

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。

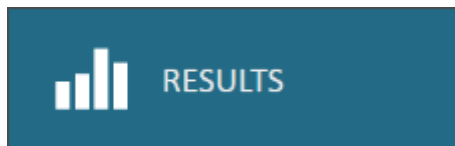
1. プレーットのレイアウトを決定する
2. TEMPLATE ファイルを作成する
3. TEMPLATE ファイルを保存する
4. 測定結果を得る
5. RESULT ファイルへ、TEMPLATE ファイルを当てはめる。
6. 測定結果を解析し、ANALYSIS ファイルを作成する。
7. ANALYSIS ファイルを保存する。
8. ANALYSIS ファイルの表示画面について。
9. ANALYSIS ファイルをEXPORTする。
10. EXPORTされたEXCELファイルの表示画面について。

# 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

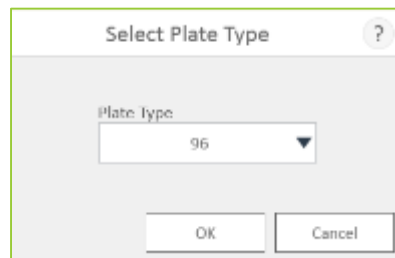


2

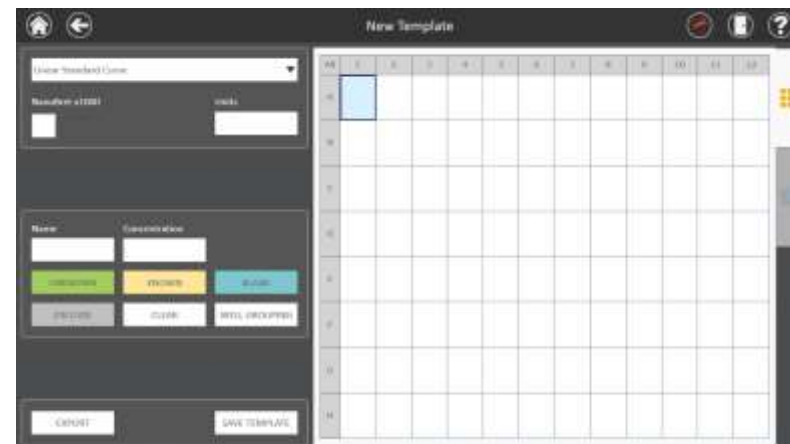


3

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

The screenshot shows the 'New Template' window with a dark theme. On the left, there are several input fields and buttons. At the top, a dropdown menu is set to 'Linear Standard Curve'. Below it, 'NanoBret x1000' is entered in the 'Name' field, and 'ng/well' is entered in the 'Units' field. Further down, the 'Name' field contains 'STD', and the 'Concentration' field is empty. There are three buttons: 'UNKNOWN' (green), 'KNOWN' (yellow), and 'BLANK' (blue). Below these are 'EXCLUDE' (grey), 'CLEAR' (white), and 'WELL GROUPING' (white) buttons. At the bottom left are 'EXPORT' and 'SAVE TEMPLATE' buttons. On the right, a 12x8 grid represents the wells. Columns are numbered 1-12, and rows are lettered A-H. A green rectangular box highlights the cells A1, A2, A3, B1, B2, B3, C1, C2, C3, D1, D2, D3, E1, E2, E3, F1, F2, F3, and G1, G2, G3. Each of these highlighted cells contains the text 'STD'.

	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

Linear Standard Curve

NanoBret x1000

Units: ng/well

Name	Concentration
STD	200

UNKNOWN KNOWN BLANK

EXCLUDE CLEAR WELL GROUPING

EXPORT SAVE TEMPLATE

New Template

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	STD 400	STD 400	STD 400	1								
B	STD 200	STD 200	STD 200	3								
C	STD	STD	STD									
D	STD	STD	STD									
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ウェルを選択する

New Template

Linear Standard Curve

NanoBret x1000

Units  
ng/well

Name

Concentration

UNKNOWN KNOWN BLANK

EXCLUDE CLEAR WELL GROUPING

EXPORT SAVE TEMPLATE

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
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 400 (空白)	BLK 400 (空白)	BLK 400 (空白)									

## 2. TEMPLATE ファイルを作成する。⑤

The screenshot shows the 'New Template' interface. On the left, the 'Name' field is highlighted with a green circle and labeled '4~5'. Below it, the 'UNKNOWN' button is highlighted with a green circle and labeled '2'. The 'Units' field is set to 'ng/well'. On the right, the data grid shows columns 1, 2, and 3. A green box highlights the cells B5, B6, and B7, which are labeled '3'. A blue box highlights the cell D5, which is labeled '1'.

