

プロメガ株式会社



自動計算ソフトウェアの使い方

GLOMAX DISCOVER・EXPLORER・NAVIGATOR

本説明書では、『QuantiFluor ONE dsDNA Systemを使ったdsDNAの定量』
を例に取って説明いたします。

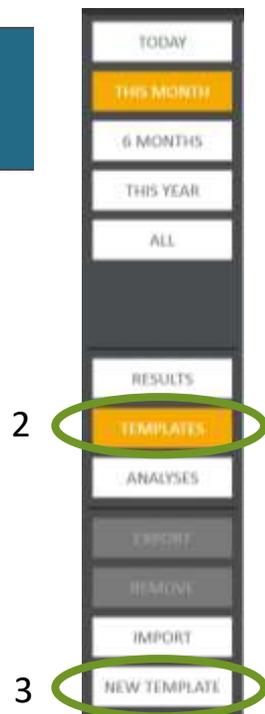
1. プレートのレイアウトを決定する
2. TEMPLATE ファイルを作成する
3. TEMPLATE ファイルを保存する
4. 測定結果を得る
5. RESULT ファイルへ、TEMPLATE ファイルを当てはめる。
6. 測定結果を解析し、ANALYSIS ファイルを作成する。
7. ANALYSIS ファイルを保存する。
8. ANALYSIS ファイルの表示画面について。
9. ANALYSIS ファイルをEXPORTする。
10. EXPORTされたEXCELファイルの表示画面について。

1. プレートのレイアウトを決定する。

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|---|---------------|---------------|---------------|---|--------------|--------------|--------------|---|---|----|----|----|
| A | STD 400ng | STD 400ng | STD 400ng | | | | | | | | | |
| B | STD 200ng | STD 200ng | STD 200ng | | Unknown A | Unknown A | Unknown A | | | | | |
| C | STD 50ng | STD 50ng | STD 50ng | | Unknown B | Unknown B | Unknown B | | | | | |
| D | STD 12.5ng | STD 12.5ng | STD 12.5ng | | Unknown C | Unknown C | Unknown C | | | | | |
| E | STD 3.1ng | STD 3.1ng | STD 3.1ng | | Unknown D | Unknown D | Unknown D | | | | | |
| F | STD 0.78ng | STD 0.78ng | STD 0.78ng | | | | | | | | | |
| G | STD 0.2ng | STD 0.2ng | STD 0.2ng | | | | | | | | | |
| H | BLK | BLK | BLK | | | | | | | | | |

2. TEMPLATE ファイルを作成する。①

1



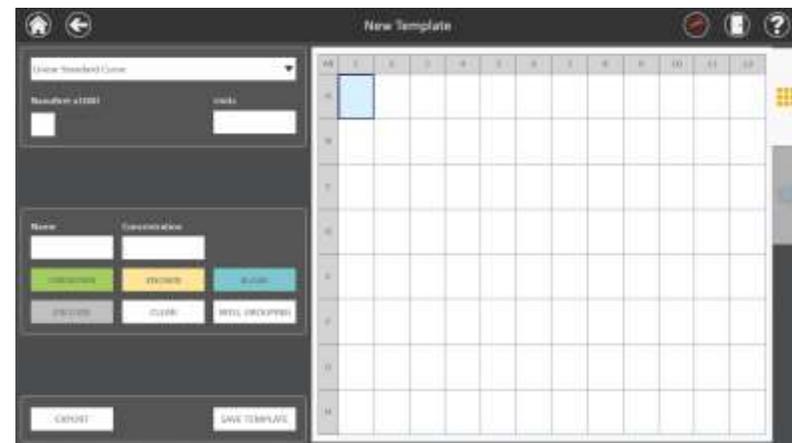
2

3

4



5



2. TEMPLATE ファイルを作成する。②

1 Linear Standard Curveを選択する

2 単位 (ng/well)を入力する

3 枠で示したA1~G3ウェルを選択する

4 "KNOWN"を選択する

5 "Name"の欄に"STD"と入力する

New Template

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

2. TEMPLATE ファイルを作成する。③

The screenshot shows the 'New Template' interface. On the left, there are control panels for 'Linear Standard Curve' (units: ng/well), a table for Name and Concentration, and buttons for UNKNOWN, KNOWN, BLANK, EXCLUDE, CLEAR, WELL GROUPING, EXPORT, and SAVE TEMPLATE. The main area is a grid with columns 1-12 and rows A-H. A green box highlights cells A1-A3 with 'STD' and '400'. A yellow box highlights cells B1-B3 with 'STD' and '200'. A grey box highlights cells C1-G3 with 'STD' and various concentration values. Numbered callouts 1-5 point to these areas.

