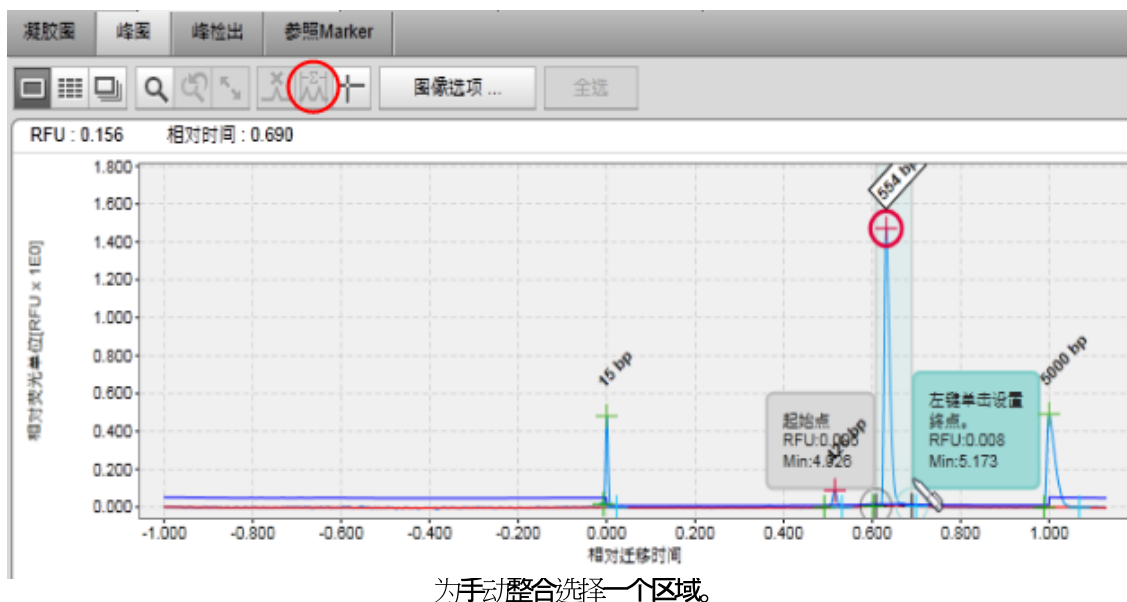
具体功能如下所述。

- | | |
|---------|---|
| 选择一个峰 | 在峰图中, 左键单击峰的顶端标记。或者在结果表格的“#”列中左键单击峰的编号。
此时峰图中的峰将会被红色圆圈标记, 并在结果表格中高亮显示出来。 |
| 取消选择一个峰 | 在峰图或结果表格中, 打开所选峰的关联菜单并选择“取消选择所选的峰”选项。
峰图中的红色圆圈和结果表格中的高亮标记都将消失。 |
| 添加一个峰 | 请参见 添加峰 部分以获得关于如何添加一个峰的相关信息。
可向结果表格中添加峰。 |
| 删除一个峰 | 请参见 删除峰 部分以获得关于如何删除一个峰的相关信息。
可从结果表格中移除峰, 峰图中该峰的标记也会随之消失。 |

手动指定时段以整合

可使用手动时段整合工具主观指定一个时间范围计算其总标准化面积和其百分比。

单击该按钮之后，您需要指定一个区域。首先点击该区域的左边界，再单击其右边界，以实现本项操作。




选定区域之后，会弹出一个的对话框，以显示所选时间范围边界、区域的标准化面积总和、以及标准化面积相对总标准化面积的百分比等相关信息。

注意：可使用对话框中的关联菜单将计算值复制到剪贴板。

注意：Alignment marker峰未包含在标准化面积的计算中。

峰图概览


峰图概览以缩略图视图方式显示数个峰图。一般一页显示12个样品，以3 x 4矩阵的排布显示。它用于查看已采集的数据的概况。在峰图概览中，标尺工具尤其有用。它提供了比较几个样品中峰位置的方法，本方法对于比较alignment marker峰和样品峰都适合。在已分析的样品中，每个峰都有一个顶点时间的峰标记（样品峰是红色的，alignment marker的峰是绿色的）。

缩放功能与单峰图视图非常相似（请参阅[缩放和比例](#)）。唯一的差别是缩放影响所有峰图。

请使用缩略图视图底部的“向前”和“向后”按钮在概览页面之间进行切换。在实验浏览器中点击一个样品，可切换到缩略图视图中该样品的峰图。使用滚动条可以在同一页面的不同峰图之间进行切换。

如需放大概览界面，请折叠右侧的参数面板。

一个显示关于某个样品信息的结果表出现在峰图概览下方。更多信息请参考章节[与结果表格互动](#)和[结果表格](#)。

如需查看峰图的详情，请双击它。视图即会变为单峰图视图。如需返回概览界面，请再次点击 。

您可以通过主要通过工具栏上的按钮与峰图之间实现互动。



切换缩放模式开/关。详细信息请参阅[缩放和比例](#)。



自动缩放。详细信息请参阅[缩放和比例](#)。



撤消缩放。详细信息请参阅[缩放和比例](#)。



切换成标尺。

激活垂直和水平标尺，用于比较峰高和位置。

如需设定峰图概览，单击“图像选项”按钮以设置如下选项：

X轴单位

使用本项选择 X 轴的单位。

如果您选择“大小”选项，X轴将基于参照 marker 显示大小。峰图将根据 alignment marker 对齐。

注意：只有当所选择的全部样品都使用了相同的 alignment marker，并使用相同的参照 marker 列表进行了分析，且 alignment marker 被正确定义的情况下，以大小为单位的 X 轴才会被创建。否则，X 轴将显示一个相应的信息提示。在此情况下，使用相同的参照 marker 列表重新分析样品，并确保 alignment markers 被正确定义，或者，从视图中移除包含不同 alignment marker 的样品和那些无法正确定义 alignment marker 的样品。

如果您选择“相对迁移时间”，则 X 轴将显示相对迁移时间。峰图将根据 alignment marker 对齐。

注意：只有当所选择的全部样品都使用了相同的 alignment marker，并完成了分析，且 alignment marker 被正确定义的情况下，相对时间刻度才会被创建。否则，峰图将无法完成按 X 轴对齐。将显示一条对应的提示信息。在此情况下，请重新分析样品，确保 alignment markers 被正确定义，或者，从视图中移除包含不同 alignment marker 的样品和那些无法正确定义 alignment marker 的样品。

若您选择了“绝对迁移时间 [min]”选项，峰图不会被对齐，且 X 轴上会显示绝对时刻。

显示样品位置

选择本项，在每一峰图的左上角显示样品的位置。

显示样品信息

选择本项，在每一峰图的顶端显示样品信息。

显示孔板 ID

选择本项，在每一峰图的顶端显示孔板 ID。

显示运行方式

选择本项，在每一峰图的顶端显示所应用的运行方式。

注意：“显示样品信息”，“显示孔板 ID”和“显示运行方式”这三个选项中每次只能选择一个。

显示分析详细信息

选择本项来显示已分析样品的分析详情。此处有附加选项可用。

标记检测到的峰	选择本项以显示检测到的峰的顶端标记。 注意:在DNA模式下,有第二个“标记中值”选项可用。如果样品以DNA弥散状分析谱分析,选择本项可显示检测到的弥散峰的中值标记。
显示忽略时段间隔	选择本项以显示忽略时段间隔。

更换顺序

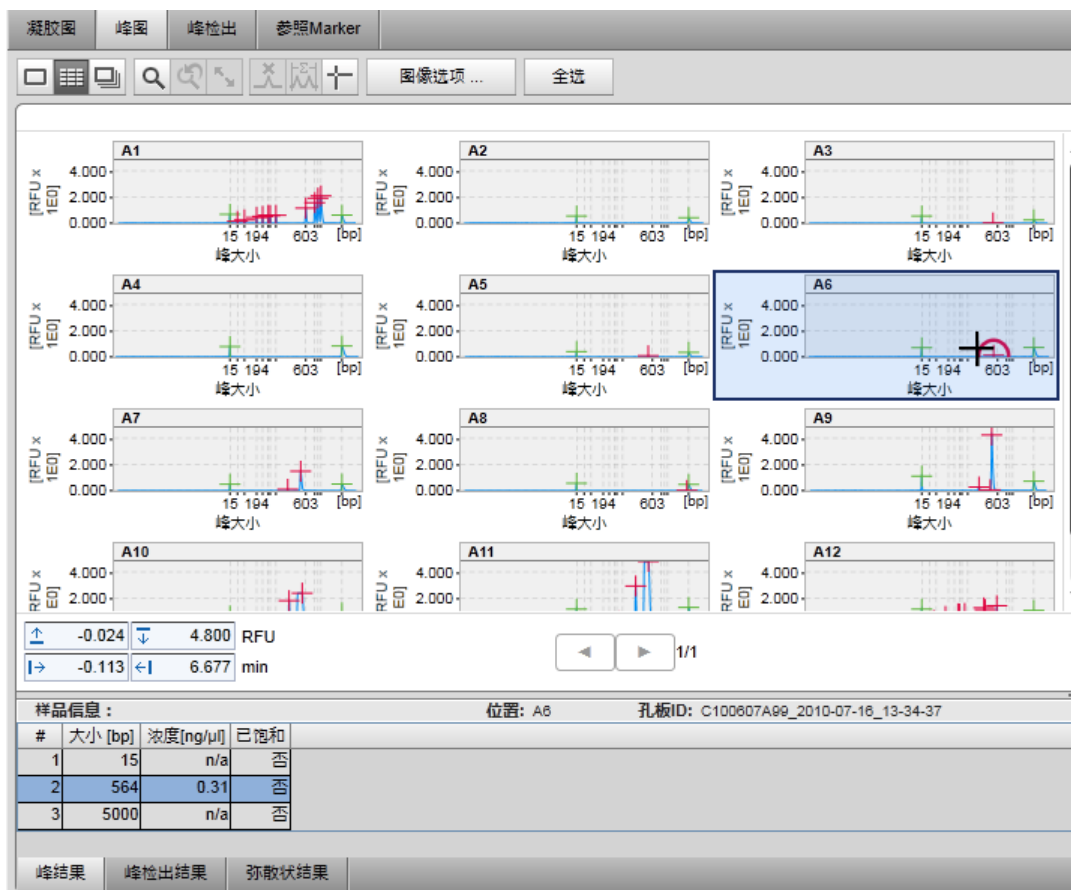
样品可从视图中移除,只需将选定的样品从视图中拖回到“实验浏览器”。

从实验浏览器中向峰图概览中拖放,以添加样品。加入的样品将插入到缩略图的末端。

需要更改峰图顺序的时候,切换至凝胶图视图,并在此处为样品重新定序。请参见[更改泳道顺序](#)以获得更为详尽的信息。之后切换回峰图概览。

与结果表格互动

峰图概览下方显示了一个样品的结果表格。此样品在“实验浏览器”和缩略图视图中都标有黑色边框(查看A6样品的结果表格)。在“实验浏览器”或峰图概览中左键单击选择一个样品, 查看其结果表格。



检查A6样品的结果列表。

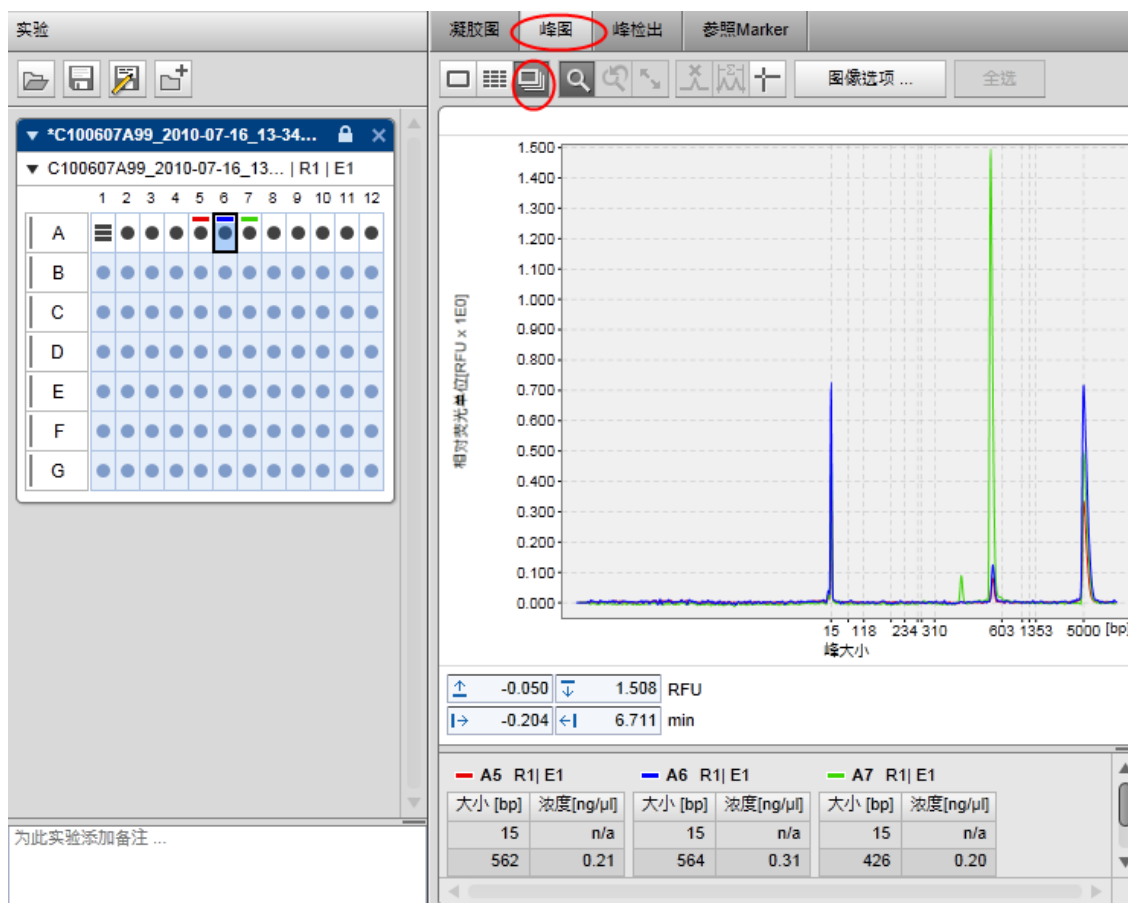
功能介绍如下。

- 选择一个峰 在峰图中, 左键单击峰的顶端标记。或者在结果表格的 #’列中左键单击峰的编号。此时峰图中的峰将会被红色圆圈标记, 并在结果表格中高亮显示出来。
- 取消选择一个峰 在峰图或结果表格中, 打开所选峰的关联菜单并选择 取消选择所选的峰’选项。峰图中的红色圆圈和结果表格中的高亮标记都将消失。
- 删除一个峰 在结果表格中选择要删除的峰。打开右键菜单, 选择 删除所选的峰’选项。峰将从结果表格中被移除, 且峰图中的峰标记将消失。

峰图叠加视图

峰图叠加视图最多在一张图中显示12个峰图。使用本视图可方便地在几次测定结果之间进行比较。





为了区分不同样品的信号，每个样品都标记了不同的颜色。



峰图叠加视图。

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

您可以通过工具栏中的按钮来控制峰图：

-  切换缩放模式开/关。关于详细信息，请参阅[缩放和比例](#)。
-  自动缩放。关于详细信息，请参阅[缩放和比例](#)。
-  撤消缩放。关于详细信息，请参阅[缩放和比例](#)。
-  切换成标尺。
激活垂直和水平标尺，用于比较峰的高度和位置。

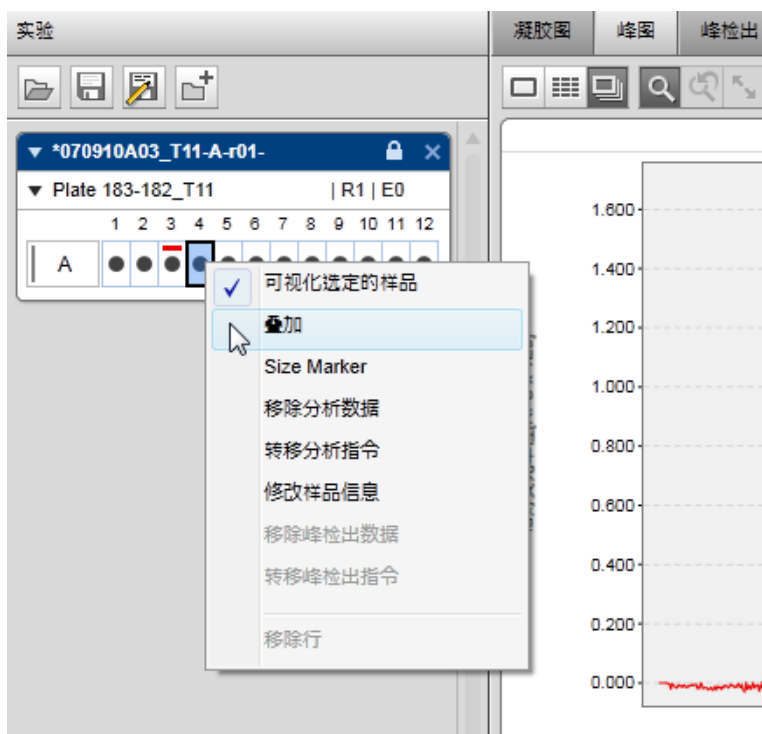
如需设定峰图叠加视图, 请单击 图像选项”按钮以设置如下选项:

X轴单位	<p>使用本项选择 X 轴的单位。</p> <p>如果您选择“大小”选项, X轴将基于参照 marker 显示大小。峰图将根据alignment marker 对齐。</p> <p>注意: 只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker, 并使用相同的参照marker列表进行了分析, 且alignment marker被正确定义的情况下, 以大小为单位的X轴才会被创建。否则, X轴将显示 一个相应的信息提示。在此情况下, 使用相同的参照marker列表重新分析样品, 并确保 alignment markers 被正确定义, 或者, 从视图中移除包含不同alignment marker的样品和那些无法正确定义alignment marker的样品。</p> <p>如果您选择“相对迁移时间”, 则X轴将显示相对迁移时间。峰图将根据alignment marker 对齐。</p> <p>注意: 只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker, 并完成了分析, 且alignment marker被正确定义的情况下, 相对时间刻度才会被创建。否则, 峰图将无法完成按X轴对齐。将显示 一条对应的提示信息。在此情况下, 请重新分析样品, 确保 alignment markers 被正确定义, 或者, 从视图中移除包含不同alignment marker的样品和那些无法正确定义alignment marker的样品。</p> <p>若您选择了 绝对迁移时间[min]”选项, 峰图不会被对齐, 且X轴上会显示绝对时刻。</p>
显示电流曲线	<p>选择本项以在叠加峰图下方显示数据获取过程中所测得 叠加电流的图示, 该图与 X轴相对齐。</p>
显示size marker的峰标签	<p>如果选择了本项, 且如果叠加样品中确有一例size marker时, 则将在marker样品中所检测到的峰上显示峰标签。在下拉列表中选择峰标签的单位。</p>

添加和移除样品

不同于其他的视图，叠加视图不会自动显示所有已可视化的所选样品。请按照以下步骤，向叠加视图中添加样品：

1. 在 **实验浏览器** 中选择需要添加的样品。
2. 在 **实验浏览器** 中打开所选样品的关联菜单。
3. 选择 **叠加** 选项。



将A4样品加入叠加视图。

所选样品将加入到叠加视图当中。在 **实验浏览器** 中，显示于叠加视图中的全部样品都会被色块所标记，具体颜色与叠加视图中一致。

注意：至多可以叠加12张峰图。如果超出数量限制则会弹出一个警告。

另外，也可从 **实验浏览器** 中拖放12个样品至叠加视图中。

如需从叠加视图中移除样品，请按照如下运行方式进行操作：

1. 在 **实验浏览器** 中选择需要移除的样品。
2. 在 **实验浏览器** 中打开所选样品的关联菜单。
3. 取消选择 **叠加** 选项。

查看样品参数

如需查看样品参数：

1. 在“实验浏览器”中选择要查看的样品。
2. 在分析环境的右侧查看样品参数。如果右侧的工具栏未显示，点击下列图标，打开它：



参数视图有六个部分，包含以下信息：

- 样品
此部分包含了样品和数据获取的一般信息，例如日期、实验ID 和孔板ID。
- 分析指令
分析指令部分显示了分析参数、alignment marker 和分析所用的“参照 marker”。
- 峰检出指令或分布谱
这一部分将显示最后一次应用于样品的峰检出指令或分布谱。
- 运行方式
此部分显示了运行方式的名称和数据获取过程中的操作步骤。
- 卡夹
卡夹部分显示了关于卡夹的信息，如卡夹ID 和卡夹类型。
- 平台
此部分显示了软件版本和仪器信息（固件版本和序列号）。

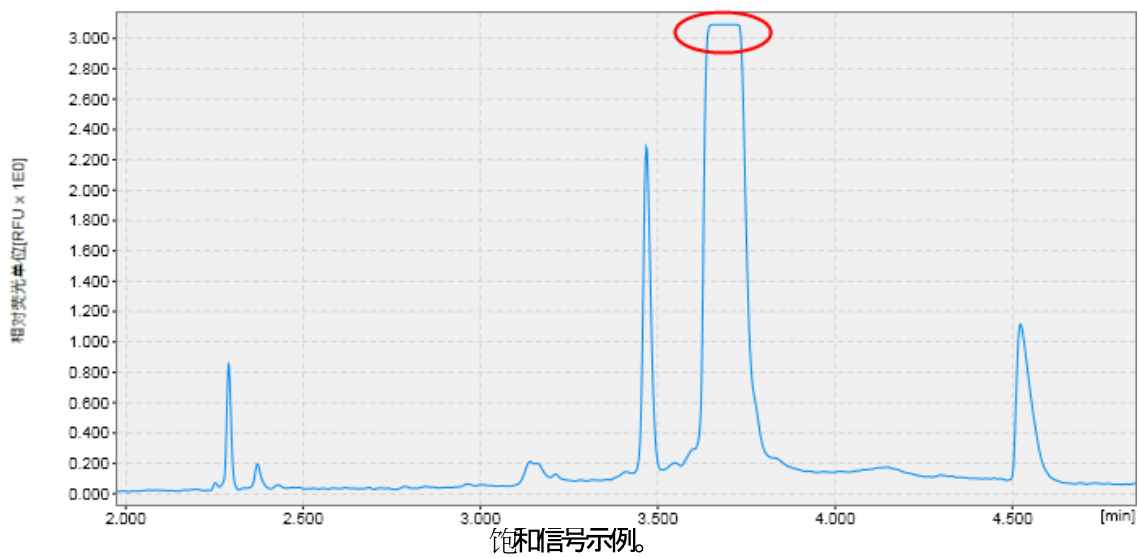
注意：不能在同一实验中执行峰检出和分布分析。因此，可以对某个样品应用峰检出指令或分布谱，但决不可两者都应用。

饱和信号

定义饱和信号

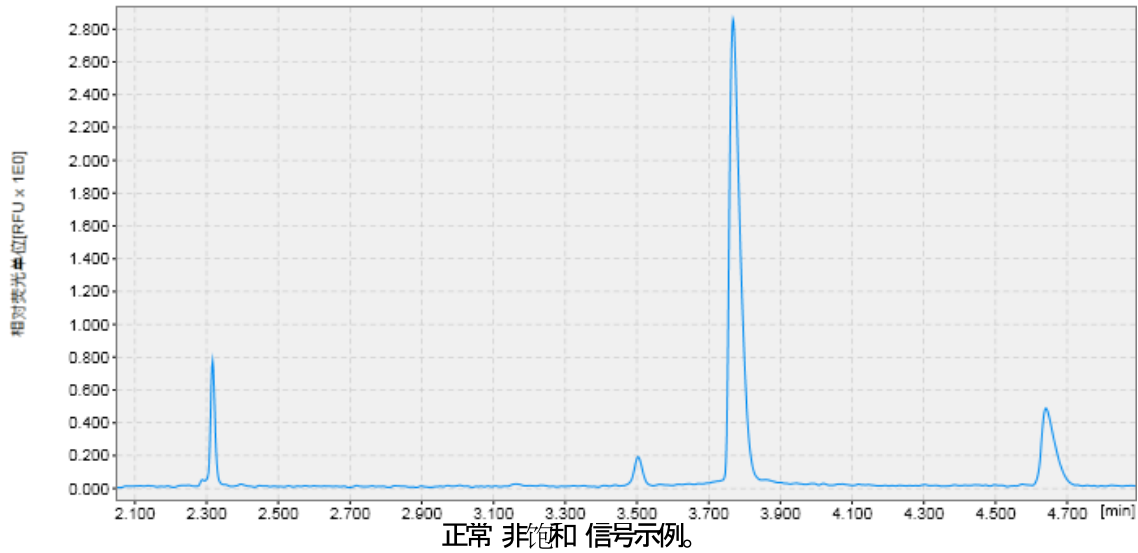
吸取高浓度的DNA 致使信号过载将导致检测器饱和。饱和信号是指那些信号水平超出检测器最大极限的信号。

饱和信号通常在峰图中显示为平的顶端。这些信号也被称为“被修剪的”。



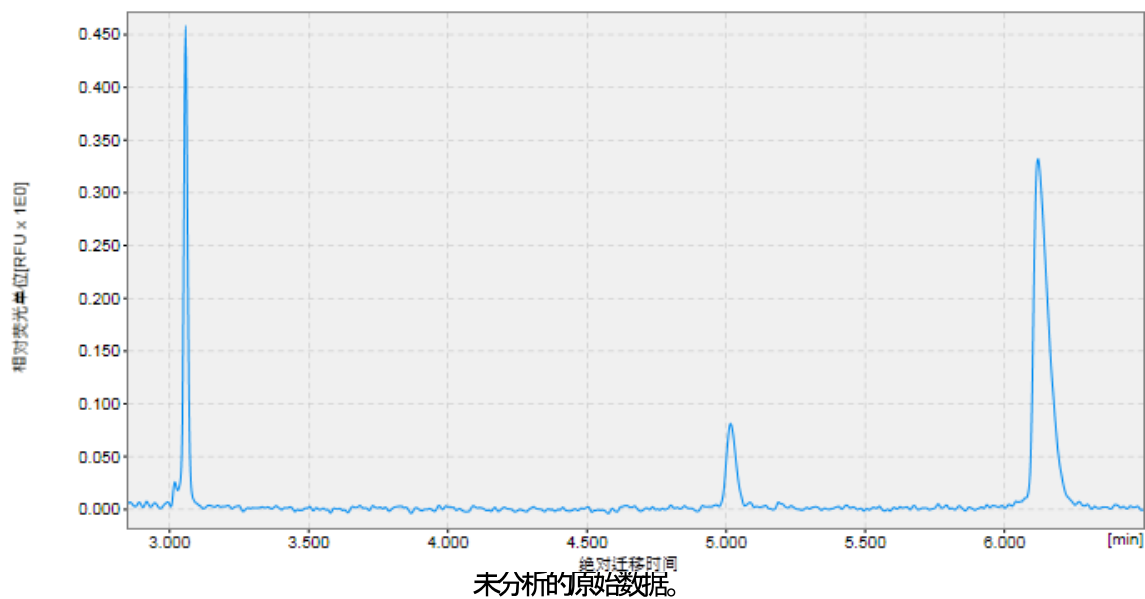
预防饱和信号

目前有2种方法可预防过载或信号饱和:用QX DNA Dilution Buffer 稀释样品,或少吸取一些样品。缩短吸取时间可使样品吸样量减少(见[操作QIAxcel Advanced](#))。非饱和信号在峰图中显示为一个尖峰。

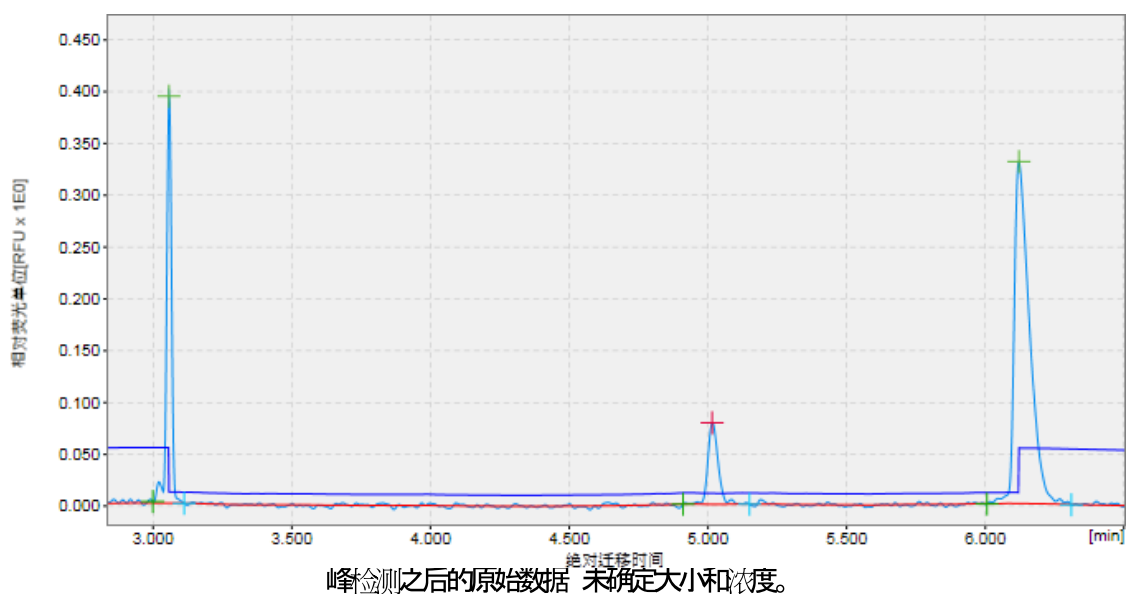


峰检测

本节对峰检测步骤进行了介绍。



在[分析谱](#)中提供了用于峰检测的分析参数。



Alignment marker峰以[绿色](#)标记。正确的峰必须标记为 alignment marker峰，因为这是所有其他分析功能的基础。

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

峰检测步骤

要执行峰检测，请按照以下步骤操作：

1. 利用实验浏览器加载您想要分析的样品。如需更详细的信息，请参阅[加载样品数据](#)一节。
2. 查看您要分析的样品。有关数据检查的详情，请参阅[查看样品数据](#)一节。
3. 选择要分析的样品。
注意：此处，只有中间视图中的选择是与分析相关的 — 在实验浏览器中的选择与分析无关。如需更详细信息，请参见[选择样品用于分析或报告](#)一节。
4. 打开分析参数面板以指定分析参数。

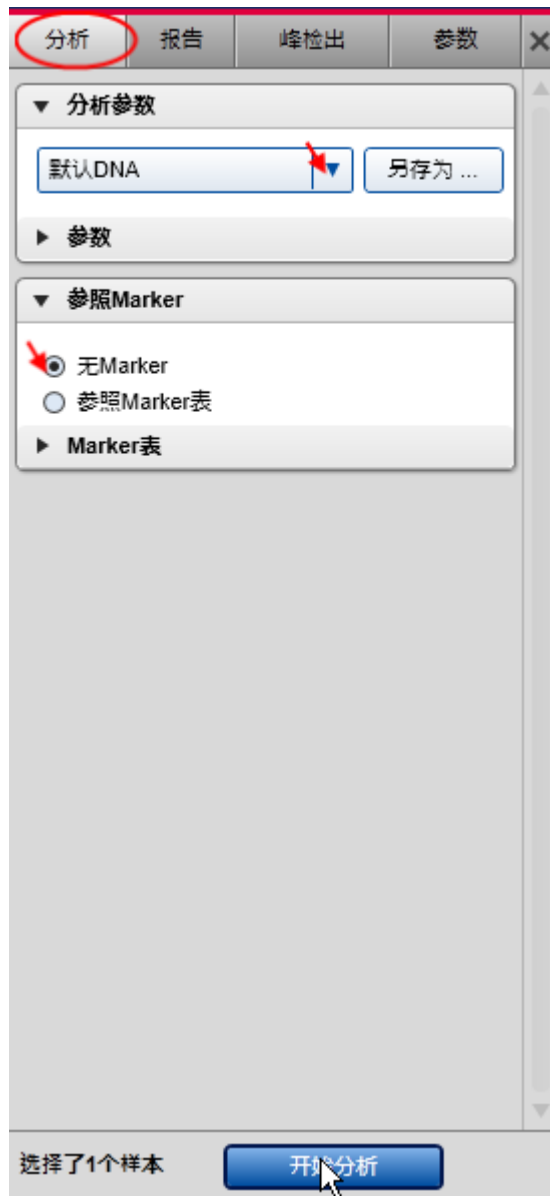
如“分析”不可见，您可使用“视图”菜单 选择菜单项“视图”/“显示分析参数”，或通过点击视图选择栏最右侧的图标，将其显示出来。



在分析参数面板中，定义用于分析的参数。可通过选择预定义分析谱来进行定义，这些参数既可以是默认值（例如“默认 DNA”），也可以是用户定义的参数集。

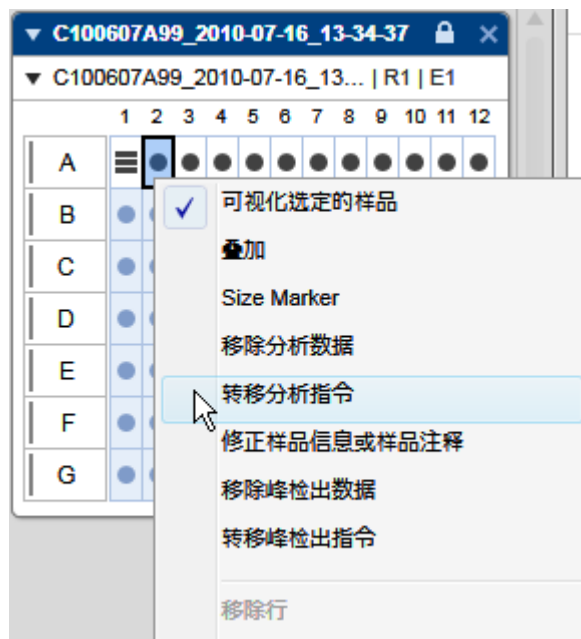
请参阅[DNA 样品分析](#)和[分析 RNA 样品](#)，了解开始时应选择哪个分析谱以及如何为您的特定样品使用分析选项。

或者，也可创建一个新分析谱。要修改或创建分析谱，请分别参阅[修改分析谱](#)和[创建新分析谱](#)部分。所选分析谱的分析参数将显示在分析谱下拉列表下方。对于常规的峰检测，无需参照 marker。在参照 Marker 部分中选中无 Marker，如下图所示。



未选取marker。

注意: 如果加载的样品已经分析过, 则选定样品的分析参数可转移到分析参数面板。要执行此操作, 在实验浏览器中右键单击样品, 并从上下文菜单中选择菜单项转移分析参数, 如下图所示。



注意: 孔板的 alignment marker 可更改。要更改 alignment marker, 从实验浏览器内的上下文菜单中选择菜单项更改 alignment marker (鼠标光标应悬停在孔板名称上)。显示更改 Marker 对话框。从下拉列表中选择 alignment marker 并通过单击确定确认您的选择。

5. 通过单击“开始分析”按钮启动分析。
6. 查看分析结果。每个样品的分析结果均以表格形式显示于分析环境下方的峰结果选项卡 (请参阅[结果表格](#)一节) 以及单峰图视图 (请参阅[峰图视图](#)) 中。
注意: 如果是弥散状或 gDNA 分析, 分析环境底部的弥散状结果选项卡会显示弥散峰的专用计算参数。如需更多详情, 请参见[结果表格](#)一节。
7. 确保检测到正确的峰。首先, 正确的峰值必须标记为 alignment marker 峰值 (使用绿色 “#” 标记), 因为这是所有其他分析功能的基础。否则, [调整分析参数](#) 并重复第 5 至 7 步。

请参阅 [DNA 样品分析](#) 和 [分析 RNA 样品](#), 了解开始时应选择哪个分析谱以及如何为您的特定样品使用分析选项。

作为最后的选择, 可使用[手动修改分析结果](#) 章节中描述的“插入/删除峰”选项。

8. 通过单击实验浏览器中的保存按钮[保存分析结果](#)。

可以在数据采集过程中自动执行分析 (峰检测)。要执行此操作, 请将对分析参数所做的更改全部保存到一个[自定义分析谱](#)中。确保这些分析参数适用于所有样品。然后[创建运行谱](#)。在[运行谱](#)步骤中, 选择包含的步骤部分中的分析选项。在[分析](#)步骤中, 选择自定义的分析谱。将运行谱与这些设置一起保存以便重复使用。

修改分析谱

修改分析谱的步骤如下：

1. 在“分析”环境下打开右侧的“分析”标签。

如“分析”不可见，您可使用“视图”菜单选择菜单项“视图”/“显示分析参数”，或通过点击视图选择栏最右侧的图标，将其显示出来。



2. 从“分析参数”面板中的“谱”下拉列表中选择要修改的分析谱。
3. 按照如下所述更改分析参数。
4. 如要保存修改后的谱，可单击“谱”下拉列表右侧的“另存为...”按钮。

注意：只有分配了 **Advanced User** (高级用户) 角色的用户才可修改分析谱参数。

更改参数的步骤如下：

1. 单击参数。
2. 更改数值 (以及单位, 如果可能的话)。
3. 单击“OK”。



更改阈值参数。

例如, 如果需要将阈值参数从第4分钟开始提高到7%, 可按如下步骤操作:

1. 单击参数下方的“添加”按钮。
2. 选择参数类型“阈值”。
3. 调整起始时间(4分钟)、阈值(7)及其单位(%)。
4. 单击“OK”接受更改。



在图中显示的各个参数都有对应的时间点。这一特性是非常必要的, 因为所有参数 (除 Alignment Marker 阈值外) 均可针对时间进行更改。

注意: 0.0 分钟的初始参数的时间不可更改。忽略时段参数是一个例外。默认情况下, 其处于关闭状态, 但在峰检测过程中可将其开启以忽略指定的数据范围。这一区域不必从 0.0 分钟起始。

有关如何进行适当参数设置的说明请见下一页的表格。如需了解哪些参数对您的样品最适合，请参阅[标准DNA分析](#)、[快速分析DNA分析](#)、[弥散状DNA分析](#)、[gDNA分析](#)和[标准RNA分析](#)等章节。更多有关QIAxcel ScreenGel内的分析算法和相应的参数的信息请见[附录D](#)。

参数	描述	调整数值
峰	仅适用于DNA模式。此参数将特定谱预定义为尖峰DNA谱。	如果标准DNA分析或快速分析DNA分析必须采用该谱，请选择该选项。
弥散	仅适用于DNA模式。此参数将特定谱预定义为弥散状DNA谱。	如果弥散状DNA分析必须采用该谱，请选择该选项。
gDNA	仅适用于DNA模式。此参数将特定谱预定义为gDNA谱。	如果gDNA分析必须采用该谱，请选择该选项。
基线过滤器	<p>此参数管辖基线（在峰图中显示为红线）的检测。</p> <p>注意：对于弥散状DNA和gDNA分析，软件会自动检测基线，不需要用户进行参数设置。因此，对于弥散状DNA和gDNA分析谱，没有显示基线参数。</p>	<p>对于大多数样品，“窗口”参数的默认数值是合适的。</p> <p>如果基线开始贴着信号线，则请增大该数值。一般情况下，该数值应设置为单峰宽度的两倍，但不得大于总迁移时间的一半。</p> <p>如果一段时间范围内的峰宽度差异很大，可以在不同时间间隔内针对“窗口”参数采用不同的数值。有关实例，请参阅默认RNA分析参数设置和RNA样品分析。</p>
阈值	<p>阈值参数在进行峰检测时使用。超出基线阈值数值的信号将被检测为峰。阈值可以RFU为单位给出，以样品最高信号的百分比(%)为单位给出，或者以预估的峰图信噪比(S/N)水平的倍数形式给出。</p> <p>注意：在作为分布分析前提条件的DNA弥散状分析中，只要未设置更高的alignment marker阈值，软件就会在alignment marker峰的检测中使用该阈值。该阈值还被用于size marker样品的峰检测。在分布分析中，对于所有其他样品，在alignment marker间的阈值都被忽略。有关如何执行分布分析的信息请参考章节分布分析。</p>	<p>对于大多数样品，默认设置是合适的。如果出现相关峰低于阈值且不被识别为峰的情况，则请降低阈值。</p> <p>您可以采用不同的单位定义阈值。可使用“RFU”单位将阈值设定为固定的RFU数值。可使用“%”单位将阈值指定为样品最高信号的百分比数值。可使用“信噪比(S/N)”单位将阈值指定为噪音水平的倍数（根据样品数据预估）。</p> <p>注意：弥散状DNA和gDNA分析需要更高的S/N值作为阈值。</p> <p>注意：在“单峰图视图”之中，可以互动更改阈值参数。用鼠标直接拖曳阈值线（显示为蓝色）更改阈值。进行此操作时，将采用新的阈值重新分析样品（所有其它参数仍取自样品参数）。</p>
最小间距	<p>在进行峰真实性检查时，使用到了最小间距参数。其定义为能够被检测为两个不同的峰时，两个峰簇之间必须具备的最小间距。</p> <p>对于具有较严重的拖尾或伸舌的噪音的数据信号线，在峰的边界处，噪音可能有多个尖峰都高于最小峰阈值。通过设置此参数，可以避免将这些噪音尖峰检测为峰。</p>	<p>对于大多数样品，默认设置即已适用。对于极少数存在伸舌或拖尾现象的噪音数据，为避免将峰簇边界处的噪音峰检测为峰，可以增大该数值。</p>

忽略时段	<p>忽略时段参数可以关闭指定时间范围内的峰检测。在峰图和峰概览中,指定关闭的区域均采用灰带标记。与此条灰带重叠的峰在分析时将被忽略。</p>	<p>在默认设置下,忽略时段”功能关闭,这就表示在整个迁移时间范围内均进行峰检测。</p> <p>忽略时段”的时间间隔可用绝对或相对迁移时间指定。如果采用相对时间,则 alignment marker峰不受忽略时段”的影响。</p> <p>注意 在单峰图视图和峰图概览中,忽略时段间隔显示为灰色阴影。</p> <p>注意:如果选择相对时间来描述忽略时段时间间隔,则适用以下条件限制:如果存在2个alignment marker峰,则所有相对时间必须处于0到1之间。如果存在1个alignment marker峰,则所有相对时间必须大于1。</p>
平滑处理过滤器	<p>平滑处理过滤器参数定义了平滑处理窗口宽度,即平滑处理的强度。平滑处理过滤器提高了数据的信噪比(S/N),但降低了分辨率。</p>	<p>对于大多数样品,默认窗口宽度即适用。如果无法解析两个彼此相邻的峰,则可以调低或禁用(设置为 0 pts)平滑处理过滤器参数,以便获得最佳的分辨率。禁用平滑处理的一个实例就是 默认 Fast Analysis 谱。</p> <p>注意:在进行DNA弥散峰分析时,采用了不同的平滑处理算法(附录D)。此算法的窗口长度参数以秒为单位给出。</p>
Alignment Marker阈值	<p>此参数允许您为alignment marker峰设置更高的阈值。这一功能有助于避免低信号强度的峰被检测为alignment marker峰,例如在较低的alignment marker峰之前的引物二聚体或在较高的alignment marker尾部的的噪音峰。</p>	<p>对于大多数样品,介于5至10之间的数值就已足够。如果alignment marker峰具有较低的信噪比 S/N 数值,则可降低该阈值,或者将其设为阈值参数以下的数值以将其禁用。</p> <p>注意:弥散状DNA和gDNA分析需要更高的S/N值作为alignment marker阈值。</p>

创建新分析谱

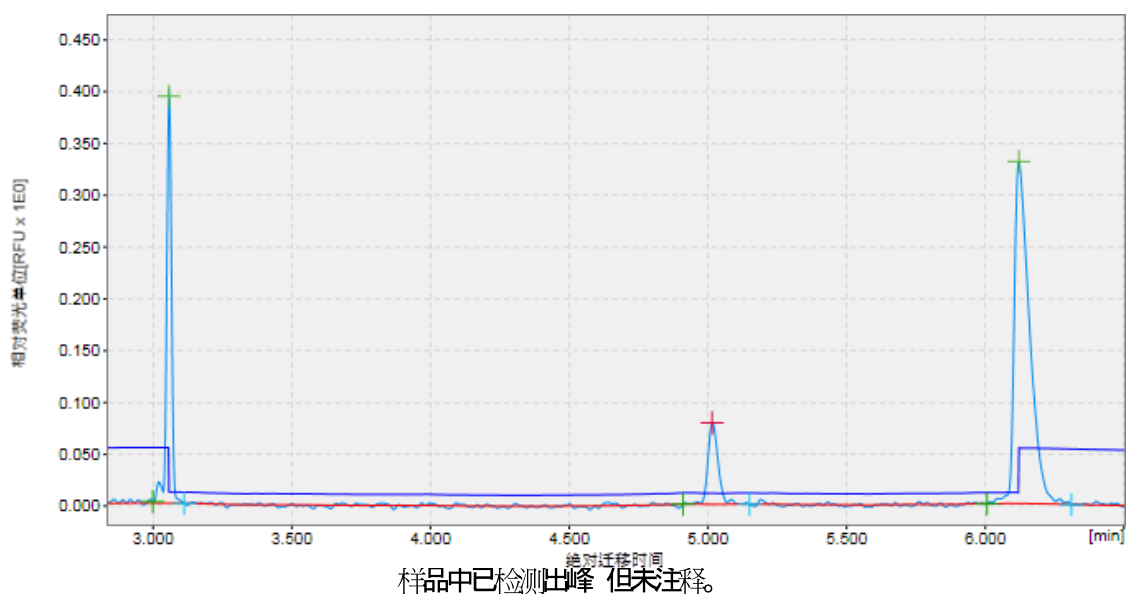
如果要创建一个新的分析谱:

