

# VarioskanLUX

## 簡易マニュアル



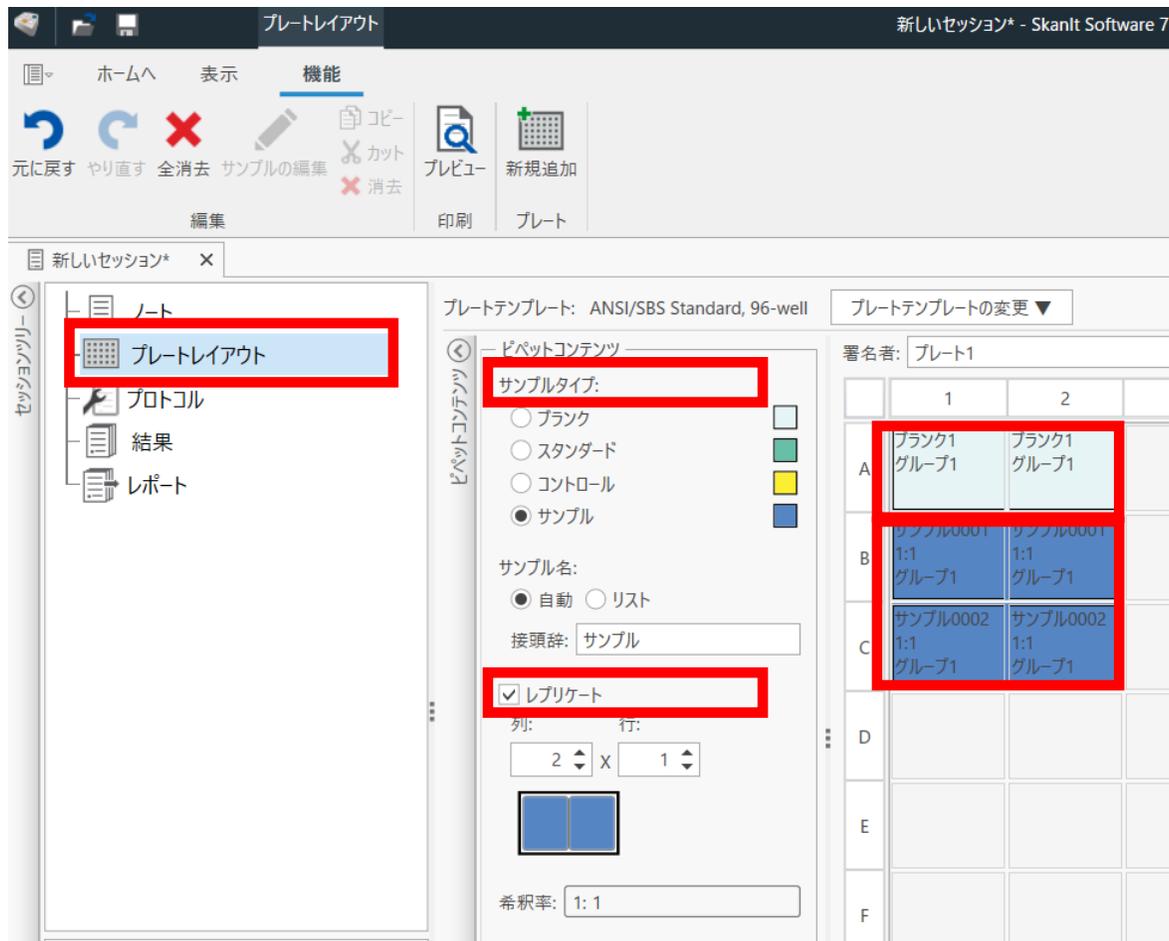
研究機器部門  
第1.0版 2023年10月

# 起動方法



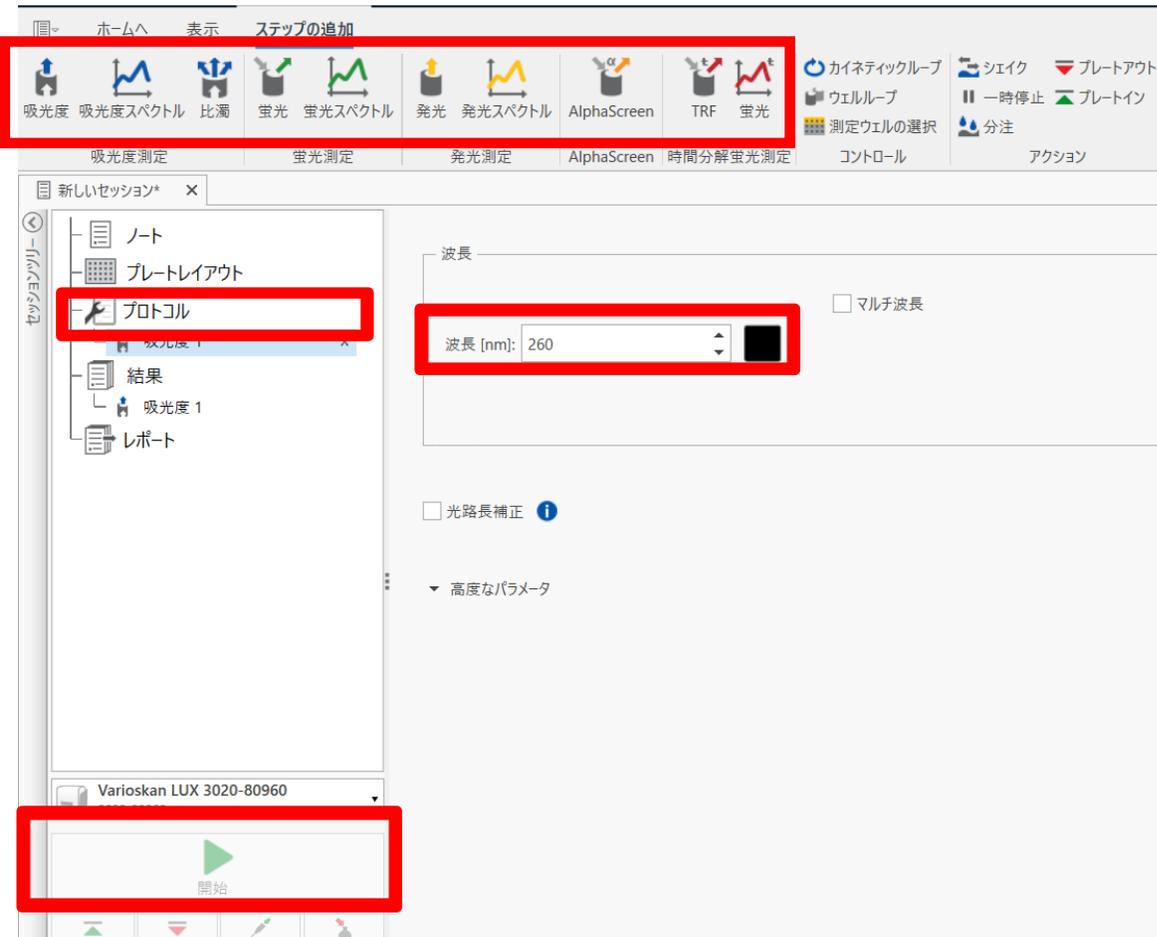
1. PC、本体左側面電源をON
2. 「**SkanIt**」ソフトウェアを立ち上げる
3. 「**新しいセッション**」をクリックしてプロトコルを作成
4. 既存のセッションを使用する場合は「**開く**」もしくは「**最近のセッションを開く**」から選択

# プレートレイアウトの設定方法



1. 「プレートレイアウト」をクリックし、「サンプルタイプ」をクリックまたはドラックして選択  
複数ウェルを使用する場合は「レプリケート」にチェックを入れて並べ方を設定