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|-----|-------------|-------------|------------|---|---|---|---|---|---|----|----|----|
| All | | | | | | | | | | | | |
| A | STD 400 | STD 400 | STD 400 | | | | | | | | | |
| B | STD 200 | STD 200 | STD 200 | | | | | | | | | |
| C | STD 50 | STD 12.5 | STD 3.1 | | | | | | | | | |
| D | STD 0.78 | STD 0.2 | STD 0.2 | | | | | | | | | |
| E | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| F | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| G | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| H | | | | | | | | | | | | |

① A1~A3を選択する。
② Concentrationの欄に"400"と入力する。
③ B1~B3を選択する。
④ Concentrationの欄に"200"と入力する。
⑤ C~G行の1~3列まで同様に、選択および"50", "12.5", "3.1", "0.78", "0.2"を入力する。

2. TEMPLATE ファイルを作成する。④

3 “Name”にBLKと入力する

2 “BLANK”を選択する

1 枠で示したH1~H3ウエルを選択する

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|-----|------------|------------|------------|---|---|---|---|---|---|----|----|----|
| All | | | | | | | | | | | | |
| A | STD 400 | STD 400 | STD 400 | | | | | | | | | |
| B | STD 200 | STD 200 | STD 200 | | | | | | | | | |
| C | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| E | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| F | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| G | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| H | BLK | BLK | BLK | | | | | | | | | |

2. TEMPLATE ファイルを作成する。⑤

Linear Standard Curve

NanoBret x1000

Units: ng/well

Name 4~5 Dilution

UNKNOWN KNOWN BLANK

EXCLUDE CLEAR WELL GROUPING

EXPORT SAVE TEMPLATE

| All | 1 | 2 | 3 | 4 |
|-----|------|------|------|---|
| A | STD | STD | STD | |
| | 400 | 400 | 400 | |
| B | STD | STD | STD | |
| | 200 | 200 | 200 | |
| C | STD | STD | STD | |
| | 50 | 50 | 50 | |
| D | STD | STD | STD | |
| | 12.5 | 12.5 | 12.5 | |
| E | STD | STD | STD | |
| | 3.1 | 3.1 | 3.1 | |
| F | STD | STD | STD | |
| | 0.78 | 0.78 | 0.78 | |
| G | STD | STD | STD | |
| | 0.2 | 0.2 | 0.2 | |
| H | H1 | H2 | H3 | |

- ① B5~E7の9ウェルを選択する。
- ② “UNKNOWN”を選択する。
- ③ B5~B7を選択する。
- ④ “Name”にA、“Dilution”に1を入力する。
- ⑤ 同様に、C5~C7にB、D5~D7にC、E5~E7にDを入力する。

2. TEMPLATE ファイルを作成する。⑥

1

2

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|-----|-----|-----|-----|---|---|---|---|---|---|----|----|----|
| All | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| A | 400 | 400 | 400 | | | | | | | | | |
| B | STD | STD | STD | | X | X | X | | | | | |
| C | STD | STD | STD | | X | X | X | | | | | |
| D | STD | STD | STD | | X | X | X | | | | | |
| E | STD | STD | STD | | X | X | X | | | | | |
| F | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| G | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| H | | | | | | | | | | | | |

- ① “All”で全ウェルを選択する。
- ② “WELL GROUPING”を選択する。

“WELL GROUPING”により、同じサンプル名、かつ同じ Concentration/ Dilution条件のウェル間で Triplicate や Duplicate の自動設定が行われます。

3. TEMPLATE ファイルを保存する。

3 “HOME”ボタンで戻る。

The screenshot shows a software interface with a dark background. At the top left, there are two navigation icons: a home icon and a back arrow icon, both circled in green. Below them is a dropdown menu set to 'Linear Standard Curve'. To the right, there are input fields for 'NanoBret x1000' and 'Units' (set to 'ng/well'). Below these are buttons for 'Name' and 'Concentration', with options like 'UNKNOWN', 'KNOWN', 'BLANK', 'EXCLUDE', 'CLEAR', and 'WELL GROUPING'. At the bottom, there are 'EXPORT' and 'SAVE TEMPLATE' buttons, with the latter circled in green. On the right side, a table shows data for wells A through H, with columns for 'All', '1', and '2'. The table contains numerical values and 'STD' labels.

