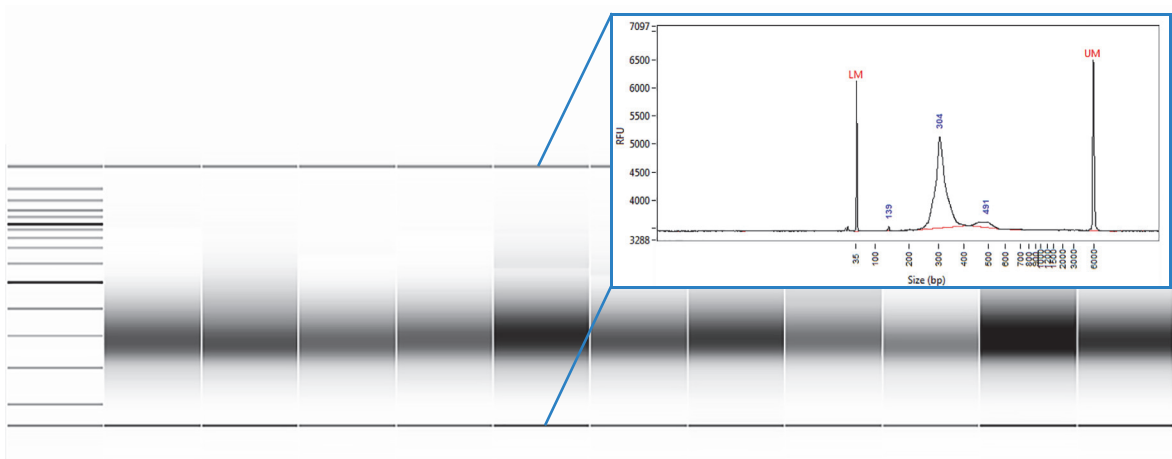


ProSize 数据分析软件

用户手册



声明

文档信息

文档编号: D0002111 修订版 B

版本 04/2022

版权所有

© 安捷伦科技（中国）有限公司，
2020–2022

根据美国和国际版权法，未经 Agilent Technologies, Inc. 事先同意和书面许可，不得以任何形式、任何方式（包括存储为电子版、修改或翻译成外文）复制本手册的任何部分。

Agilent Technologies, Inc.
5301 Stevens Creek Blvd.
Santa Clara, CA 95051

商标信息

ProSize 软件是安捷伦科技有限公司的注册商标。

Fragment Analyzer（片段分析仪）、ZAG DNA Analyzer（ZAG DNA 分析仪）和 Femto Pulse Systems（Femto Pulse 系统）是安捷伦科技有限公司的商标。

Windows 是微软公司的注册商标。

修订和更新

本手册如有变更，恕不另行通知。本手册可能会随着组件和/或维护程序的修改而定期修订和更新。这些更新将提供给所有记录在案的手册持有者。如果您对获取更新有任何疑问，请联系安捷伦。请注意向安捷伦提供您最新的联系信息，以便及时获取修订和更新。

担保

本文档所含资料“按原样”提供，在以后的版本中若有更改，恕不另行通知。此外，在适用法律许可的最大范围内，Agilent 对本手册及其所包含的信息不做任何明示和默示的担保，包括但不限于适销性以及适合特定用途的默示担保。Agilent 对提供、使用或应用本文档及其包含的任何信息所引起的错误或偶发或必然损坏概不负责。如果 Agilent 与用户之间单独签定的书面协议中所含的保证条款与本文档中的条款冲突，则应以单独协议中的保证条款为准。

技术许可

本文档中所述的硬件和/或软件是依据许可提供的，且只能根据此类许可的条款进行使用或复制。

权利限制说明

美国政府的受限权利。授予联邦政府的软件和技术数据权利仅包括通常提供给最终用户的那些权利。Agilent 根据 FAR12.211（技术数据）和 12.212（计算机软件）和（对于国防部）DFARS 252.227-7015（技术数据 — 商品）以及 DFARS227.7202-3（商业计算机软件或计算机软件文档中的权利）来提供软件和技术数据方面的此常规商业许可。

安全声明

小心

小心提示表示有危险。提醒您注意某个操作步骤、某项操作或类似问题，如果执行不当或未遵照提示操作，可能会损坏产品或丢失重要数据。在完全理解并满足指定条件之前，请勿忽略小心提示继续进行操作。

警告

“警告”提示表示有危险。提醒您注意某个操作步骤、某项操作或类似问题，如果执行不当或未遵照提示操作，可能会导致人身伤害或死亡。在完全理解并满足指定条件之前，请勿忽略“警告”提示继续进行操作。

本指南概述

本手册由安捷伦编制，作为 ProSize 数据分析软件的技术参考资料，用于片段分析仪、ZAG DNA 分析仪和 Femto Pulse 平行电泳系统。

本文档包括软件系统要求、安装程序、软件操作、故障排除指南和技术支持信息。

本文档旨在供精通分析仪器操作的技术人员使用。本文档适用于已接受过一定程度的培训并具备专业知识的人员，因此文中不涉及基础知识。本文档采用屏幕截图和书面描述按章节进行介绍。如果在查阅相应的主题内容后仍有疑问，请联系相应的安捷伦销售/客服中心。

1 ProSize 系统概述

本章介绍了 ProSize 数据分析软件的相关信息。

2 ProSize 系统要求和安装

本章提供了有关 ProSize 软件要求和安装说明的信息。

3 ProSize 主界面

本章介绍了 ProSize 软件主界面以及用户可以使用的功能和菜单。本章还介绍了用于打开和关闭数据文件的文件菜单。

4 ProSize 配置

本章介绍了 ProSize 软件全局配置 (Global Configuration) 对话框。此外还介绍了在打开的数据文件中设置单个配置参数的信息。

5 ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面

本章介绍了分子量校准 (Size Calibration) 界面（也称为校准曲线界面）。校准曲线界面用于选择未知样品峰/弥散条带分子量的校准条件。

6 ProSize 叠加样品

本章介绍了在 ProSize 软件中比较样品的可用方法。

7 从 ProSize 导出数据

本章介绍了用于从 ProSize 软件中导出处理后数据的选项。后续章节介绍了如何打开导出数据 (Export Data) 窗口；概述了各种数据导出选项；介绍了如何执行数据导出；并提供了导出数据的示例。

8 从 ProSize 生成报告

本章介绍了用于从 ProSize 软件生成报告的选项。后续章节介绍了如何打开生成报告 (Generate Report) 窗口；概述了各种报告生成选项；介绍了如何执行报告生成；并提供了报告数据的示例。

9 ProSize 查看毛细管位置

本章简要介绍了查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口的工具和功能。

10 ProSize 故障排除指南

本章介绍了 ProSize 软件的故障排除。

11 使用 ProSize 进行批量处理

本章介绍了如何执行批量处理流程，并概述了各种导出选项。

12 ProSize 增强型安全功能 (Enhanced Security Features)

本章介绍了 Enhanced Security Feature 的相关功能和使用。

目录

1	ProSize 系统概述	9
	关于系统	10
	ProSize 数据分析软件	10
2	ProSize 系统要求和安装	11
	系统要求	12
	通用软件要求	12
	操作系统	12
	PC 建议	13
	ProSize 软件安装说明	14
	启动 ProSize 程序	17
	退出 ProSize 软件	18
3	ProSize 主界面	19
	主界面（数据文件未打开）	20
	在 ProSize 软件中打开数据文件	24
	配置对话框	26
	主界面（数据文件打开）	28
	孔板分布图	32
	数字化胶图工具栏	34
	电泳峰图工具栏菜单	38
	电泳峰图显示菜单	42
	电泳峰图显示菜单－RNA 模式	46
	峰列表 (Peak Table)－DNA 模式	48
	峰列表 (Peak Table)－NGS 模式	50
	峰列表 (Peak Table)－gDNA 模式	52
	峰列表 (Peak Table)－Total RNA 模式	53
	峰列表 (Peak Table)－mRNA 模式	55
	峰列表 (Peak Table)－small RNA 模式	56
	峰列表 (Peak Table)－突变分析模式	57
	标记分析表 (Flag Analysis)	58
	弥散条带分析表 (Smear Analysis Table)	60

高级标记分析表 (Advanced Flag Analysis)	63
设置自定义参数 (Set Individual Parameters)	64

4 ProSize 配置 76

配置简介	77
访问 ProSize 软件中的配置信息	78
全局配置对话框概述	81
全局配置 – 高级设置	82
全局配置 – 峰分析	85
全局配置 – Marker 分析	90
全局配置 – 参比毛细管峰分析	93
全局配置 – 分子量校准	94
全局配置 – 定量	97
全局配置 – 弥散条带分析 (Smear Analysis)	99
全局配置 – 标记	101
全局配置 – 高级标记	102
全局配置 – 包含区域	106
设置单个参数	108
设置单个参数 – 高级设置	110
设置单个参数 – 峰分析	111
设置单个参数 – Marker 分析	112
设置单个参数 – 定量	114
设置单个参数 – 弥散条带分析 (Smear Analysis)	116
设置单个参数 – 标记分析	118
设置单个参数 – DNA 质量参数	119
设置单个参数 – 高级标记分析	121
设置单个参数 – 包含区域	125

5 ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面 128

分子量校准简介	129
加载分子量校准曲线	130
查看并导出分子量校准 (文件打开)	136
识别并纠正不正确的分子量校准	141

6	ProSize 叠加样品	145
	叠加选项	146
	快速叠加	146
	叠加样品界面	147
7	从 ProSize 导出数据	163
	导出数据程序	164
	导出数据窗口设置	164
	导出数据示例	168
8	从 ProSize 生成报告	177
	生成报告	178
	生成样品结果报告	178
	生成报告示例	182
9	ProSize 查看毛细管位置	187
	查看毛细管位置简介	188
	打开查看毛细管位置窗口 (View Capillary Positions)	189
	查看毛细管位置窗口设置	191
	手动重置毛细管位置	194
10	ProSize 故障排除指南	198
	ProSize 软件错误消息	199
11	使用 ProSize 进行批量处理	201
	批量处理	202
	执行批量处理	202
12	ProSize 增强型安全功能 (Enhanced Security Features)	207
	激活增强型安全功能	208
	激活系统控制器软件中的增强型安全功能	208
	激活 ProSize 中的增强型安全功能	208

目录

数据审批	213
查看事件报告	217
查看数据事件日志	219

1

ProSize 系统概述

关于系统 10

ProSize 数据分析软件 10

本章为 ProSize 数据分析软件的概述。

关于系统

ProSize 数据分析软件

Agilent ProSize 软件用于分析来自平行毛细管电泳仪的原始数据，以及报告所分离的 DNA 或 RNA 片段的分子量（dsDNA 以 bp 为单位，RNA 以 nt 为单位）和浓度（ng/μL 或 nmol/L）。ProSize 软件可以执行以下功能：

- 读取仪器操作软件生成的原始数据文件
- 通过混标提供 DNA 分子量 (bp) 或 RNA 分子量 (nt) 校准，并由此测定样品中未知片段的 DNA/RNA 分子量
- 通过与内/外标准样本峰 (standard peak) 的相对比较或与校准 DNA/RNA ladder 的比较，对样品中的 DNA/RNA 浓度进行定量测量
- 以通用的逗号分隔值 (.csv) 文件格式导出分子量和浓度数据以及原始电泳峰图数据（时间与荧光强度之间的关系）；并以 .jpg、.bmp 或 .png 图像格式导出数字化电泳峰图或胶图
- 生成 PDF 格式的样品报告，其中包含用户指定的信息（包括测得的 DNA/RNA 分子量、DNA/RNA 浓度、数字化胶图、实验信息和/或计算得到的其他各种样品数据）
- 提供增强型安全功能和数字签名生成选项
- 提供增强型安全功能以及数据文件数字化锁定和解锁选项

本手册作为 ProSize 软件的指南，将帮助用户利用平行毛细管电泳仪器的诸多优势。

2

ProSize 系统要求和安装

系统要求 12

通用软件要求 12

操作系统 12

PC 建议 13

ProSize 软件安装说明 14

启动 ProSize 程序 17

退出 ProSize 软件 18

本章提供了有关 ProSize 软件要求和安装说明的信息。

系统要求

通用软件要求

查看报告

查看 Adobe PDF 格式的报告需要 PDF 阅读器。

安装最新版 Adobe Reader。通过 www.adobe.com 可以免费下载该软件。

数据文件导出

- ProSize 软件以通用的逗号分隔值 (.csv) 文件格式导出数据，大多数电子表格和数据库管理程序都可以读取这种格式的数据。安装电子表格程序（例如 Excel、OpenOffice）打开和查看导出的 .csv 文件
- 电泳峰图和数字化胶图以 .jpg、.bmp 或 .png 图像格式导出。查看这些文件格式应安装相应的程序

操作系统

ProSize 软件必须安装在运行 Windows 操作系统的计算机上才能正常工作。

表 1 支持的操作系统

操作系统	详细说明
Windows	Windows 10, 32 位或 64 位

PC 建议

该表提供了 ProSize 软件的推荐硬件配置。

表 2 推荐硬件配置

项目	详细说明
处理器速度 (CPU)	Intel Core 2, 或更高配置
物理内存 (RAM)	4 GB
硬盘	500 GB (用于存储原始数据文件)
图形分辨率	最低 1280 × 800 屏幕分辨率 推荐 1280 × 1024

ProSize 软件安装说明

安装软件

- 1 从安捷伦网站下载相应的安装程序
- 2 导航至 *ProSize 数据分析软件* (ProSize data analysis software) 文件夹
- 3 运行安装程序 (640980 KB)，并按照安装向导提供的说明和提示进行操作：

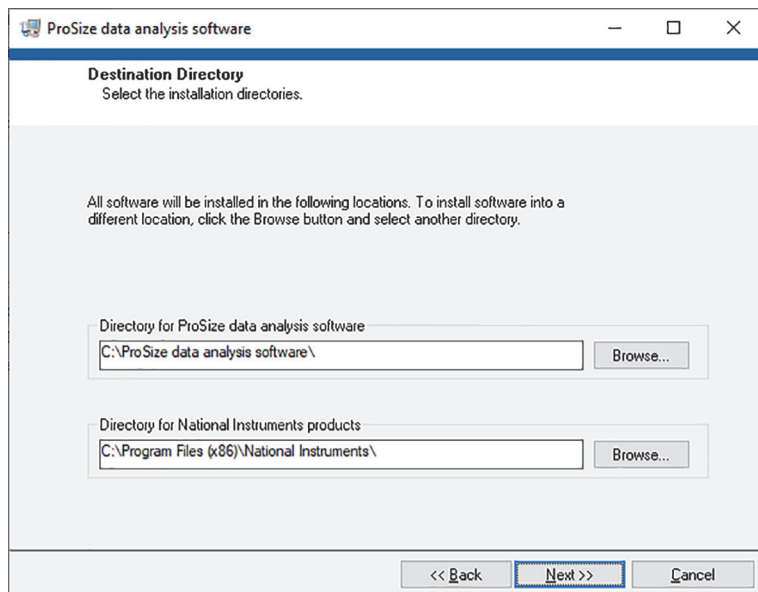


图 1 ProSize 数据分析软件和配套的 National Instrument 软件的默认目录位置

- a 提供安装目录。默认目录为
C:\ProSize data analysis software\

在开始 (Start) 菜单中创建 ProSize 软件的快捷方式。

来自 National Instruments 的配套软件也将安装于
C:\Program Files\National Instruments\。

- b 完成以下安装步骤

c 重新启动计算机以完成安装过程

成功安装 ProSize 软件后，将在 C:\ProSize data analysis software\ 目录中创建几个子文件夹（见图 2）：

- 配置 (Configurations)：此文件夹中包含 ProSize 全局配置设置文件，针对平行毛细管电泳仪器的不同试剂盒进行了优化
- 分子量标准品 (Ladders)：此文件夹中包含 ProSize 分子量测定标准品（ladder）信息文件（.txt 格式），适用于平行毛细管电泳仪器的不同试剂盒
- 支持 (Support)：此文件夹中包含 ProSize 软件操作的支持文件
- 培训测试运行 (Training Test Runs)：此文件夹中包含数据文件，与安装 ProSize 软件时加载的一组视频教程配合使用
- 视频 (Video)：此文件夹中包含 ProSize 视频教程，可通过帮助 (Help) 菜单进行访问，如下一节所述

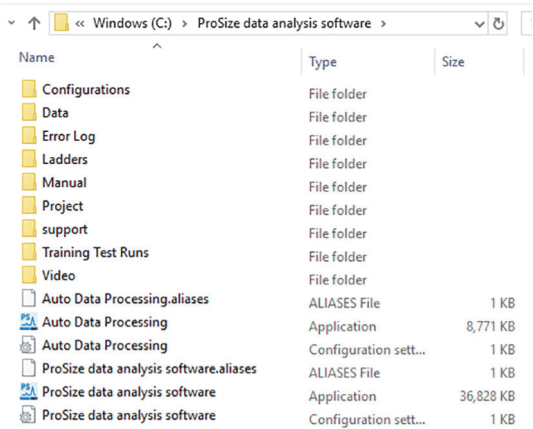


图 2 在 C:\ProSize data analysis software\ 目录中创建的子文件夹

- 4 将 C:\ProSize data analysis software\ 目录中的配置 (Configurations)、分子量标准品 (Ladders) 和视频 (Video) 文件夹更新到最新版本。您可以通过安捷伦支持获取最新版本的软件 and 文件

更新文件夹文件：

- a 导航至 C:\ProSize data analysis software\
 - b 删除其中的**配置** (Configurations)、**分子量标准品** (Ladders) 和**视频** (Video) 文件夹
 - c 将安捷伦提供的**配置** (Configurations)、**分子量标准品** (Ladders) 和**视频** (Video) 文件夹粘贴到相同的目录 C:\ProSize data analysis software\ 中

注意

ProSize 3.0 软件安装完成后，系统将安装 System.Data.SQLite。请按照所有屏幕说明进行安装。

正确查看 PDF 报告：

- 1 在计算机上安装最新版 Adobe Reader。通过 www.adobe.com 可以免费下载该软件

启动 ProSize 程序

- 1 在 Windows 开始 (Start) 菜单中，导航至 **ProSize 数据分析软件** (ProSize data analysis software)。或者在桌面上创建快捷方式来启动该程序

启动界面将显示软件版本（图 3）。

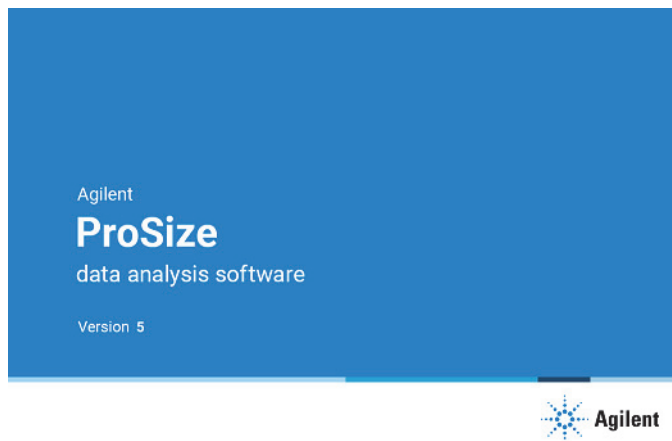


图 3 在启动 ProSize 软件时，启动界面显示了版本信息

软件打开时，屏幕将显示白色背景界面。在界面靠上部分，可以看到两个主菜单选项（见图 4）：

- **文件 > 打开文件** (File > Open File)：使用此下拉菜单打开数据文件。或者从工具栏中选择  打开数据
- **帮助 > 关于** (Help > About)：显示软件版本信息和安捷伦联系信息
- **帮助 > 视频教程** (Help > Tutorial Videos)：提供了一组关于如何使用该软件的视频教程。第 3 章，“ProSize 主界面”详细讨论了此菜单中的其他命令

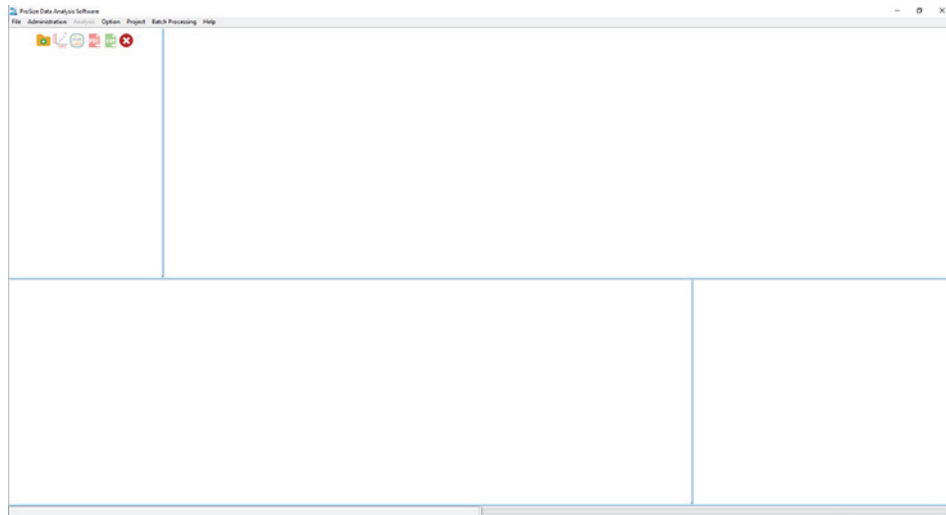


图 4 ProSize 软件主界面

退出 ProSize 软件

在文件 (File) 菜单中选择**退出** (Exit) 或点击  以关闭 ProSize 软件。

3

ProSize 主界面

主界面（数据文件未打开）	20
在 ProSize 软件中打开数据文件	24
配置对话框	26
主界面（数据文件打开）	28
孔板分布图	32
数字化胶图工具栏	34
电泳峰图工具栏菜单	38
电泳峰图显示菜单	42
电泳峰图显示菜单 – RNA 模式	46
峰列表 (Peak Table) – DNA 模式	48
峰列表 (Peak Table) – NGS 模式	50
峰列表 (Peak Table) – gDNA 模式	52
峰列表 (Peak Table) – Total RNA 模式	53
峰列表 (Peak Table) – mRNA 模式	55
峰列表 (Peak Table) – small RNA 模式	56
峰列表 (Peak Table) – 突变分析模式	57
标记分析表 (Flag Analysis)	58
弥散条带分析表 (Smear Analysis Table)	60
高级标记分析表 (Advanced Flag Analysis)	63
设置自定义参数 (Set Individual Parameters)	64

本章介绍了 ProSize 软件主界面以及用户可以使用的功能和菜单。本章还介绍了用于打开和关闭数据文件的文件菜单。

主界面（数据文件未打开）

在打开 *.raw 数据文件之前，ProSize 软件主界面可用的功能和菜单项汇总于表 3 中。

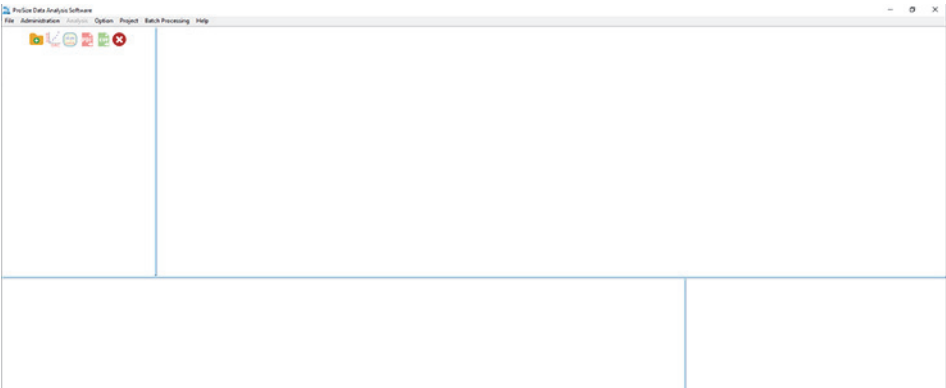


图 5 ProSize 软件主界面（数据文件未打开）

表 3 主菜单界面菜单项（活动状态，数据文件未打开）

菜单命令	描述
文件 (File)	
打开文件 	打开 选择文件夹 (Select folder) 对话框，找到并打开平行毛细管电泳仪生成的原始数据文件 (*.raw 扩展名)，以用于数据分析（图 7）。 请注意，如果配置名称 (ProSize) 和方法名称（控制软件（Fragment Analyzer controller software））不完全匹配，则第一次在 ProSize 软件中打开数据文件时，将显示 全局配置 (Global Configuration) 对话框。您可以通过该界面选择合适的预定义数据配置文件 (*.ini 扩展名)，或者通过选择数据分析模式（DNA、RNA、NGS、突变分析、gDNA、限制性酶切分析）和分析设置来自定义配置文件（图 9）。
关闭文件 	关闭 ProSize 软件。软件关闭时将自动保存数据文件及所有设置和操作。

表 3 主菜单界面菜单项 （活动状态，数据文件未打开）

菜单命令	描述
管理 (Administration)	
配置 (Configuration)	打开包含配置设置的弹出菜单。用户可以启用/禁用以下设置： • 需要登录 (Login required) • 增强型安全功能 (Enhanced security) （更多详细信息，请参阅第 12 章，“ProSize 增强型安全功能 (Enhanced Security Features)”） • 自动注销时间 (Auto Logoff Time) • 最小密码长度 (Minimum Password Length) • 密码有效期 (Password Expiration) • 允许的登录尝试次数 (Allowed Login Attempts) • 先前唯一密码 (Previous Unique Passwords)
事件报告 (Event Report)	打开事件日志 (Event Log)，其中报告了用户 ID (User ID)、计算机名称 (Computer Name)、事件时间 (Event Time)、操作 (Operation)、文件路径 (File Path) （相关情况下）和事件描述 (Description)。
选项 (Option) > 选项对话框设置	
设置默认数据路径 (Set Default Data Path)	可以设置访问和保存数据文件的默认文件路径。在选择文件夹 (Select folder) 对话框中，导航至所需的目录并选择要设置用于打开数据文件的文件夹（图 7）。 用于打开 *.raw 数据文件的默认目录为 C:\Agilent\Data\。
语言 (Language)	可以选择程序的语言（英语、德语等）。
毛细管阵列形式 (Capillary Array Format)	在数字化胶图 (Digital Gel Image) 显示中，可以按行 (Row)（A1、A2、A3 等）或列 (Column)（A1、B1、C1 等）从左到右排列数据。
显示选项 (Display Option)	可以通过选择样品缩放 (Scale to Sample) 或自动缩放功能 (Autoscale function) 来选择数据的视图。
DNA 质量参数 (DQN) (DNA Quality Number (DQN))	启用或禁用 DQN。
摩尔浓度计算 (Molarity Calculation)	可以使用峰顶点 (Use Peak Maxima) 或使用平均分子量 (Use Avg. Size) 进行所有摩尔浓度计算。
浓度单位 (%(Conc.) based on)	可以选择所需的浓度单位， ng/μL...nmol/L， 或 pg/μL...pmol/L。
图像分辨率 (Image Resolution)	将用于导出电泳峰图或胶图的图像分辨率定义为 1X、 2X、 3X 或 4X。
编辑配置 (Edit Configuration)	打开全局配置 (Global Configuration) 对话框（图 9），可以设置数据分析模式、峰积分和 Marker 积分、定量、标准品分子量等参数。
电子邮件 (Email)	可以设置用于发送结果的电子邮件账户。

表 3 主菜单界面菜单项 （活动状态，数据文件未打开）

菜单命令	描述
项目 (Project)	
加载项目 (Load Project)	打开 选择文件夹 (Select folder) 对话框，找到并打开生成的用于数据分析的项目数据文件 （*.proj 扩展名）。
创建项目 (Create Project)	可以打开 项目 (Project) 界面，通过选择不同的 *.raw 数据文件来创建项目。
批量处理 (Batch Processing)	
数据批量处理 (Batch Data Process)	可以处理所选文件夹中的一组 *.raw 文件，并定义用于发送处理文件的输出文件夹。
查看错误日志 (View Error Log)	可以查看与特定数据批量处理相关的错误日志。
帮助 (Help)	
用户手册 (User Manuals)	访问所有 ProSize 用户手册。
视频教程 (Tutorial Videos)	可以打开和查看一系列视频教程，帮助使用 ProSize 软件。 也可以直接从 C:\ProSize data analysis software\Video 目录打开视频教程。
关于 (About)	显示软件信息、版本信息、版权信息和安捷伦技术支持联系信息。

选项 (Options) 弹出对话框如图 6 所示。对话框的属性如上方的表 3 所示。

ProSize 主界面
主界面（数据文件未打开）

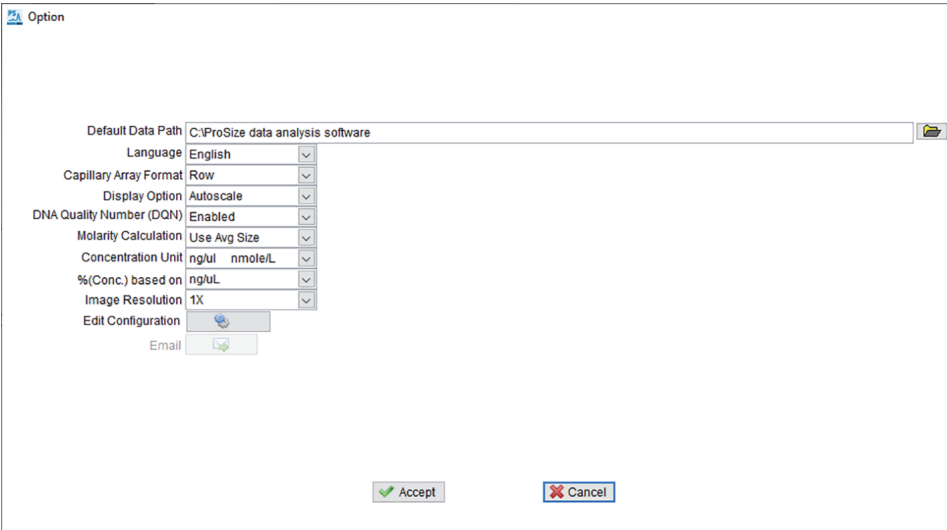


图 6 选项 (Options) 对话框

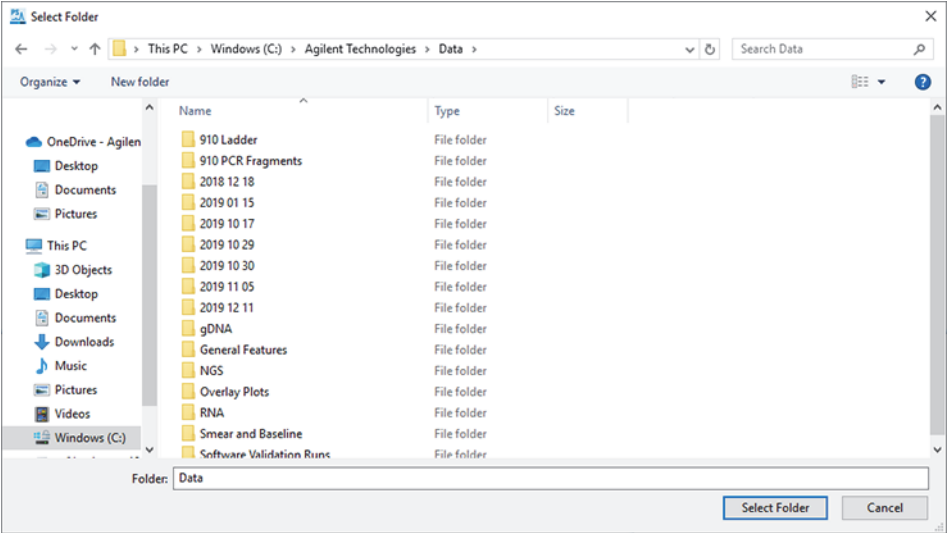


图 7 设置默认数据路径 (Set Default Data Path) 选择界面

在 ProSize 软件中打开数据文件

打开数据文件

- 1 从菜单中选择**文件 > 打开文件** (File > Open File) (或者, 从工具栏中选择 )

将打开**选择文件夹** (Select folder) 对话框 ([图 7](#))。

- 2 找到用于数据分析的原始数据文件 (*.raw 扩展名)

- 3 选择包含原始数据的文件夹

在 ProSize 软件中, 显示**打开** (Open) 界面, 其中显示了所选文件目录 ([图 8](#))。

如需打开其他文件夹, 请选择文件路径右侧的文件夹 , 打开标准文件浏览器。

- 4 在**打开** (Open) 界面单击数据文件

屏幕右侧将显示文件预览窗口, 其中包含数据的数字化胶图、**样品信息** (Sample Information) 列表、输入的任何**注释** (Note) 以及用于收集数据文件的**实验方法** (Method) 摘要 ([图 8](#))。如果数据文件之前未在 ProSize 中处理过, 则数字化胶图将显示标题 **未处理数据** (Non-processed Data)。如果数据文件之前经过处理, 则数字化胶图上不会显示任何标题。

- 5 如果确认数据文件正确, 选择**打开** (Open) 将数据文件加载到 ProSize 中。选择**取消** (Cancel) 关闭**打开** (Open) 界面, 不加载文件

ProSize 主界面

在 ProSize 软件中打开数据文件

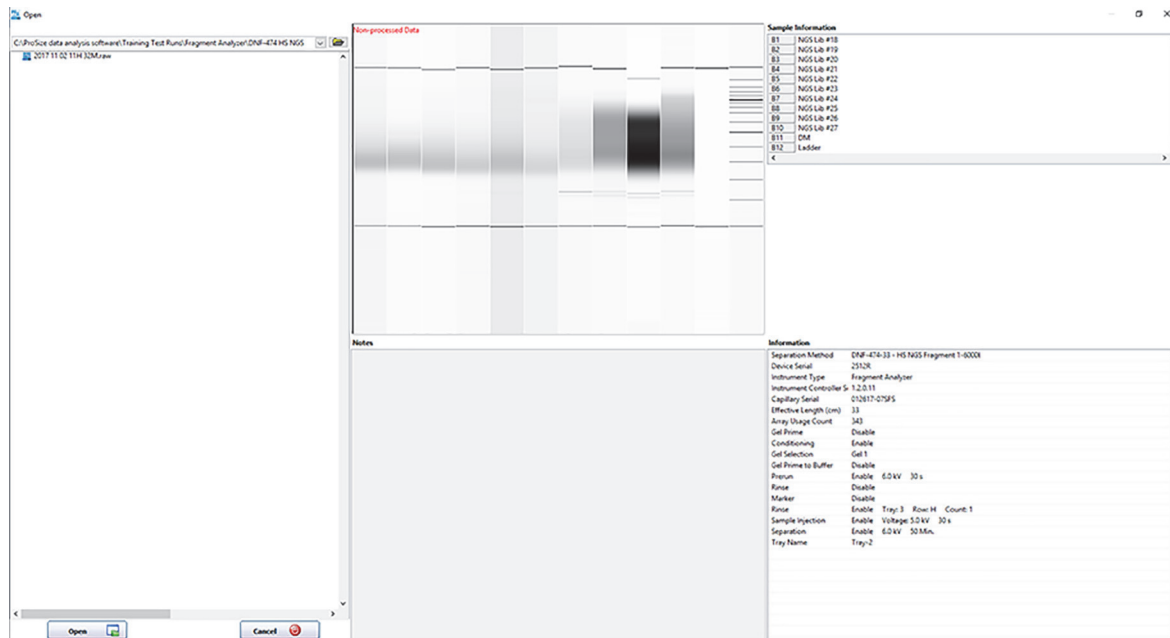


图 8 打开文件数据选择和预览界面

配置对话框

选择打开 (Open) 后，如果存在匹配的预定义数据分析配置文件（例如，**DNF-473-33 - SS NGS Fragment 1-6000bp.ini**），将对数据文件进行处理。配置文件名的前 10 个字符必须与用于自动处理数据的分离方法的前 10 个字符匹配。

注意

方法（仪器）和配置 (ProSize) 的名称均需至少 10 个字符。

如果没有匹配的配置文件，在打开之前未处理的数据文件时将加载**全局配置** (Global Configuration) 对话框。如果选择了错误的配置文件，用户可以导航至**选项** (Option) 窗口，并选择**编辑配置** (Edit Configuration) 以加载正确的配置。

打开后，**全局配置** (Global Configuration) 对话框中有 10 个主选项卡（图 9）。第 4 章，“ProSize 配置”对设置进行了详细介绍。

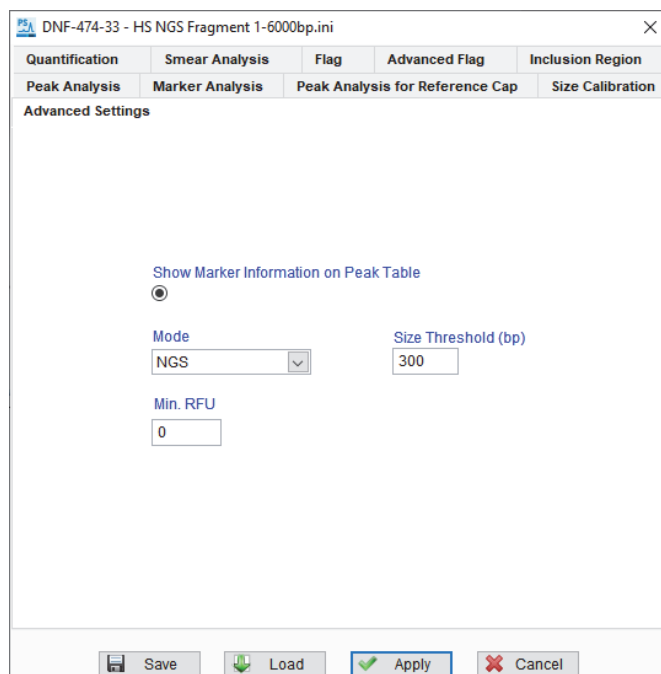


图 9 全局配置 (Global Configuration) 对话框（选中高级设置 (Advanced Settings) 选项卡）

注意

通过选择合适的数据分析模式（DNA、RNA 等）和分析设置可以创建自定义配置。

注意

在大多数情况下，可以为每个安捷伦试剂盒加载经过预定义和优化的全局配置文件。根据特定的试剂盒编号对配置文件进行了标记，例如 **DNF-910-33 - DNA 35-1500bp.ini**。

配置设置加载完成后，选择**应用 (Apply)**，在 ProSize 软件主界面中打开数据文件。

主界面 （数据文件打开）

在 ProSize 中打开数据文件后，将新启用几项主界面功能，如表 4 所示。打开的数据显示于主界面，如图 10（12-毛细管数据）和图 11（96-毛细管数据）所示。

表 4 新启用的主界面菜单项 （仅在数据文件打开时处于活动状态）

菜单选项	描述
文件 (File)	
关闭文件 (Close File)	关闭当前打开的数据文件并显示主界面。将保存数据文件关闭之前的所有设置，并在重新打开数据文件时进行重新加载。
生成报告 (Generate Report) 或 	打开一个菜单，用于配置和生成 Adobe .pdf 报告，其中包含用户指定的信息（电泳峰图、胶图、峰信息等）。如需了解更多信息，请参见第 8 章，“从 ProSize 生成报告”。
导出数据 (Export Data) 或 	打开一个菜单，用于配置用户指定的数据并将其导出到用户指定的文件夹。数据类型包括胶图、电泳峰图、峰列表 (Peak Table)、分子量校准数据等。如需了解更多信息，请参见第 7 章，“从 ProSize 导出数据”。
分析 (Analysis)	
显示分子量校准 (Show Size Calibration) 或 	打开 校准曲线 (Calibration Curve) 界面，其中包含与分子量校准 ladder 相关的输入数据。如需了解更多信息，请参见第 5 章，“ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面”。
叠加样品 (Overlay Samples) 或 	打开 叠加样品 (Overlay Samples) 界面，可以叠加来自各个泳道或不同数据文件的胶图或电泳峰图。如需了解更多信息，请参见第 6 章，“ProSize 叠加样品”。
查看毛细管位置 (View Capillary Positions)	打开 查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 界面，可以查看和修改检测器信号与毛细管位置之间的对准情况。如需了解更多信息，请参见第 9 章，“ProSize 查看毛细管位置”。
快速显示 (Quick Display)	显示 快速显示 (Quick Display) 窗口，其中显示了所有 12 根毛细管（或 96 毛细管阵列形式每 12 根毛细管的窗口）的非归一化电泳峰图，以便快速查看数据。
显示分离参数 (Display Separation Parameters)	显示 分离参数 (Separation Parameters) 窗口，用户可以查看分离过程中的电流、电压和压力。

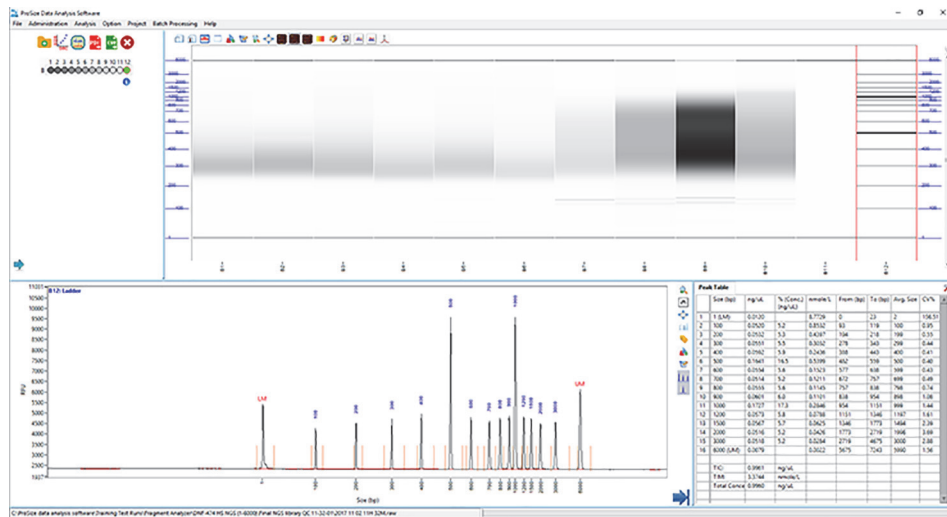


图 10 ProSize 软件主界面 (打开了 12-毛细管数据文件)

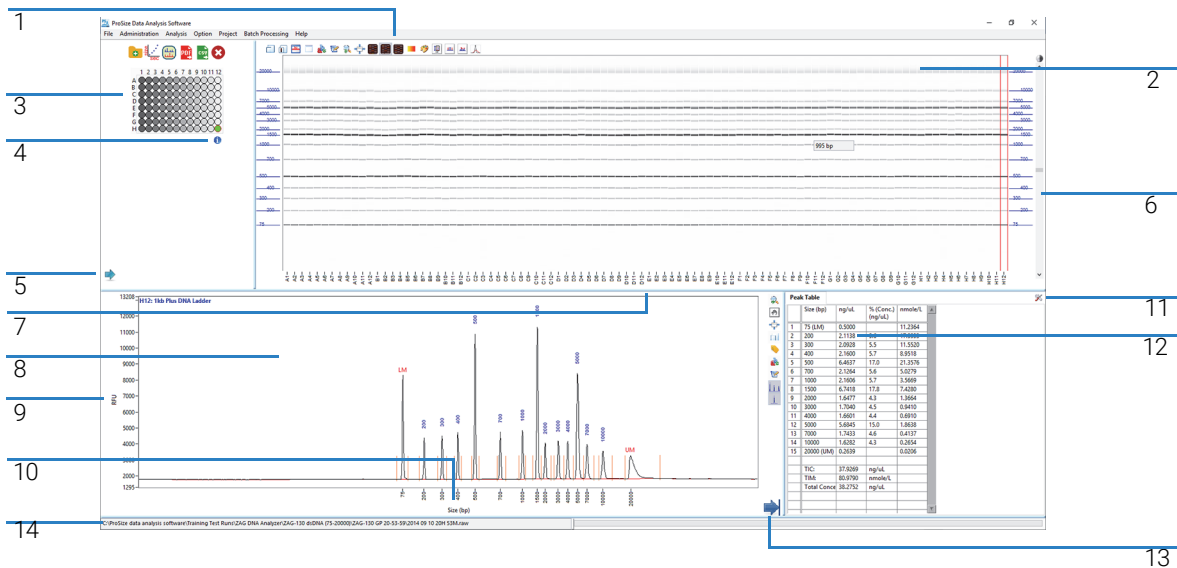
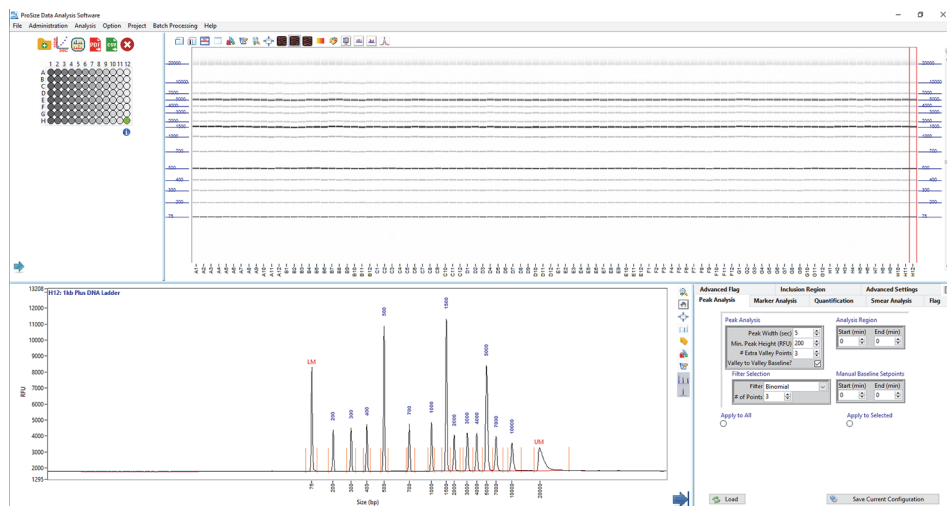
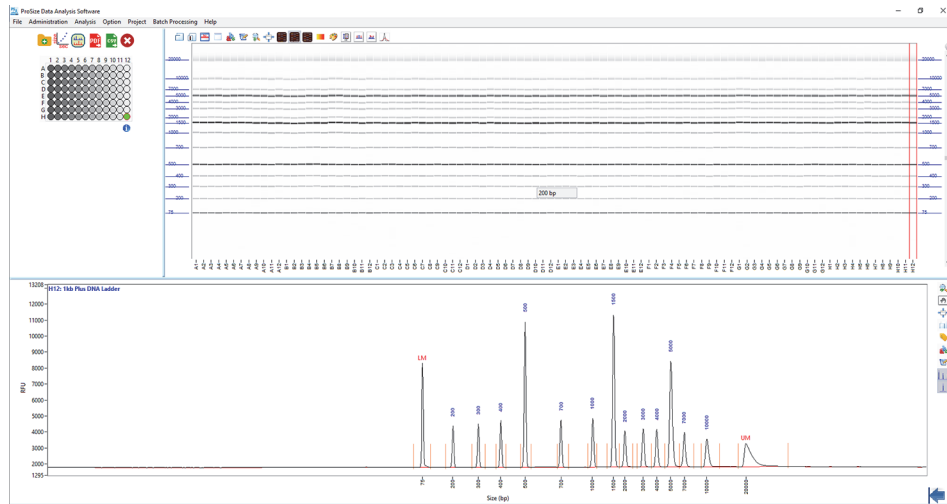


图 11 ProSize 软件主界面 (打开了 96-毛细管数据文件)