1. 打开“分析”环境右侧工具栏中的“分析”标签页。
2. 从“谱”下拉列表选择一个现有的分析谱。选定的谱充当创建新谱的模板。选择“新分析谱”,从默认参数开始。
3. 按照[修改分析谱](#)章节中的介绍,根据您的需要更改分析参数。
4. 点击“谱”下拉列表中右侧的“另存为...”按钮,保存新谱。
5. 为谱指定一个唯一名称,并点击“OK”。

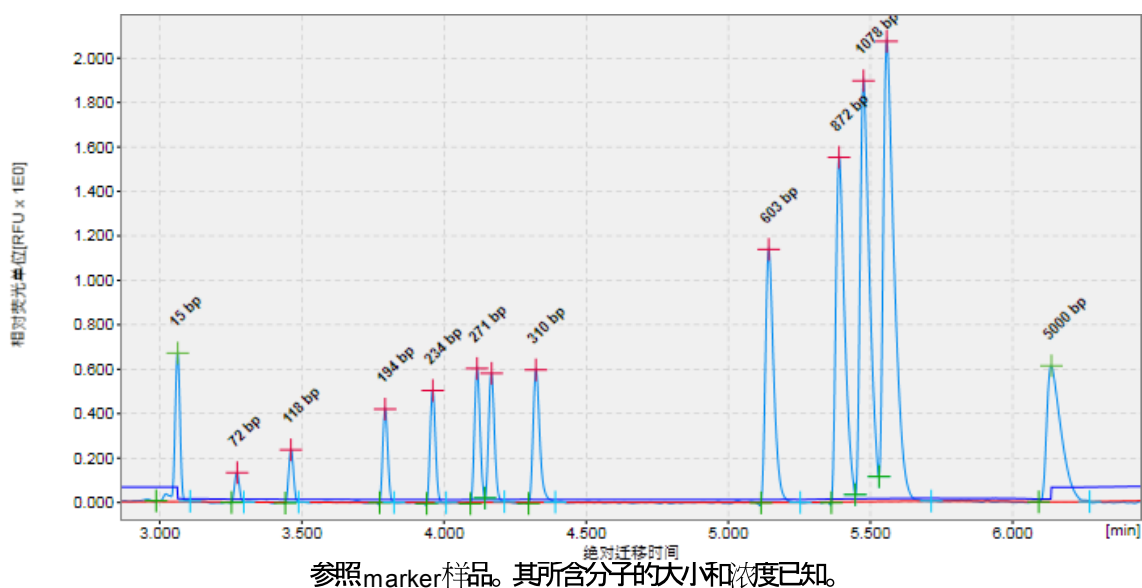
注意:只有“Advanced User (高级用户)”才能创建新分析谱。

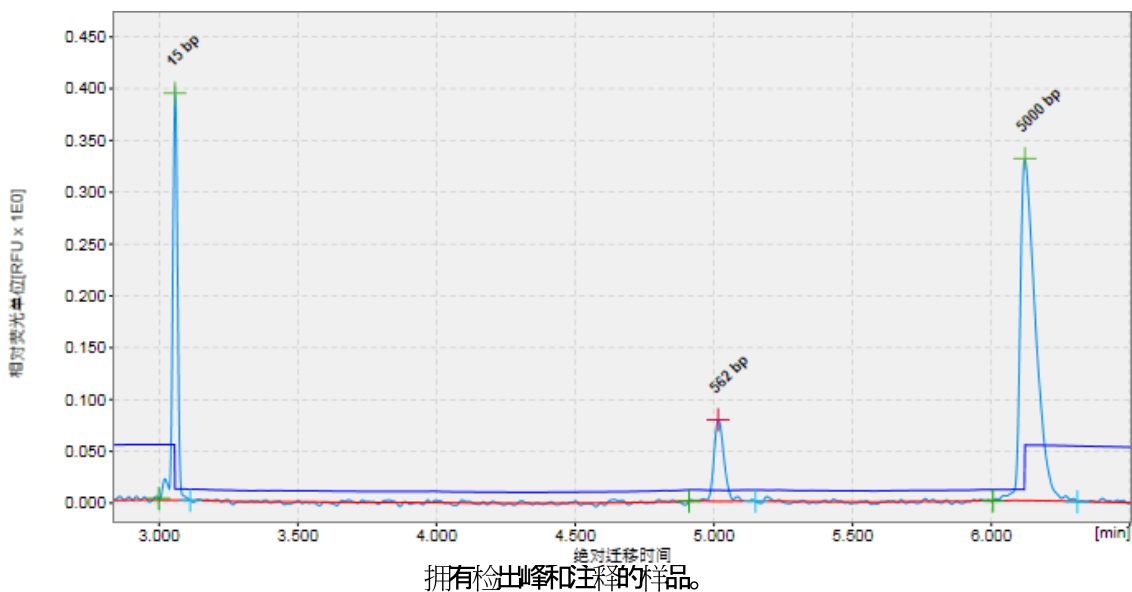
大小和浓度确定

对于已检出峰的样品，其对应分析物的大小与浓度是参照一个含有已知大小与浓度条带的样品计算而得的。下图显示了一个所谓的参照 marker (中间图)是如何用于检出峰 (上图)的大小与浓度的计算的。一个参照 marker 可能通过两种方式生成:要么是分析与待测样品同时并排运行的size marker获得,要么在分析页的“参照 Marker”中调用之前保存的参照 marker。详细信息请参见[创建参照 marker](#)。



每个检测到的峰值都将被映射到相应的参照 marker峰。对于没有唯一对应参照峰的峰，相邻的参照 marker 峰将作为其参照 (如，已知大小的310 bp 峰和603 bp 峰)。





新检测到的峰的大小是直接匹配的参照特征峰 (15 bp 的峰) 得出或基于两个相邻的参照 marker 峰计算插补值 (562 bp 来自 310 bp 和 603 bp 的插补值计算) 得出。

同理, 检出的待分析物的浓度基于已知浓度的对应参照 marker 峰计算得出。

本章节描述了如何获得大小与浓度。

注意: 仅有 Basic User (基本用户) 和 Advanced User (高级用户) 才可以对样品进行分析。

大小和浓度确定步骤

要确定大小和浓度, 请按以下步骤操作:

1. 利用实验浏览器加载您想要分析的样品。如需更详细的信息, 请参阅[加载样品数据](#)一节。
2. 在分析环境右侧的分析参数面板中, 定义要在分析时使用的参数。

如“分析”不可见, 您可使用“视图”菜单 选择菜单项“视图”/“显示分析参数”, 或通过点击视图选择栏最右侧的图标, 将其显示出来。



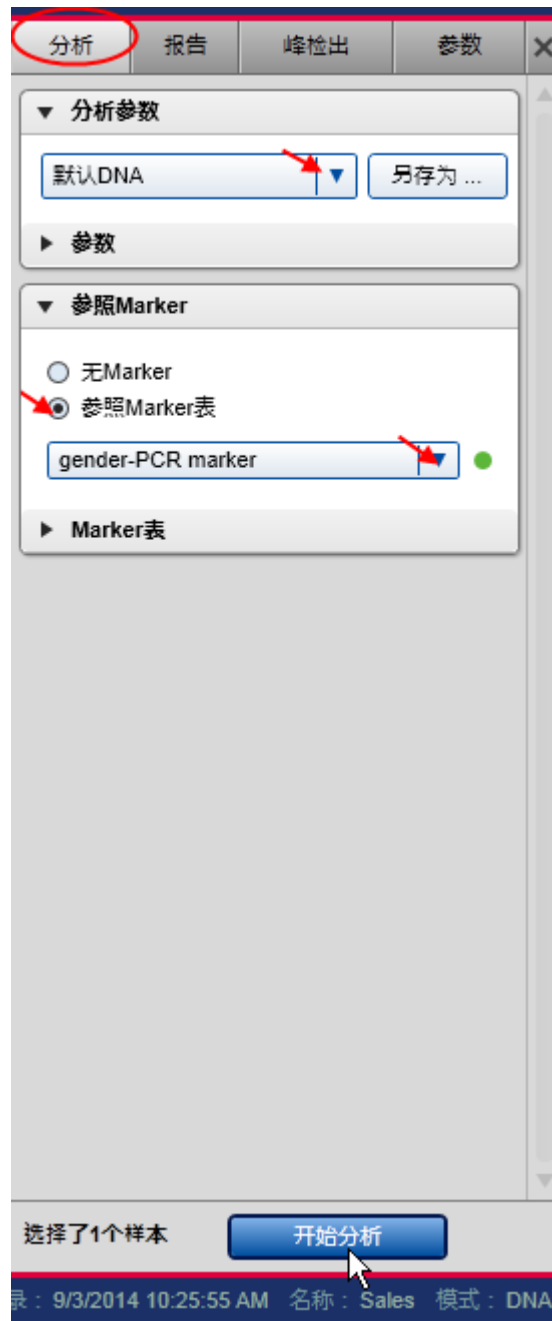
可以[重复使用](#)已分析样品的分析参数和参照 marker 表。如果已在数据采集过程中对样品进行了分析, 但需要对该分析进行复查或重复, 则该功能就会显得非常有用。要执行此操作, 请右键单击实验浏览器中的其中一个样品, 并选择上下文菜单选项转移分析指令。样品的分析参数和参照 marker 表 (如果存在的话) 将被转移到分析参数选项卡。

否则, 在分析属性面板中选择预定义的分析谱。

请参阅 [DNA 样品分析](#) 和 [分析 RNA 样品](#)，了解开始时应选择哪个分析谱以及如何为您的特定样品使用分析选项。

要修改或创建分析谱，请分别参阅 [修改分析谱](#) 和 [创建新分析谱](#) 两节。

3. 如果 size marker 是与样品并行运行的，请按 [创建参照 marker](#) 中的说明创建一个新的参照 marker。如果本应在数据采集过程中对样品进行分析，但却出现了错误消息或样品结果不合乎预期，请按步骤循序渐进地检查所创建的参照 marker 的正确性，并在必要时重建参照 marker。如果需要重建参照 marker，还需要使用在第 6 步中定义的这个新的参照 marker 对所有其他样品进行重新分析，如后续步骤所述。
4. 查看您要分析的样品。有关数据检查的详情，请参阅 [查看样品数据](#) 一节。
5. 选择要分析的样品。
注意：此处，只有中间视图中的选择是与分析相关的 — 在实验浏览器中的选择与分析无关。如需更详细信息，请参见 [选择样品用于分析或报告](#) 一节。
6. 定义需要在分析面板的参照 Marker 部分使用的参照 marker。如果您刚在第 2 步中创建或重建了参照 marker，系统会预先将其选中备用。继续执行第 7 步。
否则，勾选参照 Marker 表并选择一个之前保存的参照 marker。组合框下方显示了参照 marker 的详情。



参照marker 已选中。

注意: 为确保兼容性, 参照 m arker 下拉列表只包含与选定样品的 alignm entm arker 匹配的参照 m arker 表。若无匹配的参照 m arker 表或未选择用于分析的样品, 则系统会将下拉列表标记为无效和空白。在此情况下, 选择一个样品。如果下拉列表仍标记为无效, 请检查样品的 alignm entm arker, 必要时进行更正 (请参阅 [检查 alignm entm arker](#)), 或创建一个新的参照 m arker (请参阅 [创建参照m arker](#))。

注意: 如果未选择用于分析的样品, 则参照 m arker 下拉列表为空。在选择参照 m arker 之前请选择待分析样品。如需更详细的信息, 请参见 [选择样品用于分析或报告](#)。

注意: 参照 Marker 表下拉列表右侧的符号含义详见下表:

●	选定的参照 marker 表完全兼容。 那意味着作为参照 marker 表的 size marker 的操作时间点距离本次使用相同卡夹和相同运行方式的时间点不到 90 天 (DNA)/60 天 (RNA)。分析时, 无需先运行 size marker。用户也可使用新近运行的参照 marker 去分析早先运行的样品。
●	作为参照 marker 表的 size marker 的操作时间点距离本次使用相同卡夹和相同运行方式的时间点超过了 90 天 (DNA)/60 天 (RNA)。
●	参照 marker 表是以与样品相同的运行方式操作的, 但卡夹与当前插入的不同。
●	参照 marker 表与样品不兼容。如果没有参照 marker 与样品的卡夹类型、运行方式和 alignment marker 匹配, 就可能发生这种情况。 当软件因未选择待分析的样品而无法检查兼容性时, 也会显示该符号。

重要提示: 选择恰当的 size marker 将提高大小和浓度确定的准确性。请使用包含的 DNA 片段与您的目标 DNA 片段大小最接近的 marker。待分析的 DNA 片段大小必须落在 size marker 的最小和最大片段之间。此外, alignment marker 的范围必须能涵括 size marker 的范围。

- 通过单击分析参数面板底部的开始分析按钮开始分析。
- 查看分析结果。每个样品的分析结果都会以表格的形式显示于分析环境下方的峰结果选项卡中。如果是在 DNA 模式下进行弥散状或 gDNA 分析, 弥散状/gDNA 结果选项卡会显示弥散峰专用的计算属性。如需更多详情, 请参见 [结果表格](#) 一节。单峰图视图最适合用于检查峰检测。请参见 [峰图视图](#)。
注意: 如果之前曾使用峰检出或分布分析对样品进行过分析, 也将会根据新计算的峰/弥散峰结果自动对这些结果进行更新。

如果先前在 DNA 模式下使用 [分布分析](#) 对样品进行了分析, 单峰图视图会显示与 [分布谱](#) 中定义的关注区段对应的弥散峰。要查看峰检测图, 需要暂时移除分布分析。要执行此操作, 可在右侧的实验浏览器中右键单击样品, 并选择传送分布谱选项, 将已用于分布分析的参数复制到右侧的分布面板中, 以供之后再次使用。然后再次右键单击样品, 并选择移除分布分析数据, 从样品中移除分布分析结果。现在, 单峰图中将显示峰检测结果。它根据弥散状/gDNA 结果表显示 alignment marker 峰 (在顶点处标记绿色) 和弥散峰。

- 确保检测到正确的峰。首先, 正确的峰值必须标记为 alignment marker 峰值 (使用绿色 “#” 标记), 因为这是所有其他分析功能的基础。否则, [调整分析参数](#) 并重复第 5 至 9 步。

请参阅 [DNA 样品分析](#) 和 [分析 RNA 样品](#), 了解开始时应选择哪个分析谱以及如何为您的特定样品使用分析选项。

作为最后的选择, 按照 [手动修改分析结果](#) 中所述使用插入/删除峰选项。





- 如果需要暂时移除分布分析, 需要使用以前转移过的分布谱参数手动重复执行分析。请参阅 [分布分析](#) 中的说明。
- 通过单击实验浏览器中的保存按钮 [保存分析结果](#)。

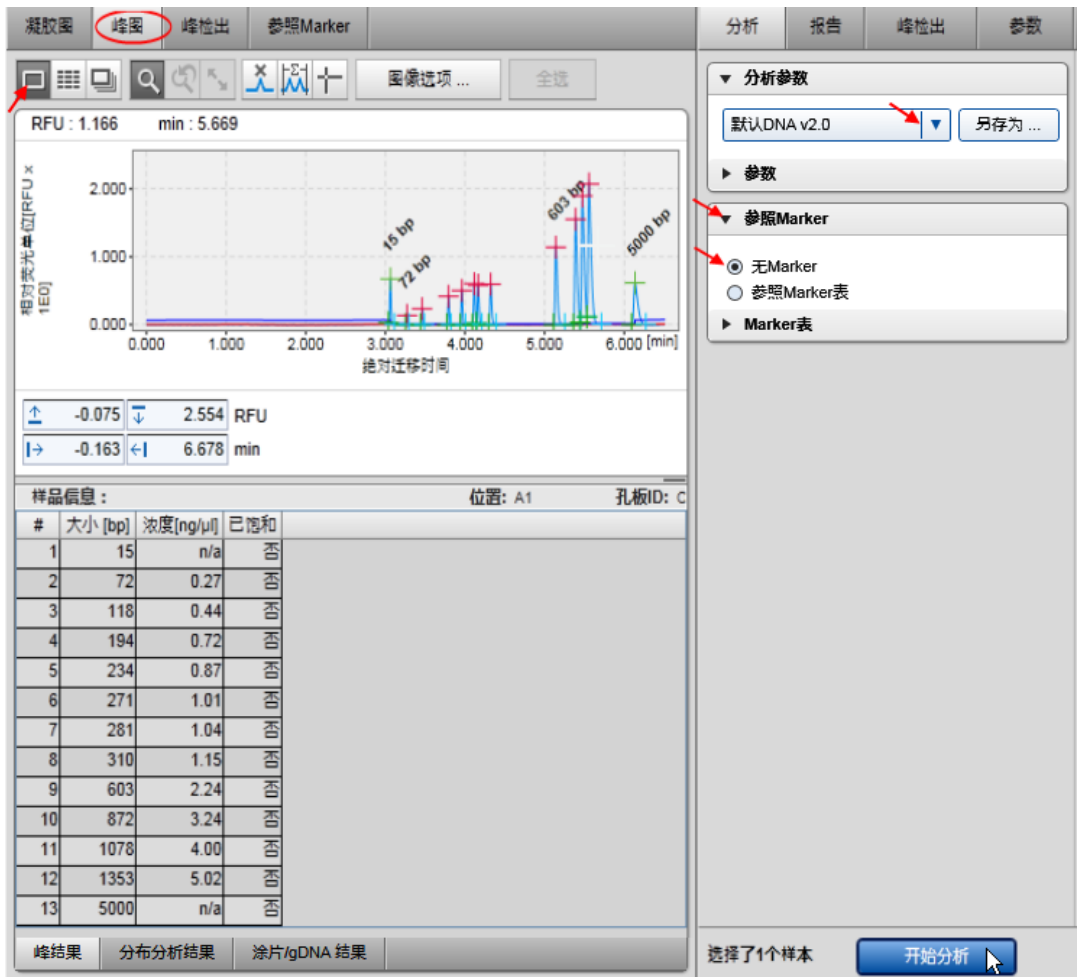
可以在数据采集过程中自动执行峰检测以及大小和浓度确定。要执行此操作，请将对分析参数所做的更改全部保存到一个自定义分析谱中。确保这些分析参数适用于所有样品，并且也适用于 size marker 样品。然后[创建运行谱](#)。在[运行谱](#)步骤中，选择包含的步骤部分中的分析选项。在[分析](#)步骤中，选择自定义的分析谱。如果 size marker 将与样品并排运行，请在[运行参数](#)步骤中在屏幕右侧定义 size marker 位置，在 [Marker](#) 步骤中选择 **size marker** 和样品同时并排运行选项，然后选择 alignment marker 和 size marker。如果之前创建的参照 marker 需要重复使用若干轮次，请选择参照 Marker 表选项，然后选择之前创建的参照 marker。更多详细信息，请参阅[进程配置文件选项](#)。将运行谱与这些设置一起保存以便重复使用。在每一次运行设置中，请确保在“样品选择”步骤中选择 alignment marker。

创建参照marker


如果要创建一个新的参照 marker，则需要一个带有注释峰时间和面积的已分析 size marker 样品。将 size marker 样品的峰与 size marker 表格 (包括 alignment marker) 进行匹配，可生成参照 marker。

请按以下步骤操作：

1. 在 [实验浏览器](#) 中，选择含有 size marker 的样品。如果该样品未标记为 “Size Marker”，(即它的符号为  或 )，右击鼠标，并在右键菜单中选择“Size Marker”选项将其标记为 Size Marker。图标更改为  或 。



分析size marker样品

- 通过点击视图中央顶部的“电泳图”选项卡，在单峰图视图中打开size marker样品。如果已对size marker样品进行了分析(即，图标为)，请转到步骤6。
- 请在“分析属性”工具栏中选择一个分析谱。

请参阅 [DNA 样品分析](#) 和 [分析 RNA 样品](#)，了解开始时应选择哪个分析谱以及如何为您的特定样品使用分析选项。

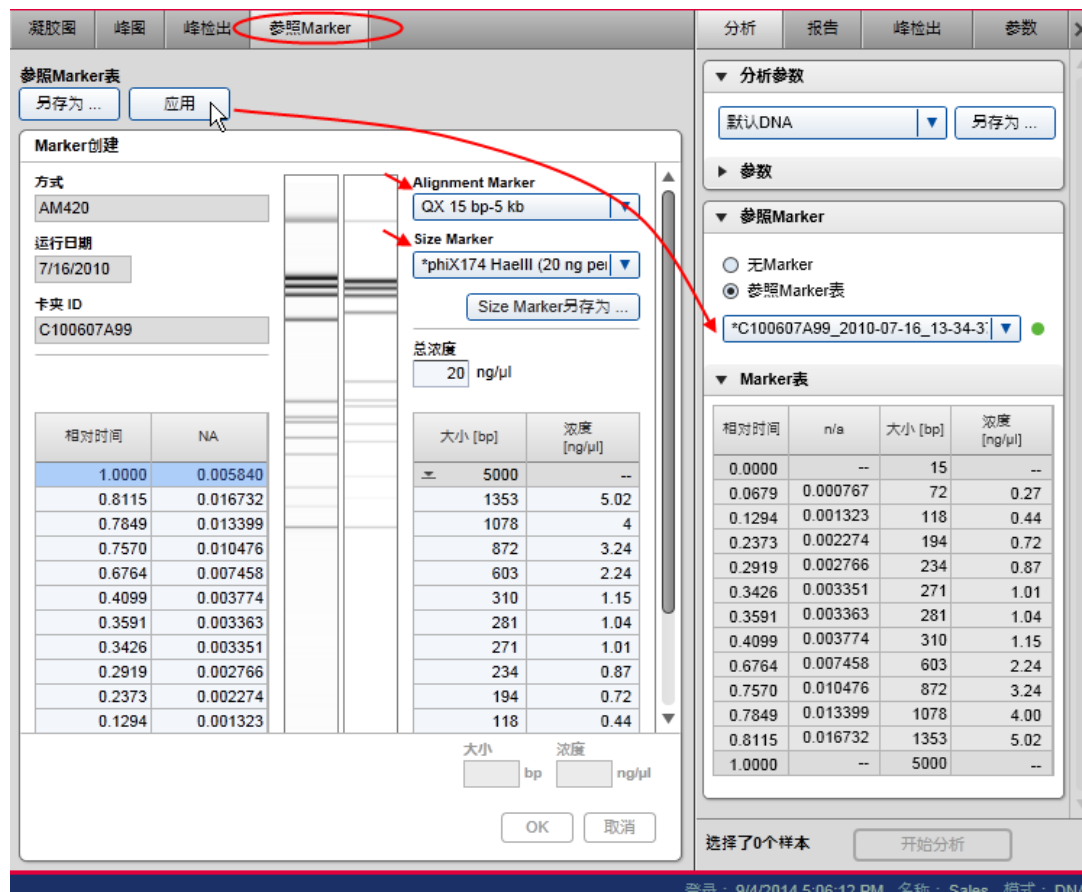
注意：可以[重复利用](#)已分析的size marker样品的分析参数。如果该样品在数据采集过程中已分析过，这可能会有所帮助，但应对分析进行审核或重复。在实验浏览器中右键单击样品，然后选择右键菜单中的“转移分析指令”选项。样品的分析参数和参照marker表(如果存在的话)将被转移到分析参数选项卡。

- 在下面的“参照marker”工具栏中选择“无marker”作为参照marker。
- 通过单击“开始分析”按钮启动分析。
分析结果为一个带有注释峰时间和面积的产品。
- 请确保检测到正确的峰。如果不正确，请[修正分析参数](#)并重新分析size marker样品。

请参阅 [DNA 样品分析](#) 和 [分析 RNA 样品](#)，了解开始时应选择哪个分析谱以及如何为您的特定样品使用分析选项。

作为最后的选择，可使用 [手动修改分析结果](#) 章节中描述的“插入/删除峰”选项。

7. 点击视图中央顶部的“参照marker”选项卡切换到“参照marker”屏幕。
Size marker样品的峰表格(内含Rel时间和NA列)将显示在屏幕的左侧。
注意:如果在“实验浏览器”中未选择size marker样品或者未分析所选的size marker样品,则该面板为空。在这种情况下,请先重复上述步骤。



创建参照marker

注意:对于不同的卡夹和方法, size marker可以形成不同的凝胶泳道。由于size marker的凝胶泳道(右侧)仅仅是根据size marker表计算出的,该图像可能与实际运行中的凝胶泳道(左侧)不同。

8. 在“参照marker”屏幕中,检查alignment marker并选择size marker样品所用的size marker。
屏幕中央区将对比显示出样品凝胶视图(左)和理论参照marker的凝胶视图(右)。
注意:如果alignment marker不正确,请按照[检查alignment marker](#)中描述的方法修改alignment marker。

注意: [创建新size marker表](#) 章节中描述有如何创建新size marker。

9. 如果size marker样品中的峰的数目与参照marker中的峰(两个alignment marker峰加上各size marker峰的数目)一致,则该参照marker可用于样品分析。点击“参照marker”屏幕顶部的“应用”按钮将创建的参照marker复制到“分析”参数屏幕的“参照marker”面板的底部。

或者，如果要使用参照m arker表进行进一步实验分析，请使用屏幕顶部的“另存为”按钮保存参照m arker。

注意：如果参照m arker是无效的，例如，如果左侧和右侧的峰的数目不一致，则“应用”和“另存为”按钮被禁用，并且在屏幕的顶部显示出警告。

如果在s ize m arker样品中检测到的峰多于预期，则可以使用s ize m arker峰表（含有R el时间和N A列）下面的删除按钮将其删除。

或者，切换到单峰图视图并检查检测到的峰是否正确。使用[手动修改分析结果](#)中描述的“插入/删除峰”选项，或更改分析参数并重新分析s ize m arker样本。

注意：只有用户角色为“基本用户”和“高级用户”的用户才可以创建参照m arker。





如果s ize m arker与样品并行运行，则可以在数据采集过程中使参照m arker的创建自动化。如需自动创建，请将分析参数的任何更改保存到自定义分析谱中。确保这些分析参数也适用于样品。然后，在[运行参数](#)步骤中为运行[创建运行谱](#)以定义s ize m arker的位置 并在[分析](#)步骤中选择自定义分析谱。将运行谱与这些设置一起保存以便重复使用。

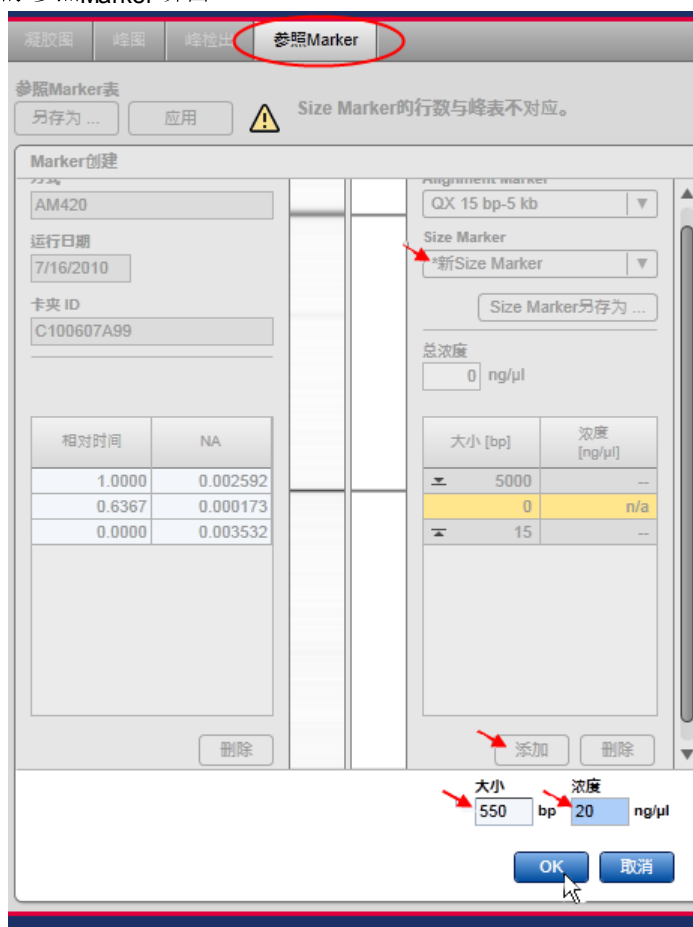
如需继续进行样品分析，请参阅[大小和浓度测定操作](#)中的步骤3。

创建一个新的 size marker 表格

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

步骤如下：

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



编辑一个新的size marker。

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

注意：新的size marker 只能由“Advanced User（高级用户）”来创建。

注意: 如果选择了一个标记为**size marker** 的样品, 则图像上方可能会显示一条警告, 说明**size marker** 的行数量与选定样品的峰表格不匹配。请忽略警告并继续向**size marker**列表中加入表示片段大小的行。如果您已输入全部**size marker**的行而仍有警告, 请切换至单峰图视图并检查是否所有的峰都被正确检测到了。

峰检出

峰表格是样品分析的结果，可基于峰表格进行峰检出操作。

峰检出功能会显示对应的峰（如相同大小的）是否存在于所分析的样品中，并提供峰数据用于比对。

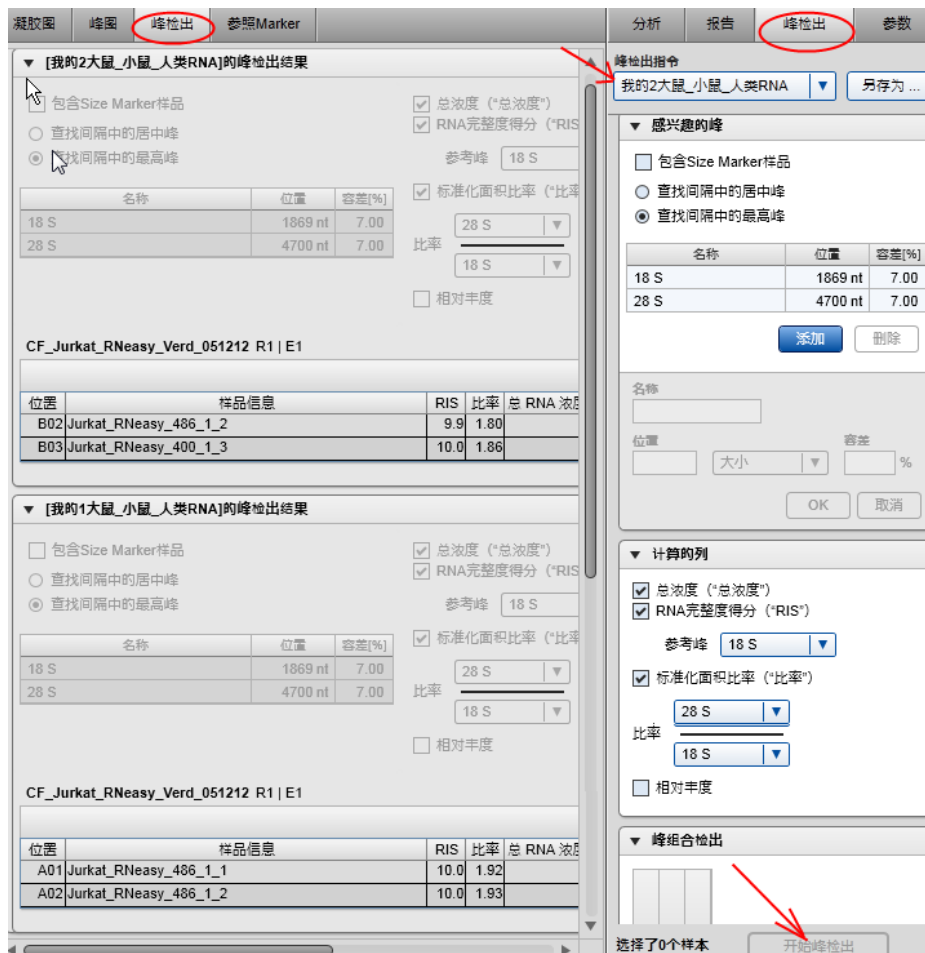
如需峰检出操作，用户须提供所关注峰的定义。请参考 [创建一个新峰检出指令](#) 章节，以获得关于如何创建峰检出指令的相关信息。

注意：峰检出只能由 **Basic User**（基本用户）和 **Advanced User**（高级用户）来开展。

如果要开展峰检出，步骤如下：

1. [加载并激活](#)其样品须执行峰检出的实验。
2. 如果样品未分析，请按照[标准DNA分析](#)来分析关注的样品。
注意：在开展峰检出之前，必须分析样品。
3. 选择需要进行峰检出操作的样品。
4. 从“分析”环境右手边打开“峰检出”标签。
注意：在DNA模式中，仅在峰检出功能激活的状态下“峰检出”选项卡才可用。关于如何激活峰检出功能的信息请参考[激活峰检出功能](#)。
5. 从“峰检出指令”的下拉菜单里选择峰检出指令，它包含了一组要搜索的峰。
6. 点击“峰检出”标签页底部的“开始峰检出”按钮，开始峰检出。峰定义指令将应用于选中的样品，且“分析”环境中间的“峰检出”界面会显示峰检出的结果。
注意：如果您第二次使用相同未更改的峰检出指令时点击了“开始峰检出”，则该指令之前的峰检出结果将被新结果完全代替。如果您希望为不同的数据应用相同的峰检出指令而不希望覆盖首次结果，请使用不同的名称保存指令，并在后续将它们应用于不同的样品组。

7. 切换到“分析”环境中间的“峰检出”界面查看结果。结果的架构见下方。



使用RNA峰检出功能对B行和A行分别实施RNA分析。

8. 如果要保存峰检出的结果，请在“实验浏览器”中点击  按钮来保存实验。

峰检出的结果

每个样品都可单独用峰检出指令分析。所以，峰检出的结果概览是根据峰检出指令来分组的。以它们所应用的峰检出指令命名（见上图）。每个峰检出指令的结果都可以分别折叠，他们含有以下结构：峰检出指令表格位于上方，其下是应用了峰检出指令的样品列表。列表中的样品是根据样品所属的孔板进行归类的。

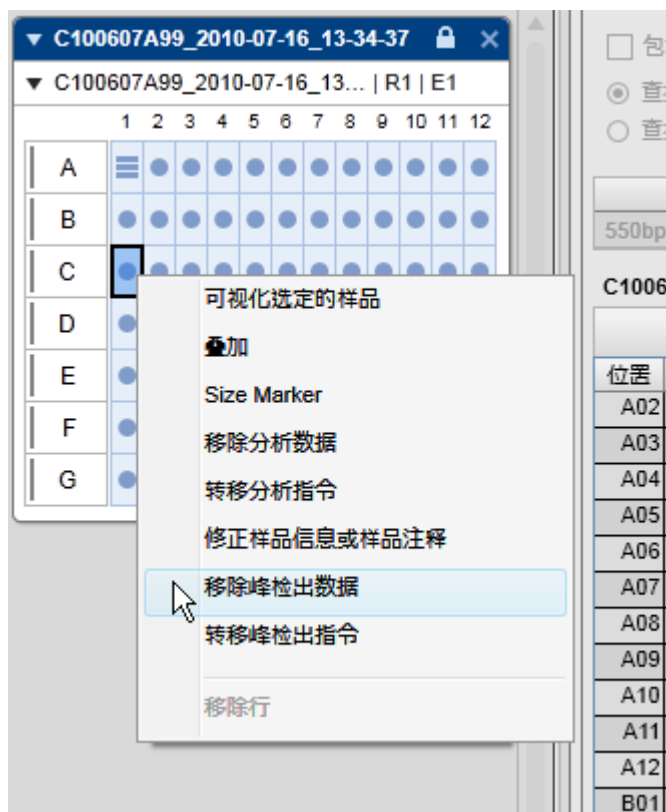
表格中的每一行对应于一个样品，‘位置’和‘样品信息’列用于定义样品。‘位置’列被固定。以下列由峰检出指令进行定义。如果在峰检出指令中选择设置了‘计算的列’，则所有关注的峰的列总计都将出现。后续列按关注的峰的名称进行分组，并显示一些峰属性。如需改变每一关注峰的属性列表，请右键单击表格标题，并通过‘显示列’选项来对该属性进行选择/取消选择的操作。此改动将影响整个表格。

注意：如果样品未经分析，峰检出结果则不会显示到峰检出结果概览中。

峰检出结果列表中的一部分可以复制到剪切板中。选择需要复制的单元格，之后按下 **Ctrl**+**C** 的组合键。如需复制峰检出指令的完整峰检出结果，右键单击峰检出结果列表并选择‘拷贝[...]的峰检出结果’选项。

删除峰检出的结果

如果要将峰检出结果从样品中删除，请在实验浏览器中右击样品，并在右键菜单中选择“移除峰检出数据”，如下图所示。只有当样品的峰检出已开展且结果已保存时，此菜单项才会激活。



从样品中移除峰检出数据。

可以将峰检出设为在数据采集过程中自动进行。对于采用标准DNA分析、快速分析DNA分析或标准RNA分析的样品，请确保已将大小和浓度测定操作设为自动进行。如需将峰检出设为自动进行，请将峰检出指令的所有更改保存到自定义峰检出指令中。确保这些参数适用于所有样品。然后，修改已创建的进程配置文件以针对样品将大小和浓度测定操作设为自动进行。在进程配置文件步骤中，在“包含”步骤部分中选择“峰检出”选项。如果分布分析功能仍处于活动状态，请立即激活峰检出功能。请参见激活分布分析功能章节。在峰检出步骤中，选择自定义峰检出指令。更多详细信息，请参阅进程配置文件选项。保存含有这些设置的进程配置文件以供重复使用。在每一次运行设置中，请确保

激活峰检出功能

在DNA模式中，峰检出或分布分析功能都可应用于已激活实验的样品。

如需为当前实验激活峰检出功能，从“视图”菜单中选择“激活峰检出功能”。峰检出结果表代替了分布结果表，峰检出参数面板代替了分布参数面板。软件将保持此设置，直到使用分布分析的实验被激活或打开。

注意：如果已在当前实验中执行了分布分析，则不可激活峰检出功能。在这种情况下，首先[移除分析结果](#)。

修改峰检出指令

峰检出指令包含了一套参数，定义了要搜索的峰（感兴趣的，关注的峰）。

注意：峰检出指令只能由“Advanced User（高级用户）”来修改。

如果要修改峰检出指令，步骤如下：

1. 打开“分析”环境右侧的“分析”标签页。
2. 从“峰检出指令”下拉框中选定需要调整的峰检出指令。

3. 通过以下步骤，按照您的需求更改所兴趣峰的定义。

峰检出指令

*hshs

另存为 ...