| All | 1 | 2 |
|-----|-------|-------|
| A | STD | STD |
| | 410 | 400 |
| B | STD | STD |
| | 200 | 200 |
| C | STD | STD |
| | 50 | 50 |
| D | STD | STD |
| | 12.5 | 12.5 |
| E | STD | STD |
| | 3.1 | 3.1 |
| F | STD | STD |
| | -0.78 | -0.78 |
| G | STD | STD |
| | 0.2 | 0.2 |
| H | 61 | 62 |

1 “SAVE TEMPLATE”を選択する。

2 TEMPLATE名をつける
(ここでは、“dsDNA Quantitation”とする)

TEMPLATE リストに保存されます。

The screenshot shows a 'Save Template' dialog box with a light gray background. It has a title bar with a question mark icon. Below the title bar is a text input field labeled 'Name' containing the text 'dsDNA Quantitation'. At the bottom, there are two buttons: 'OK' and 'Cancel', with the 'OK' button circled in green.

4. 測定結果を得る。

プレートレイアウトに沿って、Standardおよび未知のDNAサンプルを加え、QuantiFluor ONE dsDNA Dyeを加えた。5分後に、Fluorescenceモード (Ex. Blue 475nm / Em. 500 – 550nm)で測定し、下記の測定結果が得られる。



The screenshot shows the 'Promega dsDNA Test' software interface. The main window displays a table of fluorescence measurements for 12 wells (A-H, 1-12). The table is color-coded by intensity, with red for the highest values and blue for the lowest. The data is as follows:

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|-----|----------|----------|----------|---|-----|-----|-----|---|---|----|----|----|
| All | | | | | | | | | | | | |
| A | 1.27E+04 | 1.26E+04 | 1.18E+04 | | | | | | | | | |
| B | 6.07E+03 | 7.03E+03 | 6.22E+03 | | 124 | 134 | 127 | | | | | |
| C | 1.71E+03 | 1.74E+03 | 1.68E+03 | | 448 | 461 | 460 | | | | | |
| D | 462 | 482 | 468 | | 456 | 471 | 491 | | | | | |
| E | 121 | 126 | 127 | | 123 | 125 | 128 | | | | | |
| F | 51.4 | 52 | 52.5 | | | | | | | | | |
| G | 36.7 | 37.2 | 37.5 | | | | | | | | | |
| H | 32.3 | 31.8 | 32 | | | | | | | | | |

実際には、空の白または黒プレートにおいて、上記のウェルを測定してください。

そのときに、RESULTのファイル名は、“Promega dsDNA Test”として保存してください。

5. RESULT ファイルへ、TEMPLATE ファイルを当てはめる。①

1



RESULTS リスト

| TODAY | DATE/TIME | NAME |
|------------|-----------------------|---|
| THIS MONTH | 4/25/2017 1:41:59 PM | Luminescence Quick Read 2017.04.25 13:41:40 |
| 6 MONTHS | 4/25/2017 1:40:37 PM | Luminescence Quick Read 2017.04.25 13:40:15 |
| THIS YEAR | 4/25/2017 1:39:14 PM | Promega dsDNA Test |
| ALL | 4/23/2017 1:37:50 PM | Promega dsDNA Test |
| | 4/21/2017 7:13:49 PM | New Protocol 2017.04.21 19:13:21 |
| | 4/21/20 | |
| | 4/21/20 | |
| | 4/21/20 | |
| RESULTS | 4/21/2017 7:04:24 PM | Luminescence Quick Read 2017.04.21 19:03:15 |
| TEMPLATES | 4/21/2017 6:29:36 PM | Luminescence Quick Read 2017.04.21 18:28:48 - ABORTED |
| ANALYSES | 4/19/2017 11:42:03 AM | New Protocol 2017.04.19 11:41:41 |
| | 4/19/2017 11:40:37 AM | New Protocol 2017.04.19 11:40:01 - ABORTED |
| EXPORT | 3/27/2017 5:20:48 PM | New Protocol 2017.03.27 17:20:19 |
| REMOVE | 3/27/2017 5:17:00 PM | Fluorescence Quick Read 2017.03.27 17:16:03 |
| | 3/27/2017 5:15:42 PM | Fluorescence Quick Read 2017.03.27 17:14:45 |