# プロトコルの設定方法・吸光



測定可能な範囲は

吸光度:200~1000nm

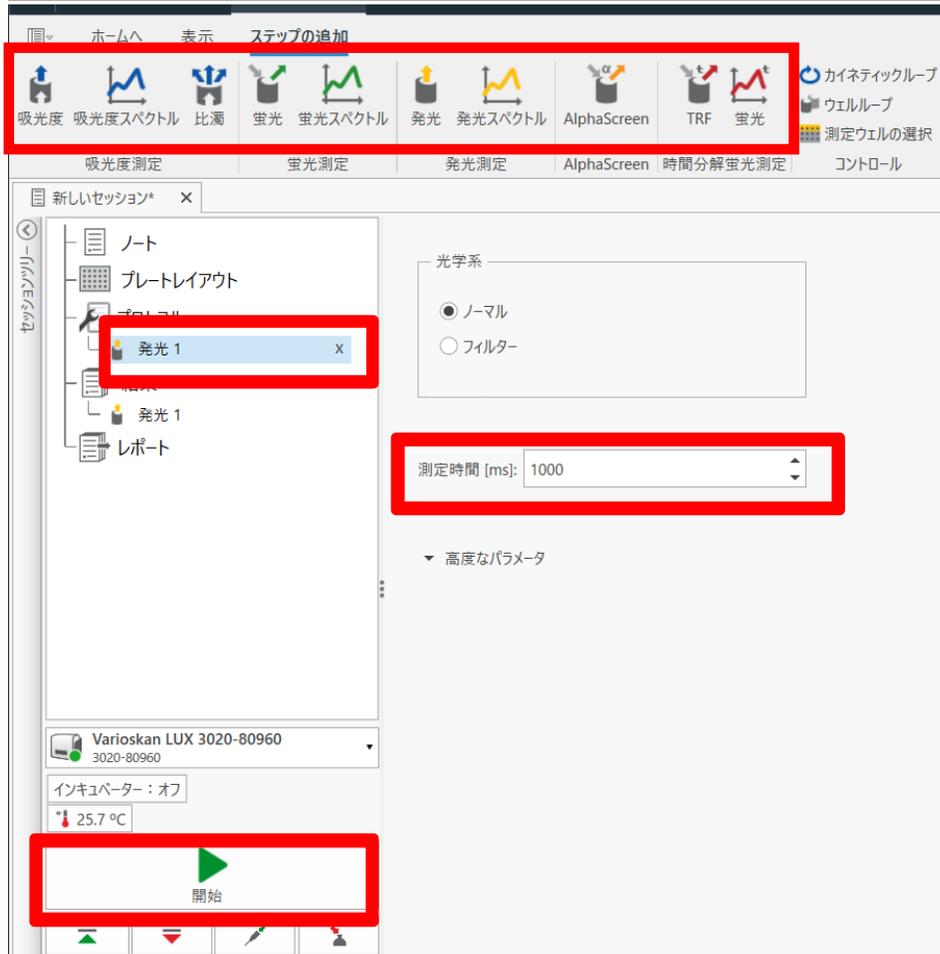
蛍光測定:励起波長200~

測定波長270~840nm

発光測定:10~10000msec

1. 「プロトコル」をクリックし、実施する測定に対応したアイコン(吸光度、蛍光、発光など)をクリック
2. プロトコルの下に追加されたアイコンをクリックし測定する波長を入力
3. 「開始ボタン」をクリックして測定を開始