感兴趣的峰

包含Size Marker样品

查找间隔中的居中峰

查找间隔中的最高峰

名称	位置	容差[%]
yu	79 bp	2.00
wa	89 bp	3.00
ui	190 bp	10.00
xx	480 bp	4.00

添加 删除

名称

ui

位置

190 大小

容差

10 %

OK 取消

计算的列

标准化面积比率 ("比率")

wa

比率

yu

相对丰度


修改一行。

注意：峰检出指令”下拉列表的名称将在左侧标以星号，说明此表格已修改。

4. 点击 峰检出指令”下拉列表右侧的 另存为...”按钮，保存已修改的峰检出指令。

峰检出设置:

包含Size marker 样品

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

寻找间隔中的居中/最高峰

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

增加一个感兴趣的峰:

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

名称 说明兴趣峰的名称。它将成为峰检出表格列的标题。

注意:峰的名称必须是不同的。

位置 说明要检索峰的位置,以及位置的单位 (大小,相对时间,或绝对时间)。

注意:峰的位置必须是不同的。

注意:如果使用“相对时间”来描述该位置,则后续需要应用以下限制:在有两个alignment marker峰的情况下,全部相对时间的设定值都必须在0和1之间。在仅有一个alignment marker峰的情况下,全部相对时间的设定值须大于1。

容差 峰检索的容差值。如果样品中的峰距离指定检索位置的位差比给出的容差值小,则将这个峰判定为是指定检索的峰。

3. 点击“OK”。新的感兴趣的峰将添加到表格里。
注意:峰检出指令里,这些峰是根据位置排序的。

如果要删除感兴趣的峰:

1. 选择要删除的峰所在的行。
2. 点击“删除”按钮。

如果要修改感兴趣的峰:

1. 选择要修改的感兴趣的峰所在的行。
2. 在下面的编辑区编辑数值。
3. 点击“OK”。选定行的值已修改。
注意:行是根据峰的位置排序的。

计算的列:

除了搜索指定检索的峰之外,根据运行模式的不同,在峰检出过程中还可以计算下列参数:

总浓度 仅针对RNA模式。计算整个样品RNA的总浓度。

RNA完整度得分	仅适用于RNA模式。RNA完整性得分 (RNA integrity score RIS) 是一个位于0和10之间的数值, 10意味着样品为十分完整的RNA。本项仅用于 RNA 质控分析 。
	注意: 如果未找到18S的峰, 则本值无法计算。
标准化面积比率	选择两个感兴趣的峰。如果两个峰在样品中都已检出, 则会计算它们的标准化面积的比率。本项对于 RNA 质控分析 中计算28s和18s的比值特别有用。
相对丰度	对于每一个感兴趣的峰, 其标准化面积占全部样品中所对应的标准化面积最高的峰的比值均被进行了计算。对于含有对应峰最高标准化面积峰的样品, 其相对丰度为100%。对于所有其它样品, 则是其标准化面积除以最高标准化面积的一个百分数。)

创建一个新峰检出指令

如果要创建一个新峰检出指令：

1. 打开“分析”环境右侧的“峰检出”标签页。
2. 从“峰检出指令”下拉列表中选择峰检出指令。选定的指令将作为创建新指令的模板。选择“新峰检出指令”；从空表格开始。
3. 根据您的需要，按照[修改峰检出指令](#)章节中的介绍更改峰定义。
4. 单击“峰检出指令”下拉列表右侧的“另存为...”按钮，保存新表格。输入唯一的新表格名称，单击“OK”。

峰组合检出

软件可基于峰检出步骤执行一个峰组合检出步骤。

峰组合检出操作将显示某一峰检出步骤中测得的峰组合是否存在于已分析样品中。

注意：峰组合检出仅能由“Basic User（基本用户）”和“Advanced User（高级用户）”身份的用户实施。

峰组合检出步骤一般需要基于峰检出步骤来进行。请按如下步骤执行峰组合检出操作：

1. 完整的步骤1-5在[峰检出](#)章节中进行描述。
2. 在“峰组合检出”面板中单击“添加”按钮，来添加一个全新的组合。
3. 为全新的组合输入一个名称，并定义该组合。通过勾选当前峰检出指令中所有峰前方的确认框来定义该组合。勾选需要包含在组合当中的每一个峰。未经勾选的峰将不会包含在组合当中。
4. 单击“OK”以确认所定义的组合。通过单击“取消”可取消定义步骤而不会造成任何改动。
注意：你可在给定的峰组合检出步骤中定义多于一个组合。如需添加更多的组合，重复步骤2-4。
注意：如需删除一个组合，单击该组合并按下“删除”按钮。
5. 开始峰检出并切换至“分析”环境中央的“峰检出”界面，来浏览结果。更多详情请参见[峰检出](#)章节的步骤6和7。

峰检出结果将指示每一样品所匹配的组合。所匹配的组合名称将出现在峰检出结果列表中样品特异性的“组合”列。如果一个样品的峰检出结果无法匹配任何已定义的组合，该列将显示“n/a (不可用)”。

关于浏览“峰检出结果”的详情，请参考相关章节 [峰检出](#)。

注意：峰组合检出是峰检出指令的一个扩展功能，相关设定包含于峰检出指令被保存。其结果也将出现在随着峰检出指令出现在报告、导出或打印结果中。

位置	样品信息	RIS	比率	总 RNA 浓度[ng/μl]	组合	检出 大小 [nt]	检出 大小 [nt]
A01	Jurkat_RNeasy_486_1_1	n/a	n/a	567.64	n/a	否	n/a
A02	Jurkat_RNeasy_486_1_2	n/a	n/a	587.73	n/a	否	n/a
A03	Jurkat_RNeasy_400_1_3	10.0	n/a	643.12	18 S	是	1757
A04	Jurkat_RNeasy_400_1_4	10.0	n/a	575.66	18 S	是	1791
A05	Jurkat_RNeasy_300_1_5	10.0	1.89	501.02	都有	是	1834
A06	Jurkat_RNeasy_300_1_6	10.0	1.97	514.99	都有	是	1829
A07	Jurkat_RNeasy_200_1_7	10.0	1.91	316.65	都有	是	1869
A08	Jurkat_RNeasy_200_1_8	10.0	2.04	314.86	都有	是	1881
A09	Jurkat_RNeasy_100_1_9	8.9	1.90	112.91	都有	是	1931
A10	Jurkat_RNeasy_100_1_10	9.5	2.03	131.45	都有	是	1937
A11	Jurkat_RNeasy_50_1_11	8.0	1.63	66.08	都有	是	1945

峰组合检出的结果。

DNA 样品分析

本章节介绍了如何分析DNA样品。对以下四种类型的分析进行了说明：(1) 标准DNA样品分析、(2) 采用高压运行方式（快速分析）的样品分析、(3) 含DNA文库的样品分析和(4) 含基因组DNA的样品分析。对于所有4种样品类型，请执行步骤1-6，并按照各分析类型对应的相关说明进行操作。

1. 如果尚未选择DNA模式，请选择DNA模式。请检查软件屏幕右下角的当前模式。如果所选的模式并非DNA模式，请从应用程序菜单栏中选择“文件/注销”以便先注销，然后再选择DNA模式登录。详细信息，请参阅[用户验证](#)。
注意：只有角色为“高级用户”的用户才可以修改和保存分析谱参数。角色为“基本用户”的用户可以选择更适合其样品类型的分析谱。
2. 通过选择主工具栏中的“分析”图标转换到分析界面。
3. 如果要分析的样品尚未在左侧的“实验浏览器”中列出，请从“实验浏览器”的工具栏中选择“加载实验”图标。如果样品已列出，但未激活（呈灰色），请右键单击其实验名称并选择“激活”。如需详细信息，请参阅[加载样品数据](#)或[激活实验](#)章节。
4. 对于样品快速分析，或如果要分析的样品含有DNA文库，或对采用二氧化硅技术纯化的gDNA进行质量控制，或对大小和浓度仍待确定的DNA样品进行标准分析，请按照[大小和浓度测定操作](#)中的说明进行操作。
如需了解针对您的样品应该以哪个分析谱为起点以及应该采用哪些分析参数，请参阅相应章节：如需对样品进行快速分析，请参阅[快速DNA分析](#)；如需对DNA样品进行标准分析，请参阅[标准DNA分析](#)；如果样品含有DNA文库，请参阅[弥散状DNA分析](#)；如果样品含有采用二氧化硅技术纯化的gDNA，请参阅[gDNA分析](#)。
如果样品在数据采集过程中由于出现了错误信息未被分析，或样品结果不符合预期，也请遵照[大小和浓度测定操作](#)进行操作。在这种情况下，请按照该操作逐步对分析进行检查，并根据需要进行更正。请按照说明对已用于该样品的分析参数进行重新利用。
如果无需进行片段大小计算，请按照[峰检测操作](#)说明进行操作。
5. 可选：对于样品快速分析或已确定了片段大小和浓度的DNA样品的标准分析，可以执行峰检出。按照[峰检出](#)章节中的说明进行操作。
6. 对于预计将有特定分布的DNA文库，或评估常规使用的文库质量，或评估gDNA的质量，请进行[分布分析](#)。请按照[分布分析](#)章节中的说明进行操作。如需了解应该将哪一个分布谱作为gDNA样品分析的起点，请参阅[gDNA分析](#)章节。

该结果表格总结出由QIAxcelScreenGel软件计算的检出峰的所有属性。右键单击表格的标题行，选择“显示列”，然后选择您感兴趣的属性。或者，右键单击表格的标题行并选择“显示所有列”。这一功能可以显示出由QIAxcelScreenGel计算出的所有属性。更多详细信息，请参阅[结果表](#)并分别参阅[标准DNA分析](#)、[快速分析DNA分析](#)、[弥散状DNA分析](#)和[gDNA分析](#)。

标准DNA分析

在[大小和浓度确定步骤](#)或[峰检测步骤](#)期间，选择默认DNA v2.0分析谱作为起点。

注意：QIAxcelScreenGel软件的1.2及更高版本中附带默认谱的改进版，名为默认DNA v2.0。为不受样品中最高信号的影响，在新谱中，将阈值参数定义为基于样品数据估算的噪音水平的数倍。

[单峰图视图](#)最适合用于检查峰检测。确保在图上的峰尖处为所有 alignment marker 峰之间/之后的峰显示一个红色 “#” 号。如果显示的是粉色 “X” 标志，请单击电泳图工具栏上的 [图像选项](#) 按钮，然后选择 [标记峰顶](#) 和 [带有标签](#)；且使 [大小 \[bp\]](#) 处于选中状态。单击“OK”关闭对话框。分析样品的电泳图将在相应峰的峰顶上方显示出以碱基对为单位的检出DNA分子的大小。峰属性显示在电泳图下方的 [峰结果](#) 表中。有关详细信息，请参阅 [结果表](#) 章节。

要切换在电泳图中显示的样品，请单击左侧 [实验浏览器](#) 中的下一个样品。

确保峰检测功能按预期正常运行。首先，正确的峰必须标记为 alignment marker 峰（使用绿色 “#” 标记），因为这是所有其他分析功能的基础。否则，应在分析环境右侧的分析参数面板中调整分析参数。要执行此操作，请打开分析参数部分，然后打开参数部分。有关如何更改下述参数的详情，请参阅 [修改分析谱](#) 章节。

注意：单击 ▼ 和 ► 可折叠和扩展 [分析参数](#) 的各个部分。



标准DNA分析的分析谱。

- 确保已选中“峰”选项。
- 如果分析的原始数据噪音过多，请增大平滑处理过滤器视窗值。单击该参数行并在参数列表下方的编辑区域内将视窗大小设置为某个值（例如 25 pts），然后单击确定进行确认。要在不同时间段应用不同的平滑处理，请添加一个或多个平滑处理过滤器参数行。要执行此操作，单击添加按钮，选择平滑处理过滤器，并设置开始时间和视窗大小值。单击“OK”确认此设置。在不同时间段应用不同平滑处理的例子请参见 RNA 模式下的默认 RNA 分析谱。
- 如果在 alignment marker 峰之前或之后检测到峰，请增大 alignment marker 阈值。单击字段并更改值。
- 如果峰检测过于敏感，请增大“阈值”。单击该参数行并在参数列表下方的编辑区域内增加值字段的值，然后单击确定进行确认。
- 如果峰检测操作在迁移时间的某一时段内过于灵敏，则增加该时段的阈值。要执行此操作，请单击参数列表下方的添加按钮，并从定义参数下拉列表中选择阈值。设置需要增加阈值的时段的起点作为这项参数的起始点，并定义阈值，例如定义为 5 SN。单击确定按钮确认该设置。之后在受影响时段的终点，通过添加第三个阈值定义将阈值重置为默认值（例如，默认 DNA 中为 2 SN）。将该阈值的开始时间设置为受影响时段的终点，并将阈值设置为第一个阈值参数行的值。单击确定按钮确认该设置。

再次单击“开始分析”按钮，根据此修改后的分析谱启动新的分析。

在某些情况下，可能需要对分析谱进行反复修改。如果使用修改后的分析谱执行的峰检测功能达到预期效果，请保存此分析谱，并尝试在今后使用这个新的分析谱替代默认 DNA v2.0 分析谱对类似样品进行 DNA 分析。

快速分析 DNA 分析

对于含有 size marker 的运行, 请按照[大小和浓度测定操作](#)进行操作。在此操作过程中, 请创建并保存 size marker 样品的参照 marker。请将“默认快速分析”分析谱作为起点。如果运行仅包含 size marker, 则在保存参照 marker 后退出操作。如果运行还包含样品, 则继续进行样品分析操作: 在参照 marker 部分, 选中“参照 marker 表”并选择使用刚创建并保存的参照 marker。

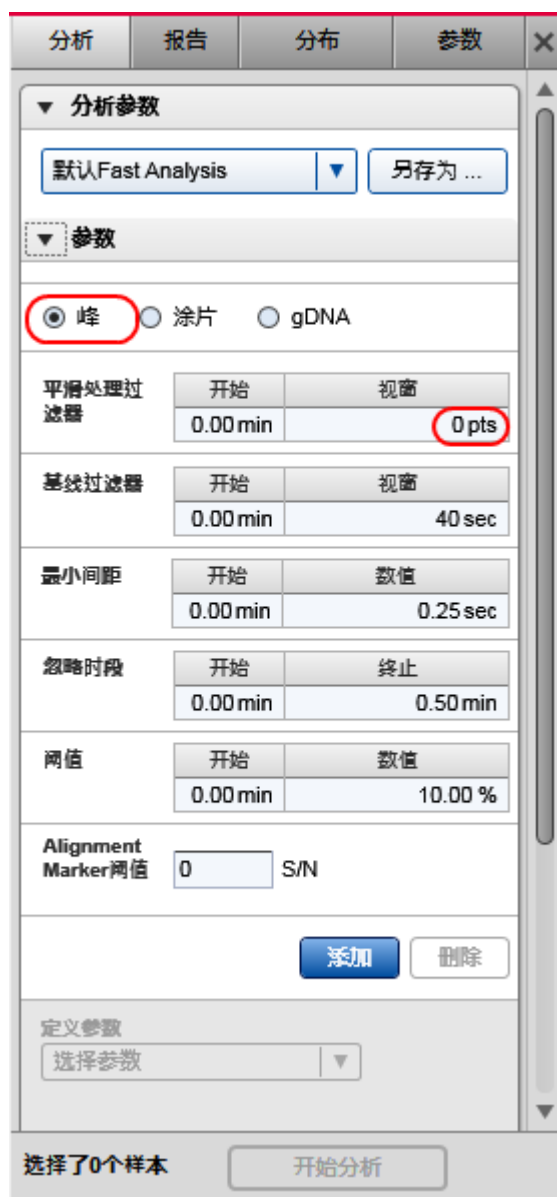
对于仅包含样本的运行, 请按照[大小和浓度测定操作](#)进行操作。在此操作过程中, 请将“默认快速分析”分析谱作为起点, 在参照 marker 部分, 选中“参照 marker 表”并选择此前创建的参照 marker。

[单峰图视图](#)最适合用于检查峰检测。请确保绘图在 alignment marker 峰之间的所有峰的峰顶点处显示有红色的 “#”号。如果显示的是粉红色的 “X”标志, 请单击电泳图工具栏上的“图像选项”按钮, 然后选择“标记峰顶”和“带有标签”, 且使“大小 [bp]”处于选中状态。单击“OK”关闭对话框。分析样品的电泳图将在相应峰的峰顶上方显示出以碱基对为单位的检出 DNA 分子的大小。峰属性显示在电泳图下方的“峰结果”表中。有关详细信息, 请参阅[结果表](#) 章节。

要切换在电泳图中显示的样品, 请单击左侧“实验浏览器”中的下一个样品。

确保峰检测功能按预期正常运行。首先, 正确的峰必须标记为 alignment marker 峰 (使用绿色 “#”标记), 因为这是所有其他分析功能的基础。否则, 应在分析环境右侧的分析参数面板中调整分析参数。要执行此操作, 请打开分析参数部分, 然后打开参数部分。有关如何更改下述参数的详情, 请参阅[修改分析谱](#) 章节。

注意: 单击 ▼ 和 ► 可折叠和扩展“分析参数”的各个部分。



快速分析的分析谱

- 确保已选中“峰”选项。
- 如果正在分析样品，请在“参照marker”部分，选中“参照marker”并选择先前保存的参照marker。如果正在创建参照marker，请在“参照marker”部分，选中“无marker”。
- 如果在alignment marker峰之前或之后检测到峰，请增大alignment marker阈值。单击字段并更改值。
- 如果峰检测过于敏感，请增大“阈值”。单击该参数行，在参数列表下方编辑区的“值”字段中增大该值，然后单击“OK”进行确认。
- 在分析“快速分析”数据时，默认基线过滤器视窗（40秒）可能会过大。在此情况下，软件将弹出减低基线过滤器视窗的建议。如需执行此操作，请单击“基线过滤器”参数行，并在参数列表下方编辑区将“视窗”大小设置为39，然后单击“OK”进行确认。在大多数情况下，这样的操作会起效。

- 如果一个区域中有多个紧邻的峰，有些峰被漏检，请通过单击“最小距离”参数行来减小最小距离，比如在参数列表下方编辑区将“距离值”从默认值0.25秒设置为0.1秒。单击“OK”确认此设置。如果无需设定峰之间的最小距离，请将最小距离值设置为0秒。
- 对于快速分析样品，应停用平滑处理，默认快速分析”分析谱中对此已有设定。在此处，“平滑处理过滤器”参数行的窗口宽度值被设置为0 pts。

再次单击“开始分析”按钮，根据此修改后的分析谱启动新的分析。

在某些情况下，可能需要对分析谱进行反复修改。如果分析谱修改后的峰检测情况与预期一致，请保存此分析谱，并对将来的快速分析样品采用这个新分析谱，而不再采用“默认快速分析”分析谱。

弥散状 DNA 分析

使用下述分析选项来获得有关样品中 DNA 文库的基本信息，例如最小和最大片段大小、摩尔浓度或浓度。

在[大小和浓度确定步骤](#)期间，选择默认弥散状 DNA 分析谱作为起点。

[单峰图视图](#)最适合用于检查峰检测。请确保绘图上 alignment marker 峰之间的所有弥散峰都显示有粉红色的 X 标记。如果显示的是红色的 # 号，请单击电泳峰图工具栏上的“图像选项”按钮，然后选择标记大小中值和“带有标签”。单击“OK”关闭对话框。分析样品的电泳图将显示相应峰的以碱基对表示的大小中值。

弥散峰参数显示在峰图下方的弥散状/gDNA 结果表格内。有关详细信息，请参阅[结果表](#)章节。
要切换在电泳图中显示的样品，请单击左侧“实验浏览器”中的下一个样品。

如果先前在 DNA 模式下使用[分布分析](#)对样品进行了分析，单峰图视图会显示与[分布谱](#)中定义的关注区段对应的弥散峰。要查看峰检测图，需要暂时移除分布分析。要执行此操作，可在右侧的实验浏览器中右键单击样品，并选择传送分布谱选项，将已用于分布分析的参数复制到右侧的分布面板中，以供之后再次使用。然后再次右键单击样品，并选择移除分布分析数据，从样品中移除分布分析结果。现在，单峰图中将显示峰检测结果。它根据弥散状/gDNA 结果表显示 alignment marker 峰（在顶点处标记绿色）和弥散峰。

确保峰检测功能按预期正常运行。首先，正确的峰必须标记为 alignment marker 峰（使用绿色 # 标记），因为这是所有其他分析功能的基础。否则，应在分析环境右侧的分析参数面板中调整分析参数。要执行此操作，请打开分析参数部分，然后打开参数部分。有关如何更改下述参数的详情，请参阅[修改分析谱](#)章节。

注意：单击 ▼ 和 ► 可折叠和扩展“分析参数”的各个部分。



弥散状分析的分析谱。

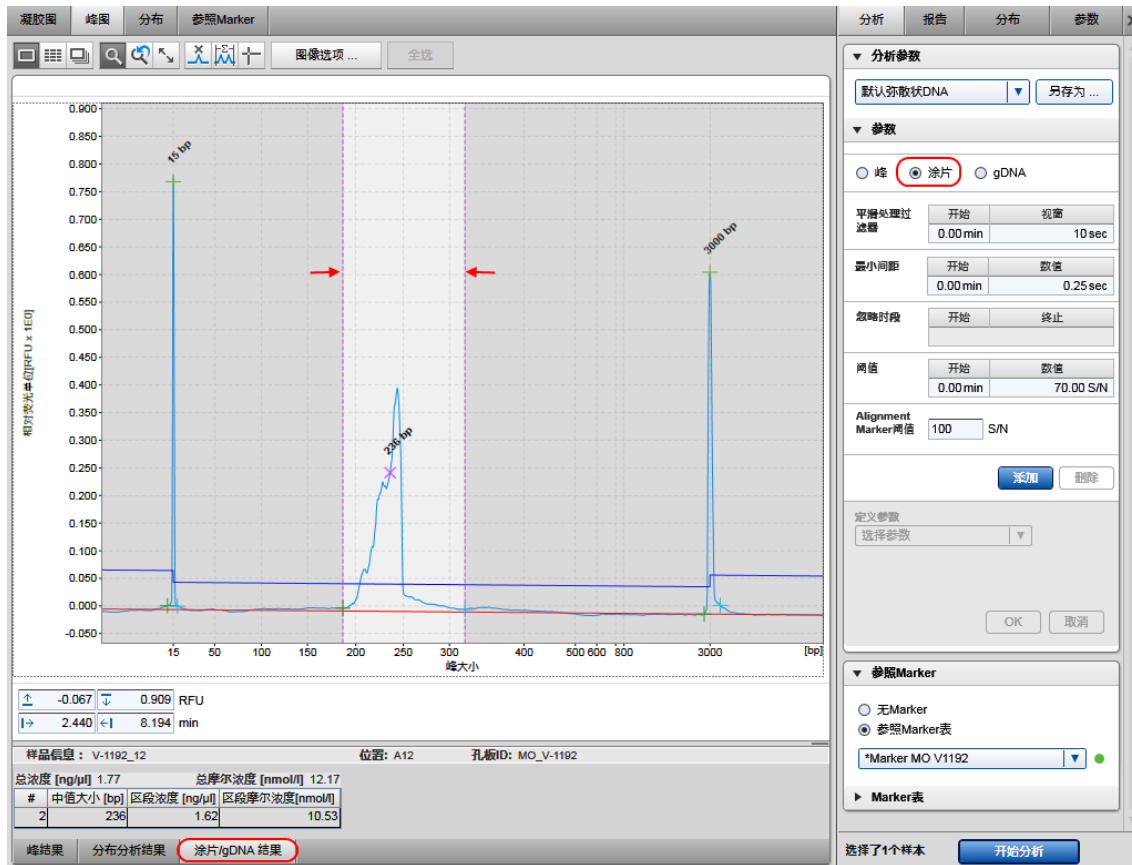
- 确保已选定弥散状分析谱选项。
- 如果检测到的峰位于第一个 alignment marker 峰的前方或最后一个 alignment marker 峰的后方，请增加 Alignment marker 阈值。单击字段并更改值。
- 如果信号被误检测为峰，请增加阈值。由于平滑处理算法是针对弥散数据的典型形状进行优化的，因此需要较高的 S/N 值作为阈值。

再次单击“开始分析”按钮，采用此修改后的分析谱启动新的分析。

在某些情况下，可能需要反复调整分析谱。如果使用修改后的分析谱执行的峰检测功能达到预期效果，请保存修改后的分析谱，并在今后使用它替代默认弥散状 DNA 分析谱对类似样品进行 DNA 分析。

弥散状分析能够区分标记为 size marker 的样品，而不会为这些样品定义弥散峰。对于所有其他样品，该分析能够区分 alignment marker 峰和弥散峰。软件会为每个测得的弥散峰指定一个所谓的关注区段。关注区段的界限将使用两条垂直粉色线进行标记，并且在默认情况下，粉色线与对应峰的边界相同。如果检测到的峰边界并没有界定真正关注的区段，请将边界移至正确位置。弥散状结果表中显示的所有属性都基于垂直粉色线所界定的关注区段计算的。

注意：单击开始分析按钮时，标准化面积的边界将被重置，以匹配检测到的弥散峰的边界，即使它们之前被手动更正过，移动阈值不会影响关注区段的边界。



弥散状分析的结果。

不过，在常规使用时，请改用分布分析。您可以在该分析中定义分布关注区段，并一次性为所有样品使用这些设置。关于如何设置分布分析的信息，请参阅[分布分析](#)一节。只有在成功完成了[大小和浓度测定操作](#)的情况下，才能执行分布分析。

gDNA 分析

使用下面描述的分析选项分析基因组DNA质量。

注意:请务必使用15bp大小的alignm entm arker。有关详细信息,请参阅[检查 alignm entm arker](#)。

在[大小和浓度测定操作](#)中,选择默认gDNA分析谱作为起点。

[单峰图视图](#)最适合用于检查峰检测。请确保绘图上alignm entm arker峰之间的所有弥散峰都显示有粉红色的“X”标记。如果显示的是红色的“#”号,请单击电泳图工具栏上的“图像选项”按钮,然后选择“标记大小中值”和“带有标签”。单击“OK”关闭对话框。分析样品的电泳图将显示相应峰的以碱基对表示的大小中值。

[大小和浓度测定操作](#)完成后,其结果将显示在电泳图下面的“弥散/gDNA结果”表中。在列“大小中值 [bp]”中可以找到以碱基对表示的gDNA大小。gDNA浓度显示为“弥散/gDNA结果”表上方的“总浓度”。有关更多详细信息,请参阅[结果表](#)章节。

要切换在电泳图中显示的样品,请单击左侧“实验浏览器”中的下一个样品。

如果先前在DNA模式下使用[分布分析](#)对样品进行了分析,单峰图视图会显示与[分布谱](#)中定义的关注区段对应的弥散峰。要查看峰检测图,需要暂时移除分布分析。要执行此操作,可在右侧的实验浏览器中右键单击样品,并选择传送分布谱选项,将已用于分布分析的参数复制到右侧的分布面板中,以供之后再次使用。然后再次右键单击样品,并选择移除分布分析数据,从样品中移除分布分析结果。现在,单峰图中将显示峰检测结果。它根据弥散状/gDNA结果表显示alignm entm arker峰(在顶点处标记绿色)和弥散峰。

确保峰检测功能按预期正常运行。首先,正确的峰必须标记为alignm entm arker峰(使用绿色“#”标记),因为这是所有其他分析功能的基础。否则,应在分析环境右侧的分析参数面板中调整分析参数。要执行此操作,请打开分析参数部分,然后打开参数部分。有关如何更改下述参数的详情,请参阅[修改分析谱](#)章节。

注意:单击 ▼ 和 ► 可折叠和扩展“分析参数”的各个部分。



gDNA分析的分析谱

- 确保已选中“gDNA”选项。
- 如果第一个检测到的峰不是alignment marker峰，则首先需要增大alignment marker阈值。单击字段并更改值。如果做到这一步仍不够，请单击参数列表下方的“添加”按钮，并从“定义参数”下拉框中选择“停止整合”。采用“绝对”时间单位并将起点定义为0分钟。将该参数的终点设为alignment marker峰出现前不久（例如，如果第一个alignment marker峰出现在2.5分钟，则将终点设置为2分钟）。
- 如果信号被误检测为峰，请增加阈值。单击该参数行，在参数列表下方编辑区的“值”字段中增大该值，然后单击“OK”进行确认。由于平滑处理算法是针对弥散数据的典型形状进行优化的，因此需要较高的S/N值作为阈值。

再次单击“开始分析”按钮，采用此修改后的分析谱启动新的分析。

在某些情况下，可能需要反复调整分析谱。如果分析谱修改后的峰检测情况与预期一致，请保存此分析谱，并在将来分析类似的样品时采用这个修改后的分析谱，而不再采用默认gDNA分析谱。

要评估gDNA质量，请执行“分布分析”。请选择默认gDNA分布谱作为起点。如需了解如何执行分布分析，请参阅[分布分析](#)章节。只有在成功完成了[大小和浓度测定操作](#)的情况下，才能执行分布分析。

分布分析

可根据片段大小分布，采用此分析类型评估日常使用的DNA文库或基因组DNA的质量。

注意：分布分析仅适用于DNA模式。

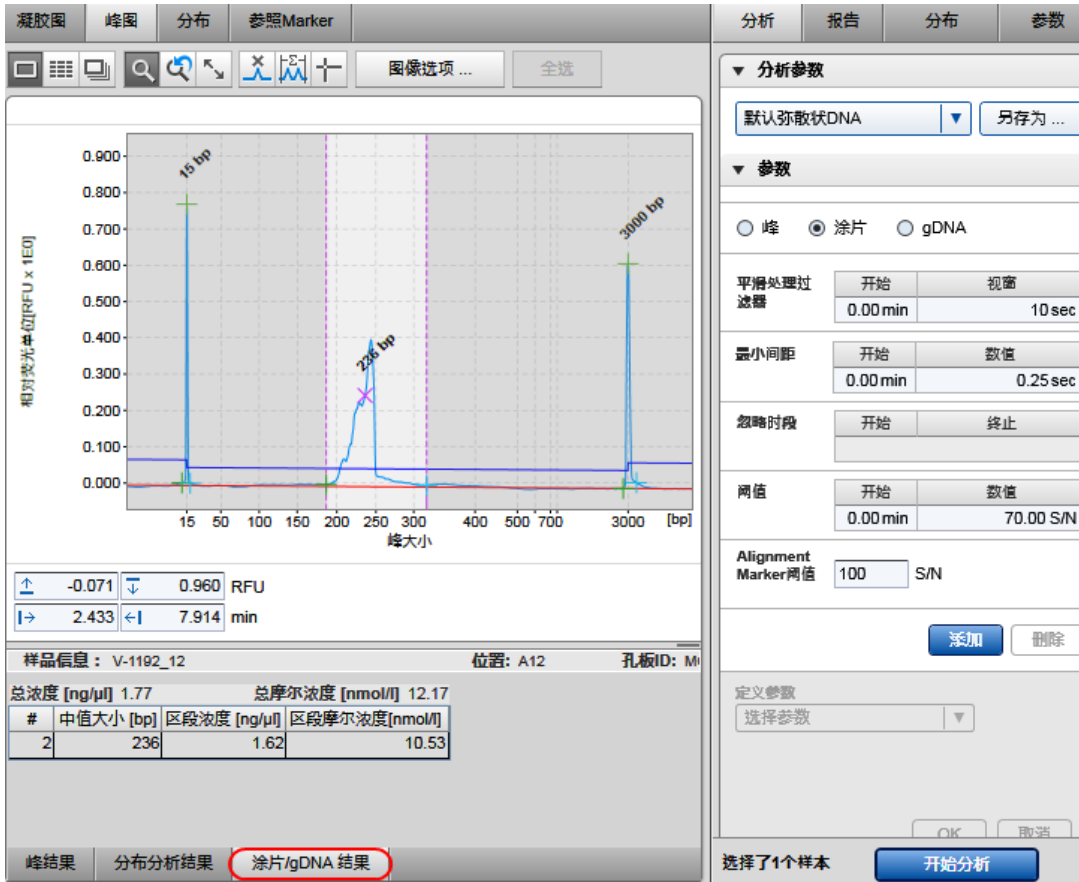
如果参数面板尚未打开，请通过单击选项卡右侧的图标将其打开：




注意：如果峰检出功能仍处于活动状态，请立即激活分布分析功能。请参见[激活分布分析功能](#)。

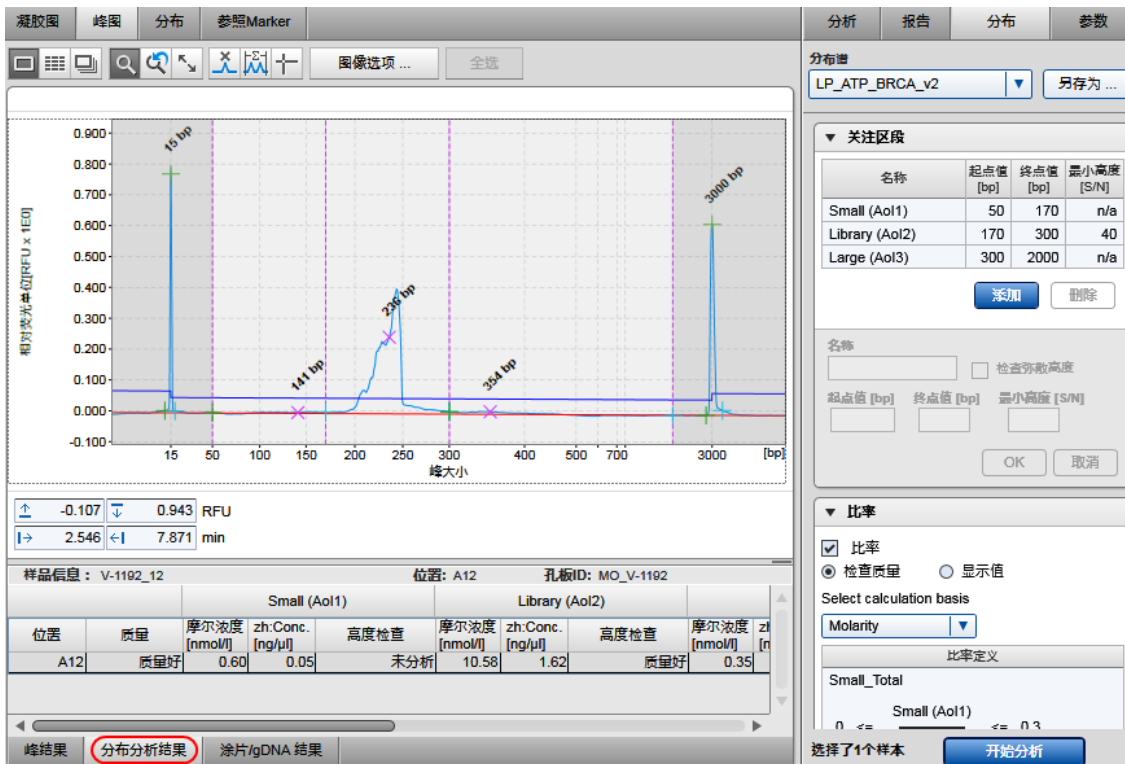
如需进行分布分析：

1. 在开始分布分析前，请确保已分别按照[弥散状DNA分析](#)或[gDNA分析](#)章节中描述的分析谱参数执行了[大小和浓度测定操作](#)。



大小和浓度测定操作后的中间结果

2. 打开位于“分析”界面右侧的“分布”选项卡。
3. 如果在[大小和浓度测定操作](#)过程中需要临时移除分布分析，请使用之前曾被转移过的分布谱参数。这些参数应该可以在右侧的“分布”参数选项卡中找到。如其不然，请从分布谱下拉框中选择与样品相关的分布谱。对于gDNA质量分析，请选择默认gDNA分布谱。分布谱定义出关注区段，例如文库中预期含有的关注区段。对于DNA文库，如需了解如何创建分布谱，请参阅[创建分布谱](#)章节。
4. 请使用此分布谱选择要分析的样本。
注意：此处，只有中间视图中的选择是与分析相关的——在实验浏览器中的选择与分析无关。如需更详细信息，请参见[选择样品用于分析或报告](#)一节。
5. 单击右侧的“分布”选项卡底部的“开始分析”按钮启动分布分析。
6. 电泳图下面的“分布分析结果”表中显示出一个样品的结果，“分析”界面中部的“分布”屏幕中显示出所有样品的结果概览表。有关结果结构的描述，请参阅[分布结果](#)章节；有关可用列的描述，请参阅[分布结果列](#)章节。
7. 要保存分布分析的结果，请在“实验浏览器”中单击左侧的。



已完成分布分析的样品。

注意:在分布分析之后,单个电泳图中显示出“分布”谱中定义的关注区段,而且关注区段的边界将不能再移动。

注意:在某些情况下,关注区段的信号在任一点均不超过基线,这表明样品中不存在关注区段。

可以将数据采集过程中的分布分析设为自动进行。对于要进行弥散状DNA分析或gDNA分析的样品,确保已将[大小和浓度测定操作](#)设为自动进行。如需将分布分析也设为自动进行,请将对分布分析参数的任何更改保存到自定义分布谱中。确保这些参数适用于所有样品。然后,修改已创建的[进程配置文件](#)以将针对样品的大小和浓度测定操作设为自动进行。在[进程配置文件](#)步骤中,在“包含”步骤部分中选择“分布分析”选项。如果峰检出功能仍处于活动状态,请立即激活分布分析功能。请参见[激活分布分析功能](#)。在[分布分析](#)步骤中,选择自定义分布谱。更多详细信息,请参阅[进程配置文件选项](#)。保存含有这些设置的进程配置文件以供重复使用。在每一次运行设置中,请确保在“样品选择”步骤中选择alignment marker。

激活分布分析功能

在DNA模式中,峰检出或分布分析功能都可应用于已激活实验的样品。

如需为当前实验激活分布分析功能,从“视图”菜单中选择“激活分布分析功能”。分析结果表代替了峰检出结果表,分布参数面板代替了峰检出参数面板。软件将保持此设置,直到使用峰检出的实验被激活或打开。

注意:如果已在当前实验中执行了峰检出,则不可激活分布分析功能。在这种情况下,首先[移除分析结果](#)。

分布结果

在“分析”环境中，每个样品都可以分布分析的方式单独分析。因此，分布结果概览是以分布谱进行分组的，且每组都以所应用的分析谱的名称进行标记。每个分析谱的结果可单独折叠。

每个分析谱的结果都列出了应用该分析谱的样品。此列表以属于同一个孔板的样品作为一组进行分类。因此在下文截图中，来自另一个孔板的第二组样品，可能会出现在分布谱中可折叠区段内的第二个标题MO_V-1192 R1|E1下。

表格中的每一行对应于一个样品，以“位置”和“样品信息”列标识样品。与整个样品相关的列先出现。此后，根据既定关注区段的名称对列进行分组，并显示多个弥散峰属性。剩下的列随后被根据既定摩尔浓度比率名称分组。

如需更改列出的属性项目，右击表格标题并通过“显示列”选项选择或取消选中属性项目。更改将在整个表格中生效。

注意：如果某个样品并未以弥散状分析谱进行分析，则将不会出现在分布结果概览中。

注意：如果某个样品未以参照marker分析，则将不会计算其分布值。在这种情况下，样品“质量”将被列为“质量差”。

分布结果表可被复制到剪贴板。如需复制某个分布谱的完整结果，在分布结果表中右击并选择“复制[...]的分布结果”选项。

位置	样品信息	Small (Aol1)			Library (Aol2)			Large (Aol3)			Small Total		Large Total			
		总摩尔浓度 (fmol/ul)	质量	摩尔浓度 (fmol/ul)	摩尔浓度 (fmol/ul)	zh:Conc. (fmol/ul)	高度检查	摩尔浓度 (fmol/ul)	zh:Conc. (fmol/ul)	高度检查	摩尔浓度 (fmol/ul)	zh:Conc. (fmol/ul)	高度检查	比率 (摩尔浓度)	比率 (摩尔浓度)	比率 (质量)
A02 V-1192_2		4.14	质量差	1.41	0.10	未分析	0.29	0.94	质量差	0.11	0.03	未分析	0.34	质量差	0.03	质量好
A03 V-1192_3		7.17	质量好	1.10	0.09	未分析	4.96	0.76	质量好	0.36	0.09	未分析	0.15	质量好	0.05	质量好
A04 V-1192_4		12.99	质量好	1.26	0.10	未分析	10.69	1.64	质量好	0.55	0.13	未分析	0.10	质量好	0.04	质量好
A05 V-1192_5		12.43	质量好	1.59	0.12	未分析	9.43	1.44	质量好	0.65	0.17	未分析	0.13	质量好	0.05	质量好
A06 V-1192_6		11.27	质量好	0.47	0.04	未分析	10.28	1.57	质量好	0.23	0.05	未分析	0.04	质量好	0.02	质量好
A07 V-1192_7		14.03	质量好	1.91	0.13	未分析	7.69	1.20	质量好	0.25	0.06	未分析	0.14	质量好	0.02	质量好
A08 V-1192_8		9.40	质量好	0.89	0.07	未分析	7.42	1.13	质量好	0.28	0.07	未分析	0.09	质量好	0.03	质量好
A10 V-1192_10		12.15	质量好	1.15	0.09	未分析	9.60	1.47	质量好	0.39	0.10	未分析	0.09	质量好	0.03	质量好
A12 V-1192_12		12.17	质量好	0.60	0.05	未分析	10.58	1.62	质量好	0.35	0.08	未分析	0.05	质量好	0.03	质量好
B02 SM		n/a	未分析	n/a	n/a	未分析	n/a	n/a	未分析	n/a	n/a	未分析	n/a	未分析	n/a	未分析

B2中size marker分析的分布结果概览。

注意：如果分布谱经过修改但未保存，且随后被用于之前已分析过的样品中的一部分样品，则在同一个分布谱名称下将会列有两个分布结果。要确定采用的分布谱差异，请在左侧“实验浏览器”中右键单击其中的一个样品，然后从右键菜单中选择“转移分布谱”项目。检查右侧“分配”选项卡中的参数。对第二个分布结果对应的样品做同样的处理。

修改分布谱

分布谱规定了DNA文库或基因组DNA的质量标准。分布谱定义出关注区段的起点和终点的大小以及特定关注区段之间的摩尔浓度或浓度比或特定关注区段相对于样品总摩尔浓度或总浓度的比率。

注意：只有角色为“高级用户”的用户才能够修改分布谱。

注意：分布分析仅适用于DNA模式。

如需修改分布谱，请进行如下操作：

1. 在“分析”界面右侧打开“分布”选项卡。
注意：只有在分布功能激活的状态下，“分布”选项卡才可用。有关如何激活分布功能的信息，请参阅[激活分布分析功能](#)。
2. 从“分布谱”下拉框中选择需要修改的分布谱。



选择分布谱

3. 按照下面的说明按需求更改对关注区段的定义和/或比率。
注意：“分布谱”下拉框中该谱的名称之前将出现“*”，表明该谱已被修改。
4. 通过单击“分布谱”下拉框右侧的“另存为...”保存已修改的分布谱。

注意：至少要定义一个关注区段。

注意：通过单击 ▼ 和 ▶ 来分别折叠或展开分布谱部分。

如需添加一个关注区段：

1. 单击“添加”按钮。一个新的空行会出现在表格底部。
2. 在可编辑字段中定义关注区段：

名称	关注区段独有的名称。它将作为分布结果表中的列标题，用以将所有与此区段相关的列归为一组。 注意：区段名称必须是唯一的，最大字符长度为20个字符。总摩尔浓度或总浓度不可以作为关注区段的名称。
起点值 (bp)	以碱基对为单位定义关注区段的起点大小。
终点值 (bp)	以碱基对为单位定义关注区段的终点大小。
检查弥散高度	选择此选项来检查关注区段的信号是否位于以最小高度 (下文)定义的阈值之上。
最小高度 [S/N]	如果“检查弥散高度”选项已选中，则处于启用状态。 将关注区段的阈值定义为噪声水平的倍数，噪声水平来自样品数据评估。 注意：如果未选中“检查弥散高度”，关注区段表格中则显示“f/a”。

注意：关注区段不能重叠。片段大小范围重叠时，起点或终点字段将显示为黄色。然而，一个区段允许以另一个区段的终点作为起点。

注意: 请确保关注区段的片段大小设定位于alignment marker的大小范围内。使用合适的alignment marker或调整关注区段。否则分布分析将失败, 因为所有的关注区段都被假定为位于alignment marker的大小范围之内。对于gDNA分析, 请参阅“默认gDNA分布”谱了解最大片段大小。

例如: 在文库制备反应中使用关注区段来区分需要的 (文库)或不需要的 (小的或大的无用产物)片段, 并对文库使用“检查弥散高度”选项。

3. 单击“OK”向表格中添加的关注区段。

注意: 在表格中, 关注区段以起点大小排序。

注意: 至少要定义一个关注区段。

名称	起点值 [bp]	终点值 [bp]	最小高度 [S/N]
Small (Aol1)	50	170	n/a
Library (Aol2)	170	300	40
Large (Aol3)	300	2000	n/a

名称: Library (Aol2) 检查弥散高度

起点值 [bp]: 170 终点值 [bp]: 300 最小高度 [S/N]: 40

修改一个关注区段

如需删除一个关注区段：

1. 在表格中选择相应的行。
2. 单击“删除”按钮。

注意：如果被删除的关注区段已用于定义一个比率，则该比率将变为无效。请同时也删除该比率。

如需修改一个关注区段：

1. 选择需要修改的关注区段所在的行。
2. 在可编辑字段中修改关注区段的值：
3. 单击“OK”。选定行的值将被更改。

注意：各关注区段按照其在关注区段表中的位置排序。

在QIAxcelScreenGel中，可以定义各项比率，以便评估分布中需要和不需要的片段之间的关系。

如需添加一项比率：

1. 展开比率部分。
2. 确保已选中“比率”选项。
3. 如果在QIAxcelScreenGel中需要将已定义比率评估纳入到总体样品质量中，请选择“检查质量”选项。在这一情况下，您必须输入比率的极限值（见下文）。请选择“显示值”，除非您仅希望在分布结果表中查看比率计算，而无需检查基于比率的质量评估结果。
4. 选择用于定义比率的计算依据。可以选择浓度或摩尔浓度。选中的计算依据将用于所有比率的计算。
5. 单击“添加”按钮。一个新的空行会出现在“比率定义”表格底部。
6. 在可编辑字段中定义比率：

比率名称 该比率独有的名称。它将作为分布结果表中的列标题，用以将所有与此比率相关的列归为一组。

注意：比率名称必须是唯一的，最大字符长度为20个字符。比率和关注区段不可以采用同一个名称。

比率计算对象 通过从下拉框中选择相应的关注区段来定义比率的分子和分母。此外，在分母的下拉框中可根据选取的计算方法选择“总样本”，即“总摩尔浓度”或“总浓度”。

接受范围 只有当“检查质量”被选中时，才会出现这些字段。

在“最小”和“最大”字段中输入最小和最大值。如果比率位于该范围内，样品的比率质量则被认为是“合格”的；如果比率位于该范围外，样品的比率质量则被认为是“待审”的。

示例：选择“检查质量”和“计算依据：浓度”并为不需要的片段区域定义相对于总样品的比率，然后输入接受范围的低限值。

通常，找出特定类型样品的接受范围是一个反复的过程。如果找到了适用于您的样品的值，请将更改保存到这个分布谱或[新分布谱](#)以供重复使用。如果比率质量经常被评估为“待审”，但样品对于下游应用来说足够好，请考虑扩大接受范围或在~~不检查~~比率质量的情况下继续进行下游应用。

7. 单击“OK”向列表中添加新比率。

注意：比率在列表中的顺序与在分布结果表中的顺序相同。

注意：太长的比率名称或范围值可能无法完全显示在列表中。将鼠标悬停在不全的名称或值上，会出现一个提示工具，显示出完整的名称或值。

▼ 比率

比率

检查质量 显示值

Select calculation basis

Molarity

比率定义

Small_Total

$0 \leq \frac{\text{Small (Aol1)}}{\text{总样本}} \leq 0.3$

Large_Total

$0 \leq \frac{\text{Large (Aol3)}}{\text{总样本}} \leq 0.2$

添加 删除

比率名称

Large_Total

计算比率 接受范围

Large (Aol3) 最小值

总样本 最大值

0 0.2

OK 取消

修改比率

如需删除比率：

1. 在列表中选择比率行。
2. 单击“删除”按钮并批准确认消息。
3. 如果删除了最后一个比率，请取消选择“比率”部分顶部的“比率”选项。

如需修改比率：

1. 选择需要修改的比率所在的行。
2. 在可编辑字段中修改比率的值。
3. 单击“OK”。选定行的值将被更改。

注意：比率在列表中的顺序与在分布结果表中的顺序相同。

创建一个分布谱

注意:如需创建一个分布谱,则必须激活分布分析功能。关于如何激活分布分析功能的信息请参考[激活分布谱功能](#)。

创建一个新的分布谱:

1. 在“分析”环境右侧打开“分布”选项卡。
2. 从“分布谱”下拉框中选择一个分布谱。将选中的分布谱作为创建新分布谱的模板。或者选择“新分布谱”以一个空谱进行创建。
3. 根据需要定义分布谱。详情请参考[修改分布谱](#)。
4. 通过单击“分布谱”下拉框右侧的“另存为...”保存新的分布谱。输入一个具唯一性的分布谱名称并单击“OK”。

注意:只有被指定为“高级用户”的用户才能创建新分布谱。

移除分布结果

如需移除一个或多个样品的分布分析结果:

1. 在“实验浏览器”中选择样品。有关如何选择多个样品的信息请参考章节[选择样品](#)。
2. 右击选择,从关联菜单中选择“移除分布分析数据”。

这些样本的分布分析结果已从分布结果表中删除。样品的电泳图已更新,因为关注区段不再由分布谱定义。

在此实验浏览器中,样品将仍以“已分析”的形式出现。

RNA 样品分析

本章节介绍了如何分析RNA样品，区分介绍了两种不同类型的分析：大小和浓度测定以及RNA质量控制。如需进行这两种类型的分析，请执行以下步骤。按照所需分析类型对应的说明进行操作。

1. 如果尚未选择RNA模式，请切换到RNA模式。请检查软件屏幕右下角的当前模式。如果所选的模式并非RNA模式，请从应用程序菜单栏中选择“文件/注销”以便先注销，然后再选择RNA模式登录。详细信息，请参阅[用户验证](#)章节。
注意：只有角色为“高级用户”的用户才可以修改和保存分析谱参数。角色为“基本用户”的用户可以选择更适合其样品类型的分析谱。
2. 通过选择主工具栏中的“分析”图标转换到分析界面。
3. 如果要分析的样品尚未在左侧的“实验浏览器”中列出，请从实验浏览器的工具栏中选择“加载实验”图标。如果样品已列出，但未激活（呈灰色），请右键单击其实验名称并选择“激活”。如需详细信息，请参阅[加载样品数据](#)或[激活实验](#)章节。
4. 如需测定RNA分子的大小和浓度，或如需对带有size marker的RNA进行质量控制，请按照[大小和浓度测定操作](#)说明进行操作。如需对不含size marker的RNA样品进行质量控制，请按照[峰检测操作](#)说明进行操作。
关于这两项操作，请参阅[标准RNA分析](#)章节，以了解针对您的样品应该以哪个分析谱作为起点以及应该采用哪些分析参数。
如果样品在数据采集过程中由于出现了错误信息未被分析，或样品结果不符合预期，也请遵照[大小和浓度测定操作](#)或[峰检测操作](#)进行操作。在这种情况下，请按照该操作逐步对分析进行检查，并根据需要进行更正。请按照说明对已用于该样品的分析参数进行重新利用。
5. 如需对含有或不含有size marker的RNA样品进行质量控制，请执行峰检出。按照[峰检出](#)章节中的说明进行操作。如需了解应该采用哪个峰检出指令作为起点，请参阅[RNA质控分析](#)章节。

该结果表格总结出由QIaxcelScreenGel软件计算的检出峰的所有属性。右键单击表格的标题行，选择“显示列”，然后选择您感兴趣的属性。或者，右键单击表格的标题行并选择“显示所有列”。这一功能可以显示出由QIaxcelScreenGel计算出的所有属性。更多信息，请参阅[结果表](#)并分别参阅[标准RNA分析](#)和[RNA质控分析](#)。

标准RNA分析

在[大小和浓度确定步骤](#)或[峰检测步骤](#)期间，选择默认RNA分析谱作为起点。

[单峰图视图](#)最适合用于检查峰检测。确保在图上的峰顶点处为所有alignment marker峰之后的峰显示一个红色“#”号。否则，请单击峰图工具栏的图像选项按钮，并选择标记峰顶点和使用标签选项，同时选定大小[nt]。单击“OK”关闭对话框。要切换显示在峰图中的样品，请单击左侧实验浏览器中的下一个样品。

峰属性显示在电泳图下方的“峰结果”表中。如需更详细的信息，请参阅[结果表格](#)一节。[大小和浓度确定步骤](#)完成后，已分析样品的单峰图视图将在对应峰顶点上方以核苷酸显示检测到的RNA分子的大小。可在峰结果表格中查看正确的浓度。如果默认情况下未显示浓度，请右键单击表格的标题行，选择显示列，然后选择浓度列，该列以ng/μl为单位显示浓度。

确保峰检测功能按预期正常运行。首先，正确的峰必须标记为 alignment marker 峰（使用绿色“*”标记），因为这是所有其他分析功能的基础。否则，应在分析环境右侧的分析参数面板中调整分析参数。要执行此操作，请打开分析参数部分，然后打开参数部分。有关如何更改下述参数的详情，请参阅 [修改分析谱](#) 章节。

注意：单击 ▼ 和 ► 可折叠和扩展“分析参数”的各个部分。



RNA 分析的分析谱。

- 如果第一个检测到的峰不是alignment marker峰,则首先需要增大alignment marker阈值Alignment marker阈值。单击字段并更改值。
如果这不足以解决问题,请使用暂停整合参数。要执行此操作,请单击参数列表下方的添加按钮,并从定义参数下拉列表中选择暂停整合。从结束以使用绝对时间单位旁的下拉列表中选择绝对。将起点定义为0分钟。将该参数的终点设为alignment marker峰出现前不久(例如,如果第一个alignment marker峰出现在2.5分钟,则将终点设置为2分钟)。单击确定按钮确认该设置。
- 如果分析谱过于灵敏而将噪音检测为峰,请增加阈值(例如,从2 S/N增加到5 S/N)。单击该参数行并在参数列表下方的编辑区域内增加值字段的值,然后单击确定进行确认。
- 如果基线贴着28S峰,请在约为迁移时间最后三分之一的时段内增大基线过滤器视窗值。要向基线过滤器参数添加第二个时段,请单击参数列表下方的添加按钮,并从定义参数下拉列表中选择基线过滤器。然后设置开始和视窗大小,例如将开始设置为6分钟,将视窗大小设置为80秒。单击确定按钮确认该设置。

再次单击“开始分析”按钮,根据此修改后的分析谱启动新的分析。

在某些情况下,可能需要对分析谱进行反复修改。如果使用修改后的分析谱执行的峰检测功能达到预期效果,请保存此分析谱,并尝试在今后使用这个新的分析谱替代默认RNA分析谱进行RNA分析。

RNA 质控分析

本节提供了检测RNA分子完整性的说明。在有或无size marker的条件下都可执行RNA完整性检查。两种情况如下所述。

如果参数面板尚未打开,请通过单击出现在右侧的图标将其打开:



在有size marker的条件下执行RNA的质量控制

1. 确保按[标准RNA分析](#)一节所述使用分析谱参数执行了[大小和浓度确定步骤](#)。
2. 切换至参数面板的峰检出选项卡,选择一个预设的峰检出指令:“默认RNAQC”、“默认原核生物RNA”或“默认大鼠_小鼠_人类RNA”。
3. 要确定RNA完整性,选择RNA完整度得分选项,并选择18S峰。要确定一个样品中28S与18S的比率,请选择标准化面积比率选项,并选择28S和18S峰。对于原核生物RNA,请分别选择23S和16S峰。关于如何定义峰检出指令的详细信息,请参阅[修改峰检出指令](#)。

分析 报告 峰检出 参数

峰检出指令

*默认RNA QC ▾ 另存为 ...