2 “Promega dsDNA Test”
を開く



Fluo

Fluorescence Blue 475 nm, 500-550, High Speed

| All | 1 | 2 | 3 | 4 |
|-----|----------|----------|----------|---|
| A | 1.27E+04 | 1.26E+04 | 1.34E+04 | |
| B | 6.07E+03 | 7.03E+03 | 6.22E+03 | |
| C | 1.71E+03 | 1.74E+03 | 1.68E+03 | |
| D | 462 | 482 | 469 | |
| E | 121 | 126 | 127 | |
| F | 51.4 | 52 | 52.3 | |
| G | 36.7 | 37.2 | 37.6 | |
| H | 32.3 | 31.8 | 32 | |

EXPORT ANALYSIS

3 “ANALYSIS”を選択する

5. RESULT ファイルへ、TEMPLATE ファイルを当てはめる。②

| | DATE/TIME | NAME |
|------------|----------------------|--|
| TODAY | | |
| THIS MONTH | 4/25/2017 7:39:10 PM | dsDNA Quantitation |
| 6 MONTHS | 3/21/2017 4:37:21 PM | Luminescence Light Plate - Linear Response |
| THIS YEAR | 3/21/2017 4:37:21 PM | NanoBret Analysis Template - Dose Response EC50/IC50 |
| ALL | 3/21/2017 4:37:21 PM | QuantiFluor ONE dsDNA Analysis Template - Linear Stande |
| | 3/21/2017 4:37:21 PM | CellTiter-Glo Analysis Template - Linear Response |
| | 3/21/2017 4:37:21 PM | Dual Luciferase Reporter Assay Analysis Template - Dose Re |
| | 3/21/2017 4:37:21 PM | QuantiFluor RNA (High Conc.) Analysis Template - Linear S |
| | 3/21/2017 4:37:21 PM | QuantiFluor dsDNA Analysis Template - Linear Standard Cu |
| | 3/21/2017 4:37:21 PM | ADOC Reporter Bioassay (WIL3-S) Analysis Template - Dose |

TEMPLATES リストから
“dsDNA Quantitation”を選択すると、
右(→)の図が表示される。

Linear Standard Curve

Result: Promega dsDNA Test
Template: dsDNA Quantitation

Units
ng/well

| Name | Concentration | Raw Value |
|---------|---------------|-----------|
| STD | 400 | 12733 |
| UNKNOWN | KNOWN | BLANK |

RUN
RAW ON
EXPORT SAVE ANALYSIS SAVE TEMPLATE

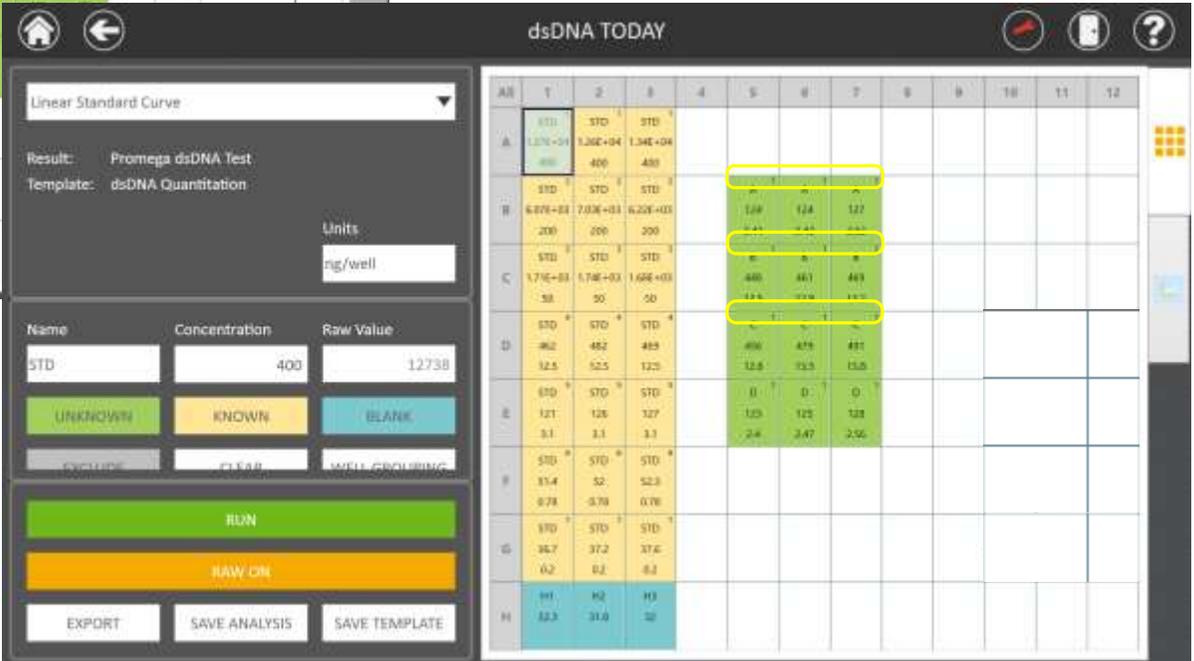
| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | | |
|---|---------|---------|---------|---|---|---|---|---|---|---------|---------|---------|
| A | 1.2E+01 | 1.2E+01 | 1.3E+04 | | | | | | | | | |
| B | 1.0E+01 | 1.0E+01 | 1.0E+01 | | A | A | A | | | | | |
| C | 1.7E+01 | 1.3E+01 | 1.6E+01 | | B | B | B | | | | | |
| D | 1.0E+01 | 1.0E+01 | 1.0E+01 | | C | C | C | | | 988 | | |
| E | 1.0E+01 | 1.0E+01 | 1.0E+01 | | D | D | D | | | 32.5 | 37.4 | 37.6 |
| F | 1.0E+01 | 1.0E+01 | 1.0E+01 | | | | | | | 1.3E+01 | 1.4E+01 | 1.5E+01 |
| G | 1.0E+01 | 1.0E+01 | 1.0E+01 | | | | | | | 5.9E+01 | 1.0E+01 | 5.7E+01 |
| H | 1.0E+01 | 1.0E+01 | 1.0E+01 | | | | | | | | | |