主界面中的主要功能如图 11 所示，并汇总于下表中：

1	主界面工具栏	
2	数字化胶图	数据集的数字化胶图（另请参见图 14，表 6）。每行的样品孔通常按递增顺序显示。从左侧的 A1 孔开始（A1，A2，A3–A12；然后是 B1–B12 等）。将视图更改为从左到右按升序排列孔列（A1、B1、C1 等）。从选项 (Option) 菜单选择毛细管阵列形式列 (Capillary Array Format Column)。如需切换回逐行形式，选择毛细管阵列形式行 (Capillary Array Format Row)。
3	孔板分布图	当前所选的孔以绿色突出显示（A1 为打开文件时的默认位置）。使用键盘箭头单击相应的孔，或双击数字化胶图的相应泳道。可以选择孔板的任意孔单独进行查看。 孔板分布图 (Plate Map) 菜单中可用的功能汇总于表 5。
4	信息	单击访问用于收集数据文件的实验方法信息。
5	样品 ID 导航	启用样品 ID 导航。将显示输入仪器软件中的样品 ID 列表，使您能够根据样品 ID 浏览样品，并根据需要编辑样品名称。通过右键单击列表并选择关闭 (Close) 来关闭样品 ID 导航视图。
6	对比度	使用滑动条更改胶图的强度对比度。
7	重新缩放	通过在两幅图像之间滑动滑动条，重新缩放电泳峰图和胶图。
8	电泳峰图	当前所选孔的电泳峰图。孔位置和样品名称（如果导入）显示于电泳峰图的左上角。右键单击屏幕以处理或标注数据（表 7 和表 8）。
9	缩放 y 轴	通过右键单击轴名称并选择 RFU 或 nmol/L 可以更改 y 轴的单位。
10	缩放 x 轴	通过右键单击轴名称并选择时间刻度或分子量刻度可以更改 x 轴的单位。
11	设置单个参数	选择  以显示配置窗口，可以根据需要单独调整每个样品的大多数设置（见图 13）。本节简要概述了主要的配置功能。如需了解更详细的信息，请参阅第 4 章，“ProSize 配置”。
12	峰列表 (Peak Table)	显示了关于所选的和积分的样品峰与 Marker 的信息（另请参见图 18）。具体取决于配置： • 如果标记配置功能包含任何标记条件，将显示标记分析 (Flag Analysis) 选项卡（图 34） • 如果弥散条带分析 (Smear Analysis) 配置包含任何条目，将显示弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡（图 33） • 如果使用了任何高级标记功能，将显示高级标记 (Advanced Flag) 选项卡（图 36）
13	展开电泳峰图	选择  在下方面板展开电泳峰图，为您提供更多的缩放选项（见图 12）。
14	文件名	打开数据文件时，左下方工具栏中将显示当前所选的文件名/目录。



孔板分布图

孔板分布图 (Plate Map) 中可用的功能汇总于表 5。

表 5 孔板分布图 (Plate Map) 菜单功能

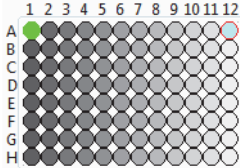
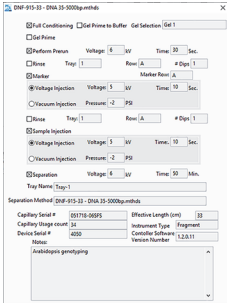
菜单选项	描述
孔板分布图	用于选择样品孔，以便调整 Marker/峰积分，确定 flag 或弥散条带分析 (Smear Analysis) 条件，查看峰列表 (Peak Table) 信息和电泳峰图，或在数字化胶图中调整泳道对比度。 可用于选择孔的方式： • 单击孔 • 通过键盘箭头更改孔选择 • 双击数字化胶图中的泳道 • 右键单击样品孔，在屏幕的电泳峰图部分进行叠加 • 在样品 ID 导航窗格中选择样品 ID (Sample ID)  如需显示孔/样品名称，请将鼠标光标放在孔上方。

表 5 孔板分布图 (Plate Map) 菜单功能

菜单选项	描述
实验信息 (Information) 	显示仪器系统软件用户界面，其中包含所收集数据文件的实验信息、毛细管阵列信息、仪器系统信息和注释 (Notes) 字段。 如需关闭窗口，请单击 ×。 
样品 ID 导航 	将显示样品 ID 列表。在该列表中，可以按之前输入到仪器系统软件中的样品 ID 来浏览样品。 双击样品名称可以编辑样品 ID 信息。 右键单击样品 ID 可以导入 (Import) .txt 文件。选择关闭 (Close)，退出样品 ID 列表并回到孔板分布视图。 

数字化胶图工具栏

数字化胶图上方的工具栏选项汇总于表 6。胶图的左右两侧均带有样品分子量测定标准品（bp 或 nt）注释。当前选择的泳道位于垂直光标 (cursor) 中（图 14）。

右键单击任意样品泳道将在电泳峰图视图中叠加样品。双击样品泳道可以在电泳峰图视图中查看单个样品孔。

更多信息请访问帮助 > 视频教程 > ProSize 胶图功能 (Help > Tutorial Videos > ProSize Gel Image Functions)。

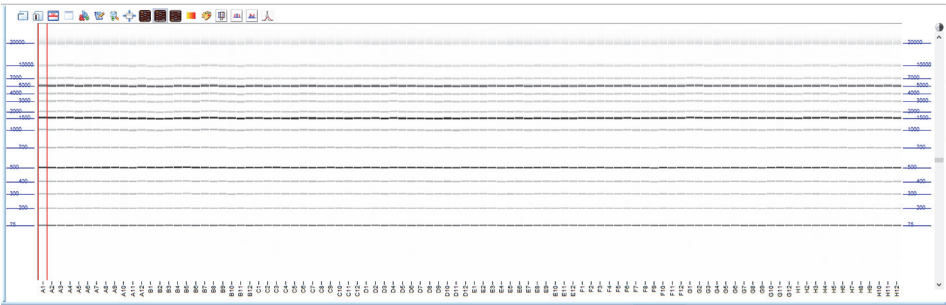


图 14 放大显示数字化胶图及其工具栏菜单的主界面

表 6 数字化胶图 (Digital Gel Image) 工具栏

工具栏选项	描述
复制完整胶图 	将完整的数字化胶图复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。如果放大胶图，则将复制胶图的可见部分。在复制的胶图中，胶图的左右两侧均使用分子量测定标准品进行了注释。
复制选定的凝胶泳道图像 	将当前选定的凝胶泳道的图像复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。如果放大胶图，则将复制凝胶泳道图像的可见部分。在复制的图像中，凝胶泳道图像的左侧使用分子量测定标准品进行了注释。

表 6 数字化胶图 (Digital Gel Image) 工具栏

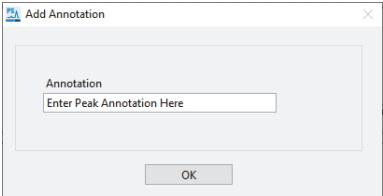
工具栏选项	描述
显示光标 (Show cursor) 	在数字化胶图上显示水平线光标 (cursor)，使用对应于当前光标 (cursor) 位置的分子量 (bp 或 nt) 进行标注。将鼠标悬停在光标 (cursor) 上方并按住鼠标左键，可以将光标 (cursor) 沿胶图拖动到任意位置。 当光标 (cursor) 处于活动状态并显示时，电泳峰图中会显示一个类似的带分子量注释的垂直光标 (cursor)，其移动与胶图中的光标 (cursor) 移动相对应。可同时显示多达 4 个光标 (cursor)。
隐藏光标 (Hide Cursor) ☐	如需停用光标 (cursor)，请再次点击该按钮。
创建注释 	在数字化胶图显示中创建自定义注释。选中该选项将打开添加注释 (Add Annotation) 窗口。您可以在字段中输入所需的注释，并选择确定 (OK)。注释将显示在数字化胶图 (Digital Gel Image) 窗口中。  将注释移动到曲线上的所需位置：单击注释并将其拖动到所需位置。拖动时，在注释的另一端会出现一个箭头 通过重复选择创建注释 (Create Annotation)，可以创建多个注释。使用复制 (Copy) 功能可以将创建的任何注释复制到剪贴板。

表 6 数字化胶图 (Digital Gel Image) 工具栏

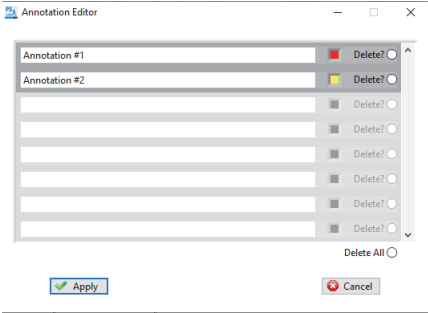
工具栏选项	描述
编辑注释 	打开注释编辑器 (Annotation Editor) 窗口。您可以： - 通过在文本字段中输入信息以编辑注释文本 - 通过左键单击注释颜色进行更改 - 通过选择注释旁边的删除 (Delete) 以删除该注释，或者通过选择全部删除 (Delete All) 以删除所有注释  选择应用 (Apply) 以确认您的设置。
缩放 	选中后，可以通过单击和拖动来缩放某个区域。
自动缩放 	自动缩放所有 12 或 96 个泳道的数字化胶图 x/y 轴视图。自动缩放的图像将显示从所选的 Lower Marker 到 Upper Marker 的凝胶图，如果仅使用 Lower Marker，则为从 Lower Marker 到分离窗口末端的凝胶图。
自动强度调节 	自动调节所有 12 或 96 个泳道的数字化胶图视图的强度。从整个图像观察到的强度将反映各泳道实际观测到的荧光信号。
使用 Lower Marker 对强度进行归一化 	将所有 12 或 96 个泳道的数字化胶图 Lower Marker 强度归一化为相同值，相应地调整每个泳道中所有条带的相对强度。正如在使用 Lower Marker 计算样品浓度时所做的那样，使用 Lower Marker 对强度进行归一化后，从整个图像观察到的强度将反映各泳道的荧光信号。
使用 Upper Marker 对强度进行归一化 	将所有 12 或 96 个泳道的 Upper Marker 数字化胶图视图强度归一化为相同值，相应地调整每个泳道中所有条带的相对强度。正如在使用 Upper Marker 计算样品浓度时所做的那样，使用 Upper Marker 对强度进行归一化后，从整个图像观察到的强度将反映各泳道的荧光信号。

表 6 数字化胶图 (Digital Gel Image) 工具栏

工具栏选项	描述
增强对比度 	在保持其他泳道不变的情况下提高单个泳道的对比度。选中该选项将打开泳道对比度控制 (Lane Contrast Control) 窗口。拖动滚动条可以调整胶图中当前选定泳道的对比度。调整后，单击确定 (OK) 接受更改，或选择取消 (Cancel) 放弃更改。 注：增强对比度设置仅作用于当前所选的泳道（在胶图中用垂直光标 (cursor) 标记）。自动强度调节、使用 Lower Marker 对强度进行归一化和使用 Upper Marker 对强度进行归一化功能将撤销之前的任何增强对比度操作。
胶图颜色 	更改 数字化胶图 (Digital Gel View)、叠加样品 (Overlay Samples) 界面以及导出或打印的任意报告中的胶图的配色方案。 胶图颜色选项： • 黑底白图（黑色背景，白色条带） • 白底黑图（白色背景，黑色条带） • 黑底绿图（黑色背景，绿色条带） • 黑底红图（黑色背景，红色条带） • 伪色（蓝色背景，绿色到红色条带）
1:1 胶图 	在可调窗口中显示胶图，以便更改胶图的纵横比（适用于生成论文用图）。调整后的图像可以复制到剪贴板。
隐藏/显示 Marker 峰 	在数字化胶图界面中，在隐藏或显示 Marker 峰之间进行切换。此选项在与未使用 Lower/Upper 归一化 Marker 的平板凝胶结果进行比较时非常有用。
隐藏/显示未积分的峰 	在数字化胶图界面中，在隐藏或显示未积分的峰之间进行切换。可用于消除胶图中的噪音峰。
高斯拟合 	通过切换将所有峰拟合为较窄的高斯峰。

电泳峰图工具栏菜单

电泳峰图 (Electropherogram Trace) 工具栏中可用的选项汇总于表 7。

更多信息请访问[帮助 > 视频教程 > ProSize 电泳峰图功能 \(Help > Tutorial Videos > ProSize Electropherogram Functions\)](#)。

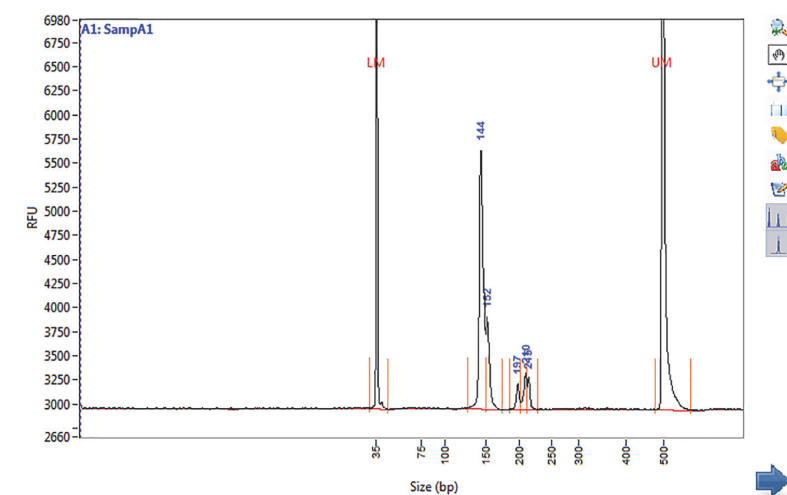


图 15 放大显示电泳峰图及其工具栏菜单的主界面。注意，y 轴刻度按样品峰高设置，而不是 Marker 峰高

注意

在 ProSize 软件 4.0 版本中，电泳峰图会自动缩放到观察到的最高样品峰，而不考虑 Lower/Upper Marker 峰高。如需查看包括 Marker 峰在内的整个 y 轴范围，请在 **选项 (Option)** 窗口中选择 **自动缩放 (Autoscale)** 作为 **显示选项 (Display Option)**（见图 6）。

表 7 电泳峰图 (Electropherogram Trace) 工具栏功能

工具栏选项	描述
缩放 (Zoom) 	可以放大电泳峰图的 x 轴和 y 轴。 放大：将鼠标置于曲线上方，单击并向外拖动，展开一个方框，确定放大的区域。松开鼠标按钮以应用放大操作。放大后的图像可以复制到剪贴板。在查看孔板分布图 (Plate Map) 中的其他样品时将保留该放大区域。 如需撤消放大操作，请使用自动缩放 (Autoscale) 功能。
平移 (Pan) 	启用图像平移功能。使用鼠标光标移动图像。
自动缩放 (Autoscale) 	用于自动缩放电泳峰图 x/y 轴显示。当使用时间刻度 (Time Scale) 和分子量刻度 (Size Scale) 显示模式时，自动缩放的图像将显示从分离开始到结束的完整曲线；当使用统一分子量刻度 (Uniform Size Scale) 时，自动缩放显示将从 0 bp 开始。 注：y 轴刻度将自动放大到检出的最高样品峰，而不考虑 Marker 峰高。如需查看包括 Marker 在内的整个 y 轴范围，请前往选项 (Option) 窗口，选择自动缩放 (Autoscale) 作为显示选项 (Display Option)。
复制 (Copy) 	将当前的电泳峰图视图复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。显示的任何缩放、注释、基线和/或峰起点/终点都将复制到图像中。在复制的图像中，孔 ID 和样品名称将复制到曲线左上角，x/y 轴对应于当前所选的视图。
峰顶标记 (Peak label) 	显示用于更改电泳峰图峰注释的菜单。仅标注积分峰。 峰注释单位： • 无 • 峰归属（按 1、2.....顺序排列的标记） • 迁移时间（分:秒）原始迁移时间 • 峰高 (RFU) • 经校正的峰面积（峰面积/迁移时间） • 分子量（bp 或 nt） • 平均分子量（bp 或 nt） • 浓度 (ng/μL) • nmol/L

表 7 电泳峰图 (Electropherogram Trace) 工具栏功能

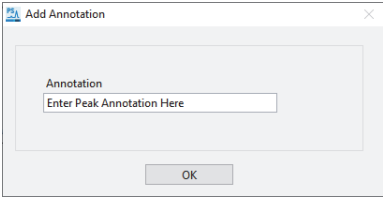
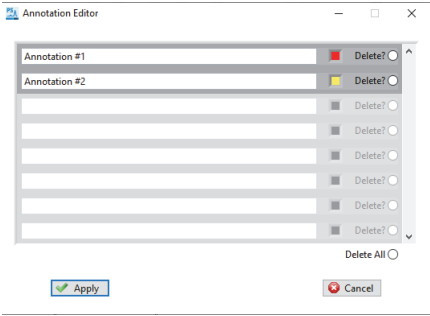
工具栏选项	描述
创建注释 (Create Annotation) 	在电泳峰图显示中创建自定义注释。在添加注释 (Add Annotation) 对话框中，用户可以将所需的注释输入字段中。单击确定 (OK)，注释将显示在电泳峰图 (Electropherogram Trace) 窗口中。  将注释移动到曲线上的所需位置：单击注释并将其拖动到所需位置。拖动时，在注释的另一端会出现一个箭头。 通过重复选择创建注释 (Create Annotation)，可以创建多个注释。 使用复制 (Copy) 功能可以将创建的任何注释复制到剪贴板。
编辑注释 (Edit Annotations) 	打开注释编辑器 (Annotation Editor) 窗口。用户可以： • 通过在文本字段中输入信息以编辑注释文本 • 通过左键单击注释颜色进行更改 • 通过选择注释旁边的删除 (Delete) 以删除该注释，或者通过选择全部删除 (Delete All) 以删除所有注释 
显示/隐藏基线 (Show/Hide Baseline) 	通过切换来显示或隐藏用于峰积分的基线（显示为橙色线）。在需要通过峰宽（秒） (Peak Width (sec))、峰谷间距 (Valley to Valley) 或手动基线设定点 (Manual Baseline Setpoint) 工具对基线进行调整，从而更好地确定实际峰面积的情况下，显示基线将有所帮助。 注：强烈建议显示基线，确保根据数据绘制正确的基线，尤其针对DNA/RNA 弥散条带。

表 7 电泳峰图 (Electropherogram Trace) 工具栏功能

工具栏选项	描述
显示峰开始/结束边缘 (Show Peak Start/End Edge) 	通过切换来显示或隐藏用于峰积分的起点和终点（显示为垂直橙色线）。 在需要对峰积分进行调整，从而更好地确定实际峰面积的情况下，显示峰积分的起点和终点将有所帮助。 用户可以通过调整峰宽（秒） (Peak Width (sec))，或在电泳峰图中使用右键菜单工具（例如分裂峰 (Split Peak) 或移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）来更改峰的起点/终点（见表 8）。 用户可以通过峰宽（秒） (Peak Width (sec))、峰谷间距 (Valley to Valley) 或手动基线设定点 (Manual Baseline Setpoints) 工具更改绘制的基线（以及后续的峰起点/终点）。 注：强烈建议显示基线，确保实现各个峰的准确积分，尤其针对 DNA/RNA 弥散条带。
展开电泳峰图 (Expand Electropherogram Trace) 	在包含峰列表 (Peak Table) 的下方面板展开电泳峰图。为用户提供更多的缩放控制。

电泳峰图显示菜单

峰图、y 轴和 x 轴的显示菜单包含用于调整 Marker 峰指定 (Marker peak assignment)、峰积分和缩放电泳峰图 x 轴的功能（图 16）。还提供了用于复制曲线和导出数据的功能，并汇总于表 8 中。

更多信息请访问[帮助 > 视频教程 > ProSize 电泳峰图功能](#) (Help > Tutorial Videos > ProSize Electropherogram Functions)。

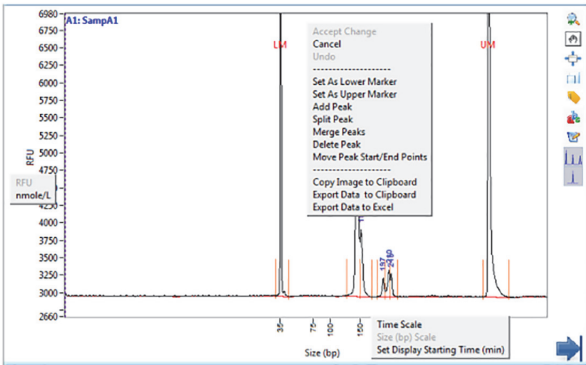


图 16 放大显示电泳峰图和显示菜单的主界面。注意，y 轴刻度按样品峰高设置，而不是 Marker 峰高

表 8 电泳峰图显示菜单命令

菜单命令	描述
接受更改 (Accept Change)	接受对所执行的峰积分的任意手动修改（添加峰 (Add Peak)、分裂峰 (Split Peak)、合并峰 (Merge Peaks)、删除峰 (Delete Peak)、移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）。手动修改完成后，选择接受更改 (Accept Change)，将更改应用于曲线。
取消 (Cancel)	取消对峰积分的任意手动修改（添加峰 (Add Peak)、分裂峰 (Split Peak)、合并峰 (Merge Peaks)、删除峰 (Delete Peak)、移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）。选择取消 (Cancel)，放弃应用于曲线的更改。
撤消 (Undo)	撤消应用于峰积分的任意手动修改（添加峰 (Add Peak)、分裂峰 (Split Peak)、合并峰 (Merge Peaks)、删除峰 (Delete Peak)、移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）。选择撤消 (Undo)，则后退一步。

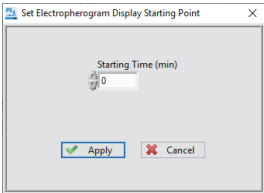
表 8 电泳峰图显示菜单命令

菜单命令	描述
设为 Lower Marker (Set As Lower Marker)/ 设为 Upper Marker (Set As Upper Marker)	自动将任意积分峰设置为 Lower 或 Upper Marker，并相应地使用新的 Marker 对峰图进行重新归一化。 右键单击将设定为 Marker 的峰。选择设为 Upper（或 Lower）Marker (Set As Upper (or Lower) Marker)。该峰将被设为 Marker 并重新归一化。
添加峰 (Add Peak)	手动添加尚未通过 峰分析 (Peak Analysis) 设置自动积分的峰，并定义积分的起点和终点。 放大要添加峰的区域。右键单击该区域并选择 添加峰 (Add Peak)。将出现两个红色的垂直光标 (cursor)；左侧光标 (cursor) 定义新的峰起点，右侧光标 (cursor) 定义新的峰终点。将每个光标 (cursor) 拖到所需的位置，然后右键单击并选择 接受更改 (Accept Change)，添加峰进行积分。 注：添加峰 (Add Peak) 功能不会添加位于 Lower/Upper Marker 窗口之外的峰（如果仅使用 Lower Marker，则不会添加 Lower Marker 之前的峰）。
分裂峰 (Split Peak)	将当前积分的峰手动分裂为两个峰，并确定分裂的位置。 放大要分裂峰的区域。右键单击该区域并选择 分裂峰 (Split Peak)。将出现红色的垂直光标 (cursor)。将光标 (cursor) 拖到所需的位置，然后右键单击并选择 接受更改 (Accept Change)，将峰分裂为两个峰进行积分。
合并峰 (Merge Peaks)	将任意数量的峰合并，并作为一个峰进行积分。 放大要合并峰的区域。右键单击该区域并选择 合并峰 (Merge Peaks)。将出现两个红色的垂直光标 (cursor)；左侧光标 (cursor) 定义要合并的最左侧峰，右侧光标 (cursor) 定义要合并的最右侧峰。在峰的起点/终点区域内拖动光标 (cursor) 进行合并，然后右键单击并选择 接受更改 (Accept Change)，将多个峰合并为单个峰进行积分。
删除峰 (Delete Peak)	手动删除已积分的峰。 放大要删除峰的区域。右键单击该区域并选择 删除峰 (Delete Peak)。将出现红色的垂直光标 (cursor)。将光标 (cursor) 拖到所需的峰位置，然后右键单击并选择 接受更改 (Accept Change)，将峰从积分中删除。

表 8 电泳峰图显示菜单命令

菜单命令	描述
移动峰起点/终点 (Move Peak Start/ End Points)	更改当前定位的峰积分起点/终点。 放大该峰所在的区域。将光标 (cursor) 放在积分起点和终点之间。右键单击并选择移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)。在当前的起点/终点处将出现两个红色的垂直光标 (cursor)。将光标 (cursor) 拖到所需的位置，然后右键单击并选择接受更改 (Accept Change)，应用新的起点/终点位置，对峰进行重新积分。 注：该功能不会改变基线；只有起点和终点会受到影响。要更改基线，用户必须通过峰宽（秒） (Peak Width (sec))、峰谷间距 (Valley to Valley) 或手动基线设定点 (Manual Baseline Setpoints) 工具进行调整。
将图像复制到剪贴板 (Copy Image to Clipboard)	将当前的电泳峰图视图复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。显示的任何缩放、注释、基线和/或峰起点/终点都将复制到图像中。在复制的图像中，孔 ID 和样品名称将复制到曲线左上角，x/y 轴对应于当前所选的视图。
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	以 .csv 格式复制电泳峰图 x 数据（时间；HH:MM:SS）和 y 数据 (RFU)，这种格式的数据可以直接粘贴到 Microsoft Excel 等常用电子表格程序中。粘贴时 x 数据将复制到文件的第 1 列，y 数据将复制到文件的第 2 列。 右键单击并选择将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard) 进行导出。打开电子表格，选择所需的单元格并粘贴复制的数据。 注：在时间刻度 (Time Scale) 和分子量刻度 (Size Scale) 显示模式下，导出的数据为： • x = 时间 • y = RFU 在统一分子量刻度 (Uniform Size Scale) 显示模式下，导出的数据为： • x = 分子量 • y = RFU

表 8 电泳峰图显示菜单命令

菜单命令	描述
将数据导出到 Excel (Export Data to Excel)	需要在计算机上安装 Microsoft Excel 才能正常运行该功能。选中后将自动打开 Microsoft Excel，并复制 .csv 格式的电泳峰图 x 数据（时间；HH:MM:SS）和 y 数据（RFU）。粘贴时 x 数据将复制到文件的第 1 列，y 数据将复制到文件的第 2 列。 右键单击并选择将数据导出到 Excel (Export Data to Excel) 进行导出。然后可以根据需要对文件进行处理和保存。 注：在时间刻度 (Time Scale) 和分子量刻度 (Size Scale) 显示模式下，导出的数据为： • x = 时间 • y = RFU 在统一分子量刻度 (Uniform Size Scale) 显示模式下，导出的数据为： • x = 分子量 • y = RFU
时间刻度 (Time Scale)	将 x 轴更改为迁移时间单位，即小时:分钟:秒 (HH:MM:SS)。 右键单击并选择时间刻度 (Time Scale) 进行更改。x 轴刻度将更改为时间，曲线将自动缩放。
分子量 (bp) 刻度 (Size (bp) Scale)	将 x 轴更改为分子量（在 DNA、NGS、gDNA、突变分析或限制性酶切分析模式下单位为 bp；在 RNA 模式下单位为 nt）。曲线显示将使用基础时间单位，并从当前的分子量校准 (Size Calibration) 设置中将时间转换为分子量。 右键单击并选择分子量刻度 (Size Scale) 进行更改。x 轴刻度将更改为分子量，曲线将自动缩放。
设置显示开始时间 (min) (Set Display Starting Time (min))	设置 x 轴上显示的开始时间。 右键单击 x 轴并选择设置显示开始时间 (min) (Set Display Starting Time (min))。在对话框中，输入开始时间 (min)，并选择应用 (Apply)，确认输入的内容。 
设置 nmol/L (Set nmol/L)	设置 y 轴的缩放比例。可以将刻度从 RFU 更改为 nmol/L。 右键单击 y 轴并选择设置 nmol/L (Set nmol/L) 进行更改。 如需将 y 轴刻度改回 RFU，请右键单击 y 轴并选择 RFU。

电泳峰图显示菜单 – RNA 模式

在 RNA（真核）、RNA（原核）或 RNA（植物）分析模式下，电泳峰图 (Electropherogram Trace) 显示菜单中将显示其他命令（见图 17 和表 9）。

注意

在这些 RNA 分析模式下，电泳峰图中当前选择的 16S/18S 核糖体 RNA 峰以粉红色突出显示，当前选择的 23S/25S/28S 核糖体 RNA 峰以蓝色突出显示。

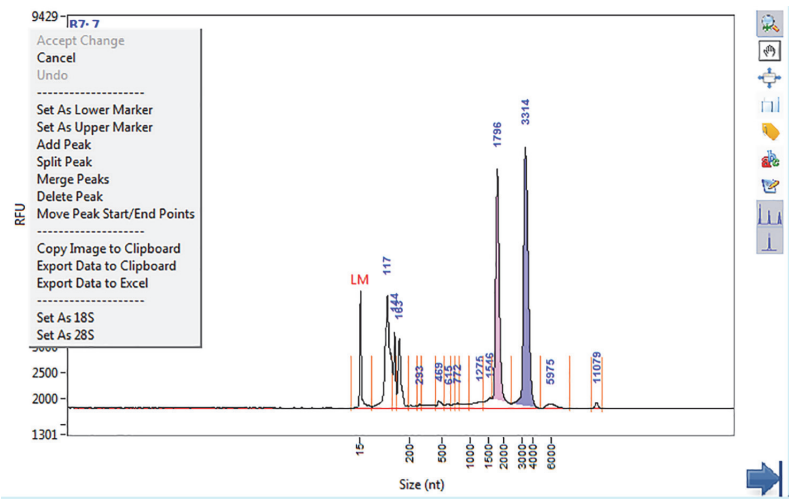


图 17 放大的电泳峰图界面，显示了 RNA（真核）模式下的显示菜单。注意，核糖体 RNA 峰分别以粉红色和蓝色阴影显示

表 9 电泳峰图显示菜单命令（仅在 RNA 模式下可用）

菜单命令	描述
RNA（真核）模式	
设为 18S (Set As 18S)	手动分配一个峰作为 18S 核糖体 RNA 峰，用于计算样品的 RNA 质量参数 (RQN)。请将鼠标置于要重新分配为 18S 峰的峰上方。右键单击并选择 设为 18S (Set As 18S)。该峰将被设为 18S 峰，并重新计算 RQN。
设为 28S (Set As 28S)	手动分配一个峰作为 28S 核糖体 RNA 峰，用于计算样品的 RNA 质量参数 (RQN)。请将鼠标置于要重新分配为 28S 峰的峰上方。右键单击并选择 设为 28S (Set As 28S)。该峰将被设为 28S 峰，并重新计算 RQN。

表 9 电泳峰图显示菜单命令（仅在 RNA 模式下可用）

菜单命令	描述
RNA（原核）模式	
设为 16S (Set As 16S)	手动分配一个峰作为 16S 核糖体 RNA 峰，用于计算样品的 RNA 质量参数 (RQN)。 请将鼠标置于要重新分配为 16S 峰的峰上方。右键单击并选择 设为 16S (Set As 16S)。该峰将被设为 16S 峰，并重新计算 RQN。
设为 23S (Set As 23S)	手动分配一个峰作为 23S 核糖体 RNA 峰，用于计算样品的 RNA 质量参数 (RQN)。 请将鼠标置于要重新分配为 23S 峰的峰上方。右键单击后左键单击 设为 23S (Set As 23S)。该峰将被设为 23S 峰，并重新计算 RQN。
RNA（植物）模式	
设为 18S (Set As 18S)	手动分配一个峰作为 18S 核糖体 RNA 峰，用于计算样品的 RNA 质量参数 (RQN)。 请将鼠标置于要重新分配为 18S 峰的峰上方。右键单击并选择 设为 18S (Set As 18S)。该峰将被设为 18S 峰，并重新计算 RQN。
设为 25S (Set As 25S)	手动分配一个峰作为 25S 核糖体 RNA 峰，用于计算样品的 RNA 质量参数 (RQN)。 请将鼠标置于要重新分配为 25S 峰的峰上方。右键单击并选择 设为 25S (Set As 25S)。该峰将被设为 25S 峰，并重新计算 RQN。

峰列表 (Peak Table) – DNA 模式

峰列表 (Peak Table) 显示关于所选的积分样品峰与 Marker 的信息（图 18）。该表中的数据可以通过菜单直接导出。峰列表 (Peak Table) 的字段汇总于表 10。

注意

当选中在峰列表中显示 **Marker** 信息 (Show Marker Information on Peak Table) 设置（全局配置 (Global Configuration) 对话框 > 高级设置 (Advanced Settings) 选项卡）时，表中也会显示 Lower 和/或 Upper Marker 条目）。

Peak Table				
	Size (bp)	ng/uL	% (Conc.)	nmole/L
1	1 (LM)	0.0070		9.1797
2	101	0.0820	7.1	1.3333
3	199	0.0574	5.0	0.4745
4	300	0.0575	5.0	0.3154
5	400	0.0653	5.7	0.2688
6	499	0.1799	15.6	0.5931
7	600	0.0728	6.3	0.1998
8	699	0.0647	5.6	0.1525
9	799	0.0587	5.1	0.1210
10	998	0.2425	21.0	0.3998
11	1198	0.0657	5.7	0.0903
12	3001	0.2082	18.0	0.1142
13	6000 (UM)	0.0074		0.0020
TIC:		1.1547	ng/uL	
TIM:		4.0626	nmole/L	
Total Conc.:		1.1550	ng/uL	
DQN:		8.6		
Threshold:		300		

图 18 主界面上的峰列表 (Peak Table)（DNA 模式）

表 10 峰列表 (Peak Table) 功能（仅在 DNA 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
分子量 (Size)	以 bp（DNA、NGS、突变分析、gDNA、限制性酶切分析模式）或 nt（RNA 模式）为单位报告每个积分峰的分子量计算值。
浓度(ng/μL) (Conc. (ng/μL))	以纳克/微升 (ng/μL) 为单位报告每个积分峰的浓度计算值。根据全局配置 (Global Configuration) 对话框的定量 (Quantification) 选项卡中的当前设置，通过与 Lower Marker/Upper Marker 或参考 Lower Marker 的校准分子量测定标准品进行比较来计算浓度。对起始样品的任何稀释倍数也通过定量 (Quantification) 设置计算。
%（浓度）(% (Conc.))	报告样品中每个积分峰的总浓度百分比计算值（不包括 Marker）。

表 10 峰列表 (Peak Table) 功能（仅在 DNA 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
nmol/L (nmole/L)	以纳摩尔/升 (nmol/L) 为单位报告每个积分峰的浓度计算值。根据 全局配置 (Global Configuration) 对话框的 定量 (Quantification) 选项卡中的当前设置，通过与 Lower/Upper Marker 或参考 Lower Marker 的校准分子量测定标准品进行比较来计算浓度。对起始样品的任何稀释倍数也通过 定量 (Quantification) 设置计算。 注: 由于构成弥散条带的 DNA/RNA 片段分子量是许多不同长度片段的混合物，因此该计算结果只是弥散条带峰的近似值。
TIC	以 ng/μL 为单位报告样品所有积分峰的 总积分浓度 (TIC) (Total Integrated Concentration (TIC))（不包括 Marker）。 注: TIC 不考虑样品结果中未积分的峰或弥散条带的摩尔浓度。
TIM	以 nmol/L 为单位报告样品所有积分峰的 总积分摩尔浓度 (TIM) (Total Integrated Molarity (TIM))（不包括 Marker）。 注: TIM 不考虑样品结果中未积分的峰或弥散条带的浓度。
总浓度 (Total Conc.)	以 ng/μL 为单位报告样品所有峰的总浓度计算值（不包括 Marker），无论峰是否积分。 注: 当仅使用 Lower Marker 进行归一化时，总浓度 (Total Conc.) 考虑了基线以上、Lower Marker 之后的所有总峰面积，而当使用 Lower 和 Upper Marker 进行归一化时，则考虑了基线以上、Lower 和 Upper Marker 之间的总峰面积。总浓度 (Total Conc.) 不包括 Lower Marker 之前或 Upper marker 之后的峰面积。
DQN	报告 DNA 质量参数 (DNA Quality Number)，即超过用户定义阈值的 DNA 百分比除以十得到的结果（在 全局配置 (Global Configuration) 对话框 > 高级设置 (Advanced Settings) 选项卡中定义）。
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	在表中右键单击并选择 将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)。将峰列表 (Peak Table) 信息导出到剪贴板，以便直接粘贴到 Microsoft Excel 等常用电子表格程序中。导出整个表。

峰列表 (Peak Table) – NGS 模式

在 NGS 分析模式下，峰列表 (Peak Table) 中将显示关于所选峰和/或弥散条带的额外信息（图 19 和表 11）。

这些额外信息在检测 NGS 应用中的 DNA 弥散条带特征时非常有用。

Peak Table								
	Size (bp)	ng/uL	% (Conc.)	nmole/L	From (bp)	To (bp)	Avg. Size	CV%
1	1 (LM)	0.0070		9.1797	0	10	1	649.38
2	101	0.0820	7.1	1.3333	10	156	81	43.17
3	199	0.0574	5.0	0.4745	156	254	198	0.98
4	300	0.0575	5.0	0.3154	254	354	299	0.57
5	400	0.0653	5.7	0.2688	354	444	399	0.42
6	499	0.1799	15.6	0.5931	444	577	498	0.73
7	600	0.0728	6.3	0.1998	577	645	599	0.64
8	699	0.0647	5.6	0.1525	645	770	698	0.79
9	799	0.0587	5.1	0.1210	770	851	798	0.49
10	998	0.2425	21.0	0.3998	851	1169	972	4.60
11	1198	0.0657	5.7	0.0903	1169	1364	1197	0.98
12	3001	0.2082	18.0	0.1142	1364	4578	2221	29.22
13	6000 (UM)	0.0074		0.0020	5598	7623	6054	3.97
	TIC:	1.1547	ng/uL					
	TIM:	4.0626	nmole/L					
	Total Conc.:	1.1550	ng/uL					
	DQN:	8.6						
	Threshold:	300						

图 19 主界面上的峰列表 (Peak Table)（NGS 模式）

表 11 峰列表 (Peak Table) 中增加的功能（仅在 NGS 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
起点 (bp) (From (bp))	报告 DNA 峰/弥散条带积分起点的分子量 (bp)（即最小分子量值）。
终点 (bp) (To (bp))	报告 DNA 峰/弥散条带积分终点的分子量 (bp)（即最大分子量值）。
平均分子量 (Avg. Size)	报告积分的 DNA 峰/弥散条带的平均分子量 (bp)，考虑了峰/弥散条带的浓度分布。因此，平均分子量 (Avg. Size) 将反映低于和高于该值的 50% 的总峰/弥散条带浓度所对应的分子量。

表 11 峰列表 (Peak Table) 中增加的功能（仅在 NGS 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
CV%	报告峰/弥散条带相对于平均值的浓度分布，用变异系数 (CV) 表示，CV 为标准偏差 (σ) 与平均值 (μ) 的比值： $CV(\%) = \sigma/\mu$ 该值以百分比的形式报告；数值越小，积分峰/弥散条带浓度的分子量分布越紧密。
DQN	报告 <i>DNA 质量参数</i> (DNA Quality Number)，即超过用户定义阈值的 DNA 百分比除以十得到的结果（在全局配置 (Global Configuration) 对话框 > 高级设置 (Advanced Settings) 选项卡中定义）。

峰列表 (Peak Table) – Total RNA 模式

在 RNA（真核）、RNA（原核）或 RNA（植物）分析模式下，峰列表 (Peak Table) 的右侧将显示额外的信息（图 21 和表 13）。
这些额外信息在检测 RNA 样品特征和计算样品 RQN（RNA 质量参数）时非常有用。

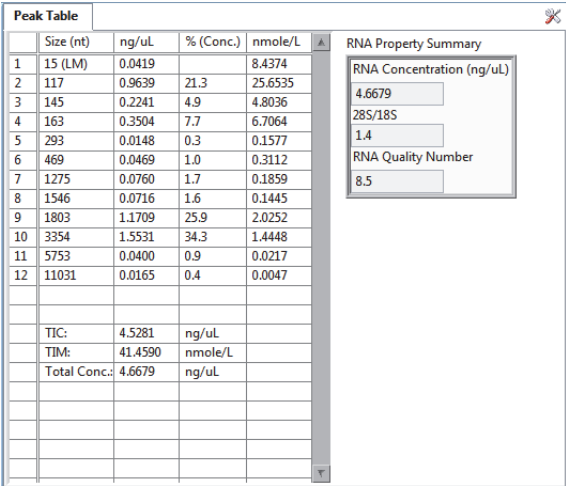


图 21 RNA 模式下主界面上的峰列表 (Peak Table)

表 13 峰列表 (Peak Table) 中增加的功能（仅在 RNA 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
RNA 浓度 (ng/μL) (RNA Concentration (ng/μL))	以 ng/μL 为单位报告样品所有峰的总浓度计算值（不包括 Marker），无论峰是否积分。 注：当仅使用 Lower Marker 进行归一化时，RNA 浓度考虑基线以上、Lower Marker 之后的所有总峰面积。RNA 浓度不包括 Lower Marker 以下的峰面积。

表 13 峰列表 (Peak Table) 中增加的功能（仅在 RNA 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
28S/18S（真核），或 23S/16S（原核），或 25S/18S（植物）	报告所选核糖体 RNA 峰的浓度比计算值。该比值是 RNA 样品的质量指标，用于计算样品的 <i>RNA 质量参数(RQN)</i> (RNA Quality Number (RQN))。
RNA 质量参数 (RNA Quality Number)	报告样品的 <i>RNA 质量参数(RQN)</i> (RNA Quality Number (RQN)) 计算结果。该值基于多种因素，包括样品浓度、核糖体 RNA 峰比率和样品纯度，并基于 1（最低）到 10（最高）的范围。 注：如果未检出核糖体峰或低于浓度阈值，将显示 NaN ，而不会报告 RQN 值。

峰列表 (Peak Table) – mRNA 模式

在 mRNA 分析模式下，峰列表 (Peak Table) 的右侧将显示额外的信息（图 22 和表 14）。

这些额外信息在检测 RNA 样品特征和计算样品 rRNA 污染百分比时非常有用。

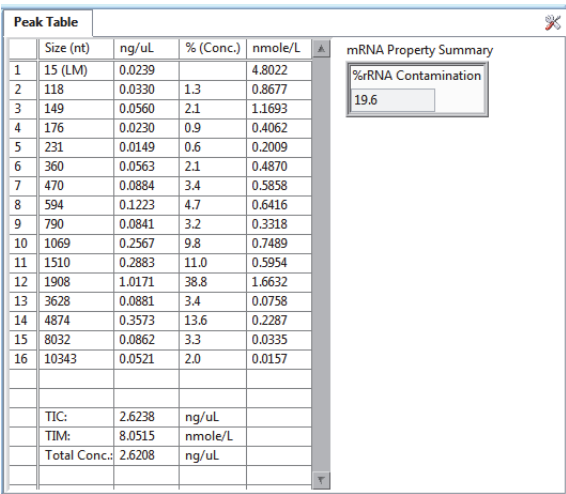


图 22 mRNA 模式下主界面上的峰列表 (Peak Table)

表 14 峰列表 (Peak Table) 中增加的功能（仅在 mRNA 模式说明中显示，其他模式下的相同信息不再重复显示）

项目	描述
rRNA 污染百分比 (% rRNA Contamination)	报告样品中核糖体 RNA 污染的计算值（不包括 Marker），无论峰是否积分。

峰列表 (Peak Table) – 突变分析模式

在突变分析 (Mutation Analysis) 模式下，在**全局配置** (Global Configuration) 对话框 > **高级设置** (Advanced Settings) 选项卡中定义的**误差百分比** (% Error) 范围内，如果一对积分 DNA 峰的组合分子量加起来等于最大积分 DNA 峰的分子量（假设为完整基因），这些峰将在电泳峰图 (Electropherogram Trace) 和**峰列表** (Peak Table) 中突出显示（图 24）。

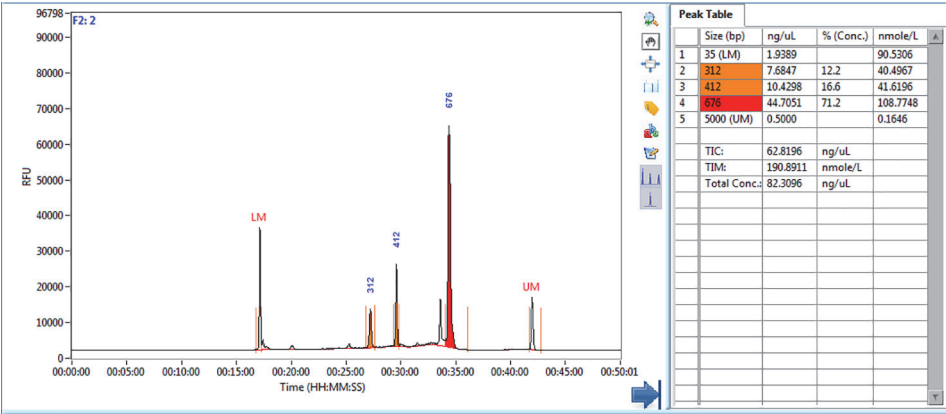


图 24 在突变分析 (Mutation Analysis) 模式下，阳性结果在电泳峰图 (Electropherogram Trace) 和峰列表 (Peak Table) 中突出显示（组合分子量在预设的 15% 误差百分比范围内）

注意

为了在电泳峰图 (Electropherogram Trace) 和峰列表 (Peak Table) 中突出显示突变分析模式下指示阳性结果的峰，必须在**全局配置** (Global Configuration) 对话框的**峰分析** (Peak Analysis) 和 **Marker 分析** (Marker Analysis) 选项卡中启用**峰谷到峰谷基线** (Valley to Valley Baseline) 设置。

标记分析表 (Flag Analysis)

如果配置包含任何标记 (Flag) 设置，标记分析 (Flag Analysis) 选项卡也将作为单独的选项卡与峰列表 (Peak Table) 并列显示（图 25 和表 16）。标记的结果按行显示，每行对应于孔板的一个样品孔。列标题为标记标签，它们是用于命名特定标记条件的字段。以 0 = FALSE 和 1 = TRUE 的二进制格式输出结果。

注意

通过右键单击鼠标，然后左键单击将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)，可以将标记分析 (Flag Analysis) 选项卡中的信息导出到剪贴板，以便粘贴到常用的电子表格程序中。有关标记功能的更多信息，请参见第 4 章，“ProSize 配置”或帮助 > 视频教程 > 标记分析 (Help > Tutorial Videos > Flag Analysis)。

Peak Table		Flag Analysis	
	Sample ID	Amp 1 350 +/- 50 bp AND > 1500 RFU	Amp 2 700 +/- 100 bp AND > 1500 RFU
A1	100bp DNA Ladder	1	1
A2	100bp DNA Ladder	1	1
A3	100bp DNA Ladder	1	0
A4	100bp DNA Ladder	1	1
A5	100bp DNA Ladder	0	0
A6	100bp DNA Ladder	0	0
A7	100bp DNA Ladder	0	0
A8	100bp DNA Ladder	0	0
A9	100bp DNA Ladder	1	1
A10	100bp DNA Ladder	1	1
A11	100bp DNA Ladder	1	1
A12	100bp DNA Ladder		
B1	100bp DNA Ladder	1	0
B2	100bp DNA Ladder	0	0
B3	100bp DNA Ladder	1	1
B4	100bp DNA Ladder	1	0
B5	100bp DNA Ladder	1	0
B6	100bp DNA Ladder	1	1
B7	100bp DNA Ladder	0	0

图 25 主界面上的标记分析 (Flag Analysis) 选项卡

表 16 标记分析 (Flag Analysis) 选项卡

项目	描述
孔/样品名称 (Well/Sample Name)	第一列标记样品孔；第二个样品 ID (Sample ID) 列列出了输入的样品名称。
列 (Columns)	每一列的标题为每一项的相应标签条目和标记条件。