▼ 感兴趣的峰

包含Size Marker样品

查找间隔中的居中峰

查找间隔中的最高峰

名称	位置	容差[%]
18 S	1869 nt	3.00
28 S	5025 nt	4.00

添加 删除

名称

位置 大小 ▾ 容差 %

OK 取消

▼ 计算的列

总浓度 (“总浓度”)

RNA完整度得分 (“RIS”)

参考峰 18 S ▾

标准化面积比率 (“比率”)

28 S ▾

比率 18 S ▾

相对丰度

RNA质控的峰检出指令。

4. 在凝胶图概览中，选择全部样品。
5. 单击出现在右侧的峰检出选项卡底部的开始峰检出按钮。

- 在峰检出结果概览中查看峰检出结果。



此表格中的每一行代表一个样品的峰检出结果。RNA 完整性得分在 **RIS** 列中给出。28S 与 18S 的比率在比率列中给出。此外，RNA 的总浓度在总 RNA 浓度列中给出。另外，无论 18S 和 28S 峰是否得到检出，软件都会基于峰检出指令所指定的标准，在表格中列出相应条目。关于峰检出结果表格的详细信息，请参阅[峰检出](#)。

在没有 size marker 的条件下执行 RNA 的质量控制

- 确保按[标准 RNA 分析](#)一节所述使用分析谱参数执行了[峰检测步骤](#)。
- 切换至参数面板的峰检出选项卡，选择一个预设的峰检出指令：默认 RNA QC”、默认原核生物 RNA”或默认大鼠_小鼠_人类 RNA”。
- 由于分析是在没有参照 marker 的条件下执行的，请调整峰检出指令，以根据相对迁移时间而非大小来搜索峰。单击 18S 峰所在的行，并在下方参数区域更新位置标准。为位置值设置为所选 RNA 样品 18S 峰的结果表中显示的相对迁移时间的平均值，并在下拉列表中将单位从大小更改为相对时间。单击确定按钮确认此设置。如果样品之间的相对迁移时间有差别，请调整容差参数。对 28S 峰执行相同的调整。对于原核生物 RNA，请分别更改 23S 和 16S 峰。关于如何定义峰检出指令的详细信息，请参阅[修改峰检出指令](#)一节。
- 要确定 RNA 完整性，选择 RNA 完整度得分选项，并选择 18S 峰。要确定一个样品中 28S 与 18S 的比率，请选择标准化面积比率选项，并选择 28S 和 18S 峰。
- 在凝胶图概览中，选择全部样品。
- 单击出现在右侧的峰检出”选项卡底部的开始峰检出按钮。
- 在峰检出结果概览中查看峰检出结果。



此表格中的每一行代表一个样品的峰检出结果。RNA 完整性得分在 **RIS** 列中给出。28S 与 18S 的比率在比率列中给出。此外，RNA 的总浓度在总 RNA 浓度列中给出。另外，无论 18S 和 28S 峰是否得到检出，软件都会基于峰检出指令所指定的标准，在表格中列出相应条目。关于峰检出结果表格的详细信息，请参阅[峰检出](#)一节。

手动修改分析结果

QIAxcel ScreenGel 软件算法能够全自动分析数据。用户只能通过分析参数影响自动分析。

在分析之后，用户可手动修改结果。

修改阈值

在单个峰图中，通过鼠标移动阈值线可以交互式更改阈值参数。此时，软件会应用样品参数的分析参数和新的阈值对样品进行分析。

删除峰

在“单峰图视图”下才可以删除峰。

要删除一个峰请按照下列步骤操作：

1. 切换到“单峰图视图”。
2. 右击峰图中峰的顶部，并在右键菜单中选择“删除所选的峰”，该峰将被删除。

要删除多个峰，请按照下列步骤操作：

1. 切换到“单峰图视图”。
2. 使用 **Ctrl** 键+左键单击想要删除的峰的顶部。
3. 在峰图中右键单击，并在弹出的关联菜单中选择“删除所选的峰”。这些峰将会被删去。

注意：在新分析之后，已被删除的峰可能会被再次检测到，这取决于分析参数。重复以上步骤可再次删除它们。

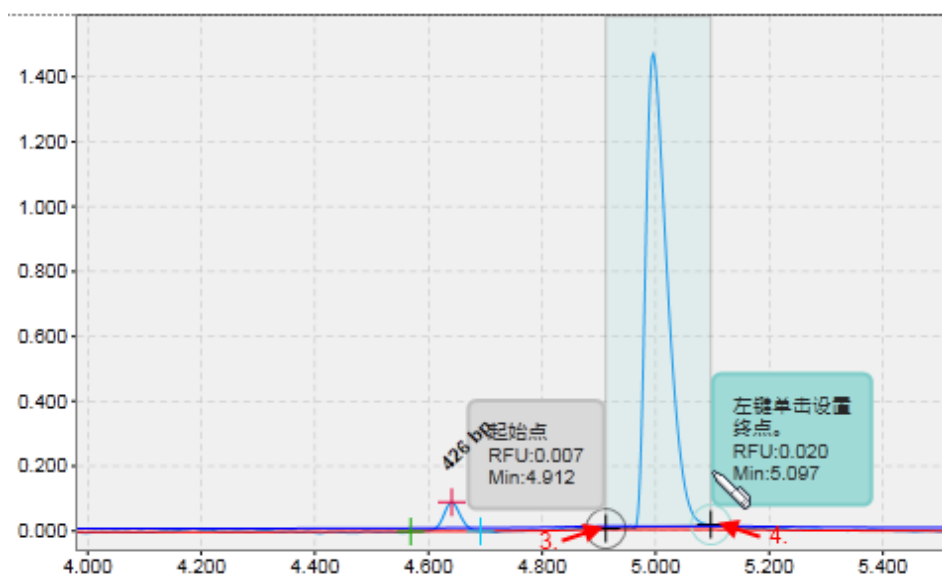
注意：峰只能由“Basic User (基本用户)”和“Advanced User (高级用户)”来删除。

添加峰

只能在“单峰图视图”中添加峰。

如果要添加峰过程如下：

1. 切换到“单峰图视图”。
2. 右击峰图，在右键菜单中选择“插入峰”。
3. 标记出现，其信号随鼠标移动而移动。将标记移至待添加峰的左边界。左击设定左边界。
4. 相应地，左击设定待添加峰的右边界。如果可在标记区域内找到峰，则该峰也被添加到结果表格中，视图更新。



指定峰区域。

注意:只有当相应区域内的信号高于alignment marker 阈值时才可以在较小的alignment marker 前或较大的alignment marker 后增加一个峰。

注意:如果样品是用弥散状分析谱分析的,可以按照如前所述的运行方式添加新的弥散峰。新插入的峰不可与其他峰的关注区段相重叠。

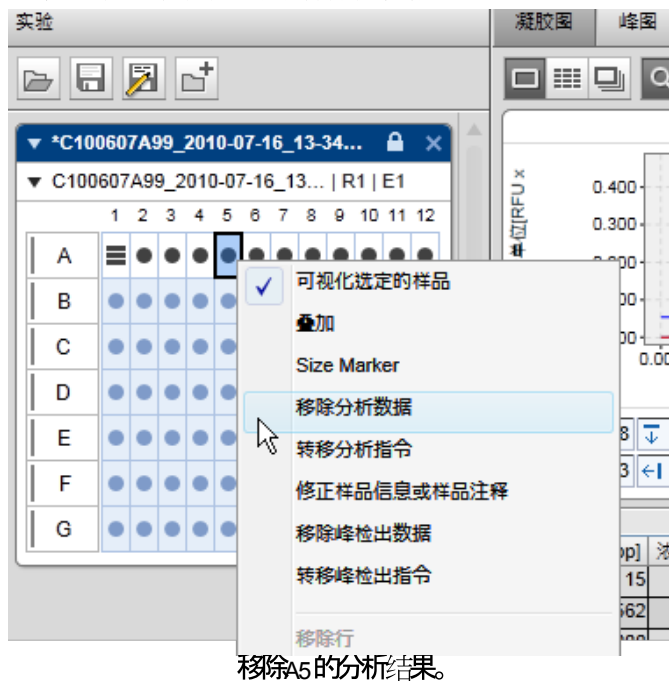
注意:峰只能由 Basic User (基本用户)和 Advanced User (高级用户)来添加。

移除分析结果

从样品中移除分析结果的操作只能通过“实验浏览器”来完成。

从样品中移除分析结果：

1. 在“实验浏览器”中选择该样品。请参考[选择样品](#)章节，以获得关于如何选择多个样品的相关信息。
2. 右键单击所选项，并在弹出的关联菜单中选择“移除分析数据”。



这些样品的结果表格将变为空白。凝胶图视图和峰图视图中的样品图示都将被更新；全部峰注释内容以及基线和阈值线都会消失。

如果在样品上执行过峰检出或分布分析，这些样品的峰检出或分布分析结果表也会变为空，且样品会被从峰检出或分布概览表中移除。

注意：如需还原峰检出或分布分析结果，以分析谱和参照marker重新分析样品，并重复峰检出或分布分析。

如需关于如何单独移除峰检出结果或分布分析结果的信息，请参考章节[峰检出](#)和[移除分布结果](#)。

注意：只有分配为“Basic User (基本用户)”和“Advanced User (高级用户)”的用户才能够移除分析结果。

检查 alignment marker

如需检查一个样品的alignment marker

1. 在“实验浏览器”中选择该样品。
2. 在“分析”环境的右侧的“分析指令”面板中浏览样品参数。请参考[查看样品参数](#)部分以获得关于如何查看参数的详细信息。

3. 检查样品的alignment marker是否正确。

如果不正确，孔板的alignment marker可以修改。在“实验浏览器”中右键单击孔板名称。选择关联菜单中的“更改alignment marker”选项。在弹出的“更改Marker”对话框中选择正确的alignment marker，并点击“OK”进行确认。

注意：一旦从一个对齐模式切换至另一个（比如两个alignment marker峰变成一个alignment marker峰），孔板的分析数据即会被移除，此时须重新分析样品。

注意：为了确保分析的兼容性，参照Marker下拉菜单中仅包含了兼容所选样品alignment marker的参照Marker表（和样品alignment marker相同）。

修改关注区段

在单峰图视图中，如果使用弥散状分析谱分析样品，并检出了至少一个弥散峰，则针对每一个峰的关注区段边界都可实现交互式更改。为此，请使用鼠标单击区域边界的粉红色垂直线并将其拖动到所需位置。这些线可以独立于任何峰起点或终点移动。

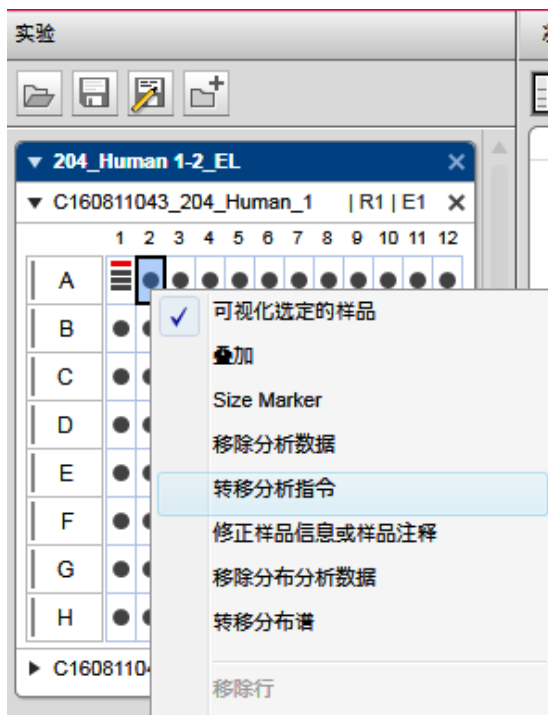
注意：关注区段不能重叠。因此，不能将垂直的粉色线拖进另一个峰的关注区段。

移动边界之后，给定关注区段的对应属性将会使用新定义的边界进行重新计算。

重复利用已使用的分析参数

可以重复利用已分析样品的分析参数。

1. 在“实验浏览器”中，右键单击样品。



2. 选择以下选项之一，将用于样品分析的参数转移至“分析”界面右侧的工具栏中。如果右侧的工具栏没有显示，请点击以下图标打开它：



转移分析指令

该选项仅在样品分析完成后才可用。

用于 [峰检测](#) 的分析谱及其参数和用于 [大小和浓度测定](#) 的参照marker (如果样品中含有的话) 表将被转移到工具栏的“分析”选项卡中。

转移峰检出指令

该选项仅在对该样品执行过峰检出后才可用。

对该样品进行 [峰检出](#) 所用的峰检出指令将被转移到工具栏的“峰检出”选项卡中。

转移分布谱

仅适用于DNA模式。该选项仅在对该样品执行过分布分析后才可用。

对该样品进行 [分布分析](#) 所用的分布分析谱将被转移到工具栏的“分布”选项卡中。

注意: 不能在同一个实验中执行峰检出和分布分析。因此, 针对一个样品只能应用峰检出指令和分布谱这两者中的一个, 绝不能两者同时应用。


注意: 只有角色为“高级用户”的用户才可以使用这些选项。但是, 样品所用的参数也可以在 [属性](#)”选项卡中查看。

重新分析多个实验

无需单独手动打开每个实验, QIAxcel ScreenGel 可以同一种分析方式一次分析多个实验。

本章描述了如何执行实验的批量处理。

请按照下列步骤执行实验的批量处理操作:

1. 在分析环境的“文件”菜单中, 选择“批量实验处理中...”。此时将弹出“批量处理”对话框。
2. 在对话框的顶端, 选择包含需分析实验文件的目录。单击 , 在弹出的对话框中, 浏览并高亮显示选择相应目录。单击OK。该目录会出现在在上方的文本域中, 其中所包含的实验文件也将在下方的文本域中列出。
3. 使用地址路径下方的单选按钮, 来指定是否处理本目录及其子目录中的全部实验文件, 或仅处理选定的实验文件。如果选择了第二项, 则需选择要处理的实验。使用“Shift”或“Ctrl”选择多个实验。使用“Ctrl”+“A”键选择所有条目。
4. 为所选实验选择希望应用的谱。
如需对实验执行全新的分析, 请从下拉列表中选择相应的分析谱。关于分析样品的更多详情, 请参见 [峰检测](#)。关于如何定义一个全新分析谱的详细信息, 请参考 [修改分析谱](#)。如未选择分析谱, 将不会执行新的峰检测操作。

如需在实验分析中应用一个参照Marker, 请从下拉列表中选择相应的参照Marker。关于应用一个参照Marker的详情, 请参见 [大小和浓度确定](#)。关于如何定义一个全新参照Marker的详细信息, 请参考 [创建一个参照Marker](#)。仅可在分析过程中应用一个参照Marker。因此, 如果选定了参照Marker, 则只有同时选定分析谱, 才能启动批量处理操作。

注意: 请确保选定的全部实验都使用了相同的alignment marker。否则, 将无法对某些实验应用参照Marker。

如需对实验执行全新的峰检出, 请从下拉列表中选择相应的峰检出指令。关于峰检出的详细信息, 请参见 [峰检出](#)。关于如何定义一个全新峰检出指令的详细信息, 请参见 [创建一个新峰检出指令](#)。如未选择峰检出指令, 将不会执行新的峰检出操作。

如需将批量处理结果保存在报告中, 请在下拉列表中选择相应的报告/导出谱。相应的报告/导出结果将写入默认的报告/导出保存目录路径中。关于报告和导出功能的详细信息, 请参见 [报告/导出](#)。关于如何定义一个全新报告谱的详细信息, 请参考 [修改报告/导出谱](#)。如未选定报告谱, 则不会创建报告。

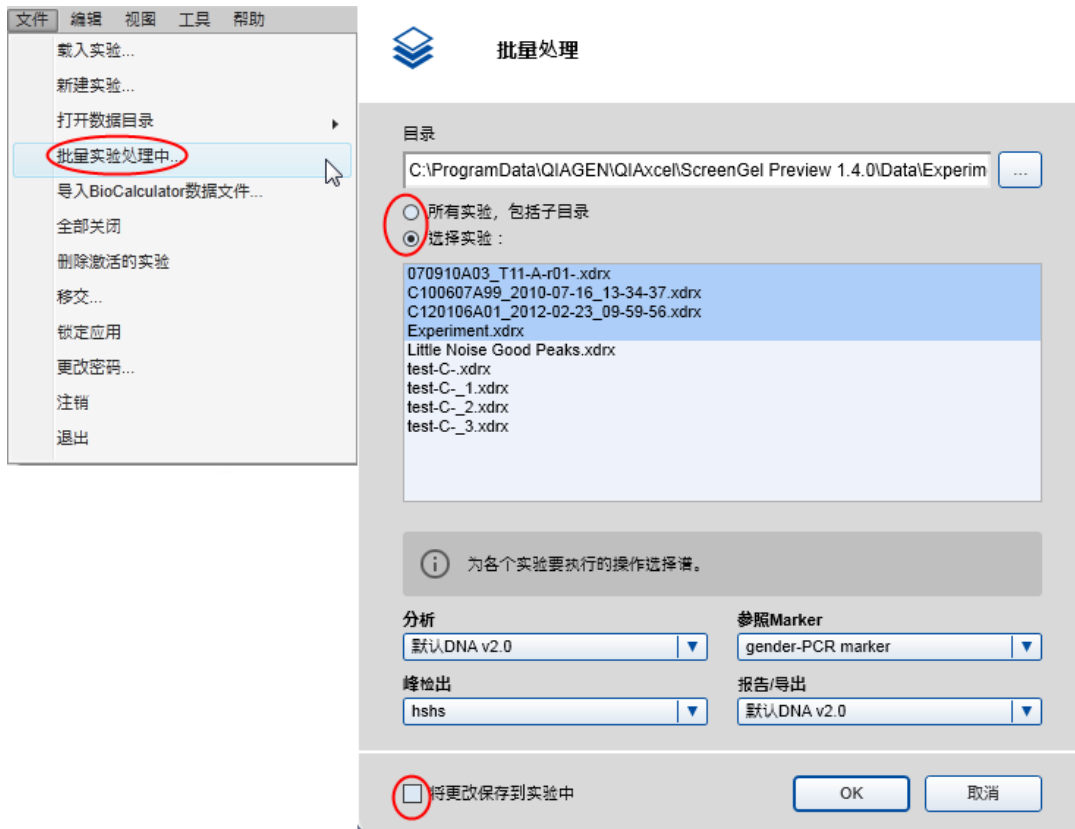
注意: 如果在报告/导出谱中选定了“使用显示的图像”选项, 该谱将不会列于“报告/导出谱”下拉列表中。因为本选项不适用于批量处理操作。

5. 如允许原先处理的实验结果被批量处理结果覆盖, 请确认对话框底部的复选框。

注意: 一旦被批量处理结果覆盖, 之前处理实验中的数据可能会丢失。

注意: 如果在 Q AxcelScreenGel 软件中打开了一个需要处理的实验, 将更改保存到实验中”选项被选中, 批量处理的结果将不会写入这个打开的实验当中。在确认此选项时, 请保证所有可能受批量处理影响的实验都已关闭。

注意: 如果在操作过程中遇到问题, 则会在结尾处弹出警告信息, 并列出发生的任何问题 (比如: 分析参数不适用于数据)。



使用大小确定和峰检出操作 对四个实验进行分析和报告。

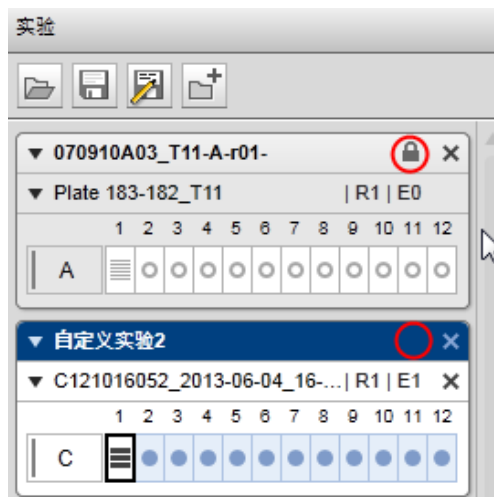
定制实验

每个运行进程都会自动创建实验。此外，用户还可创建和修改实验。这使用户可以比较源自不同实验，甚至不同运行进程的样品。

注意：创建和修改定制实验需要 **Advanced User**（高级用户）角色的用户来实施。

定制实验可包含单个或一组行或孔板。不过，在实验当中，所有的行都将以孔板的形式保持分组。每当一行或一个孔板被加入定制的新建实验，您获得的都是它的一份拷贝。这意味着包含行/孔板信息的原始实验不会受到目的实验（定制的新建实验）里所有改动的影响。

注意：您仅能修改定制实验的结构。运行进程自动生成的实验的结果结构无法被修改（参见下方的图示）。




标有锁符号的运行结果。定制实验未被标记。

关于操作实验和“实验浏览器”的常规信息，请参见 [操作样品和实验](#) 的相关章节。

创建一个新实验

需要创建一个新的自定义实验时，请：

1. 点击“实验浏览器”上方的 。
2. 在弹出的对话框输入栏内为新实验输入一个唯一的名称，并单击“OK”。
重要：实验名称之后将无法更改。
3. 本操作将创建一个全新的空白实验，其将在“实验浏览器”作为最后一个实验显示在最底部。
如果新的实验位于视野外，请使用“实验浏览器”中的滚动条进行浏览。新的实验将自动激活。如果之前激活的实验发生了改动，系统将询问您是否保存这一更改。如需关于激活和失活实验的更多信息，请参见 [激活实验](#) 章节。

请参考 [修改一个实验](#) 章节，以获得如何为新实验收集样品的更多相关信息。

注意：相较于通过运行进程自动生成的实验，此实验的结构可随时进行调整。

注意：新实验只能由“Advanced User（高级用户）”身份的用户进行创建。

修改一个实验

如需修改一个自定义实验（定制实验），请确保其处于激活状态。如需了解关于激活和失活实验的更多信息，请参见 [激活实验](#) 的相关章节。

注意：只有自定义实验的结构可以被编辑。运行进程自动生成的实验的结果结构无法被编辑，因此下列关联菜单项会处于失活状态。

修改一个实验：

1. 加载包含样品的源实验文件。如需了解关于加载的进一步详情，请参见 [加载样品数据](#) 的相关章节。
2. 创建或激活一个可在“实验浏览器”中进行自定义的实验。

3. 展开源实验以显示目标孔板和行。实验可在非激活状态下展开。如需关于展开的更多详情，请参见 [展开和折叠](#) 章节。
4. 按需修改实验：

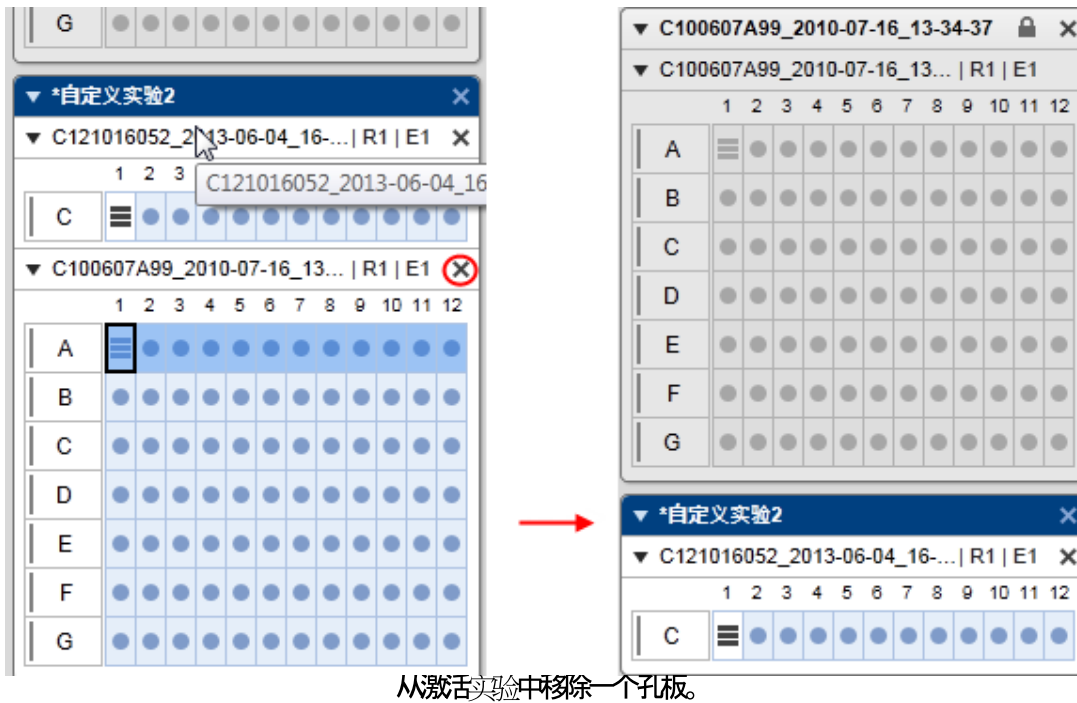
- 如需向激活的实验中添加一个孔板，右键单击要添加的孔板并选择“将孔板复制到已激活的实验”关联菜单项。软件将创建孔板的拷贝并加入到激活实验的底部。



向激活的实验中添加孔板。

注意：该孔板被拷贝到已激活实验中，其源文件没有发生变化，所有在激活实验中对孔板拷贝的修改都不会影响其源文件。

- 如需从激活实验中移除一个孔板，单击该孔板的“关闭”按钮。该板将从实验中消失。



注意：该孔板拷贝只是从已激活实验中被移除，其源文件没有发生变化。

- 添加行与添加孔板的操作类似。将鼠标指针置于需要加入激活实验的行的上方，右键单击选择菜单中的“复制到已激活的实验”选项。
 为了保存行的关联信息，软件将在激活实验中创建和添加一个包含所选行的拷贝的孔板拷贝。如果您需要从相同的孔板向激活实验添加另一行，则软件将在激活实验内部创建该行的拷贝，并添加至该孔板的拷贝中。
 用户可通过相似的方式添加同一孔板的多个行，在选取过程中按住 **Shift** 或 **Ctrl** 键即可实现此项操作。

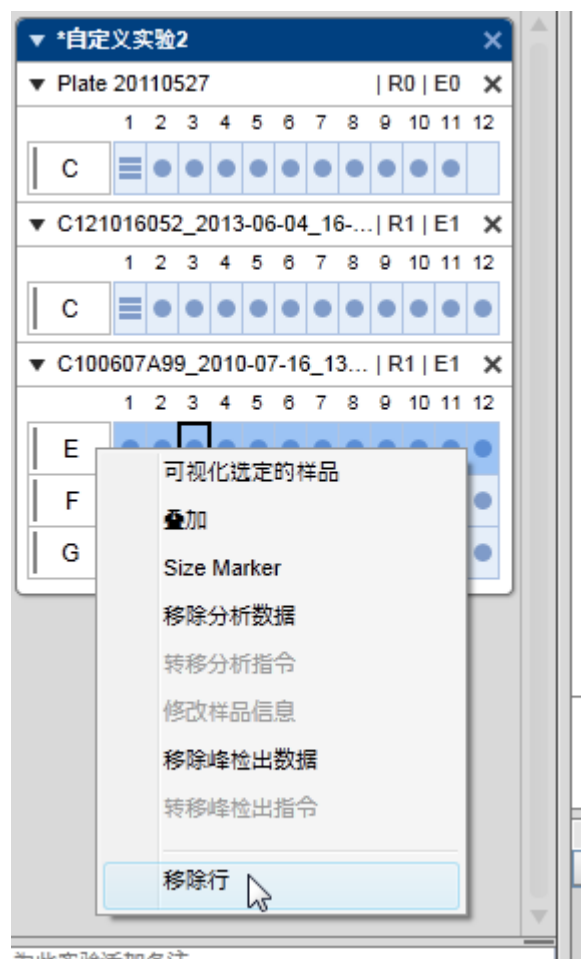


向激活实验中添加一个行。

注意: 在一个实验中一个行只能放置一次。

注意: 无法向激活实验中添加单一样品。用户需先添加完整的行, 之后仅可视化所需的样品即可。

- 如需从激活实验中移除一行, 右键单击行字母, 并从关联菜单中选择“移除行”选项。该行将从激活实验中被移除。如果该孔板仅包含一行, 您将无法删除该行; 不过, 您可以移除整个孔板。



从自定义实验中移除一行。

报告/导出

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

为了方便的重复使用,相应的报告和导出配置可一起保存在报告/导出谱中。因此,将报告/导出谱整合到运行谱中,可形成一个完全自动化的运行进程。

您可以单独指定报告和导出中应包含哪些信息。报告和导出的格式和内容可自定义,以满足您的要求。

每个报告包含两个主要部分:

- “总览”包含所有样品的信息,如凝胶图总览
- “样品详细信息”,包含每个样品的详细信息

在“样品详细信息”部分,报告了每个样品的相关信息,而每个样品分成以下小节

- 样品
- 样品图像
- 结果表格
- 运行
- 分析
- 参照Marker表

样品的顺序与视图中相同。

关于自定义报告和导出的详细信息,请参阅 [修改报告/导出谱](#) 章节。

生成一份报告

在“分析”环境下手动生成一份报告的基本过程如下:

1. 利用“实验浏览器”加载样品。
关于加载样品数据的详细信息,请参阅[加载样品数据](#) 章节。
2. 在报告之前查看样品。
关于数据查看的详细信息,请参阅[查看样品数据](#) 章节。
“凝胶图视图”或“峰图概览”在此步骤中特别有用。
3. 选择您想要生成报告的样品。
更多关于选择样品的详细介绍,请参见[选择样品用于分析或报告](#)
4. 选择报告设置并开始报告。
在分析环境的右侧,报告工具栏可见。

如“分析”不可见,您可使用“视图”菜单“选择菜单项“视图”/显示分析参数”),或通过点击视图选择栏最右侧的图标,将其显示出来。



选择工具栏的“报告”标签页:

选择一个预设的报告/导出谱。选定谱的报告设置将显示在下拉列表下方。关于详细信息,请参阅[报告选项](#) 章节。

请确保在 **PDF** 或 **RTF** 这两种报告格式中至少选择了一种。此外，同时保证至少选择了一个选项（“总览”或“样品详细信息”）。如未进行上述选定，则需选择其他预设的报告/导出谱。（**Advanced User** 高级用户）或 **Basic User**（基本用户）这两种用户角色可以按照他们的意愿修改设置。）

指定报告文件的保存目录 参考章节 [修改一个报告/导出谱](#) 以了解如何指定报告存放目录的详细信息）。

在 **报告** 标签页的底部点击 **开始报告/导出** 按钮以开始生成报告。

注意：如果视图中未选择任何样品，则按钮 **开始报告/导出** 不可用。参见步骤3）。

报告文件将自动生成，并保存在指定的目录。

如果您选择了 **打印报告** 选项，报告将在默认的打印机上打印。

注意：请确保您在您的系统指定了默认的打印机。

5. 查看报告文件。

如果您选择了 **显示报告** 和 **PDF** 选项，则生成的报告将用默认的PDF 阅读器自动打开。

报告选项

报告/导出设置分成两组：

- “报告选项”包含报告的设置
- “导出选项”包含导出的设置

注意：您可以点击组名称左侧的 ▼ 和 ▶，折叠和展开每个组。

“报告选项”

▼ 报告选项

目录

\\ScreenGel Preview 1.4.0\Data\Report

保存到原始实验目录

格式

PDF RTF

选项

显示报告 打印报告


使用显示的图像

总览

样品详细信息

“报告选项”。

选项如下所述。

目录	单击  选择您想要存储所生成的报告文件的目录。在随后出现的对话框中，选择正确的目录，然后单击“OK”。
保存到原始实验目录	勾选此选项，会将报告与实验保存在同一目录下。如果勾选了此选项，在“目录”内所选的任何路径均将被忽略。
PDF	PDF 格式的文件将生成。
RTF	RTF 格式的文件将生成。你可以同时选择PDF和RTF两种格式。
显示报告	如果您选择了此选项，并选择了“PDF”格式选项，那么生成的报告将用默认的PDF阅读器自动打开。
打印报告	如果您选择了此选项，生成的报告文件将自动发送至默认的打印机。 注意 确保您的系统有默认的打印机。
使用显示的图像	使用该选项获得与在QIAxcel ScreenGel软件视图所显示的图像在对齐、刻度、标签、缩放等方面相似的图片。 注意 该选项仅在分析环境下可用，在运行谱中不可用。
总览	该报告包含一个总览部分。
样品详细信息	该报告包含一个样品详细信息部分。

注意: 如果复选框中的“PDF”或“RTF”被选中了一个，只有在“总览”或“样品详细信息”也选中至少一个时，报告/导出谱才可用。

总览部分

如果选中“总览”选项，在报告的总览部分会自动包括以下信息：

报告日期	报告生成的日期和时间
实验名称	样品数据所属的实验名称
卡夹ID	处理样品所用卡夹的ID
卡夹过期状态	如果卡夹超过有效期，该信息会自动显示。
校准状态	运行时卡夹的校准状态
仪器ID	用于运行样品的仪器序列号。
数据采集状态	仅出现在 不完整的实验 中。 它给出计划运行的和实际上执行运行了的运行轮次信息（如8个运行里4个是成功执行了的）。
已损坏实验的接受人	仅当用户接受了一个不完整的实验时。 接受该实验的用户名。
已损坏实验的接受日期	仅当用户接受了一个不完整的实验时。 实验被接受的日期和时间。

选择您希望在总览部分包含选项信息：

总览

- 实验孔板备注
- 报告人
- 实验路径
- 批次信息
- 峰检出结果表
- 总结果表
- 弥散状结果总表
- 凝胶图总览
- 峰图总览图
- 峰图叠加视图

可选的总览信息。

总览

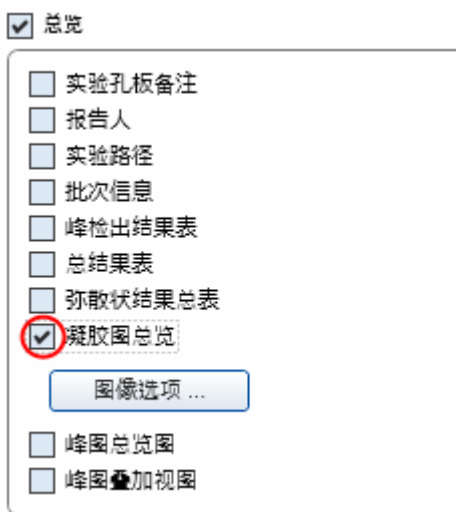
- 实验孔板备注
- 报告人
- 实验路径
- 批次信息
- 峰检出结果表

结果表中的列	
<input checked="" type="checkbox"/>	样品信息
<input checked="" type="checkbox"/>	检出
<input type="checkbox"/>	大小
<input type="checkbox"/>	浓度
<input type="checkbox"/>	摩尔浓度

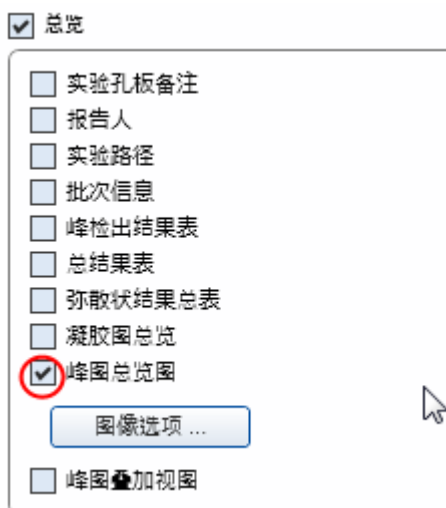
计算的列（如果存在）

峰检出指令表

“峰检出结果表”专用选项



“凝胶图总览”专用选项



“峰图总览图”专用选项

可选项如下所述。

注意:如果选择的结果表选项中无结果表列被选中,则勾选框被标记为黄色,报告/导出谱无效。

实验孔板备注	实验孔板备注
报告人	生成报告/导出的用户ID
实验路径	实验所存储的路径。
样品列表	孔板中的所有样品均被列出了位置、样品信息和注释。如果实验中包含来自不同孔板的样品,则每块孔板有一个样品列表。
批号信息	包含所输入的批号编码。
分布分析结果表	在DNA模式中为分布谱使用此选项,以纳入分布谱结果概览表。表格中的每一行代表一个样品。 注意:仅在分布分析功能激活的状态下此选项才可用。 要选择的其它选项为:
显示谱参数	包含应用于样品的分布谱参数。
样品信息	包含“样品信息”列。
总浓度	包含样品的“总浓度”列。
总摩尔浓度	包含样品的“总摩尔浓度”列。
样品质量	包含“样品质量”列。这是样品的整体质量评估,在分布分析中生成。
区段浓度	包含每个关注区段的“浓度”列。
区段摩尔浓度	包含每个关注区段的“摩尔浓度”列。

区段高度	包含每个关注区段的“高度”列。
区段高度检查	包含每个关注区段的“高度检查”列。这是关注区段高度的质量评估。
比率	为每个预定义的比率添加一个“比率”列根据所选的计算方法, 该列将显示摩尔浓度或浓度比值。
比率质量	为每个预定义的比率添加一个“比率质量”列这是对比率质量的评估。

注意: 如果报告中包含太多的关注区段或比率条目, 表格会在两个关注区段或比率间被拆分。样品信息、总浓度、总摩尔浓度和样品质量列只会出现在第一个表格中。剩下的表格其标题处以“续”标记。

注意: 如果样品被用其他的分布谱分析, 将根据不同分布谱生成不同表格, 并且, 如果来自不同孔板的样本都被选择了, 每个孔板会各自生成表格。

注意: 报告中值为“待审”的单元格将被突出显示。

峰检出结果表

包含峰检出结果总览表。表格中的每一行代表一个样品。可以选择额外设置选项 (见上方图片)。

注意: 仅在峰检出功能激活的状态下此选项才可用。

峰检出指令表	选择该选项可将峰检出指令表添加至峰检出结果总览表中。
样品信息	选择该选项可将“样品信息”栏添加至峰检出结果总览表中。
检出	选择该选项可将“检出”列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。
大小	选择该选项可将“大小”列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。
浓度	选择该选项可将“浓度”列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。
摩尔浓度	选择该选项可将“摩尔浓度”列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。

注意: 若计算的列 (如“比率”、“RIS”等) 是所选用的峰检出指令的一部分时, 这些列信息会自动包含在总览表中。

注意: 若感兴趣的峰很多, 表格在两个感兴趣的峰间断开, 其中样品信息及计算的列只会显示在表格的第一部分中, 其余部分的表格会在抬头以“继续”标示出来。

注意: 若对于样品选择使用不同的峰检出指令, 对于每一种峰检出指令均会生成一张新的表格。另外, 若选择使用了来自不同孔板的样品, 对于每个孔板均会生成一张新的表格。

