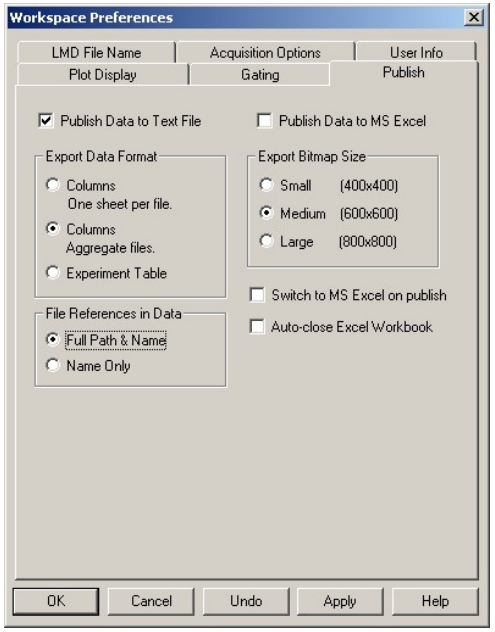
Экспорт данных о результатах исследования из проточного цитометра Cytomics FC500

Цитометр формирует текстовый файл results.txt с результатами проведенных исследований. Сформированный файл необходимо по компьютерной сети передать в информационную систему лаборатории, где должна осуществляться его обработка.

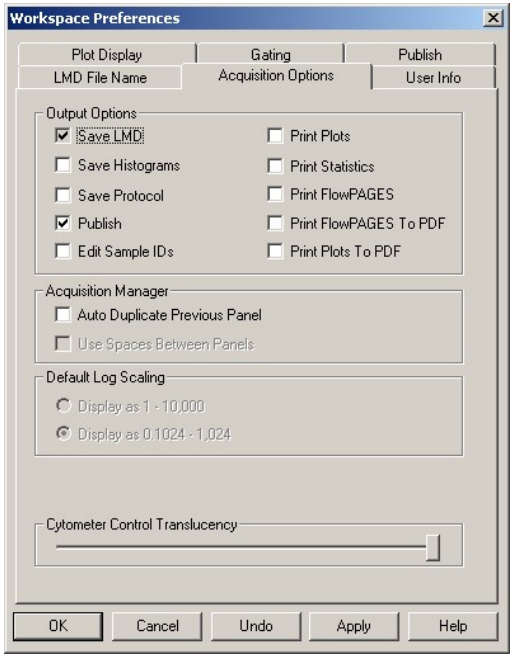
По умолчанию файл results.txt формируется в папке C/CXP/Users/имя вашего пользователя/Results. Место сохранения файла можно изменить:
В окне **CXP Cytometer Startu**p выбрать пользователя Admin, ввести пароль (по умолчанию установлен пароль “password”) и нажать кнопку **Admin**. В окне **User Administration** выделить нужного пользователя, нажать кнопку **Modify User.** На вкладке **Paths** в окне параметра **Results** укажите нужный путь сохранения файла.

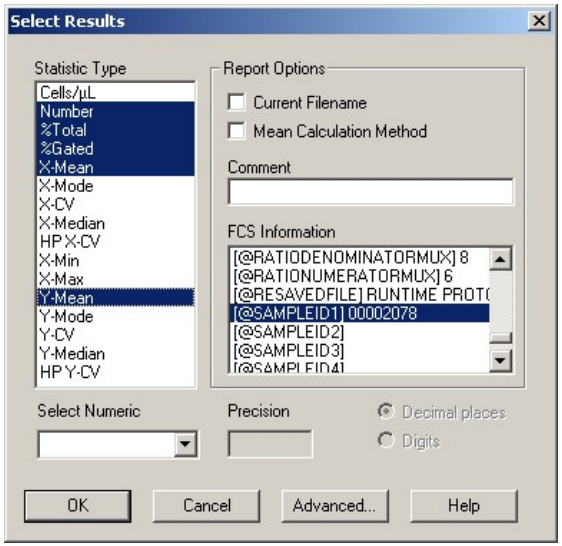
Формирование тестового файла с результатами

1. В меню **File** выберите пункт **Workspace preference.** В открывшемся окне Workspace preference на закладке **Publish** установите флажки **Publish data to text file** как показано на рисунке, установить флажок **Columns Aggregate files**:



2. В окне Workspace preference на закладке Acquisition Options установите флажок **Publish** как показано на рисунке:





3. Приведенные ниже операции необходимо выполнить для каждого протокола Откройте протокол, выберите пункт **Analysis -> Select Results**. Выделите в окне **Statistic Type** параметры, которые требуется экспортировать – Number, %Gated, X-Mean Y-Mean установлены для каждого протокола обязательно, при необходимости экспорта данных об абсолютном количестве клеток также выделите Cells/ul. В окне FCS information обязательно выделите поле @SampleID1 (его необходимо заполнять при анализе образца реальным значением идентификатора материала в ЛИС). Отметки Current filename и Mean Calculation Metod должны быть сняты.