表 16 标记分析 (Flag Analysis) 选项卡

项目	描述
列/行数据 (Column/Row Data)	以二进制格式报告数据，遵循每个标记条件的指定标准： 0 = FALSE （不满足条件） 1 = TRUE （满足条件）
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	从表格的显示菜单中选择 将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)。将峰列表 (Peak Table) 信息导出到剪贴板，以便直接粘贴到 Microsoft Excel 等常用电子表格程序中。导出整个表。

弥散条带分析表 (Smear Analysis Table)

如果弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的配置包含任何筛选设置，弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡也将作为单独的选项卡与峰列表 (Peak Table) 并列显示（图 26 和表 17）。

计算结果表为每个样品行显示以下列（详见表 17）：

- 样品 ID 和孔位置
- 自定义的弥散条带分子量范围 (Range)
- 定义的分子量范围的计算浓度，单位为 **ng/μL**
- 总浓度百分比 (% Total)，即弥散条带范围内总样品浓度的百分比
- 定义的弥散条带范围的 **nmol/L** (nmole/L) 浓度
- 平均分子量 (Avg. Size)
- 定义的弥散条带范围的 **%CV**

弥散条带分析 (Smear Analysis) 范围采用颜色标记，电泳峰图上会显示一条垂直虚线，用于显示范围并报告相应的弥散条带平均分子量（见图 27）。

如果样品孔未被选择用于弥散条带分析 (Smear Analysis)，相应的行将为空白。如果为一个样品选择了多个分子量范围，则会显示多个行。在图 26 中，所有孔都选择了两个弥散条带范围：190–500 bp 和 500–900 bp。

注意

可以将弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中的信息导出到剪贴板，以便粘贴到常用的电子表格程序中。从显示菜单中选择将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)。有关标记功能的更多信息，请参见第 3 章，“ProSize 主界面”或帮助 > 视频教程 > 弥散条带分析 (Help > Tutorial Videos > Smear Analysis)。

ProSize 主界面
弥散条带分析表 (Smear Analysis Table)

Peak Table	Smear Analysis					
ID	Range	ng/uL	% Total	nmole/L	Avg. Size	%CV
H1: Sample A1	100 bp to 2500 bp	4.5760	99.6	17.2809	436	35.11
	500 bp to 2500 bp	1.0569	23.0	2.7109	642	28.07
H2: NGS Lib Mix 1	100 bp to 2500 bp	6.0333	99.0	20.0585	495	46.56
	100 bp to 600 bp	4.9439	81.1	19.2688	422	20.95
H3: Adapter NGS Lib	100 bp to 2500 bp	3.1396	99.2	12.4723	414	34.61
	100 bp to 600 bp	2.8641	90.5	12.2740	384	23.55
H4: NGS Lib Master	100 bp to 2500 bp	3.8746	99.2	14.1503	451	43.91
	100 bp to 600 bp	3.3697	86.3	13.9386	398	22.77
H5: x	100 bp to 2500 bp	0.0018	29.6	0.0167	180	103.34
	100 bp to 600 bp	0.0018	29.4	0.0181	165	27.19
H6: x	100 bp to 2500 bp	0.0024	50.1	0.0068	584	140.33
	100 bp to 600 bp	0.0019	40.0	0.0188	168	25.44
H7: x	100 bp to 2500 bp	0.0017	20.2	0.0033	854	105.85
	100 bp to 600 bp	0.0011	13.5	0.0082	226	52.99
H8: x	100 bp to 2500 bp	0.0022	61.9	0.0244	147	23.56
	100 bp to 600 bp	0.0022	61.9	0.0244	147	23.56

图 26 主界面上的弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡

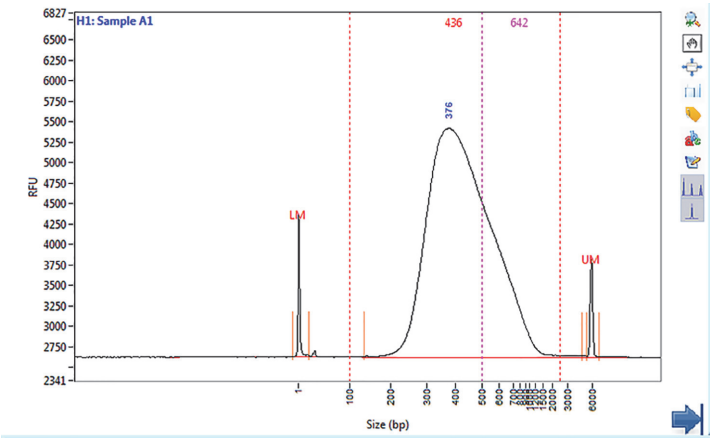


图 27 在主界面上选择了弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡时的电泳峰图视图

表 17 弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡

项目	描述
ID	列出样品孔：样品名称。
范围 (Range)	列出弥散条带范围，单位为分子量 (bp)。 弥散条带范围对应于 弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡（ 全局配置 (Global Configuration) 对话框）中输入的 起始分子量 (Start Size) 和 结束分子量 (End Size)。 注：如果未对相应的孔使用 应用 (Apply) 功能，则在表中为空白。
ng/μL	以 ng/μL 为单位报告定义的弥散条带范围的浓度。
总浓度百分比 (% Total)	报告位于定义的弥散条带范围内的样品总浓度百分比。
nmol/L (nmole/L)	以 nmol/L 为浓度单位对定义的弥散条带范围进行报告。
平均分子量 (Average Size)	报告定义的弥散条带范围的平均分子量 (bp)，考虑了弥散条带的浓度分布。因此，平均分子量 (Avg. Size) 将反映低于和高于该值的 50% 的总弥散条带浓度所对应的分子量。
变异系数百分比 (% CV)	报告定义的弥散条带相对于平均值的浓度分布，用变异系数 (CV) 表示， CV 为标准偏差 (σ) 与平均值 (μ) 的比值： $CV(\%) = \sigma/\mu$ 该值以百分比的形式报告：数值越小，弥散条带浓度的分子量分布越紧密。
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	从表格的显示菜单中选择 将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)。将峰列表 (Peak Table) 信息导出到剪贴板，以便直接粘贴到 Microsoft Excel 等常用电子表格程序中。导出整个表。

设置自定义参数 (Set Individual Parameters)

当数据文件最初加载到 ProSize 软件中时，在**全局配置** (Global Configuration) 对话框中对所有样品进行 Lower/Upper Marker 选择、样品峰积分、分子量校准、定量和任何标记/弥散条带分析 (Smear Analysis) 的全局设置（有关详细信息，请参阅第 4 章，“ProSize 配置”）。

加载数据后，可以单独为每个样品编辑任何常用的配置参数（局部设置），也可以执行更改并应用于所有样品（全局设置），或应用于自定义的一部分样品。

如需查看和调整当前所示泳道/样品的配置设置，请在**峰列表** (Peak Table) 的右侧选择  **设置单个参数** (Set Individual Parameters)。然后会显示配置对话框，可以根据需要单独调整每个样品的大多数设置（图 29）。如需切换回**峰列表** (Peak Table)，请选择  **显示结果** (Show Results)。

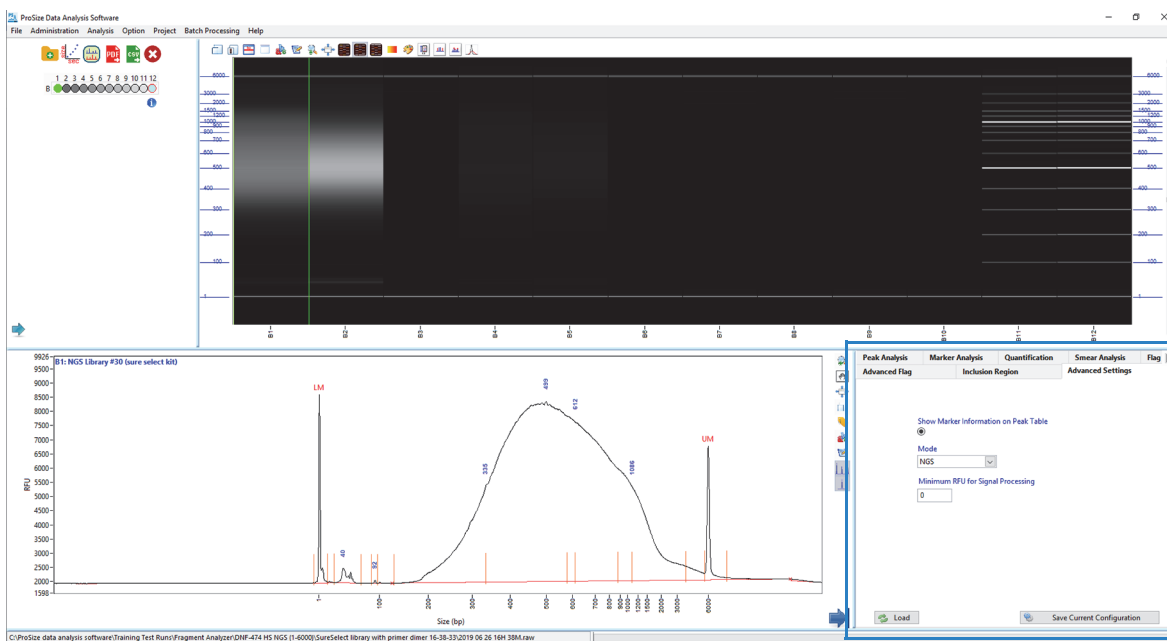


图 29 数据文件和配置对话框打开时的主界面（单击）

第 4 章, “ProSize 配置” 中详细介绍了每个选项卡中的各个设置。以下章节介绍了各个配置选项卡中的设置。

配置 — 峰分析

峰分析 (Peak Analysis) 选项卡包含用于定义样品峰积分、数据分析过滤器、分析区域和手动基线设定点的设置 (图 30)。在第 85 页 “全局配置 — 峰分析” 一节中对这些功能进行了详细介绍。

峰分析 (Peak Analysis) 选项卡中的新设置可以仅应用于当前所选的样品孔 (Apply to Selected), 也可以应用于样品板中的所有样品 (Apply to All) (见表 18)。

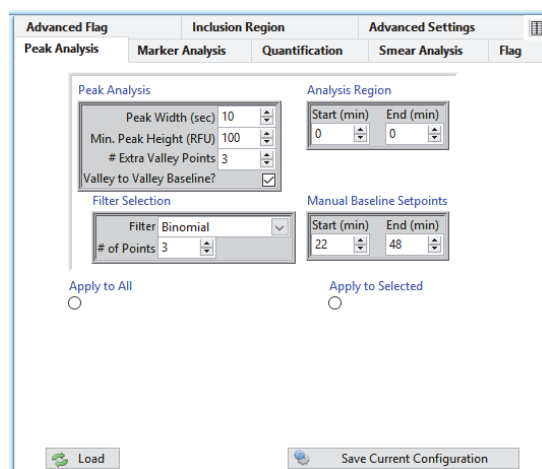
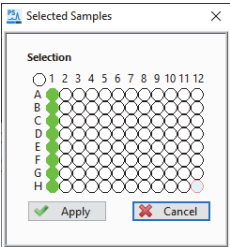


图 30 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的峰分析 (Peak Analysis) 选项卡

表 18 其他峰分析设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。因此这是一种全局功能。 注：使用此功能时，之前针对数据文件的各个样品在峰分析 (Peak Analysis) 选项卡中单独调整的设置将被覆盖。
应用于所选对象 (Apply to Selected)	峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于样品板的指定孔。选择此功能后，将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用当前设置的样品孔。  单击所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 注：使用此功能时，之前针对数据文件中的所选样品在峰分析 (Peak Analysis) 选项卡中进行的任何单独设置都将被覆盖。

配置 — Marker 分析

Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡包含用于定义 Marker 峰选择和 Marker 峰积分的设置（图 31）。在第 90 页 “全局配置 — Marker 分析” 中对这些设置进行了详细介绍。

Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡中的新设置可以仅应用于当前所选的样品孔 (Apply to Selected)，也可以应用于样品板中的所有样品 (Apply to All)（见表 19）。

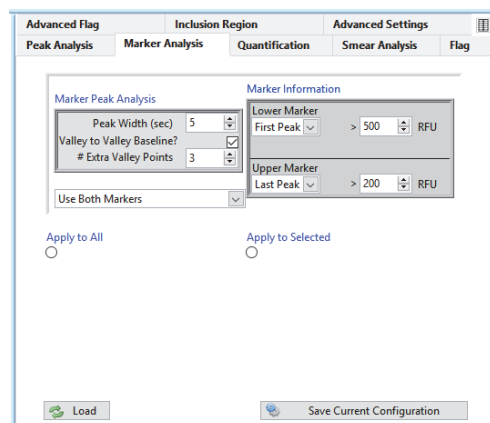
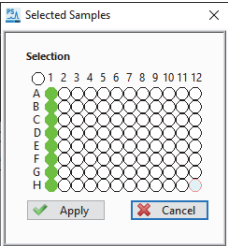


图 31 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡

表 19 其他 Marker 分析设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。因此这是一种全局功能。 注：使用此功能时，之前针对数据文件的各个样品在 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡中单独调整的设置将被覆盖。
应用于所选对象 (Apply to Selected)	Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于样品板的指定孔。选择此功能后，将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用当前设置的样品孔。  选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 注：使用此功能时，之前针对数据文件中的所选样品在 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡中进行的任何单独设置都将被覆盖。

配置 — 定量

定量 (Quantification) 选项卡中的设置包括指定用于定量的 Marker 或 ladder，其工作浓度和在进样前应用于样品的稀释倍数（图 32）。在第 97 页 “全局配置 — 定量” 中对这些功能进行了详细介绍。

定量 (Quantification) 选项卡中的新设置可以仅应用于当前所选的样品孔 (Apply to Selected)，也可以应用于样品板中的所有样品 (Apply to All)（见表 20）。

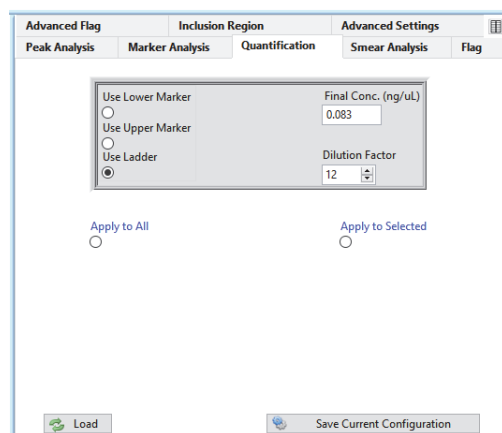
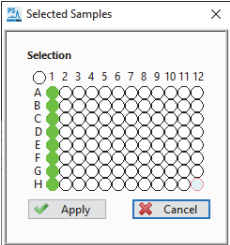


图 32 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的定量 (Quantification) 选项卡

表 20 其他定量设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	定量 (Quantification) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。因此这是一种全局功能。 注：使用此功能时，之前针对数据文件的各个样品在定量 (Quantification) 选项卡中单独调整的设置将被覆盖。
应用于所选对象 (Apply to Selected)	定量 (Quantification) 选项卡的所有当前设置将应用于样品板的指定孔。选择此功能后，将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用当前设置的样品孔。  选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 注：使用此功能时，之前针对数据文件中的所选样品在定量 (Quantification) 选项卡中进行的任何单独设置都将被覆盖。

配置 — 弥散条带分析 (Smear Analysis)

弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中的设置使用户能够指定用于积分和计算总浓度 (ng/mL) 的分子量范围 (图 33)。在第 99 页 “全局配置 — 弥散条带分析 (Smear Analysis)” 中对这些功能进行了详细介绍

弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中的新设置可以仅应用于当前所选的样品孔 (Apply to Selected)，也可以应用于样品板中的所有样品 (Apply to All) (见表 21)。

注意

如果启用了显示弥散条带范围 (Display Smear Range)，在电泳峰图界面中将显示两个彩色的垂直虚线光标 (cursor)。这些光标 (cursor) 定义了当前所选的弥散条带范围的起始分子量 (bp) (Start Size (bp)) 和结束分子量 (bp) (End Size (bp)) 的输入值。通过左键单击弥散条带范围旁的颜色可以进行颜色更改。通过单击光标 (cursor) 峰，向左或向右拖动相应的光标 (cursor)，可以调整弥散条带范围的起点和终点；弥散条带分析 (Smear Analysis) 区域将自动更新到新的光标 (cursor) 位置。

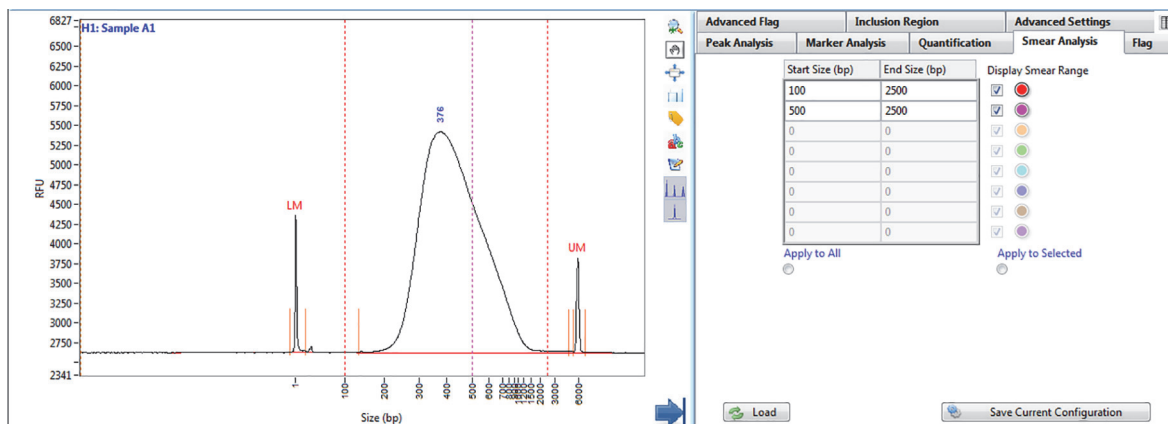
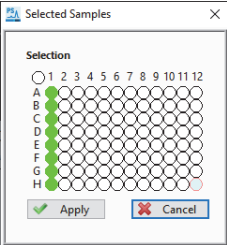


图 33 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡，启用了显示弥散条带范围 (Display Smear Range)

表 21 其他弥散条带分析 (Smear Analysis) 设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。因此这是一种全局功能。 注：使用此功能时，之前针对数据文件的各个样品在弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中单独调整的设置将被覆盖。
应用于所选对象 (Apply to Selected)	弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于样品板的指定孔。选择此功能后，将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用当前设置的样品孔。  选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 注：使用此功能时，之前针对数据文件中的所选样品在弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中进行的任何单独设置都将被覆盖。

配置 — 标记分析 (Flag Analysis)

标记分析 (Flag Analysis) 选项卡中的设置使用户能够指定数据需要满足的特定标准（分子量或浓度范围），并生成结果的二进制输出（0 = 错误，1 = 正确）（图 34）。在第 101 页 “全局配置 — 标记” 中对这些设置进行了详细介绍。

标记分析 (Flag Analysis) 选项卡中的新设置应用于样品板中的所有样品。表 22 对其中一些设置进行了介绍。

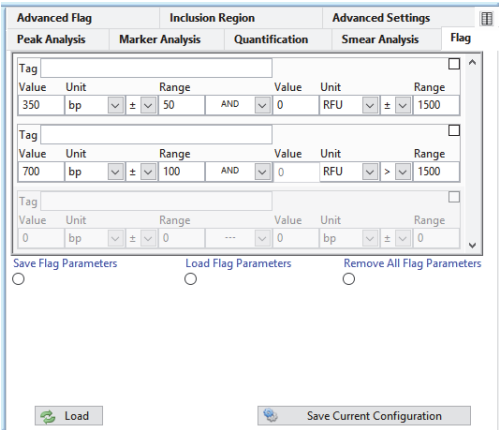


图 34 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的标记分析 (Flag Analysis) 选项卡

表 22 其他标记分析设置

设置	描述
保存标记参数 (Save Flag Parameters)	当前的标记分析 (Flag Analysis) 设置将保存为文件 (*.Flag 扩展名)，可以加载到不同的数据文件中。将打开一个文件浏览器菜单，用于定位到所需文件位置并以所需的文件名进行保存；单击 确定 (OK) 保存文件，或单击 取消 (Cancel) 放弃更改。
加载标记参数 (Load Flag Parameters)	将从文件 (*.Flag 扩展名) 中加载之前保存的标记分析 (Flag Analysis) 设置。将打开一个文件浏览器菜单，用于定位到所需文件位置并加载所需的文件；单击 确定 (OK) 加载文件，或单击 取消 (Cancel) 放弃更改。
删除所有标记参数 (Remove All Flag Parameters)	将清除选项卡中的所有设置。

配置 — 高级设置

高级设置 (Advanced Settings) 选项卡可用于指定处理数据的数据分析模式 (图 35)。第 102 页 “全局配置 — 高级标记” 中详细介绍了该选项卡中的所有设置。

注意

高级设置 (Advanced Settings) 参数应用于数据文件中的所有样品。各个样品不能使用不同的分析模式。此设置假设在单个实验或数据文件中，所有数据均采用一种分析模式进行处理。

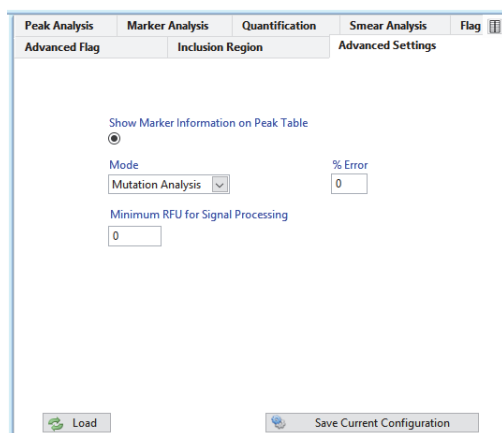


图 35 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的高级设置 (Advanced Settings) 选项卡

配置 — 高级标记分析

高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 选项卡可用于指定数据需要满足的特定标准（分子量、浓度范围、各种逻辑标准）并生成结果表（图 36）。在第 102 页 “全局配置 — 高级标记” 中对这些设置进行了详细介绍。

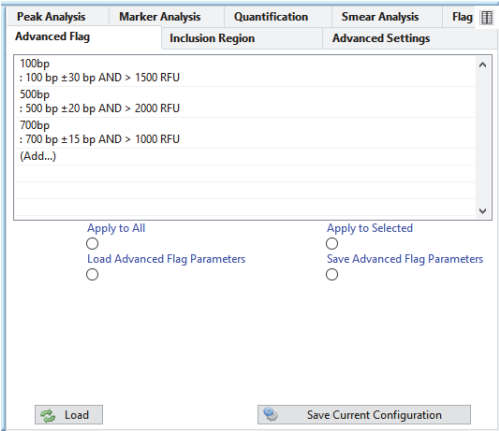


图 36 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的高级标记 (Advanced Flag) 选项卡

配置简介 77

访问 ProSize 软件中的配置信息 78

全局配置对话框概述 81

全局配置 – 高级设置 82

全局配置 – 峰分析 85

全局配置 – Marker 分析 90

全局配置 – 参比毛细管峰分析 93

全局配置 – 分子量校准 94

全局配置 – 定量 97

全局配置 – 弥散条带分析 (Smear Analysis) 99

全局配置 – 标记 101

全局配置 – 高级标记 102

全局配置 – 包含区域 106

设置单个参数 108

设置单个参数 – 高级设置 110

设置单个参数 – 峰分析 111

设置单个参数 – Marker 分析 112

设置单个参数 – 定量 114

设置单个参数 – 弥散条带分析 (Smear Analysis) 116

设置单个参数 – 标记分析 118

设置单个参数 – DNA 质量参数 119

设置单个参数 – 高级标记分析 121

设置单个参数 – 包含区域 125

本章介绍了 ProSize 软件**全局配置** (Global Configuration) 对话框。此外还介绍了在打开的数据文件中设置单个配置参数的信息。

配置简介

全局配置 (Global Configuration) 对话框（或针对打开的数据文件的**设置单个参数** (Set Individual Parameters) 对话框）用于加载、编辑或保存数据分析模式以及处理数据文件的设置，例如分子量校准、Marker/样品峰积分、定量、弥散条带分析 (Smear Analysis) 和/或标记分析标准。

通过使用成熟的仪器方法配置进行不同类型的样品分析，用户可以借助 ProSize 软件简化数据分析。这要求 ProSize 配置文件名的前 10 个字符与平行毛细管电泳系统的前 10 个字符相匹配。

注意

在大多数情况下，当处理从不同的安捷伦试剂盒采集的数据时，可以加载经过预定义和优化的全局配置文件。根据特定的试剂盒编号对配置文件进行了标记，例如 **DNF-910-33 - 35-1500bp.ini**。可根据需要从安捷伦获取这些配置文件。安装软件时预加载的配置文件位于 C:\ProSize data analysis software\Configurations 文件夹中。

访问 ProSize 软件中的配置信息

可以通过两种方式访问 ProSize 软件中的配置信息：

全局配置对话框

此选项用于定义未处理的数据文件在 ProSize 软件中首次打开的方式。当打开未处理的数据文件时，如果使用的相应分离方法与命名配置不匹配，则会自动提示用户使用**全局配置** (Global Configuration) 对话框（[图 37](#)）。

或者在打开数据文件后，用户可以随时通过选择**选项** (Option)，然后单击**编辑配置** (Edit Configuration)  来修改配置。

注意

在大多数情况下，当处理从不同的安捷伦试剂盒采集的数据时，可以加载经过预定义和优化的全局配置文件。根据特定的试剂盒编号对配置文件进行了标记，例如 **DNF-910-33 - 35-1500bp.ini**。可根据需要从安捷伦获取这些配置文件。安装软件时预加载的配置文件位于 C:\ProSize data analysis software\Configurations 文件夹中。

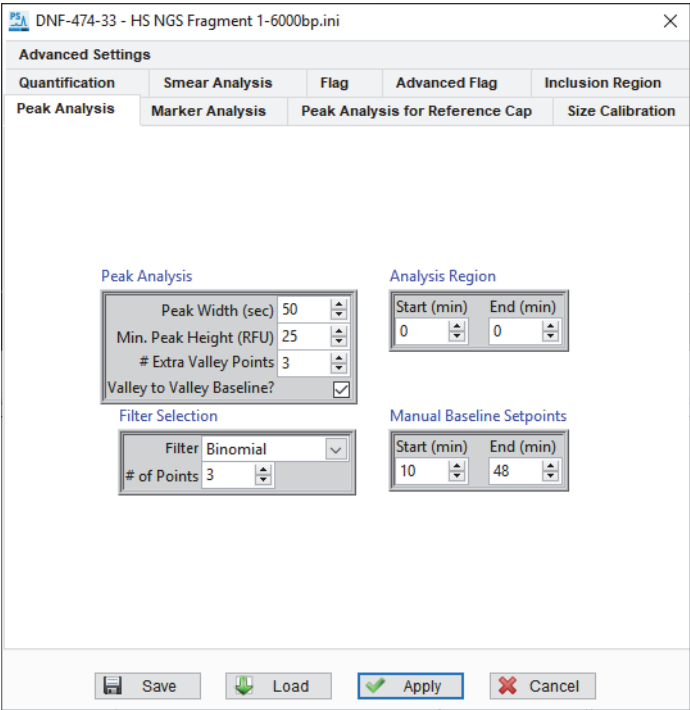


图 37 全局配置 (Global Configuration) 对话框

设置单个参数对话框

此对话框用于在打开数据文件后修改或更改配置设置。通过选择主菜单右侧的 ，可以在打开的数据文件中访问设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框（图 38）。注意，此图标在设置单个参数 (Set Individual Parameters) 和显示结果 (Show Results) () 表格之间切换，后者可以显示峰列表 (Peak Table)、弥散条带分析 (Smear Analysis) 或标记分析 (Flag Analysis) 表。

在某些模式（DNA、NGS）下，设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框还包含 DQN 选项卡，使用户能够设置 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 的阈值。用高于阈值的 DNA 百分比除以 10，得到 DQN（一种质量指标，范围为 0–10）。

注意

使用设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框，应用当前所选的选项卡中的设置不会影响其他配置选项卡。此外，如果用户在更改设置后选择 **[Enter]**，则更改仅应用于当前所选的样品；因此，这是一种“局部”设置。如需将选项卡中的更改应用于所有样品，请单击**全部应用** (Apply to All)；如需将更改仅应用于所选样品，请单击**应用于所选对象** (Apply to Selected)。

全局配置 (Global Configuration) 和设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框的每个选项卡内的设置执行相同的功能。在本章的后续章节中将对各配置选项卡进行更详细的讨论。

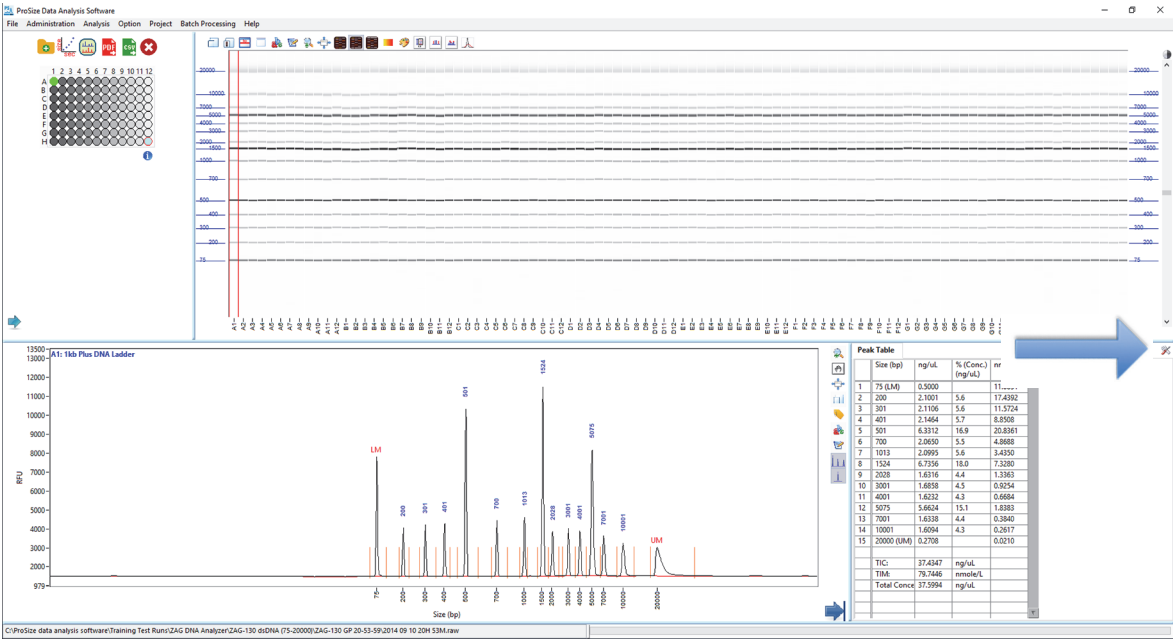


图 38 打开数据文件后，用于配置设置的设置单个参数 (Set Individual Parameters) 图标

全局配置对话框概述

全局配置 (Global Configuration) 对话框中包含十个选项卡，用于定义适当的数据分析模式以及处理数据的设置，如后续章节所述。

在全局配置 (Global Configuration) 对话框的底部，用户可以保存 (Save)、加载 (Load) 或应用 (Apply) 配置设置（见表 23）。

表 23 全局配置 (Global Configuration) 对话框按钮

按钮	描述
 Save	将 全局配置 (Global Configuration) 保存为用户定义的文件 (*.ini 格式)。无论保存文件时打开的是哪个选项卡，都将保存所有选项卡中的设置。
 Load	加载预定义的配置文件 (*.ini 格式)。注意，在安装时，大多数安捷伦试剂盒的预定义配置文件都安装在 C:\ProSize data analysis software\Configurations 文件夹中。
 Apply	将当前的 全局配置 (Global Configuration) 设置应用于数据文件。如果数据文件未经处理，点击 应用 (Apply) 按钮将以当前加载的设置打开数据文件。如果数据文件已经打开，新的设置将应用于数据，并覆盖之前定义的各项配置设置。
 Cancel	取消所有更改并关闭 全局配置 (Global Configuration) 窗口。

全局配置 – 高级设置

高级设置 (Advanced Settings) 选项卡使用户能够指定用于处理数据的数据分析模式（图 39）。在表 24 中对这些设置进行了详细介绍。

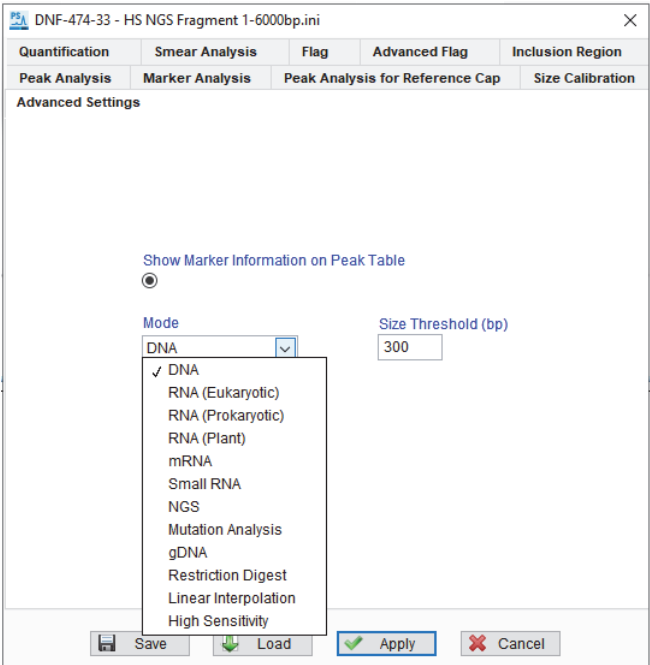


图 39 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的高级设置 (Advanced Settings) 选项卡

表 24 高级设置 (Advanced Settings) 配置选项卡

设置	描述
模式	
DNA	用于分析存在离散高斯峰的标准 dsDNA 片段（例如 PCR 产物）样品。该模式使用 DNA ladder 进行校准，以碱基对 (bp) 为单位显示分子量。通过与 Upper/Lower Marker 或已知浓度的 DNA ladder 进行比较来实现定量。 注：对于含有非高斯峰、弥散条带或不平滑基线的样品，不建议使用 DNA 模式。

表 24 高级设置 (Advanced Settings) 配置选项卡

设置	描述
RNA（真核） (RNA (Eukaryotic))	用于分析真核 Total RNA 样品。使用 RNA ladder 进行校准，计算分子量（以核苷酸 (nt) 为单位）。通过与 Lower Marker 或已知浓度的 RNA ladder 进行比较来实现定量。计算 18S 和 28S 核糖体 RNA 峰的比值，以及 RNA 质量参数 (RQN)。
RNA（原核） (RNA (Prokaryotic))	用于分析原核 Total RNA 样品。使用 RNA ladder 进行校准，计算分子量（以核苷酸 (nt) 为单位）。通过与 Lower Marker 或已知浓度的 RNA ladder 进行比较来实现定量。计算 16S 和 23S 核糖体 RNA 峰的比值，以及 RNA 质量参数 (RQN)。
RNA（植物） (RNA (Plant))	用于分析植物 Total RNA 样品。使用 RNA ladder 进行校准，计算分子量（以核苷酸 (nt) 为单位）。通过与 Lower Marker 或已知浓度的 RNA ladder 进行比较来实现定量。计算 18S 和 25S 核糖体 RNA 峰的比值，以及 RNA 质量参数 (RQN)。
mRNA	用于分析信使 RNA (mRNA) 样品。使用 RNA ladder 进行校准，计算分子量（以核苷酸 (nt) 为单位）。通过与 Lower Marker 或已知浓度的 RNA ladder 进行比较来实现定量。
small RNA	用于分析 mico RNA (miRNA) 样品。使用 RNA ladder 进行校准，计算 miRNA 百分比、small RNA (pg/μL)、miRNA (pg/μL) 和分子量（以核苷酸 (nt) 为单位）。通过与 Lower Marker 或已知浓度的 RNA ladder 进行比较来实现定量。
NGS	用于分析含有峰、弥散条带、非高斯峰和/或不平滑基线的 dsDNA 样品。该模式通常用于二代测序 (NGS) 片段文库分析。 该模式使用 DNA ladder 进行校准，以碱基对 (bp) 为单位显示分子量。通过与 Upper/Lower Marker 或已知浓度的 DNA ladder 进行比较来实现定量。 该模式下的 峰列表 (Peak Table) 显示了额外的分子量范围、平均分子量和 % CV 参数。

表 24 高级设置 (Advanced Settings) 配置选项卡

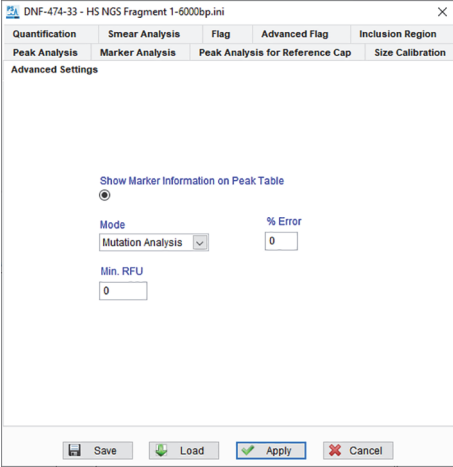
设置	描述
突变分析 (Mutation Analysis)	该模式与 Mutation Discovery 试剂盒结合用于片段分析仪系统。使用 DNA ladder 进行校准，以碱基对 (bp) 为单位显示分子量。通过与 Upper/Lower Marker 或已知浓度的 DNA ladder 进行比较来实现定量。 在这种模式下，高级设置 (Advanced Settings) 选项卡中会显示额外的误差百分比 (% Error) 字段。在误差百分比 (% Error) 字段中输入的百分比范围内，如果样品中任意两个片段的分子量加起来等于检测到的最大片段（假设为完整基因）的分子量，这些峰将在峰列表 (Peak Table) 和电泳峰图 (Electropherogram Trace) 中突出显示。用户还可以通过 最小 RFU (Min. RFU) 选择满足最小峰高要求的峰。 
gDNA	用于分析含有峰、弥散条带、非高斯峰和/或不平滑基线的 dsDNA 样品。该模式通常用于基因组 DNA (gDNA) 分析。 该模式使用 DNA ladder 进行校准，以碱基对 (bp) 为单位显示分子量。通过与 Lower Marker 或已知浓度的 DNA ladder 进行比较来实现定量。该模式下的峰列表 (Peak Table) 显示了额外的分子量范围、平均分子量、% CV 和 GQN 参数。
限制性酶切分析 (Restriction Digest)	用于分析存在离散高斯峰的标准 dsDNA 片段（例如 PCR 产物）样品。该模式使用 DNA ladder 进行校准，以碱基对 (bp) 为单位显示分子量。通过与 Upper/Lower Marker 或已知浓度的 DNA ladder 进行比较来实现定量。该模式可用于分析限制性内切酶酶解的样品。
高灵敏度 (High Sensitivity)	将显示（导出，.pdf，峰列表 (Peak Table)）更改为 pg/μL 而不是 ng/μL。仅用于 NGS 分析（且仅用于极低浓度）。

表 24 高级设置 (Advanced Settings) 配置选项卡

设置	描述
最低 RFU (Min. RFU)	可以指定用于积分的最低 RFU。
在峰列表上显示 Marker 信息 (Show Marker Information on Peak Table)	启用此功能后，样品峰列表 (Peak Table) 将显示 Lower/Upper Marker 峰以及当前积分的所有样品峰的分子量和浓度信息。

全局配置 — 峰分析

峰分析 (Peak Analysis) 选项卡使用户能够指定用于选择和积分样品峰的峰高和峰宽阈值；设置数据过滤；并选择要分析的时间区域（图 40）。在表 25 中对这些设置进行了详细介绍。

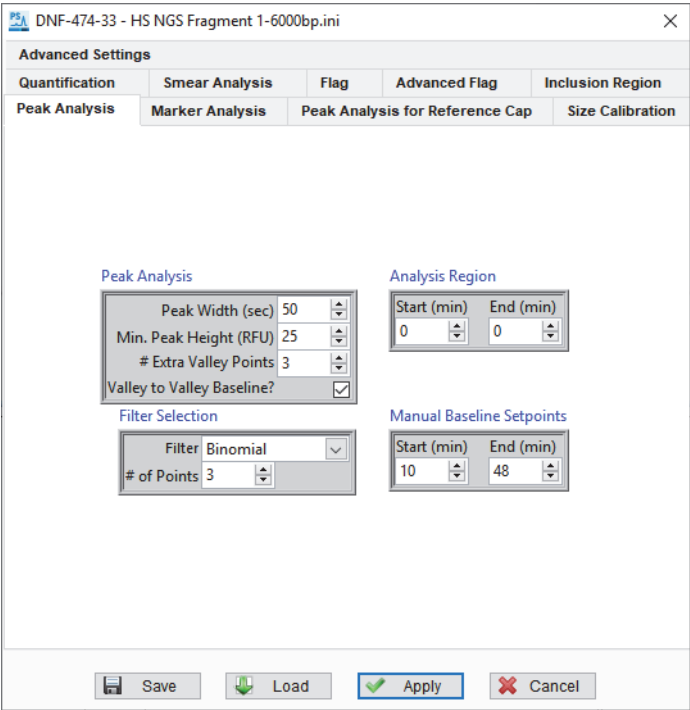


图 40 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的峰分析 (Peak Analysis) 选项卡

表 25 峰分析 (Peak Analysis) 配置设置

设置	描述
峰分析 (Peak Analysis)	
峰宽 (s) (Peak Width (sec))	定义用于峰检测的峰宽阈值，以秒为单位。较高的设定值可以更好地定义宽峰的起点/终点；而较低的设定值则可以更好地定义尖峰的起点/终点。 对于尖峰而言，典型范围为 3–5；对弥散条带而言为 25–50。该设置的最大值为 50。
最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU))	定义最低峰高阈值 (RFU)，用于选择要积分的峰。低于设定值的峰不会被选择用于积分。 该设置一般在 20–100 RFU 范围内，具体取决于样品信号和应用。注意，一般情况下基线峰-峰噪音低于 5 RFU。

表 25 峰分析 (Peak Analysis) 配置设置

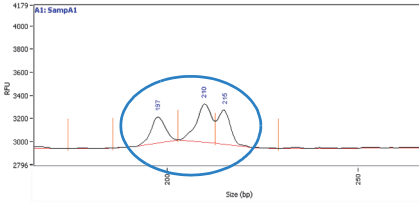
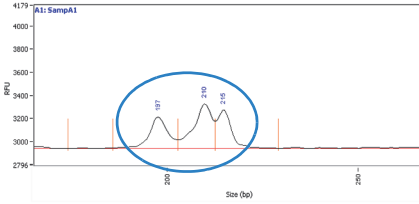
设置	描述
# 额外的峰谷点 (# Extra Valley Points)	此设置会影响峰的基线积分起点/终点以及峰之间绘制的基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果设定值较大，将在第一个峰的起点和第二个峰的终点之间绘制一条更直的基线；如果设定值较小，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。 注：需要启用峰谷到峰谷基线？ (Valley to Valley Baseline?) 设置才能激活此设置。
峰谷到峰谷基线？ (Valley to Valley Baseline?)	此设置会影响峰的基线积分起点/终点以及峰之间绘制的基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果禁用此设置，将在第一个峰起点和第二个峰终点之间绘制一条更直的基线。如果启用此设置，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。 在下面的示例中，上方曲线显示了启用峰谷到峰谷基线 (Valley to Valley Baseline) 时绘制的基线；下方曲线显示了禁用该设置时同一样品的基线。  峰谷到峰谷 (Valley to Valley) = 已启用  峰谷到峰谷 (Valley to Valley) = 已禁用

表 25 峰分析 (Peak Analysis) 配置设置

设置	描述
过滤器选择 (Filter Selection)	
过滤器 (Filter)	定义过滤原始数据时使用的算法类型。为用户提供了五种数据过滤选项： • 无 (None)：不对数据进行任何过滤 • 移动平均值 (Moving Average)：在一个点的两侧取平均值 • Savitzky Golay：一种多项式回归滤波器，使用 Savitzky-Golay 算法计算系数 • 二项式 (Binomial)：基于二项式系数进行高斯过滤的多项式回归滤波器 • 小波去噪 (Wavelets De-noising)：离散小波变换滤波器 注：对于大多数应用，推荐的滤波器为 3-20 点二项式滤波器。
点数 (# of Points)	定义所选数据过滤器中使用的点数。 每种过滤器类型使用的最大点数： • 移动平均值：9 • Savitzky Golay：9 • 二项式：20 • 小波去噪：4
分析区域 (Analysis Region)	
起始 (min) (Start (min))	定义积分和分析电泳峰图数据的起始时间 (min)。其中包括 Marker 和样品峰。 注：如果输入 0，将从 0 min 开始分析电泳峰图数据。
结束 (min) (End (min))	定义积分和分析电泳峰图数据的结束时间 (min)。其中包括 Marker 和样品峰。 注：如果输入 0，将自动分析到电泳峰图完全结束时间范围内的数据。
手动基线设定点 (Manual Baseline Setpoints)	使用 Lower/Upper Marker 区域以外的时间点定义基线。该功能尤其适用于准确测量含有弥散条带或不平滑基线的样品总浓度。

表 25 峰分析 (Peak Analysis) 配置设置

设置	描述
起始 (min) (Start (min))	在手动设置基线时，定义开始绘制基线的起始时间 (min)。输入的起始时间 (min) 处基线的 Y 轴位置将用于形成新的基线起点。 注：如果起始 (min) (Start (min)) 和结束 (min) (End (min)) 都输入 0，将禁用该功能。在为该功能输入值时，请先在起始 (min) (Start (min)) 字段中输入结束时间。在下次输入起始时间时，结束时间将自动填充到结束 (min) (End (min)) 字段。
结束 (min) (End (min))	在手动设置基线时，定义结束基线绘制的时间 (min)。输入的终点时间 (min) 处基线的 Y 轴位置将用于形成新的基线终点。 注：如果起始 (min) (Start (min)) 和结束 (min) (End (min)) 都输入 0，将禁用该功能。在为该功能输入值时，请先在起始 (min) (Start (min)) 字段中输入结束时间。在下次输入起始时间时，结束时间将自动填充到结束 (min) (End (min)) 字段。

全局配置 – Marker 分析

Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡使用户能够选择用于选择 Lower 和/或 Upper Marker 峰的标准，用于按迁移时间和浓度对每根毛细管进行归一化（图 41）。在表 26 中对这些设置进行了详细介绍。

在 ProSize 中，用户可以为 Lower/Upper Marker 单独设置不同于峰分析 (Peak Analysis) 选项卡中样品峰参数设置的峰参数。在某些情况下，这一功能将非常有用，比如与通常为尖锐高斯峰形的 Marker 相比，样品包含较宽的弥散峰时。

通过选择相应的下拉选项，用户可以选择 Lower/Upper Marker 对（使用两个 Marker (Use Both Markers)），或者仅使用 Lower Marker（仅使用 **Lower Marker** (Use Lower Marker Only)）或 Upper Marker（仅使用 **Upper Marker** (Use Upper Marker Only)）进行数据归一化。