总结果表

选择该选项可以针对来自同一孔板的所有样品生成一张包含大小、浓度及/或摩尔浓度结果的表格。总览表中对于每个选择的样品会包含单独的子表格。每张子表格的页眉会显示样品在孔板上的位置以及样品信息 (如有)。每张子表格中包含了所有选择报告项目的结果值。每一行则列出了检测到的峰及相应结果 (大小、浓度及/或摩尔浓度)。

注意: 如果选择的样品来自于不同孔板, 则对每一块孔板均会重新生成新的表格。

弥散状结果总表

对于DNA模式下的弥散或gDNA分析，可使用此选项加入弥散结果总览表，其中包括选定的弥散结果属性。

若选择了来自不同孔板的样品，则对应每块孔板生成一张新的表格。其中每一行则表示一个样品。

通过选择相应的表格列可以将对应结果值特别标注出来：“中值大小”，“区段浓度”，“区段摩尔浓度”，“区段标准化面积百分比(%NA)”，或者“区段浓度百分比”。

注意：如“结果表”(下文)中所述，可选中并重新排列“弥散状结果表”的列。

选择选项“总浓度”和“总摩尔浓度”，以纳入样品的总浓度值或总摩尔浓度值。

凝胶图总览

选择该选项可生成所有选择的样品的凝胶图总览图。

点击“图像选项”按钮可以指定凝胶图总览的显示方式。图像选项如下所述。

注意：当选择了“使用显示的图像”选项时，“图像选项”按钮是无效的。

注意：当已选择“使用显示的图像”选项时，结果报告中的凝胶图两侧均有视图中左手边显示的Y轴。

Y轴 单位

若用户选择了“大小”，凝胶图两侧都会显示Y轴，Y轴基于参照Marker显示刻度，当选择“使用显示的图像”选项时也是这样。峰图中的泳道会依照alignment marker进行对齐。

注意 只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并使用相同的参照marker表进行了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，大小刻度才会被创建。否则，将弹出一条提示信息。

如果您选择了“相对迁移时间”，Y轴将显示出相对迁移时间。凝胶图图像内的泳道将用alignment marker对齐。

注意 只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并完成了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，相对时间刻度才会被创建。否则，泳道将无法完成按Y轴对齐。将显示一条对应的提示信息。

如果您选择了“绝对迁移时间”，则泳道将不会进行对齐，Y轴将显示一个绝对的时间刻度。

以alignment marker 为限放大

选择该选项会按比例显示所有泳道，使得每个泳道都以最下方的alignment marker条带为起始，以最上方的alignment marker条带为止（剔除在alignment marker范围外的数据）。

注意 该选项仅当所有样品均分析完成后才可用。

单独比例显示

选择本项将自动单独调整每一条凝胶泳道的对比度。

显示样品信息

选择该选项可对每条泳道显示样品信息。

显示孔板ID

选择该选项会显示每条泳道的孔板ID、运行编号（重复序号）以及条目号。

显示运行方式

选择该选项会在样品泳道上方显示所用运行方式。

凝胶布局

使用该选项来确定凝胶的布局。

	<p>选择 标准布局”会将所有泳道如视图中的排列般从左到右排列。</p> <p>选择 水平孔板布局”会将所有泳道按照左上方A1到右下方H12的顺序进行排布。</p> <p>选择 垂直孔板布局”会将所有泳道按照左上方H1到右下方A12的顺序进行排布。</p> <p>选择 反向垂直孔板布局”也会进行垂直孔板布局，但从左上方A1至右下方H12。</p> <p>选择 孔板分区布局”会将垂直孔板布局进行分区。左侧区域按照左上方H1到右下方A6的顺序，而右侧则按照左上方H7到右下方A12的顺序。</p> <p>注意：未选择样品的位置仍然为空。</p>
每行泳道数	<p>使用下拉选项来指定每行的泳道数：4、6、8、12、16、24、32、36或48。</p> <p>注意：该选项仅当凝胶布局选项中 标准布局”被选中时才可用。</p>
每页行数	<p>使用该选项来指定报告的一页中所包含的行数（页面会在特定行数处分开）。</p> <p>注意：当凝胶布局选项中 标准布局”被选中时该选项不可用。</p>
分析详细信息	<p>选择 高亮显示alignment marker”可以将alignment marker的峰的条带用绿色高亮标记。</p>
峰图总览图	<p>选择该选项可以生成所有选中样品的峰图总览图。其顺序与视图中观察到的顺序相同。一页报告页含有不超过12幅峰图的总览页。</p> <p>点击 图像选项”按钮可以设定峰图总览图的显示方式。图像选项如下所述。</p> <p>注意：当选择了 使用显示的图像”选项时 图像选项”按钮是无效的。</p>
X轴单位	<p>若您选择了 大小”，则X轴会依照参照Marker显示相应的尺寸刻度。峰图会依照alignment marker进行对齐。</p> <p>注意：只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并使用相同的参照marker列表进行了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，以大小为单位的X轴才会被创建。否则，X轴将显示 一个相应的信息提示。</p> <p>如果您选择 相对迁移时间”，则X轴将显示相对迁移时间。峰图将根据alignment marker对齐。</p> <p>注意：只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并完成了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，相对时间刻度才会被创建。否则，峰图将无法完成按X轴对齐。将显示 一个相应的信息提示。</p> <p>若您选择了 绝对迁移时间[<i>min</i>]”选项，峰图不会被对齐，且X轴上会显示绝对时刻。</p>

以alignment marker为限放大	选择该选项会按比例显示所有峰图,使得每幅峰图都以最早出现的alignment marker峰为起始,以最后出现的alignment marker峰为止显示(剔除在alignment marker范围外的数据)。 注意:该选项仅当所有样品均分析完成后才可用。
单独比例显示	选择该选项可分别对每幅峰图进行Y轴自动缩放。
显示样品位置	选择该选项会在每幅峰图上方显示样品位置信息。
显示样品信息	选择该选项会在每幅峰图上方显示样品信息。
显示孔板ID	选择该选项会在每幅峰图上方显示孔板ID。
显示运行方式	选择该选项会在每幅峰图上方显示所用运行方式。
显示分析详细信息	选择该选项可以显示已分析样品的详细分析信息。 选择“标记检测到的峰”可以对检测到的峰值显示顶端标签。 注意:在DNA模式中,可以选择另一个选项“标记中值”。若样品使用DNA弥散状分析谱进行了分析,选择该选项可以显示检测到的弥散峰的中值标签。 选择“显示忽略时段间隔”以显示忽略时段间隔。

峰图叠加视图

使用该选项可以生成所有已选择的带有叠加标志的样品的叠加峰图。

注意:叠加视图仅限于12个样品。在“运行”环境和批量处理中,仅当实验中包含12个或更少的样品时才会生成叠加图像。

注意:使用“使用显示的图像”选项会按照视图中显示的样子生成峰图叠加视图。

点击“图像选项”按钮可以指定报告中峰图叠加视图的显示方式。图像选项如下所述。

注意:当选择了“使用显示的图像”选项时“图像选项”按钮不可用。

X轴单位	如果您选择“大小”选项,X轴将基于参照 marker显示大小。峰图将根据alignment marker对齐。 注意:只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker,并使用相同的参照marker列表进行了分析,且alignment marker被正确定义的情况下,以大小为单位的X轴才会被创建。否则,X轴将显示一个相应的提示信息。 如果您选择“相对迁移时间”,则X轴将显示相对迁移时间。峰图将根据alignment marker对齐。 注意:只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker,并完成了分析,且alignment marker被正确定义的情况下,相对时间刻度才会被创建。否则,峰图将无法完成按X轴对齐。将显示一条对应的提示信息。 若您选择了“绝对迁移时间[<i>min</i>]”选项,峰图不会被对齐,且X轴上会显示绝对时刻。
------	---

以alignment marker为限放大	选择该选项会按比例显示叠加峰图,使得叠加峰图以最早出现的alignment marker峰为起始,以最后出现的alignment marker峰为止显示(剔除在alignment marker范围外的数据)。 注意:该选项仅当所有样品均分析完成后才可用。
显示电流曲线	选择该选项会显示在数据采集过程中测量得到的叠加电流图表。电流曲线会显示在峰图叠加图下方,与X轴对齐。
显示size marker峰标签	如果选择了本项,且如果叠加样品中确有一例size marker时,则将在marker样品中所检测到的峰上显示峰标签。在下拉列表中选择峰标签的单位。

注意:在RNA模式下,若您希望最终的报告中包括28 S/18S比率或者RIS[™]值,请选择相应的总览选项:“峰检出结果表”(请参考[RNA 质控分析](#)以获取如何分析RNA样品的相关信息)。

样品详细信息部分

下方的信息会自动包含在每个样品当中:

信息	描述	报告区域
实验名称	样品所属实验的名称	样品
孔板ID	样品所属的孔板ID	样品
位置	样品在孔板上的位置	样品
运行编号	若对同一个样品进行了多次重复运行,则该编号说明得到这个样品数据的是在第几次运行中,若是第一次运行获得的数据,则运行编号为1。若希望了解更多细节信息,请参考 运行参数和结果结构 。	样品
运行条目号	孔板的具体运行条目编号 若希望了解更多细节信息,请参考 运行参数和结果结构 。	样品
运行日期	样品运行开始的具体日期和时间。	运行
仪器ID	样品运行所用的仪器的序列号。	运行

可以在下方的选项中选择您希望包含在样品详细信息部分的内容:

样品详细信息

- 在新页面生成结果
- 实验孔板备注
- 运行信息
- 运行方式信息
- 卡夹信息
- 样品信息
- 分析参数
- 参照Marker表
- 单峰图
- 单凝胶图
- 批次信息
- 结果表
- 峰检出结果表
- 弥散状结果表

可选的样品细节信息。

注意: 如果选择的结果表选项中无结果表列被选中, 则勾选框被标记为黄色, 报告/导出谱无效。

可选区域参见下述内容。

在新页面生成结果 若选择该选项，则每个样品的结果将显示在新的页面上。

实验孔板备注 若选择该选项，则样品 样品”部分会包含实验孔板备注信息。

运行信息 若选择该选项，则样品 运行”部分会包含如下信息：

上升时间 所用贝塞尔滤波器的参数 另请参见 [设置](#)。

所用的吸取时间 所用的样品吸取时间。

注意:如果在运行谱参数设定时设置过吸取时间，则该数值可能会与所采用运行方式自带的数值不同(参见 [选择运行参数](#))。

所用的分离时间 在运行方式中所用的分离时间。

注意:如果用户在运行过程中调整过分离时间，则该数值可能会与所采用运行方式自带的数值不同

处理人 运行样品的用户ID。

运行方式信息 若选择该选项，则 运行”部分会包含如下信息：

所用的方式 运行样品所采用的运行方式的名称

运行方式的吸取时间 运行方式中规定的样品吸取时间。

运行方式的吸取电压 运行方式中规定的样品吸取电压。

运行方式的分离时间 运行方式中规定的分离时间。

运行方式的分离电压 运行方式中规定的分离电压。

卡夹信息 若选择该选项，则 运行”部分会包含如下信息：

卡夹ID 运行样品所使用的卡夹的ID编号

卡夹校准情况 运行样品时卡夹的校准情况：**OK**，**未校准**或者 **某些情况OK**”。对于校准情况的详细信息，请参见 [运行校准向导](#)部分。

卡夹失效日期 用于运行样品的的卡夹的失效日期

样品信息 样品”部分包含有样品信息。

样品注释 样品注释被包含在 样品”章节。

分析参数 对应样品的分析参数可参见报告中 分析”部分内容。

参照Marker表 分析过程中所用的参照Marker表也包含在内。

单峰图 选择该选项可提供相关峰图内容。

选择 使用显示的图像”可以将峰图按视图中显示的样子打印出来。

点击 图像设置”按钮可以指定报告中的单幅峰图的显示方式。图像选项如下所述。

注意:若选择了“使用显示的图像”,则当凝胶泳道与电流曲线在视图中可见时它们会与峰图结合在一起出现在报告里。

注意:当选择了“使用显示的图像”选项时“图像选项”按钮是无效的。

X轴单位	<p>若您选择了“大小”,则X轴会依照参照Marker显示相应的尺寸刻度。</p> <p>注意:只有当所选择的样品已经被用参照Marker正确分析,且alignment marker被正确定义的情况下,以大小为单位的X轴才会被创建。否则,X轴将显示一个相应的信息提示。</p> <p>如果您选择“相对迁移时间”,则X轴将显示相对迁移时间。</p> <p>注意:只有当所选择的样品已经被分析,且alignment marker被正确定义的情况下,相对时间刻度才会被创建。否则,X轴将显示一个相应的信息提示。</p> <p>若您选择了“绝对迁移时间[min]”选项,X轴上会显示绝对时刻。</p>
以alignment marker为限放大	<p>选择该选项会按比例显示峰图,使得峰图以最早出现的alignment marker峰为起始,以最后出现的alignment marker峰为止显示(剔除在alignment marker范围外的数据)。</p> <p>注意:该选项仅当样品分析完成后才可用。</p>
单独比例显示	<p>选择该选项可分别对每幅峰图进行Y轴自动缩放。</p>
显示凝胶泳道	<p>选择该选项可在峰图下方显示凝胶泳道,并校准至X轴。</p>
显示电流曲线	<p>选择该选项可在峰图或凝胶泳道下方显示数据采集期间测得的电流曲线。</p>

选择“显示分析详细信息”选项后可以使用下述设置选项:

标记检测到的峰	<p>选择该选项可显示检测到的峰的顶点标签。</p> <p>若选择了“带标签”的选项,每个峰值顶点处会显示峰标注。</p> <p>注意:仅当峰标注不会覆盖邻近的标注时才会显示。移动鼠标指针指向峰顶端时可获得关于峰标注的工具提示信息。</p> <p>选择标注单位:“大小”或绝对或相对迁移时间。</p> <p>注意:仅当样品已比对参照marker进行了分析时,标注才可显示“大小”信息(详细信息请参见大小和浓度测定)。反之,则会显示“n/a”</p> <p>注意:在DNA模式中,还可以选择第二个选项“标记中值”。若样品采用DNA弥散状分析谱进行了分析,选择该选项可以显示检测到的弥散峰的中值标签。您可以选择显示或隐藏相应标注。</p>
---------	---

		选择 标记峰的起始和终止位置 选项可以标注检测到的峰的起始点和终点。
	显示感兴趣的区段	仅适用于DNA模式。若样品依照DNA弥散状分析谱进行了分析,选择 显示感兴趣的区段 选项可以显示检测到的弥散峰中的关注区段。
	显示忽略时段间隔	选择该选项可以显示忽略时段间隔。
	显示阈值	选择该选项可以显示峰阈值。
	显示基线	选择该选项可以显示基线。
单凝胶图		使用该选项可以获得所有选择样品的独立的凝胶泳道图。 点击 图像设置 按钮可以指定获得的凝胶单视图的显示方式。图像选项如下所述。 注意:当选择了 使用显示的图像 选项时 图像选项 按钮是无效的。
	Y轴单位	若您选择了 大小 选项,当样品依照参照Marker表进行了分析,且已经正确地定义了 alignment marker 时,坐标轴上会显示样品的峰值的大小。反之,坐标轴上会显示相应信息。 若您选择了 相对迁移时间 选项,当样品已经进行了分析,且已经正确地定义了 alignment marker 时,坐标轴上会显示相对迁移时间。反之,坐标轴上会显示相应信息。 若您选择了 绝对迁移时间[<i>min</i>] ,坐标轴上会显示绝对时刻。
	以 alignment marker 为限放大	选择该选项会按比例显示泳道,使得每个泳道都以最下方的 alignment marker 条带为起始,以最上方的 alignment marker 条带为止显示 (剔除在 alignment marker 范围外的数据)。 注意:该选项仅当所有样品均分析完成后才可用。
	单独比例显示	选择本项将自动单独调整每一条凝胶泳道的对比度。
	显示分析详细信息	选择 高亮显示alignment marker 可以将 alignment marker 的峰的条带高亮显示为绿色。
批次信息		选择该选项可以包含输入的批次编号。
结果表		若选择该选项,结果报告中会包含峰结果表。可以通过出现的额外选项来设置结果表(参加下文)。
峰检出结果表		选择该选项可在每个样品部分均包含峰检出结果表。可以选择额外选项。 注意:仅当峰检出功能激活时此选项可用。
	样品信息	选择该选项可将 样品信息 列添加至峰检出结果总览表中。
	检出	选择该选项可将 检出 列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。

大小	选择该选项可将 大小 列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。
浓度	选择该选项可将 浓度 列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。
摩尔浓度	选择该选项可将 摩尔浓度 列添加至感兴趣的峰的检出结果总览表中。

注意: 当计算的列 (如 **比率**、**RIS** 等) 是所选用的峰检出指令的一部分时, 这些信息会自动包含在表中。

注意: 若感兴趣的峰很多, 表格在两个感兴趣的峰间断开, 其中样品信息及计算的列只会显示在表格的第一部分中, 其余部分的表格会在抬头以 “继续)” 标示出来。

弥散状结果表

对于DNA模式下的弥散或gDNA分析, 可使用此选项加入弥散结果表。同时可以选择包括中值大小, 区段起点, 区段终点, 区段浓度, 区段摩尔浓度, 区段标准化面积 (NA), 区段标准化面积百分比 (%NA) 和区段浓度百分比等。可以参考 [弥散状结果列](#) 来获取更多信息。

注意: 弥散状结果表”列可以依照 结果表”中所述进行选择及重排序 (参见下文)。

选择选项 **总浓度** 和 **总摩尔浓度**, 以纳入样品的总浓度值或总摩尔浓度值。

分布结果表

在DNA模式中为分布谱使用此选项, 以纳入样品的分布谱结果概览表。

注意: 仅在分布分析功能激活的状态下此选项才可用。

要选择的其他选项为:

显示谱属性	包含应用于样品的分布谱参数。
样品信息	包含 样品信息 列。
总浓度	包含样品的 总浓度 列。
总摩尔浓度	包含样品的 总摩尔浓度 列。
样品质量	包含 样品质量 列。这是样品的整体质量评估, 在分布分析中生成。
区段浓度	包含每个关注区段的 浓度 列。
区段摩尔浓度	包含每个关注区段的 摩尔浓度 列。
区段高度	包含每个关注区段的 高度 列。
区段高度检查	包含每个关注区段的 高度检查 列。这是关注区段高度的质量评估。
比率	为每个预定义的比率添加一个 比率 列根据所选的计算方法, 该列将显示摩尔浓度或浓度比值。
比率质量	为每个预定义的比率添加一个 比率质量 列这是对比率质量的评估。

注意:如果报告中包含太多的关注区段或比率条目,表格会在两个关注区段或比率间被拆分。样品信息、总浓度、总摩尔浓度和样品质量列只会出现在第一个表格中。剩下的表格其标题处以“续)”标记。

注意:在RNA模式下,若您希望最终的报告中包括28 S/18S比率或者 R1S”值,请选择相应的总览选项:“峰检出结果表”(请参考 [RNA 质控分析](#) 来获取更多信息)。

可以在下方的可选信息中选择您希望包含在峰结果表中的信息：

结果表

结果表中的列	
<input type="checkbox"/>	大小
<input type="checkbox"/>	浓度
<input type="checkbox"/>	摩尔浓度
<input type="checkbox"/>	已饱和
<input type="checkbox"/>	信噪比
<input type="checkbox"/>	标准化面积 (NA)
<input type="checkbox"/>	面积
<input type="checkbox"/>	标准化面积百分比
<input type="checkbox"/>	标准化面积比率
<input type="checkbox"/>	高度
<input type="checkbox"/>	高度百分比
<input type="checkbox"/>	分辨率
<input type="checkbox"/>	FWHM
<input type="checkbox"/>	起始 [min]
<input type="checkbox"/>	时间 [min]
<input type="checkbox"/>	终点 [min]
<input type="checkbox"/>	相对时间

DNA模式中的结果表选项

注意：若选择了“结果表”选项，但未选择任何结果列，此时“结果表”的勾选框会标记为黄色，且报告/导出谱不可用。

峰结果表选项如下文所述。

大小	在DNA模式下,在结果表中添加“大小[bp]”列;在RNA模式下,则在结果表中添加“大小[nt]”列。
浓度	在结果表中添加在“浓度[ng/μl]”列。若选择该选项,在该列的最后数值处会自动添加总浓度值。
摩尔浓度	在结果表中添加“Mol.[nmol/l]”列。
已饱和	在结果表中添加“已饱和”列。
信噪比	在结果表中添加“S/N”列。
标准化面积 NA	在结果表中添加“标准化面积 (NA)”列。
面积	在结果表中添加“面积”列。
标准化面积百分比	在结果表中添加“NA[%]”列。
标准化面积比率	在结果表中添加“NA比率”列。
高度	在结果表中添加“高度”列。
高度百分比	在结果表中添加“高度[%]”列。
分辨率	在结果表中添加“分辨率”列。
FWHM	在结果表中添加“FWHM[sec]”列。(半高峰宽)
起始[min]	在结果表中添加“起始[min]”列。
时间[min]	在结果表中添加“时间[min]”列。
终点[min]	在结果表中添加“终点[min]”列。
相对时间	在结果表中添加“相对时间”列。

注意:请参见 [峰结果列](#) 部分介绍了解更多与列相关的信息。

注意:您可以通过拖拽-释放来指定报告的结果表中不同项目的顺序。左键单击一个列的名称并拖拽至新的位置即可。

导出数据

“分析”环境下导出数据的基本步骤如下:

1. 用“实验浏览器”加载样品。
关于加载样品的详细信息见查看[加载样品数据](#)章节。
2. 在导出前查看样品。
关于数据查看的详细信息见[查看样品数据](#)章节。
“凝胶图视图”或“峰图概览”对此步骤尤其有用。
3. 选择你希望导出的样品。
关于选择样品,见章节[选择样品用于分析或报告](#)

4. 选择导出设置并开始导出。
在分析环境的右侧可以找到报告工具条。

如“分析”不可见，您可使用 视图”菜单 选择菜单项 视图”/显示分析参数”，或通过点击视图选择栏最右侧的图标，将其显示出来。



选择工具栏上的 报告”标签。

选择一个预设的报告/导出谱。所选择的谱的导出设置会显示在报告下方。详细信息见[导出选项](#)章节。

确认选择了至少一个导出选项。如果没有，选择另一个预设的报告/导出谱。（**Advanced User** 高级用户）或 **Basic User**（基本用户）可以根据他们的希望修改设置。）

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

点击 报告”标签页底部的 开始报告/导出”键开始导出。

注意：如果在视图中没有选择任何样品（见步骤3），则 开始报告/导出”键将不可用。

生成的导出文件将自动保存在设置中指定的目录下。

导出选项

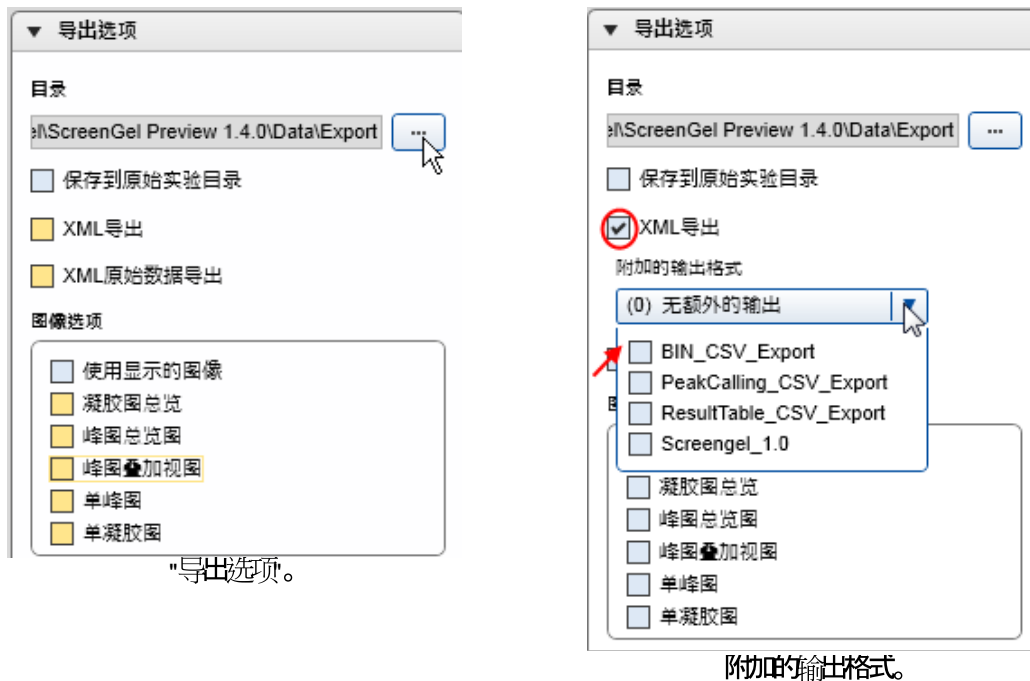
报告/导出设置分成两组：

- 报告选项”包含报告的设置
- 导出选项”包含导出的设置

注意：通过单击每个组名称左侧的 ▼ 和 ►，您可以折叠和展开每个组。


折叠报告选项或向下拉滚动条以浏览导出选项。

“导出选项”



具体选项如下所述。

目录

通过单击 ，来选择希望保存导出文件的目录地址。在弹出的对话框中，查找选择存放地址并单击“OK”。

保存至原始实验目录

勾选此选项，会将导出文件与实验保存在同一目录下。如果勾选了此选项，在“目录”内所选的任何路径均将被忽略。

XML 导出

如果您选择了本项，将会生成一个XML格式的导出文件。该文件将针对所选样品，记录除峰图原始数据之外的全部常规实验和样品细节信息。如果样品经过了分析，该文件还会进一步包含分析结果。

附加的输出格式包括以下四种可供选择。您可全选或选择您需要的格式。

BIN_CSV_Export	使用本选项，将峰检出结果列表以.csv的文件格式导出（类似使用“BioCalculator 3.2”软件导出的文件格式）。
DistributionAnalysis CSV_Export	使用此选项，以.csv格式导出分布分析概览结果表。
PeakCalling_CSV_Export	使用本选项，将峰检出结果列表以及所有选择的峰属性值以.csv的文件格式导出。
ResultTable_csv_table	使用本选项，将分析结果以.csv的文件格式导出（类似使用“BioCalculator 3.2”软件导出的文件格式）。
ScreenGel_1.0	使用本选项，将导出文件转换为QIAxcel ScreenGel 软件1.0版的xml文件导出格式。
SmearResultTable_CSV Export	使用此选项，以.csv格式导出弥散状结果概览表。

注意：您可自定义输出文件格式。基于xml导出文件定义xslt脚本并将其储存在 %DATA_DIR%\ReportExportProfile\XSLT_Export 目录下。本软件支持XSLT样式表的脚本处理（如VB或Java脚本）。在XSLT样式表中，以“exportPath”参数设置导出目录。

注意：如需在Excel中打开生成的.csv文件，使用“新建文本”选项并选择“Unicode (UTF-8)”作为文件原始格式。字段以逗号（,）分隔。使用“常规”作为列数据格式。在高级选项中选择句点（.）作为数字的小数点分隔符，并确保不使用千位分隔符。如果值未在列中列出，突出显示所有单元格，然后使用Excel中的“分列”功能并选择正确的分隔符。此选项不允许选择“Unicode (UTF-8)”格式，该格式可能会导致列标题中出现多余字符。

XML原始数据导出

如果您选择本项，选定文件的峰图原始数据将以XML文件的格式进行导出。附加的输出格式有以下一种可供选择。

RawData_CSV_Export 使用本选项，将峰图原始数据以.csv的文件格式导出（类似使用“BioCalculator 3.2”软件导出的文件格式）。

注意：您可自定义输出文件格式。基于xml原始数据导出文件定义xslt脚本并将其储存在 %DATA_DIR%\ReportExportProfile\XSLT_RawExport 目录下。本软件支持XSLT样式表的脚本处理（如VB或Java脚本）。在XSLT样式表中，导出目录以“exportPath”参数的形式进行设置。

图像相关选项如下所述。

使用显示的图像

使用该选项获得与在QIAxcelScreenGel 软件视图所显示的图像在对齐、刻度、标签、缩放等方面相似的图片。

注意：该选项仅在分析环境下可用，在运行谱中不可用。

凝胶图总览

使用本项将全部所选样品导出为凝胶图总览图。

单击“图像选项”按钮来显示导出的凝胶图像概览。图像选项如下所述。

注意：如果选择了“使用显示的图像”选项，则“图像选项”按钮将失活。

Y轴单位	<p>若用户选择了“大小”，凝胶图两侧都会显示Y轴，Y轴基于参照Marker显示刻度，当选择“使用显示的图像”选项时也是这样。峰图中的泳道会依照alignment marker进行对齐。</p> <p>注意：只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并使用相同的参照marker表进行了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，大小刻度才会被创建。否则，将弹出一条提示信息。</p> <p>如果您选择了“相对迁移时间”，Y轴将显示出相对迁移时间。凝胶图图像内的泳道将用alignment marker对齐。</p> <p>注意：只有当所选择的全部样品都使用了相同的alignment marker，并完成了分析，且alignment marker被正确定义的情况下，相对时间刻度才会被创建。否则，泳道将无法完成按Y轴对齐。将显示一条对应的提示信息。</p> <p>如果您选择了“绝对迁移时间”，则泳道将不会进行对齐，Y轴将显示一个绝对的时间刻度。</p>
以alignment marker为限放大	<p>选择该选项会按比例显示所有泳道，使得每个泳道都以最下方的alignment marker条带为起始，以最上方的alignment marker条带为止（剔除在alignment marker范围外的数据）。</p> <p>注意：该选项仅当所有样品均分析完成后才可用。</p>
单独比例显示	选择本项将自动单独调整每一条凝胶泳道的对比度。
显示样品信息	选择该选项可对每条泳道显示样品信息。
显示孔板ID	选择该选项会显示每条泳道的孔板ID、运行编号（重复编号）以及条目号。
显示运行方式	选择该选项会在样品泳道上方显示所用运行方式。
凝胶布局	<p>使用该选项来确定凝胶的布局。</p> <p>选择“标准布局”会将所有泳道如视图中的排列般从左到右排列。</p> <p>选择“水平孔板布局”会将所有泳道按照左上方A1到右下方H12的顺序进行排布。</p> <p>选择“垂直孔板布局”会将所有泳道按照左上方H1到右下方A12的顺序进行排布。</p> <p>选择“反向垂直孔板布局”也会进行垂直孔板布局，但从左上方A1至右下方H12。</p> <p>选择“孔板分区布局”会将垂直孔板布局进行分区。左侧区域按照左上方H1到右下方A6的顺序，而右侧则按照左上方H7到右下方A12的顺序。</p> <p>注意：未选择样品的位置仍然为空。</p>
每行泳道数	使用下拉选项来指定每行的泳道数：4、6、8、12、16、24、32、36或48。

	注意: 该选项仅当凝胶布局选项中 “标准布局” 被选中时才可用。
每文件行数	使用本项定义单一文件中所包含的行数 (图像将按照指定的行数分割进入多个文件之中)。 注意: 当凝胶布局选择 “标准布局” 时, 该项不可用。
高亮显示alignment marker	选择本项, 将alignment marker峰的条带以绿色高亮显示。

峰图总览图

使用本项将全部所选样品导出为峰图概览。其顺序与视图相同。略缩图页面 (最多含 12 张峰图) 会导出至单一文件中。

单击 **图像选项** 按钮以定义所导出峰图的外观。图像选项如下所述。

注意: 如果选择了“使用显示的图像”选项, 则“图像选项”按钮将失活。

X轴单位

若您选择了“大小”, 则X轴会依照参照**Marker**显示相应的尺寸刻度。峰图会依照**alignment marker**进行对齐。

注意: 只有当所选择的全部样品都使用了相同的 **alignment marker**, 并使用相同的参照**marker**列表进行了分析, 且**alignment marker**被正确定义的情况下, 以大小为单位的X轴才会被创建。否则, X轴将显示一个相应的信息提示。

如果您选择“相对迁移时间”, 则X轴将显示相对迁移时间。峰图将根据**alignment marker**对齐。

注意: 只有当所选择的全部样品都使用了相同的 **alignment marker**, 并完成了分析, 且**alignment marker**被正确定义的情况下, 相对时间刻度才会被创建。否则, 峰图将无法完成按X轴对齐。将显示一个相应的信息提示。

若您选择了“绝对迁移时间[**min**]”选项, 峰图不会被对齐, 且X轴上会显示绝对时刻。

以**alignment marker**为限放大

选择该选项会按比例显示所有峰图, 使得每幅峰图都以最早出现的**alignment marker**峰为起始, 以最后出现的**alignment marker**峰为止显示 (剔除在**alignment marker**范围外的数据)。

注意: 本选项仅当全部样品都完成分析后可用。

单独比例显示

选择该选项可分别对每幅峰图进行Y轴自动缩放。

显示样品位置

选择该选项会在每幅峰图上方显示样品位置信息。

显示样品信息

选择该选项会在每幅峰图上方显示样品信息。

显示孔板ID

选择该选项会在每幅峰图上方显示孔板ID。

显示运行方式

选择该选项会在每幅峰图上方显示所用运行方式。

显示分析详细信息

选择该选项可以显示已分析样品的详细分析信息。

选择 **标记检测到的峰** 可以对检测到的峰值显示顶端标签。

注意: 在**DNA**模式中, 可以选择另一个选项 **标记中值**。若样品采用**DNA**弥散状分析谱进行了分析, 选择该选项可以显示检测到的弥散峰的中值标签。

选择 **显示忽略时段间隔** 以显示忽略时段间隔。

峰图叠加视图

使用该选项可以导出所有已选择的带有叠加标志的样品的叠加峰图。

注意: 叠加视图最多显示12个样品。在“运行”环境和批量处理中, 仅当实验中包含12个或更少的样品时才会生成叠加图像。

注意: 使用“使用显示的图像”选项会按照视图中显示的样子生成峰图叠加视图。

单击“图像选项”按钮可以指定报告中峰图叠加视图的显示方式。图像选项如下所述。

注意: 当选择了“使用显示的图像”选项时“图像选项”按钮不可用。

X轴单位 如果您选择“大小”X轴将基于参照 **marker**显示大小。峰图将根据**alignment marker**对齐。

注意: 只有当所选择的全部样品都使用了相同的 **alignment marker**, 并使用相同的参照**marker**列表进行了分析, 且**alignment marker**被正确定义的情况下, 以大小为单位的X轴才会被创建。否则, X轴将显示一个相应的提示信息。

如果您选择“相对迁移时间”, 则X轴将显示相对迁移时间。峰图将根据**alignment marker**对齐。

注意: 只有当所选择的全部样品都使用了相同的 **alignment marker**, 并完成了分析, 且**alignment marker**被正确定义的情况下, 相对时间刻度才会被创建。否则, 峰图将无法完成按X轴对齐。将显示一条对应的提示信息。

若您选择了“绝对迁移时间[**min**]”选项, 峰图不会被对齐, 且X轴上会显示绝对时刻。

以alignment marker为限放大 选择该选项会按比例显示叠加峰图, 使得叠加峰图以最早出现的**alignment marker**峰为起始, 以最后出现的**alignment marker**峰为止显示 (剔除在**alignment marker**范围外的数据)。

注意: 该选项仅当所有样品均分析完成后才可用。

显示电流曲线 选择该选项会显示在数据采集过程中测量得到的叠加电流曲线图表。电流曲线会显示在峰图叠加图下方, 与X轴对齐。

显示size marker峰标签 如果选择了本项, 且如果叠加样品中确有一例**size marker**时, 则将在**marker**样品中所检测到的峰上显示峰标签。在下拉列表中选择峰标签的单位。

单峰图

选择本项, 以分离的单个文件的形式将全部所选样品分别导出单峰图。

使用“使用显示的图像”选项, 将峰图以按视图中显示的样子导出。

单击“图像选项”按钮以定义所导出单峰图的外观。图像选项如下所述。

注意: 若选择了“使用显示的图像”, 则当凝胶泳道与电流曲线在视图中可见时它们会与峰图整合在一起被导出。

注意: 如果选择了“使用显示的图像”选项, 则“图像选项”按钮将失活。

X轴单位 如果您选择“大小”则X轴会依照参照**Marker**显示相应的尺寸刻度。

	<p>注意：只有当所选择的样品已经被用参照Marker正确分析，且alignment marker被正确定义的情况下，以大小为单位的X轴才会被创建。否则，X轴将显示一个相应的信息提示。</p> <p>如果您选择“相对迁移时间”，则X轴将显示相对迁移时间。</p> <p>注意：只有当所选择的样品已经被分析，且alignment marker被正确定义的情况下，相对时间刻度才会被创建。否则，X-轴将显示一个相应的信息提示。</p> <p>若您选择了“绝对迁移时间[min]”选项，X轴上会显示绝对时刻。</p>
以 alignment marker 为限放大	<p>选择该选项会按比例显示峰图，使得峰图以最早出现的alignment marker峰为起始，以最后出现的alignment marker峰为止显示（剔除在alignment marker范围外的数据）。</p> <p>注意：该选项仅当样品分析完成后才可用。</p>
单独比例显示	选择该选项可分别对每幅峰图进行Y轴自动缩放。
显示凝胶泳道	选择本项，将凝胶泳道与峰图一起导出（凝胶泳道显示于峰图下方）。
显示电流曲线	选择本项，将电流曲线在峰图或凝胶泳道下方导出。
选择“显示分析详细信息”选项后可以使用下述设置选项：	
标记检测到的峰	<p>选择该选项可显示检测到的峰的顶点标签。</p> <p>若选择了“带标签”的选项，每个峰值顶点处会显示峰标注。</p> <p>注意：仅当峰标注不会覆盖邻近的标注时才会显示。移动鼠标指针指向峰顶端时可获得关于峰标注的工具提示信息。</p> <p>选择标注单位：“大小”或绝对或相对迁移时间。</p> <p>注意：仅当样品已比对参照marker进行了分析时，标注才可显示“大小”信息（详细信息请参见大小和浓度测定）。反之，则会显示“n/a”</p> <p>注意：在DNA模式中，还可以选择第二个选项“标记中值”。若样品采用DNA弥散状分析谱进行了分析，选择该选项可以显示检测到的弥散峰的中值标签。您可以选择显示或隐藏相应标注。</p> <p>选择“标记峰的起始和终止位置”选项可以标注检测到的峰的起始点和终点。</p>
显示感兴趣的区段	仅适用于 DNA 模式。若样品依照 DNA 弥散状分析谱进行了分析，选择“显示感兴趣的区段”选项可以显示检测到的弥散峰中的关注区段。
显示忽略时段间隔	选择该选项可以显示忽略时段间隔。

显示阈值 选择本项以显示峰的阈值。

显示基线 选择本项以显示基线。

单凝胶图

使用本项将全部所选样品中的凝胶泳道单独导出。

单击“图像选项”按钮以定义所导出的单一凝胶图像的外观。图像选项如下所述。

注意: 如果选择了“使用显示的图像”选项, 则“图像选项”按钮将失活。

Y轴单位 若您选择了“大小”选项, 当样品依照参照Marker表进行了分析, 且已经正确地定义了alignment marker时, 坐标轴上会显示样品的峰值的大小。反之, 坐标轴上会显示相应信息。

若您选择了“相对迁移时间”选项, 当样品已经进行了分析, 且已经正确地定义了alignment marker时, 坐标轴上会显示相对迁移时间。反之, 坐标轴上会显示相应信息。

若您选择了“绝对迁移时间[min]”, 坐标轴上会显示绝对时刻。

注意: 如果选择了“使用显示的图像”选项, 则本选项将会失活。

以alignment marker为限放大 选择该选项会按比例显示泳道, 使得每个泳道都以最下方的alignment marker条带为起始, 以最上方的alignment marker条带为止显示 (剔除在alignment marker范围外的数据)。

注意 本选项仅当全部样品都完成分析后可用。

单独比例显示 选择本项将自动单独调整每一条凝胶泳道的对比度。

显示分析详细信息 若选择了“标记检测到的峰”且已对样品进行了分析时, Y轴上会标记检测到的峰顶端。

注意: 在DNA模式中, 可以选择另一个选项“标记中值”。若样品依照DNA弥散状分析谱进行了分析, 选择该选项可以显示检测到的弥散峰的中值。

选择“高亮显示alignment marker”可以将alignment marker的峰的条带高亮显示为绿色。

图像导出的相关设置如下所述。为导出操作至少选定一种图像类别时这些选项才会出现。

文件类型 为导出图像选择文件类型。

分辨率 为图像文件选择清晰度; 可选的分辨率有: 75 dpi (每英寸像素点)、150 dpi、300 dpi 和600 dpi。对于小条带, 请使用150 dpi。

修改报告/导出谱

注意: 只有 **Advanced User** (高级用户) 或 **Basic User** (基本用户) 的用户角色可以修改报告/导出选项。

如果要修改报告/导出谱, 步骤如下:

1. 打开 **报告** 标签页。

如“分析”不可见, 您可使用 **视图** 菜单 选择菜单项 **视图/显示分析参数**), 或通过点击视图选择栏最右侧的图标, 将其显示出来。



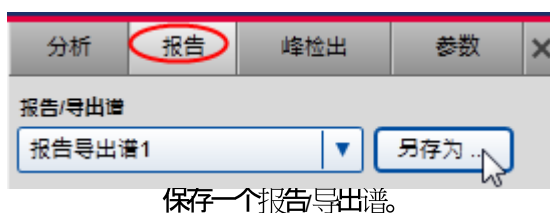
选择 **报告** 标签页。

2. 选择您想要修改的报告/导出谱。
在 **报告/导出谱** 下拉列表中选择报告/导出谱。

3. 根据您的需要修改谱选项。
请参阅 [报告选项](#) 以及 [导出选项](#) 了解相关信息。

注意: 系统在谱名称开头添加符号 *****, 表示谱被修改。

4. 保存修改后的报告/导出谱。
点击 **另存为** 按钮。在 **保存谱** 对话框中点击 **OK**。



注意: 如果您只使用一次修改后的报告/导出选项, 则点击 **开始报告/导出** 而不保存修改。但是, 当您选择另一个报告/导出谱时, 您的修改将会丢失。

注意: **QIAGEN** 所提供的报告谱无法修改。不过, 若要保存您的修改, 在 **保存谱** 对话框中输入一个新的谱名称。新的谱将会创建并包含您的修改。该项功能仅为 **Advanced User** (高级用户) 的角色可用。

创建一个新的报告/导出谱

注意: 只有 **Advanced User** (高级用户) 才能创建一个新的报告/导出谱。

如果要创建一个新的报告/导出谱, 步骤如下:

1. 打开 **报告** 标签页。

如“分析”不可见, 您可使用 **视图** 菜单 选择菜单项 **视图/显示分析参数**”, 或通过点击视图选择栏最右侧的图标, 将其显示出来。



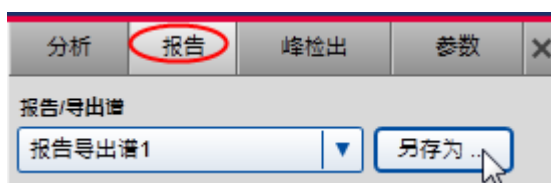
选择 **报告** 标签页。

2. 选择一个报告/导出谱。
从 **报告/导出谱** 下拉列表中选择谱。选定的谱作为创建新谱的模板。

注意: 选择 **新报告/导出谱**, 从头开始创建一个报告/导出谱。选择后, 系统将显示 ***新的报告/导出谱**。

3. 根据您的需要设置谱选项。请参阅 [报告选项](#) 和 [导出选项](#) 章节, 以了解报告/导出选项的详细信息。
注意: 系统在谱名称前面显示 *****, 提示谱的修改。