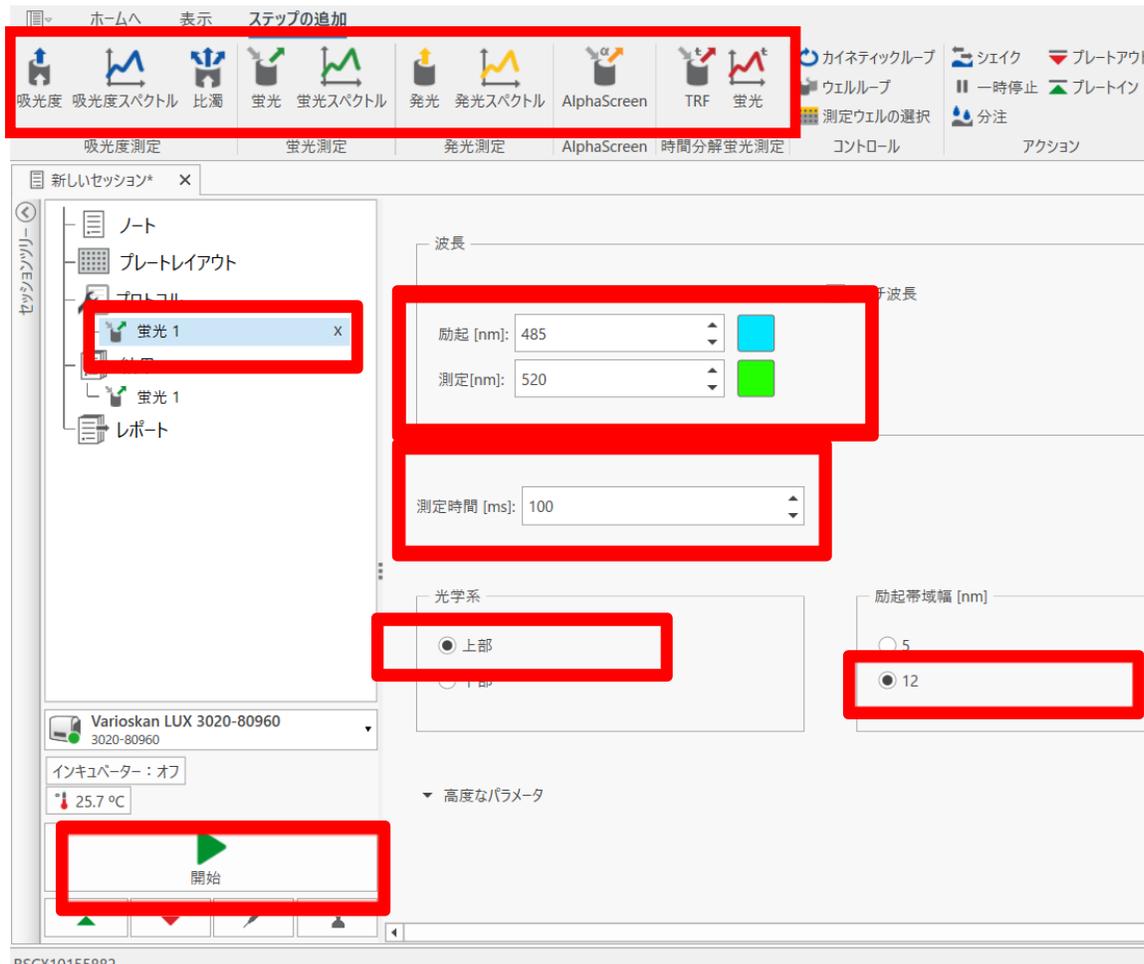
# プロトコルの設定方法・発光



測定可能な範囲は  
吸光度:200～1000nm  
蛍光測定:励起波長200～  
測定波長270～840nm  
発光測定:10～10000msec

1. 「プロトコル」をクリックし、実施する測定に対応したアイコン(吸光度、蛍光、発光など)をクリック
2. プロトコルの下に追加されたアイコンをクリックし測定する測定時間を入力(デフォルトは1000)
3. 「開始ボタン」をクリックして測定を開始

# プロトコルの設定方法・蛍光



測定可能な範囲は  
吸光度:200~1000nm  
蛍光測定:励起波長200~  
測定波長270~840nm  
発光測定:10~10000msec

1. 「プロトコル」をクリックし、実施する測定に対応したアイコン(吸光度、蛍光、発光など)をクリック
2. プロトコルの下に追加されたアイコンをクリックし測定する波長を入力(測定時間100はデフォルト)
3. 「開始ボタン」をクリックして測定を開始