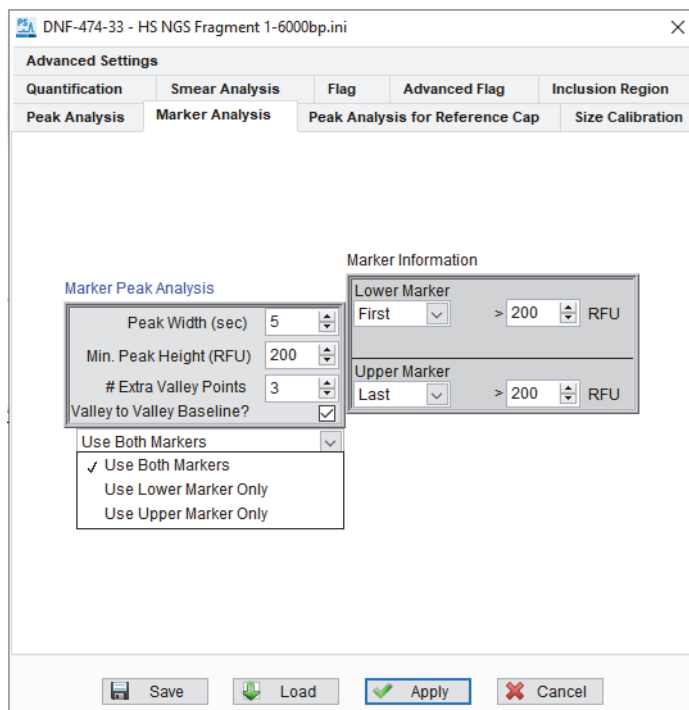


图 41 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡

可以根据峰宽和峰高阈值选择 Marker，也可以根据 **Marker 信息** (Marker Information) 部分中的时间范围进行选择（图 42）。

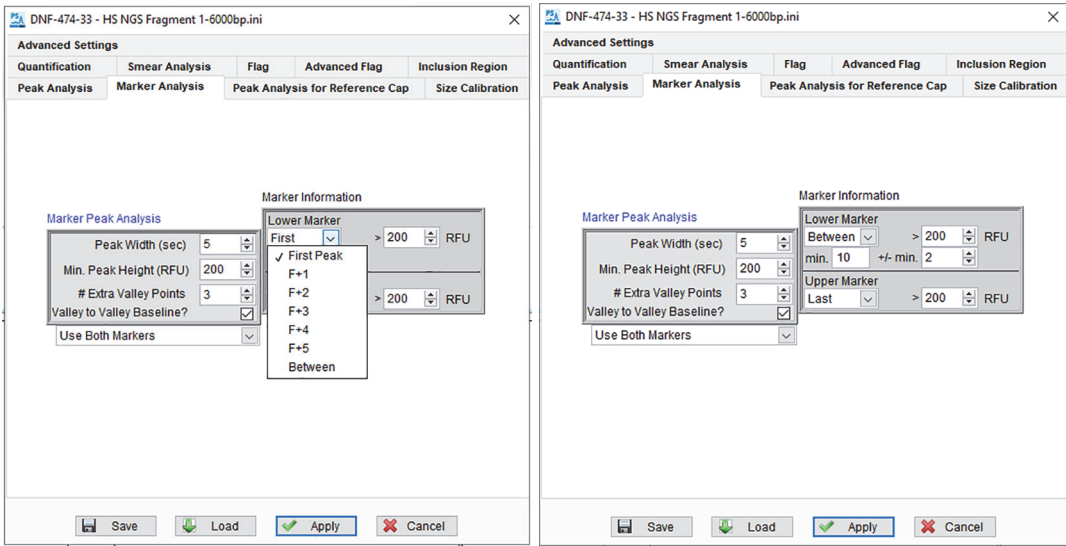


图 42 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡，显示了 Marker 选择选项

Lower Marker 可以选择**第一个峰** (First Peak)，或第二个峰 (**F + 1**)、第三个峰 (**F + 2**) 等，直到高于阈值 (RFU) 的第六个峰。同样，Upper Marker 可以选择**最后一个峰** (Last Peak)，或 **L-1**、**L-2** 等。也可以根据时间窗口，从下拉菜单中选择**两者之间** (Between)，并以 X min +/-Y min 的形式输入时间来选择 Marker。例如，图 42 的右图所示的 Lower Marker 选择标准为 8-12 min (10 min +/-2 min) 之间、峰 > 200 RFU。

注意

Marker 峰分析 (Marker Peak Analysis) 下的**最低峰高 (RFU)** (Min. Peak Height (RFU)) 用于设置 Marker 的基础峰高阈值。因此，**Marker 信息** (Marker Information) 下显示 的各 Marker 的峰高阈值必须等于或大于**最低峰高 (RFU)** (Min. Peak Height (RFU))。

表 26 介绍了 **Marker 分析** (Marker Analysis) 选项卡中的设置。

表 26 Marker 分析 (Marker Analysis) 配置设置

设置	描述
Marker 峰分析 (Marker Peak Analysis)	
峰宽 (s) (Peak Width (sec))	定义用于峰检测的峰宽阈值，以及峰起点/终点，以秒为单位。较高的值可以更好地定义宽峰的起点/终点；而较低的设定值则可以更好地定义尖峰的起点/终点。对于 Marker 峰而言，一般设置为 3-5。
最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU))	定义最低峰高阈值 (RFU)，用于选择 Marker 峰。低于设定值的峰不会被选择作为 Marker。
# 额外的峰谷点 (# Extra Valley Points)	此设置会影响 Marker 峰的基线积分起点/终点以及基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果设定值较大，将在第一个峰的起点和第二个峰的终点之间绘制一条更直的基线；如果设定值较小，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。 注：需要启用峰谷到峰谷基线？ (Valley to Valley Baseline?) 设置才能激活此设置。
峰谷到峰谷基线？ (Valley to Valley Baseline?)	此设置会影响 Marker 峰的基线积分起点/终点以及基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果禁用此设置，将在第一个峰起点和第二个峰终点之间绘制一条更直的基线。如果启用此设置，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。
使用两个 Marker (Use Both Markers)	使用所选的 Lower Marker 和 Upper Marker 对 CE 数据进行归一化和校准。
仅使用 Lower Marker (Use Lower Marker Only)	仅使用所选的 Lower Marker 对 CE 数据进行归一化和校准。
仅使用 Upper Marker (Use Upper Marker Only)	仅使用所选的 Upper Marker 对 CE 数据进行归一化和校准。
Marker 信息 (Marker Information)	
Lower Marker	此设置使用阈值 (RFU) 作为进行选择的最低峰高，确定了从 CE 数据中选择 Lower Marker 的方式。可以从下拉控件中选择 Lower Marker，如下所示： - 第一个峰 (First Peak) (F) - F + 1、F + 2、F + 3、F + 4 或 F + 5 - 两者之间 (Between)：以 X min +/- Y min 的形式输入指定的时间
Upper Marker	此设置使用阈值 (RFU) 作为进行选择的最低峰高，确定了从 CE 数据中选择 Upper Marker 的方式。可以从下拉控件中选择 Upper Marker，如下所示： - 最后一个峰 (Last Peak) (L) - L-1、L-2、L-3、L-4 或 L-5 - 两者之间 (Between)：以 X min +/- Y min 的形式输入指定的时间

全局配置 — 参比毛细管峰分析

参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 选项卡使用户能够指定用于在“参比”毛细管中选择和积分峰的峰高和峰宽阈值，“参比”毛细管是指定的包含用于校准分子量的 DNA 或 RNA ladder 的孔（图 43）。在表 27 中对这些设置进行了详细介绍。

此功能使用户能够为 ladder 峰定义比样品峰更高的阈值。

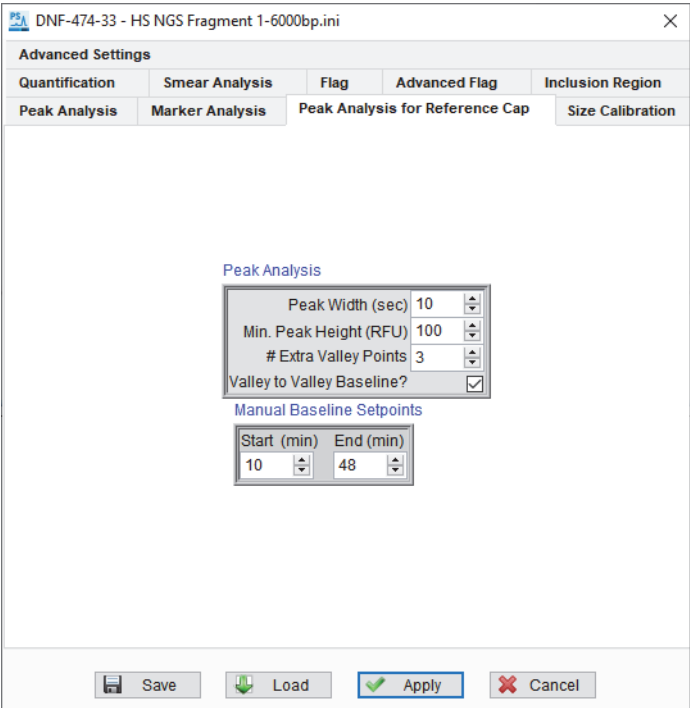


图 43 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 选项卡

表 27 参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 配置设置

设置	描述
峰分析 (Peak Analysis)	
峰宽 (s) (Peak Width (sec))	定义用于峰检测的峰宽阈值，以秒为单位。较高的设定值可以更好地定义宽峰的起点/终点；而较低的设定值则可以更好地定义尖峰的起点/终点。 对于尖峰而言，一般设置为 3-5。
最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU))	定义最低峰高阈值 (RFU)，用于选择要积分的峰。低于设定值的峰不会被选择用于积分。 当使用 DNA 或 RNA ladder 100-200 RFU 时，此设置的典型值取决于 ladder 的浓度和应用。
# 额外的峰谷点 (# Extra Valley Points)	此设置会影响峰的基线积分起点/终点以及峰之间绘制的基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果设定值较大，将在第一个峰的起点和第二个峰的终点之间绘制一条更直的基线；如果设定值较小，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。 注：需要启用 峰谷到峰谷基线? (Valley to Valley Baseline?)设置才能激活此设置。
峰谷到峰谷基线? (Valley to Valley Baseline?)	此设置会影响峰的基线积分起点/终点以及峰之间绘制的基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果禁用此设置，将在第一个峰起点和第二个峰终点之间绘制一条更直的基线。如果启用此设置，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。

全局配置 — 分子量校准

分子量校准 (Size Calibration) 选项卡使用户能够选择适当的“参比”孔，其中包含用于校准样品分子量的 DNA 或 RNA ladder；在 calibration ladder 中输入适当的片段（包括 Lower/Upper Marker）分子量和数量；并应用拟合算法绘制标准品分子量与迁移时间数据的关系图（图 44）。在表 28 中对这些设置进行了详细介绍。

在 ProSize 中，用户可以通过在样品板的孔中运行 DNA 或 RNA ladder（推荐），或者通过导入之前计算并导出的分子量校准文件（*.scal 扩展名）来校准样品片段的分子量。

注意

如果在 ProSize 中使用导入的分子量校准，则所分析的数据和导入的校准都需要使用相同的分离凝胶、毛细管阵列尺寸、进样/运行电压以及 Lower/Upper Marker，以尽可能提高分子量测定准确度。

为了正确校准分子量，ladder 必须在样品所使用的 Lower/Upper Marker 确定的范围内。在某些情况下，Lower 或 Upper Marker 可能与 ladder 峰共迁移；这对于分子量校准而言可以接受。一些应用试剂盒（例如 RNA 和基因组 DNA 试剂盒）仅使用 Lower Marker；因此，仅使用 Lower Marker 与相应的 DNA 或 RNA ladder 进行比较，从而对数据进行归一化。

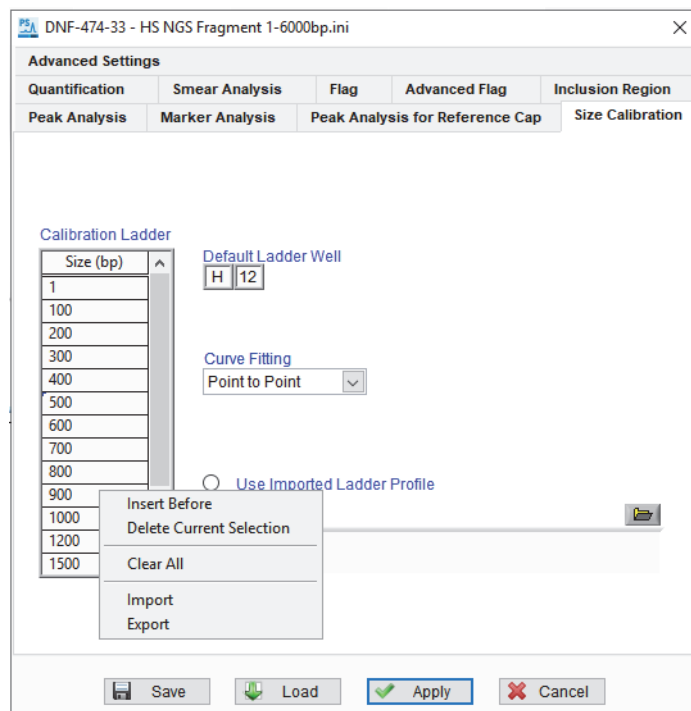


图 44 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的分子量校准 (Size Calibration) 选项卡

在分析其余样品之前，需要确保含有分子量校准 ladder 的样品（“参比”孔）已正确积分所有 ladder 片段，且没有其他峰积分。

将 DNA/RNA ladder（包括 Lower/Upper Marker）中包含的每个片段的分子量直接输入或导入校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 字段。如需直接输入数值，请单击字段并输入分子量值。

在选择**校准分子量标准品** (Calibration Ladder) 表时提供了显示菜单。其中包含在表中插入或删除片段；清除所有条目；以及导入或导出 ladder 信息文件 (*.txt 扩展名) 等选项。

注意

在大多数情况下，可以使用针对不同的安捷伦试剂盒优化的预定义 ladder 信息文件，并作为**全局配置** (Global Configuration) 的一部分加载。根据特定的试剂盒编号对 ladder 文件进行了标记，例如 **DNF-910 - 35-1500 100 bp ladder.txt**。可根据需要从安捷伦获取这些 ladder 文件。预加载的 ladder 文件位于 C:\ProSize data analysis software 下的**分子量标准品** (Ladders) 文件夹中。

表 28 分子量校准 (Size Calibration) 配置设置

设置	描述
校准分子量标准品 (Calibration Ladder)	以表格形式列出了 calibration ladder 中包含的 DNA/RNA 片段的分子量。将每个片段（包括 Lower/Upper Marker）的分子量直接输入表格或使用显示菜单（在 校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 表中右键单击）进行导入。
校准分子量标准品 > 之前插入 (Calibration Ladder > Insert Before)	在校准 ladder 表中当前所选的单元格上方插入一个空白单元格。 注：在使用此选项之前单击相应的表格单元格。
校准分子量标准品 > 删除当前选择 (Calibration Ladder > Delete Current Selection)	删除校准 ladder 表中当前所选的单元格。 注：在使用此选项之前单击相应的表格单元格。
校准分子量标准品 > 全部清除 (Calibration Ladder > Clear All)	删除校准 ladder 表中的所有单元格。
校准分子量标准品 > 导入 (Calibration Ladder > Import)	导入之前导出并保存的 ladder 信息文件。选中此选项后，将打开文件浏览器菜单，用于导航并选择所需的文件 (*.txt 扩展名)。ladder 信息文件位于 C:\ProSize data analysis software\Ladders 文件夹。
校准分子量标准品 > 导出 (Calibration Ladder > Export)	导出当前的 ladder 表信息 (*.txt 扩展名)。选中此选项后，将打开文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并以所需的文件名进行保存。在导出 ladder 信息文件时，强烈建议将创建的文件保存到位于 C:\ProSize data analysis software\Ladders 文件夹中的公共目录。
默认分子量标准品孔 (Default Ladder Well)	定义包含分子量校准 ladder 的样品板孔。从下拉列表中选择包含分子量校准 ladder 的相应行 (A-H) 和列 (1-12) 位置。

表 28 分子量校准 (Size Calibration) 配置设置

设置	描述
曲线拟合 (Curve Fitting)	• 点到点 (Point to Point) 使用点到点 (Point to Point) (推荐) 拟合分子量 (Size) (bp 或 nt) 与时间 (Time) (s) 的分子量校准曲线，在曲线的各点之间绘制一条直线。 • 多项式 (Polynomial) 使用多项式拟合分子量 (Size) (bp 或 nt) 与时间 (Time) (s) 的分子量校准曲线。在顺序 (Order) 字段中输入序号值 (3-5)。
使用导入的分子量标准品曲线 (Use Imported Ladder Profile)	导入之前导出的分子量校准文件 (*.scal 扩展名)，用于分子量校准。
分子量标准品曲线 (Ladder Profile)	显示导入的分子量校准文件的文件路径。单击  加载导入的文件。将打开文件浏览器菜单，用于导航并选择所需的文件 (*.scal 扩展名)。 注：在导入分子量校准文件时，应使用相同的条件（分离凝胶、毛细管阵列长度、Lower/Upper Marker、CE 分离电压）。分析条件与导入条件之间的差异将影响分子量测定的准确度。

第 5 章, “ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面” 介绍了关于分子量校准功能的详细信息。

全局配置 — 定量

定量 (Quantification) 选项卡使用户能够指定 ProSize 软件中样品的定量方式（通过 Marker 或 ladder）；定义 Marker 或 ladder 参比的工作浓度；以及应用稀释倍数计算最终样品浓度（图 45）。在表 29 中对这些设置进行了详细介绍。

在 ProSize 软件中有两种不同的样品浓度定量方法：

- **使用 Lower/Upper Marker:** 该方法将样品峰面积或样品弥散条带面积与 Lower 或 Upper Marker 峰面积进行比较。将峰面积作为校正后的峰面积（面积/迁移时间），用采集的每个数据点除以其迁移时间。该方法依赖于已知浓度的 Marker，其通常直接与样品混合

- **使用分子量标准品 (Use Ladder):** 该方法将样品峰面积或样品弥散条带面积与已知总浓度的 RNA 或 DNA ladder 的峰面积进行比较。计算 RNA/DNA ladder 与 Lower Marker 的比值；然后计算 Lower Marker 与样品的比值，确定最终样品浓度。该方法依赖于已知浓度的 RNA/DNA ladder，其通常直接与样品混合使用分子量标准品 (Use Ladder) 定量方法的一个优势在于，可以校正样品前处理中的任何系统误差。只要使用相同的 Diluent Marker 溶液制备样品和 ladder，只要使用与样品相同的方式移取和混合 RNA/DNA ladder，任何来自移液或前处理的偏差都将被考虑在内。

对于 **RNA** 模式，使用分子量标准品 (Use Ladder) 是默认的定量 (Quantification) 方法。对于各种 **DNA** 模式，用户可以从使用 **Lower/Upper Marker** (Use Lower/Upper Marker) 或使用分子量标准品 (Use Ladder) 方法中进行选择。请参阅每种安捷伦试剂盒相应的用户手册，了解推荐的设置。

注意

最准确的定量方法是用含有已知浓度 Marker（内标）的稀释液来稀释样品。通过用稀释液基质（例如 1X TE 缓冲液）稀释样品（该稀释液基质与在单独的 Marker 孔板中制备的 Marker 的稀释液相匹配），并在相同的条件（电压/时间）下进样，也可以获得样品之间的近似浓度或相对浓度差异。

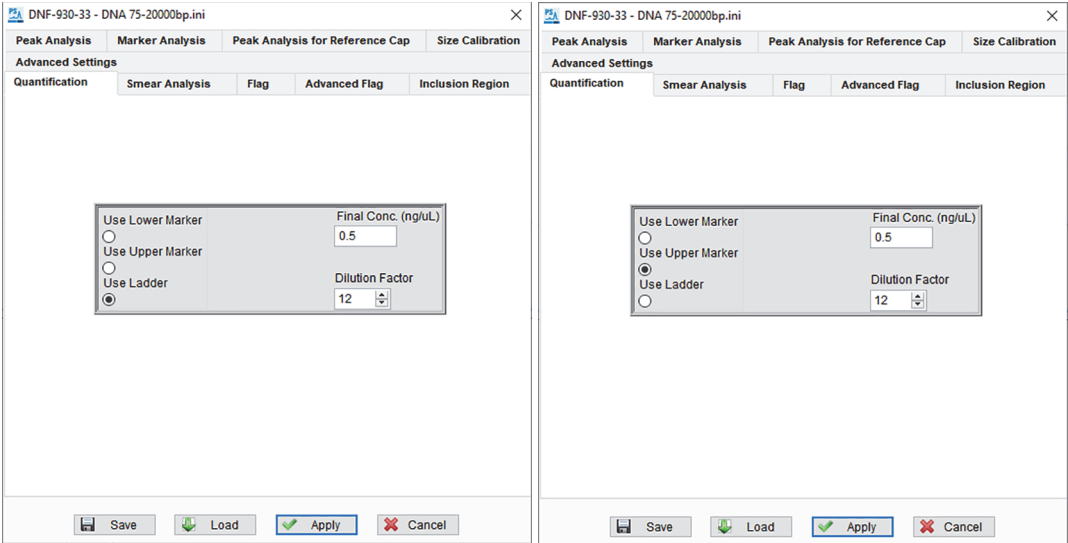


图 45 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的定量 (Quantification) 选项卡（左：选中使用分子量标准品 (Use Ladder)；右：选中使用 Upper Marker (Use Upper Marker)）

表 29 定量 (Quantification) 配置设置

设置	描述
使用 Lower Marker (Use Lower Marker)	使用校正后的样品峰面积与校正后的 Lower Marker 峰面积的比值进行样品峰/弥散条带定量计算。
使用 Upper Marker (Use Upper Marker)	使用校正后的样品峰面积与校正后的 Upper Marker 峰面积的比值进行样品峰/弥散条带定量计算。
使用分子量标准品 (Use Ladder)	比较 ladder 总校正峰面积与 Lower Marker 的峰面积。计算该结果与样品相对于其各自的 Lower Marker 的校正峰面积的比值。
最终浓度(ng/μL) (Final Conc. (ng/μL))	用于定量的 Marker 或 ladder 的最终工作浓度 (ng/mL)。 示例：在 RNA 试剂盒 (DNF-471) 中，RNA ladder 经 12 倍稀释（2 μL ladder + 22 μL Diluent Marker），起始浓度为 96 ng/mL。因此，将 最终浓度 (ng/μL) (Final Conc.(ng/μL)) 设置为 8 ng/L， 稀释倍数 (Dilution Factor) 设置为 12。
稀释倍数 (Dilution Factor)	应用于样品或 ladder 的乘数因子，以考虑分析前的任何预稀释步骤。 注：该值在样品之间可能存在差异，具体取决于样品在分析前是否经过预先稀释。 例如，在 HS NGS 片段试剂盒中，使用 2 μL 样本 + 22 μL Diluent Marker；因此，在使用 ProSize 软件的使用 Upper Marker (Use Upper Marker) 定量方法准确输出起始样品浓度时，应使用稀释倍数 12。 注： 稀释倍数 (Dilution Factor) 1 表示未稀释样品。

全局配置 — 弥散条带分析 (Smear Analysis)

弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡使用户能够指定用于积分和计算总浓度 (ng/mL) 的分子量范围。这对于 DNA 弥散条带而言非常有用，因为了解弥散条带中特定分子量范围的浓度比了解总弥散条带分子量范围的浓度更加重要（图 46）。在表 30 中对这些设置进行了详细介绍。

可以将几个不同的分子量范围同时应用于一个样品；将以表格形式显示计算得到的指定范围内的总浓度，可以以 .csv 格式导出或打印成纸质版 PDF 报告。

如果在弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中输入一个或多个选择，打开数据后，会在峰分析 (Peak Analysis) 选项卡旁显示弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡，每个结果单独一行，显示每个范围内的计算浓度。

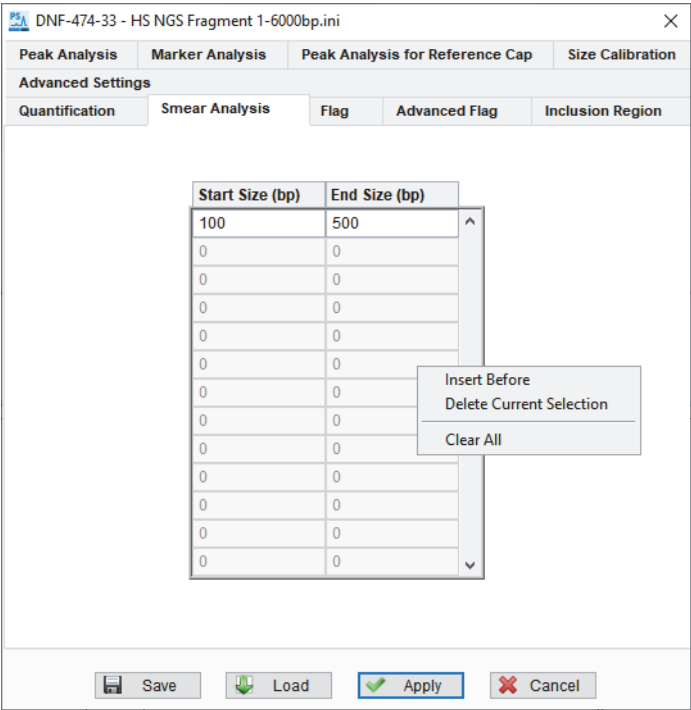


图 46 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡

表 30 弥散条带分析 (Smear Analysis) 配置设置

设置	描述
起始分子量 (bp) (Start Size (bp))	定义在计算总浓度时的下位分子量阈值 (bp)。 注：如果输入的分子量位于峰/弥散条带的中间，则在该分子量及更高分子量范围内计算浓度，而不考虑低于该分子量阈值的峰/弥散条带部分。
结束分子量 (bp) (End Size (bp))	定义在计算总浓度时的上位分子量阈值 (bp)。 注：如果输入的分子量位于峰/弥散条带的中间，则在该分子量及以下计算浓度，而不考虑高于该分子量阈值的峰/弥散条带部分。
之前插入 (Insert Before)	弥散条带分析 (Smear Analysis) 表的显示菜单选项。在表中当前所选的单元格上方插入一个空白单元格行。 注：在使用此选项之前单击相应的表格单元格。
删除当前选择 (Delete Current Selection)	弥散条带分析 (Smear Analysis) 表的显示菜单选项。删除表中当前所选的单元格行。 注：在使用此选项之前单击相应的表格单元格。
全部清除 (Clear All)	弥散条带分析 (Smear Analysis) 表的显示菜单选项。删除表中的所有单元格。

全局配置 - 标记

标记 (Flag) 选项卡使用户能够指定数据需要满足的特定标准（分子量或浓度范围），并生成结果的二进制输出（0 = 错误，1 = 正确）。这对于需要对是否存在条带进行评分的应用（例如基因分型）非常有用（图 47）。在表 31 中对这些设置进行了详细介绍。

标记标准可根据分子量、浓度、峰高和/或校正后的峰面积进行设置。将布尔逻辑应用于确定各种条件的标准。

如果在标记 (Flag) 选项卡中输入一个或多个选择，打开数据后，将显示一个额外的标记分析 (Flag Analysis) 选项卡，其中有每个结果的峰列表 (Peak Table)，以二进制 1/0 格式显示标记结果。

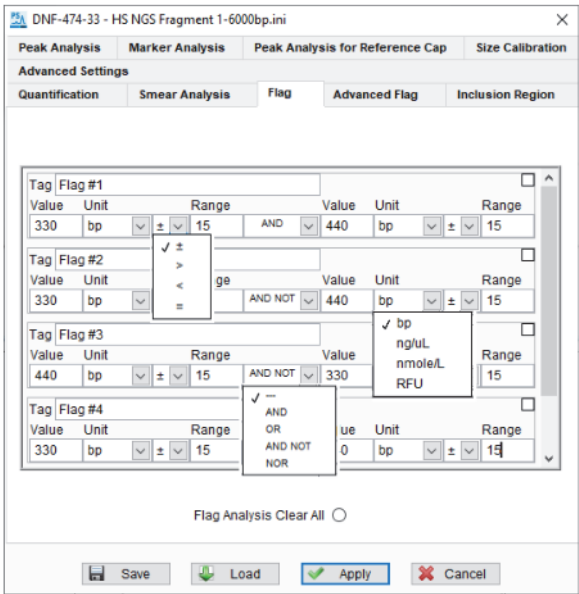


图 47 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的标记 (Flag) 选项卡

表 31 标记 (Flag) 配置设置

设置	描述
标签 (Tag)	用于命名使用的标记条件。
值 (Value)	定义标记条件的单位数值。

表 31 标记 (Flag) 配置设置

设置	描述
单位 (Unit)	一个下拉列表，用于定义待标记条件的单位。第一个单位 (Unit) 总是基于分子量 (bp 或 nt)；对于第二个单位 (Unit) 标准，有四个次要标记选项： • bp (分子量) • ng/mL (浓度) • nmol/L (浓度) • RFU (相对荧光强度单位)
范围 (Range)	定义在应用标记条件时使用的数值范围。该字段左侧的下拉菜单确定要应用的操作： • ± (将在所输入值的正负范围内进行标记) • > (超出范围时进行标记) • < (低于范围时进行标记) • = (等于范围时进行标记)
布尔运算 (Boolean Operation)	一个下拉列表，定义要应用于标记条件的布尔运算。提供五种应用选项： • ---: 不应用第二个标记条件。 • 与 (AND): 第一个和第二个标记条件都必须为真 • 或 (OR): 第一个或第二个标记条件必须为真 • 与非 (AND NOT): 第一个标记条件必须为真，且第二个标记条件不能为真 • 或非 (NOR): 第一个和第二个标记条件都不能为真
标记分析全部清除 (Flag Analysis Clear All)	从表中清除所有的现有标记条件。
复选框 ☐	清除相应的行标记条件条目。

全局配置 — 高级标记

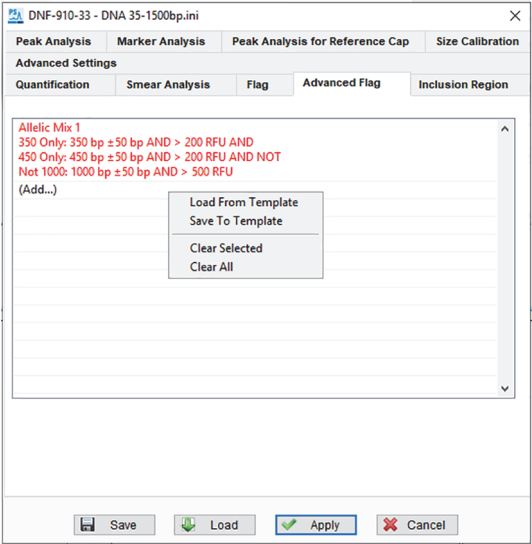
高级标记 (Advanced Flag) 选项卡使用户能够定义更复杂的标记条件。然而，仅可将一组高级标记条件应用于所有 96 根毛细管。

相反，设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框允许为每个单独的孔应用独特的标记条件。可以定义、保存具有不同标记条件的孔板分布图，并将其重新应用于新的孔板。高级标记条件的整个孔板分布图可以应用于所有 96 根毛细管，其中每根毛细管的高级标记条件不同。

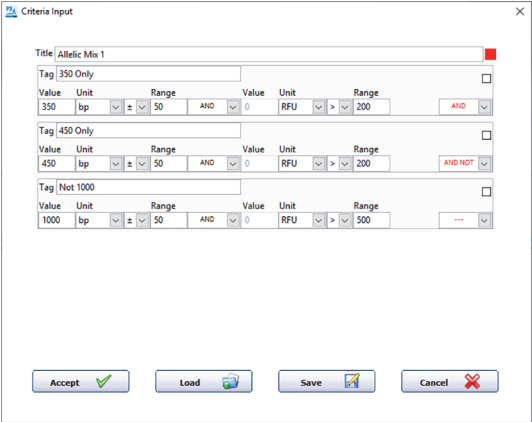
添加标记标准 (Add a Flag Criteria)

您可以通过不限数量的条件来定义复杂的标记标准。可以根据分子量、浓度、峰高、RFU 和/或校正后的峰面积来设置标准。将布尔逻辑应用于确定各种条件的标准。这对于需要进行复杂标记模式分析的应用（例如基因分型）非常有用。

1 在高级标记 (Advanced Flag) 选项卡中双击添加 (Add)



将打开输入标准 (Criteria Input) 窗口。在表 33 中对这些设置进行了介绍。



2 输入数据需要满足的标记标准（分子量、浓度范围、RFU 范围、混合片段标准等）。这将用于结果输出表

如果在高级标记 (Advanced Flag) 选项卡中输入一个或多个选择，打开数据后，将显示一个额外的高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 选项卡，其中给出了峰列表 (Peak Table)。

标记条件的保存格式

- 如果您希望将某个标记条件作为多个标记条件之一应用于某个孔，请将该标记保存为 .template
- 如果您希望将一组标记条件应用于某个孔（可能包含一个或多个单独的条件），请将该标记保存为 .SCTmpt（其中 SC 为单根毛细管的缩写）
- 如果您希望将一组标记条件应用于整个孔板，其中每个孔可能包含不同的标记条件（只能在本章后面讨论的“设置单个参数” (Set Individual Parameters) 中应用），则将标记保存为 .ACTmpt（其中“AC”代表“所有毛细管”）

表 32 介绍了高级标记 (Advanced Flag) 选项卡中的设置

表 32 高级标记 (Advanced Flag) 配置设置

设置	
添加..... (Add...)	双击打开 输入标准 (Criteria Input) 窗口。可以输入一组标记条件。
显示菜单	
从模板加载 (Load From Template)	为单个孔打开并应用一组预定义的标记条件（由用户之前创建并保存）(.SCTmpt)。由 .SCTmpt 文件定义的同一组条件应用于所有 96 根毛细管。
保存到模板 (Save to Template)	将单个孔的标记模板另存为 .SCTmpt，应用于所有 96 根毛细管（即，将相同的标记条件应用于所有 96 根毛细管）。
清除所选对象 (Clear Selected)	清除所选的标记条件（该标记条件应用于所有 96 根毛细管）。
全部清除 (Clear All)	清除所有标记条件（针对所有 96 根毛细管）。

表 33 用于定义标记条件的输入标准 (Criteria Input) 设置

设置	描述
标题 (Title)	用于命名要使用的一组条件（可能包括几个标签）。
标签 (Tag)	用于命名要使用的单个标记条件。
值 (Value)	定义标记条件的单位数值。
单位 (Unit)	一个下拉列表，用于定义待标记条件的单位。第一个单位 (Unit) 总是基于分子量（bp 或 nt）；对于第二个单位 (Unit) 标准，有四个次要标记选项： • bp（分子量） • ng/μL（浓度） • nmol/L（浓度） • RFU（相对荧光强度单位）
范围 (Range)	定义在应用标记条件时使用的数值范围。该字段左侧的下拉菜单确定要应用的操作： • $\pm$（将在所输入值的正负范围内进行标记） • $>$（超出范围时进行标记） • $<$（低于范围时进行标记） • $=$（等于范围时进行标记）
布尔运算 (Boolean Operation)	一个下拉列表，定义要应用于标记条件的布尔运算。提供五种应用选项： • $---$：不应用第二个标记条件。 • 与 (AND)：第一个和第二个标记条件都必须为真 • 或 (OR)：第一个或第二个标记条件必须为真 • 与非 (AND NOT)：第一个标记条件必须为真，且第二个标记条件不能为真 • 或非 (NOR)：第一个和第二个标记条件都不能为真
接受 (Accept)	接受为单个孔定义的标记条件
加载 (Load)	加载一组单独的标记条件 (*.template)。注意，可以将多个单独的标记条件应用于同一个孔。 例如：仅 200 bp；300 bp 与 500 bp；仅 600 bp。
保存 (Save)	保存单个标记条件 (*.template)。注意，可以将多个单独的标记条件应用于同一个孔。 例如：仅 200 bp；300 bp 与 500 bp；仅 600 bp。
取消 (Cancel)	取消输入的所有信息并关闭界面。

全局配置 — 包含区域

包含区域 (Inclusion Region) 选项卡使用户可以定义多达四个分子量范围。仅显示位于定义范围内的峰（不包括 Marker）。这会影响界面显示、PDF 报告和导出的数据。表 34 介绍了包含区域 (Inclusion Region) 选项卡及其功能。

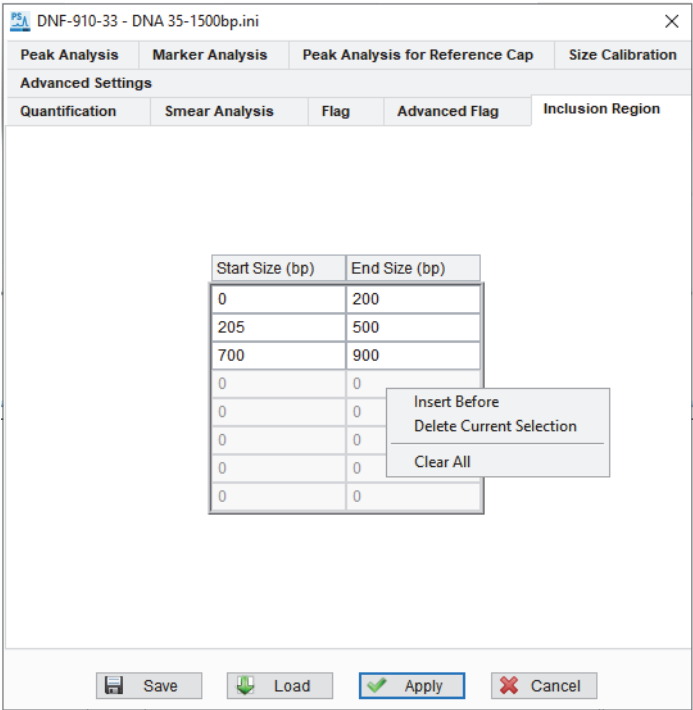


图 48 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的包含区域 (Inclusion Region) 选项卡

表 34 包含区域 (Inclusion Region) 配置设置

设置	描述
起始分子量 (bp) (Start Size (bp))	定义包含区域 (Inclusion Region) 的分子量下限 (bp)。不会显示低于下限的峰（Lower Marker 除外）。
结束分子量 (bp) (End Size (bp))	定义包含区域 (Inclusion Region) 的分子量上限 (bp)。不会显示高于上限的峰（Upper Marker 除外）。

表 34 包含区域 (Inclusion Region) 配置设置

设置	描述
之前插入 (Insert Before)	包含区域 (Inclusion Region) 表的显示菜单选项。在表中当前所选的单元格上方插入一个空白单元格行。 单击相应的表格单元格以使用此选项。
删除当前选择 (Delete Current Selection)	包含区域 (Inclusion Region) 表的显示菜单选项。删除表中当前所选的单元格行。单击相应的表格单元格以使用此选项。
全部清除 (Clear All)	包含区域 (Inclusion Region) 表的显示菜单选项。删除表中的所有单元格。

设置单个参数

在 ProSize 程序中打开数据文件后，可以通过**设置单个参数** (Set Individual Parameters) 选项调整单个样品的配置设置。

设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框由多个主选项卡组成，这些选项卡可以像**全局配置** (Global Configuration) 对话框中的选项卡一样进行调整。在 RNA 和基因组模式下，**设置单个参数** (Set Individual Parameters) 中还提供了针对这些分析的额外选项卡。

一些选项卡可应用于单个样品，而一些选项卡则只能应用于所有样品：

- **高级设置 (Advanced Settings)**

当打开文件并更改分析模式时，所有样品都将更改为新选择的模式。

- **峰分析 (Peak Analysis)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **Marker 分析 (Marker Analysis)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **定量 (Quantification)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **弥散条带分析 (Smear Analysis)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **标记 (Flag)**

当打开文件时，所有样品都更改为当前的标记 (Flag) 设置，无法单独调整。

- **DNA 质量参数 (DNA Quality Number)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **高级标记 (Advanced Flag)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **包含区域 (Inclusion Region)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **总 RNA 排除区域 (Total RNA Exclusion Region)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **small RNA 区域 (Small RNA Region)**

当打开文件时，可以编辑单个样品的配置设置，也可以一次性更改所有样品的设置。

- **基因组质量参数 (Genomic Quality Number)**

当打开文件时，所有样品都更改为当前的 GQN 设置，无法单独调整。

注意

在更改**设置单个参数** (Set Individual Parameters) 对话框中的配置设置时，参比 ladder 孔与样品孔将分开处理。因此，如果对样品孔执行**全部应用** (Apply to All) 操作，则当前的参比 ladder 孔将不会更新。

如果用户从参比 ladder 孔中选择**全部应用** (Apply to All)，则将更新包括 ladder 孔在内的所有样品孔。

在**设置单个参数** (Set Individual Parameters) 对话框的底部是用于设置和加载配置的两项功能，如图 49 和表 35 所示。

表 35 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 按钮

按钮	描述
设置为默认配置 (Set as Default Configuration)	为后续打开的所有文件设置默认配置（即全局配置 (Global Configuration)）。如果您总是打开相似类型的文件（例如，所有文件均使用“A12”孔中的 ladder），这将非常有用。
加载 (Load)	打开一个文件浏览器菜单，用于加载之前创建的配置文件（*.ini 扩展名）。导航至包含配置文件的所需目录位置，然后单击确定 (OK) 进行加载。

设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中选项卡的设置与全局配置 (Global Configuration) 对话框中的不同。后文对这些选项卡进行了汇总。

设置单个参数 — 高级设置

高级设置 (Advanced Settings) 选项卡使用户能够指定用于处理数据的数据分析模式（图 49）。用于信号处理的最低 RFU (Minimum RFU for Signal Processing) 用于设置最低的积分 RFU 值。

注意

当对模式 (Mode) 进行任何更改时，所有样品都将被更新，包括参比 ladder 孔。

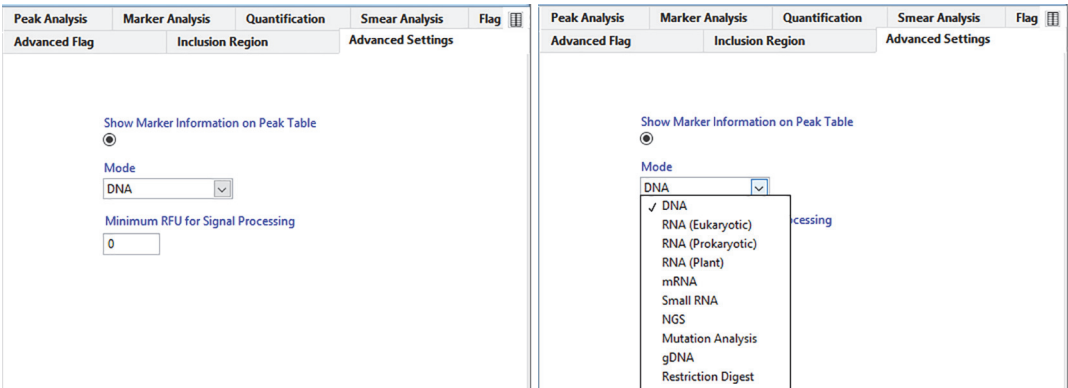


图 49 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的高级设置 (Advanced Settings) 选项卡

设置单个参数 — 峰分析

表 36 介绍了全局配置 (Global Configuration) 对话框中不可用的峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的其他设置。如果用户更改字段和/或按下 [Enter]，新的设置将仅应用于当前所选的样品孔。峰分析 (Peak Analysis) 选项卡如图 50 所示。

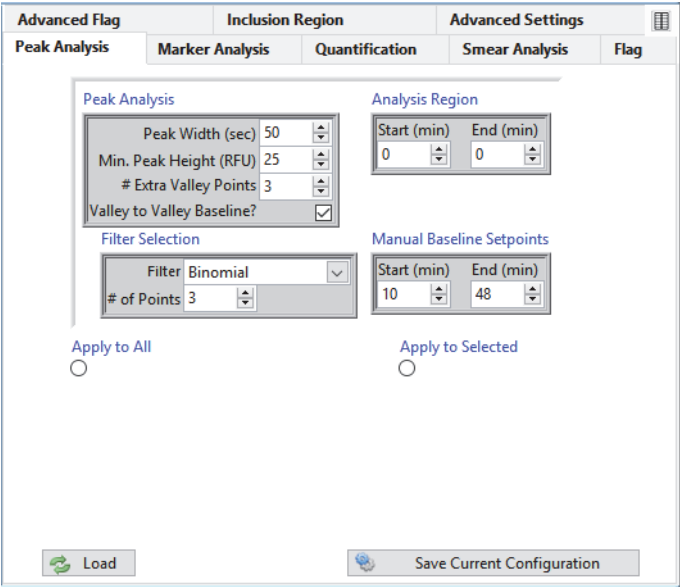
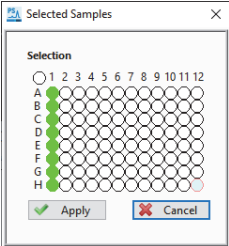


图 50 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的峰分析 (Peak Analysis) 选项卡

表 36 峰分析 (Peak Analysis) 选项卡中的其他设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	仅峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。  注：仅可在希望将峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注：仅可在希望将峰分析 (Peak Analysis) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。

设置单个参数 — Marker 分析

表 37 介绍了全局配置 (Global Configuration) 中不可用的 **Marker 分析** (Marker Analysis) 选项卡的其他设置。如果用户更改字段和/或按下 **[Enter]**，新的设置将仅应用于当前所选的样品孔。Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡如图 51 所示。

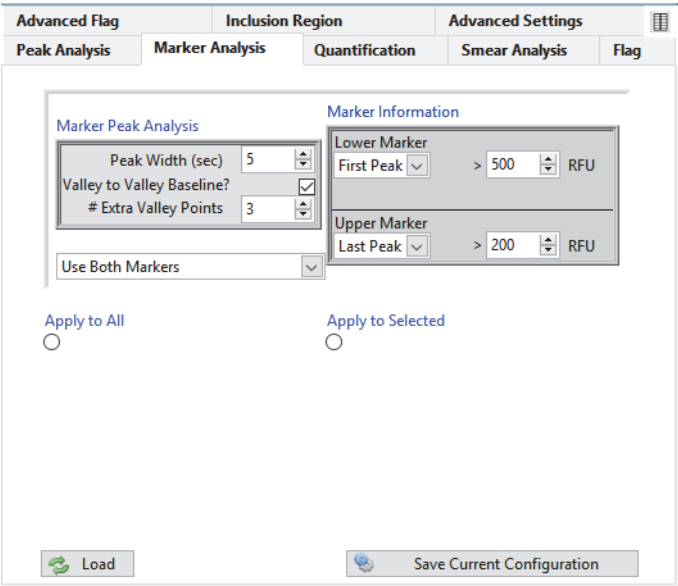


图 51 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡

表 37 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的其他设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	仅 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。
	注: 仅可在希望将 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。

表 37 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的其他设置

设置	描述
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示 所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击 确定 (OK) 以应用；单击 取消 (Cancel) 则中止操作。 如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注: 仅可在希望将 Marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。

设置单个参数 — 定量

表 38 介绍了**全局配置** (Global Configuration) 中不可用的**定量** (Quantification) 选项卡的其他设置。如果用户更改字段和/或按下 **[Enter]**，新的设置将仅应用于当前所选的样品孔。定量 (Quantification) 选项卡如图 52 所示。

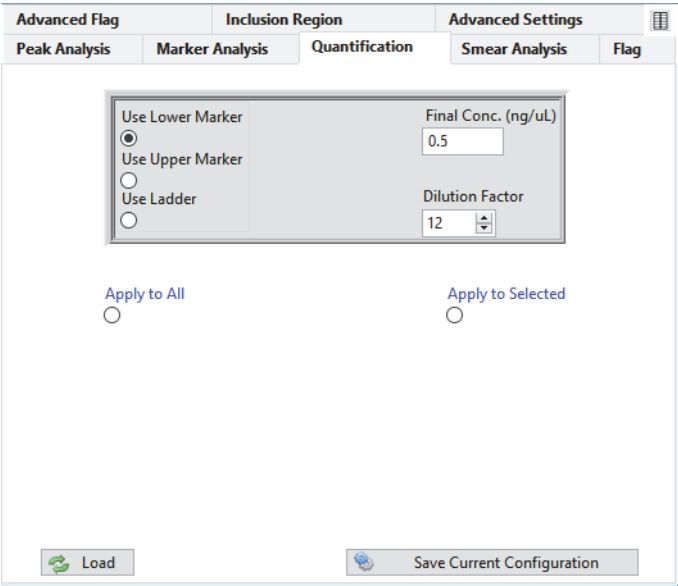


图 52 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的定量 (Quantification) 选项卡