4. 将修改后的报告/导出谱以新名称保存。
点击 **另存为** 按钮, 在弹出的 **保存谱** 对话框中输入一个新的谱名称。

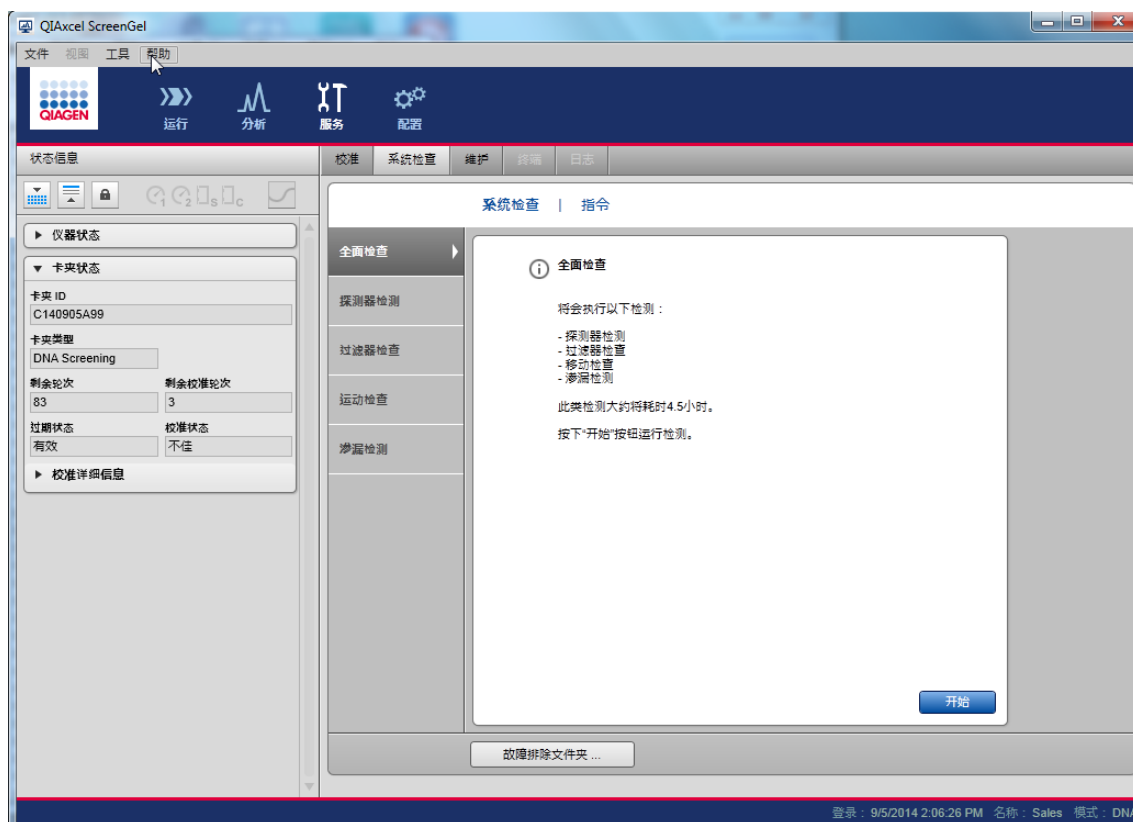


保存一个报告/导出谱。

服务

服务”环境提供了卡夹校准的功能以及QIAxcel Advanced 仪器的故障排除和维护工具。

在服务环境的左侧，“状态信息”面板显示（详见[“状态信息”面板](#)）。



“服务”环境包含了激活的系统检查界面。“状态信息”面板显示于屏幕左侧。

注意：服务”环境的“终端”和“日志”界面只能由维护人员访问，本手册不作介绍。

校准卡夹

在分析样品之前，每个新卡夹都需要进行强度校准。经过校准后，每个毛细管的强度被标准化并且一个系数被应用到随后的每次运行中。这校正了卡夹中每个毛细管之间的天然强度读数差异。每个卡夹的强度校准数据保存在单个文件中，名为 <cartridge-id>_<instrument-id>.xcc。此文件保存在%DATA_DIR%\CartridgeCalibrationData\目录下。

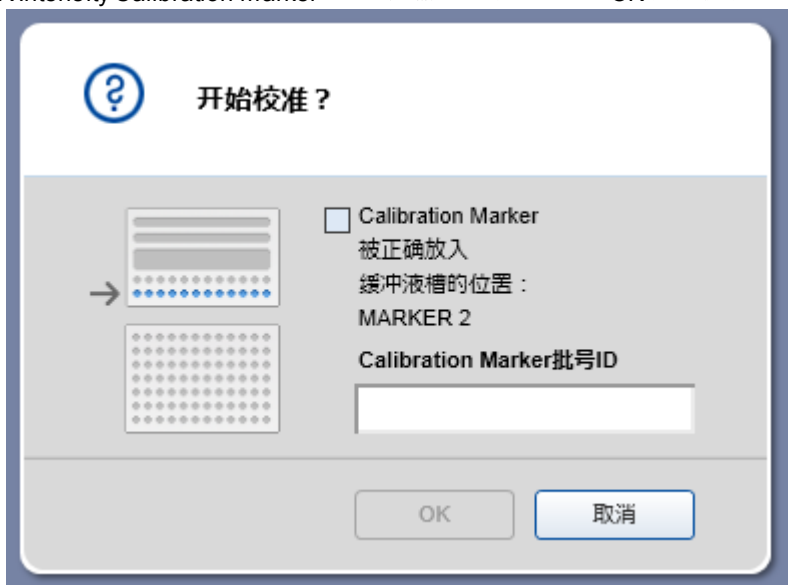
注意：如需查看校准数据，请切换至分析环境并在实验浏览器当中单击“加载实验”按钮。在弹出的文件对话框中选择结尾含有 [Calibration results] 的路径。

注意：如因任何理由，需要使用另一台计算机，则应转移校准文件至新的计算机中。否则，必须对卡夹进行重新校准。

运行校准向导

卡夹的强度校准是在 服务”环境的 校准”界面中进行的：

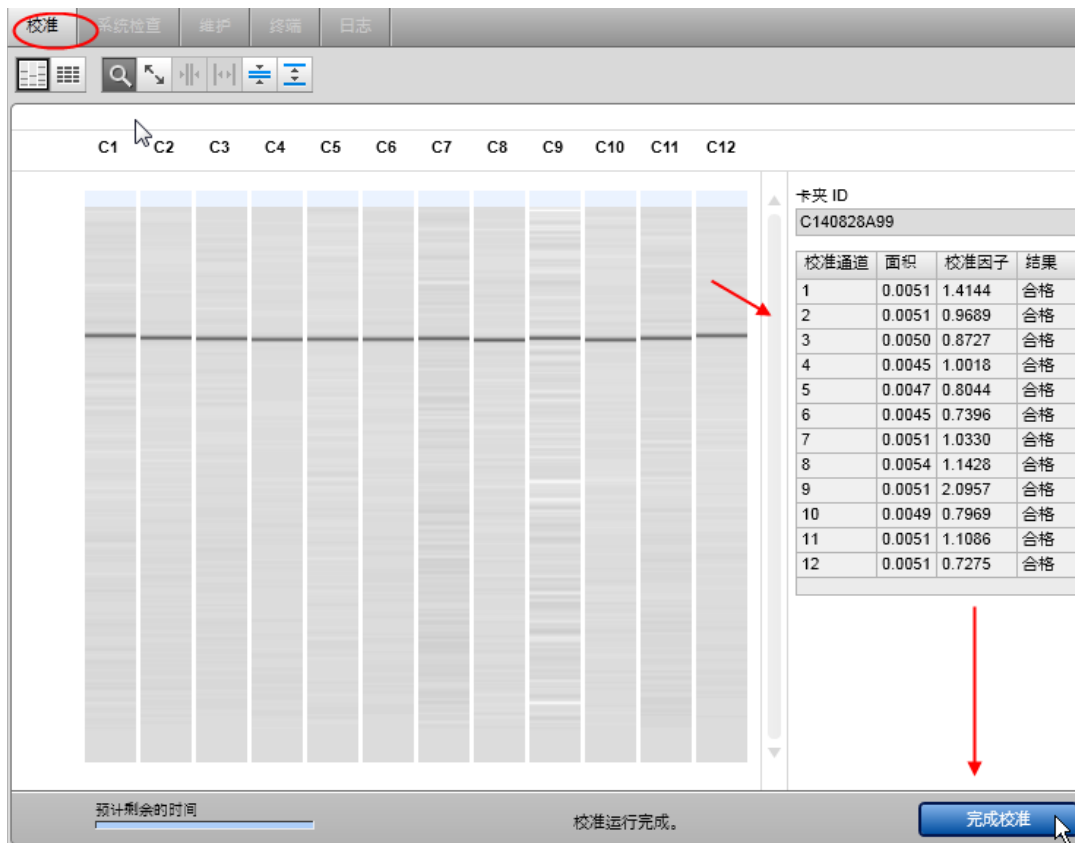
1. 在缓冲液槽 **MARKER2**位置中加入**QX Intensity Calibration Marker**，详细操作请见[准备缓冲液槽](#)中的第7步。
2. 点击 **开始校准**”按钮，启动校准运行。
注意：校准程序的总运行时间约为16 分钟。
3. 确认加载了**QX Intensity Calibration marker**。可选项输入批号 ID。点击 **OK**”开始校准。



确认对话框

如果**QX Intensity Calibration Marker**未能正确加载，请取消对话。重新载入并重复步骤1。

4. 一旦校准完成，校准结果显示在凝胶/峰图视图的旁边。结果表格显示了面积、校准因子和每个通道的结果（合格或失败）。



校准结果。

注意：对于一个成功校准的卡夹，其标准化面积的范围应在相应的卡夹操作手册里所描述的范围之内。

注意：如果一个或多个通道失败，则应当重复校准过程。如果问题仍然存在，请联系QIAGEN的技术服务部门，或参阅您正在使用的QIAxcel卡夹手册中的“故障排除”章节。

5. 接受校准结果。卡夹目前已校准。

注意：如果一个或多个通道失败，放弃校准结果。

注意：即使一个或多个通道失败，**Advanced User**（高级用户）仍可接受校准结果。在这种情况下，校准状态将是“某些情况OK”。只有**Advanced User**（高级用户）角色的用户能够在“某些情况OK”的校准状态下使用卡夹执行操作。

重新校准卡夹

如果要重新校准卡夹，则重复[运行校准向导](#)中详细介绍的步骤。在重新校准卡夹时，之前校准过程的校准结果将被移除。

注意：也可以校准一个“剩余校准轮次”为0的卡夹。在这种情况下，运行一次校准将消耗三次常规运行轮次。

系统检查

服务”环境的“系统检查”界面提供了检测QIAxcel Advanced 仪器中问题的几个程序：

- 全面检查
全面检查开展下面列出的所有系统检查。
- 探测器检测
探测器检测检查所有12个通道的原始计数。
- 过滤器检查
过滤器检查检测过滤器是否堵塞。
- 运动检查
运动检查确认样品板支架可否正确移动，和位置传感器功能是否能够达到预期。
- 渗漏检测
渗漏检测检查氮气是否渗漏。

注意：检查结果保存在%DATA_DIR%\SystemTest\目录下。

注意：故障排除文件夹的功能如[故障排除文件夹](#)章节所述。

全面检查

全面检查”开展所有的系统检查:探测器检测、过滤器检查、运动检查和渗漏检测。



全面检查。

注意:全面检查耗时4.5小时左右。

探测器检测

探测器检测”确认QIAxcel Advanced 仪器的所有12 个通道的检测器功能是否达到预期。当新卡夹的一个或多个通道未提供数据信号，且基线平坦时，可能需要开展本项检测。

按照界面上的指示执行“探测器检测”。检测只需要几秒。在检测结束时，显示采集到的数据并保存结果。

注意：如果未特别说明，在插入和锁止卡夹时开展此检测。

校准 系统检查 维护 终端 日志

系统检查 | 指令

全面检查

探测器检测

过滤器检查

运动检查

渗漏检测

探测器检测结果
所获得的数值必须大于或等于 200。
否则请联系QIAGEN技术服务部。

探测器检测时，获得了以下数值：

C01	C02	C03	C04	C05	C06	C07	C08	C09	C10	C11	C12
2175	2075	2278	1143	4046	2126	7263	1983	3343	2603	3103	2350
2335	2227	2265	1151	4186	2078	7144	2127	3347	2631	3094	2358
2271	2111	2396	1214	4190	2047	7315	1919	3222	2623	3103	2431
2351	2270	2279	1119	4215	2110	7294	1991	3323	2679	3071	2351
2287	2231	2343	1167	4014	2111	7259	2015	3274	2587	3172	2455
2303	2189	2303	1197	4150	2126	7348	2047	3355	2671	3046	2351
2335	2127	2239	1167	4159	2079	7420	2079	3407	2559	3102	2279
2367	2126	2319	1191	4223	2106	7245	1975	3446	2591	2974	2302
2303	2199	2303	1151	4149	2047	7178	1963	3263	2591	3003	2319
2303	2063	2212	1199	4223	2059	7194	2111	3342	2543	3148	2239
2335	2123	2226	1119	4347	1951	7310	1884	3263	2585	3103	2235
2175	2140	2255	1146	4247	1983	7191	2026	3246	2551	3046	2359
2175	2188	2199	1165	4071	2095	7388	1983	3254	2527	3103	2327
2271	2170	2207	1151	4191	1981	7338	2079	3326	2651	3039	2326
2303	2138	2236	1175	4182	2039	7183	1983	3228	2591	3054	2319
2303	2139	2351	1167	4253	2047	7247	2015	3263	2653	3019	2279
2367	2175	2156	1207	4213	2103	7228	1911	3158	2584	3086	2250

OK

完成！
探测器检测完成，同时保存了相应结果。

再次开始

探测器检测完成。

过滤器检查

在极少数情况下，QIAxcel Advanced 仪器内部的排胶过滤器将被残留凝胶堵塞。利用“过滤器检查”可发现这种堵塞。这大约需要2分钟。在检查结束时，显示过滤器状态（合格或失败），并保存结果。

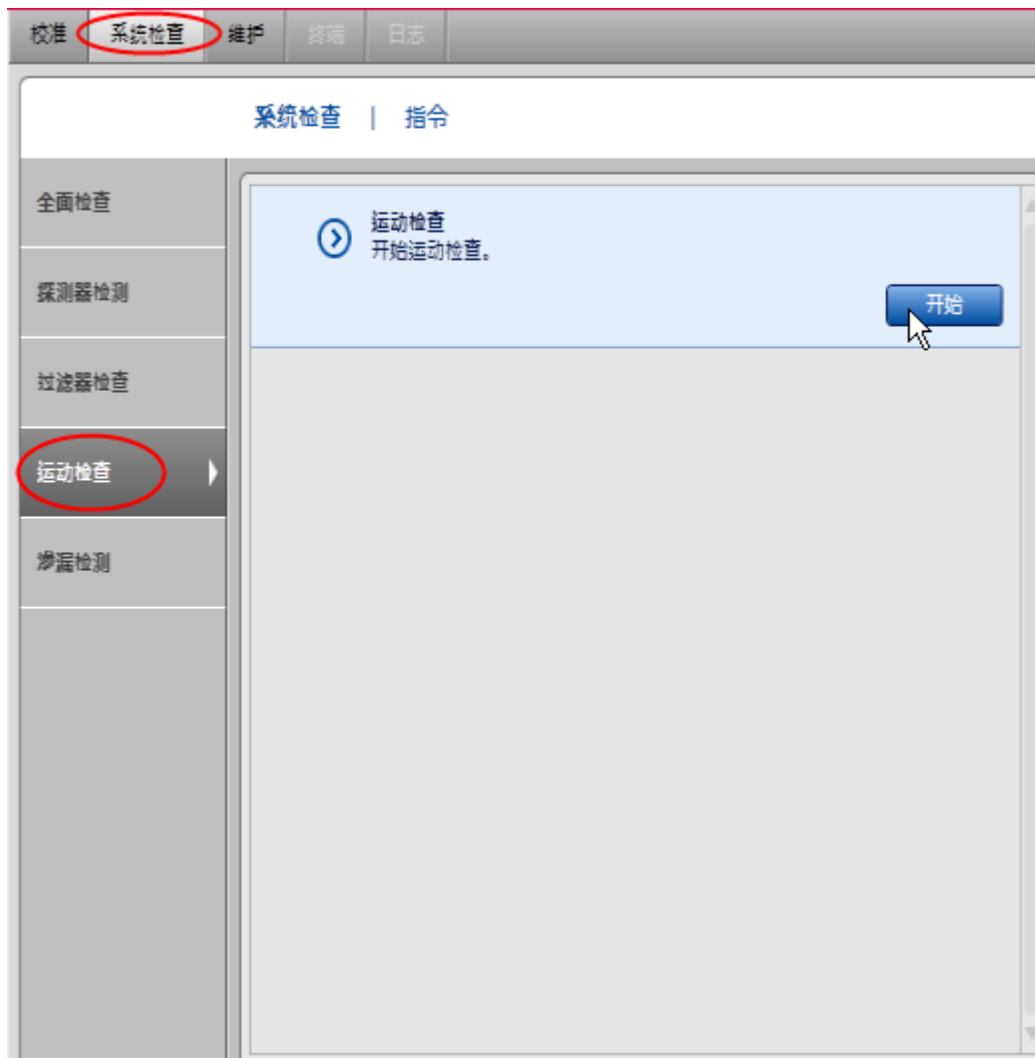
注意：检查时需要一张干净的纸巾，如Kimwipe。

按照向导中的指示开展“过滤器检查”。



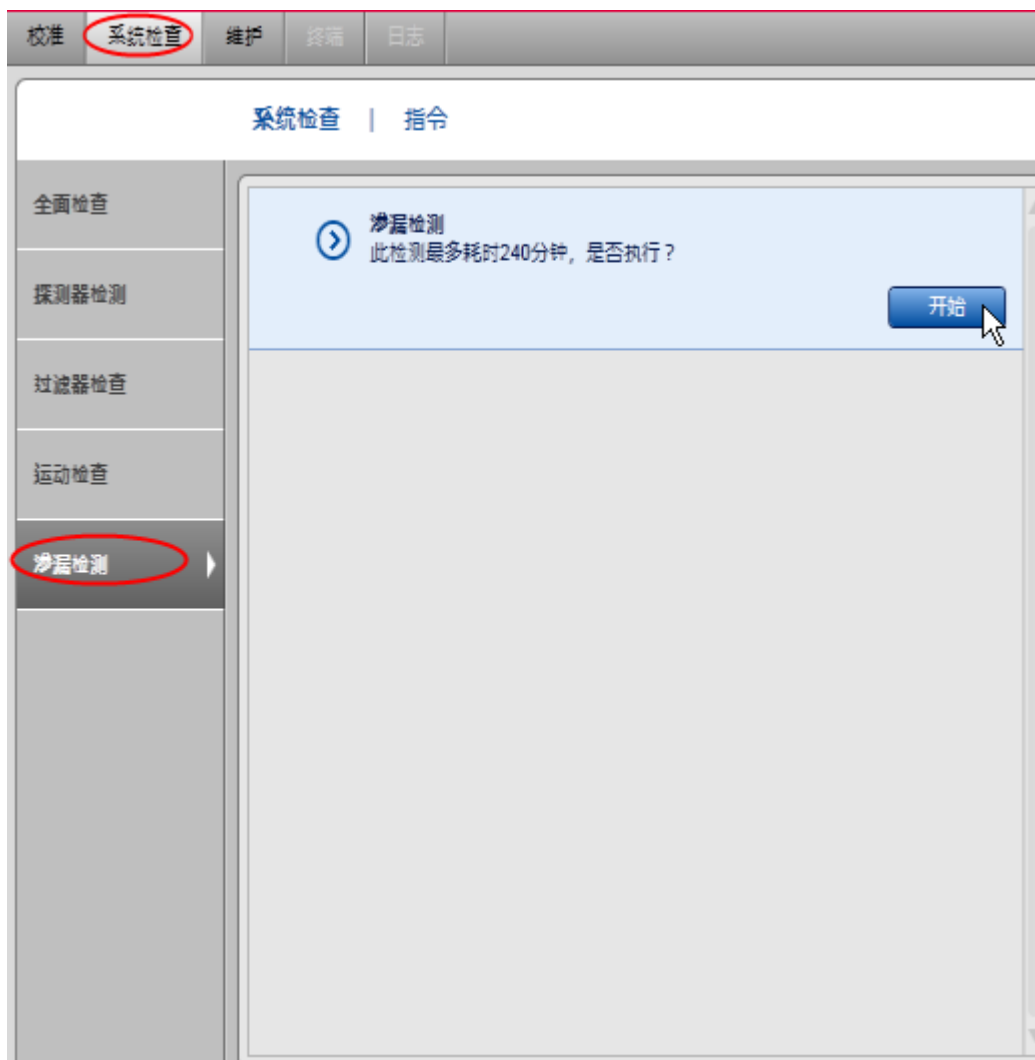
运动检查

运动检查”确认支架电机和支架传感器功能是否达到预期。这种检测是全自动的，除了取出卡夹，其余步骤无需用户干预。本项操作只需几秒。在检测结束时，会显示检测概况（合格或失败）并保存结果。



渗漏检测

“渗漏检测”检查了 QIAxcel Advanced 仪器中氮气管道的渗漏情况。这种全自动的检测大约需要240 分钟。如果检测到渗漏，则在检测后软件会计算渗漏速率，并保存检测结果。



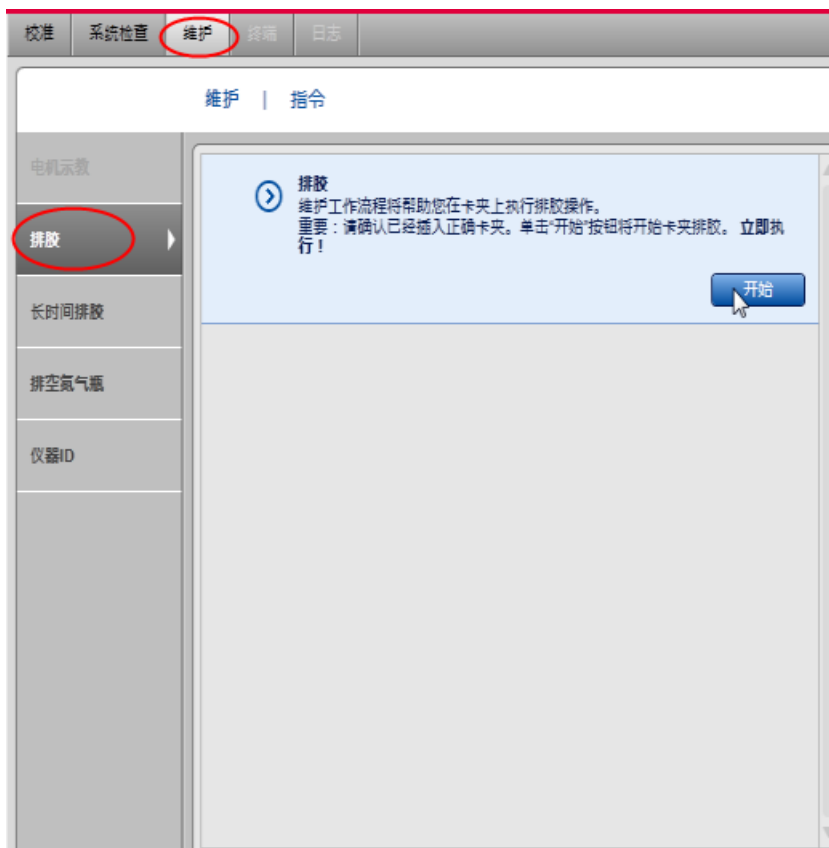
维护

服务”环境的维护界面提供了QIAxcel Advanced 仪器和卡夹的一些维护和故障排除程序：

- 电机示教 (仅适用于维修人员; 此处不作介绍)
- 排胶
- 长时间排胶
- 排空氮气瓶
- 设置仪器ID
- 故障排除文件夹

排胶

排胶”方法让用户能够去除凝胶卡夹中的气泡，并清洁毛细管。此过程是全自动的，不到一分钟即可完成。



长时间排胶

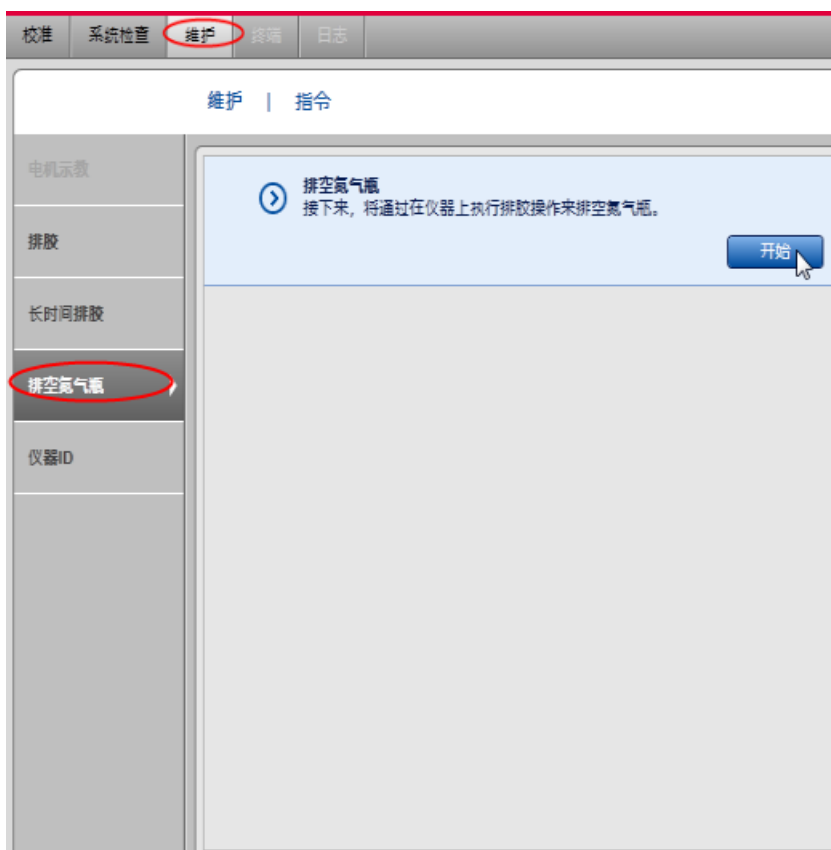
“长时间排胶”方法让用户能够去除凝胶卡夹中的气泡，并彻底清洁毛细管。此过程是全自动的，大约需要3分钟。



排空氮气瓶

如果要取出加压的氮气瓶，您必须先释放剩余的压力。排空氮气瓶”功能清空氮气，这大约需要一分钟。

注意：您必须先取出QIAxcel 凝胶卡夹，才能开展此功能。



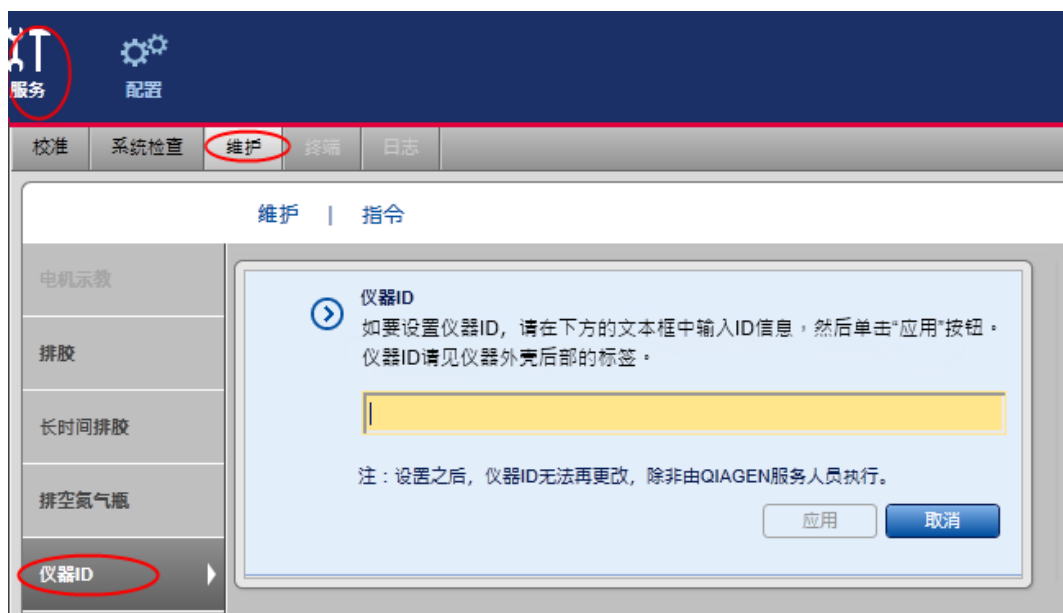
重要：重复此操作，直至排胶操作最后听不到嘶嘶声。

设置仪器 ID

只有当设备完成连接且仪器的ID尚未设定时，才可设置QIAxcel设备的ID（序列号）。用户可在仪器外壳的后侧标签上找到仪器ID。

仪器ID被用于认证每一台设备，并检查卡夹是否在某一设备上被校准（参见[校准卡夹](#)）。

重要：请在点击“应用”按钮之前确保您输入了正确的仪器ID。一旦设定完成，除非是QIAGEN的服务人员进行操作，否则仪器ID即无法再次更改。



故障排除文件夹与日志文件

故障排除文件夹”功能允许导出某一特定时期生成的日志文件和检测结果。

如需导出日志文件或检测结果，请进行如下操作：

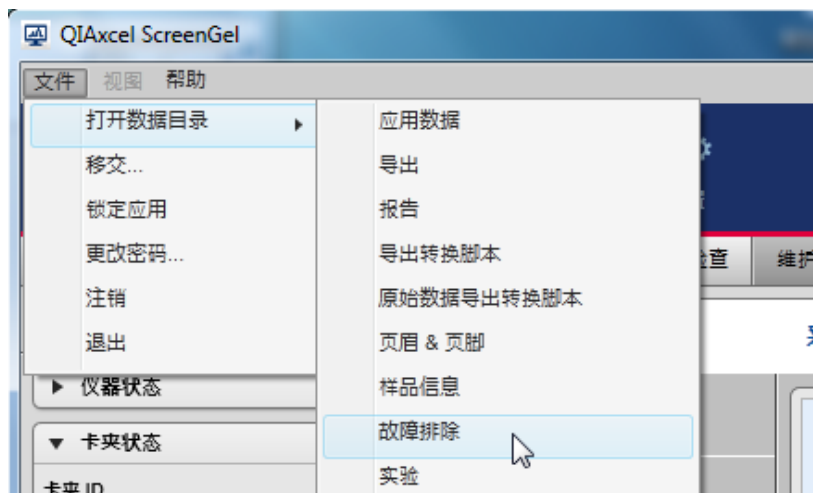
1. 切换至“服务”环境。
2. 选择“维护”或“系统检查”界面。
3. 点击位于界面底部的“故障排除文件夹”。本操作将打开以下对话框：

记录周期	
起始日期	截至日期
9/4/2014 15	9/5/2014 15

结果	日志信息
<input checked="" type="checkbox"/> 探测器检测	<input type="checkbox"/> Main
<input type="checkbox"/> 过滤器检测	<input checked="" type="checkbox"/> Error
<input type="checkbox"/> 渗漏检测	<input type="checkbox"/> Ivd
<input type="checkbox"/> 传感器/运动检测	<input checked="" type="checkbox"/> Instrument
	<input type="checkbox"/> User

选择需要导出的信息。

4. 选择检测结果生成或问题发生的时间段。在大多数情况下，选择“起始日期”：昨天，和“截至日期”：今天。
5. 在“结果”列中，选择需要导出的检测结果。
6. 在“日志信息”列中，选择全部的日志文件类型。
7. 单击OK。导出的文件将保存于[设置](#)中所指定的“故障排除”目录下。
8. 如需浏览“故障排除”目录，从“文件”菜单中选择“打开数据目录→故障排除”选项。



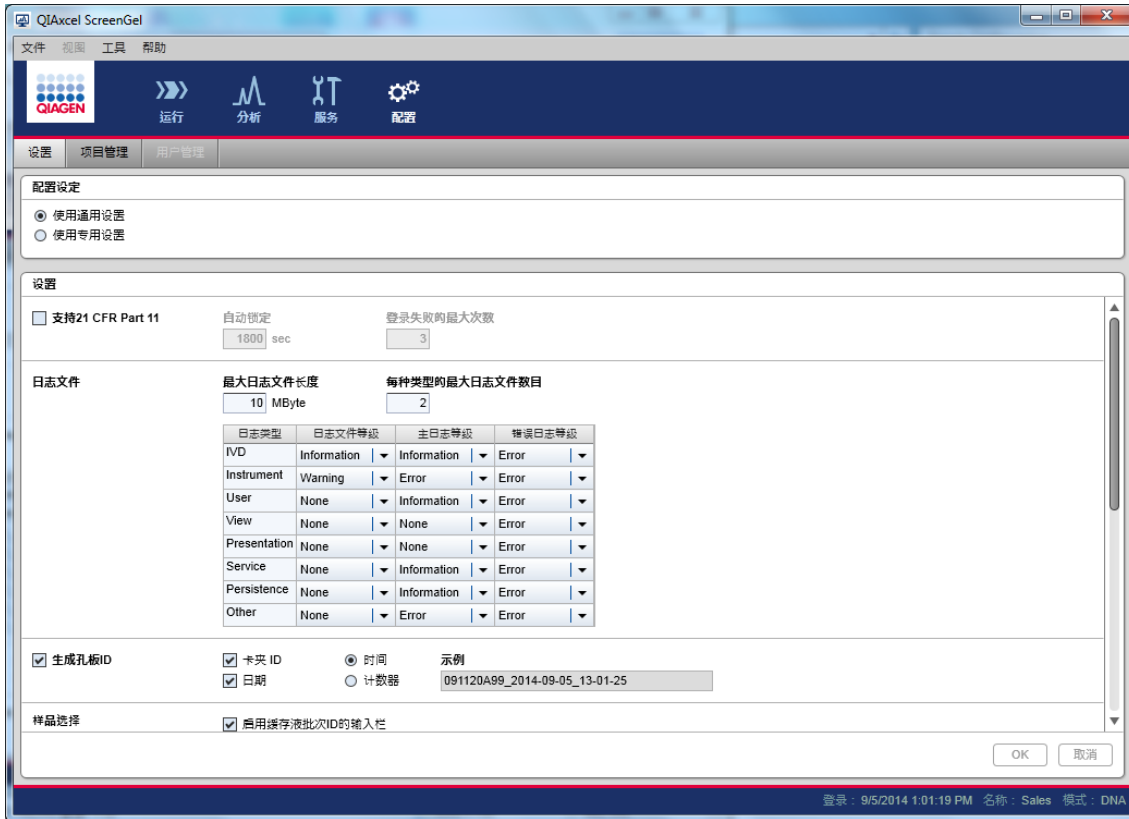
“打开数据目录”功能。

9. 选择刚刚创建的文件“Troubleshooting_..._zip”。

请参考 [设置](#) 章节以获得关于日志文件级别的相关信息。

配置

在“配置”环境中可管理应用设置、用户和项目：



“配置”环境包含了激活的设置界面。

设置

QIAxcel ScreenGel软件的“配置”环境提供了一些设置选项，如下所述。

注意：通用设置选项对于“Routine User（常规用户）”或“Basic User（基本用户）”来说是只读的。请参阅[用户角色](#)，了解更多信息。

使用通用设置 通用设置选项用于设置不同用户都可分享的一般设置和谱。

使用专用设置 在使用专用设置时，一般设置和用户创建的谱都是私有专用的。

注意：只有当用户有权维护专用设置时，专用设置选项才激活（请参阅[用户管理](#)）。

根据功能性将设置分组。下表给出了设置概览：

支持21 CFR Part 11

21 CFR Part 11 FDA 关于电子记录的指引)所需的控制功能。选择此项，激活自动锁定功能，并可限制登录失败的次数。

选项	描述
自动锁定	超过指定的空闲时间后，系统自动锁定QIAxcel ScreenGel软件，运行进程正在进行时除外。如要解锁，用户必须再次登录。请参阅 用户认证 章节，了解如何解锁的更多信息。 注意：空闲时间是指无用户操作或仪器动作的时间。
登录失败的最大次数	在指定的登录失败次数达到后，系统自动锁定用户账户。只有 Administrator (管理员)才能解锁。

日志文件

QIAxcel ScreenGel软件会在一份主要日志文件中保存所有日志信息。此外，对于单独的日志信息类型 (IVD、仪器等)。除了独立的IVD日志文件 (审核索引)，其他所有日志文件都是英文的，如果软件语言不是英文，独立的IVD日志文件会有两份，一份为英文，一份为所选的语言。及报错信息等可以创建独立日志文件。

由下图中所示的等级开始设置。

最大日志文件长度

MByte

每种类型的最大日志文件数目

日志类型	日志文件等级	主日志等级	错误日志等级
IVD	Information ▾	Information ▾	Error ▾
Instrument	Warning ▾	Error ▾	Error ▾
User	None ▾	Information ▾	Error ▾
View	None ▾	None ▾	Error ▾
Presentation	None ▾	None ▾	Error ▾
Service	None ▾	Information ▾	Error ▾
Persistence	None ▾	Information ▾	Error ▾
Other	None ▾	Error ▾	Error ▾

日志文件的大小是有限的；文件大小可以通过“最大日志文件长度”选项进行设置。为了保证最新的日志文件始终可用，当日志文件达到最大长度时会建立一份新的文件。可以保存的日志文件的数目可以通过“每种类型的最大日志文件数目”进行设置。当某一类特定类型日志文件达到最大保存数量时，该类型下最旧的文件将被删除。

详细程度可以从“Critical (关键)”到“Verbose (详细)”进行设置。当选择“Critical (关键)”选项时，日志文件中仅会写入Critical (关键)日志信息。当选择“Verbose (详细)”选项时，所有的日志信息均会写入日志文件中。

注意：“Verbose (详细)”等级的日志文件设置可能降低QIAxcel ScreenGel软件的性能。对于每种日志及文件类型，请保证相关信息尽可能简短。由上图中所示的等级开始设置。

主日志文件会提供关于软件最后一次操作的总览信息。主日志文件的详细程度可以通过上表中的“主日志等级”栏进行设置。该选项描述了某一日志类型中多少信息会添加至主要日志文件中。

单独的日志文件的详细程度可以通过“日志文件等级”列进行设置。请提升报错跟踪类型日志文件的日志等级。

错误日志文件会提供关于最新一次错误概览。错误日志文件的详细程度可以在上述表格中的“错误日志等级”列中进行设置。该选项描述了错误日志文件中会记录某一日志类型的信息数量。通常情况下，错误日志文件中仅使用 **Error** (错误) 和 **None** (无) 的详细程度描述。

日志类型	描述
IVD	审计跟踪。当该信息包含在主日志文件中时，可以帮助了解最后一次的操作。
Instrument (仪器)	在出现通讯问题时，在特定时间范围内将“日志文件等级”提升至 Verbose (详细) 并重现相关情况可能是有帮助的。使用这些设置后，“仪器”日志文件很快就会达到最大日志文件长度（一次检测之后）。因此，请在情况发生后立即断开仪器连接，导出日志文件，然后将详细程度设置为 Warning (警告) 级。将“主日志等级”及“错误日志等级”列设置为 Error (错误) 等级详细程度，可以保持主日志文件及错误日志文件的概览特性。
User (用户)	追溯用户管理操作。
View (视图)	来自软件的用户界面图形的信息。
Presentation (演示)	来自软件的用户界面图形的信息。
Service (服务)	软件逻辑的信息。
Persistence (存储)	载入及保存的信息。若在载入及保存实验或谱时发生问题可以提升“日志文件等级”的详细程度。
Other (其他)	所有其他信息。

参见 [故障排除文件夹及日志文件](#) 部分来了解如何导出日志文件的相关信息。

生成孔板ID

当该选项可用时，可以规定自动生成的孔板ID是如何构成的。下述设置规定了孔板ID的构成。

<input checked="" type="checkbox"/> 生成孔板ID	<input checked="" type="checkbox"/> 卡夹ID	<input checked="" type="radio"/> 时间	示例 091120A99_2014-09-05_13-01-25
<input checked="" type="checkbox"/> 日期	<input type="radio"/> 计数器		

选项	描述
卡夹ID	当选择该选项时，生成的孔板ID中会在开头包含卡夹ID信息。
日期	当选择该选项时，生成的孔板ID会包含数据采集时的日期。若同时包含了卡夹ID，日期会位于卡夹ID之后。
时间或计数器	<p>确定了孔板ID如何具有唯一性：包含运行进程起始时间（包含小时、分钟以及秒）或者包含下一个孔板ID生成时增加的记数。</p> <p>注意：若在孔板ID自动生成后在运行设置时对其进行了编辑，则时间不会反映准确的运行进程起始时间，而会反映运行设置过程中孔板ID生成的时间。</p>

示例区域显示了一个生成的孔板ID的例子。

样品选择	<p>规定了哪些可选信息可以输入到流程向导的“样品选择”界面。</p> <table border="0"> <thead> <tr> <th style="text-align: left;">选项</th> <th style="text-align: left;">描述</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>启用缓冲液批号ID的输入栏</td> <td>若您希望提供缓冲液的批号ID，选择该选项。若未选择该选项，则您无法在运行设置过程中提供缓冲液的批号ID。</td> </tr> <tr> <td>启用Marker批号ID的输入栏</td> <td>若您希望提供Marker的批号ID，选择该选项。若未选择该选项，则您无法在运行设置过程中提供Marker的批号ID。</td> </tr> <tr> <td>提供样品信息</td> <td>若您通常会提供样品信息，则选择该选项。即使未选择该选项，您依然可以提供样品信息，不过需要在流程向导的“样品选择”界面手动选择“提供样品信息”选项。</td> </tr> <tr> <td>防止修改导入的样品信息。</td> <td>若您希望导入到样品信息的“rack”文件为“只读”，则选择该选项。</td> </tr> </tbody> </table>	选项	描述	启用缓冲液批号ID的输入栏	若您希望提供缓冲液的批号ID，选择该选项。若未选择该选项，则您无法在运行设置过程中提供缓冲液的批号ID。	启用Marker批号ID的输入栏	若您希望提供Marker的批号ID，选择该选项。若未选择该选项，则您无法在运行设置过程中提供Marker的批号ID。	提供样品信息	若您通常会提供样品信息，则选择该选项。即使未选择该选项，您依然可以提供样品信息，不过需要在流程向导的“样品选择”界面手动选择“提供样品信息”选项。	防止修改导入的样品信息。	若您希望导入到 样品信息 的“rack”文件为“只读”，则选择该选项。		
选项	描述												
启用缓冲液批号ID的输入栏	若您希望提供缓冲液的批号ID，选择该选项。若未选择该选项，则您无法在运行设置过程中提供缓冲液的批号ID。												
启用Marker批号ID的输入栏	若您希望提供Marker的批号ID，选择该选项。若未选择该选项，则您无法在运行设置过程中提供Marker的批号ID。												
提供样品信息	若您通常会提供样品信息，则选择该选项。即使未选择该选项，您依然可以提供样品信息，不过需要在流程向导的“样品选择”界面手动选择“提供样品信息”选项。												
防止修改导入的样品信息。	若您希望导入到 样品信息 的“rack”文件为“只读”，则选择该选项。												
仪器	<table border="0"> <thead> <tr> <th style="text-align: left;">选项</th> <th style="text-align: left;">描述</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>自动锁止卡夹</td> <td>若选择该选项，系统会在插入卡夹及闭合卡夹门后自动锁止卡夹。</td> </tr> <tr> <td>自动执行校准</td> <td>若选择该选项，则当插入的卡夹未经过校准时系统会自动进行卡夹校准。</td> </tr> <tr> <td>COM通道</td> <td>规定连接QIAxcel Advanced仪器的COM通道。登陆之后，系统会自动尝试通过指定的COM通道连接QIAxcel Advanced仪器。</td> </tr> </tbody> </table>	选项	描述	自动锁止卡夹	若选择该选项，系统会在插入卡夹及闭合卡夹门后自动锁止卡夹。	自动执行校准	若选择该选项，则当插入的卡夹未经过校准时系统会自动进行卡夹校准。	COM通道	规定连接QIAxcel Advanced仪器的COM通道。登陆之后，系统会自动尝试通过指定的COM通道连接QIAxcel Advanced仪器。				
选项	描述												
自动锁止卡夹	若选择该选项，系统会在插入卡夹及闭合卡夹门后自动锁止卡夹。												
自动执行校准	若选择该选项，则当插入的卡夹未经过校准时系统会自动进行卡夹校准。												
COM通道	规定连接QIAxcel Advanced仪器的COM通道。登陆之后，系统会自动尝试通过指定的COM通道连接QIAxcel Advanced仪器。												
上升时间	<p>上升时间是数据采集过程中用于原始数据处理的贝瑟尔滤波器参数。该参数通常不应进行改动，除非您了解贝瑟尔滤波器的功能及改变上升时间参数的影响。</p>												
目录	<p>指定采集到的原始数据及其他应用数据的目录。</p> <p>下方所列的目录列表的基本目录最初（例如，在QIAxcel ScreenGel安装完成后）为应用数据目录，其是在QIAxcel ScreenGel软件的安装过程中所指定的。所有这些目录均可进行配置。</p> <p>下述的目录均可进行指定：</p> <table border="0"> <thead> <tr> <th style="text-align: left;">目录名称</th> <th style="text-align: left;">描述</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>导出</td> <td>默认导出目录。这是生成导出文件的默认目录，除非在导出谱中选定了另一个目录。</td> </tr> <tr> <td>报告</td> <td>默认报告目录。这是生成报告文件的默认目录，除非在导出谱中选定了另一个目录。</td> </tr> <tr> <td>页眉&页脚</td> <td>报告页眉及页脚的目录。在报告生成过程中，系统会在该目录下查找报告中应当包含的页眉及页脚。</td> </tr> <tr> <td>样品信息</td> <td>导出或导入样品信息的默认目录。参见启动运行或使用高级选项运行一个进程。在默认目录%DATA_DIR%\SampleInfo下可以找到一份示例的导入“rack”文件。</td> </tr> <tr> <td>故障排除</td> <td>在故障排除文件夹中生成的文件的保存目录。</td> </tr> </tbody> </table>	目录名称	描述	导出	默认导出目录。这是生成导出文件的默认目录，除非在导出谱中选定了另一个目录。	报告	默认报告目录。这是生成报告文件的默认目录，除非在导出谱中选定了另一个目录。	页眉&页脚	报告页眉及页脚的目录。在报告生成过程中，系统会在该目录下查找报告中应当包含的页眉及页脚。	样品信息	导出或导入样品信息的默认目录。参见 启动运行 或 使用高级选项运行一个进程 。在默认目录%DATA_DIR%\SampleInfo下可以找到一份示例的导入“rack”文件。	故障排除	在 故障排除文件夹 中生成的文件的保存目录。
目录名称	描述												
导出	默认导出目录。这是生成导出文件的默认目录，除非在导出谱中选定了另一个目录。												
报告	默认报告目录。这是生成报告文件的默认目录，除非在导出谱中选定了另一个目录。												
页眉&页脚	报告页眉及页脚的目录。在报告生成过程中，系统会在该目录下查找报告中应当包含的页眉及页脚。												
样品信息	导出或导入样品信息的默认目录。参见 启动运行 或 使用高级选项运行一个进程 。在默认目录%DATA_DIR%\SampleInfo下可以找到一份示例的导入“rack”文件。												
故障排除	在 故障排除文件夹 中生成的文件的保存目录。												

实验	该目录含有2个亚目录：“DNA”和“RNA”。实验数据文件 (来自进程运行结果或包含“分析”环境中生成的结果)默认保存在这些亚目录 (根据应用模式不同)中,除非在运行谱中选择了其他目录。
本地实验	在一次操作过程中,实验会保存在该目录下。编码至% DATA_DIR%\LocalExperiment 下。当操作完成时,该实验会移至运行谱中指定的实验路径下。即便该转移失败时 (例如,当通过远程驱动时,其他人绊倒了网线),在本地实验目录下仍然可以找到相应实验。
导出转换脚本	该目录下包含用于转换导出的XML文件的XSLT脚本。XSLT是一种说明性语言,可以将导出的XML文件转换为另一种格式,例如另一份XML、HTML或纯文本格式。可以在默认目录% DATA_DIR%\ReportExportProfile\XSLT_Export 中找到XSLT示例文件,该文件可用于将导出文件转换为.csv格式的文件。
原始数据导出转换脚本。	该目录包含用于转换原始数据导出XML文件的XSLT脚本。可以在默认目录 % DATA_DIR%\ReportExportProfile\XSLT_RawExport 中找到XSLT示例文件,该文件可用于将导出的原始数据转换为.csv格式的文件。

注意:上述目录可直接通过 QIAxcel ScreenGel软件主菜单中的“文件”/“打开数据目录”选项在Windows 浏览器中打开。

大多数设置更改在点击“OK”后会立即生效。下述表格中列出了需要进行额外操作的设置选项:

生成孔板ID设置	在下次登陆后生效。
仪器-COM通道	在重新连接仪器后生效。 注意:点击“OK”后,系统会要求你重新连接至新的COM通道。
目录	下次登陆。

改变语言

查看该软件支持的语言种类或更改语言种类

1. 在“文件”菜单选择“语言”选项。
2. 在下拉菜单中选择语言。
3. 关闭和重启软件。

项目管理

QIAxcel ScreenGel软件的一些对话框允许创建新谱，例如分析谱、size marker 表和参照Marker 表。项目管理”中列举了按类型分组的所有谱。利用“项目管理”可打印谱详情或删除谱。

The screenshot shows the '项目管理' (Project Management) tab in the software interface. A dropdown menu for '谱类型' (Spectrum Type) is set to '分析谱' (Analysis Spectrum). Below it is a table with the following data:

	名称	创建时间	修改时间
🔒	默认DNA v2.0	8/18/2014 10:20:34 PM	8/26/2014 1:23:42 PM
🔒	默认DNA	8/18/2014 10:20:34 PM	8/26/2014 1:23:42 PM
🔒	默认Fast Analysis v2.0	8/18/2014 10:20:34 PM	8/26/2014 1:23:42 PM
🔒	默认Fast Analysis	8/18/2014 10:20:34 PM	8/26/2014 1:23:42 PM
🔒	默认RNA	8/18/2014 10:20:34 PM	8/26/2014 1:23:42 PM
🔒	默认弥散状DNA	8/18/2014 10:20:34 PM	8/26/2014 1:23:42 PM

At the bottom right of the dialog, there are two buttons: '打印' (Print) and '删除' (Delete).