	1	2	3	4
A	STD	STD	STD	
B	400	400	400	
C	STD	STD	STD	
D	12.5	12.5	12.5	
E	STD	STD	STD	
F	0.78	0.78	0.78	
G	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

The screenshot shows the 'qDNA Quantitation' software interface. On the left, there is a control panel with a dropdown menu set to 'Linear Standard Curve', a 'NanoBret x1000' input field, and a 'Units' dropdown set to 'ng/well'. Below these are buttons for 'Name' and 'Concentration' (UNKNOWN, KNOWN, BLANK), and a 'WELL GROUPING' button which is circled in green and labeled with a '2'. At the bottom are 'EXPORT' and 'SAVE TEMPLATE' buttons. On the right, a 12x8 grid of wells is shown, with columns 1-3 labeled 'All', '2', '3' and rows A-H. The 'All' column is circled in green and labeled with a '1'. The grid contains data for rows A, B, C, D, E, F, G, and H, with values like 'STD', '400', '200', '100', '12.5', '3.1', '0.78', '0.2'.

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

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 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 of this is a 'NanoBret x1000' label and a 'Units' dropdown set to 'ng/well'. Below these are input fields for 'Name' and 'Concentration'. There are three buttons: 'UNKNOWN' (green), 'KNOWN' (yellow), and 'BLANK' (blue). Below these are 'EXCLUDE', 'CLEAR', and 'WELL GROUPING' buttons. At the bottom left is an 'EXPORT' button, and at the bottom right is a 'SAVE TEMPLATE' button, which is circled in green. On the right side of the interface is a table with columns labeled 'All', '1', and '2', and rows labeled 'A' through 'H'. The table contains numerical data and 'STD' labels.

All	1	2
A	STD	STD
B	400	400
C	STD	STD
D	200	200
E	STD	STD
F	50	50
G	STD	STD
H	12.5	12.5
I	STD	STD
J	3.1	3.1
K	STD	STD
L	0.78	0.78
M	STD	STD
N	0.2	0.2
O	61	61

1 “SAVE TEMPLATE”を選択する。

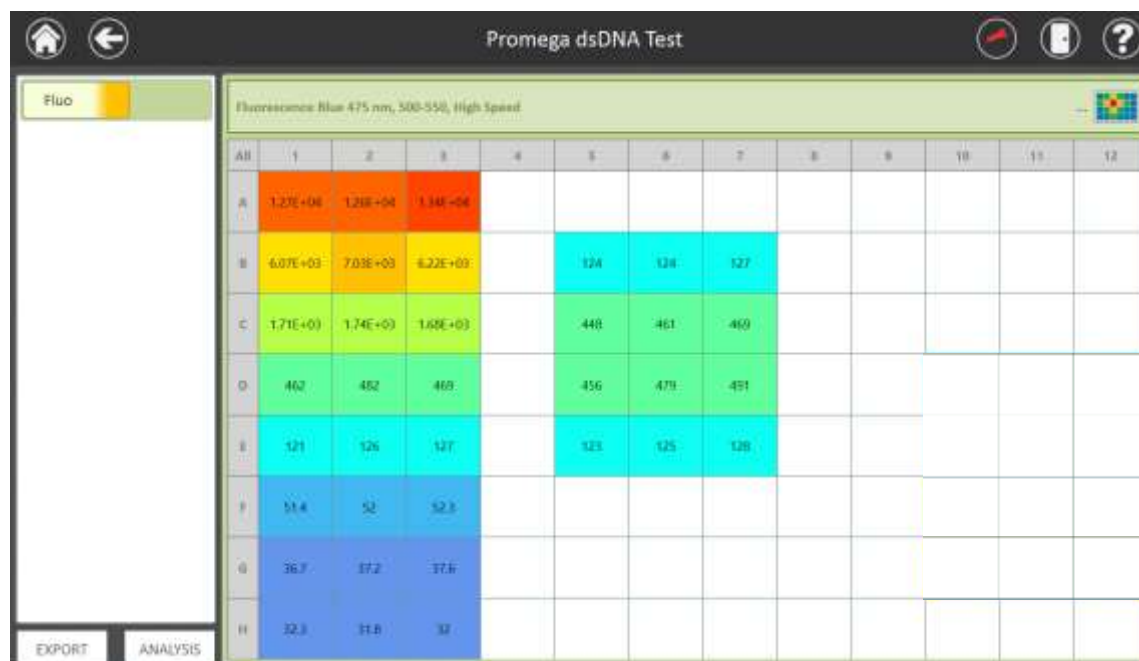
2 TEMPLATE名をつける  
(ここでは、“dsDNA Quantitation”とする)