6. 測定結果を解析し、ANALYSIS ファイルを作成する。



1 "RUN"を選択する。

| AS | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|----|----------|----------|----------|---|-----|-----|-----|---|---|----|----|----|
| A | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| | 1.27E+03 | 1.26E+04 | 1.34E+04 | | | | | | | | | |
| | 400 | 400 | 400 | | | | | | | | | |
| B | STD | STD | STD | | A | A | A | | | | | |
| | 6.09E+03 | 7.03E+03 | 6.20E+03 | | 124 | 124 | 127 | | | | | |
| | 200 | 200 | 200 | | | | | | | | | |
| C | STD | STD | STD | | B | B | B | | | | | |
| | 1.71E+03 | 1.74E+03 | 1.68E+03 | | 448 | 441 | 443 | | | | | |
| | 50 | 50 | 50 | | | | | | | | | |
| D | STD | STD | STD | | C | C | C | | | | | |
| | 462 | 462 | 468 | | | | | | | | | |
| | 12.5 | 12.5 | 12.5 | | | | | | | | | |
| E | STD | STD | STD | | D | | | | | | | |
| | 121 | 128 | 127 | | 123 | | | | | | | |
| | 3.1 | 3.1 | 3.1 | | | | | | | | | |
| F | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| | 31.4 | 32 | 32.3 | | | | | | | | | |
| | 0.78 | 0.78 | 0.78 | | | | | | | | | |
| G | STD | STD | STD | | | | | | | | | |
| | 36.7 | 37.2 | 37.6 | | | | | | | | | |
| | 0.2 | 0.2 | 0.2 | | | | | | | | | |
| H | H1 | H2 | H3 | | | | | | | | | |
| | 32.3 | 31.6 | 32 | | | | | | | | | |