注意：标有锁定符号的谱是QIAGEN 提供的默认谱。这些谱无法删除。

用户管理

Administrator (管理员) 有权访问“用户管理”标签页，并在此修改用户账户：

The screenshot shows the 'User Management' interface. At the top, there are tabs for '设置' (Settings), '项目管理' (Project Management), and '用户管理' (User Management), with '用户管理' selected. Below the tabs is a table listing users with columns for '用户 ID', '角色', '名', '姓', 'DNA', 'RNA', '专用设置', '跳过运行检查', '修改样品信息', '接受不完整的实验', '最近一次修改密码', and '创建时间'. The table contains three rows: Administrator, 张小兰 (Basic User), and 王华 (Advanced User). Below the table is a form titled '定义用户账户' (Define User Account) with a '添加' (Add) button. The form includes fields for '用户 ID', '初始密码', '名', '角色', '确认密码', '姓', '模式' (with checkboxes for DNA and RNA), and '选项' (with checkboxes for '已激活', '支持专用设置', '可跳过运行前检查确认', '可在进行结束后修改样品信息', and '可接受不完整的实验'). There are '应用' (Apply) and '取消' (Cancel) buttons at the bottom right of the form.

用户 ID	角色	名	姓	DNA	RNA	专用设置	跳过运行检查	修改样品信息	接受不完整的实验	最近一次修改密码	创建时间
Administrator	Administrator			✓	✓	✓				8/27/2014 8:13:27 PM	1/4/2014 12:00
张小兰	Basic User			✓	✓				✓	9/9/2014 9:03:18 PM	9/9/2014 9:02:5
王华	Advanced User	华	王	✓	✓	✓	✓	✓	✓	9/5/2014 11:14:23 AM	9/5/2014 11:13:
王晓华	Advanced User			✓	✓	✓	✓			9/9/2014 9:02:51 PM	9/9/2014 9:02:2

用户管理。

编辑用户账户

如果要编辑现有的用户账户：

1. 选择要修改的用户账户。
2. 详细信息显示在对话框的底部。
3. 根据需要修改参数。
4. 点击“应用”按钮。

注意：在“用户管理器”中，可更改现有用户账户的用户名、角色、密码和授权。用户 ID (登录名) 是用户的唯一标识符，不能被更改。

添加用户

如果要添加新用户：

1. 点击“添加”按钮。
2. 指定一个尚未使用的用户 ID、用户角色和密码。关于用户角色的详细信息，请参阅[用户角色](#)章节。

注意：密码必须包含一个大写字母，一个小写字母和一个数字。密码的最短长度为 8 个字符。

3. 设置允许的模式和用户选项。
4. 点击“应用”按钮。

注意：您可以为一个人创建几个用户账户，赋予它们不同的用户 ID。这可能有助于分清不同的角色。

停用用户账户

用户账户不能删除，但如果用户不再处理 QIAxcel ScreenGel 软件的数据，那么他们的账户可以停用。

如果要停用用户账户：

1. 从用户列表中选择要停用的用户账户。
2. 在用户设置中取消勾选“已激活”选项。停用的用户将无法登录。
3. 点击“应用”按钮。

注意: 只有已激活的用户才显示在用户表格中。如果要显示停用的用户, 勾选用户表格下方的“显示停用的用户账户”复选框。

用户选项

支持专用设置 允许用户保留专用设置。

可跳过运行前检查确认 在进程向导的“运行检查”页面, 用户可以跳过检查信息的确认步骤。

可在运行结束后修改样品信息 允许用户在[实验浏览器](#)中修改样品信息。

可接受不完整的实验 如果一个实验未完成运行, 用户可在[实验浏览器](#)中将其标记为完成, 并忽略所有的警告。

维护程序

下列维护程序必须执行，以确保QIAxcel Advanced 的可靠操作：

- 清洁QIAxcel Advanced
- 轻微校正性维护

按照下列程序操作，确保QIAxcel Advanced 无灰尘和液体泄漏。

重要：在维修前请将电源线从电源插座上拔下。

维修


QIAxcel Advanced 提供为期1年的保修，从发货之日算起。保修包括因机械故障引起的所有维修。应用程序开发、软件升级、配件和一次性物品不在保修范围内。


QIAGEN 提供全面的服务支持协议，包括保修延长、全面覆盖支持协议，以及仪器/应用程序培训，包括现场安装。服务支持协议能最大限度地提高生产力，确保仪器的高性能。此外，维修历史将被全面记录，且所有部件都经过认证和保障。

联系您当地的QIAGEN 现场服务专家或当地经销商，了解关于QIAGEN 灵活的服务支持协议的更多信息。

清洁 QIAxcel Advanced

清洁剂

<p>注意</p> 	<p>仪器损坏 [C5]</p> <p>请勿使用漂白剂、溶剂、或含有酸、碱或研磨剂的试剂来清洁QIAxcel Advanced。</p>
---	--

<p>警告</p> 	<p>电击危险 [W11]</p> <p>请勿打开QIAxcel Advanced 的任何面板，本手册中介绍的除外。</p> <p>人身伤害和材料损坏的风险</p> <p>仅开展那些本用户手册中专门介绍的维护。</p>
---	---

仅使用湿布擦拭仪器。

仪器内部的样品板支架应偶尔使用柔软的湿布清洁。

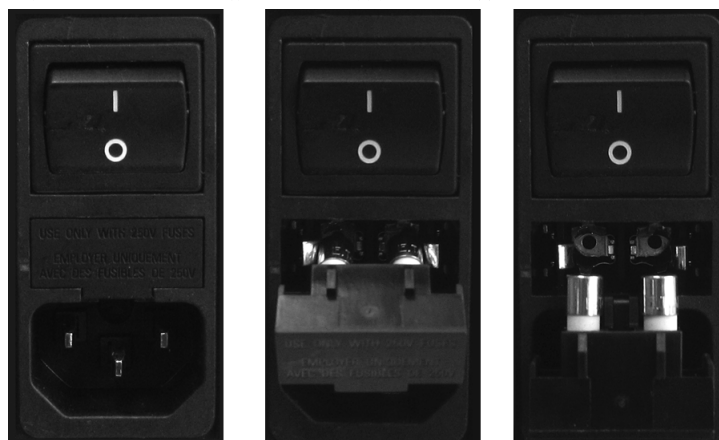
利用温和的去污剂洗涤缓冲液槽，用去离子水或反渗透水彻底冲洗，让它干燥，再装满新鲜的缓冲液。在使用新的QIAxcel 凝胶卡夹之前，应清洁缓冲液槽。

轻微校正性维护

本章节让您熟悉维护QIAxcel Advanced 或遇到失败时所需进行的行动。

保险丝的更换和清洁

1. 关闭QIAxcel Advanced 的主电源开关。
2. 从电源插座和仪器后面拔下电源线。
3. 使用一个小的平头螺丝刀取出位于电线插口上方的保险丝盒组件。



更换保险丝。

4. 更换保险丝。
只能用时间延迟4 安培、4 A 250 伏 (time-delay 4 Amp 250 V fuses), 标有“4A250V”的保险丝 (货号 9241178) 进行更换。如果没有可更换的保险丝, 请联系QIAGEN 的技术服务。
5. 重新插入保险丝盒组件, 并插上电线。
6. 打开电源, 检查仪器是否正常运行, 即检查状态面板中的状态改变 (请参阅[操作QIAxcel Advanced](#))。如果仪器不能正常运行, 或保险丝发生再次熔断, 请拔下插头, 并联系QIAGEN 的技术服务。

氮气瓶更换

当[状态信息](#)面板显示一个或两个低压警告时, 应更换氮气瓶。

取出旧的氮气瓶

注意: 如果要取出加压的氮气瓶, 必须先排空氮气瓶 (请参阅[排空氮气瓶](#)部分)。

1. 打开样品门, 取出缓冲液槽。
2. 轻轻提起氮气调节器的氮气瓶接口。不要超过制动孔。
3. 逆时针旋转氮气瓶, 让残留的氮气逐渐漏出。
注意: 根据当地法规, 按照可回收材料处理空的氮气瓶。

插入新的氮气瓶:

4. 按顺时针方向将新的、未刺穿的氮气瓶旋入接口。
重要: 只使用QIAGEN 提供的氮气瓶 (货号 929705)。
5. 直至接口内的针刺穿氮气瓶。请勿旋得过紧: 氮气瓶只能用手拧紧。
6. 轻轻按下氮气瓶, 直至它处于装载 (平躺) 位置。

可选的氮气供应

QIAxcel Advanced外部氮气接口 (位于仪器后面)可用于提供干净、无冷凝压缩的氮气。这个外部氮源可替代内部氮气瓶。调节之后的氮气最小输入压力必须是50 psi 345kPa，而最大输入压力不能超过75 psi 517 kPa。

果要连接外部氮气源，使用仪器附带的聚氨酯管 (内径2 mm x 外径3.18)，额定压力为150 psi。额外管道可单独购买 (货号 9018435)。

将聚氨酯管紧紧插入仪器后面的接头中，利用此管将外部氮气源的输出端与QIAxcel Advanced 连接。

打开外部氮源压力，将输入压力设在50-75 psi 345-517 kPa。

堵塞的排胶过滤器

在新的样品运行之前，通过向仪器的排胶气管和排胶口施加压力，可将新鲜的凝胶从卡夹的凝胶储液槽挤压到毛细管中。在少数情况下，当QIAxcel 凝胶卡夹未直立放置，或未维持平衡条件时，凝胶可能进入仪器的排胶气管。位于仪器内的排胶过滤器能够防止凝胶进入仪器的压力阀。进入过滤器或排胶气管中的凝胶将变干，从而堵塞过滤器或排胶气管。

如果要发现排胶过滤器或排胶气管的堵塞，可开展QIAxcel ScreenGel软件的过滤器检查。如果过滤器堵塞，需要更换排胶过滤器。在极少数情况下，排胶气管需要用水冲洗，以溶解堵塞排胶气管的凝胶碎片。

注意：只有当过滤器检测失败且管道堵塞时，才需要更换排胶过滤器和清洁排胶气管。

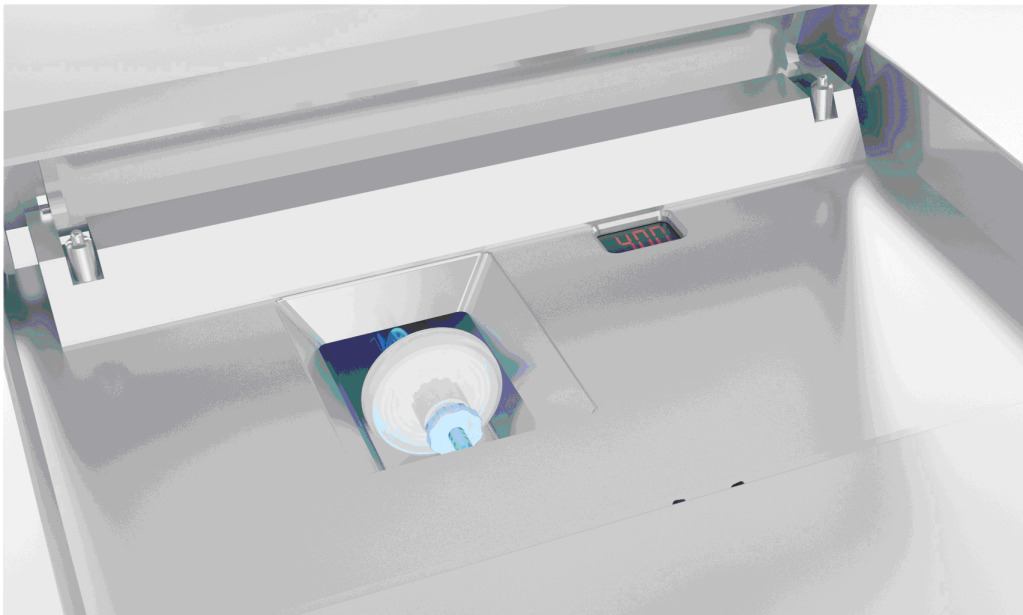
注意：无需将更换排胶过滤器或清洁排胶气管作为预防性维护。

开展过滤器检查

1. 打开QIAxcel Advanced。
2. 启动QIAxcel ScreenGel软件。
3. 在“服务”环境下访问“系统检查”标签页，按照向导开展过滤器检查（请参阅[过滤器检查](#)）。
4. 如果过滤器检查失败，更换过滤器并再次检测。

排胶过滤器的更换

1. 打开检修门。
2. 取出排胶过滤器。
注意：请勿用力拉扯管子。



3. 放入新的排胶过滤器，并与连接器紧紧连接。
4. 再次开展过滤器检查。
注意：如果过滤器检查再次失败，请联系QIAGEN技术服务。

向QIAGEN 订购额外的过滤器。

9021980 Set, Purge Filters (10), QX; 请联系QIAGEN 技术服务。

故障排除

本章节告诉您在使用QIAxcel Advanced 和QIAxcel ScreenGel时如果出现错误, 应如何操作。

如果您需就某个错误联系QIAGEN 的技术服务, 请记录导致错误的步骤以及弹出对话框中的信息。这将帮助QIAGEN 的技术服务专家解决问题。

请参考 [故障排除文件夹与日志文件](#) 章节以获得关于如何检索日志文件和系统测试结果的详细信息。

系统安装

意见和建议


仪器无法开机



- a) 未连接电源线
- b) 保险丝熔断

检查电源连接。
更换保险丝。

计算机软件无法与系统通信

- a) 未使用 RS232 电缆连接 PC 和系统
- b) 不正确的 COM 通道设置

检查 RS232 电缆的连接。要重试与仪器的连接，请在“运行”环境下单击软件中的  图标。

检查 COM 通道设置 (请参考 [设置](#) 章节)。在设置屏幕底部，单击确定确认更改。单击所示消息中的 ，再次连接到新选择的 COM 通道。如果看到  图标，表示仪器已做好运行准备。如果问题仍然存在，将仪器日志的日志级别更改为“详细” (请参考 [设置](#) 章节，以了解具体的操作方法信息)。关闭软件，然后将其重新启动并登录。等待“仪器不可用”消息出现。然后按 [故障排除文件夹与日志文件](#) 章节中所述的步骤收集故障排除文件夹。确保选中列表中右侧的方框以包括日志记录信息。将创建的文件发送至 凯杰技术支持。

- c) 仪器软件版本与软件版本不匹配



如果要在 QIaxcelScreenGel 与 BioCalculator 软件之间切换，请关闭打开的软件，使用电源开关将 QIaxcelAdvanced 关闭，等待 20 秒后再次将其打开，然后再启动另一个软件。确保同一时间只打开一个软件。


- d) 软件检测不到 COM 端口。


检查与 COM 端口有关的注册表项的用户权限。相关注册表项通常命名为 **HKEY_LOCAL_MACHINE\SYSTEM\ControlSet001\Enum\ACPI\PNP0501\XXXXXX\Device Parameters**。确保用户 **Everyone** 至少拥有该注册表项的读取权限，否则如果操作 QIaxcelScreenGel 的用户不具有管理员权限，COM 端口扫描程序 (在应用程序启动时调用) 可能会失败。

- e) 固件更新不成功

对于序列号为 30281 以及拥有更高序列号的仪器，QIaxcelScreenGel 软件自带最新的仪器软件。如果无法完成更新流程，则 QIaxcelAdvanced 仪器将无法连接到 QIaxcelScreenGel 软件。在此情况下，软件提供了可以重复更新流程的选项。请确保仪器与计算机之间的电缆连接正确。打开仪器。重新启动 QIaxcel

ScreenGel 软件并登录。等待  图标变为 。此时即表示仪器已再次做好运行准备。或者，会出现表示仪器不可用的消息。单击故障排除按钮。在下一则消息中，单击重试仪器更新。等待正在更新仪器对话框出现。耐心等待几分钟，直至更新完成，消息关闭。

如果更新成功，将看到  图标，表示仪器已做好运行准备。或

者，如果出现  图标，可将仪器日志的日志级别更改为“详细” (请参考 [设置](#) 章节，以了解具体的操作方法信息)，并重复上述步骤，以再次更新仪器。然后按 [故障排除文件夹与日志文件](#) 章节中所述的步骤收集故障排除文件夹。确保选中列表中右侧的方框以包括日志记录信息。将创建的文件发送至 凯杰技术支持。

意见和建议

笔记本电脑没有串行端口

有些笔记本电脑没有串行端口

请联系 PC 制造商, 请求提供正确的串行端口连接器。

QIAXcelScreenGel 软件无法启动

a) QIAXcelScreenGel 软件未安装

安装 QIAXcelScreenGel 软件。

b) 旧版 Microsoft Windows

QIAXcelScreenGel 软件可在 Windows 7 (32 位和 64 位) 和 Windows 10 (64 位) 上运行 更多详情, 请参考 [计算机和软件](#) 章节)。

操作

意见和建议

氮气瓶不能使用很长时间。

a) 气体泄漏

仔细检查氮气瓶, 确保其封接紧密。

b) 如果氮气瓶只能用几天, 则可能内部泄漏

联系 QIAGEN 的技术服务。

样品板支架无法移动

a) 加上了运输锁

取出运输锁

b) 样品门未关闭

关闭样品门

无法将卡夹插入系统

卡夹安装反了

确保卡夹前方 (带标签) 正对着仪器的前面, 并确认排胶进口气密封贴片已取下。

卡夹无法锁定

a) 氮气压力低

更换氮气瓶

b) 卡夹门打开

关闭卡夹门

c) 卡夹智能钥匙未插入

插入智能钥匙

无法运行系统

a) 样品门和/或卡夹门打开

关闭样品门和/或卡夹门

b) 卡夹智能钥匙未检测到

插入卡夹智能钥匙

c) 压力低

更换氮气瓶

QIAXcel ScreenGel 软件变慢

a) 在实验浏览器中打开了过多的实验

关闭打开的实验文件, 之后重新启动 QIAXcel ScreenGel 软件。尝试保持较少的打开实验的数目。

b) 同时运行了过多应用。

关闭所有不必要的应用。

为文件使用网络文件夹时遇到问题:

意见和建议

a) 网络文件夹未出现在文件对话框中

如果已由管理员等进行了映射，但网络文件夹仍然未在软件中出现，请尝试以下操作，使映射对所有 Windows 用户可见。删除现有映射。然后同时使用 netuse 命令与 UNC 名称来映射网络位置。例如，在命令提示符中，键入以下命令并按 Enter: netuse \\计算机名称\共享名 /user:用户名

必要时可请求当地 IT 部提供协助。

b) 打开网络文件夹的时间过长

如果您只使用网络文件夹的其中一个子文件夹，应直接映射到该子文件夹，而不要映射整个网络文件夹。按上述步骤使用 netuse 命令。

DNA 应用

意见和建议

通道中的DNA峰信号差异

新卡夹需要校准

校准卡夹 (请参阅[校准卡夹](#))。

通道中的峰迁移缓慢

a) 凝胶卡夹毛细管中有气泡

开展排胶或3分钟排胶(长时间排胶) (请参阅[维护](#)), 去除气泡, 或更换QX Separation Buffer(分离缓冲液)。

b) 因温度低而导致电流过低

提高室温。

c) 因毛细管尖端部分干燥而导致电流过低

开展排胶或3分钟排胶(长时间排胶), 清洁毛细管尖端 (请参阅[维护](#))。

QX Alignment Marker的信号弱

降解的/旧QX Alignment Marker

更换QX Alignment Marker。

通道中无信号

a) 无样品注入

检查样品体积 (最少10 µl)

b) 毛细管通道堵塞

通过排胶方法清除阻塞 (请参阅[维护](#))。如果这没有用, 更换卡夹。

c) 毛细管或卡夹中的光纤破裂

更换卡夹。

d) 光源问题 (LED 关闭)

检查所有LED 是否发光。联系QIAGEN 的技术服务。

e) 卡夹未排胶/排胶过滤器堵塞

开展过滤器检查。

通道中分辨率丧失

a) 一些通道的凝胶陈旧或通道堵塞

开展排胶或3分钟排胶(长时间排胶), 为通道中注入新胶, 或重复排胶几次, 去除堵塞 (请参阅[维护](#))。

b) 饱和信号

减少样品吸取时间或选择一个更合适的运行方式。

c) 卡夹过期

使用新的卡夹。

过宽或饱和的DNA峰/条带

a) DNA 浓度过高

用QX DNA Dilution Buffer 稀释DNA 溶液。

减少吸取时间。

选择一个适合高浓度DNA 样品的运行方式 (如0H 500 [请参阅[附录B](#)])

b) 通道破裂, 背景过高

致电QIAGEN 技术服务, 更换卡夹。

DNA 信号过低

a) DNA 浓度过低

增加吸取时间。

选择一个适合低浓度DNA 样品的运行方式 (如0L 500 [请参阅[附录B](#)])

b) 样品溶液中的盐浓度过高

脱盐或稀释DNA 样品, 降低盐浓度, 增加DNA 吸样量。

意见和建议

分离电流 (uA) 过低

- a) QX Separation Buffer 被污染 更换 QX Separation Buffer。
- b) 毛细管通道阻塞 更换 QI Axcel 凝胶卡夹。

分离电流 (uA) 过高

- a) QX Separation Buffer 被污染 更换 QX Separation Buffer。
- b) 样品溶液中的盐浓度过高 脱盐或用 QX DNA Dilution Buffer 稀释 DNA 样品。

凝胶图像文件夹中的数据挤在一起

- a) 在第一个峰之前或最后一个峰之后检测到多余的峰 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。在程序执行期间, 按照说明提高 Alignment Marker 阈值。
- b) 错误的峰被认做 Alignment Marker 的第一个峰或最后一个峰 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。在程序执行期间, 按照说明提高 Alignment Marker 阈值。
- c) 上面的 alignment marker 条带丢失或低于阈值的设置值 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。在程序执行期间, 按照说明提高 Alignment Marker 阈值。
- d) 样品信号太强, 导致 alignment marker 低于阈值的设置值 稀释样品或使用 H 方法进行样品分析 (请参阅 [附录 B](#))。

数据未对齐

- a) 上面的 alignment marker 条带丢失 更换新的 alignment marker。
- b) 因气泡引起的迁移问题 排胶并再次运行样品。
- c) 因温度过低引起的迁移问题 提高分离温度。
- d) 未点击“分析”环境中的“开始分析”按钮 点击“开始分析”按钮开始分析。
- e) 使用了不同的 alignment marker 的样品一起被可视化 从视图中移除使用了不同 alignment marker 的样品。
- f) 未正确识别 alignment marker 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。在程序执行期间, 按照说明调整分析参数。

结果表格中无大小检出

- a) 参照 marker 被关闭 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。选择正确的 marker 表格。
- b) 峰检测失败 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。在程序执行期间, 确保正确检测峰, 尤其是 alignment marker 峰。

错误的大小检出

- a) 使用了错误的参照 marker 表 按 DNA 样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。选择正确的 marker 表。

意见和建议

-
- b) 参照marker表设置错误
- 按DNA样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。确保设定了正确的alignment marker (参见 [检查 alignment marker](#))。确保参照marker表格中相对时间列和大小 (bp) 列的峰数量相同。
- 凝胶图像无大小刻度
- a) 数据未对齐
- 从视图中移除采用不同alignment marker的样品。按DNA样品分析中所述重复分析 [DNA 样品分析](#)。请确保所有的alignment marker峰都已正确识别。
- b) 使用了不同的参照Marker表分析样品
- 按DNA样品分析中所述使用相同的参照marker表重复分析所有样品 [DNA 样品分析](#)。
- 未创建所需的刻度类型
- a) 样品未经分析
- 单击“开始分析”按钮执行分析操作。
- b) 使用了不同的alignment marker的样品一起可视化
- 从视图中移除使用了不同alignment marker的样品。
- c) 未确定大小
- 按DNA样品分析中所述使用相同的参照marker表重复分析所有样品 [DNA 样品分析](#)。
- 上方的alignment marker被解析为双峰
- 高盐样品
- 稀释样品或更改参数设置。

RNA 应用

意见和建议

对齐被关闭

a) 第一个峰低于阈值

按 RNA 样品分析中所述重复分析 [RNA 样品分析](#)。在程序执行期间，按照说明减小 Alignment Marker 阈值。

如盐污染一类的污染都可导致个别通道的异常迁移，影响太大时可能会干扰正确对齐。对迁移延迟的样品，可使用较少样品或对RNA样品进行再次纯化。

b) 降解的/旧calibration marker

更换calibration marker。

未创建所需的刻度类型

a) 样品未经分析

单击“开始分析”按钮执行分析操作。

b) 使用了不同的alignment marker的样品一起可视化

从视图中移除使用了不同alignment marker的样品。

c) 未确定大小

按 RNA 样品分析中所述使用相同的有效参照 marker 表重复分析所有样品 [RNA 样品分析](#)。

rRNA 28S/18S 的比值过低

RNA 样品降解

更换RNA 样品。

RNA 样品的信号过低

a) RNA 样品的浓度低

将样品体积增加至5 µl。将样品与等体积的RNA loading buffer (RNA 上样缓冲液)混合。例如，如果使用了2 µl RNA 样品，则与2 µl RNA 上样缓冲液混合。

b) RNA 样品降解

更换RNA 样品。

RNA 峰过宽

a) RNA 样品降解

更换RNA 样品。

b) RNA 变性不完全

重复RNA 变性过程。

c) 缓冲液用太久了

每运行25轮次更换一次separation buffer (分离缓冲液)

只有18S RNA 峰被检测到

RNA 变性不完全

重复RNA 变性过程。

RNA的降解同样也会首先导致28S峰的缺失。

通道中的Calibration marker (校准marker) 信号差异

a) 新卡夹需要校准

校准卡夹 (请参阅[校准卡夹](#)部分)。

b) 卡夹强度校准不正确

校准卡夹 (请参阅[校准卡夹](#)部分)。

c) 降解的/旧QX Calibration Marker

更换QX Calibration Marker

一些通道的峰迁移延迟

词汇表

术语	描述
缓冲液槽	缓冲液槽是一个可移动的塑料槽，它位于QIAxcel Advanced 的缓冲液槽支架上，装有QX Separation Buffer和 Wash Buffer，以及QX Intensity Calibration Marker和 Alignment Marker。
缓冲液槽支架	缓冲液槽支架位于QIAxcel Advanced 内，样品门下方。在样品分析之前，将装有QX Separation Buffer和 Wash Buffer，以及QX Intensity Calibration Marker和Alignment Marker的缓冲液槽置于缓冲液槽支架内。
卡夹门	此门让QIAxcel 凝胶卡夹可加载到QIAxcel Advanced 内。在QIAxcel Advanced 的操作过程中，此门应保持关闭。
通道	每个QIAxcel 凝胶卡夹有12 个通道 (毛细管)，用于通过待分析的样品。
运行方式	运行方式是命令和参数的集合，可应用到单个样品运行。系统预装了多个默认运行方式。
矿物油	覆盖溶液和/或样品，以防止蒸发。
氮气门	氮气门位于样品门的右侧，允许氮气瓶的插入和取出。
位置	装载某些东西的架子/孔板的区域。具体例子是孔板中的孔和样品板支架中的插槽。
电源开关	位于QIAxcel Advanced 后面左下角的按钮。它让用户可打开和关闭QIAxcel Advanced。
运行谱”	本项定义了数据获得的设置。指定电泳运行的所有参数。
排胶口	排胶口位于QIAxcel Advanced 仪器内，与QIAxcel 凝胶卡夹的排胶进气孔对齐。
QX Alignment Marker	对齐Marker，允许校正样品的迁移时间。
QX DNA 或 RNA Dilution Buffer	稀释缓冲液，允许稀释高浓度的样品。
QX DNA或RNA Separation Buffer	分离缓冲液，实现QIAxcel 凝胶卡夹中DNA 或RNA 分子的分离。
QX DNA或RNA Size Marker	实现参照Marker 表的创建，让DNA/RNA 的大小和/或浓度确定成为可能。
QX DNA或RNA Wash Buffer	清洗缓冲液，用于毛细管尖端的清洗，以防止交叉污染。
QX Intensity Calibration Marker	强度校准Marker，实现每个新的凝胶卡夹中信号强度的校准。
样品门	此门让您能接触到样品板支架和缓冲液槽支架。在QIAxcel Advanced 的操作过程中，此门应保持关闭。
样品板支架	样品板支架位于QIAxcel Advanced 内，样品门的下方。用于分析的含有样品的96孔板或样品联管放在样品板支架上。

术语	描述
检修门	此门让您能接触到排胶过滤器和压力计。
智能钥匙	QIAxcel 凝胶卡夹附带的这个钥匙含有卡夹相关的信息 (如卡夹识别符、校准状态和运行轮次)。样品分析过程中, 智能钥匙应当插入 QIAxcel Advanced 的智能钥匙插槽中。
智能钥匙插槽	智能钥匙插槽让 QIAxcel Advanced 仪器能够读取和显示智能钥匙的信息。

附录

本附录包含了对技术数据、QIAxcel 的运行方式和配件，及数据分析算法的介绍，以及保修条款。

附录 A

技术数据

QIAGEN 保留随时更改参数的权利。

环境条件

操作条件

电源	100–240 V AC, 50–60 Hz, 360 VA
保险丝额定值	4 A (250 V) 延时保险丝 用于100–240 V AC
过压类别	II
温度	15–30°C (59–86°F)
相对湿度	10–75% (非冷凝)
海拔	不高于2000 m 6500 ft.
操作地点	仅限室内使用。
污染级别	2
环保分类	3K2 (IEC 60721-3-3)
运输条件	
温度	制造商包装内–25°C 至60°C –13°F 至140°F
相对湿度	不超过75% (非冷凝)
储存条件	
温度	制造商包装内15°C 至30°C 59°F 至86°F
相对湿度	不超过75% (非冷凝)

机械数据和硬件特征

尺寸 (关门)	宽: 370 mm (14.57 in.) 高: 405 mm (15.94 in.) 深: 555 mm (21.85 in.)
尺寸 (开门)	宽: 370 mm (14.57 in.) 高: 706 mm (27.80 in.) 深: 555 mm (21.85 in.)
重量	27 kg (59.52 lb.)
容量	每次运行最多96 个样品
软件	QIAxcel Advanced 附带的QIAxcel ScreenGel软件提供了默认的操作步骤。升级的操作步骤可从 www.qiagen.com/QIAxcelAdvanced 上下载。

废旧电气和电子设备 (WEEE)

本章节提供了用户处理废旧电气和电子设备的相关信息。

打叉的带轮垃圾桶标志 (见下图)表示本产品不能与其他废弃物一同处理;根据当地的法律和法规,它必须送到经过批准的处理机构或指定的收集点进行回收。

处理时废旧电子设备的单独收集和回收有助于节约自然资源,并可同时确保该产品是以保护人类健康和环境的方式进行回收的。



一经要求, QIAGEN 可提供回收服务,但收取额外的费用。在欧盟,根据特定的WEEE 回收要求,当QIAGEN 提供替代产品时,它也提供带WEEE标志电子设备的免费回收。

如果要回收电子设备,请联系您当地的QIAGEN 销售办事处索取必需的表格。一旦提交表格, QIAGEN 将会联系您索取安排电子废弃物收集的后续信息,或为您提供单独的报价。

FCC 声明

美国联邦通讯委员会” USFCC 47 CFR 15.105 宣布，本产品的用户必须被告知以下事实和情况。

本设备符合FCC的第15部分条款。其操作符合以下两个条件：(1) 本设备不会造成有害干扰，(2) 本设备必须接受任何外来干扰，包括那些可能导致意外操作的干扰。

这种B类数字设备符合加拿大ICES-003。

下列声明适用于本手册所覆盖的产品，除非另有说明。其他产品的声明将出现在所附文件上。

注意：根据FCC规定中的第15部分条款，本设备经过检测，并符合B类数字设备的限制。当设备在住宅环境中安装时，这些限制旨在提高合理的保护，防止有害干扰。本设备产生、使用和可能辐射无线电频率能量，如果不按照说明书安装和使用，可能会对无线电通讯造成有害干扰。但是，在特定安装中并不保证不产生此类干扰，如果该仪器确实对收音机和电视接收造成了有害干扰，请通过关闭和打开仪器来确认，鼓励用户通过以下措施改善这种干扰：

- 重新调整或放置接收天线。
- 增加设备与接收器之间的距离。
- 将设备连接至与接收器不同的电路中的电源插座。
- 咨询销售商或有经验的收音机/电视技术人员以求得帮助。



QIAGEN GmbH, Germany 对本设备的未经授权改造或连接非QIAGEN GmbH, Germany 指定的连接电缆和设备不负有任何责任。这种未经授权的改造、替换或连接所引起的干扰校正应当由用户负责。

符合声明

合法制造商的名字和地址

QIAGEN GmbH
QIAGEN Strasse 1
40724 Hilden
德国

可以通过凯杰技术支持获取一份最新的一致性声明。

附录 B

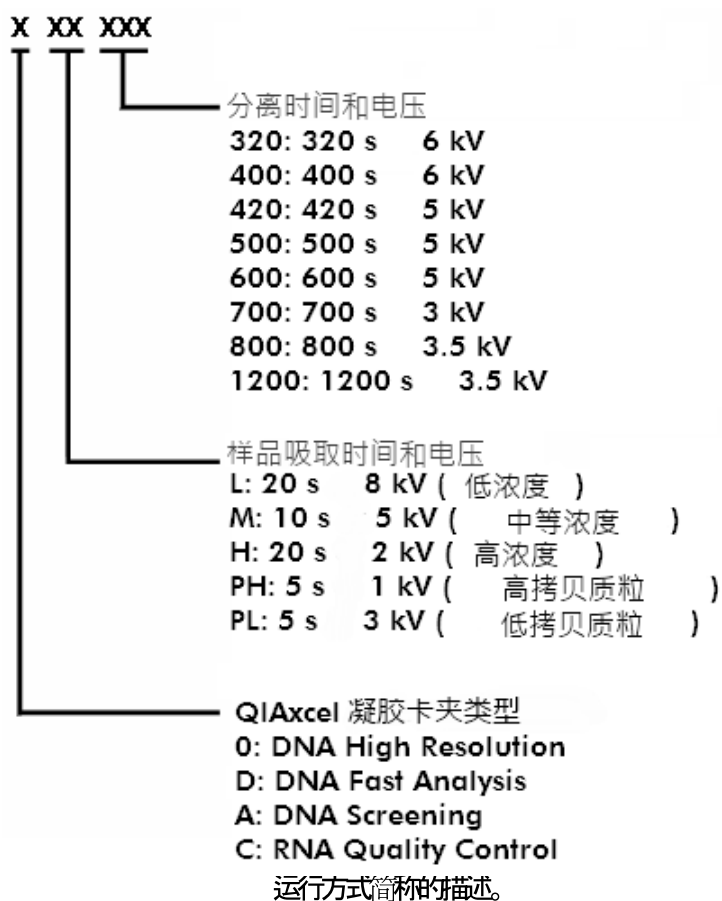
QIAxcel Advanced 的运行方式

每个QIAxcel卡夹都拥有多个默认运行方式。注意，只有特定卡夹类型适用的运行方式才能被选择。

注意 如果您需要创建一个自定义运行方式，请联系QIAGEN的技术服务。

DNA/RNA 运行方式

每个运行方式名都是一个缩写，提供了正在使用的特定QIAxcel试剂盒/QIAxcel凝胶卡夹的信息，样品吸取时间和电压，以及分离时间和电压，如下文所述。



请在下面找到每个QIAxcel凝胶卡夹类型可用运行方式的完整列表，以及关于其相关片段大小和最佳分辨率的信息。

QIAxcel DNA High Resolution (高分辨率)运行方式

QIAxcel DNA High Resolution (高分辨率)凝胶卡夹是为高分辨率 3–5 bp 的基因分型、高分辨率多重PCR和小于20个片段的AFLP/RFLP分析而设计的。此凝胶卡夹可分离大小在15 bp–10 kb之间的片段。分辨率取决于片段大小和选择的运行方式：

使用QIAxcel DNA High Resolution Kit的运行方式选择指引

运行方式	片段大小			
	100–500 bp	500 bp – 1 kb	1–5 kb	5–10 kb
0M400*	20 bp	100 bp	500 bp	N/A
0L400†				
0H400‡				
0M500*	10 bp	50 bp	200 bp	N/A
0L500†				
0H500‡				
0M700*	3–5 bp	N/A	N/A	N/A
0L700†				
0H700‡				
0M800*	3–5 bp	N/A	N/A	N/A
0L800†				
0H800‡				
0M1200*	N/A	N/A	500 bp – 1 kb	1– 1.5 kb
0L1200†				
0H1200‡				

* 对于10–100 ng/μl的DNA浓度(如对基因组DNA经过30–40个循环扩增的PCR产物)，我们建议使用0M400 0M500 0M700 0M800和0M1200运行方式。

† 对于<10 ng/μl的DNA浓度，我们建议使用0L400 0L500 0L700 0L800和0L1200运行方式。

‡ 对于>100 ng/μl的DNA浓度(如高产量PCR产物)，我们建议使用0H400 0H500 0H700 0H800和0H1200运行方式。

M 运行方式

对于 10–100 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 0M400, 0M500, 0M700, 0M800 和 0M1200 运行方式。

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
0M400	5	10	6	400
0M500	5	10	5	500
0M700†	5	10	3	700
0M800	5	10	3	800
0M1200	5	10	3.5	1200

*可调整样品吸取时间 (最少 1 秒; 最多 60 秒)。如果信号已饱和，峰信号表现为平顶端，则减少吸取时间。如果信号低于默认阈值的 5%，则增加样品吸取时间。

†我们推荐换用 0M800 运行方式。

L 运行方式

对于 <10 ng/μl 的 DNA 浓度，我们建议使用 0L400, 0L500, 0L700, 0L800 和 0L1200 运行方式。

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
0L400	8	20	6	400
0L500	8	20	5	500
0L700†	8	20	3	700
0L800	8	20	3	800
0L1200	8	20	3.5	1200

*可调整吸取时间 (最少 1 秒; 最多 60 秒)。如果信号已饱和，峰信号表现为平顶端，则减少吸取时间。如果信号低于默认阈值的 5%，则增加样品吸取时间。

†我们推荐换用 0L800 运行方式。

H 运行方式

对于 >100ng/μl 的DNA 浓度, 我们建议使用0H400, 0H500, 0H700, 0H800 和0H1200 运行方式。

运行方式	样品吸取电 压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
0H400	2	20	6	400
0H500	2	20	5	500
0H700†	2	20	3	700
0H800	2	20	3	800
0H1200	2	20	3.5	1200

* 可调整吸取时间 (最少 1 秒; 最多 60 秒)。如果信号已饱和, 峰信号表现为平顶端, 则减少吸取时间。如果信号低于默认阈值的5%, 则增加样品吸取时间。

† 我们推荐采用0H800运行方式代替。

注意: 未纯化的PCR 产物包含dNTP 和引物也可能会贡献光密度 (OD), 从而造成DNA 浓度的过高估计。

QIAxcel DNA Screening 运行方式

QIAxcel DNA Screening 试剂盒是为低分辨率 (>20bp) 的基因分型、低分辨率多重PCR、单个PCR 筛查、质粒DNA 消化检查, 质粒和寡核苷酸DNA, 和gDNA (基因组DNA) 的质量检查而设计的。此凝胶卡夹可分离大小在15 bp-5 kb 之间的片段。分辨率取决于片段大小和选择的运行方式:

使用QIAxcel DNA Screening 试剂盒的运行方式选择指引

运行方式	片段大小		
	<500 bp	500 bp – 1 kb	1–5 kb
	最佳分辨率		
AM320*	20 bp	100 bp	500 bp
AL320†			
AH320‡			
AM420*	20 bp	100 bp	500 bp
AL420†			
AH420‡			
APH600	检测未切割质粒DNA		
APL600			
AM900	检测gDNA (基因组DNA) 质量		

* 对于10–100 ng/μl 的DNA 浓度 (如基因组DNA 扩增后 [30–40 个循环] 的PCR 产物), 我们建议使用AM320 和AM420的运行方式。