TEMPLATE リストに保存されます。

The screenshot shows a 'Save Template' dialog box. It has a title bar with a question mark icon. Inside, there is a 'Name' label and a text input field containing 'dsDNA Quantitation'. At the bottom right, there are two buttons: 'OK' and 'Cancel'. The 'OK' button is 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。



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 1:40:07 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
REIMPORT	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

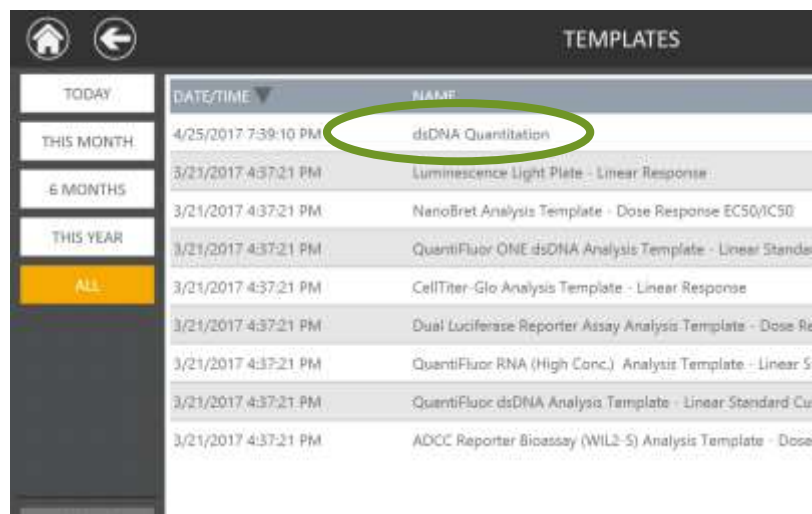
2 “Promega dsDNA Test”  
を開く

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		

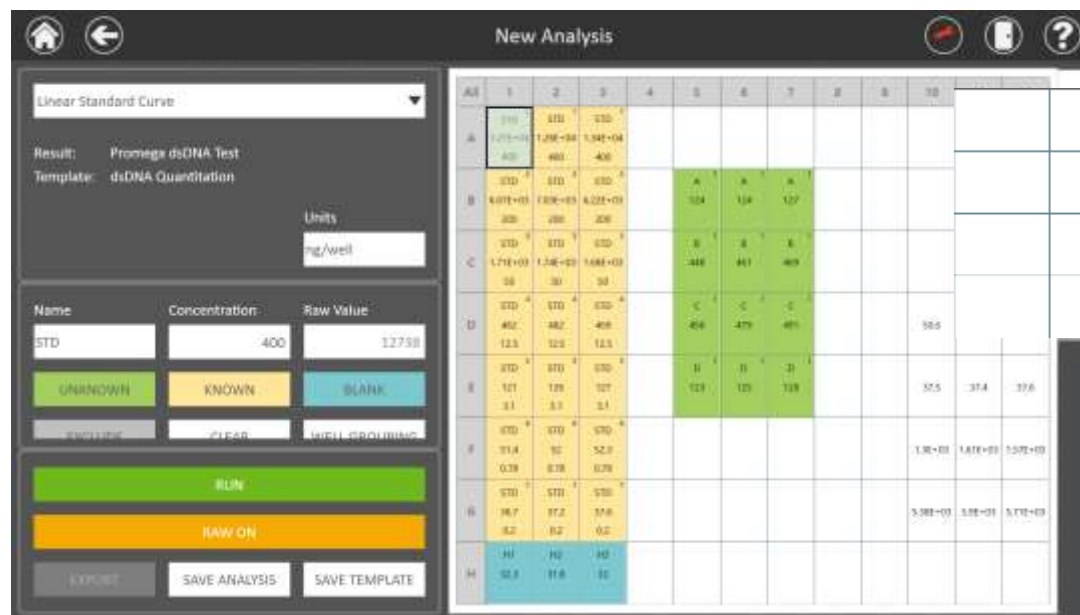
EXPORT ANALYSIS

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



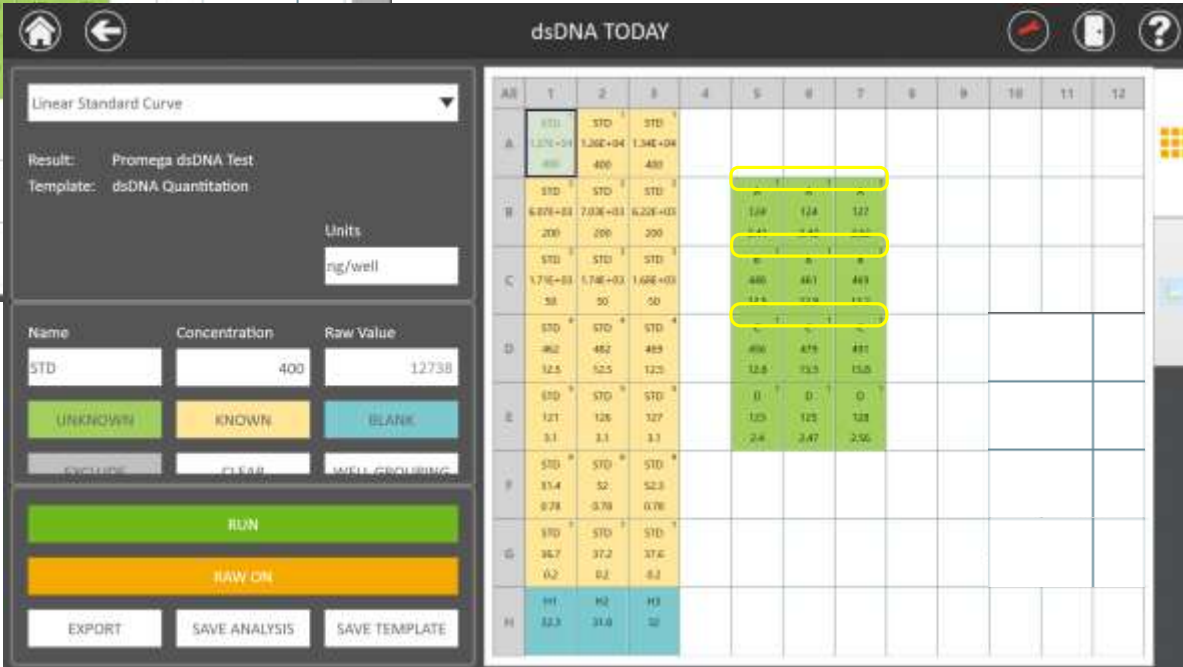
TEMPLATES リストから  
“dsDNA Quantitation”を選択すると、  
右(→)の図が表示される。



## 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。



2 "OK"を選択する。

Analysis

Analysis was successfully completed.