表 38 定量 (Quantification) 选项卡中的其他设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	仅 定量 (Quantification) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。

注：仅可在希望将**定量** (Quantification) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。

表 38 定量 (Quantification) 选项卡中的其他设置

设置	描述
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将 定量 (Quantification) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示 所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击 确定 (OK) 以应用；单击 取消 (Cancel) 则中止操作。 如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注：仅可在希望将 定量 (Quantification) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。

设置单个参数 — 弥散条带分析 (Smear Analysis)

表 39 介绍了**全局配置** (Global Configuration) 中不可用的**弥散条带分析** (Smear Analysis) 选项卡的其他设置。如果用户更改字段和/或按下 **[Enter]**，新的设置将仅应用于当前所选的样品孔。**弥散条带分析** (Smear Analysis) 选项卡如图 53 所示。

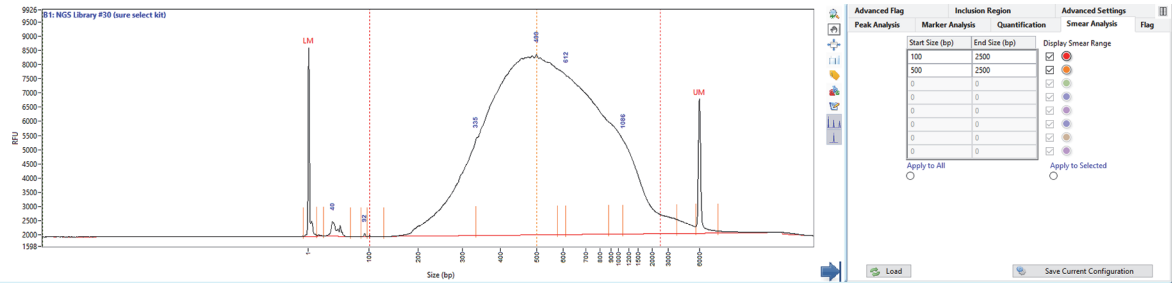
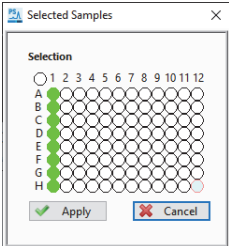


图 53 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡

表 39 弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡中的其他设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	仅弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。  注：仅可在希望将弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注：仅可在希望将弥散条带分析 (Smear Analysis) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。
显示弥散条带范围 (Display Smear Range)	启用后，在电泳峰图界面中将显示两个垂直光标 (cursor)。这些光标 (cursor) 定义了当前所选的弥散条带范围的起始分子量 (bp) (Start Size (bp)) 和结束分子量 (bp) (End Size (bp)) 的输入值。 通过单击光标 (cursor) 峰，向左或向右拖动相应的光标 (cursor)，可以调整弥散条带范围的起点和终点；弥散条带分析 (Smear Analysis) 区域将自动更新到新的光标 (cursor) 位置。

设置单个参数 — 标记分析

表 40 介绍了全局配置 (Global Configuration) 中不可用的标记分析 (Flag Analysis) 选项卡的其他设置。如果用户更改字段和/或按下 [Enter]，新的标记设置将应用于样品板的所有样品。标记 (Flag) 选项卡如图 54 所示。

Advanced Flag

Inclusion Region

Advanced Settings

Peak Analysis

Marker Analysis

Quantification

Smear Analysis

Flag

Tag 1

Value

Unit

Range

Value

Unit

Range

100

bp

±

50

0.05

ng/uL

±

0.01

Tag 2

Value

Unit

Range

Value

Unit

Range

200

bp

±

50

0.05

ng/uL

±

0.01

Tag 3

Value

Unit

Range

Value

Unit

Range

1050

bp

±

50

0.05

ng/uL

±

0.01

Save Flag Parameters

Load Flag Parameters

Remove All Flag Parameters

○

○

○

Load

Save Current Configuration

图 54 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的标记 (Flag) 选项卡

表 40 其他标记分析设置

设置	描述
保存标记参数 (Save Flag Parameters)	选中后，当前的标记分析 (Flag Analysis) 设置将保存为文件 (*.Flag 扩展名)，可以加载到不同的数据文件中。将打开一个文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并以所需的文件名进行保存；单击 确定 (OK) 保存文件，或单击 取消 (Cancel) 放弃更改。

表 40 其他标记分析设置

设置	描述
加载标记参数 (Load Flag Parameters)	选中后，将从文件 (*.Flag 扩展名) 中加载之前保存的标记分析 (Flag Analysis) 设置。将打开一个文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并加载所需的文件；单击 确定 (OK) 加载文件，或单击 取消 (Cancel) 放弃更改。
删除所有标记参数 (Remove All Flag Parameters)	选中后，将清除选项卡中的所有设置。

设置单个参数 – DNA 质量参数

DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡使用户能够选择计算 DNA 质量参数所需的分子量阈值 (bp) (图 55)。其为动态的、用户自定义的质量标准，用于高级设置 (Advanced Settings) 选项卡下的 DNA 和 NGS 模式。表 41 中介绍了 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡中的设置。

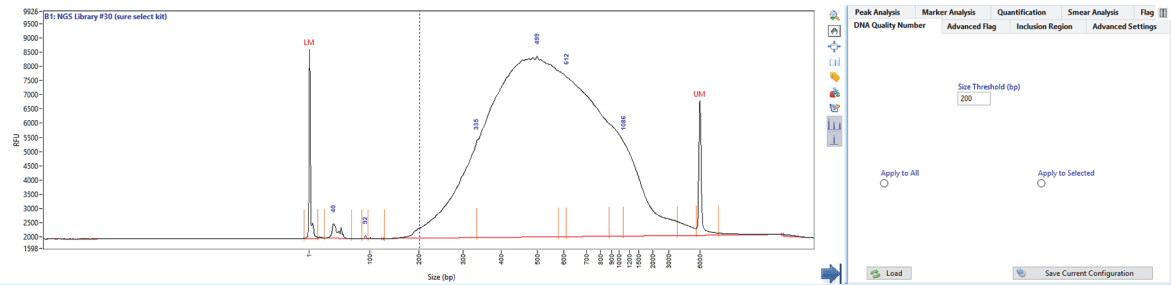
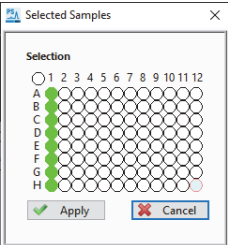


图 55 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡

表 41 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡中的设置

设置	描述
分子量阈值 (bp) (Size Threshold (bp))	自定义计算 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 所依据的分子量阈值。 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) (DQN) 根据超过阈值的样品量来计算。DQN 通过高于阈值的 DNA 百分比除以 10 得到。

表 41 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡中的设置

设置	描述
全部应用 (Apply to All)	仅 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。  注：仅可在希望将 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注：仅可在希望将 DNA 质量参数 (DNA Quality Number) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。

在**选项** (Option) 对话框中可以激活或停用 **DNA 质量参数** (DNA Quality Number) 选项卡。从菜单中选择**选项** (Option)，并启用 **DNA 质量参数 (DQN)** (DNA Quality Number (DQN))。第 3 章, “ProSize 主界面” 中介绍了选项 (Option) 菜单的对话框和各项设置。

设置单个参数 — 高级标记分析

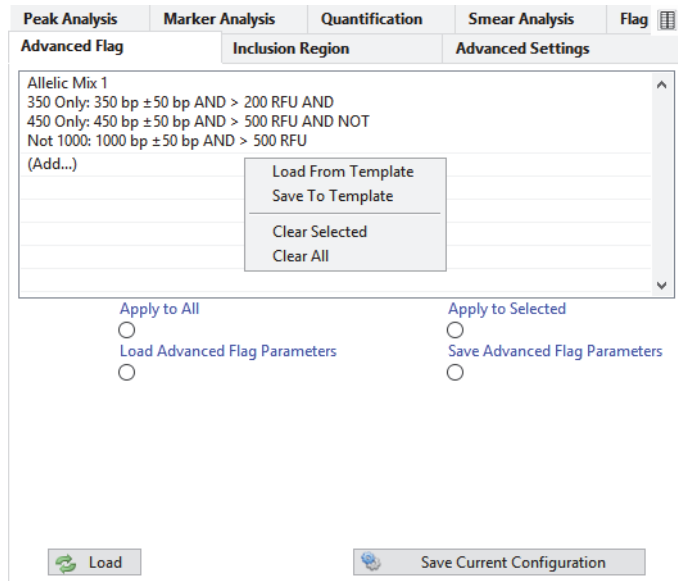
高级标记 (Advanced Flag) 使用户能够定义更复杂的标记条件。

全局配置 (Global Configuration) 对话框中的高级标记 (Advanced Flag) 选项卡仅允许将一组标记条件应用于所有 96 根毛细管。但在设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中，可以为每个孔设置独特的标记条件，并且可以定义、保存具有不同标记条件的孔板分布图，并将其重新应用于新的孔板。

添加标记标准 (Add a Flag Criteria)

通过不限数量的条件来定义复杂的标记标准。可以根据分子量、浓度、峰高、RFU 和/或校正后的峰面积来设置标准。将布尔逻辑应用于确定各种条件的标准。这对于需要进行复杂标记模式分析的应用（例如基因分型）非常有用。

- 1 在高级标记 (Advanced Flag) 选项卡中双击添加 (Add)（表 42 中对设置进行了介绍）



将打开**输入标准 (Criteria Input)** 窗口。

The Criteria Input dialog box is titled "Criteria Input" and contains a list of criteria for "Allelic Mix 1".

Tag	Value	Unit	Range	AND	Value	Unit	Range	AND NOT
350 Only	350	bp	± 50	AND	0	RFU	> 200	AND
450 Only	450	bp	± 50	AND	0	RFU	> 500	AND NOT
Not 1000	1000	bp	± 50	AND	0	RFU	> 500	---

Buttons at the bottom: Accept (green checkmark), Load (floppy disk), Save (floppy disk with pencil), Cancel (red X).

2 输入数据需要满足的标记标准（分子量、浓度范围、RFU 范围、混合片段标准等）。这将用于结果输出表。在表 43 中对这些设置进行了介绍

如果在**高级标记 (Advanced Flag)** 选项卡中输入一个或多个选择，打开数据后，将显示一个额外的高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 选项卡，其中给出了**峰列表 (Peak Table)**。

如果更改字段和/或单击 **[Enter]**，新的标记设置将仅应用于样品板的相应孔。如需将条件应用于所有孔，请在选项卡中选择**全部应用 (Apply to All)**。

标记条件的保存格式

- 如果您希望将某个标记条件作为多个标记条件之一应用于某个孔，请将该标记保存为 .template
- 如果您希望将一组标记条件应用于某个孔（可能包含一个或多个单独的条件），请将该标记保存为 .Sctmpt（其中 SC 为单根毛细管的缩写）
- 如果您希望将一组标记条件应用于整个孔板，其中每个孔可能包含不同的标记条件（只能在“设置单个参数” (Set Individual Parameters) 选项卡中应用），则将标记保存为 .Actmpt（其中“AC”代表“所有毛细管”）

表 42 高级标记 (Advanced Flag) 配置设置

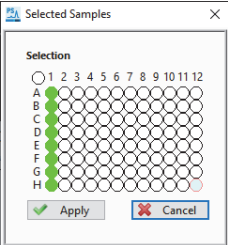
设置	描述
添加..... (Add...)	双击打开 输入标准 (Criteria Input) 窗口。可以输入一组标记条件。
显示菜单	
从模板加载 (Load From Template)	为单个孔打开并应用一组预定义的标记条件（由用户之前创建并保存）(.SCTmpt)。由 .SCTmpt 文件定义的同一组条件应用于所有 96 根毛细管。
保存到模板 (Save to Template)	将单个孔的标记模板另存为 .SCTmpt，应用于所有 96 根毛细管（即，将相同的标记条件应用于所有 96 根毛细管）。
清除所选对象 (Clear Selected)	清除所选的标记条件（该标记条件应用于所有 96 根毛细管）。
全部清除 (Clear All)	清除所有标记条件（针对所有 96 根毛细管）。
全部应用 (Apply to All)	仅 高级标记 (Advanced Flag) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。
	
	注：仅可在希望将 高级标记 (Advanced Flag) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将 高级标记 (Advanced Flag) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示 所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击 确定 (OK) 以应用；单击 取消 (Cancel) 则中止操作。 如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注：仅可在希望将 高级标记 (Advanced Flag) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。

表 42 高级标记 (Advanced Flag) 配置设置

设置	描述
保存高级标记参数 (Save Advanced Flag Parameters)	将当前的高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 设置保存为可以加载到不同数据文件中的文件 (*.ACtempt 扩展名)。将打开一个文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并以所需的文件名进行保存；单击 确定 (OK) 保存文件，或单击 取消 (Cancel) 中止操作。 注意，这将保存整个孔板标记分布图（不同的孔可能包含不同的标记条件）。 注：此选项将保存整个孔板分布图，其中每个孔具有不同的标记条件。
加载高级标记参数 (Load Advanced Flag Parameters)	从文件 (*.ACtempt 扩展名) 加载之前保存的高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 设置。将打开一个文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并加载所需的文件；单击 确定 (OK) 加载文件，或单击 取消 (Cancel) 中止操作。 注意，这将应用整个孔板标记分布图。注：此选项将应用整个孔板标记分布图，其中每个孔具有不同的标记条件。

表 43 用于定义标记条件的输入标准 (Criteria Input) 设置

设置	描述
标题 (Title)	用于命名要使用的一组条件（可能包括几个标签）。
标签 (Tag)	用于命名要使用的单个标记条件。
值 (Value)	定义标记条件的单位数值。
单位 (Unit)	一个下拉列表，用于定义待标记条件的单位。第一个单位 (Unit) 总是基于分子量（bp 或 nt）；对于第二个单位 (Unit) 标准，有四个次要标记选项： • bp（分子量） • ng/μL（浓度） • nmol/L（浓度） • RFU（相对荧光强度单位）
范围 (Range)	定义在应用标记条件时使用的数值范围。该字段左侧的下拉菜单确定要应用的操作： • ±（将在所输入值的正负范围内进行标记） • >（超出范围时进行标记） • <（低于范围时进行标记） • =（等于范围时进行标记）

表 43 用于定义标记条件的输入标准 (Criteria Input) 设置

设置	描述
布尔运算 (Boolean Operation)	一个下拉列表，定义要应用于标记条件的布尔运算。提供五种应用选项 —: 不应用第二个标记条件。 - 与 (AND): 第一个和第二个标记条件都必须为真 - 或 (OR): 第一个或第二个标记条件必须为真 - 与非 (AND NOT): 第一个标记条件必须为真，且第二个标记条件不能为真 - 或非 (NOR): 第一个和第二个标记条件都不能为真 在标记条件的末尾添加布尔运算符，可以再继续输入标记条件，从而实现复杂的组合。
接受 (Accept)	接受为单个孔定义的标记条件
加载 (Load)	加载一组单独的标记条件 (*.template)。注意，可以将多个单独的标记条件应用于同一个孔。 例如：仅 200 bp；300 bp 与 500 bp；仅 600 bp。
保存 (Save)	保存单个标记条件 (*.template)。注意，可以将多个单独的标记条件应用于同一个孔。 例如：仅 200 bp；300 bp 与 500 bp；仅 600 bp。
取消 (Cancel)	取消输入的任何信息并关闭窗口。

设置单个参数 — 包含区域

包含区域 (Inclusion Region) 选项卡使用户可以定义多达四个分子量范围（图 56）。仅显示位于定义范围内的峰（不包括 Marker）。包含区域 (Inclusion Region) 会影响界面显示、PDF 报告和导出的数据。表 44 介绍了全局配置 (Global Configuration) 对话框中未显示的其他设置。

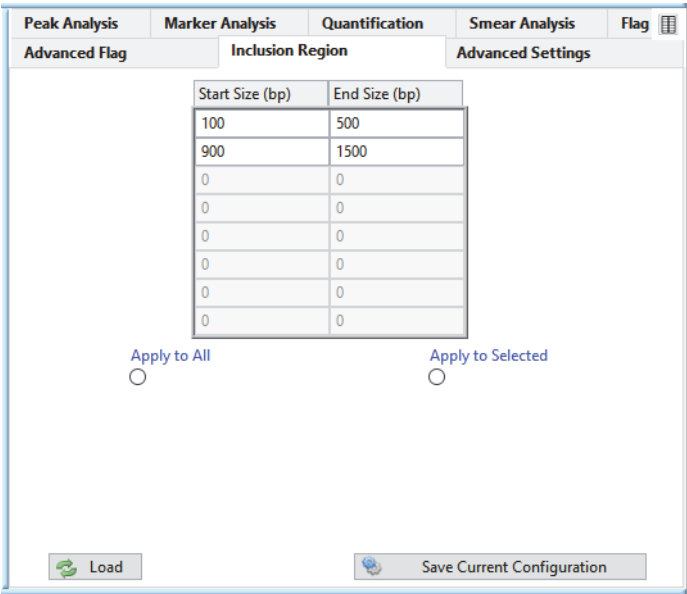


图 56 设置单个参数 (Set Individual Parameters) 对话框中的包含区域 (Inclusion Region) 选项卡

表 44 包含区域 (Inclusion Region) 选项卡中的其他设置

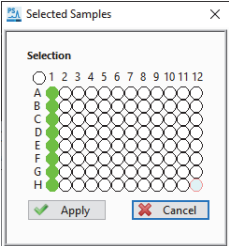
设置	描述
全部应用 (Apply to All)	仅包含区域 (Inclusion Region) 选项卡的所有当前设置将应用于加载的数据文件的所有样品。如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 
注: 仅可在希望将包含区域 (Inclusion Region) 选项卡的所有设置应用于所有样品时，才选择此选项。之前对数据文件样品所做的任何更改都将被覆盖。	

表 44 包含区域 (Inclusion Region) 选项卡中的其他设置

设置	描述
应用于所选样品 (Apply to Selected Samples)	仅将包含区域 (Inclusion Region) 选项卡的所有当前设置应用于用户指定的样品板孔。将显示所选样品 (Selected Samples) 孔板分布图菜单，用于选择要应用设置的样品板孔。选择所需的孔、行或列，然后单击确定 (OK) 以应用；单击取消 (Cancel) 则中止操作。 如果是在参比 ladder 孔中应用这些设置，则所有样品和参比 ladder 都将被更新；如果是在某个样品孔中应用这些设置，则所有样品孔将被更新，而参比 ladder 不会被更新。 注：仅可在希望将包含区域 (Inclusion Region) 选项卡的所有设置应用于所选的一组样品时，才选择此选项。之前对数据文件所选样品所做的任何更改都将被覆盖。

5

ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面

分子量校准简介 129

加载分子量校准曲线 130

查看并导出分子量校准（文件打开）136

识别并纠正不正确的分子量校准 141

本章介绍了分子量校准 (Size Calibration) 界面（也称为校准曲线界面）。校准曲线界面用于选择未知样品峰/弥散条带分子量的校准条件。

分子量校准简介

在 ProSize 软件中，用户可以通过在样品板的孔中运行 DNA 或 RNA ladder（推荐），或者通过导入之前计算并导出的分子量校准文件（*.scal 扩展名）来校准样品片段的分子量。

注意

如果在 ProSize 中使用导入的分子量校准，则所分析的数据和导入的校准都需要使用相同的分离凝胶、毛细管阵列尺寸、进样/运行电压以及 Lower/Upper Marker，以尽可能提高分子量测定准确度。

为了正确校准分子量，ladder 必须在样品所使用的 Lower/Upper Marker 确定的范围内。在某些情况下，Lower 或 Upper Marker 可能与 ladder 峰共迁移；这对于分子量校准而言可以接受。一些应用试剂盒（例如 RNA 和基因组 DNA 试剂盒）仅使用 Lower Marker；因此，仅使用 Lower Marker 与相应的 DNA 或 RNA ladder 进行比较，从而对数据进行归一化。

在分析其余样品之前，需要确保含有分子量校准 ladder 的样品已正确积分所有 ladder 片段，且没有其他峰积分。

以下章节介绍了如何在校准曲线界面进行加载、编辑和导入/导出，以及如何识别和纠正校准不当的数据文件。

加载分子量校准曲线

校准曲线可以通过两种方法定义：

A: 在第一次打开未处理的数据文件并且未找到匹配配置时，会显示**全局配置** (Global Configuration) 对话框，如图 57 所示。这是定义校准曲线最常用的方法。

注意

在大多数情况下，当处理从不同的安捷伦试剂盒采集的数据时，可以加载经过预定义和优化的全局配置文件。根据特定的试剂盒编号对配置文件进行了标记，例如 **DNF-910 Kit - Fragment Analyzer.ini**。可根据需要从安捷伦获取这些配置文件。预加载的配置文件位于 C:\ProSize data analysis software\Configurations 文件夹中。

B: 打开文件后，随时可以通过在主界面上选择  或导航至分析 > 显示分子量校准 (Analysis > Show Size Calibration) 来查看**校准曲线** (Calibration Curve) 界面。

全局配置 (Global Configuration) 对话框中的**分子量校准** (Size Calibration) 选项卡如图 57 所示；表 45 对这些设置进行了介绍。

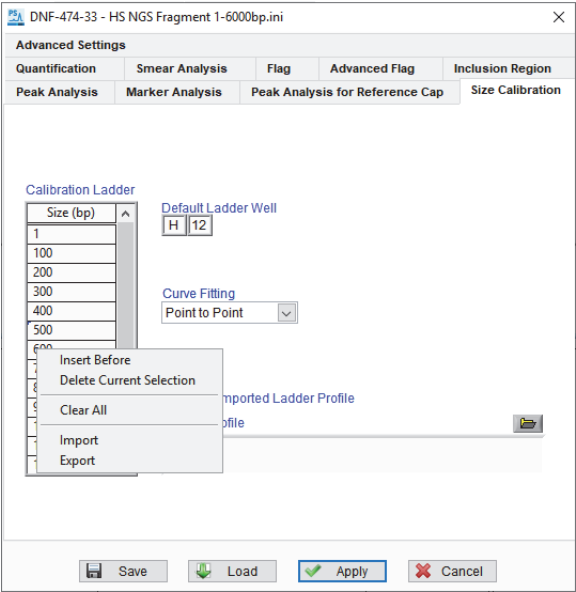


图 57 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的分子量校准 (Size Calibration) 选项卡

表 45 分子量校准 (Size Calibration) 设置

设置	描述
校准分子量标准品 (Calibration Ladder)	以表格形式列出了 calibration ladder 中包含的 DNA/RNA 片段的分子量。将每个片段（包括 Lower/Upper Marker）的分子量直接输入表格或使用显示菜单（在校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 表中右键单击）进行导入。
校准分子量标准品 > 之前插入 (Calibration Ladder > Insert Before)	在 calibration ladder 表中当前所选的单元格上方插入一个空白单元格。 注：单击相应的表格单元格以使用此选项。
校准分子量标准品 > 删除当前选择 (Calibration Ladder > Delete Current Selection)	删除 calibration ladder 表中当前所选的单元格。注：单击相应的表格单元格以使用此选项。
校准分子量标准品 > 全部清除 (Calibration Ladder > Clear All)	删除 calibration ladder 表中的所有单元格。

表 45 分子量校准 (Size Calibration) 设置

设置	描述
校准分子量标准品 > 导入 (Calibration Ladder > Import)	导入之前导出并保存的 ladder 信息文件。选中此选项后，将打开文件浏览器菜单，用于导航并选择所需的文件 (*.txt 扩展名)。ladder 信息文件位于 C:\ProSize data analysis software\Ladders 文件夹中。
校准分子量标准品 > 导出 (Calibration Ladder > Export)	导出当前的 ladder 表信息 (*.txt 扩展名)。选中此选项后，将打开文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并以所需的文件名进行保存。在导出 ladder 信息文件时，强烈建议将创建的文件保存到位于 C:\ProSize data analysis software\Ladders 文件夹中的公共目录。
默认的分子量标准品孔 (Default Ladder Well)	定义包含分子量校准 ladder 的样品板孔。从下拉列表中选择包含分子量校准 ladder 的相应行 (A-H) 和列 (1-12) 位置。
曲线拟合 (Curve Fitting)	• 点到点 (Point to Point) 使用点到点 (Point to Point) (推荐) 拟合分子量 (Size) (bp 或 nt) 与时间 (Time) (s) 的分子量校准曲线，在曲线的各点之间绘制一条直线。 • 多项式 (Polynomial) 使用多项式拟合分子量 (Size) (bp 或 nt) 与时间 (Time) (s) 的分子量校准曲线。在顺序 (Order) 字段中输入序号值 (3-5)。
使用导入的分子量标准品曲线 (Use Imported Ladder Profile)	导入之前导出的分子量校准文件 (*.scal 扩展名)，用于分子量校准。
分子量标准品曲线 (Ladder Profile)	显示导入的分子量校准文件的文件路径。单击  加载导入的文件。将打开文件浏览器菜单，用于导航并选择所需的文件 (*.scal 扩展名)。 注：在导入分子量校准文件时，应使用相同的条件（分离凝胶、毛细管阵列长度、Lower/Upper Marker、CE 分离电压）。分析条件与导入条件之间的差异将影响分子量测定的准确度。

定义 calibration ladder

DNA/RNA ladder（包括 Lower/Upper Marker）中包含的每个片段的分子量列于**校准分子量标准品 (Calibration Ladder)** 表中（见图 57）。可以直接在表格中输入值，也可以使用显示菜单（在表格中右键单击）的**导入 (Import)** 命令。表 45 介绍了显示菜单的命令，包括插入或删除片段、清除所有条目以及导入或导出 ladder 信息文件（*.txt 扩展名）。

注意

在大多数情况下，可以使用针对不同的安捷伦试剂盒优化的预定义 ladder 信息文件，并作为全局配置 (Global Configuration) 的一部分加载。根据特定的试剂盒编号对 ladder 文件进行了标记，例如 **DNF-910-33 - 35-1500bp.txt**。可根据需要从安捷伦获取这些 ladder 文件。预加载的 ladder 文件位于 C:\ProSize data analysis software\Ladders 文件夹中。

定义默认的 ladder 孔

如果样品板中包含 ladder，则用于 ladder 的样品孔显示于**默认的分子量标准品孔 (Default Ladder Well)** 字段中（见图 57，表 45）。单击该字段，从下拉列表中选择包含分子量测定标准品的孔对应的孔行（A、B 等）和孔列（1、2、3 等）。在处理 12 规格毛细管数据时，只有孔列字段 (1-12) 可选。

定义曲线拟合

曲线拟合 (Curve Fitting) 下拉菜单可用于定义分子量校准曲线的拟合方式 — **点到点 (Point to Point)** 或**多项式拟合 (Polynomial Fit)**（三阶到五阶）（见图 57，表 45）。

注意

在拟合分子量校准曲线时，强烈建议使用点到点 (Point to Point)。所有标准方法均使用此设置。

使用导入的 ladder

如需使用之前导出的分子量校准设置，请选择**使用导入的分子量标准品 (Use Imported Ladder)**（见图 57）。如需导入您的文件，请选择 。将打开文件浏览器菜单，用于导航并选择所需的文件（*.scal 扩展名）（图 57，表 45）。

参比毛细管峰分析

将默认的 ladder 孔视为“参比毛细管”。在加载配置时（例如对于未处理的文件），注意将出现一个名为**参比毛细管峰分析** (Peak Analysis for Reference Cap) 的单独选项卡（图 58）。您可以通过该选项卡输入独立的峰设置，通过对比样品峰来正确识别 DNA/RNA ladder 峰，如表 46 中所述。

关于这些设置的更多信息，请参见第 4 章，“ProSize 配置”。在加载或编辑全局配置的设置时，通过正确设置这些参数来确保正确选择用于分子量校准的 ladder 峰非常重要。

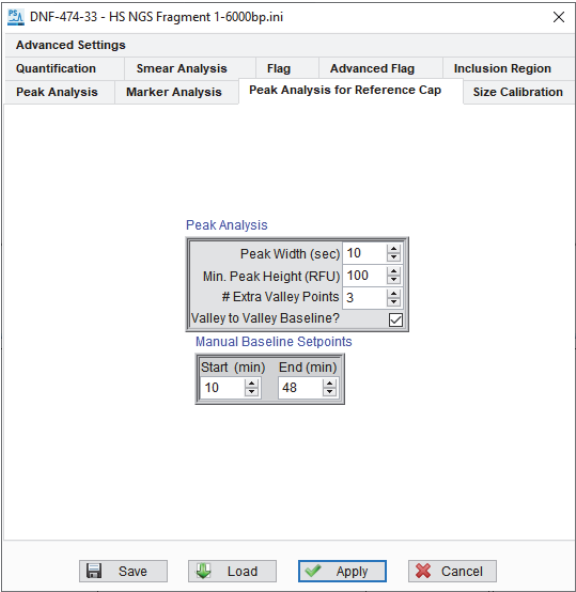


图 58 全局配置 (Global Configuration) 对话框中的参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 选项卡

表 46 参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 配置设置

设置	描述
峰分析 (Peak Analysis)	
峰宽 (s) (Peak Width (sec))	定义用于峰检测的峰宽阈值，以秒为单位。较高的设定值可以更好地定义宽峰的起点/终点；而较低的设定值则可以更好地定义尖峰的起点/终点。对于 DNA/RNA ladder，典型范围为 3–5。

表 46 参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 配置设置

设置	描述
最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU))	定义最低峰高阈值 (RFU)，用于选择要积分的峰。低于设定值的峰不会被选择用于积分。
# 额外的峰谷点 (# Extra Valley Points)	此设置会影响峰的基线积分起点/终点以及峰之间绘制的基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果设定值较大，将在第一个峰的起点和第二个峰的终点之间绘制一条更直的基线；如果设定值较小，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。 注：需要启用峰谷到峰谷基线？ (Valley to Valley Baseline?) 设置才能激活此功能。 DNA ladder 通常设置为 3；对于 RNA ladder，通常设置为 0。
峰谷到峰谷基线？ (Valley to Valley Baseline?)	此设置会影响峰的基线积分起点/终点以及峰之间绘制的基线。此设置主要会影响未实现基线分离的两个峰之间的基线。如果禁用此设置，将在第一个峰起点和第二个峰终点之间绘制一条更直的基线。如果启用此设置，则基线更多地绘制到两个未分离峰之间的“峰谷”。 对于 DNA ladder，通常启用此设置，对于 RNA ladder 通常则禁用此设置。

在选择合适的校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 片段、默认分子量标准品孔 (Default Ladder Well) 和曲线拟合 (Curve Fitting) 算法（或导入之前的校准）并加载正确的参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 设置以及其他配置设置后，该文件将加载到 ProSize 软件中。

查看并导出分子量校准（文件打开）

将数据文件加载到 ProSize 软件中后，如果样品板中包含分子量校准 ladder，其孔位
将用浅蓝色标记（图 59，H12 孔用蓝色圆圈突出显示）。如需查看 ladder 孔，请
单击孔板分布图中的相应孔。

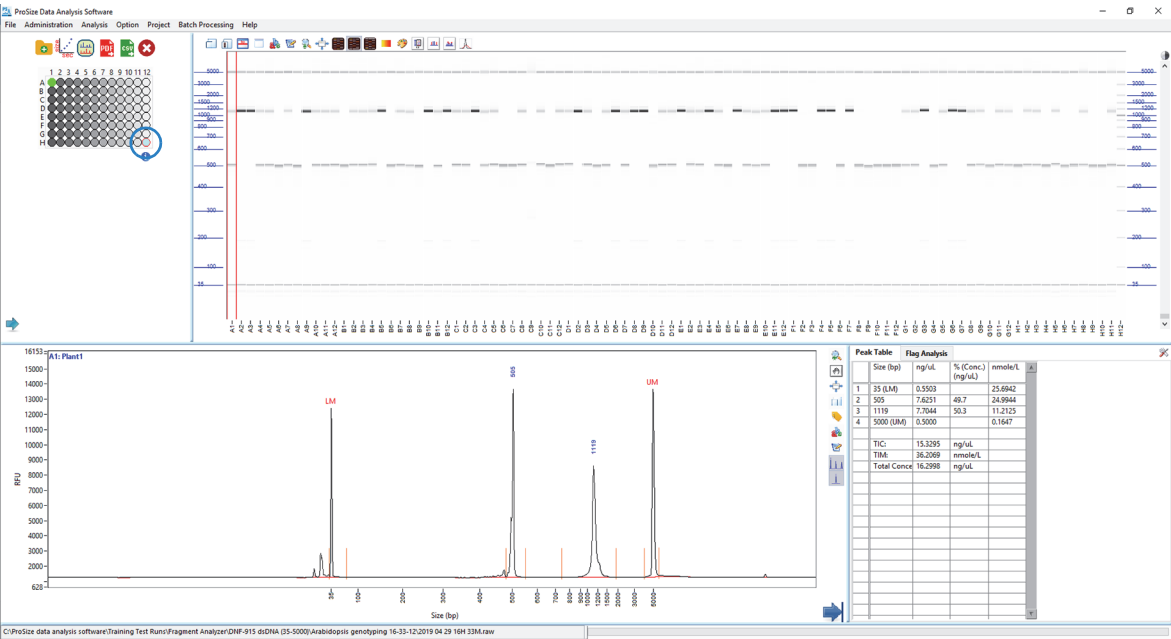


图 59 主界面：在孔板分布图中分子量校准孔 H12 标记为蓝色（蓝色圆圈突出显示参比毛细管的位置）。
注：ladder 选择正确（无错误提示）

如果参比孔中积分峰的数量与**校准分子量标准品** (Calibration Ladder) 表中片段的数量相匹配，则将使用所选的**曲线拟合** (Curve Fitting) 算法拟合分子量校准曲线，并报告每个样品的相应计算分子量。ProSize 软件的底部任务栏将显示文件路径，不会显示任何错误（图 59）。

注意

在处理或导出数据之前，通常建议检查分子量校准孔以及校准曲线界面，确保正确选择所需的片段/Marker。

如需从 ProSize 软件的主界面查看分子量校准曲线，可在主界面中单击 ，或导航至分析 > 显示分子量校准 (Analysis > Show Size Calibration)。将显示校准曲线界面 (图 60)。

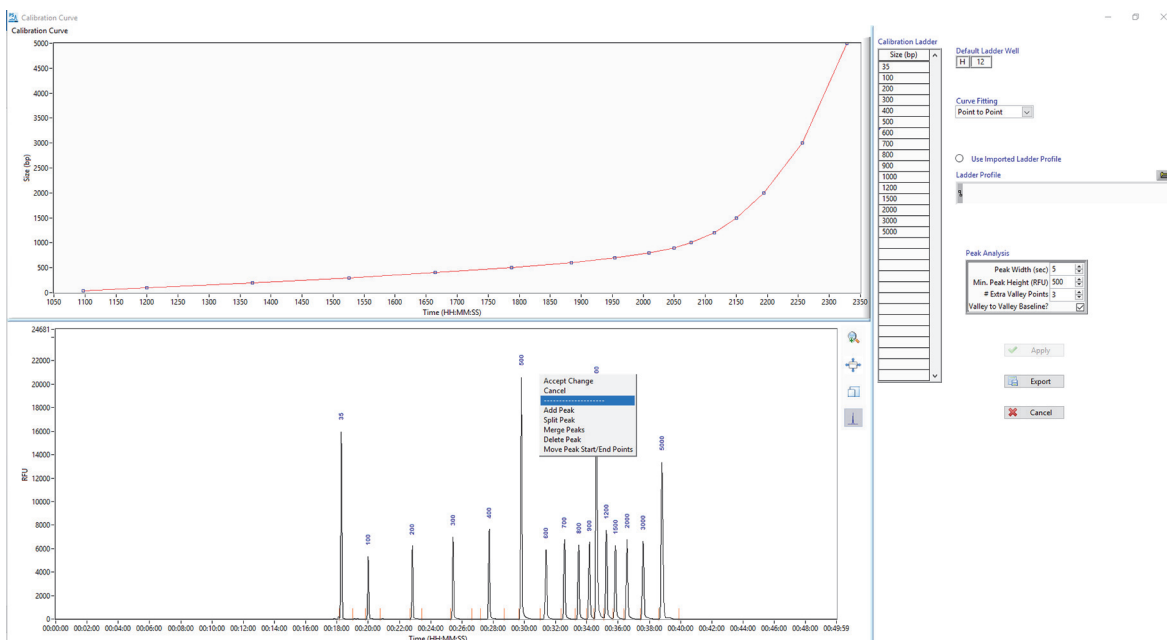


图 60 校准曲线 (Calibration Curve) 界面，显示了正确选择的分子量校准 ladder

分子量校准曲线是时间 (Time) 与分子量 (Size) 的关系图，位于左上角。正确拟合表现为红色拟合线尽可能紧密地穿过每个蓝色数据点。在大多数情况下，点点到点 (Point to Point) 算法可提供数据的最佳拟合。但在某些情况下，多项式算法 (Polynomial algorithm) 在高分子量区域中可以提供更平滑、连续的拟合。

此界面中的功能与全局配置 (Global Configuration) 对话框中的分子量校准 (Size Calibration) 和参比毛细管峰分析 (Peak Analysis for Reference Cap) 选项卡中的功能相同 (图 57 和图 58)。

- 表 45 介绍了校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 表及其显示菜单功能，以及默认分子量标准品孔 (Default Ladder Well)、曲线拟合 (Curve Fitting) 和使用导入的分子量标准品曲线 (Use Imported Ladder Profile) 功能
- 使用峰分析 (Peak Analysis) 面板可以调整 calibration ladder 的峰积分设置；这些功能与表 46 中总结的功能相同

ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面
查看并导出分子量校准（文件打开）

校准曲线界面还会显示 calibration ladder 孔的电泳峰图（底部）。您可以通过曲线的工具栏放大、自动缩放、复制或查看每个峰的起点/终点，如表 47 所述。您可以通过电泳峰图 (Electropherogram Trace) 显示菜单中的功能，根据需要修改和调整所选参比孔中选择的峰，以匹配校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 表中的分子量（表 47）。

通过选择导出 (Export)，您可以导出当前查看的分子量校准。

表 47 校准曲线 (Calibration Curve) 界面的其他功能

项目	描述
应用 (Apply)	应用当前的分子量校准设置并退出 ProSize 软件的主界面。从最初打开校准曲线 (Calibration Curve) 界面开始所做的任何更改都将应用于数据。
导出 (Export)	导出当前的分子量校准 (size calibration) 设置和拟合的电泳峰图/曲线，这些数据可以导入其他所生成的类似数据文件 (*.scal 扩展名)。将打开文件浏览器菜单，用于导航到所需的位置并以所需的文件名进行保存。
取消 (Cancel)	关闭校准曲线 (Calibration Curve) 界面并退出 ProSize 软件的主界面。从最初打开校准曲线 (Calibration Curve) 界面开始所做的任何更改都不会应用于数据。
缩放 	可以放大电泳峰图 (Electropherogram Trace) 的任何部分。如需放大，单击图标并将鼠标光标放在所需的起始位置上方；单击并将光标 (cursor) 拖动到所需位置，然后松开鼠标按钮。
自动拟合 	用于自动缩放电泳峰图 (Electropherogram Trace) 的 x/y 轴视图。
复制 	将电泳峰图 (Electropherogram Trace) 复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。
显示峰开始/结束边缘 	通过切换来显示或隐藏用于峰积分的起点和终点（显示为垂直橙色线）。 显示峰积分的起点/终点有助于确定是否需要对接峰积分进行调整，从而更好地确定实际峰面积。用户可以通过调节峰宽（秒） (Peak Width (sec))，或使用电泳峰图 (Electropherogram Trace) 的显示菜单（例如分裂峰 (Split Peak) 或移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）来更改峰的起点/终点。

表 47 校准曲线 (Calibration Curve) 界面的其他功能

项目	描述
接受更改 (Accept Change)	接受对峰积分的任意手动修改（添加峰 (Add Peak)、分裂峰 (Split Peak)、合并峰 (Merge Peaks)、删除峰 (Delete Peak)、移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）。手动修改完成后，右键单击电泳峰图 (Electropherogram)，并选择接受更改 (Accept Change)。
取消 (Cancel)	取消对峰积分的任意手动修改（添加峰 (Add Peak)、分裂峰 (Split Peak)、合并峰 (Merge Peaks)、删除峰 (Delete Peak)、移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)）。进行手动修改后，右键单击电泳峰图 (Electropherogram)，并选择取消 (Cancel)。
添加峰 (Add Peak)	手动添加尚未通过峰分析 (Peak Analysis) 设置自动积分的峰，并定义积分的起点和终点。 放大要添加峰的区域。右键单击该区域并选择添加峰 (Add Peak)。将出现两个红色的垂直光标 (cursor)：左侧光标 (cursor) 定义新的峰起点，右侧光标 (cursor) 定义新的峰终点。将每个光标 (cursor) 拖到所需的位置，然后右键单击并选择接受更改 (Accept Change)，添加峰进行积分。 注：添加峰 (Add Peak) 功能不会添加位于 Lower/Upper Marker 窗口之外的峰（如果仅使用 Lower Marker，则不会添加 Lower Marker 之前的峰）。
分裂峰 (Split Peak)	将当前积分的峰手动分裂为两个峰，并确定分裂的位置。 放大要分裂峰的区域。右键单击该区域并选择分裂峰 (Split Peak)。将出现红色的垂直光标 (cursor)。将光标 (cursor) 拖到所需的位置，然后右键单击并选择接受更改 (Accept Change)，将峰分裂为两个峰进行积分。
合并峰 (Merge Peaks)	将任意数量的峰合并，并作为一个峰进行积分。 放大要合并峰的区域。右键单击该区域并选择合并峰 (Merge Peaks)。将出现两个红色的垂直光标 (cursor)：左侧光标 (cursor) 定义要合并的最左侧峰，右侧光标 (cursor) 定义要合并的最右侧峰。在峰的起点/终点区域内拖动光标 (cursor) 进行合并，然后右键单击并选择接受更改 (Accept Change)，将多个峰合并为单个峰进行积分。

表 47 校准曲线 (Calibration Curve) 界面的其他功能

项目	描述
删除峰 (Delete Peak)	手动删除已积分的峰。 放大要删除峰的区域。右键单击该区域并选择删除峰 (Delete Peak)。将出现红色的垂直光标 (cursor)。将光标 (cursor) 拖到所需的峰位置，然后右键单击并选择接受更改 (Accept Change)，将峰从积分中删除。
移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)	更改当前定位的峰积分起点/终点。 放大该峰所在的区域。将光标 (cursor) 放在积分起点和终点之间。右键单击并选择移动峰起点/终点 (Move Peak Start/End Points)。在当前的起点/终点处将出现两个红色的垂直光标 (cursor)。将光标 (cursor) 拖到所需的位置，然后右键单击并选择接受更改 (Accept Change)，应用新的起点/终点位置，对峰进行重新积分。 注：该功能不会改变基线；只有起点和终点会受到影响。要更改基线，用户必须通过峰宽（秒） (Peak Width (sec))、峰谷间距 (Valley to Valley) 或 手动基线设定点 (Manual Baseline Setpoints) 工具进行调整。

识别并纠正不正确的分子量校准

在执行分子量校准时，ProSize 软件将尝试将分子量校准孔中的积分峰与**校准分子量标准品 (Calibration Ladder)**表中所列的片段进行拟合。如果 ladder 孔中的积分峰数量与校准分子量标准品 (Calibration Ladder) 表中的片段数量不匹配（积分峰数量更多或更少），主界面底部将显示红色闪烁的错误消息：**警告：检出的峰与分子量标准品分配之间不匹配！未建立分子量校准曲线 (Warning: Mis-match between detected peaks and ladder assignment! No sizing calibration curve is established.)**。

图 61 和图 62 为积分峰少于校准片段的示例，图 63 和图 64 为积分峰过多的示例。在每种情况下，都需要在主界面配置选项卡或校准曲线界面中调整**峰分析 (Peak Analysis)** 设置，从而在分子量校准 ladder 孔（包括 Lower/Upper Marker）中选择适当的峰数量，实现正确的分子量校准。选择适当数量的峰后，单击**应用 (Apply)** 按钮。然后，ProSize 软件的底部任务栏将显示文件路径，不会显示错误。



图 61 主界面上显示了未正确拟合的分子量校准（积分峰数量不够）。纠正方法：在**峰分析 (Peak Analysis)** 表中，降低最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU)) 阈值，对丢失的峰进行积分（蓝色圆圈）

ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面

识别并纠正不正确的分子量校准

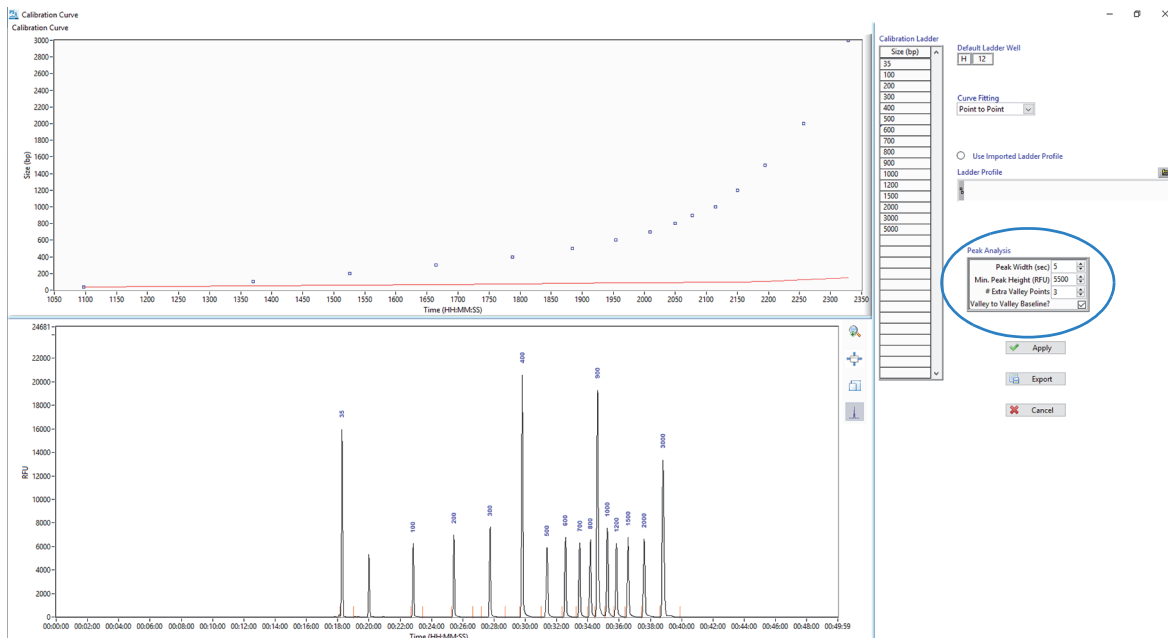


图 62 校准曲线 (Calibration Curve) 界面，显示了来自图 61 的未正确拟合的分子量校准

ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面
识别并纠正不正确的分子量校准



图 63 主界面上显示了未正确拟合的分子量校准（积分峰数量过多，蓝色圆圈）。纠正方法：增大最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU)) 阈值，减少进行积分的峰

ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面

识别并纠正不正确的分子量校准

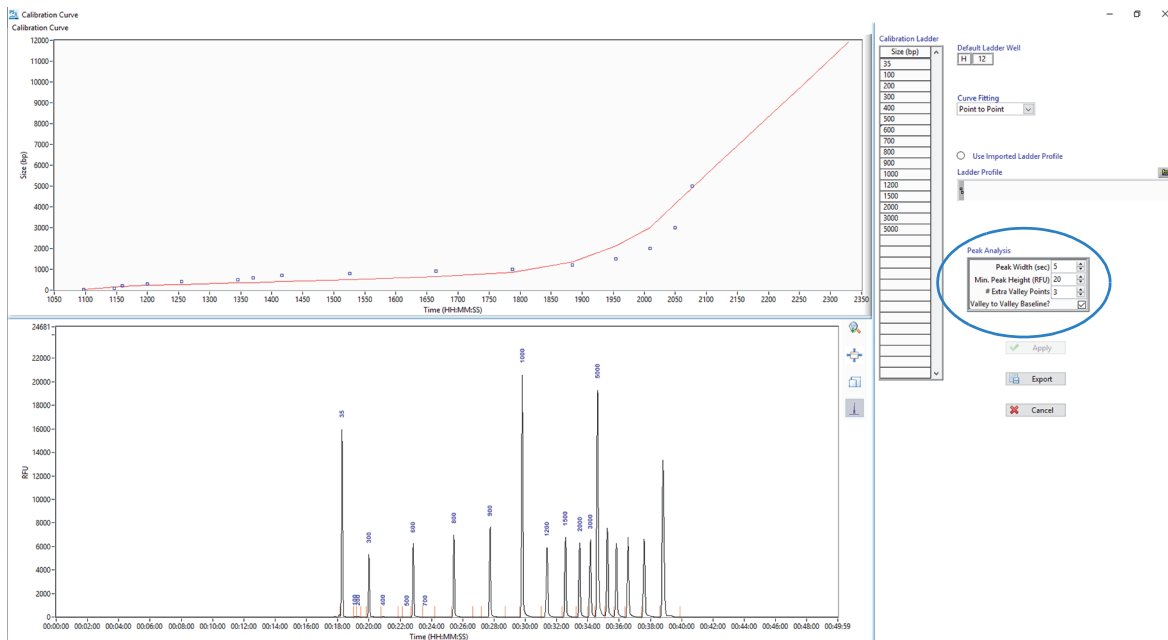


图 64 校准曲线 (Calibration Curve) 界面，显示了来自图 63 的未正确拟合的分子量校准

6

ProSize 叠加样品

叠加选项 146

快速叠加 146

叠加样品界面 147

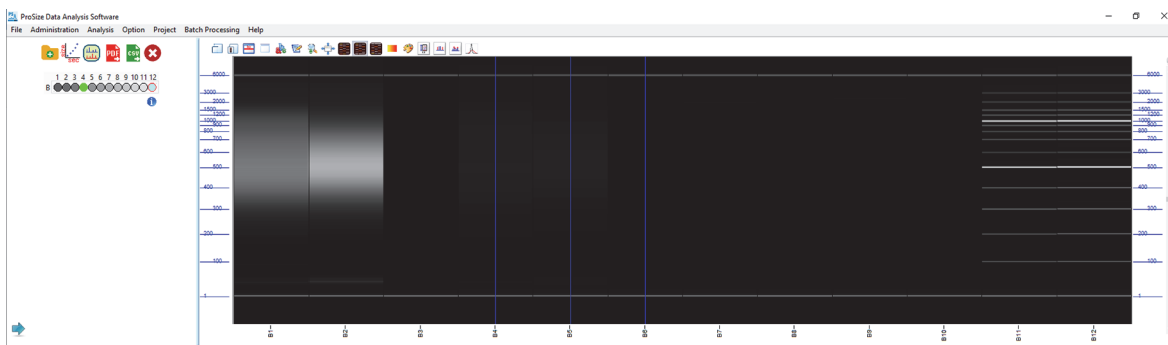
本章介绍了在 ProSize 软件中比较样品的可用方法。

叠加选项

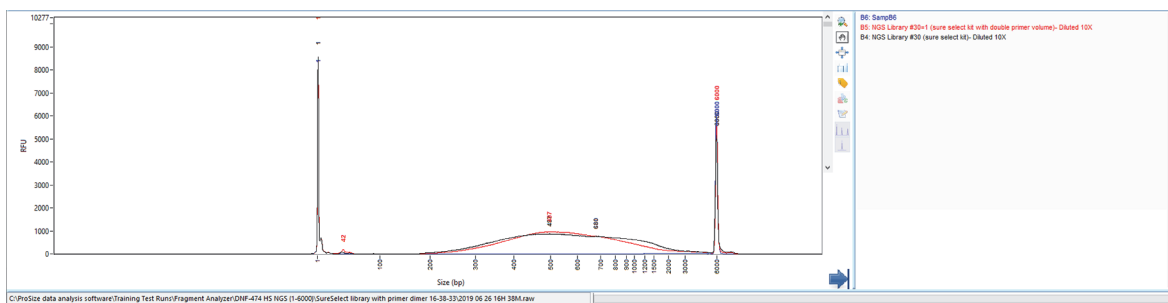
提供两种用于比较样品的选项：**快速叠加** (Quick Overlay) 和 **叠加样品** (Overlay Samples) 界面。

快速叠加

- 1 在胶图上右键单击要叠加的样品



电泳峰图区域显示叠加图像。



- 2 确保选择所需的**归一化** (Normalize) 图标（例如使用 **Lower Marker** 归一化 (Normalize to Lower Marker)），准确呈现样品之间的比较结果
- 3 如需结束**快速叠加** (Quick Overlay) 视图，请双击胶图的任意泳道

叠加样品界面

叠加样品 (Overlay Samples) 界面用于在数字化胶图和电泳峰图视图中，对从当前打开的数据文件和可选的其他数据文件（当使用相同的 Marker 和实验条件时）中选择的样品进行叠加并生成比较结果，以及生成叠加数据的报告。

叠加样品 (Overlay Samples) 界面打开后，将处理所有结果并保存为项目 (Projects)。在导出数据或生成 .pdf 报告之前，必须将叠加图的结果保存为项目 (Projects)。通过菜单项目 (Projects) 选项卡可以打开之前保存的项目。

以下章节介绍了如何从叠加样品 (Overlay Samples) 界面打开、选择要叠加的数据，调整/标注叠加数据，打开其他的数据文件以及复制/导出信息。

打开叠加样品 (Overlay Samples) 界面

- 1 如需从主界面查看叠加样品 (Overlay Samples) 界面，请选择  或导航至分析 > 叠加样品 (Analysis > Overlay Samples)

显示 *叠加样品* (Overlay Samples) 界面（图 65）。表 48 总结了顶部菜单栏的功能。



图 65 叠加样品 (Overlay Samples) 界面（未选择样品）

表 48 叠加界面 (Overlay Screen) 顶部菜单功能

菜单项	描述
项目...加载 (Project...Load)	打开之前保存的叠加项目。
项目...保存 (Project...Save)	保存当前叠加的项目。 注：用户必须保存一个叠加项目后，导出或“生成报告”图标才会激活。
项目...另存为 (Project...Save As)	将叠加项目另存一份，而不替换原本的项目。 注：用户必须保存一个叠加项目后，导出或“生成报告”图标才会激活后。
项目...创建 (Project...Create)	创建新的叠加项目。这将重新打开叠加文件，并出现空白界面。
查看数据文件 (View Data File)	暂时退出叠加界面以查看数据文件。如需返回叠加界面，请选择项目...返回项目 (Project...Return to Project)。

表 49 总结了在打开任何样品孔之前界面中可用的功能。在左上角可以看到一个孔板分布图 (Plate Map) 菜单，用于选择要叠加的样品；样品文件名列于菜单顶部。

表 49 叠加样品 (Overlay Samples) 界面功能（未选择样品）

菜单项	描述
打开文件 	选中后，将打开一个文件浏览器窗口，用于找到并打开其他的原始数据文件（*.raw 扩展名），以便与当前打开的数据文件进行数据分析比较。 注：如果要在叠加样品 (Overlay Samples) 界面中打开多个文件进行比较，为了获得有意义的比较结果，打开的其他文件应该： • 提前在 ProSize 软件中进行处理（即选择 Marker、校准分子量） • 必须使用相同的 Lower/Upper Marker • 必须使用相似的实验条件（分离凝胶、阵列长度、分离电压）
退出叠加样品 	关闭 叠加样品 (Overlay Samples) 界面并返回 ProSize 软件的主界面。
默认布局 	在同一窗口中使用电泳峰图和数字化胶图显示“样品叠加”（图 68）。
图像布局 	仅使用数字化胶图窗口显示“样品叠加”（图 69）。
曲线布局 	仅使用电泳峰图窗口显示“样品叠加”（图 70）。

表 49 叠加样品 (Overlay Samples) 界面功能 （未选择样品）

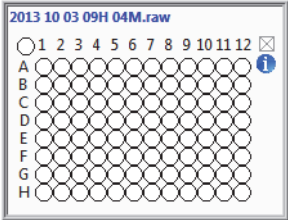
菜单项	描述
生成报告 	生成叠加样品 (Overlay Samples) 的 PDF 报告（见图 71）。将对每个文件进行颜色标记。第 8 章, “从 ProSize 生成报告” 对报告选项进行了详细介绍。数据将按分离进行颜色标记。注：必须先保存项目，然后程序才能生成报告。
导出数据 	从叠加样品 (Overlay Samples) 导出数据（见图 72）。第 7 章, “从 ProSize 导出数据” 对导出选项进行了详细介绍。数据将按分离进行颜色标记。 注：必须先保存项目，然后程序才能导出数据。
孔板分布图	用于选择样品孔进行比较。 如需选择样品孔，请单击要添加进行叠加的孔；再次单击则可以移除（按任意顺序）。如需添加/移除列，请单击相应的列序号（1、2 等）。如需添加/移除行，请单击相应的行字母编号（A、B 等）。如需选择/移除孔板的所有孔，请选择孔板左上角的孔。样品文件名将显示于孔板分布图 (Plate Map) 上方。 

表 49 叠加样品 (Overlay Samples) 界面功能 （未选择样品）

菜单项	描述
-----	----

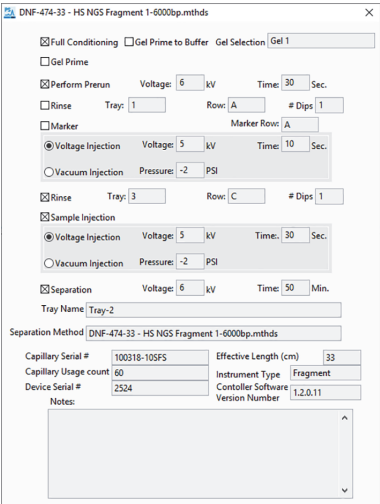
样品 ID 导航 

选中后，将弹出**样品 ID (Sample ID)** 列表（下图），使用户能够通过之前输入仪器软件的样品 ID 选择要叠加的样品。
如需选择样品，请单击样品名称；将突出显示相应的孔。如需移除孔，请再次单击。如需清除所有孔，请右键单击并选择**全部清除 (Clear All)**。如需关闭**样品 ID (Sample ID)** 导航，请单击面板右下方的箭头。



信息 

选中后，将打开一个窗口，显示仪器软件用户界面并包含实验信息和注释。



在叠加样品 (Overlay Samples) 界面选择样品孔后，它们在数字化胶图中按选择顺序从左到右显示，在电泳峰图视图中按选择顺序从下到上显示（图 66）。如果选择 24 个样品，样品 ID 将显示于胶图上方，如果选择的样品超过 24 个，则不会显示样品 ID。

在数字化胶图中，所选择的每个样品/泳道都在顶部标注了孔 ID 和样品名称；当前打开的数据文件标记为 (1)，代表第一个打开的文件。如果再打开其他数据文件，它们的样品/泳道将被标记为 (2)、(3) 等。数字化胶图的侧轴则用分子量标记，对应于分子量校准 ladder。在数字化胶图的右侧有一个滑动条，通过左键单击和拖动滑动条可以调整图像的强度/对比度。

在电泳峰图叠加图中，每个样品以不同的颜色显示，并在叠加图右侧按孔 ID 和样品名称进行了对应的颜色标注；当前打开的数据文件被标记为 (1)，代表第一个打开的文件。如果打开其他数据文件，它们的样品/泳道将被标记为 (2)、(3) 等。在曲线叠加图中，x 轴用分子量 (Size) 标记，y 轴用 RFU 标记。在电泳峰图叠加图的右侧有一个滑动条，通过左键单击和拖动滑动条可以调整曲线之间的垂直间距。

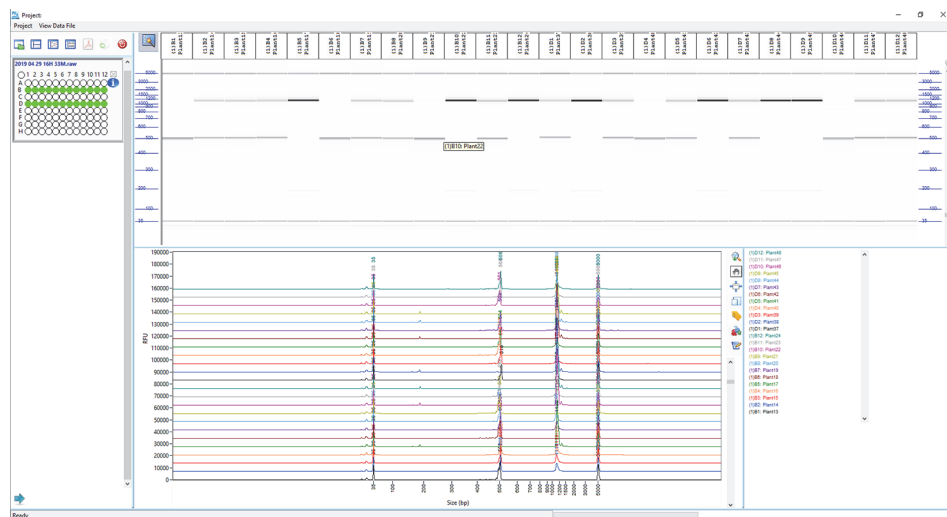


图 66 叠加样品 (Overlay Samples) 界面（选择了 24 个样品）

叠加样品界面中的显示、标注和导出选项

在叠加样品 (Overlay Samples) 界面中，可以使用工具栏功能对数字化胶图和电泳峰图叠加图进行显示调整、样品标注和结果导出。这些功能汇总于表 50。

如需访问数字化胶图叠加图的工具栏功能，请单击相应的图标（图 67）。对于电泳峰图叠加图，除了工具栏外，还提供显示菜单。

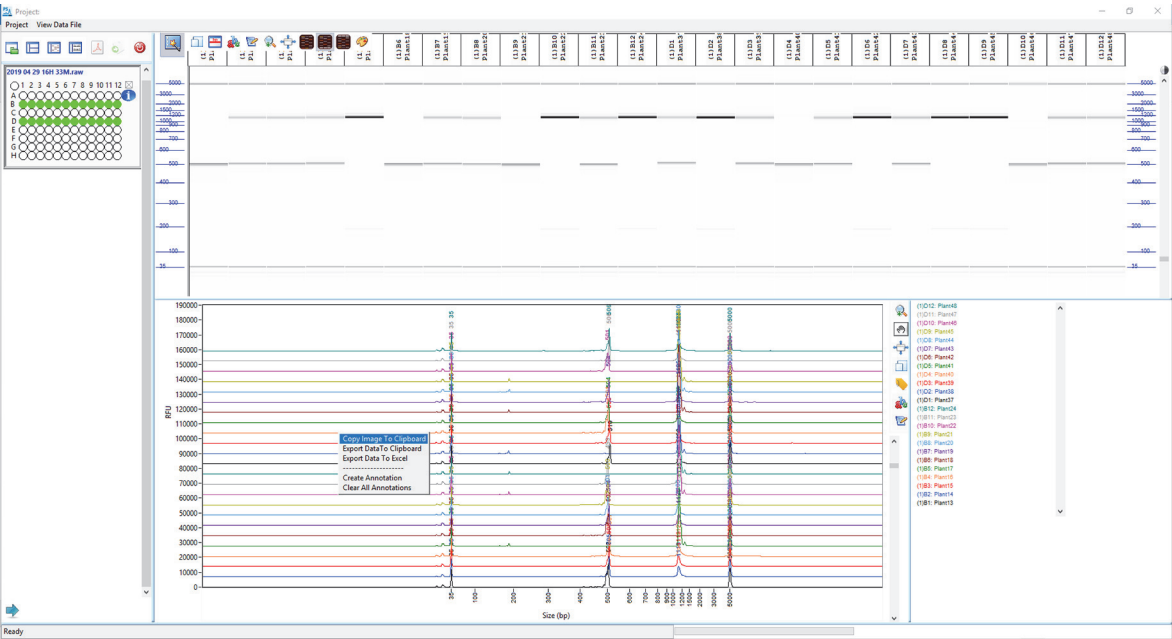


图 67 叠加样品 (Overlay Samples) 界面（数字化胶图工具栏和带显示菜单的电泳峰图）

表 50 叠加样品 (Overlay Samples) 工具栏和显示菜单命令（已选择样品）

菜单项	描述
数字化胶图工具栏	
复制完整胶图 	将当前 24 泳道的数字化胶图叠加图复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。任何缩放、图像归一化或注释都将复制到图像中。在复制的图像中，孔 ID 和样品名称将复制到每个泳道上方，y 轴对应于当前所选的分子量范围（从分子量校准 ladder 获得）。

表 50 叠加样品 (Overlay Samples) 工具栏和显示菜单命令 （已选择样品）

菜单项	描述
显示/隐藏光标 (cursor) 	在数字化胶图叠加图上显示水平线光标 (cursor)，使用对应于当前位置的分子量 (bp 或 nt) 进行标注。通过单击光标 (cursor) 并按住鼠标按钮，可以将光标 (cursor) 沿胶图拖动到任意位置。 当光标 (cursor) 处于活动状态并显示时，电泳峰图叠加图中会显示带分子量注释的类似垂直光标 (cursor)，其移动与胶图中的光标 (cursor) 移动相对应。 如需停用光标 (cursor)，请再次单击该图标。
缩放 	可以放大数字化图像叠加图的 y 轴（分子量）。 放大：将鼠标置于曲线上方，单击并向外拖动，展开一个方框，确定放大的区域。松开鼠标按钮以应用放大操作。放大后的图像可以复制到剪贴板。
自动拟合 	自动缩放当前所示的所有 24 个泳道的数字化胶图叠加图的 y 轴视图。自动缩放的图像将显示从所选的 Lower Marker 到 Upper Marker 的凝胶图，如果仅使用 Lower Marker，则为从 Lower Marker 到分离窗口末端的凝胶图。
自动强度调节 	用于自动调节数字化胶图叠加图的强度。从整个图像观察到的强度将反映各泳道实际观测到的荧光信号。
使用 Lower Marker 对强度进行归一化 	用于将数字化胶图叠加图每个泳道的 Lower Marker 强度归一化为相同值，相应地调整每个泳道中所有条带的相对强度。正如在使用 Lower Marker 计算样品浓度时所做的那样，使用 Lower Marker 对强度进行归一化后，从整个图像观察到的强度将反映各泳道的荧光信号。
使用 Upper Marker 对强度进行归一化 	用于将数字化胶图叠加图每个泳道的 Upper Marker 强度归一化为相同值，相应地调整每个泳道中所有条带的相对强度。正如在使用 Upper Marker 计算样品浓度时所做的那样，使用 Upper Marker 对强度进行归一化后，从整个图像观察到的强度将反映各泳道的荧光信号。
胶图颜色 	更改数字化胶图 (Digital Gel View)、叠加样品 (Overlay Samples) 界面以及导出或打印的任意报告中的胶图的配色方案。 胶图颜色选项： • 黑底白图（黑色背景，白色条带） • 白底黑图（白色背景，黑色条带） • 黑底绿图（黑色背景，绿色条带） • 黑底红图（黑色背景，红色条带） • 伪色（蓝色背景，绿色到红色条带）

表 50 叠加样品 (Overlay Samples) 工具栏和显示菜单命令 （已选择样品）

菜单项	描述
电泳峰图叠加图工具栏	
缩放 	可以放大电泳峰图的 x 轴和 y 轴。放大：将鼠标置于曲线上方，单击并向外拖动，展开一个方框，确定放大的区域。松开鼠标按钮以应用放大操作。放大后的图像可以复制到剪贴板。 在查看孔板分布图 (Plate Map) 中的其他样品时将保留该放大区域。如需撤消放大操作，请使用自动缩放 (Autoscale) 功能。
拖动 	可以拖动电泳峰图的 x 轴和 y 轴。如需拖动：将鼠标光标置于曲线上方，单击并向任意方向拖动，然后松开鼠标。
自动缩放 	用于自动缩放电泳峰图 x/y 轴显示。当使用时间刻度 (Time Scale) 和分子量刻度 (Size Scale) 显示模式时，自动缩放的图像将显示从分离开始到结束的完整曲线；当使用统一分子量刻度 (Uniform Size Scale) 时，自动缩放显示将从 0 bp 开始。 注：y 轴刻度将自动放大到检出的最高样品峰，而不考虑 Marker 峰高。如需查看包括 Marker 在内的整个 y 轴范围，请前往选项 (Option)，并选择自动缩放 (Autoscale) 作为显示模式 (Display Mode)。
复制 	将当前的电泳峰图视图复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。显示的任何缩放、注释、基线和/或峰起点/终点都将复制到图像中。在复制的图像中，孔 ID 和样品名称将复制到曲线左上角，x/y 轴对应于当前所选的视图。
单位 	显示用于更改电泳峰图峰注释的菜单。仅标注积分峰。 峰注释单位： • 无 • 峰归属（按 1、2.....顺序排列的标记） • 迁移时间（分:秒）原始迁移时间 • 峰高 (RFU) • 经校正的峰面积（峰面积/迁移时间） • 分子量（bp 或 nt） • 平均分子量（bp 或 nt） • 浓度 (ng/μL)

表 50 叠加样品 (Overlay Samples) 工具栏和显示菜单命令 （已选择样品）

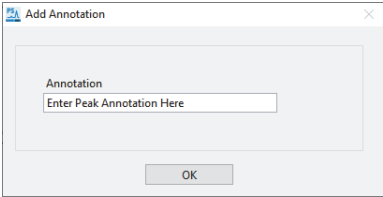
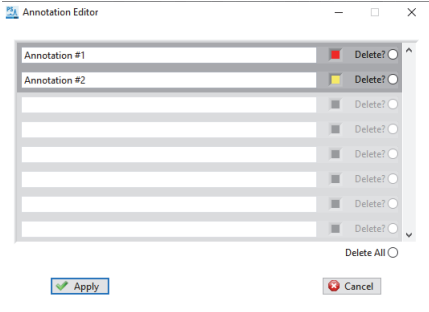
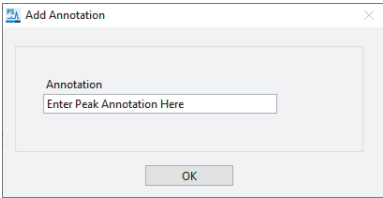
菜单项	描述
创建注释 	在电泳峰图显示中创建自定义注释。在添加注释 (Add Annotation) 对话框中，用户可以将所需的注释输入字段中。单击确定 (OK)，注释将显示在电泳峰图 (Electropherogram Trace) 窗口中。 The image shows a small dialog box titled "Add Annotation". It has a text input field with the placeholder text "Enter Peak Annotation Here". Below the input field is an "OK" button. 将注释移动到曲线上的所需位置：单击注释并将其拖动到所需位置。拖动时，在注释的另一端会出现一个箭头。 通过重复选择创建注释 (Create Annotation)，可以创建多个注释。使用复制 (Copy) 功能可以将创建的任何注释复制到剪贴板。
编辑注释 	打开注释编辑器 (Annotation Editor) 窗口。用户可以： • 通过在文本字段中输入信息以编辑注释文本 • 通过左键单击注释颜色进行更改 • 通过选择注释旁边的删除 (Delete) 以删除该注释，或者通过选择全部删除 (Delete All) 以删除所有注释 The image shows the "Annotation Editor" window. It contains a list of annotations, each with a text field and a "Delete?" button. The first two are "Annotation #1" and "Annotation #2". Below them are several empty rows. At the bottom, there are "Apply" and "Cancel" buttons, and a "Delete All" button. 选择应用 (Apply) 以确认您的设置。
电泳峰图叠加图显示菜单	
将图像复制到剪贴板 (Copy Image to Clipboard)	将当前的电泳峰图视图复制到剪贴板，以便粘贴到其他程序（例如 Microsoft PowerPoint）。显示的任何缩放、间距或注释都将复制到图像中。该功能的运行方式与复制 (Copy) 图标功能类似。

表 50 叠加样品 (Overlay Samples) 工具栏和显示菜单命令（已选择样品）

菜单项	描述
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	以 .csv 格式复制电泳峰图 x 数据（时间；以秒为单位，从 Lower Marker 开始）和 y 数据 (RFU)，这种格式的数据可以直接粘贴到 Microsoft Excel 等常用电子表格程序中。从左到右将 x 数据复制到文件的第一列，将 y 数据复制到第二列，粘贴时从最底部的样品开始。以图 0 为起点，按图 0、1、2.....依次对列进行标注。右键单击以显示显示菜单，然后选择将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard) 进行导出。然后打开电子表格，找到所需的单元格并粘贴到程序中；根据需要进行处理和保存。
将数据导出到 Excel (Export Data to Excel)	需要在计算机上安装 Microsoft Excel 才能正常运行该功能。选中后将自动打开 Microsoft Excel，并以 .csv 格式复制各个叠加的电泳峰图 x 数据（时间；以秒为单位，从 Lower Marker 开始）和 y 数据 (RFU)。从左到右将 x 数据复制到文件的第一列，将 y 数据复制到第二列，粘贴时从最底部的样品开始。以图 0 为起点，按图 0、1、2.....依次对列进行标注。右键单击以显示显示菜单，然后选择将数据导出到 Excel (Export Data to Excel) 进行导出。然后可以根据需要对文件进行处理和保存。
创建注释 (Create Annotation)	在电泳峰图显示中创建自定义注释。在添加注释 (Add Annotation) 对话框中，用户可以将所需的注释输入字段中。单击确定 (OK)，注释将显示在电泳峰图 (Electropherogram Trace) 窗口中。  将注释移动到曲线上的所需位置：单击注释并将其拖动到所需位置。拖动时，在注释的另一端会出现一个箭头。 通过重复选择创建注释 (Create Annotation)，可以创建多个注释。 使用复制 (Copy) 功能可以将创建的任何注释复制到剪贴板。
清除所有注释 (Clear All Annotations)	从电泳峰图叠加图中清除创建的注释。

在叠加样品界面中显示多个文件

使用 ProSize 中的叠加样品 (Overlay Samples) 界面，可以同时打开和比较多个不同的数据文件。

为了比较不同的数据集，在叠加多个文件时需要满足几个条件：

- 数据必须使用相同的分子量 Lower/Upper Marker 组合。对于 RNA 分析，应使用相同的 Lower Marker
- 在叠加样品 (Overlay Samples) 界面中打开的任何其他数据文件都应提前经过处理，正确选择数据的 Lower/Upper Marker 并正确执行分子量校准。不能对打开的比较文件进行额外的处理；只能调整强度/间距
- 理想情况下，两组数据的实验条件应该相同或相似，使用相同的分离凝胶、阵列长度、分离电压和/或检测类型（例如 NGS 试剂盒）

在叠加样品 (Overlay Samples) 界面中显示当前打开的数据文件时，选择  打开第二个数据文件。将显示一个文件浏览器菜单，用于找到并打开其他的原始数据文件 (*.raw 扩展名)。打开后，在原始文件下方将显示第二个数据文件的**孔板分布图** (Plate Map)，顶部带有文件名（[图 68](#)）。

与第一个打开的数据文件相同，将所有功能都应用于第二个打开的数据文件；如需在任意时间关闭第二个数据文件，请单击孔板分布图 (Plate Map) 右上角的 。

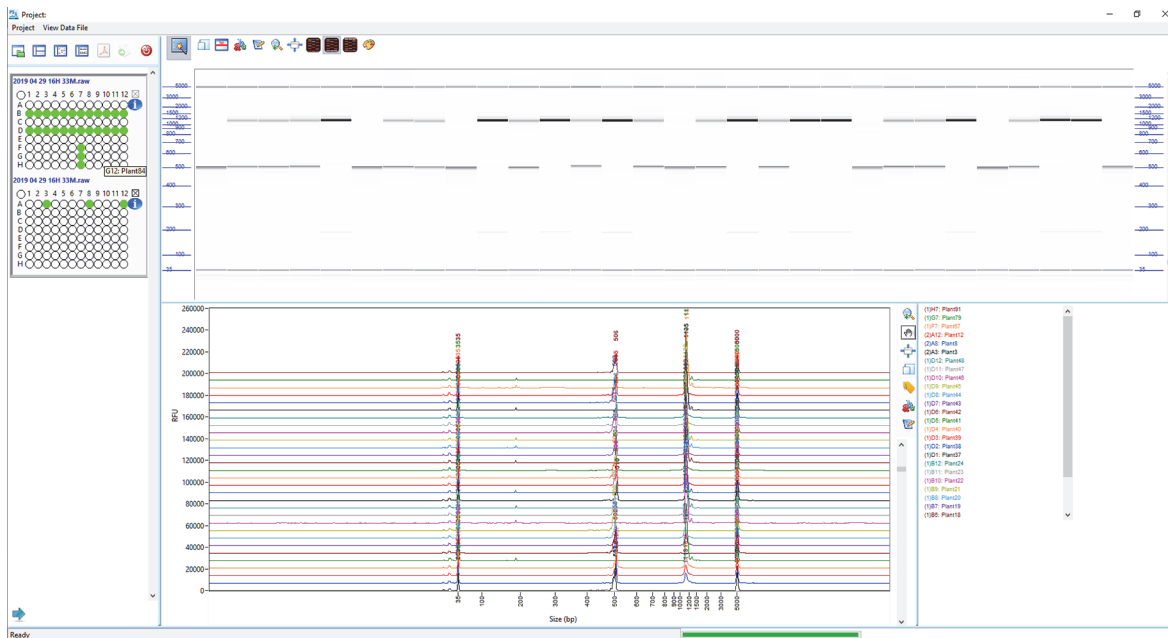


图 68 叠加样品 (Overlay Samples) 界面，打开了两个不同的数据文件

叠加样品界面中的其他视图

叠加样品 (Overlay Samples) 界面中还可以显示几个不同的视图，如表 49 所述。
图 69 显示了图像布局 (Image Layout) 视图；图 70 显示曲线布局 (Trace Layout) 视图。这些界面中的功能与默认布局 (Default Layout) 视图中的功能相同。

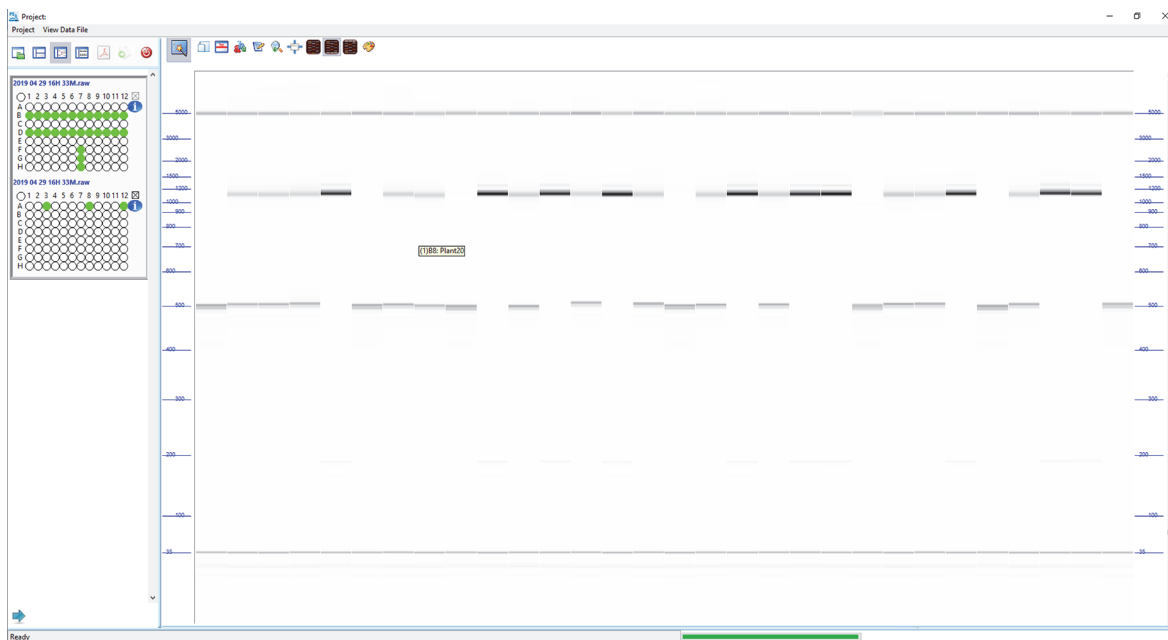
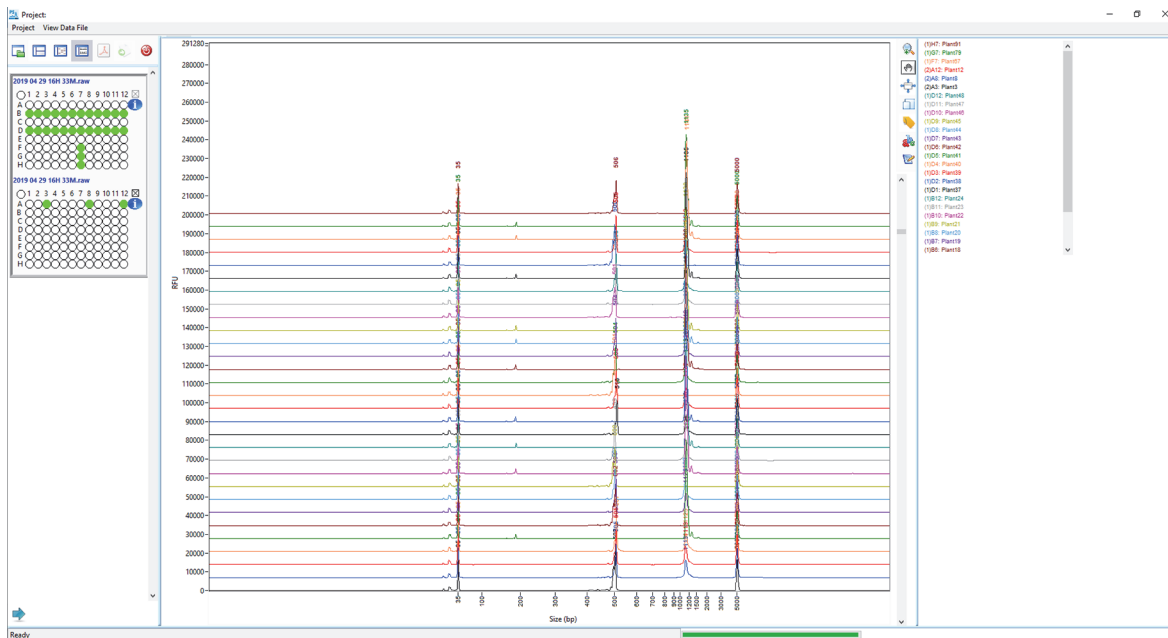


图 69 显示图像布局 (Image Layout) 视图的叠加样品 (Overlay Samples) 界面



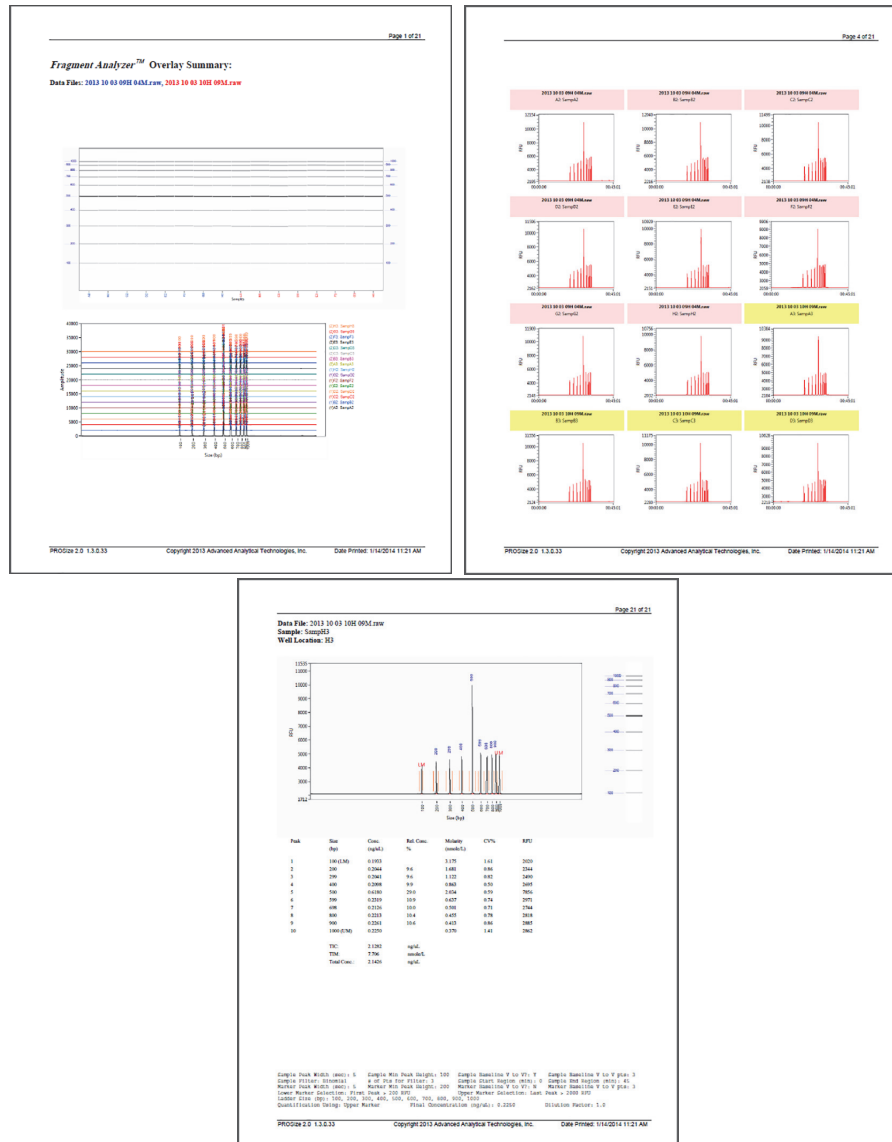


图 71 叠加样品 PDF 报告，显示了第一页叠加曲线页面、曲线摘要 (Traces Summary) 页面和电泳峰图/峰列表 (Electropherogram/Peak Table) 页面

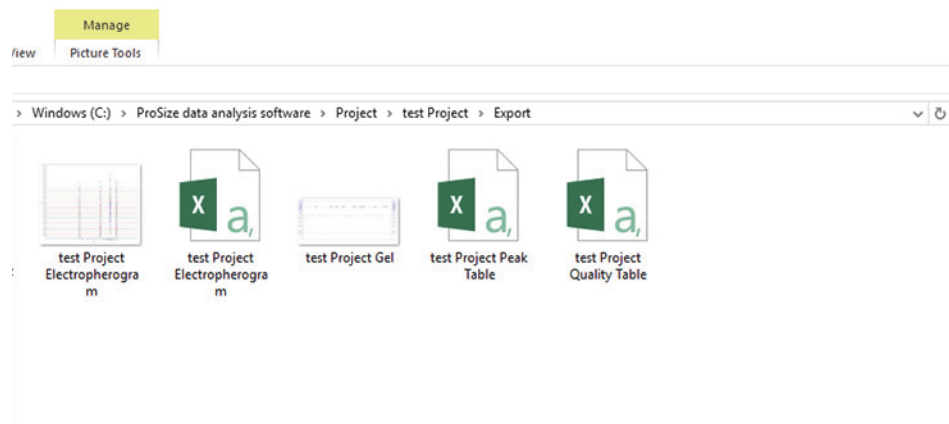


图 72 导出文件夹，显示了从叠加样品 (Overlay Samples) 界面所生成的文件

导出数据程序	164
导出数据窗口设置	164
导出数据示例	168

本章介绍了用于从 ProSize 软件中导出处理后数据的选项。以下章节介绍了如何打开导出数据 (Export Data) 窗口；概述了各种数据导出选项；介绍了如何执行数据导出；并提供了导出数据的示例。

导出数据程序

一旦数据在 ProSize 程序中打开并处理，实测/计算信息就可以以常用格式导出，以存储在公共数据库中或用于其他程序。

导出数据 (Export Data) 用于从 ProSize 程序导出信息。

导出数据窗口设置

如需导出 ProSize 软件中的样品结果：

- 1 在主界面中选择  或导航至 文件 > 导出数据 (File > Export Data)

将显示导出数据 (Export Data) 窗口（图 73）。

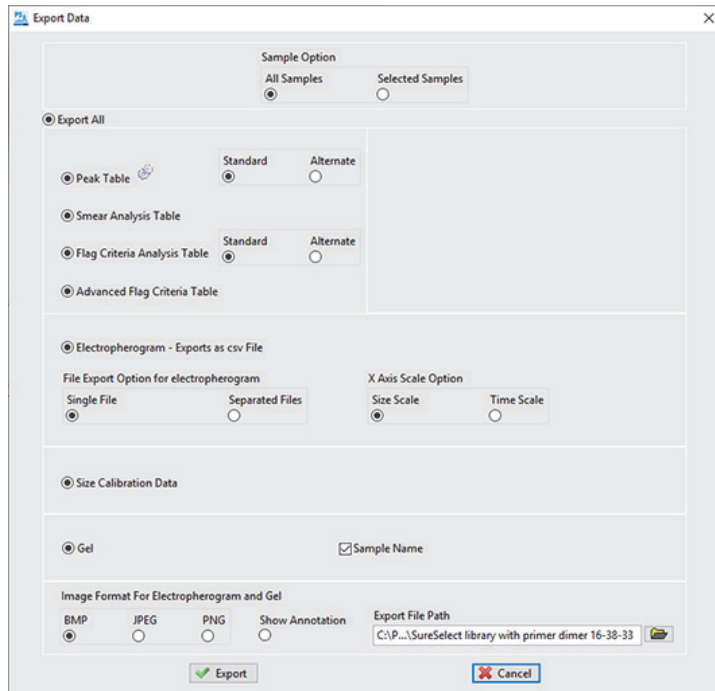


图 73 导出数据 (Export Data) 窗口

表 51 汇总了导出数据 (Export Data) 窗口中可用的设置。

表 51 导出数据 (Export Data) 设置

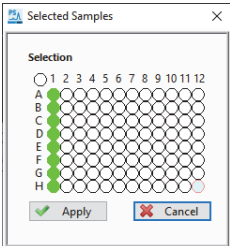
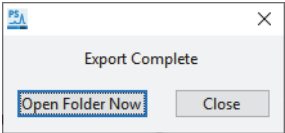
设置	描述
样品选项 (Sample Option)	确定数据文件中的哪些样品进行信息导出。提供两个选项: 所有样品 (All Samples) (导出数据文件中所有样品的结果); 以及所选样品 (Selected Samples)。选择所选样品 (Selected Samples) 选项将打开所选样品 (Selected Samples) 窗口。 
全部导出 (Export All)	导出数据文件导出数据 (Export Data) 程序的所有字段。
Peak Table – 标准或替代 (Peak Table – Standard or Alternate)	标准 (Standard): 将所有选定样品的峰列表 (Peak Table) 导出为一个 .csv 文件, 按样品孔的顺序列出 (图 75)。 替代 (Alternate): 将所有选定样品的峰列表 (Peak Table) 导出为一个 .csv 文件, 列于各行中 (图 76)。
弥散条带分析表 (Smear Analysis Table)	将所有选定样品的弥散条带分析 (Smear Analysis) 表导出为一个 .csv 文件, 按样品孔的顺序列出 (图 77)。 如果弥散条带分析 (Smear Analysis) 表中没有数据, 将禁用此功能。
标记分析标准表 – 标准或替代 (Flag Analysis Criteria Table – Standard or Alternate)	标准 (Standard): 将所有选定样品的标记分析 (Flag Analysis) 表导出为一个 .csv 文件, 按样品孔的顺序列出 (图 78)。将以二进制 0/1 格式输出, 每一列用相应的标记 (Flag) 条件进行标记。 替代 (Alternate): 将所有选定样品的标记分析 (Flag Analysis) 表导出为一个 .csv 文件, 按样品孔的顺序列出 (图 79)。输出结果将按行列出标记 (Flag) 分析设置标准内的值。 如果标记分析 (Flag Analysis) 表中没有数据, 将禁用此功能。
高级标记标准表 (Advanced Flag Criteria Table)	将所有选定样品的 高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 表导出为一个 .csv 文件, 按样品孔的顺序列出 (图 80)。输出结果将按行列出 高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 配置的值。

表 51 导出数据 (Export Data) 设置

设置	描述
电泳峰图 – 导出为 CSV 文件 (Electropherogram – Exports as CSV File)	以 .csv 文件格式导出电泳峰图数据。
文件导出选项 (File Export Option)	确定电泳峰图 .csv 数据的导出方式。 当选择 单个文件 (Single File) 时，将所有电泳峰图导出到一个文件中，x 轴数据位于第一列，每个样品结果的 y 轴数据位于单独的列并且从左到右依次递增（图 81）。 当选择 单独文件 (Separated Files) 时，将每个电泳峰图导出为单独的文件，x 轴数据位于第一列，y 轴数据位于第二列（图 82）。
X 轴刻度选项 (X Axis Scale Option)	确定电泳峰图 .csv 数据在 x 轴的显示格式。 当选择 分子量刻度 (Size Scale) 时，将以分子量的形式导出 x 轴数据，并以 0 为起点（图 81）。 当选择 时间刻度 (Time Scale) 时，将以时间的形式导出 x 轴，并以 0 秒为起点（图 82）。
分子量校准数据 (Size Calibration Data)	将 分子量校准 (Size Calibration) 信息导出为 .csv 文件，第 1 列为 标准品分子量 (Ladder Size)，第 2 列为 时间 (Time) (s)（图 83）。
导出所选样品的数字化胶图 (Exports Selected Samples Digital Gel Image)	将所选样品的数字化胶图叠加图导出为指定格式（.bmp、.jpg 或 .png）的图像文件。
电泳峰图和胶图的图像格式 (Image Format for Electropherogram and Gel)	确定用于导出的电泳峰图和数字化胶图叠加图的图像文件格式（图 84）。提供三种不同的图像文件格式选项： • BMP（.bmp 扩展名） • JPEG（.jpg 扩展名） • PNG（.png 扩展名）
显示注释 (Show Annotation)	在数字化胶图上显示对样品孔添加的任何注释。
导出文件路径 (Export File Path)	确定用于保存导出数据的文件路径。默认目录为包含 .raw 数据文件的同一文件夹（推荐）。 如需选择其他目录，请单击文件夹图标。在文件浏览器菜单中，导航至所需的目录，并保存文件。

表 51 导出数据 (Export Data) 设置

设置	描述
导出 (Export)	使用定义的设置导出数据文件。 在导出完成 (Export Complete) 对话框中，选择立即打开文件夹 (Open Folder Now) 以打开目录。单击关闭 (Close) 进行关闭而不打开导出文件夹。 
取消 (Cancel)	取消导出操作，返回 ProSize 软件的主界面。