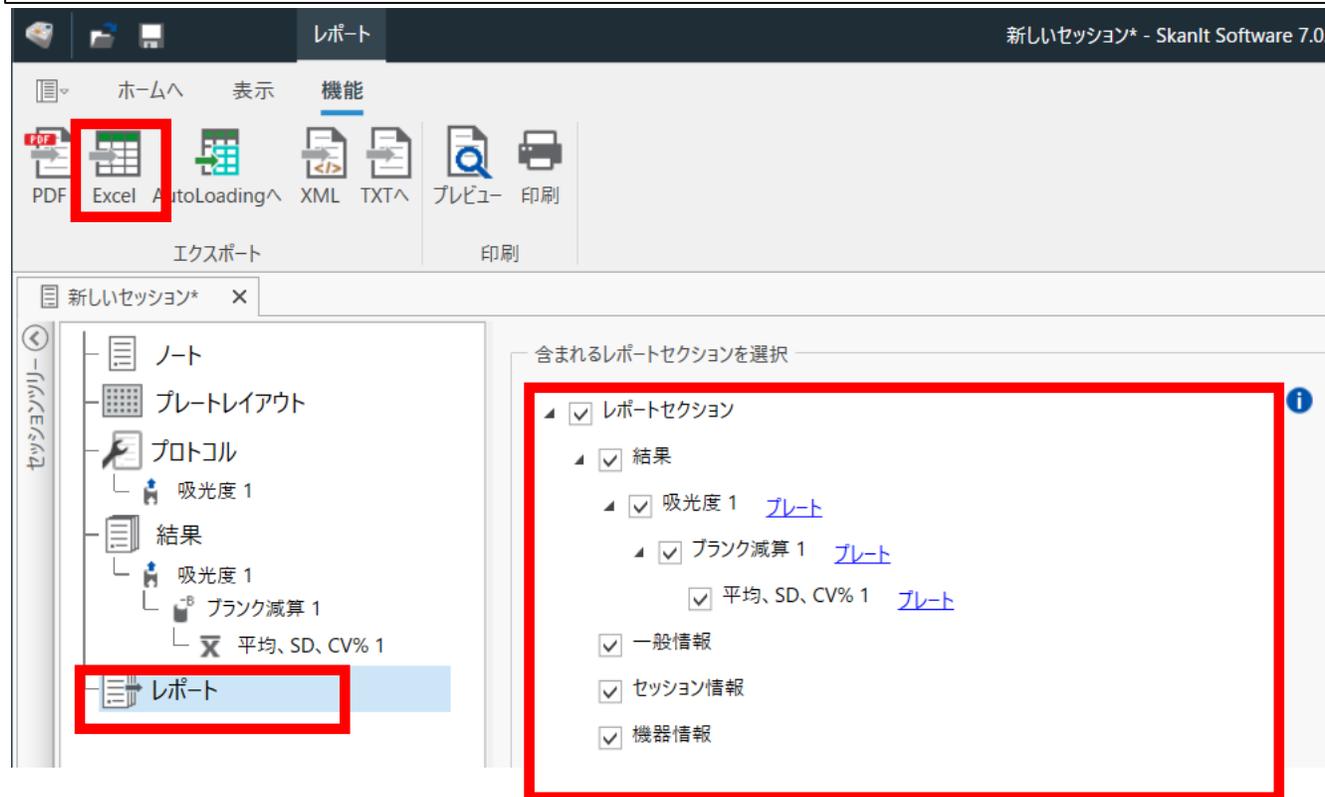
# 計算の追加

The screenshot shows a software interface with a top navigation bar and a main workspace. The top bar includes a '結果' (Results) tab and a '計算の追加' (Add Calculation) button. Below this, there are several icons for different calculation types: 'ブランク減算' (Blank subtraction), '平均、SD、CV%' (Average, SD, CV%), '基本計算' (Basic calculation), '1:X 希釈率' (1:X Dilution rate), '% 正規化' (% Normalization), '光路長補正' (Path length correction), '標準曲線' (Standard curve), '用量反応' (Dose response), '平行線分析' (Parallel line analysis), '酵素のカイネティクス' (Enzyme kinetics), and 'カイネ' (Kinetics). The 'ブランク減算' and '平均、SD、CV%' icons are highlighted with a red box. The main workspace shows a '新しいセッション\*' (New session\*) window with a tree view on the left and a data table on the right. The tree view has '結果' (Results) expanded, showing '吸光度 1' (Absorbance 1) and 'ブランク減算 1' (Blank subtraction 1). The '平均、SD、CV%' icon is also highlighted with a red box. The data table has columns for '1', '2', and '3' and rows for 'A', 'B', and 'C'. The table content is as follows:

	1	2	3
A	ブランク1	ブランク1	
B	サンプル0001	サンプル0001	
C	サンプル0002	サンプル0002	

1. 結果の測定に対応したアイコンをクリックすると測定されたデータが表示
2. ブランク設定の場合、「**ブランク演算**」をクリックすると演算処理し、レプリケートの場合、「**平均、SD、CV%**」をクリックすると、その下に演算が追加される

# エクセルに変換



1. 測定終了後に「レポート」アイコンをクリック
2. 「Excel」アイコンをクリックすると選択された全てのデータを一つのエクセルファイルにエクスポートできる

# 吸光・二波長で測定

The screenshot shows the SkanIt Software 7.0.2 RE for Microplate Reader interface. The title bar reads "新しいセッション\* - SkanIt Software 7.0.2 RE for Microplate R". The main window is titled "新しいセッション\*" and contains a left sidebar with a tree view and a main workspace.

**Protocol Setup:**

- The "プロトコル" (Protocol) step is selected in the tree view.
- Under "プロトコル", two sub-steps are added: "吸光度 1" (Absorbance 1) and "吸光度 2" (Absorbance 2).
- In the main workspace, the "波長" (Wavelength) field is set to "620" nm.
- The "マルチ波長" (Multi-wavelength) checkbox is unchecked.
- The "光路長補正" (Optical path length correction) checkbox is unchecked.
- The "高度なパラメータ" (Advanced parameters) section is expanded.
- The "開始" (Start) button is highlighted with a red box.