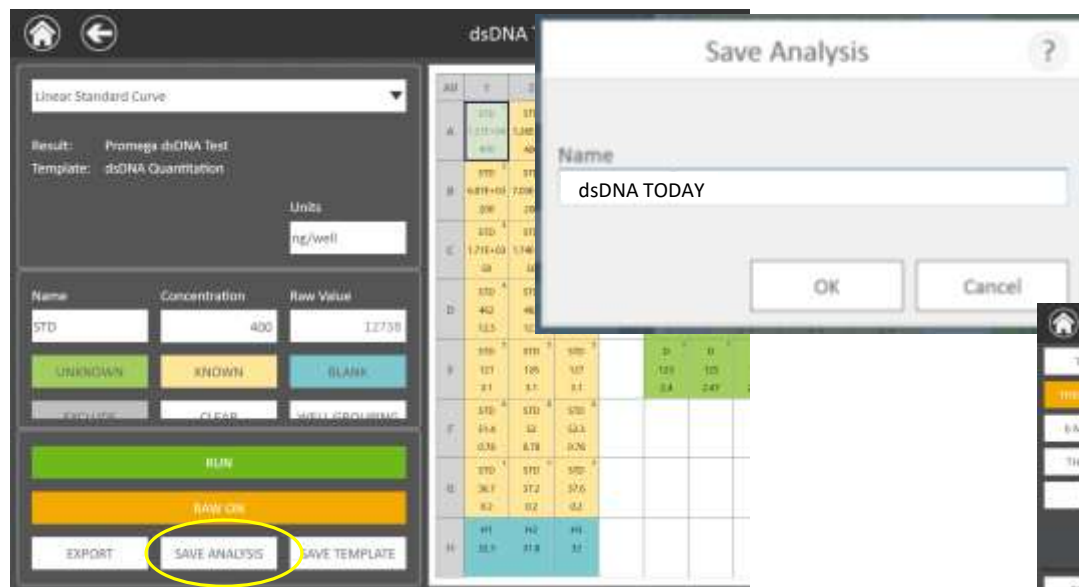
OK

dsDNA TODAY

Well	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	STD	STD	STD									
B	6.07E+03	7.03E+03	6.22E+03									
C	1.71E+03	1.34E+03	1.68E+03									
D	STD	STD	STD									
E	STD	STD	STD									
F	121	126	127									
G	3.1	3.1	3.1									
H	10.8	11.6	10									

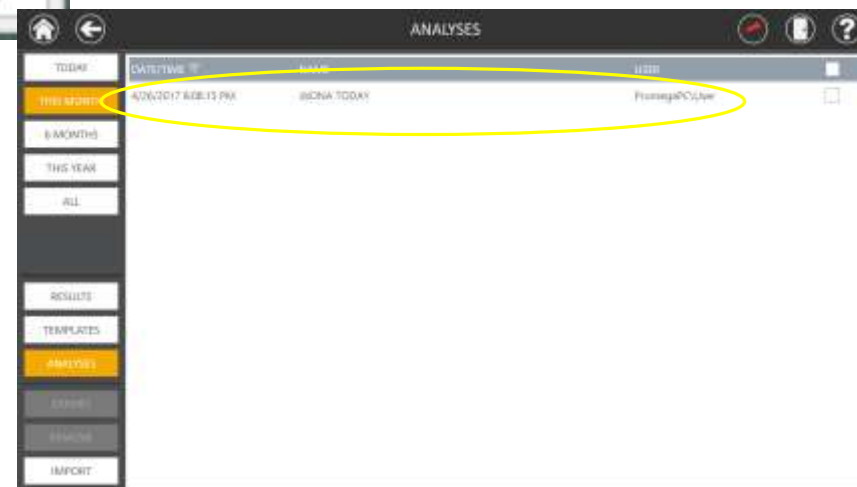
Well	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	STD	STD	STD									
B	6.07E+03	7.03E+03	6.22E+03									
C	1.71E+03	1.34E+03	1.68E+03									
D	STD	STD	STD									
E	STD	STD	STD									
F	121	126	127									
G	3.1	3.1	3.1									
H	10.8	11.6	10									