导出数据示例

当从 ProSize 导出数据时，导出的文件将以 .raw 文件名命名，后面接扩展名，扩展名取决于导出的信息（图 74 和表 52）。

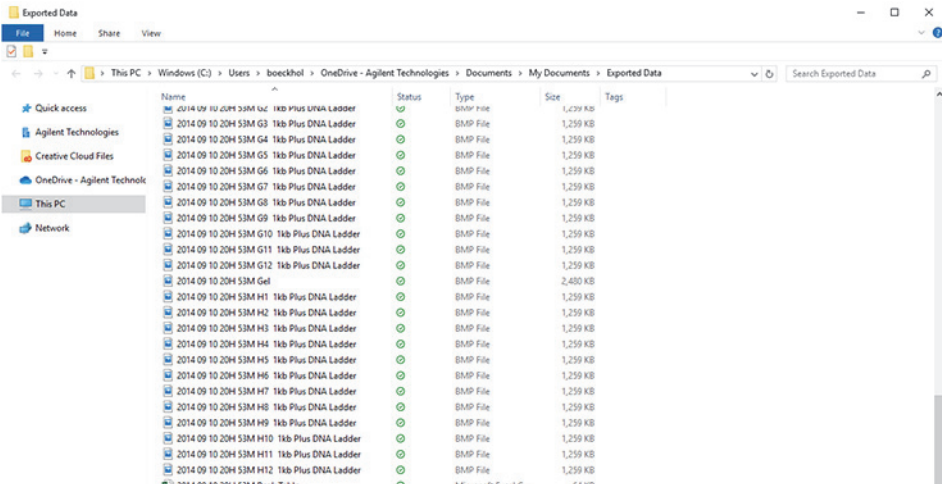


图 74 显示文件名称规则的导出数据

表 52 导出数据命名规则

导出项目	描述
峰列表 (Peak Table)	文件名 Peak Table 示例: 2013 07 15 18H 29M Peak Table
分子量校准 (Size Calibration)	文件名 Size Calibration 示例: 2013 07 15 18H 29M Size Calibration
弥散条带分析 (Smear Analysis)	文件名 Smear Analysis Result 示例: 2013 07 15 18H 29M Smear Analysis Result
标记分析结果 (Flag Analysis Result)	文件名 Flag Analysis Result 示例: 2013 07 15 18H 29M Flag Analysis Result
高级标记分析结果 (Advanced Flag Analysis Result)	文件名 Advanced Flag Analysis Result 示例: 2013 05 08 16H 02M Advanced Flag Analysis Result
所选样品胶图 (Selected Samples Gel Image)	文件名 Gel 示例: 2013 07 15 18H 29M Gel

表 52 导出数据命名规则

导出项目	描述
单独的电泳胶图 (Individual Electropherogram Gel Image)	文件名 <孔 ID> <样品名称> 示例：2013 07 15 18H 29M H1 SampH1
单个电泳峰图数据 (Individual Electropherogram Data) (CSV)	- 如果导出为一个文件： 文件名 Electropherogram 示例：2013 07 15 18H 29M Electropherogram - 如果导出为单独的文件： 文件名 <孔 ID> <样品名称> 示例：2013 07 15 18H 29M H1 SampH1

从 ProSize 导出数据
导出数据示例

下方各图显示了典型的导出数据格式示例：

- 峰列表 (Peak Table)

2014 03 04 17H06M Peak Table - Microsoft Excel

File

Home

Insert

Page Layout

Formulas

Data

Review

View

Acrobat

Cut

Copy

Paste

Format Painter

Clipboard

Calibri

11

A

^

*

Wrap Text

General

<

图 75 导出的峰列表 (Peak Table) – 标准文件格式

	A1	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
1	Well	Sample ID	Peak ID	Size (bp)	ng/ul	% (Conc.)	nmole/L	From (bp)	To (bp)	CV%	RFU	Corr. Peak	TIC (ng/ul)	TIM (nmol)	Total Conc	DQN	Threshold	
2	B1	SampleA1	1	1	1.8665		2438.934	0	11	144.93	2217	16.209	16.9983	390.3882	19.3138			
3	B1	SampleA1	2	17	1.9213	11.3	181.3637	11	27	12.59	160	1.39	16.9983	390.3882	19.3138			
4	B1	SampleA1	3	111	1.6015	9.4	23.7611	102	115	2.51	91	1.159	16.9983	390.3882	19.3138			
5	B1	SampleA1	4	119	13.4754	79.3	185.2634	115	130	1.31	1547	9.728	16.9983	390.3882	19.3138			
6	B1	SampleA1	5	500	0.5		1.6455	485	536	0.67	1142	4.342	16.9983	390.3882	19.3138			
7	B2	SampleA2	1	1	1.2229		1598	0	13	129.04	2888	21.559	27.6163	601.6975	27.9356			
8	B2	SampleA2	2	17	0.8529	3.1	80.513	13	22	7.39	151	1.253	27.6163	601.6975	27.9356			
9	B2	SampleA2	3	51	10.8973	39.5	347.151	22	71	14.73	199	16.009	27.6163	601.6975	27.9356			
10	B2	SampleA2	4	111	0.5312	1.9	7.8805	103	115	2.09	79	0.78	27.6163	601.6975	27.9356			
11	B2	SampleA2	5	119	6.1838	22.4	85.3461	115	131	1.04	1430	9.084	27.6163	601.6975	27.9356			
12	B2	SampleA2	6	160	2.5292	9.2	26.0561	131	166	5.28	100	3.715	27.6163	601.6975	27.9356			
13	B2	SampleA2	7	199	6.6219	24	54.7509	166	232	7.9	147	9.728	27.6163	601.6975	27.9356			
14	B2	SampleA2	8	500	0.5		1.6455	491	570	1.29	2056	8.814	27.6163	601.6975	27.9356			
15	B3	SampleA3	1	1	3.0509		3986.587	0	12	133.7	2179	16.393	18.6028	498.313	23.8871			
16	B3	SampleA3	2	17	2.986	16.1	281.8637	12	22	11.76	130	1.337	18.6028	498.313	23.8871			
17	B3	SampleA3	3	111	2.9956	16.1	44.2595	102	116	3.02	88	1.341	18.6028	498.313	23.8871			
18	B3	SampleA3	4	120	12.6212	67.8	172.1897	116	155	4.01	664	5.651	18.6028	498.313	23.8871			
19	B3	SampleA3	5	500	0.5		1.6455	491	544	1.35	556	2.687	18.6028	498.313	23.8871			
20	B4	SampleA4	1	1	1.6593		2168.177	0	13	150.17	1662	12.553	19.2123	413.4793	21.1239			
21	B4	SampleA4	2	17	1.6735	8.7	160.9488	13	26	12.12	109	1.055	19.2123	413.4793	21.1239			
22	B4	SampleA4	3	46	0.782	4.1	27.6784	38	54	4.79	58	0.493	19.2123	413.4793	21.1239			
23	B4	SampleA4	4	114	1.3468	7	19.3366	107	117	2.03	89	0.849	19.2123	413.4793	21.1239			
24	B4	SampleA4	5	123	15.4101	80.2	205.5155	117	155	2.7	1374	9.715	19.2123	413.4793	21.1239			

图 76 导出的峰列表 (Peak Table) – 替代文件格式

- 弥散条带分析 (Smear Analysis)

注意

当为一个样品输入多个弥散条带分析 (Smear Analysis) 条件时，将在导出的表中创建单独的行。导出的弥散条带分析 (Smear Analysis) 数据中还会显示 *DNA 质量参数 (DQN)* (DNA Quality Number (DQN)) 以及相关的分子量阈值。更多信息请参阅第 4 章，“ProSize 配置”。

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1	Well	Sample ID Range		ng/uL	% Total	nmole/L	Avg. Size	%CV	Size Threshold (b.p.)	DQN				
2	B1	SampleA1 75 bp to 300 bp		4.4093	85.3	58.6507	124	20.6	300	0.2				
3	B1	SampleA1 100 bp to 400 bp		4.4387	85.9	57.2228	127	29.32	300	0.2				
4	B2	SampleA2 75 bp to 300 bp		6.5467	47.2	85.1748	126	24.52	300	1.8				
5	B3	SampleA3 75 bp to 300 bp		2.8998	74.2	37.3439	128	25.93	300	0.2				
6	B4	SampleA4 75 bp to 300 bp		5.275	83	69.3579	125	15.76	300	0.2				
7	B5	SampleA5 75 bp to 300 bp		5.0891	86.5	67.2696	124	21.63	300	0.2				
8	B6	SampleA6 75 bp to 300 bp		4.8132	85.3	65.68	120	13.75	300	0.1				
9	B7	SampleA7 75 bp to 300 bp		6.0526	85.3	76.938	129	27.79	300	0.2				
10	B8	SampleA8 75 bp to 300 bp		3.601	81.2	49.4473	120	18.21	300	0.3				
11	B9	SampleA9 75 bp to 300 bp		0.352	39.4	3.6198	160	37.42	300	1.2				
12	B10	SampleA1 75 bp to 300 bp		0.6542	57.8	6.8057	158	32.79	300	0.9				
13	B11	SampleA1 75 bp to 300 bp		0.5578	48.6	5.767	159	37	300	0.9				
14	B11	SampleA1 0 bp to 100 bp		6.3358	551.9	2008.21	5	276.77	300	0.9				
15	B12	Ladder												
16														
17														
18														

图 77 导出的弥散条带分析 (Smear Analysis) 文件格式

- 标记分析标准表

A1	B1	C1	D1	E1	F1	G1	H1	I1	J1	K1	L1	M1	N1	O1	P1
1	Well	Sample ID	122 bp 122 +/- 5 bp AND > 1000 RFU												
2	B1	SampleA1	1												
3	B2	SampleA2	1												
4	B3	SampleA3	0												
5	B4	SampleA4	1												
6	B5	SampleA5	1												
7	B6	SampleA6	1												
8	B7	SampleA7	1												
9	B8	SampleA8	0												
10	B9	SampleA9	0												
11	B10	SampleA1	0												
12	B11	SampleA1	0												
13	B12	Ladder													
14															
15															
16															
17															
18															

图 78 导出的标记分析 - 标准文件格式

A1	B1	C1	D1	E1	F1	G1	H1	I1	J1
1	Well	Sample ID	Flag Criteria	Size (bp)	Concentration (ng/ul)	Peak Height (RFU)	Size (bp)	Concentration (ng/ul)	Peak Height (RFU)
2	B1	SampleA1	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU	119	13.4754	1547	0		
3	B2	SampleA2	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU	119	6.1838	1430	0		
4	B3	SampleA3	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU						
5	B4	SampleA4	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU	123	15.4101	1374	0		
6	B5	SampleA5	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU	120	22.6417	1194	0		
7	B6	SampleA6	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU	119	15.4919	1659	0		
8	B7	SampleA7	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU	119	19.3947	1652	0		
9	B8	SampleA8	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU						
10	B9	SampleA9	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU						
11	B10	SampleA10	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU						
12	B11	SampleA11	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU						
13	B12	Ladder	122 bp: 122 +/- 5 bp: AND: > 1000 RFU						
14									
15									
16									
17									

图 79 导出的标记分析 - 替代文件格式

- 高级标记分析标准表

Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp										
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Well	Sample ID	Title	Parameters	Tag and Criteria	Size (bp)	ng/ul	% (Conc.)	nmole/L	RFU
2	B1	SampleA1	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	1.6015	9.4	23.7611	91
3	B2	SampleA2	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	0.5312	1.9	7.8805	79
4	B3	SampleA3	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	2.9956	16.1	44.2595	88
5	B4	SampleA4	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	114	1.3468	7	19.3366	89
6	B5	SampleA5	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	3.1111	10.9	45.9655	88
7	B6	SampleA6	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	2.0544	10.7	30.3528	112
8	B7	SampleA7	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	2.259	9.5	33.3763	94
9	B8	SampleA8	Advanced	Advanced Flag 115 bp: 115 bp ±10 bp	115 bp: 115 bp ±10 bp	111	3.8718	19.3	57.444	107

图 80 导出的高级标记分析

- 电泳峰图 CSV – 单个文件 – 分子量刻度

Size (bp)											
1	Size (bp)	B1: Sampl	B2: SampleA2	B3: Sampl	B4: Sampl	B5: Sampl	B6: Sampl	B7: Sampl	B8: Sampl	B9: Sampl	B10: Sampl
2	0.35	1720.89	2142.84	1582.35	1378.48	1351.81	2004.87	1643.32	1861.75	1207.46	1754.34
3	0.67	2217.17	2887.64	2179.34	1661.79	1575.09	2063.69	1740.08	1871.1	1624.97	2369.19
4	1	1981.6	2710.21	2081	1393.46	1277.62	1482.65	1283.79	1319.83	1595.91	2211.13
5	2	1243.75	1800.3	1393.83	826.1	730.48	757.83	671.61	673.97	1166.55	1441.22
6	2.32	571.37	882.26	676.28	370.07	311.65	305.67	274.38	286.32	662.62	677.07
7	2.65	234.47	378.96	278.88	164.49	130.09	143.34	126.76	149.77	330.38	271.12
8	2.97	136.34	213.86	151.6	110.12	85.4	111.04	95.36	119.56	185.76	147.19
9	3.29	119.67	178.32	128.29	99.92	78.84	106.78	89.87	111.2	138.54	125.61
10	3.62	115.64	166.17	123.43	96.02	75.79	103.26	85.89	103.41	122.05	120.79
11	3.94	109.92	153.46	117.94	92.76	70.29	95.69	79.39	91.69	112.1	114.62
12	4.26	99.23	135.83	107.91	88.6	60.13	82.97	68.77	74.65	101.98	102.26
13	4.58	84.05	111.88	91.94	82.64	46.48	68.59	55.93	56.68	90	82.97
14	4.91	68.64	87	74.05	74.13	34.31	56.19	44.05	43.17	77.6	63.47
15	5.23	55.53	67.91	59.48	62.18	26.66	45.32	34.3	34.22	66.04	49.77
16	5.55	43.91	54.88	48.98	48.41	22.3	34.96	26.82	27.34	54.75	40.6
17	5.88	33.61	44.67	40.56	36.71	18.82	26.35	21.78	21.9	43.73	32.5
18	6.2	25.8	35.89	33.26	29.24	15.26	20.86	18.93	17.98	34.79	25.17
19	6.52	20.8	28.73	27.7	25.12	12.25	17.85	17.24	15.04	29.43	20.22
20	6.85	18.05	23.57	24.64	22.63	10.63	15.52	15.43	12.82	26.66	17.8
21	7.17	16.6	20.54	23.65	20.76	9.97	12.91	13.36	11.59	24.37	16.42

图 81 导出的电泳峰图 CSV 单个文件 – 分子量刻度文件格式

从 ProSize 导出数据
导出数据示例

- 电泳峰图 CSV – 单独文件 – 时间刻度

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	Time (sec)	Intensity													
2	1	0													
3	2	0													
4	3	0													
5	4	0													
6	5	0													
7	6	0													
8	7	0													
9	8	0													
10	9	0													
11	10	0													
12	11	0													
13	12	0													

图 82 导出的电泳峰图 CSV 单独文件 – 时间刻度文件格式

- 分子量校准

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	Ladder Size (bp)	Time (sec)												
2	1	664												
3	75	891												
4	100	946												
5	150	1053												
6	200	1140												
7	250	1222												
8	300	1287												
9	400	1389												
10	500	1481												
11														
12														
13														

图 83 导出的分子量校准 (Size Calibration) 文件格式

- 所选样品胶图

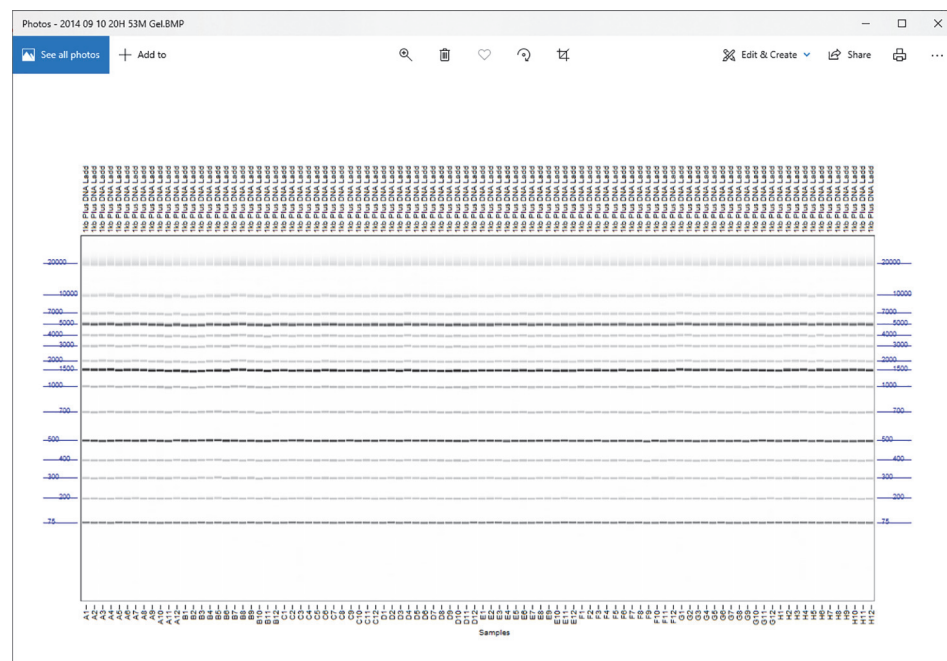


图 84 导出的所选样品胶图 (Selected Samples Gel Image) 文件格式

- 单独的电泳峰图

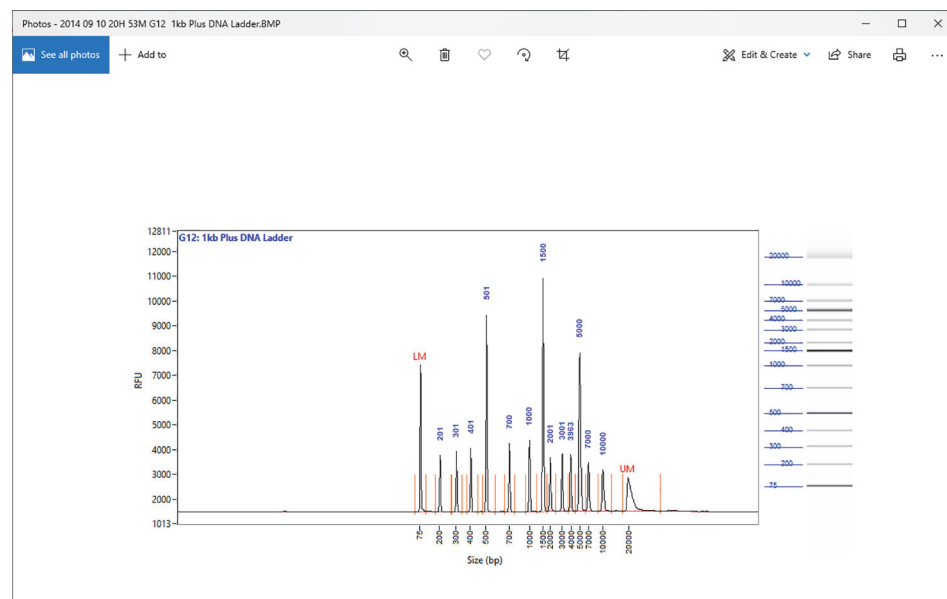


图 85 导出的单独电泳峰图 (Individual Electropherogram Image) 文件格式

8

从 ProSize 生成报告

生成报告 178

生成样品结果报告 178

生成报告示例 182

本章介绍了用于从 ProSize 软件生成报告的选项。以下章节介绍了如何打开**生成报告** (Generate Report) 窗口；概述了各种报告生成选项；介绍了如何执行报告生成；并提供了报告数据的示例。

生成报告

生成样品结果报告

ProSize 软件可以生成 PDF 格式的报告，方便查看处理后的数据，报告每个样品分析的详细信息。**生成报告** (Generate Report) 命令用于生成 PDF 格式的结果。

- 1 在主界面中选择  或导航至 **文件 > 生成报告** (File > Generate Report)。

将打开**生成 PDF** (Generate PDF) 窗口（[图 86](#)）。[表 53](#) 汇总了该窗口中的可用设置。

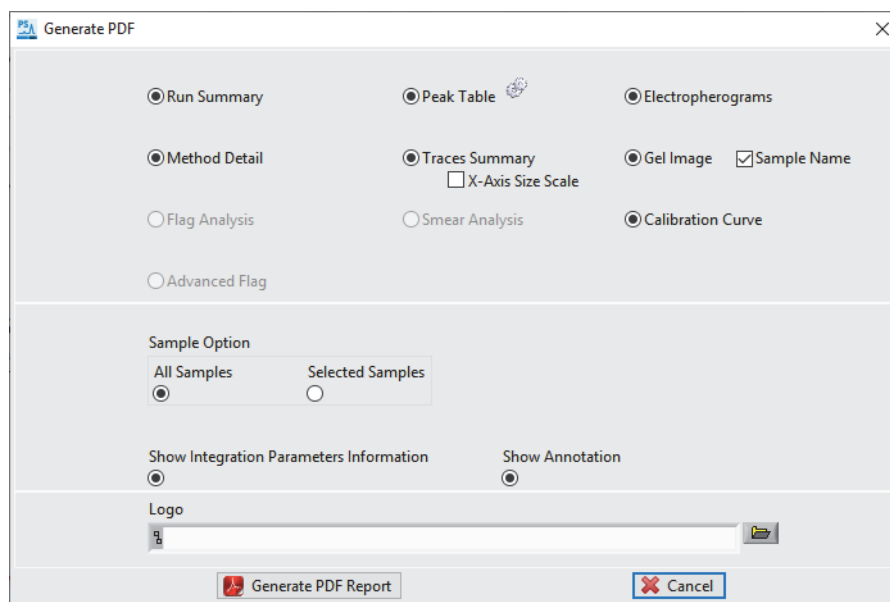


图 86 生成 PDF (Generate PDF) 窗口

表 53 生成 PDF (Generate PDF) 设置

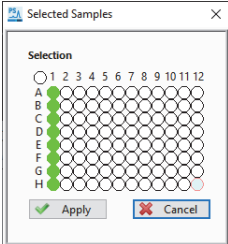
设置 (Setting)	描述 (Description)
样品选项 (Sample Option)	确定报告中将包含数据文件中的哪些样品。所有选定样品将保存到一个 PDF 报告文件中；每个样品将打印在报告的单独一页上。 提供两个选项：所有样品 (All Samples)（导出数据文件中所有样品的结果）；以及所选样品 (Selected Samples)。选择所选样品 (Selected Samples) 选项将打开所选样品 (Selected Samples) 窗口。  选择样品板的相应孔、列和/或行，然后单击应用 (Apply)。如需中止操作并导出所有样品，请单击取消 (Cancel)。
运行摘要 (Run Summary)	运行信息摘要将打印到 PDF 报告的第一页，包括文件名 (Filename) 和数据路径 (Data Path)；创建 (Created) 日期；毛细管数量 (# of Capillaries)；阵列序列号 (Array Serial #)；毛细管有效长度 (Effective Length)；阵列使用计数 (Array Usage Count)；软件版本号 (Version #)；设备序列号 (Device Serial #)（图 87）。 如果未选中该选项，这些字段将为空白。
方法详细信息 (Method Detail)	所执行实验方法的详细信息将打印到 PDF 报告的第一页（来自用户界面信息 (Information) 文件（ProSize 孔板分布图中的 ））。如果未选中该选项，这些字段将为空白。 片段分析仪的示例如下所示： 方法信息： Method Name: DNF-493-33 - HS Large Fragment.mthds Gel Prime: No Full Conditioning: Yes Gel Prime to Bufer: Yes Gel Selection: Gel 1 Perform Prerun: 6.0 kV, 30 sec. Rinse: No Marker 1: No Rinse: Tray: 3, Row: H, # Dips: 1 Sample Injection: 5.0 kV, 30 sec. Separation: 6.0 kV, 50.0 min. Tray Name: Tray-1 Analysis Mode: NGS NOTE Testing

表 53 生成 PDF (Generate PDF) 设置

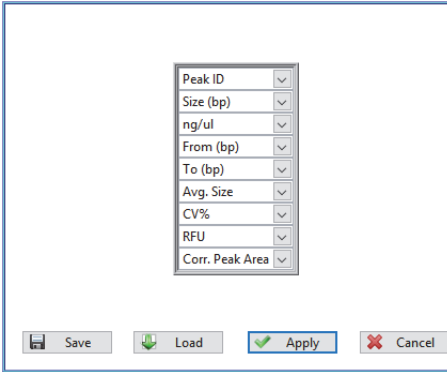
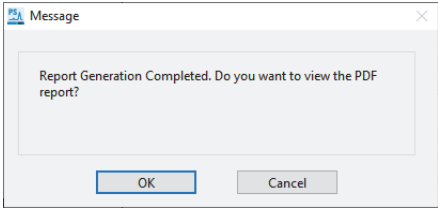
设置 (Setting)	描述 (Description)
曲线摘要 (Traces Summary)	对于 曲线摘要 (Traces Summary) 页面，每页最多打印 12 张电泳峰图（图 88）。曲线图将显示每条曲线的 样品 ID (Sample ID) 信息。如果未选中该选项，这些字段将为空白。
峰列表 (Peak Table)	对于所有选定的样品，在 PDF 报告的每个样品结果页面都会打印峰列表 (Peak Table)（图 89）。如果未选中该选项，该字段将为空白。 选择  可以定义报告项及其在表格中的顺序。您可以保存这些设置以供将来使用。 
电泳峰图 (Electropherograms)	对于所有选定的样品，在 PDF 报告的每个样品结果页面都会打印电泳峰图 (Electropherogram Trace)。图中显示了峰以及打印时 ProSize 中当前所选的注释和 x 轴刻度（图 89）。数字化胶图将显示于右侧，带分子量标记。 如果未选中该选项，该字段将为空白。
标记分析 (Flag Analysis)	对于所有选定的样品，将在 PDF 报告的单独页面上打印标记分析 (Flag Analysis) 结果表，每个标记 (Flag) 条件一页（图 90）。将以二进制 0/1 格式输出，每一页的列用相应的标记 (Flag) 条件进行标记。 如果数据文件没有标记分析 (Flag Analysis) 表，将禁用此选项。
高级标记分析 (Advanced Flag Analysis)	对于每个定义的样品孔，将在 PDF 报告的单独页面上打印 高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 结果（图 91）。输出结果将列出 高级标记 (Advanced Flag) 分析设置标准内的值。
弥散条带分析 (Smear Analysis)	对于每个选定的样品，弥散条带分析 (Smear Analysis) 结果将打印在峰列表 (Peak Table) 下方。还将报告彩色的垂直弥散条带范围线和平均分子量 (Peak Table) (bp)（图 89）。 如果数据文件没有弥散条带分析 (Smear Analysis) 表，将禁用此选项。

表 53 生成 PDF (Generate PDF) 设置

设置 (Setting)	描述 (Description)
胶图 (Gel Image)	在 PDF 报告的第一页打印所选样品的数字化胶图叠加图（图 87）。 如果未选中该选项，该字段将为空白。
校准曲线 (Calibration Curve)	在 PDF 报告的末尾单独打印一页，显示分子量校准 (Size Calibration) 曲线，包括使用的孔位置和拟合类型（图 92）。 如果未选中该选项，将不打印此页。
显示积分参数信息 (Show Integration Parameters Information)	在 PDF 报告的每个样品结果页面底部打印每个选定样品的各个积分参数详细汇总（图 89）。 如果未选中该选项，该字段将为空白。
显示注释 (Show Annotation)	显示对各个样品电泳峰图添加的注释。 如果未选中该选项，则不会显示任何样品注释。
徽标 (Logo)	可以导入自定义徽标（将打印在每页的顶部）。为希望在每页打印其公司徽标的客户提供。
生成 PDF 报告 (Generate PDF report)	生成配置的报告。将打开文件浏览器菜单，用于导航到所需目录并保存文件。默认目录为包含 .raw 数据文件的文件夹。 在消息 (Message) 对话框中，单击确定 (OK) 打开报告；单击取消 (Cancel) 则关闭而不打开报告。 
取消 (Cancel)	中止生成报告，返回软件主界面。

生成报告示例

下方的图 87 至图 92 显示了 ProSize 软件 3.0 版生成的 PDF 报告页面示例。每页的页眉列出了 .raw 数据文件名称和页码；页脚包含软件版本和版权信息，以及生成报告的日期和时间。

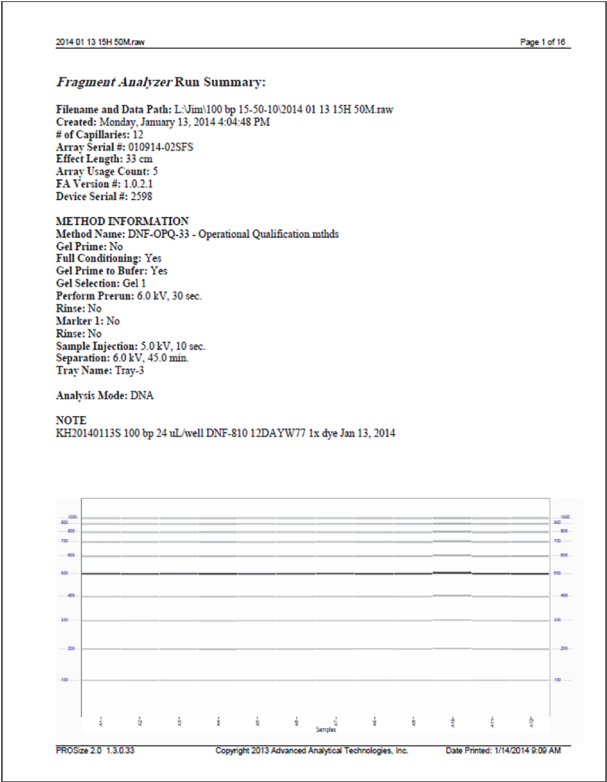


图 87 PDF 报告的第 1 页（显示所有字段；选择了 12 个样品）

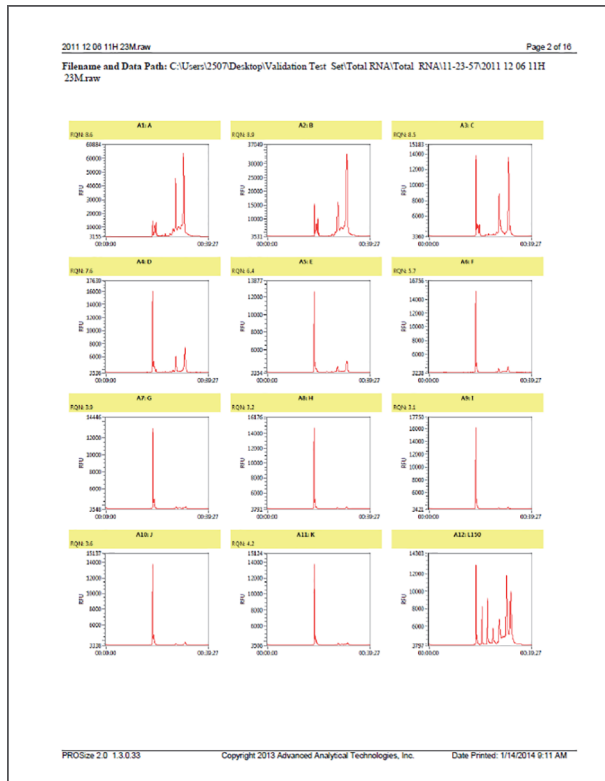


图 88 PDF 报告的曲线摘要 (Traces Summary) (显示所有字段; 选择了 12 个样品)。注: 在报告 Total RNA 数据时会报告 RQN

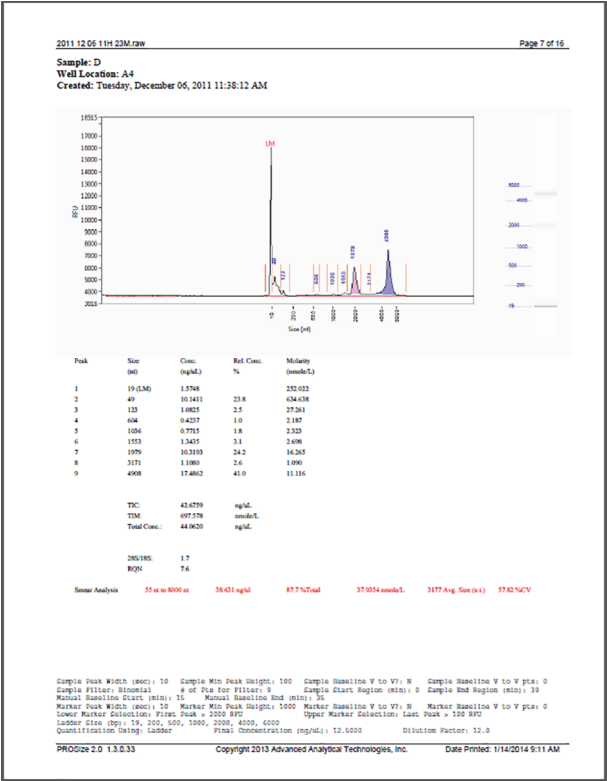


图 89 PDF 报告的单独结果页面（显示所有字段）。注：在报告 Total RNA 数据时，会突出显示 rRNA 峰并报告 rRNA 比率 and RQN。未显示：在报告基因组数据时，将报告 QQN

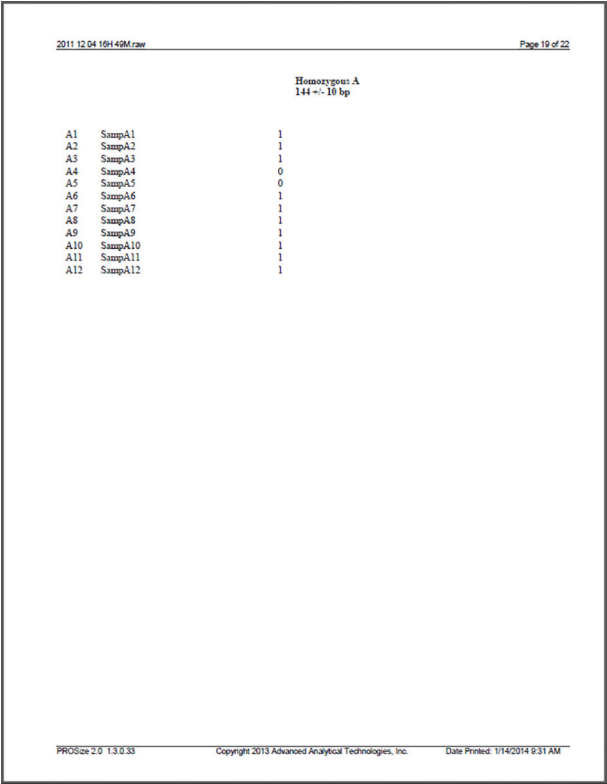


图 90 PDF 报告中的标记分析 (Flag Analysis) 表示例

Parameters	Tag & Criteria	Size (bp)	ng/ul	RFU
200 bp only		199	0.1879	2976
:	200 bp ±50 bp AND 300 bp ±50 bp	298	0.1897	3247
200 bp ±50 bp AND 300 bp ±50 bp				

图 91 PDF 报告中的高级标记分析 (Advanced Flag Analysis) 表示例

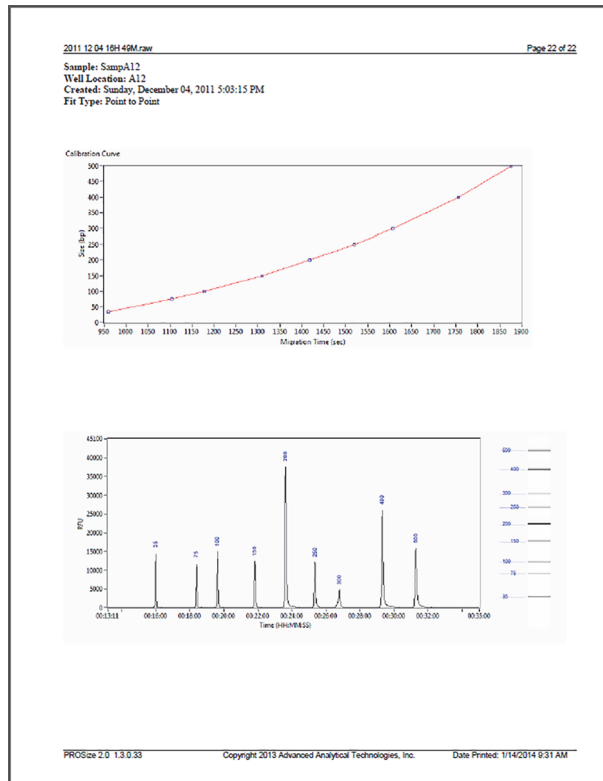


图 92 PDF 报告中的分子量校准 (Size Calibration) 页面示例

查看毛细管位置简介 188

打开查看毛细管位置窗口 (View Capillary Positions) 189

查看毛细管位置窗口设置 191

手动重置毛细管位置 194

本章简要介绍了查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口的工具和功能。

查看毛细管位置简介

ProSize 软件在读取 .raw 数据文件时执行自动化毛细管校准程序。这样可以确保选择用于数据分析的 CCD 检测器上的毛细管位置具有最大的荧光强度，从而尽可能提供出色的信噪比。

查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 用于检查毛细管阵列校准和用于数据分析的指定位置。由于位置采用自动分配方式，因此该选项通常不作日常使用；它更常作为一种诊断/故障排除工具。

打开查看毛细管位置窗口 (View Capillary Positions)

1 在 ProSize 软件程序的主界面选择分析 > 查看毛细管位置 (Analysis > View Capillary Positions)

将打开查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口（图 93）。表 54 汇总了该窗口中的可用功能。

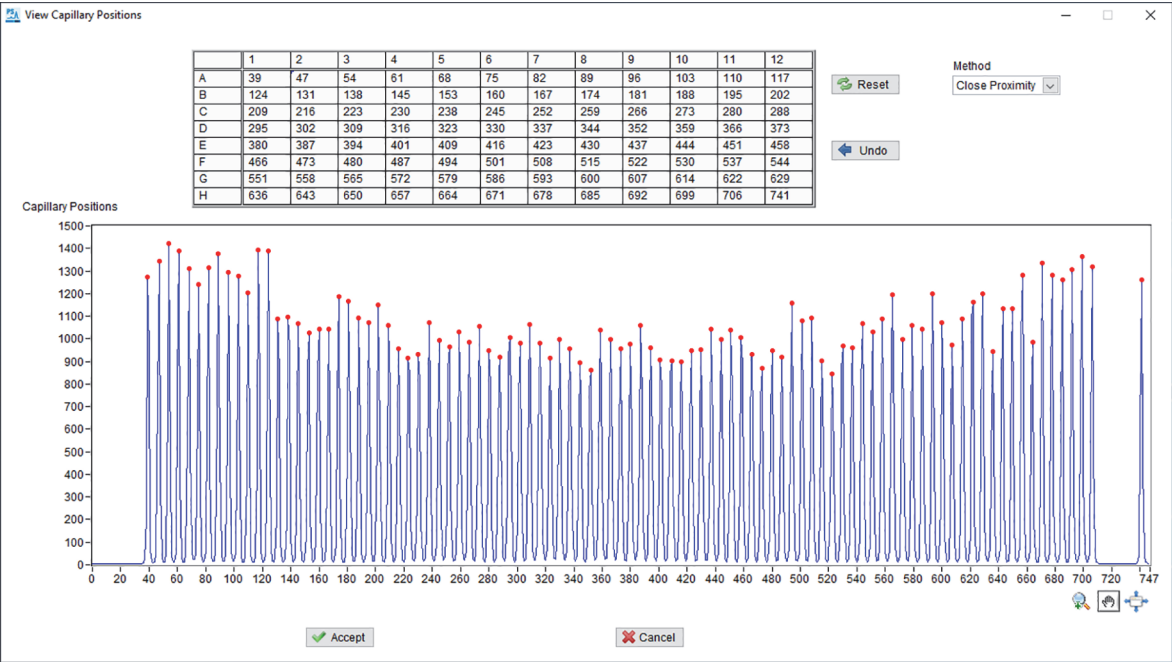


图 93 查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 程序

查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口包含两个部分：

- 毛细管位置 (Capillary Positions)（像素）与信号分布 (Signal Distribution)（强度）的关系图，显示了各毛细管的荧光强度之和
- 毛细管位置 (Capillary Positions) 表分别列出了 12、48 或 96 毛细管阵列中各个毛细管的像素位置

图 93 为正确校准示例，其中红色的**当前位置** (Current Positions) 符号集中在对应于各毛细管的峰上。算法自动检测峰位置并设置毛细管位置。如果在特定的毛细管中未检测到荧光，算法将使用毛细管之间的间距作为参考来进行补位。通过这种方式，即使阵列中某些毛细管没有生成数据，也可以正确索引所有毛细管的位置。

注意

在安装新的毛细管阵列时，执行样品运行（例如 DNA ladder 或 Marker 孔板等），然后使用采集的数据文件进行光学校准（即读取原始文件 (Read Raw) 光学校准功能）非常重要。这样做是为了确保分配的仪器毛细管位置接近实际位置。更多信息，请参阅系统手册的**毛细管校准**部分。

在一般操作中，不需要对毛细管位置进行任何修改。在极少数情况下，可能需要稍微调整一根或两根毛细管的位置，或者按照下文所述手动调整位置。下文提供了有关如何更改位置和保存更改的信息。为了避免在数据中引入干扰，只需对任何未对齐的毛细管进行必要的更改，使红色的**当前位置** (Current Positions) 符号居中。

查看毛细管位置窗口设置

表 54 汇总了查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口的设置。

表 54 毛细管位置 (Capillary Positions) 窗口功能

菜单项 (Menu Item)

描述 (Description)

毛细管位置
(Capillary Positions)

列出了 CCD 检测器上用于数据分析的像素位置。有 12、48 或 96 个单元格，每个单元格对应阵列的一根毛细管。表格用行和孔位置进行标注。

	1	2	3	4	5	6	7	8
A	39	47	54	61	68	75	82	89
B	124	131	138	145	153	160	167	174
C	209	216	223	230	238	245	252	259
D	295	302	309	316	323	330	337	344
E	380	387	394	401	409	416	423	430
F	466	473	480	487	494	501	508	515
G	551	558	565	572	579	586	593	600
H	636	643	650	657	664	671	678	685

重置 (Reset)

如需查看特定的毛细管位置，请单击表格中的单元格，或单击毛细管位置 (Capillary Positions) （像素）与 **信号分布** (Signal Distribution) （强度）关系图中的峰查看对应的指定孔。图上会显示一个红色的垂直光标 (cursor) 来指示检测器位置。

方法 (Method)

执行自动校准算法来重置毛细管位置。对像素位置的任何手动更改都将被覆盖。将出现一条蓝色阈值线 （见**图 94**）。这条线可以向上或向下移动，以选择用于自动确定毛细管位置的适当阈值。

峰宽 (Peak Width)

有两种方法可用于确定毛细管位置：

- **接近原始文件** (Close Proximity) （默认）：该设置将使用原始仪器校准文件来确定毛细管位置，根据需要填补信号中的任何空白
- **忽略原始文件** (Ignore Original)：如果接近原始文件 (Close Proximity) 方法无法准确定位毛细管位置，忽略原始文件 (Ignore Original) 方法将尝试基于信号位置分配毛细管位置；点击**重置** (Reset)，使用阈值光标 (cursor) 和**峰宽** (Peak Width) 设置来调整分配

峰宽 (Peak Width)

提供在毛细管位置 (Capillary Positions) （像素）与信号分布 (Signal Distribution) （强度）关系图中选择峰的峰宽阈值；设定值较大时选择较宽的峰，设定值较小时选择较窄的峰。
推荐值为 3。

撤消 (Undo)

用于撤消对**毛细管位置** (Capillary Positions) 表的最后一次手动调整操作。

表 54 毛细管位置 (Capillary Positions) 窗口功能

菜单项 (Menu Item)	描述 (Description)
缩放 (Zoom)	可以放大毛细管位置 (Capillary Positions) (像素) 与信号分布 (Signal Distribution) (强度) 关系图的 x 轴和 y 轴。 放大: 将鼠标置于图上方, 单击并向外拖动, 展开一个方框, 确定放大的区域。松开鼠标按钮以应用放大操作。 如需撤消放大操作, 请使用自动缩放 (Autoscale) 功能。
自动缩放 (Autoscale)	用于自动缩放毛细管位置 (Capillary Positions) (像素) 与信号分布 (Signal Distribution) (强度) 关系图。
平移 (Pan)	可以平移毛细管位置 (Capillary Positions) (像素) 与信号分布 (Signal Distribution) (强度) 关系图。使用鼠标光标移动图像: 将鼠标置于曲线上方并单击; 拖动光标 (cursor) 移动当前视图。通常与缩放 (Zoom) 功能结合使用。
接受 (Accept)	接受用于数据分析的毛细管阵列的当前毛细管位置 (Capillary Positions) 表位置, 并返回 ProSize 程序的主界面。
取消 (Cancel)	取消对毛细管阵列的毛细管位置 (Capillary Positions) 表位置的任何手动修改。它将关闭查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口, 并返回 ProSize 程序的主界面。

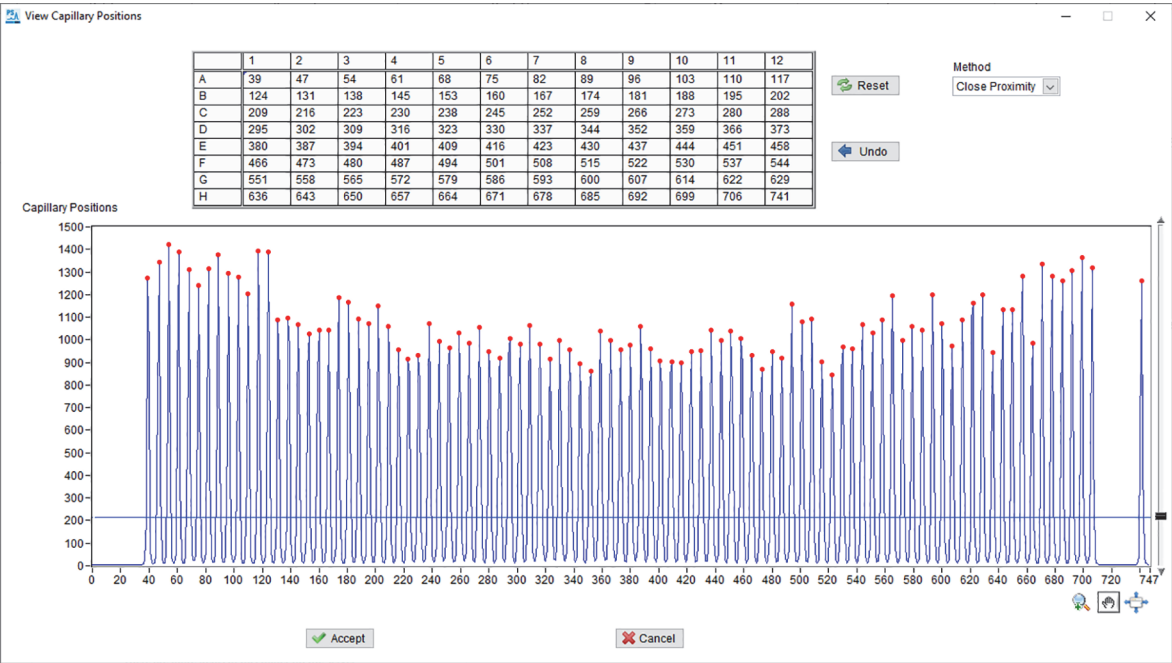


图 94 点击重置 (Reset) 后的毛细管位置 (Capillary Positions) 窗口。蓝色水平光标 (cursor) 可用于选择定位毛细管位置的阈值

手动重置毛细管位置

在极少数情况下，可能需要手动重新定位查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口中的毛细管位置。这通常是以下两种情况综合作用的结果：