1. 「プロトコル」をクリックし、「吸光」のアイコンをクリックし波長を入力
2. これを2回繰り返す
3. 「開始」ボタンをクリックし測定を開始

# 計算の追加・エクセル変換

230111安定性\_V.skax\* - SkanIt Software 7.0.2 RE for

計算の追加

基本計算

計算タイプ:

減算 (A-B)

比率 (A/B)

乗算 (A\*x)

除算 (A/x)

データソース:

A: 吸光度 1

B: 吸光度 2

	2	3	4	5	
0071	-0.003488	-0.002316	-0.003352	-0.003352	-0.003352
6	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
%	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %
0091	-0.003463	-0.002606	-0.002528	-0.002528	-0.002528
6	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
%	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %
0639	-0.003602	-0.003518	-0.002559	-0.002559	-0.002559
6	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
%	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %
0167	-0.003860	-0.003842	-0.003024	-0.003024	-0.003024
6	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
%	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %	NaN %
0345	-0.003251	-0.003456	-0.003794	-0.003794	-0.003794

1. 結果の測定に対応したアイコンをクリックすると測定されたデータが表示
2. 「基本計算」をクリック
3. 計算タイプで二波長間の差を求める場合は減算 (A-B) を比率 (A/B) を選択しデータソースのA,Bを設定
4. 測定終了後に「レポート」アイコンをクリックし、「Excel」アイコンをクリックすると二波長分の測定データと計算済みのデータを一つのエクセルファイルにエクスポートできる

# スタンダード設定してサンプル濃度を定量

プレートテンプレート: ANSI/SBS Standard, 96-well

署名者: プレート1

ピケットコンテンツ

- ブランク
- スタンダード
- コントロール
- サンプル

サンプル名:

自動  リスト

接頭辞: スタンダード

レプリケート

2 x 1

濃度

系列  任意の値

2000  
1750  
1200  
800  
400  
100  
1

単位:

	1	2	3	4
A	ブランク1 グループ1	ブランク1 グループ1		
B				
C				
D				
E				
F				
G				
H				

1. 「プレートレイアウト」をクリック
2. 「ブランク」をクリックしてブランクとして設定するウェルをクリックまたはドラック
3. 「スタンダード」をクリック
4. 「レプリケート」、濃度にチェックを入れる
5. 「任意の値」にチェックを入れ、スタンダードの濃度を入力
6. 必要に応じて「単位」を入力

# スタンダード設定してサンプル濃度を定量

プレートテンプレート: ANSI/SBS Standard, 96-well

署名者: プレート1

	1	2	3	4	5
A	ブランク1 グループ1	ブランク1 グループ1			
B	スタンダード000 1 ng/mL グループ1	スタンダード000 1 ng/mL グループ1			
C	スタンダード000 100 ng/mL グループ1	スタンダード000 100 ng/mL グループ1			
D	スタンダード000 400 ng/mL グループ1	スタンダード000 400 ng/mL グループ1			
E	スタンダード000 800 ng/mL グループ1	スタンダード000 800 ng/mL グループ1			
F	スタンダード000 1 200 ng/mL グループ1	スタンダード000 1 200 ng/mL グループ1			
G	スタンダード000 1 750 ng/mL グループ1	スタンダード000 1 750 ng/mL グループ1			
H	スタンダード000 2 000 ng/mL グループ1	スタンダード000 2 000 ng/mL グループ1			