## 7. ANALYSIS ファイルを保存する。



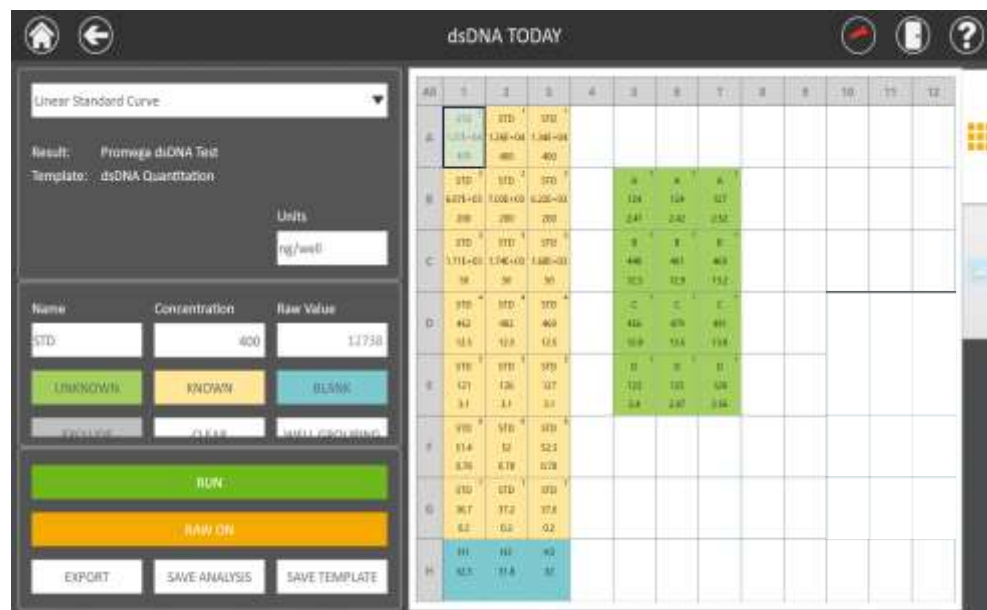
1 "SAVE ANALYSIS"を選択する。

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。)