Все данные, данные в окне **FCS information**, экспортируются в файл при их достоверности.

Можно использовать следующие поля в окне **FCS information:**
TESTNAME (название протокола)
@CAROUSEL (номер карусели)
@TUBENO (номер позиции пробирки на карусели)
@BARCODE (штрих-код пробирки)
@SAMPLEID1 (обязательный идентификатор образца, вводимый оператором в поле «Sample ID1» рабочего списка)
@SAMPLEID2 (необязательный идентификатор образца, вводимый оператором в поле «Sample ID2» рабочего списка)
@SAMPLEID3 (необязательный идентификатор образца, вводимый оператором в поле «Sample ID3» рабочего списка)
@SAMPLEID4 (необязательный идентификатор образца, вводимый оператором в поле «Sample ID4» рабочего списка)
@PANEL (название панели, если она использована)

4. Файл с результатами обновляется после очередного анализа пробирки - в него добавляются новые фрагменты к тому, что уже было.

5 Примеры содержания файлов для FC500

Пример с заполнением Sample ID1

Пример 1 (15 полей)

File	Gate	X Param	Y Param	Region	Abs Count	Number	%Total	%Gated	[TESTNAME]	[@TUBENO]	[@BARCODE]	[@CAROUSEL]	[@Y2KDATE]	[@SAMPLEID1]

Пример 2 (12 полей)

File Gate X Param Y Param Region Number %Gated Filename:- Mean Calcula [@SAMPLEID[$CYT] [@SAMPLEID2]

Необходимо убедиться, что идентификация исследуемых материалов правильна и соответствует результатам, для всех исследуемых образцов должны быть заполнено и выбрано для экспорта поле @SAMPLEID1.

Фрагмент реального файла текстового отчета от FC 500

CXP Cytometer Tuesday, September 18, 2007 12:33:14

File	Gate	X Param	Y Param	Region	Abs Count	Number	%Gated	X-Mean	Y-Mean	[@SAMPLEID1]
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD14-PE		ALL	ERROR	677	100.00	1.14	###	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC		ALL	ERROR	677	100.00	45.4	###	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	ALL	ERROR	677	100.00	45.4	1.14	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	ALL	ERROR	677	100.00	45.4	1.14	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	Ungated	CD14-PE	Granularity	ALL	ERROR	2125	100.00	5.17	383	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	Ungated	CD45-FITC	Granularity	ALL	ERROR	2125	100.00	25.7	383	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	Ungated	Granularity	Size	ALL	ERROR	2125	100.00	383	546	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	Ungated	Granularity	Size	A	ERROR	677	31.86	66.9	347	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC		B	ERROR	677	100.00	45.4	###	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD14-PE		C	ERROR	363	53.62	1.49	###	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	D1	ERROR	0	0.00	0	0	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	D2	ERROR	227	33.53	55.9	1.68	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	D3	ERROR	0	0.00	0	0	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	D4	ERROR	450	66.47	40	0.874	070711-01
C:\CXP\Users\immunology\LMD\070711-01 00002030 001.LMD	A [A]	CD45-FITC	CD14-PE	E	ERROR	677	100.00	45.4	1.14	070711-01

Субпопуляция клеток в этом отчете однозначно характеризуется 3-мя значениями: X Param+Y Param+Region

В приведенном примере

X Param	Y Param	Region
CD45-FITC	CD14-PE	D2

будет соответствовать в таком случае клеткам с фенотипом CD45+CD14+.

Результат подсчета этой субпопуляции в процентах будет находиться в колонке %Gated. Идентификатор материала находится в колонке SampleID1.

В полях, где результат не предусмотрен протоколом, вместо значений отображаются символы ### .

Отправка данных в ЛИС из сохраненных LMD-файлов.

Откройте нужный LMD-файл, выберите в меню Tools пункт Publish results now.