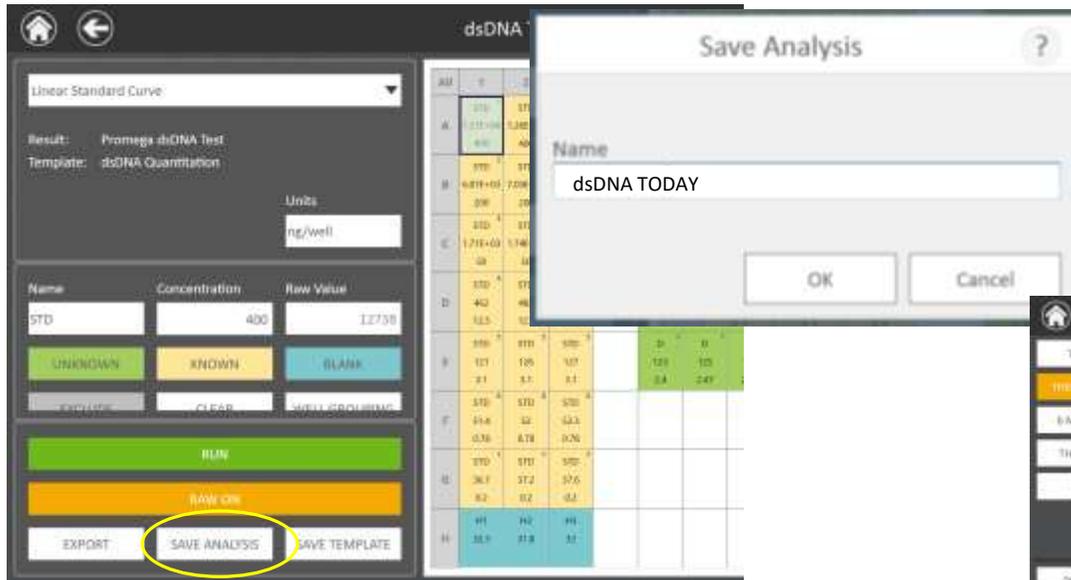


2 "OK"を選択する。



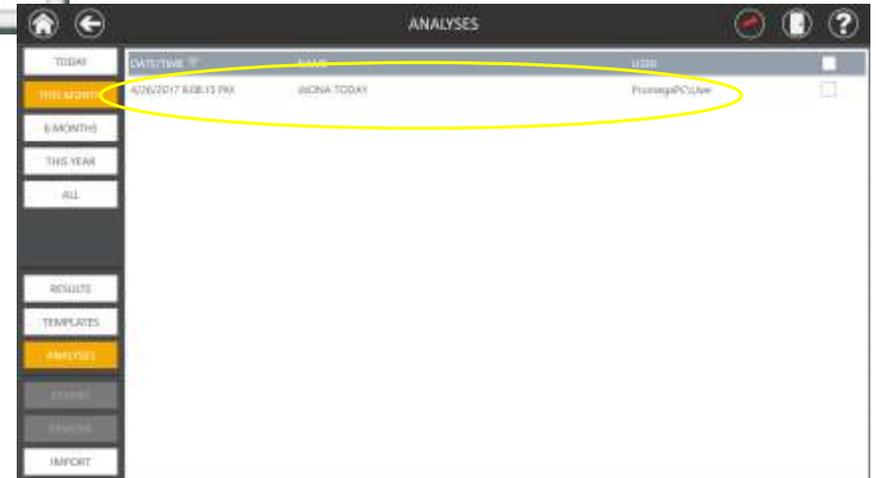
Analysis
Analysis was successfully completed.
OK

7. ANALYSIS ファイルを保存する。



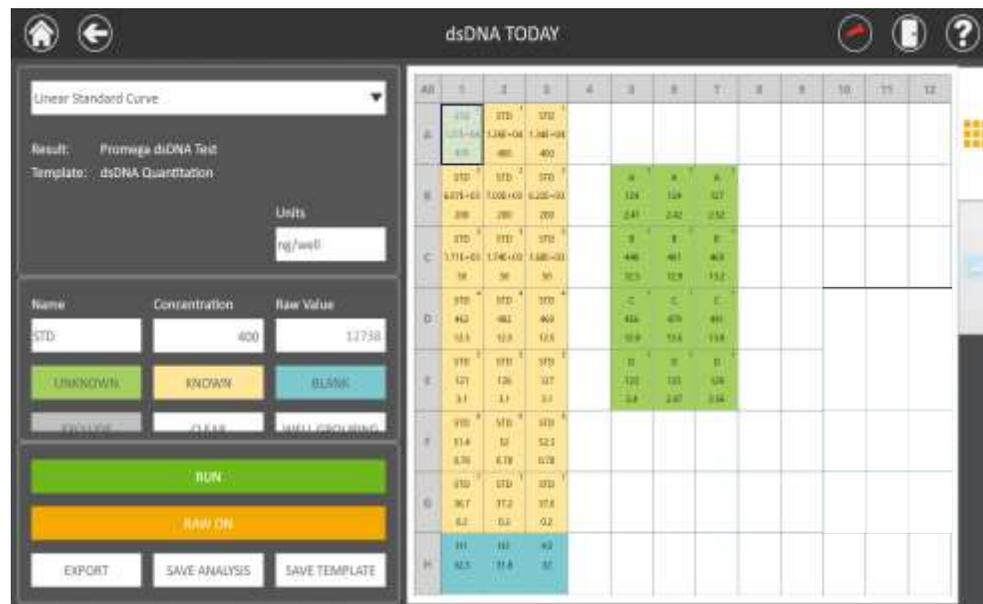
2 必要に応じ、ファイル名を入力する。
(ここでは“dsDNA TODAY”とする。)