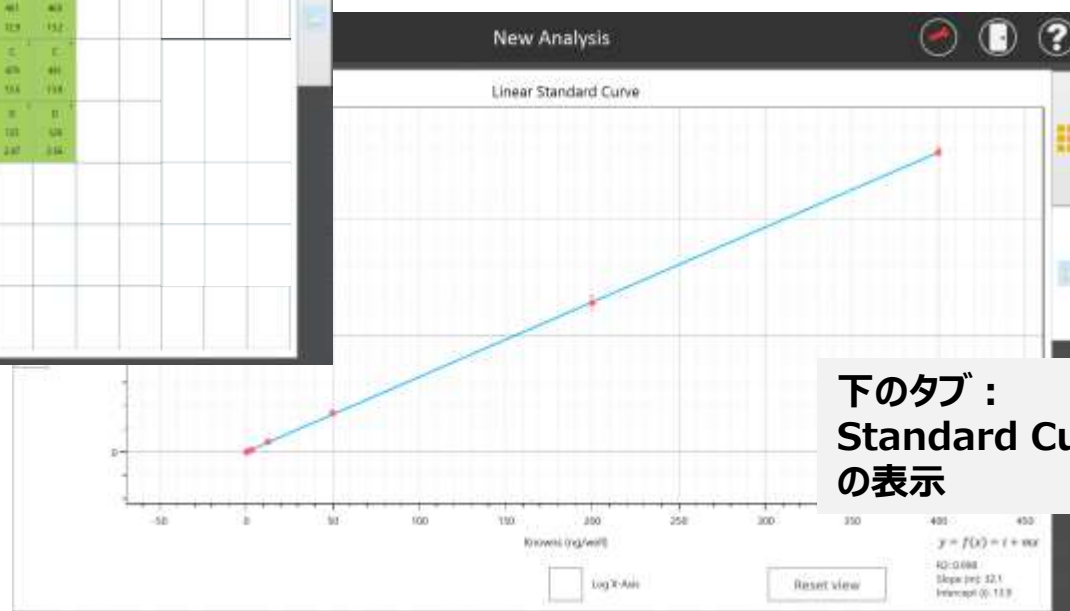


3 "RESULTS"内の"ANALYSES"のフォルダ内に保存される

## 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



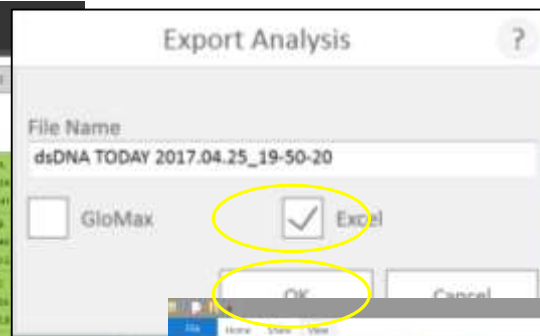
下のタブ :  
Standard Curveのグラフ  
の表示



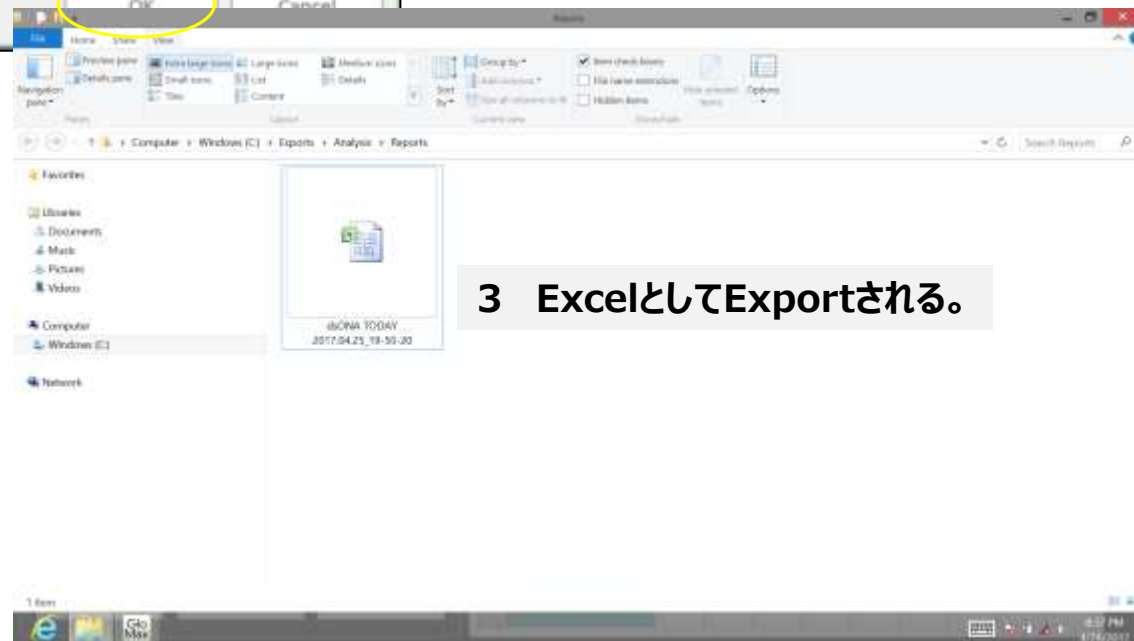
## 9. ANALYSIS ファイルをEXPORTする。



1 "EXPORT"を選択する。



2 "Excel"にチェックをEXPORT"を選択し、  
"OK"を押す。



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。

**dsDNA TODAY**  
Linear Standard Curve

Executed by: PromegaPC\User  
Analysis Date: 4/23/2017 1:47:03 PM  
Instrument: GloMax® Discover  
Instrument Name: PromegaGloMax  
Serial Number: 505467008  
Firmware Ver: 4.88.0  
Software Ver: 3.0.0

Parameters  
Plate Type: 96 well  
Result Name: Promega dsDNA Test

Protocol Details

**Unknowns**

Sub-Replicate Name	Dilution Factor	Units of Concentration	Average Interpolated Concentration	Standard Deviation Interpolated
A	1.00E+00	ng/well	3.49E+00	6.19E-02
D	1.00E+00	ng/well	2.48E+00	7.81E-03
B	1.00E+00	ng/well	1.38E+01	8.87E-01
C	1.00E+00	ng/well	1.54E+01	9.40E-01