† 对于 <10 ng/μl 的DNA 浓度, 我们建议使用AL320 和AL420 的运行方式。

‡ 对于 >100 ng/μl 的DNA 浓度 (如高产量PCR 产物), 我们建议使用AH320 和AH420 的运行方式。

M 运行方式

对于10–100 ng/μl 的DNA 浓度，我们建议使用AM320 和AM420 运行方式；对于洗脱液中的高拷贝质粒DNA 50–300 ng/μl ，我们建议使用APH600 运行方式；对于使用硅胶法所纯化的基因组DNA的视图化质量检测，则推荐使用AM900运行方式。

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
AM320	5	10	6	320
AM420	5	10	5	420
APH600	1	5	6	600
AM900	2	40	3.5	900

L 运行方式

对于<10 ng/μl 的DNA 浓度，我们建议使用AL320 和AL420 运行方式；对于洗脱液中的低拷贝质粒DNA (<50 ng/μl)，我们建议使用APL600 运行方式。

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
AL320	8	20	6	320
AL420	8	20	5	420
APL600	3	5	6	600

* 样品吸取时间可在5–40 秒之间调整，以便获得最佳的信号。如果信号已饱和，峰信号表现为平顶端，则减少吸取时间。如果信号低于默认阈值的7%，则增加样品吸取时间。

H 运行方式

对于>100ng/μl 的DNA 浓度, 我们建议使用AH320 和AH420 运行方式。

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
AH320	2	20	6	320
AH420	2	20	5	420

* 样品吸取时间可在5–40 秒之间调整, 以便获得最佳的信号。如果信号已饱和, 峰信号表现为平顶端, 则减少吸取时间。如果信号低于默认阈值的7%, 则增加样品吸取时间。

注意: 未纯化的PCR 产物包含dNTP 和引物也可能会贡献光密度 (OD), 从而造成DNA 浓度的过高估计。

Q Axcel DNA Fast Analysis (快速分析)运行方式

QIAxcel DNA Fast Analysis 凝胶卡夹是为PCR 片段的快速分析设计的。凝胶卡夹可分离大小在15 bp–3 kb 的片段。

注意: QIAxcel DNA Fast Analysis 卡夹、QX DNA Size Marker 50 bp – 1.5 kb 和相应的运行方式不适合用于浓度确定。

使用Q Axcel DNA Fast Analysis 卡夹的运行方式

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
DM80	15	8	15	80
DM80 v2.0†	15	8	15	80
DM150	10	10	10	150
DM190	10	15	10	190

* 可调整样品吸取时间 (最少 1 秒; 最多 40 秒)。为了获得最佳的信号, 我们建议最少5 秒, 最多15 秒。

† DM80 v2.0 在运行之间含有一个长的排胶时间, 因此改善了背景水平。

QIAxcel RNA Quality Control (质量控制)运行方式

QIAxcel RNA Quality Control 凝胶卡夹是为总RNA、cRNA、片段化RNA和单链cDNA的质量控制而设计的。

- 对于浓度在250-500 ng/μl 的片段化RNA和片段化DNA, 我们建议使用CM-F-RNA运行方式。
- 对于浓度在300-1000 ng/μl 的总RNA或浓度在100-500 ng/μl 的cRNA, 我们建议使用CM-RNA运行方式。
- 对于浓度在50-300 ng/μl 的总RNA或浓度<100 ng/μl 的cRNA, 我们建议使用CL-RNA。

注意: 浓度>1 μg/μl 的总RNA和cRNA应当在变性前用无菌DEPC水稀释至1 μg/μl。

运行方式	样品吸取电压 (kV)	样品吸取时间 (s)*	分离电压 (kV)	分离时间 (s)
CM-F-RNA	7	20	3	600
CM-RNA	5	20	6	600
CL-RNA	8	20	6	600

* 样品吸取时间可在5-40秒之间调整, 以便获得最佳的信号。如果信号已饱和, 峰信号表现为平顶端, 则减少吸取时间。如果信号低于默认阈值的7%, 则增加样品吸取时间。

附录 C

QIAxcel 配件

产品	内容	Cat. no.
QIAxcel Advanced Instrument	快速全自动分析DNA片段和定量及定性分析RNA的全自动核酸分析系统。 QIAxcel ScreenGel 软件, 一年配件和维修质保。	9001941
QIAxcel Advanced Priority Package	毛细管电泳设备: 包含电脑, QIAxcel ScreenGel 软件, 安装, 培训, 两年配件和维修质保, 及两次预防性维护拜访。	9002124
QIAxcel Advanced Priority Package Plus	毛细管电泳设备: 包含电脑, QIAxcel ScreenGel 软件, 安装, 培训, 三年配件和维修质保, 及三次预防性维护拜访。	9002125
QIAxcel Kits		
QIAxcel DNA High Resolution Kit (1200)	QIAxcel DNA High Resolution 卡夹 (高分辨率卡夹), 缓冲液, 矿物油, QX Intensity Calibration Marker 强度校准Marker), 12联管	929002
QIAxcel DNA Screening Kit (2400)	QIAxcel DNA Screening 卡夹 (筛选卡夹), 缓冲液, 矿物油, QX Intensity Calibration Marker 强度校准Marker), 12联管	929004
QIAxcel DNA Fast Analysis Kit (3000)	QIAxcel DNA Fast Analysis 卡夹 (快速分析卡夹), 缓冲液, 矿物油, QX Intensity Calibration Marker 强度校准Marker, QX DNA Size Marker 50 bp – 1.5 kb, QX Alignment Marker 15 bp/3 kb, 12联管	929008
QIAxcel RNA QC Kit v2.0 (1200)	可运行100轮次, 每轮次运行12个样品: QIAxcel RNA Quality Control 卡夹 (质控卡夹), 缓冲液, 矿物油, QX Intensity Calibration Marker 强度校准Marker, QX RNA Alignment Marker, QX RNA Size Marker 200-6000 nt, QX RNA Denaturation Buffer (变性缓冲液), 12联管	929104
DNA size markers		
QX DNA Size Marker pUC18/HaeIII (50 µl)	DNA size marker 含9个片段: 80–587 bp	929550

QX DNA Size Marker FX174/ <i>Hae</i> III (50 µl)	DNA size marker 含11个片段: 72–1353 bp	929551
QX DNA Size Marker 100 bp – 2.5 kb (50 µl)	50 µl DNA size marker 含14个片段: 100 bp – 2.5 kb	929559
QX DNA Size Marker 25–500 bp v2.0	50 µl DNA size marker 含17个片段: 25–500 bp	929560
QX DNA Size Marker 50–800 bp v2.0	50 µl DNA size marker 含11个片段: 50–800 bp	929561
QX DNA Size Marker 250 bp – 4 kb v2.0	50 µl DNA size marker 含11个片段: 250 bp – 4 kb	929562
QX DNA Size Marker 250 bp – 8 kb v2.0	50 µl DNA size marker 含11个片段: 250 bp – 8 kb	929563
Alignment markers		
QX Alignment Marker 15 bp/600 bp (1.5 ml)	Alignment marker 含15 bp 和 600 bp 片段	929530
QX Alignment Marker 15 bp/1 kb (1.5 ml)	Alignment marker 含15 bp 和 1 kb 片段	929521
QX Alignment Marker 15 bp/3 kb (1.5 ml)	Alignment marker 含 15 bp 和 3 kb 片段	929522
QX Alignment Marker 15 bp/10 kb (1.5 ml)	Alignment marker 含 15 bp 和 10 kb 片段	929523
QX Alignment Marker 15 bp/5 kb (1.5 ml)	Alignment marker 含 15 bp 和 5 kb 片段	929524
QX Alignment Marker 50 bp/1 kb (1.5 ml)	Alignment marker 含 50 bp 和 1 kb 片段	929526
QX Alignment Marker 50 bp/5 kb (1.5 ml)	Alignment marker 含 50 bp 和 5 kb 片段	929529
QX RNA Alignment Marker (1.5 ml)	1.5 ml RNA 对齐Marker	929510
Calibration marker		
QX Intensity Calibration Marker (600 µl)	600 µl QX 强度校准Marker	929500
Buffers		
QX DNA Dilution Buffer (15 ml)	15 ml QX DNA 稀释缓冲液	929601
QX RNA Dilution Buffer (15 ml)	15 ml QX RNA 稀释缓冲液	929602
QX Separation Buffer (40 ml)	40 ml QX 分离缓冲液	929603
QX FA Separation Buffer (40 ml)	40 ml QX FA 分离缓冲液; 用于 QIAxcel DNA Fast Analysis 卡夹	929606
QX Wash Buffer (40 ml)	40 ml QX 清洗缓冲液	929604

QX Mineral Oil (50 ml)	50 ml QX 矿物油	929605
Accessories		
QX Cartridge Stand	QX 卡夹座	929701
QX Cartridge Stand Cover	QX 卡夹座罩盖	929707
QX Buffer Tray	QX 缓冲液槽	929702
QX 0.2 ml 12-Tube Strip (80)	80 x QX 0.2 ml 12联管	929703
QX Multicolor 0.2 ml 12-Tube Strip (80)	80 x QX 彩色 0.2 ml 12联管	929704
QX Nitrogen Cylinder (6)	6 x QX 氮气瓶	929705
QX Cartridge Purge Tool	QX 卡夹排胶工具	9241169

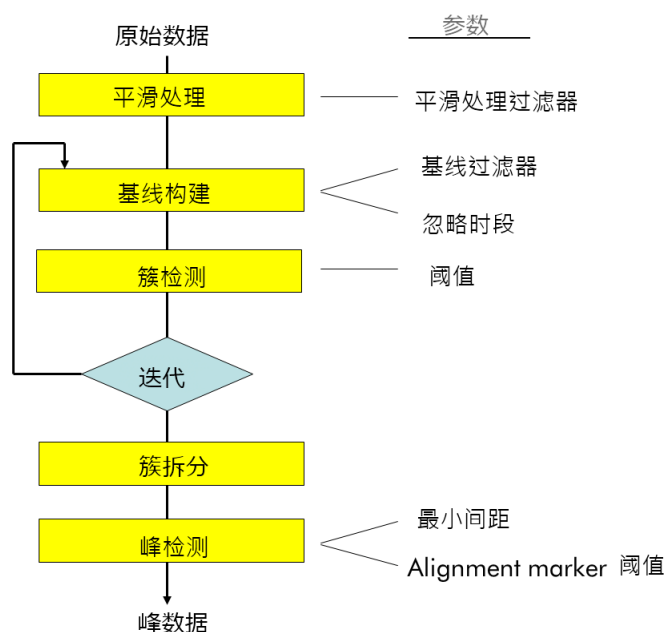
请查阅QIAGEN试剂盒说明书或用户手册以获得更新的执照信息和产品特异性免责声明，QIAGEN试剂盒说明书或用户手册可从 www.qiagen.com 下载，也可联系QIAGEN技术支持或您的当地经销商获取。

附录 D

DNA 分析算法的介绍

概要

下图显示了算法的流程图。数据分析的第一步是数据平滑处理。之后，使用一个迭代方法来构建基线。基线构建的目标是有效去除峰但准确跟踪峰图中的其他干扰，如基线漂移和转变。下一步是簇检测。簇被定义为峰图中的数据子集，其中真实数据和构建的基线之间的信号差异极小。在这一步中，没有区分单个峰或基线未分离的多个峰。下一步是拆分包含一个以上峰的簇。最后，开展真正的峰检测，确定峰的顶端、起点、终点和面积。



平滑处理

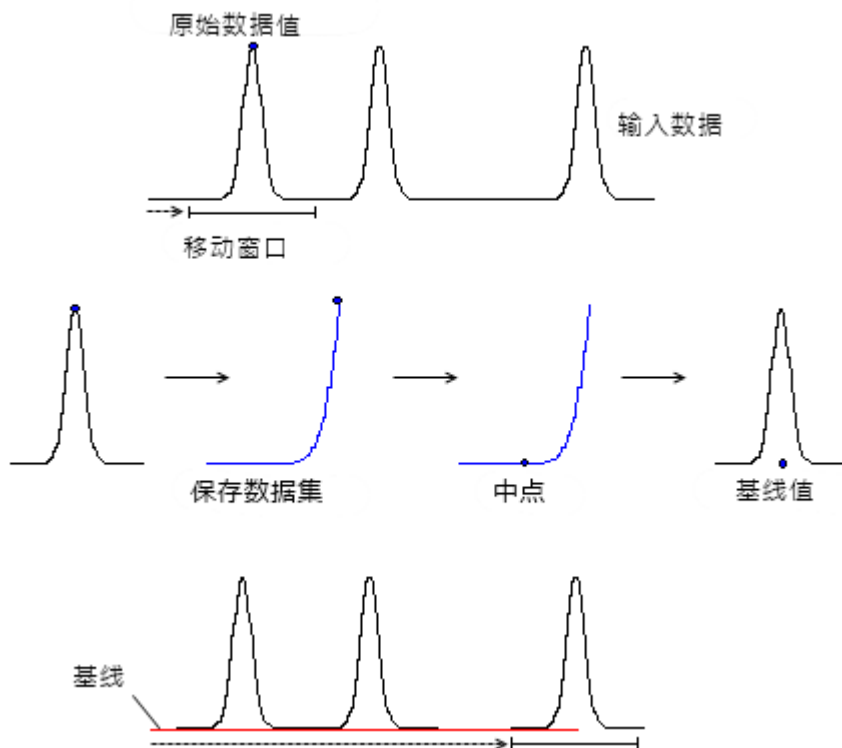
开展平滑处理，以提高数据的信噪比 (S/N)。

平滑处理是以Savitzky-Golay滤波及二阶多项式开展的。其中的一则例外是弥散状DNA样品分析。为此我们采用了一个加权平均滤波器，以便对这一类数据进行平滑处理。

基线构建

基线构建是基于移动的中值滤波。数据集的中指定为按升序排序的数据集的中心点。移动的中值滤波将每个数据点更换为以数据点为中心的数据子集的中值，从而处理输入数据。

如果原始数据集是一个峰图，则峰将向高端排序，因为它们相对噪音峰有着较高的强度。这意味着只要移动中值滤波的大小（滤波大小）至少是基线峰宽度的两倍，那个峰的数据点将永远不会到达数据子集的中心（中值），因此会被删除。



在数学上利用移动中值滤波构建基线的描述如下：

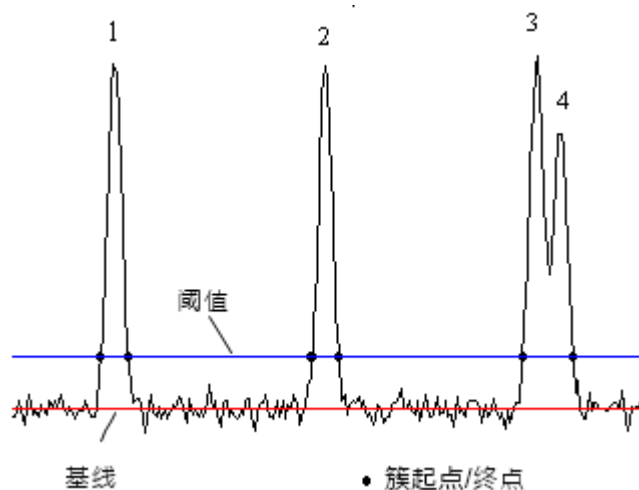
$$B(i) = \underset{i-r}{\overset{i+r}{\text{Median}}}(E(x))$$

其中 $B(i)$ 代表构建好的基线，而 $E(i)$ 代表峰图， r 代表滤波等级。

弥散状DNA和gDNA样品的分析属于例外情况。弥散状DNA分析的基线由峰图起始和终止处指定的平均信号范围值之间插入点形成的直线构成。gDNA分析的基线由自峰图起始处平均信号值开始的水平直线构成。

簇检测

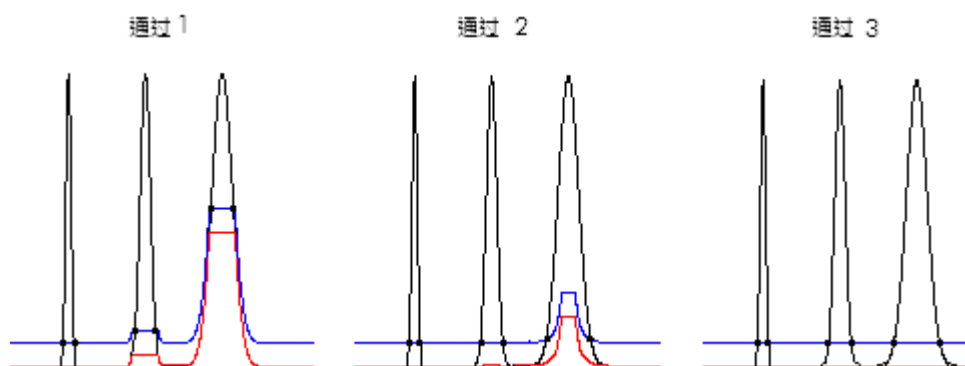
在基线构建之后,可开始真正的峰检测。此过程的第一步被称为簇检测。簇定义为峰图中的区域,即数据集,其中原始数据和构建好的基线之间存在明显差异(详见下图)。寻找这些区域的参数是阈值。阈值是一条与构建好的基线平行的虚拟直线,它标出峰要想被检测到所必须有的最低高度(参照构建好的基线)。



鉴定出的区域可能包含一个峰(峰1和2)或多个、基线未分离的峰(峰3和4)。在任一种情况下,区域都被称为簇。首先,簇的起点和终点被标上点,即原始数据点与最低峰高阈值交叉的地方。

迭代过程

正如之前指出的,基线构建过程中峰的成功去除取决于基线滤波大小和峰的宽度。在某些情况下,这并不容易,有时甚至无法找到实现峰图中所有峰的最佳去除的滤波大小。这对于峰宽各种各样的峰图(需要大的滤波)和非常不稳定的基线(需要小的滤波以准确保留这些相对高频率的基线干扰)尤其如此。下图显示了滤波大小对基线构建结果的影响。



在第一次通过时,峰1被去除,而在峰2和3中,构建好的基线开始跟随贴合峰。若此算法没有进一步修饰,这将导致不准确的峰整合。为了解决此问题,使用算法迭代。这意味着通过多次的基线构建和簇检测,改善每次通过的基线。整个迭代过程是基于即使第一次通过的基线构建并非最佳,通常大部分簇仍能检测。

迭代过程的原理是将之前通过时获得的簇信息用于优化这一次通过的基线构建。在下次通过时，与第一次相似，使用移动中值滤波来构建基线。然而，在确定基线之前，需要对上一次通过检测到的簇与目前的滤波位置之间的重叠进行检查。如果检测到重叠，那些点将从分类的数据子集中删除，留下只对应原始峰图中基线点的数据点。如今采用这个经过缩减的新数据子集的中值，可确定基线的值。

第二次通过的图像显示了两次通过后计算的新基线。如今峰2 下面的基线是正确的，但峰3 下面的基线仍然不对。不过请注意，峰3 的簇起点和终点都相当靠近正确位置。因此，第三次通过将从分类的数据子集中去除峰的更大部分，导致基线改善，如第三次通过所示。

簇拆分

在簇检测过程中，有着一个或几个峰的簇将被确定。在簇拆分步骤，将不止一个峰的簇拆分成几个。这有助于下一步的峰检测。所使用的算法与簇检测算法非常相似。通过迭代提高阈值，直至有着不止一个峰分解成几个簇，从而开展簇拆分。

注意：在“弥散状分析”期间，目的是检测弥散峰。由于这一类峰相对较宽，在弥散峰检测期间去除了峰簇拆分步骤。

峰检测

在簇拆分之后，每个簇只包含一个峰。寻找簇中的最大数据点，确定峰的顶端。然后确定峰的确切起点和终点。为此使用两个标准：第一个标准将簇的起点和终点定位于第一个点（两个方向，从簇中间开始），其中原始数据与构建好的基线相互交叉。第二个标准检测万一存在重叠峰时簇的边界（其中原始数据和基线未交叉）。在这种情况下，峰的起点和终点位于一些数据点的某个阈值之下的一阶导数的绝对值。从簇的中间开始，簇的起点和终点位于满足这两个标准的第一个点。

注意：在峰检测过程中，彼此太接近的峰会融合（基于*最小距离*参数）。为了确保重叠峰的检测，确保*最小距离*值小于两个峰之间的距离。如有必要降低*最小距离*，特别是当您的峰非常锐利且紧密分辨时。

注意：在弥散状和 gDNA 分析期间，**alignment marker** 峰检测为正常峰，弥散峰仍然检测为弥散峰。“关注区段”。“关注区段”的边界最初被设置为检测到的峰的边界。

附录 E

责任条款

如果由QIAGEN以外的人员来进行维修或修改，则QIAGEN应解除其保修中的所有义务，除非本公司书面同意开展这种维修或修改。

保修中更换的所有材料将仅在原保修期内保修，而决不会超过原保修中的截止日期，除非本公司职员书面授权。读出设备、接口设备和相关软件仅在这些产品的原先制造商提供的期限内保修。包括QIAGEN公司的代表在内的任何人所作的陈述和保证，若与本保修协议中的条款不一致或冲突，则不具有对公司的约束力，除非书面写下并经过QIAGEN职员的批准。

附录 H

许可证条款

DotNetZip 许可证

QIExcelScreenGel 采用了 DotNetZip 库 1.9.1.8 版，由微软公共许可证 (MS-PL) 授权许可。

微软公共许可证 (MS-PL)

此许可证管辖了随附软件，即 DotNetZip 库 (“软件”) 的使用。如果您使用本软件，则默认您接受此许可证内容。如果您不接受此许可证内容，则不得使用本软件。

1. 定义

术语 “复制”、“复制品”、“衍生作品”、和 “分发” 在此具有在美国版权法中规定的相同的含义。

“贡献” 是指原始软件，或对本软件的任何补充或更改。

“贡献者” 是指任何根据此许可证分发 “贡献” 的人。

“巴许可专利” 是指可直接作用于其贡献的贡献者专利声明。

2. 权利授权

(A) 版权授权——受制于此许可证的条款，包括第 3 章中的许可证条件和限制，每位贡献者都会授予您一个非独占性、全世界范围的、免版权税的版权许可，用于复制其贡献、制作其贡献的衍生作品、以及分发其贡献或您制作的任何衍生作品。

(B) 专利授权——受制于此许可证的条款，包括第 3 章中的许可证条件和限制，每位贡献者都会授予您一个其已许可专利项下的非独占性、全世界范围的、免版权税的许可，用于制作、使用、销售、公开出售、导入、和/或以其他方式处置其在软件中的贡献或其贡献的衍生作品。

3. 条款和限制

(A) 无商标许可证——此许可证不授予您使用任何贡献者名称、标志或商标的权利。

(B) 如果您就这些专利针对任何贡献者提出了专利权利要求，声称该软件侵犯了该专利，您来自该软件此类贡献者的专利许可证将自动终止。

(C) 如果您打算分发该软件的任意部分，您必须保留软件中存在的所有版权、专利、商标和归属声明。

(D) 如果您打算以源代码的形式分发该软件的任意部分，那么您只有在此许可证许可下通过随附此许可证的完整副本的方式分发。如果您打算以编译代码或目标代码的形式分发该软件的任意部分，那么您只有在符合此许可证的情况下才可这么做。

(E) 软件 “以原样” 被授予许可。您需承担使用该软件的风险。贡献者们不给予任何明示的担保、保证或条件。您可根据您当地的法律拥有其他消费者权利，此许可证无权更改这些权利。在您当地法律允许的范围内，贡献者们排除了适销性、适合特定用途和非侵权的默示担保。

以下许可证管辖了随附软件

DotNetZip库（“软件”）的使用。如果您使用本软件，则默认您接受这些许可证的内容。如果您不接受此许可证内容，则不得使用本软件。

受管制的ZLIB代码包含在Ionic.Zlib.dll内，Ionic.Zip.dll是基于jzlib的修改后代码。

以下声明适用于jzlib：

版权所有（c）2000, 2001, 2002, 2003 ymnk, JCraft, Inc. 保留所有权利。

以源形式和二进制形式在有或没有修改情况下的再分发和使用，
只要满足以下条件就被允许：

1. 源代码的再分发必须保留以上版权声明、此条件列表和以下免责声明。
2. 如以二进制形式再分发，必须在分发时一同提供的文档和/或其他材料中复制以上版权声明、此条件列表和以下免责声明。
3. 在无明确的事先书面许可下，作者姓名不可用于宣传或推销衍生自本软件的产品。

本软件“以原样”提供，不做任何明示或暗示的保证，包括但不限于对适销性和适于特定用途的默示保证。在任何情况下JCRAFT, INC. 或任何贡献者对因以任何形式使用本软件而造成的任何直接、间接、附带、特殊、惩罚性或者后果性损害（包括但不限于购买替代产品或服务；无法使用、数据遗失或利润损失；或业务中断），无论其如何造成或基于任何责任理论，无论是合同、严格责任或侵权（包括过失或其他）不承担任何责任，即使被告知发生此类损害的可能性亦不例外。

jzlib基于zlib-1.1.3。

以下声明适用于zlib：

版权所有（C）1995-2004 Jean-loup Gailly和Mark Adler

ZLIB软件以“原样”提供，无任何明示或默示
保证。在任何情况下作者对于本软件的使用造成的任何损害都不承担任何责任。

任何将本软件用于包括商业应用在内的任意目的、
以及自由更改或再分布本软件的人都会被授予许可，不过受制于以下限制：

1. 不得歪曲本软件的起源；您不得声称您编写了原始软件。如果您在某个产品中使用了本软件，如能在产品文档提供一份确认书将不胜感激，但这并非强制性。
2. 修改后的版本必须有明确标记，且不得将其不当陈述为原始软件。
3. 不得从任何源分发件中移除或更改此声明。

Jean-loup Gailly jloup@gzip.org
Mark Adler madler@alumni.caltech.edu

受管制的BZIP2代码包含于lonic.BZip2.dll内,lonic.Zip.dllh是基于Apache Commons Compress库中bzip2代码的修改后代码。

原始的BZip2代码由Julian Seward创建,且根据BSD许可证给予许可。

以下许可证适用于Apache代码:

```
/*
 * 在一个或多个贡献者许可证协议下向apache软件基金
 * 授权。详见与
 * 本作品一同分发作为附加信息的
 * 版权所有相关声明。ASF
 * 根据Apache许可证2.0版（
 * “许可证”）授予您本文件的许可；除非遵守
 * 此许可证内容，否则您不得使用本文件。您可在以下网站获取许可证副本
 *
 * http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0
 *
 * 除非适用法律要求或获得书面同意，
 * 否则本软件将根据此许可证
 * “以原样”基础分发，无任何形式
 * 的明示或默示保证或条件。请参阅此许可证中
 * 适用于本许可证项下的许可和限制的
 * 具体规定。
 */
```

LibSVM 许可证

QIAxcelScreenGel采用了根据以下版权给予许可的LibSVM：

版权所有（c）2000-2012 Chih-Chung Chang和Chih-Jen Lin
保留所有权利。

以源形式和二进制形式在有或没有修改情况下的再分发和使用，只要满足以下条件就被允许：

1. 源代码的再分发必须保留以上版权声明、此条件列表和以下免责声明。
2. 如以二进制形式再分发，必须在分发时一同提供的文档和/或其他材料中复制以上版权声明、此条件列表和以下免责声明。
3. 在无明确的事先书面许可下，作者姓名不可用于宣传或推销衍生自本软件的产品。

本软件“以原样”由版权所有者和贡献者提供，不做任何明示或暗示的保证，包括但不限于对特定用途的适销性和适用性的默示保证。

在任何情况下贡献者们对因以任何形式使用本软件而造成的任何直接、间接、附带、特殊，惩戒性或者后果性损害 包括但不限于

购买替代产品或服务；无法使用、数据遗失或利润损失；或业务中断），无论其如何造成或基于任何责任理论，无论是合同、严格责任或侵权（包括过失或其他）不承担任何责任，即使被告知发生此类损害的可能性亦不例外。

LinqToExcel 许可证

QIExcelScreenGel 采用了LinqToExcel 库1.7.1版，该库根据MIT许可证 (MIT)版权给予许可：

版权所有 (c) 2008-2013 Paul Yoder

特此免费授予任何获取本软件副本和相关文档文件（“本软件”）的人一份许可，用于不受限制地处理本软件，包括不受限制地使用、复制、修改、合并、发布、分发、再许可和/或销售本软件副本的权利，并允许被提供本软件的人这么做，不过受制于以下条件：

上述版权声明和本许可声明应包含在本软件的所有副本或重要部分中。

本软件“以原样”提供，无任何明示或默示的保证，包括但不限于对特定用途的适销性、特定用途适用性和非侵权性的保证。在任何情况下作者或版权所有都不对由于或产生于软件的使用或软件的其他交易而导致的任何索赔、损害或其他责任承担任何责任，无论产生于合同行为、侵权行为中或其他原因。

FlexShap许可证和Remotion许可证

QIExcelScreenGel采用 FlexShap 库4.1.7.0版，Remotion库1.13.52.2版根据GNU 宽通公用许可证第3版给予许可。

GNU宽通用公共许可证
第3版，2007年06月29日

版权所有 (C) 2007 Free Software Foundation, Inc. <<http://fsf.org/>>
每个人都被允许复制和分发此许可证文档的原样副本，但不允许进行更改。

本GNU宽通公共许可证版本并入了第3版GNU通用公共许可证的条款和条件，并以下列附加许可作为补充。

0. 附加定义。

在本文中，“此许可证”指第3版GNU宽通公共许可证，“GNU GPL”则指第3版通用公共许可证。

“本库”指受此许可证管辖的涵盖作品，除了如下定义的应用或组合作品外。

“应用”指的是可使用由本库提供的界面的任意作品，但并非基于本库。以本库定义的分类来定义子分类，被视为使用本库提供的界面的模式之一。

“组合作品”指的是通过将某个应用与本库组合或链接产生的作品。用于制作组合作品的本库的特别版也被成为“链接版本”。

组合作品的“最小相应源”指的是该组合作品的相应源，其中不包括被独立考虑的组合作品部分的任何基于应用而非简介版本的源代码。

组合作品的“相应应用代码”指的是该应用的目标代码和/或源代码，其中包括从应用中复制组合作品时所需的所有数据和实用程序，但不包括该组合作品的系统库。

1. GNU GPL第3章的例外。

您可以在不受GNU GPL第3章约束的情况下，传送在本许可证项下第3条和第4条的某个涵盖作品。

2. 传送修改后版本。

如果您修改了本库的某个版本，且在您的修改中一个设施指的是由使用该设施的应用提供的某个功能或数据（除了当该设施被调用时作为一个被传递的参数），那么您可以在满足以下条件时传送修改后版本的副本：

a) 根据此许可证，如果您作出了有诚意的努力来确保在某个应用无法提供功能或数据的情况下设施仍能运行，且执行其目的中仍具有意义的任意部分时，或

b) 根据GNU GPL，无适用于该副本的此许可证的其他许可时。

3. 来自库头文件的目标代码结合材料。

应用的目标代码形式可并入来自作为库的一部分的头文件中的材料。您可以根据您选择的条款来传送此类代码，条件是如果组合材料不限于数字参数、数据结构布局和访问器、或者小型宏、内联函数和模板（长度为不多于十行），且您需要满足以下两点：

- a) 在对象代码的每份副本中给出醒目声明，指出在其中使用了库以及库和库的使用包含在此许可证的作用范围内。
- b) 在对象代码中附上GNU GPL和本许可证文档的副本。

4. 组合作品。

您可以综合考虑，根据您选择的、不会有效限制本组合作品中包含的库的部分的修改以及排除此类修改的逆向工程的条款，来传送组合工作，只要您同时满足以下每个条件：

- a) 在组合作品的每份副本中给出醒目声明，指出在其中使用了库以及库和库的使用覆盖于此许可证的作用范围内。
- b) 在组合代码中附上GNU GPL和本许可证文档的副本。
- c) 对于在执行过程中显示版权声明的组合作品，在这些声明中纳入库的版权通知以及一条将用户导向GNU GPL和本许可证文档副本的援引。
- d) 完成下列操作之一：

0) 根据此许可证的条款传送最小相应源，并以合适的格式传送相应应用代码，并根据允许用户将应用与链接版本的修改后版本重组或重链接以传导修改后组合作品的条款，以GNU GPL第6章规定的方式传送相应源

1) 使用合适的共享库机制来与库连接。合适的机制指的是（a）当用户计算机系统中已存在一个库副本时，在运行时使用，以及（b）以一个与链接版本间界面兼容的修改后库版本正确运行。

e) 提供安装信息，但只有在您被要求根据GNU GPL第6章提供此类信息，以及仅在需要此类信息安装和执行通过将修改后版本与链接版本重组或重链接的修改后版本的程度上。如果您采用选项4d0，安装信息必须随附于最小相应源和相应应用代码。如果您采用选项4d1，您必须以GNU GPL第6章中规定的传送相应源的方式提供安装信息。）

5. 组合库。

您可以在单个库中将基于库的库设施与其他并非应用且并非由此库涵盖的库设施并排放置，并根据您选择的条款传送组合库，如果您满足了以下两个条件：

- a) 随组合库附上基于库、不与任何其他库设施组合、根据此许可证条款传送的同一作品的一个副本。
- b) 随作为基于库的作品的一部分的组合库附上醒目声明，并说明可在哪里找到随附的同一作品的未组合格式。

6. GNU宽通用公共许可证的修订版。

自由软件基金会可随时发布修订后和/新的GNU宽通用公共许可证版本。此类新版本的精髓与当前版本是一致的，但其细节上有所不同，以便解决新的问题和关注点。

每个版本都被给与了不同的版本号。如果您收到的库指定了应用的GNU宽通用公共许可证特定版本号“或任何更新版本”，您可以选择遵守已发布版本或由自由软件基金会发布的任何更新版本的条款和条件。如果您收到的库未指定GNU宽通用公共许可证版本号，您可以选择由自由软件基金会发布的任意GNU宽通用公共许可证版本。

如果您收到的库指定了可决定是否应应用GNU宽通用公共许可证未来版本的代理服务器，那么代理服务器关于接受任何版本的公开声明为永久授权，供您选择库的版本。

Log4Net许可证和无状态许可证

QIExcelScreenGel采用Log4Net库1.2.11.0版，以及无状态库2.2.1.1版，根据Apache许可证给予许可。

Apache许可证
2.0版, 2004年一月
<http://www.apache.org/licenses/>

使用、复制和分发条款和条件

1. 定义。

“许可证”应指本文档第1至9章中定义的使用、复制和分发条款和条件。

“许可人”应指版权所有人，或者由颁发许可证的许可人授权的实体。

“法律实体”应指代理实体和所有控制该实体、由该实体控制或与该实体共同控制的所有其他实体的联合。对于此定义的目的，“控制”指的是（i）间接或直接导致此类实体指示或管理的权利，无论是通过合同还是其他方式，或者（ii）对百分之五十（50%）或以上发行在外的股份的所有权，或（iii）此类实体的实益所有权。

“您”或“您的”应指执行此许可证所授予的许可的个人或法律实体。

“源”形式应指进行修改的首选形式，包括但不限于软件源代码、文档源和配置文件。

“目标”形式应指任何源形式机械转换或翻译得出的形式，包括但不限于编译的目标代码、生成的文档和其它媒体类型的转换。

“作品”应指原创作者的源形式或目标形式的作品，如包含于或随附于该作品的版权声明所示（下文附件中给出了示例），可根据许可证内容使用。

“衍生作品”应指基于（或源自）作品的源形式或目标形式的任意作品，且其可编辑修订版本、批注、阐述或作为对原创原始作品的其他修改（作为一个整体）。针对此许可证的目的，衍生作品不应包括可与作品及其衍生作品分离或仅与其界面链接（或按名称绑定）的作品。

“贡献”应指任意的原创作者作品，包括作品的原始版本或该作品或其衍生作品的任意修改或添加，由版权所有人或被授权代表版权所有人进行提交的个人或法律实体特意提交至许可人以纳入作品内。针对此定义的目的，“已提交”指发送至许可人或其代表的任何形式的电子、口头或书面通信，包括但不限于有关电子邮件列表、源代码控制系统和由许可人或代表许可人出于讨论和改善作品的目的而管理的问题跟踪系统的通信，但不包括明确标记或由版权所有人作为“不是一个贡献”撰写的通信。

“贡献者”应指许可人以及任何代表其贡献已经被许可人接收并随后纳入作品内之人的个人或法律实体。

2. 版权许可证授权。受制于此许可证的条款和条件，每位贡献者都会在此授予您一个永久性、全世界范围的、非独占性、免费、免版权税、不可撤销的版权许可，用于复制、制作衍生作品、公开展示、公开执行、再许可以及以源代码或目标代码形式分发作品和此类衍生作品。

3. 专利许可证授权。受制于此许可证的条款和条件，每位贡献者特此授予您一个永久性、全世界范围的、非独占性、免费、免版权税、不可撤销（除了本章中所声明的）的版权许可，用于制作、已制作、公开销售、销售、导入或者传输作品，且此类许可证只适用于那些可从贡献者处获得许可的专利权利要求，这些贡献者为必然会被其贡献本身或其贡献与提交贡献的目标作品的组合所侵权。如果您针对任何实体提交了专利诉讼（包括一起诉讼内的反诉或反索赔），指称作品或作品内纳入的贡献构成了直接或间接的专利侵权，那么根据此许可证授予您的关于该作品的所有专利许可证都应在诉讼提交之日终止。

4. 再分发。您可以在任何媒介中、进行或没有修改的情况下、以源形式或目标形式复制和分发作品或其衍生作品的副本，只要您满足以下条件：

(a) 您必须向作品或衍生作品的任意其他接收人提供此许可证的副本；以及

(b) 您必须在所有修改过的文件中附上显著声明，指出您已经修改了文件；以及

(c) 对于您分发的任何源形式的衍生作品，您必须保留所有来自作品源形式的版权、专利、商标和归属声明，但不包括未涉及衍生作品任何部分的声明；以及

(d) 如果在作品中包含一个“通知”文本文件作为分发内容的一部分，那么您分发的任何衍生作品都必需包含此类“通知”文件中所包含的归属声明的一个可读副本，但不包括未涉及衍生作品任何部分的声明，至少要包含于以下位置的其中一处：在作为衍生文件一部分分发的“声明”文本文件中；在源形式或文档内（如与衍生作品一同提供）；或者在有衍生文件生成的显示界面中，以及此类第三方声明通常出现的任意位置。“通知”文件的内容仅用于提供信息，不会修改许可证内容。您可以在您分发的衍生作品内添加您自己的归属声明，和来自作品的“通知”文本一同提供或作为其增编，只要这种附加归属声明不会被理解为修改许可证即可。

您可以在您的修改中添加您自己的版权声明，并可为您的修改的使用、复制或分发、或为任何此类衍生作品作为整体提供附加或不同的许可证条款和条件，只要您对作品的使用、复制和分发符合许可证中规定的条件。

5. 贡献提交。除非您另行明确声明，否则您向许可人提交的、旨在纳入作品内的任何贡献都将接受此许可证条款和条件的管制，无任何附加条款或条件。尽管有上述规定，本文中的一切都不应取代或修改任何您与许可人签署的关于此类贡献的独立许可协议的条款。

6. 商标。此许可证不授予许可人商业名称、商标、服务标记或产品名称使用的许可，除非有合理和惯常的需要描述作品来源和复制“声明”文件内容。

7. 免责声明。除非适用法律要求或书面同意，否则许可人将以“按原样”基础提供作品（但每位贡献者也以此方式提供其贡献），无任何形式的明示或默示保证，包括但不限于所有权、非侵权性、适销性或适合特定用途的任何保证或条件。您独自负责确定使用或分发作品的适当性，并承担所有与您实行此许可证许可相关的风险。

8. 责任限制。在任何情况下或在任何法律理论下，无论是以侵权行为（包括过失）、合同行为或其他行为下，除非适用法律要求（诸如蓄意和重大过失行为）或以书面形式同意，否则任何贡献者对于您的损害都不承担任何责任，包括任何性质的任何作为此许可证或停止使用或无法使用作品（包括但不限于商誉损失、停工、计算机失灵或故障的损害，或任意和所有其他商业损害或损失）的结果的直接、间接、特殊、附带或后果性损害，即使此类贡献者已经被告知发生该等损害的可能性也不例外。

9. 接受保证或附加责任。再分发作品及其衍生作品时，您可以选择提供接受支持、保证、赔偿或其他与此许可证一致的责任义务和/或权利，并为此收取费用。不过，在接受此类义务时，您只能代表您自己且只能由您独自承担责任，不能代表任何其他贡献者，且只有您同意赔偿每位贡献者因您接受任何这类保证或附加责任而招致的任何责任或针对该等贡献者提出的索赔，并使之不受损害，并且为其抗辩才可以如此。

条款和条件结束

附录: 如何将Apache许可证应用于您的作品。

如需将Apache许可证应用于您的作品, 请附加以下标准声明, 其中括号 “[]” 内的字段以您自己的识别信息代替。 (不包括括号!) 文本应包括在适用于文件格式的适当注释语法内。我们还建议在与版权声明相同的“打印页面”上包含文件或类别名称以及目的描述, 以便在第三方存档中更易识别。

版权所有 [yyyy] [版权所有名称]

根据Apache许可证2.0版给予许可 (“许可证”); 除非符合本许可证的要求, 否则您不得使用此文件。您可在以下网站获取许可证副本

<http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0>

除非适用法律要求或获得书面同意, 否则本软件将根据此许可证“以原样”基础分发, 无任何形式的明示或默示保证。

请参阅此许可证中管辖管理许可和限制的具体规定。

Windows 安装程序XML (WIX) 许可证

The installer of the QIAxcelScreenGel 软件使用了Windows 安装程序XML第3.7版, 根据微软互惠许可证 (MS-RL) 给予许可。

微软互惠许可证 (MS-RL)

此许可证管制了随附软件。如果您使用本软件, 则默认您接受此许可证内容。如果您不接受此许可证内容, 则不得使用本软件。

1. 定义

术语“复制”、“复制品”、“衍生作品”、和“分发”在此具有在美国版权法中规定的相同的含义。

“贡献”是指原始软件, 或对本软件的任何补充或更改。

“贡献者”是指任何根据此许可证分发“贡献”的人。

“已许可专利”是指可直接作用于其贡献的贡献者专利声明。

2. 权利授权

(A) 版权授权—受制于此许可证的条款, 包括第3章中的许可证条件和限制, 每位贡献者都会授予您一个非独占性、全世界范围的、免版权税的版权许可, 用于复制其贡献、制作其贡献的衍生作品、以及分发其贡献或您制作的任何衍生作品。

(B) 专利授权—受制于此许可证的条款, 包括第3章中的许可证条件和限制, 每位贡献者都会授予您一个其已许可专利项下的非独占性、全世界范围的、免版权税的许可, 用于制作、使用、销售、公开出售、导入、和/或以其他方式处置其在软件中的贡献或其贡献的衍生作品。

3. 条款和限制

(A) 互惠授权—对于您分发的任何含有来自本软件的代码（以源代码形式或二进制格式）的文件，您都必须向接收人提供该文件的源代码连同此许可证的副本，该许可证将管辖该文件。对于完全为您自己的作品且不含来自本软件代码的其他文件，您可以根据任何您选择的条款给予许可。

(B) 无商标许可证—此许可证不授予您使用任何贡献者名称、标志或商标的权利。

(C) 如果您就这些专利针对任何贡献者提出了专利权利要求，声称该软件侵犯了您的专利，您来自该软件此类贡献者的专利许可证将自动终止。

(D) 如果您打算分发该软件的任意部分，您必须保留软件中存在的所有版权、专利、商标和归属通告。

(E) 如果您打算以源代码的形式分发该软件的任意部分，那么您只有在此许可证许可下通过随附此许可证的完整副本的方式分发。如果您打算以编译代码或目标代码的形式分发该软件的任意部分，那么您只有在符合此许可证的情况下才可这么做。

(F) 软件“以原样”被授予许可。您需承担使用该软件的风险。贡献者们不给予任何明示的担保、保证或条件。您可根据您当地的法律拥有其他消费者权利，此许可证无权更改这些权利。在您当地法律允许的范围内，贡献者们排除了适销性、适合特定用途和非侵权的默示担保。

版权信息

商标

QIAGEN® Sample to Insight® QIAgility® QIASymphony® ScreenGel® QIAGEN集团); Adobe® Reader® Adobe系统公司); Celeron® Intel® (英特尔公司); Excel® Microsoft® Windows® 微软公司)。本文档中所用的注册名称、商标等,即使是未具体标记的,也都不会被视为不受法律保护。

© 2010-2017 QIAGEN, 保留所有权利。

1108754ZH 11/2017 HB-0804-010

www.qiagen.com

Technical Support

www.support.qiagen.com