- 仪器光学校准（即毛细管定位）设置不当。当设定的毛细管位置与实际位置相差较大时，ProSize 软件难以自动定位，尤其对于 96 毛细管数据。因此，在更换毛细管阵列后，重置并正确校准毛细管阵列的位置至关重要
- 如果阵列中的毛细管没有检出荧光信号，可能是由于特定的样品孔中没有加载样品或 Marker，或者毛细管堵塞

在大多数情况下，确保毛细管阵列正确校准可实现毛细管位置的自动检测，即使一些毛细管不产生信号也同样如此。如需手动调整或重置毛细管位置，用户应遵循下文所述的步骤。

图 95 显示了一个文件的查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口，其中一处毛细管信号缺失（118 像素），并且因为仪器光学校准存在轻微偏差，软件错误地将一根毛细管分配到像素 495，而没有为从右边开始的第二根毛细管分配位置（圆圈所示）。在这种情况下，无法通过调整阈值来成功选择合适的毛细管。

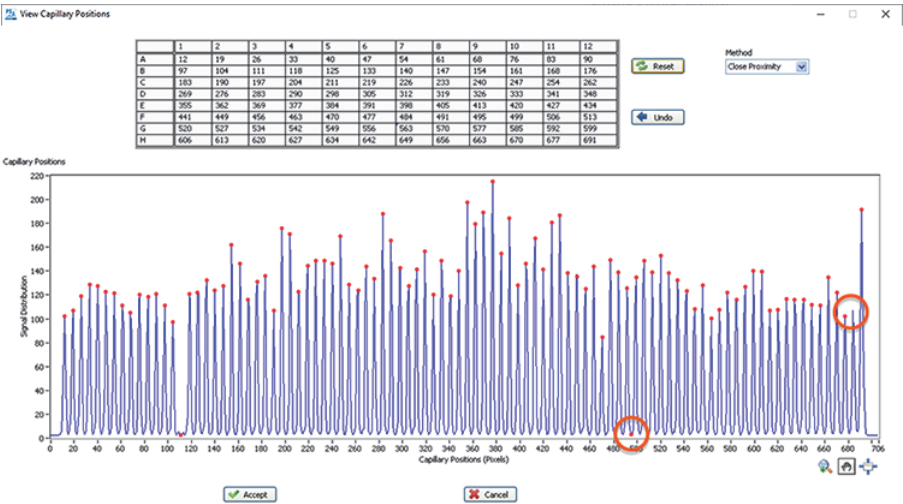


图 95 查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口，其中毛细管未正确分配（红色圆圈）

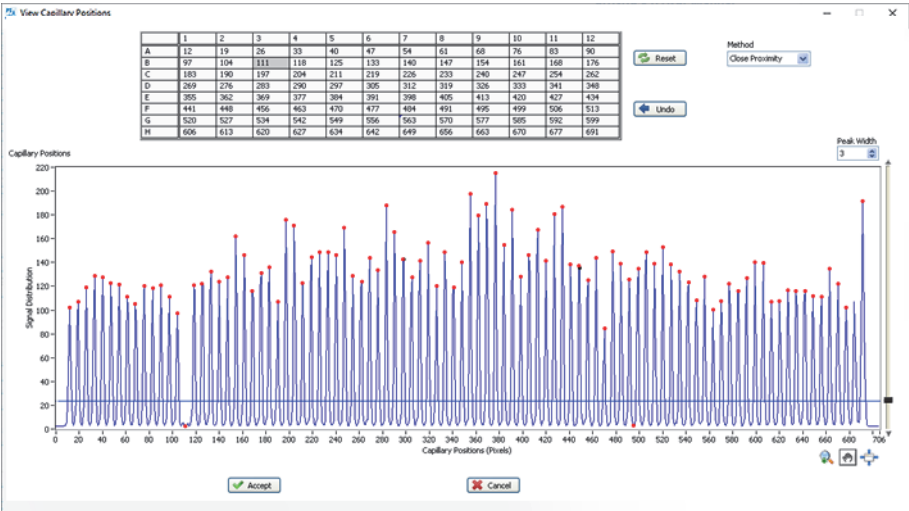


图 96 查看毛细管位置 (View Capillary Positions) 窗口，显示了未对齐的毛细管未通过阈值实现重置

如图 96 所示，由于 118 像素的信号较弱，单击重置 (Reset) 并使用阈值无法正确地重新分配毛细管。

如需手动删除不正确的毛细管位置，请将鼠标光标置于该位置上方并单击，然后单击键盘上的 [Delete]（图 97）。

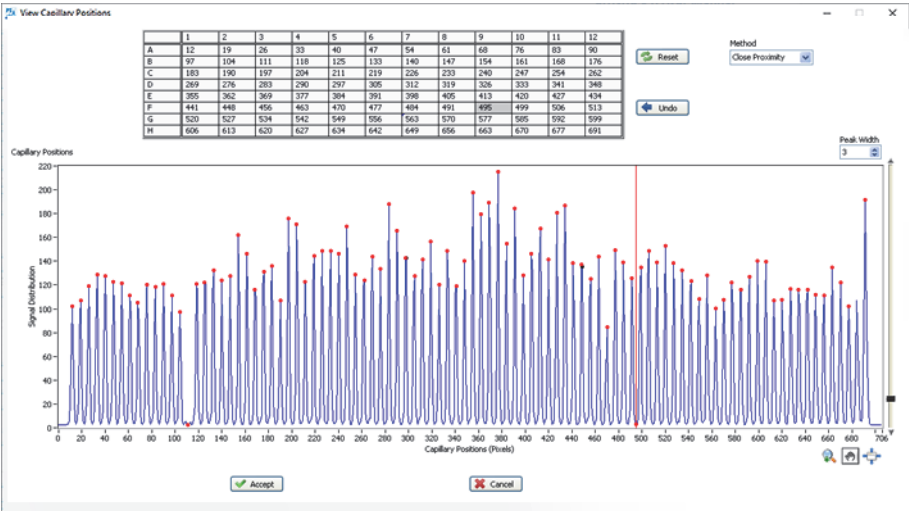


图 97 通过选择像素 495 并单击 [Delete] 进行手动删除

图 98 中需要注意的是，像素 495 已从毛细管位置 (Capillary Positions) 表中删除，并且 H12 中存在一个空白单元格。

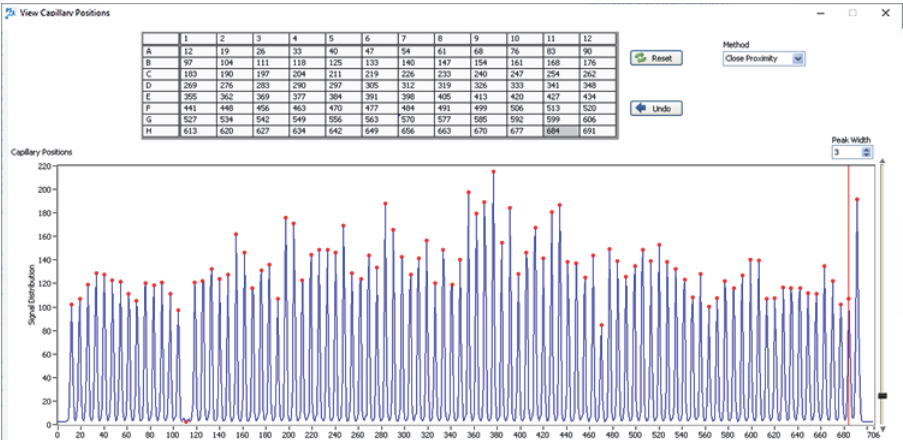


图 98 手动删除像素 495 后的校准情况

接下来，如需手动添加位置，在希望添加毛细管的相邻毛细管位置处单击，然后通过键盘上的 [Insert] 进行插入。通过键盘上的箭头，将新添加的垂直红色光标 (cursor) 移动到所需位置，在本例中为像素 684（图 99）。

调整到正确的位置后，单击接受 (Accept)，以接受毛细管阵列的当前毛细管位置 (Capillary Positions) 表位置，并返回 ProSize 程序的主界面。后续的所有数据分析将使用新保存的毛细管位置。

ProSize 查看毛细管位置
手动重置毛细管位置

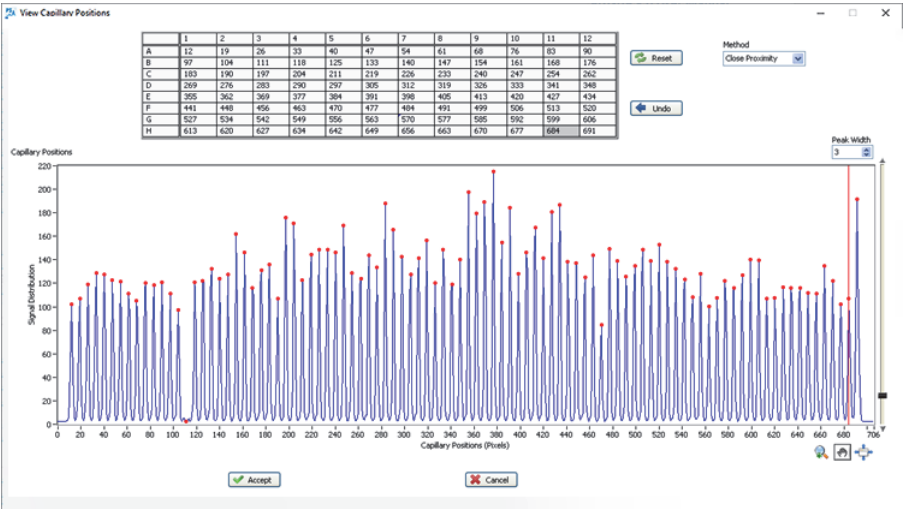


图 99 在最右边的位置单击 [Insert] 并使用键盘箭头将垂直光标 (cursor) 移动到像素 684 后的校准情况。现在已正确定位毛细管位置。单击接受 (Accept) 以保存

10

ProSize 故障排除指南

ProSize 软件错误消息 199

本章介绍了 ProSize 软件的故障排除。

ProSize 软件错误消息

下表列出了使用 ProSize 软件时可能遇到的一些错误消息或问题，并提供了这些问题的解决办法。

- 当列出多个原因和纠正措施时，将按最可能到最不可能的顺序排列
- 如果采取了所有纠正措施后问题仍然存在，请联系相应的客户服务中心获取更多帮助

有关处理数据的更多信息，请参见ProSize软件中的[帮助下的视频教程](#) (Help > Tutorial Videos)。

对于硬件相关的问题，请参阅相应的试剂盒用户手册，或仪器系统手册。

表 55 ProSize 软件错误消息

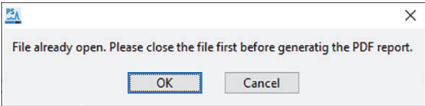
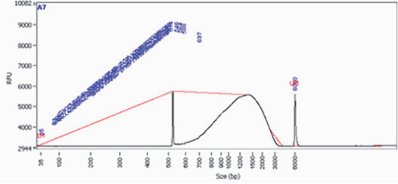
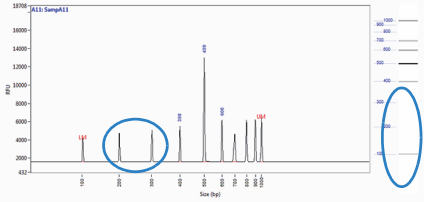
问题	原因	纠正措施
在主界面处理数据时，底部工具栏显示红色闪烁消息： 警告：检出的峰与 Ladder 峰分布之间不匹配！未建立分子量校准曲线。(Warning: Mis-match between detected peaks and ladder assignment! No sizing calibration curve is established.)	1 实际积分峰的数量与 Ladder 的峰数量不匹配 2 为 Ladder 选择了错误的样品孔	1 确认积分峰的数量是否正确，必要时进行调整。Calibration ladder 表中应包括 Marker 峰 2 确认选择了正确的 Ladder 孔位；重新分配 calibration ladder 表中的峰 如需了解更多信息，请参阅第 5 章, “ProSize 分子量校准 (Size Calibration) 界面”。
生成 PDF 报告时显示以下消息： 	1 已打开另一个同名 PDF 报告	1 关闭打开的其他所有文件并重复该操作

表 55 ProSize 软件错误消息

问题	原因	纠正措施
在尝试对弥散条带进行积分时，基线未正确跟随曲线。 参见以下示例： 	1 峰宽 (s) (Peak Width (sec)) 设定值太小	1 增大峰宽 (s) (Peak Width (sec)) 设定值，直到正确绘制基线 2 使用手动基线设定点 (Manual Baseline Setpoints) 功能从 lower/upper marker 区域外开始设置基线。更多信息见表 25
在电泳峰图 (Electropherogram Image) 中观察到峰，但在数字化胶图 (Digital Gel Image) 中没有看到相应的条带。 示例： 	1 峰宽 (s) (Peak Width (sec)) 设定值太大 2 数字化胶图 (Digital Gel Image) 工具栏上的隐藏/显示未积分的峰 (Hide/Show Non-Integrated Peaks) 功能设置为隐藏未积分的峰	1 降低峰宽 (s) (Peak Width (sec)) 设定值，直到正确积分峰 2 将图标切换为显示未积分的峰 (Show Non-Integrated Peaks)。
在 RNA 模式下，RQN 值显示 NaN。	1 样品浓度太低，软件无法准确计算 RQN 值	1 样品检测方法中增加进样时间，提高进样量 2 增大加入 Diluent Marker 的样品浓度
在数字化胶图 (Digital Gel Image) 显示中，lower 和/或 upper marker 在泳道之间未准确对齐。	1 最低峰高 (Min. Peak Height (RFU)) 阈值设置过高，导致无法识别 marker 的峰 2 将迁移到 marker 附近的其他峰（例如引物/二聚体）识别为 Lower Marker	1 在设置单个参数 (Set Individual Parameters) 菜单的 marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡中调整/降低最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU)) 阈值；根据需要应用于单个样品或所有样品 2 在设置单个参数 (Set Individual Parameters) 菜单的 marker 分析 (Marker Analysis) 选项卡中调整/增加最低峰高 (RFU) (Min. Peak Height (RFU)) 阈值；根据需要应用于单个样品或所有样品

批量处理 202

执行批量处理 202

本章介绍了如何执行批量处理流程，并概述了各种导出选项。

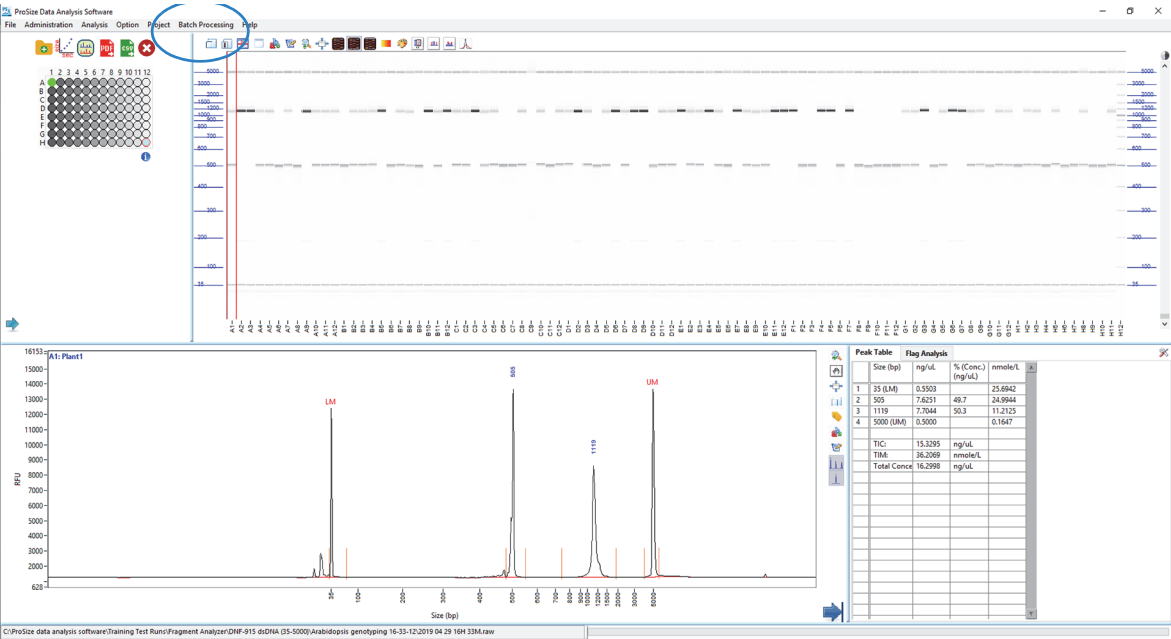
批量处理

ProSize 软件可对文件夹中的一系列运行进行批量处理，并将参数/报告发送到输出文件夹。如果未指定输出文件夹，则将数据导出并放回原始数据文件夹。

为了成功应用批量处理程序，仪器软件中的运行方法 (Run Method) 名称必须与 ProSize 中的配置方法完全匹配。

执行批量处理

- 1 在菜单中选择批量处理 > 数据批量处理 (Batch Processing > Batch Data Process)。



打开数据批量处理 (Batch Data Processing) 窗口（图 100）。表 56 汇总了该窗口中的可用选项。

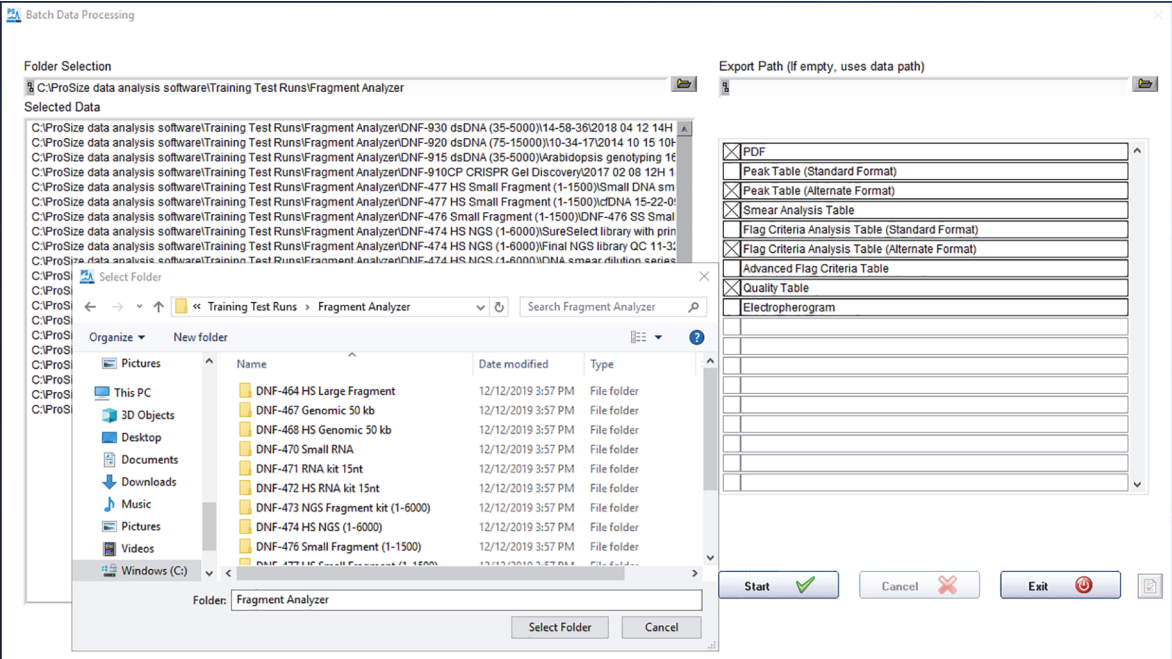


图 100 数据批量处理 (Batch Data Processing) 窗口。此时打开了文件选择浏览器以确定文件夹

表 56 数据批量处理 (Batch Data Processing) 窗口选项

项目	描述
文件夹选择 (Folder Selection)	您可以选择要批量处理的数据文件所在的文件夹位置。找到文件夹后，选择 当前文件夹 (Current Folder)，设置文件夹位置。
导出路径 (Export Path) (如果为空，则使用数据路径)	您可以选择导出数据的文件夹位置。找到文件夹后，选择 当前文件夹 (Current Folder)，设置文件夹位置。 注：如果此字段为空，程序会将数据导出到上述 文件夹选择 (Folder Selection) 中的数据文件夹。
导出文件选项 (Export File Options)	您可以定义数据导出中可用的导出选项（PDF、峰列表 peak table、标记分析 flag analysis 等）。
启动 (Start)	启动批量处理程序。

表 56 数据批量处理 (Batch Data Processing) 窗口选项

项目	描述
退出 (Exit)	终止批量处理程序并关闭窗口。
查看错误日志 	打开错误日志 (Error Log) 对话框，您可以快速确定与批量处理相关的错误（图 101）。

启动批量处理：

- 1 在数据批量处理 (Batch Data Processing) 窗口的文件夹选择 (Folder Selection) 下，选择  并导航至包含输入文件的文件夹
- 2 单击当前文件夹 (Current Folder) 以接受文件夹位置
- 3 在导出路径 (Export Path) 下，选择  并导航至用于导出文件的文件夹位置
- 4 单击当前文件夹 (Current Folder) 以接受文件夹位置

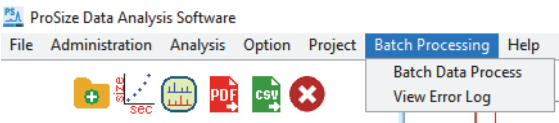
注意

如果没有选择文件夹，程序会将数据导回原始数据文件夹。

- 5 选择启动 (Start)，启动流程
批量处理完成后，错误日志 (Error Log) 窗口将显示每个文件的最终处理状态。

如需显示文件的批量处理状态：

- 1 在数据批量处理 (Batch Data Processing) 窗口中选择查看错误日志 (View Error Log)
或
在菜单中选择批量处理 > 查看错误日志 (Batch Processing > View Error Log)。



打开错误日志 (Error Log) 窗口（图 101）。表 57介绍了与该窗口相关的输出错误。

Error Log

Data File Name	Critical Error	Input Error	Generation Error	Individual Error
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-930 ddDNA (35-5000)\14-58-36\2018 04 12 14H 58M.raw	✔	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-920 ddDNA (75-15000)\10-34-17\2014 10 15 10H 34M.raw	✔	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-915 ddDNA (35-5000)\Arabidopsis genotyping 16-33-12\2019	✔	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-910CP CRISPR Gel Discovery\2017 02 08 12H 18M\2017 02 08	✔	✖	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-477 HS Small Fragment (1-1500)\Small DNA smear 19-18-22\	✔	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-477 HS Small Fragment (1-1500)\cfDNA 15-22-09\2016 09 23	✔	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-476 Small Fragment (1-1500)\DNF-476 SS Small Fragment Kit	✔	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-474 HS N	✖	✖	✖	✖
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-474 HS N	✔	✖	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-474 HS N	✖	✖	✔	⚠
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-473 NGS	✔	✖	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-472 HS R	✔	✔	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-472 HS R	✖	✖	✖	✖
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-472 HS R	✔	✔	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-471 RNA	✔	✔	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-470 Smal	✔	✖	✖	✖
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-468 HS G	✔	✔	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-467 Gent	✔	✔	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-467 Gent	✔	✔	✔	✔
C:\ProSize data analysis software\Training Test Runs\Fragment Analyzer\DNF-464 HS L	✔	✖	✔	⚠

OK

图 101 错误日志 (Error Log) 窗口

- 2 如需查看文件的具体错误，请单击相应的文件
- 将打开一个对话框，显示有关错误的信息。
- 3 如需在 ProSize 中打开文件，请关闭对话框并双击文件
- 提供错误的详细信息。
- 将生成一个包含所有错误 .txt 文件的文件夹，位于
- C:\ProSize data analysis software\Error Log 下（图 102）。

Windows (C:) > ProSize data analysis software > Error Log			
Name	Date modified	Type	Size
2014 10 08 19h 10m	12/17/2019 10:57 ...	Text Document	1 KB
2014 10 15 10h 34m	12/17/2019 10:53 ...	Text Document	1 KB
2016 03 08 19h 18m	12/17/2019 10:55 ...	Text Document	1 KB
2016 04 28 17h 23m	12/17/2019 10:56 ...	Text Document	1 KB
2016 07 21 12h 26m	12/17/2019 10:59 ...	Text Document	1 KB
2016 09 23 15h 22m	12/17/2019 10:56 ...	Text Document	1 KB
2016 12 20 15h 07m	12/17/2019 10:58 ...	Text Document	1 KB
2017 01 05 18h 12m	12/17/2019 11:00 ...	Text Document	1 KB
2017 02 08 12h 18m	12/17/2019 10:55 ...	Text Document	1 KB
2017 11 02 11h 32m	12/17/2019 10:56 ...	Text Document	1 KB
2017 12 19 12h 03m	12/17/2019 10:57 ...	Text Document	1 KB

图 102 在 C:ProSize data analysis software/Error Log 中生成错误文本文件

表 57 批量处理程序生成的错误消息

错误类别	描述
严重错误 (Critical Error)	1 ProSize 无法找到配置文件（没有与方法文件同名的文件） 2 存在配置文件，但 ProSize 无法应用分子量校准
输入错误 (Input Error)	1 用户指定了一个表（例如标记分析 (Flag Analysis) 或 弥散条带分析 (Smear Analysis)），但没有在 ProSize 中设置生成这些报告的参数。用户必须前往设置单个参数 (Set Individual Parameters) 界面，设置相应的功能（标记 Flag、弥散条带 Smear、高级标记 Advanced Flag 等）
生成错误 (Generation Error)	1 用户指定了一个表（例如标记分析 (Flag Analysis) 或 弥散条带分析 (Smear Analysis)），但没有在 ProSize 中设置生成这些报告的参数。用户必须前往设置单个参数 (Set Individual Parameters) 界面，设置相应的功能（标记 Flag、弥散条带 Smear、高级标记 Advanced Flag 等） 2 用户正在使用一种模式，如 DNA 模式，但要求生成质量 (Quality table) 表，而该表仅支持 RNA 模式
单根毛细管错误 (Individual Error)	1 Marker 峰太宽（FWHM 太大） 2 没有峰

ProSize 增强型安全功能 (Enhanced Security Features)

- 激活增强型安全功能 208
- 激活系统控制器软件中的增强型安全功能 208
- 激活 ProSize 中的增强型安全功能 208
- 数据审批 213
- 查看事件报告 217
- 查看数据事件日志 219

本章介绍了 Enhanced Security Feature 的相关功能和使用。

激活增强型安全功能

ProSize 数据分析软件已更新，现包括增强的安全性和可靠性功能。

要使用所有增强的安全功能，需要增强安全的 .db3 运行文件来运行控制器软件 1.2 或更高版本。

激活系统控制器软件中的增强型安全功能

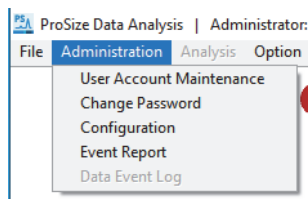
- 1 从菜单中选择**管理 > 配置** (Admin > Configuration)
- 2 选择**需要登录** (Login Required) 和**电子记录** (Electronic Records)
- 3 在离开配置界面之前选择**保存** (Save)

程序会通知您需要使用 ProSize 3.0 或更高版本才能读取启用了增强型安全功能的软件创建的数据库文件。

现在，执行的所有运行都将存储在加密数据库中，只能通过 ProSize 3.0 或更高版本进行读取。

激活 ProSize 中的增强型安全功能

- 1 从菜单中选择**管理 > 配置** (Administration > Configuration)



将打开 **ProSize 数据分析软件登录配置** (ProSize Data Analysis Software Login Configuration) 窗口（图 103）。

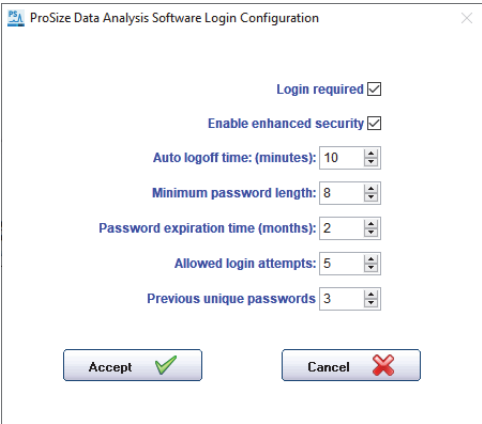


图 103 登录配置 (Login Configuration) 窗口

- 2 如需启用增强型安全功能，请选择**需要登录** (Login Required)，然后选择**启用增强型安全功能** (Enable Enhanced Security)
- 3 根据需要定义其他设置。表 58 介绍了 ProSize 登录配置 (Login Configuration) 窗口中显示的设置

表 58 ProSize 登录配置设置

设置	描述
需要登录 (Login required)	选中后， ProSize 需要用户登录。该设置不启用增强型安全功能的合规性。
启用增强型安全功能 (Enable enhanced security)	启用增强型安全功能。要启用此选项，必须启用 需要登录 (Login required)。
自动注销时间 (min) (Auto Logoff Time: (minutes))	系统的闲置时间达到该设定值后将自动退出登录。
最小密码长度 (Minimum password length)	设置用户密码的最小字符长度。输入 0 表示没有最小密码长度限制。
密码有效期（月） (Password expiration time (months))	用户必须更改密码的频率。输入 0 表示密码不会过期。

表 58 ProSize 登录配置设置

设置	描述
允许的登录尝试次数 (Allowed login attempts)	允许的用户登录尝试次数。0 表示没有登录尝试次数限制。
之前唯一密码 (Previous unique passwords)	为单个用户设置必须唯一的密码的数量。0 表示没有与之前唯一密码相关的要求。

4 单击接受 (Accept)

系统将提示您设置管理员账户。

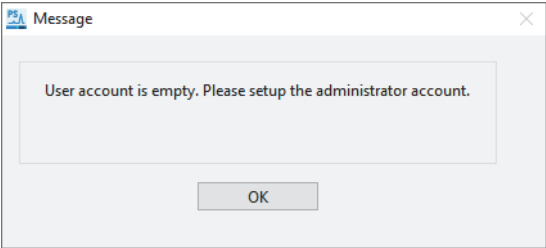


图 104 关于设置管理员账户的消息

5 选择确定 (OK) 设置管理员账户

打开用户账户设置 (User Account Setup) 窗口 (图 105)。在表 59 中对这些用户设置进行了介绍。

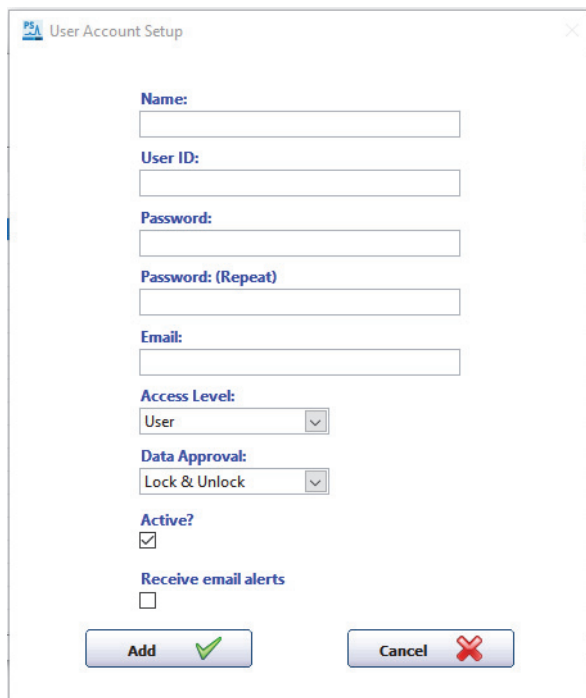
The image shows a 'User Account Setup' dialog box with a title bar containing a 'PS' icon and a close button. The dialog contains several input fields and checkboxes. The fields are: 'Name:' (text box), 'User ID:' (text box), 'Password:' (text box), 'Password: (Repeat)' (text box), 'Email:' (text box), 'Access Level:' (dropdown menu with 'User' selected), 'Data Approval:' (dropdown menu with 'Lock & Unlock' selected), 'Active?' (checkbox checked), and 'Receive email alerts' (checkbox unchecked). At the bottom, there are two buttons: 'Add' with a green checkmark icon and 'Cancel' with a red X icon.

图 105 用户账户设置 (User Account Setup) 窗口

表 59 用户账户设置

用户设置	描述
名称 (Name)	输入用户名。
用户 ID (User ID)	输入用户 ID。
密码 (Password)	设定一个密码。 注 密码必须遵循 登录配置 (Login Configuration) 窗口中规定的要求 (图 103)。
密码 (重复) (Password (Repeat))	再次输入所设定的密码，确认是否正确输入。
电子邮件 (Email)	输入与账户关联的电子邮件地址。注: 仅当用户希望在无效登录尝试时收到电子邮件警报的情况下才需要设置。
访问级别 (Access Level)	从以下三种访问级别中选择一种： 管理员 (Administrator) : 不限制访问，能够更改所有用户信息和修改登录设置。可访问所有分析功能。 高级用户 (Advanced User) : 能够设置默认的数据文件路径、配置设置、语言、毛细管阵列形式以及显示模式。可访问所有分析功能。 用户 (User) : 最受限制的级别，可以访问分析功能，但无法访问 高级用户 (Advanced User) 和 管理员 (Administrator) 可访问的高级功能。
数据审批 (Data Approval)	设置用户锁定和解锁数据的能力。 具有以下选项: 不允许 (Not Allow) 、 锁定和解锁 (Lock and Unlock) 以及 仅锁定 (Lock Only) 。
激活? (Active?)	如果选中，则激活账户。
接收电子邮件警报 (Receive email alerts)	由于用户登录失败 (即尝试登录失败)，ProSize 终止时将发送电子邮件。

数据审批

- 1 如需访问数据审批功能，请在导航栏中单击**数据审批** (Data Approval)。

下拉菜单中提供了**锁定** (Lock)、**解锁** (Unlock) 和**文件锁定记录** (File Lock Records) 选项。

注意

需要相应的**数据审批** (Data Approval) 级别才能访问数据审批功能（见第 212 页表 59）。

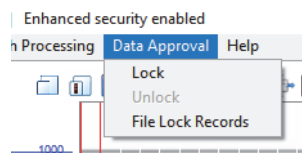


图 106 数据审批功能

- 2 如需禁用 ProSize 中的进一步分析，请单击**锁定** (Lock)
将打开 **ProSize 锁定登录** (ProSize Lock Logon) 窗口。

3 输入您的用户 ID (User ID) 和密码 (Password)

意义 (Meaning) 显示审批工作流程的当前状态（**作者 (Author)**、**审核人 (Reviewer)** 或 **批准人 (Approver)**）。

您可以在**描述 (Description)** 字段中输入相关的备注或注释。

作者批准更改后，不能再对数据进行编辑。

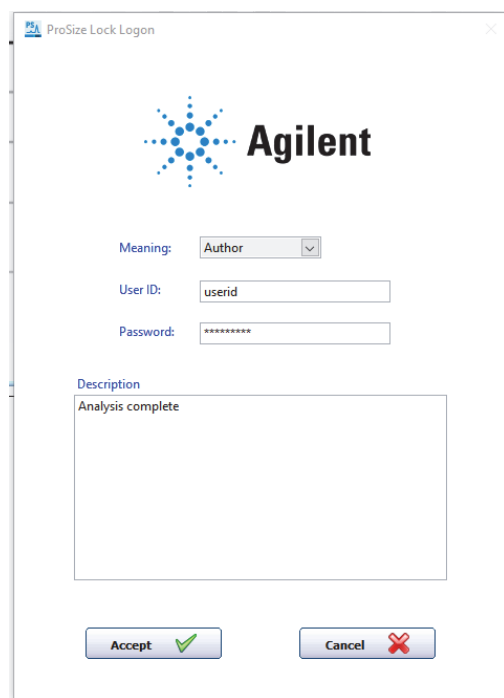
The image shows a software dialog box titled "ProSize Lock Lagon". At the top center is the Agilent logo, which consists of a blue star-like icon made of dots and the word "Agilent" in a bold, black, sans-serif font. Below the logo, there are three input fields: "Meaning:" with a dropdown menu currently showing "Author", "User ID:" with a text box containing "userid", and "Password:" with a text box containing ten asterisks. Below these fields is a "Description" section with a text box containing the text "Analysis complete". At the bottom of the dialog, there are two buttons: "Accept" with a green checkmark icon and "Cancel" with a red X icon.

图 107 ProSize 登录窗口 - 锁定

如果您具备相应的数据审批 (Data Approval) 级别，可以解锁 .db3 文件，进行进一步的分析。

- 1 如需解锁文档，请单击数据审批 > 解锁 (Data Approval > Unlock)

将打开 **ProSize 锁定登录** (ProSize Lock Logon) 窗口。



图 108 ProSize 登录窗口 — 解锁

文件锁定记录 (File Lock Records) 为您提供与数据文件相关的所有锁定和解锁事件的列表。

- 1 如需访问此功能，请单击数据审批 > 文件锁定记录 (Data Approval > File Lock Records)

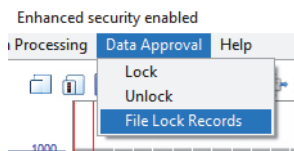


图 109 数据审批功能 — 文件锁定记录

将打开文件锁定记录 (File Lock Records) 窗口，显示记录的操作（见第 216 页表 60）。

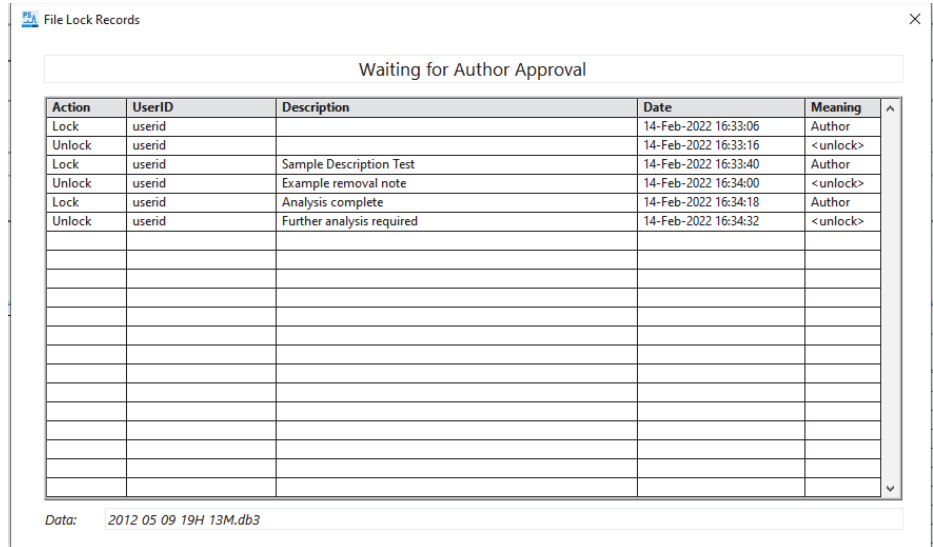


图 110 文件锁定记录 (File Lock Records) 窗口

表 60 文件锁定记录 (File Lock Records) 窗口中的字段

字段	描述
操作 (Action)	报告 锁定 (Lock) 或 解锁 (Unlock)。
用户 ID (UserID)	记录应用或解除锁定的用户 ID。
描述 (Description)	显示用户对应用或解除锁定所做的任何注释。
日期 (Date)	报告各个事件的日期和时间，精确到秒。
意义 (Meaning)	显示 作者 (Author)、 审核人 (Reviewer) 或 批准人 (Approver)。

查看事件报告

事件报告 (Event Report) 窗口追踪 ProSize 所有注册用户在 ProSize 增强型安全功能软件的整个历史中所做的更改（除非该文件已存档）。

- 1 从菜单中选择管理 > 事件报告 (Administration > Event Report)。

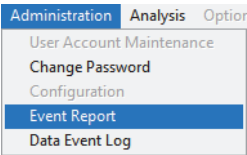


图 111 管理下拉菜单

将打开事件报告 (Event Report) 窗口（图 112）。表 61 对报告表进行了介绍。表 62 对该窗口中显示的菜单项进行了介绍。

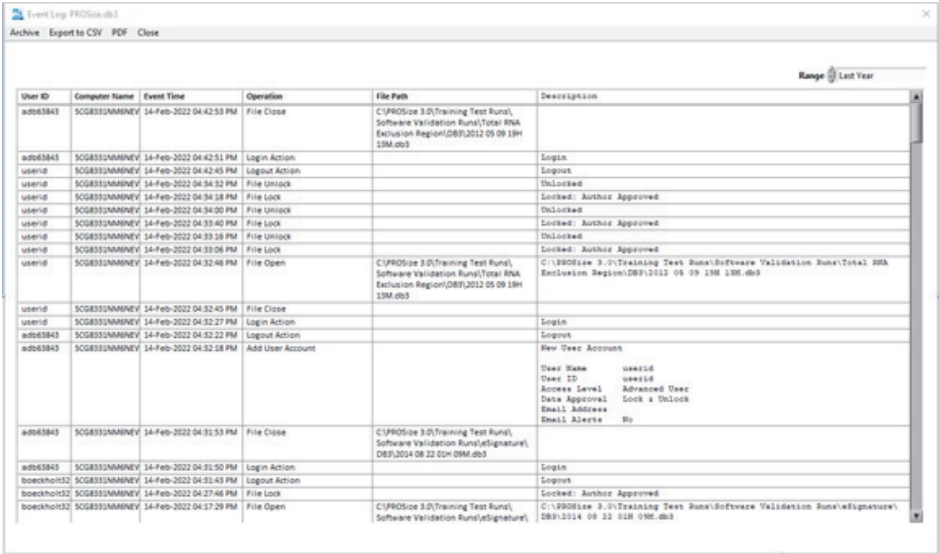


图 112 事件报告 (Event Report) 窗口

表 61 事件报告 (Event Report) 窗口中显示的字段

字段	描述
用户 ID (UserID)	显示应用或删除电子签名 (eSignature) 的用户 ID。
计算机名称 (Computer Name)	发生事件的计算机名称。
事件时间 (Event Time)	各个事件的日期和时间，记录到秒。
操作 (Operation)	用户执行的事件类型，例如，登录操作 (Logon Action)、打开文件 (File Open) 等。
文件路径 (File Path)	显示与用户执行的事件相关的文件路径。
描述 (Description)	用户所执行事件的相关描述。

表 62 事件报告 (Event Report) 窗口的菜单项

菜单项	描述
存档 (Archive)	允许用户将条目存档或打开存档条目（这会将当前数据库的条目传输到新的存档数据库中）。
导出为 CSV (Export to CSV)	将事件报告 (Event Report) 条目导出为 .csv 文件。
PDF	生成所有事件报告 (Event Report) 条目的 PDF 报告。
关闭 (Close)	关闭事件报告 (Event Report) 窗口。
范围 (Range)	用户选择需要查看条目的时间范围： - 过去 24 小时 - 上周 - 上个月 - 上一年 - 从今年开始 - 所有
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	在窗口中单击右键以打开显示菜单。 将事件报告 (Event Report) 条目复制到剪贴板。
将数据导出到 Excel (Export Data to Excel)	在窗口中单击右键以打开显示菜单。 将事件报告 (Event Report) 条目导出到 Microsoft Excel。

查看数据事件日志

数据事件日志 (Data Event Log) 窗口将追踪对 .db3 文件（即特定的数据文件）所做的所有更改，报告用户 ID (User ID)、计算机名称 (Computer Name)、事件时间 (Event Time)、操作 (Operation) 和描述 (Description)。

- 1 打开 .db3 文件
- 2 从菜单中选择管理 > 数据事件日志 (Administration > Data Event Log)

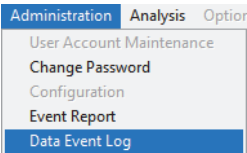


图 113 访问数据事件日志 (Data Event Log)

将打开数据事件日志 (Data Event Log) 窗口（图 114）。表 63 对该窗口中显示的菜单项进行了介绍。

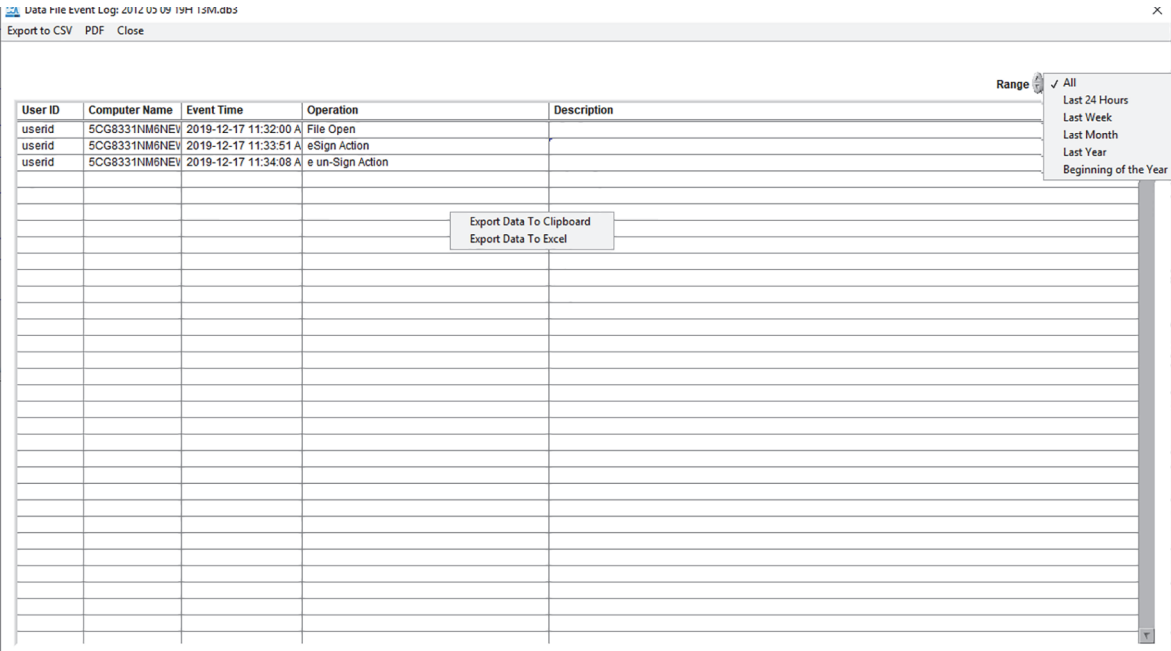


图 114 数据事件日志 (Data Event Log) 窗口

表 63 数据事件日志 (Data Event Log) 窗口的菜单项

菜单项	描述
导出为 CSV (Export to CSV)	将数据事件日志 (Data Event Log) 条目导出为 .csv 文件。
PDF	生成所有数据事件日志 (Data Event Log) 条目的 PDF 报告。
关闭 (Close)	关闭数据事件日志 (Data Event Log) 窗口。
范围 (Range)	用户选择需要查看条目的时间范围： • 过去 24 小时 • 上周 • 上个月 • 上一年 • 从今年开始 • 所有
将数据导出到剪贴板 (Export Data to Clipboard)	在窗口中单击右键以打开显示菜单。 将数据事件日志 (Data Event Log) 条目复制到剪贴板。
将数据导出到 Excel (Export Data to Excel)	在窗口中单击右键以打开显示菜单。 将数据事件日志 (Data Event Log) 条目导出到 Microsoft Excel。

本手册内容

本手册包含 ProSize 数据分析软件的相关信息。

本手册介绍了以下内容：

- 系统概述
- 要求和安装说明
- 软件主界面和菜单
- 数据配置
- 比较样品
- 数据导出
- 报告生成
- 故障排除
- 批量处理
- 增强型软件功能

www.agilent.com

© 安捷伦科技（中国）有限公司，2020–2022

中国出版
04/2022

文档编号：D0002111 修订版 B