1 “SAVE ANALYSIS”を選択する。

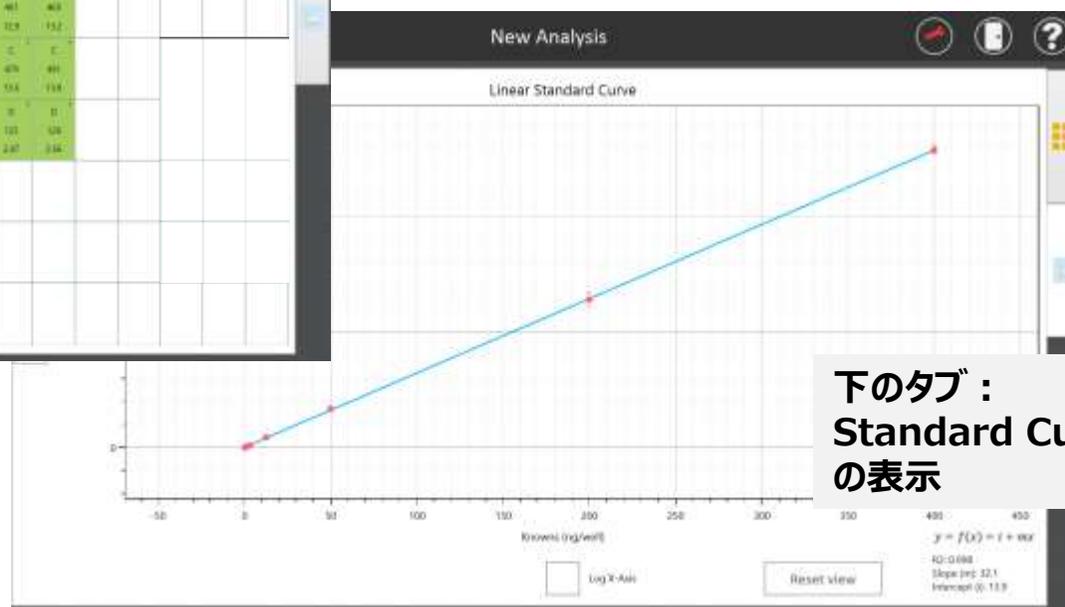


3 “RESULTS”内の“ANALYSES”のフォルダ内に保存される

8. ANALYSIS ファイルの表示画面について。

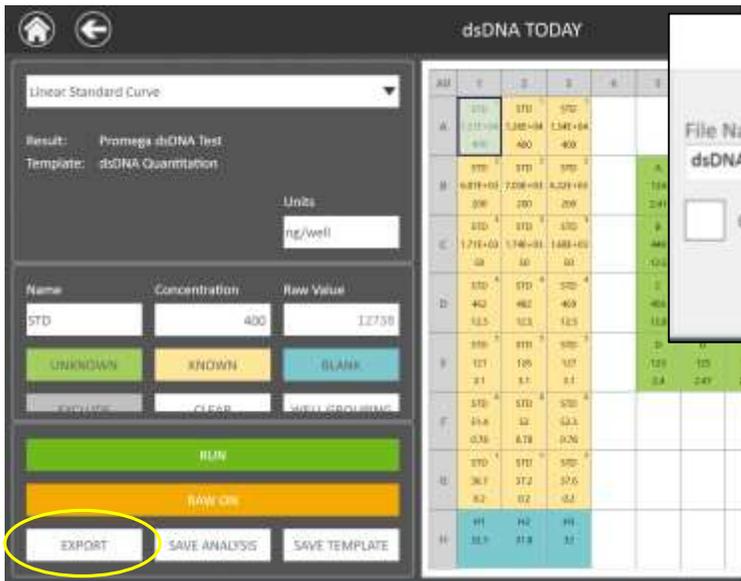


上のタブ：
プレートフォーマットで測定結果と
計算結果の表示



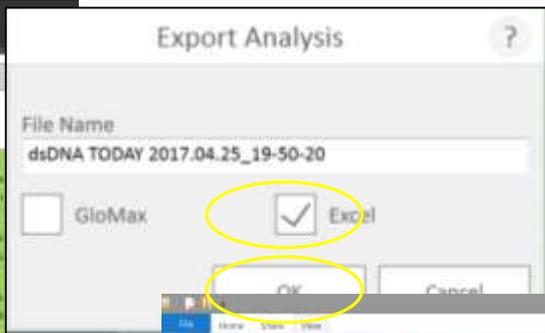
下のタブ：
Standard Curveのグラフ
の表示

9. ANALYSIS ファイルをEXPORTする。



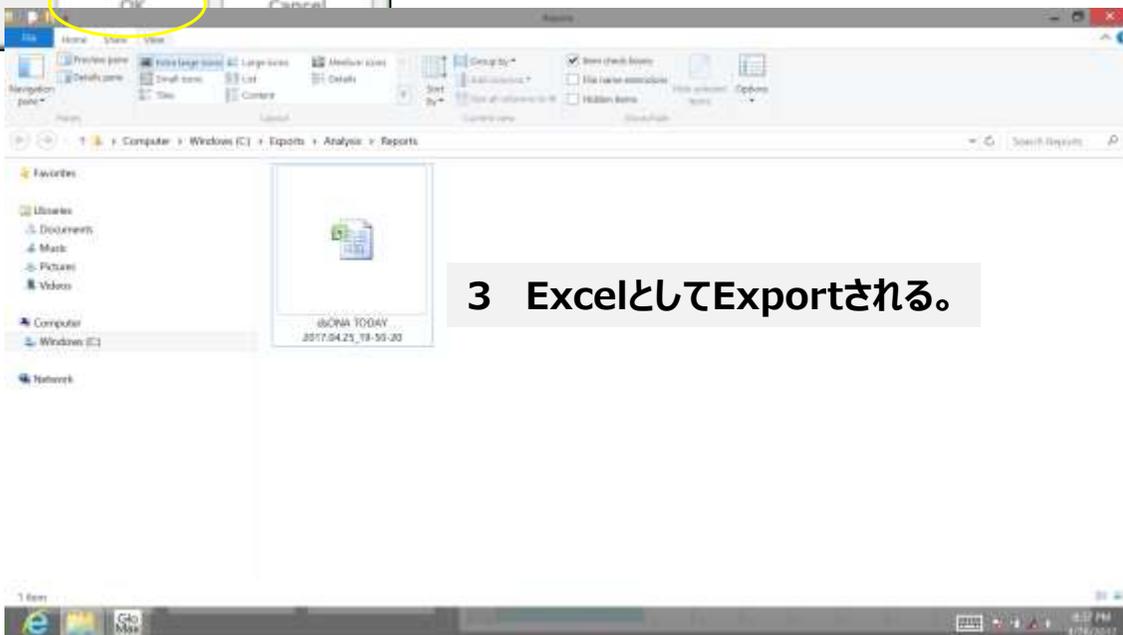
The screenshot shows the dsDNA TODAY software interface. On the left, there is a control panel with a dropdown menu set to "Linear Standard Curve", a "Result" field showing "Promega dsDNA Test", and a "Template" field showing "dsDNA Quantitation". Below this, there are buttons for "UNKNOWN", "KNOWN", and "BLANK", and a "RUN" button. At the bottom of the control panel, the "EXPORT" button is highlighted with a yellow circle. To the right, a data table is visible with columns labeled AU, T, S, S, A, S.

1 "EXPORT"を選択する。



The screenshot shows the "Export Analysis" dialog box. The "File Name" field contains "dsDNA TODAY 2017.04.25_19-50-20". There are two radio button options: "GloMax" and "Excel". The "Excel" option is selected, and its checkbox is highlighted with a yellow circle. Below the radio buttons, the "OK" button is also highlighted with a yellow circle.

2 "Excel"にチェックをEXPORT"を選択し、
"OK"を押す。



The screenshot shows a Windows File Explorer window. The address bar indicates the path: "Computer > Windows (C:) > Exports > Analysis > Reports". The main area displays a single file named "dsDNA TODAY 2017.04.25_19-50-20" with an Excel icon. The taskbar at the bottom shows the "GloMax" application icon.

3 ExcelとしてExportされる。

10. EXPORTされたEXCELファイルの表示画面について。

Excelファイルには、4つのSheetが含まれている。
それぞれのSheetは、Protocol Details、Data Summary、Results、Chartを表している。