**Knowns**

Replicate Name	Concentration	Units of Concentration	Average	Standard Deviation
10 STD	2.00E-01	ng/well	9.18E+00	6.34E-01
11 STD	7.00E-01	ng/well	1.39E+01	4.53E-01
12 STD	3.10E+00	ng/well	9.29E+01	3.07E+00
13 STD	1.35E+01	ng/well	4.34E+02	1.00E+01
14 STD	5.00E+01	ng/well	1.68E+03	5.28E+01
15 STD	2.00E+02	ng/well	6.41E+03	5.13E+02
16 STD	8.00E+02	ng/well	1.26E+04	8.88E+02

Linear fit equation:  $y = f(x) = 1.44x$

Data Summary

**Raw Data**

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	1.27E+04	1.28E+04	1.34E+04									
B	8.87E+01	7.09E+01	6.23E+01	1.24E+02	1.24E+02	1.27E+02						
C	3.73E+01	1.74E+01	1.88E+01	4.48E+02	4.62E+02	4.89E+02						
D	4.62E+02	4.82E+02	4.88E+02	4.58E+02	4.79E+02	4.91E+02						
E	1.13E+02	1.28E+02	1.27E+02	1.22E+02	1.23E+02	1.28E+02	3.78E+01	3.74E+01	3.78E+01			
F	3.34E+01	3.23E+01	3.33E+01				1.30E+01	1.61E+01	1.57E+01			
G	8.87E+01	8.72E+01	8.78E+01				3.38E+01	3.38E+01	3.71E+01			
H	3.23E+01	3.18E+01	3.20E+01									

**Well Names**

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

Results