単位: ng/mL

1. マウスポインターでクリックまたはドラッグした順に濃度が入力されたスタンダードウェルが設定

# スタンダード設定してサンプル濃度を定量

ブランク減算 平均、SD、CV% 基本計算 1:X 希釈率 % 正規化 光路長補正

標準曲線 質量反応 平行線分析 酵素のカイネティクス カイネティック スペクトル マルチポイント

基本 カープ データ抽出

新しいセッション\* x

セッションエディター

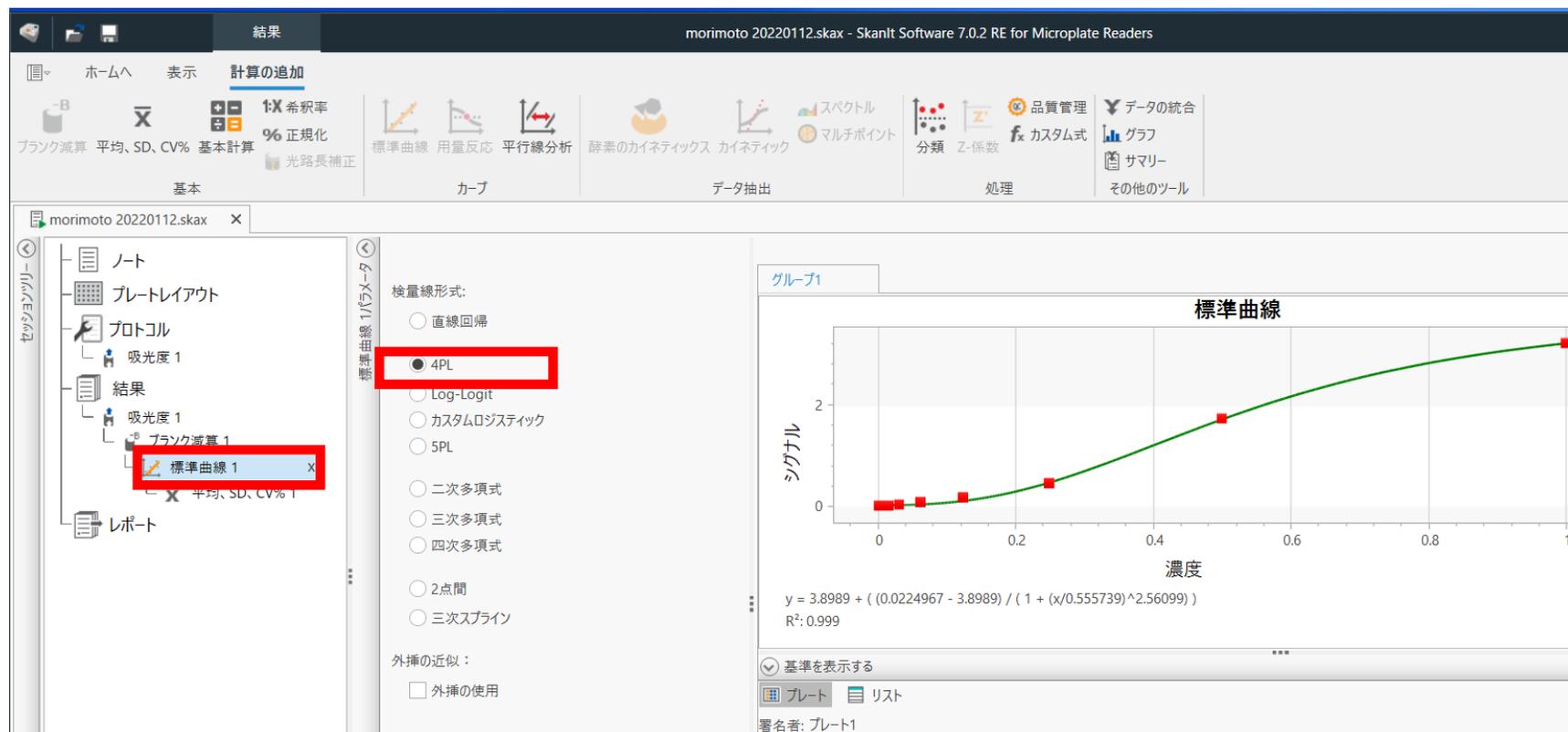
- ノート
- プレートレイアウト
- プロトコル
  - 吸光度 1
- 結果
  - 吸光度 1
  - ブランク減算 1 x
- レポート

署名者: プレート1

	1	2	3	4
A	ブランク1	ブランク1		
B	スタンダード0007	スタンダード0007		
C	スタンダード0006	スタンダード0006		
D	スタンダード0005	スタンダード0005		
E	スタンダード0004	スタンダード0004		

1. 結果の測定に対応したアイコンをクリックすると測定されたデータが表示
2. 「ブランク演算」をクリックすると「ブランク演算 1」が追加され自動的にブランク演算処理を実施
3. 「標準曲線」をクリック

# スタンダード設定してサンプル濃度を定量



1. 「標準曲線1」が追加
2. 計算に使用する検量線の種類を選択

# セッションの保存



1. プロトコルを作成したら「ホーム」から「保存」をクリックして名前を付けて保存

「保存」「名前を付けて保存」:  
セッションと測定データがセットで保存  
(実行済みの場合はプロトコル変更不可)

「新しいセッションとして保存」:  
セッションのみが保存(プロトコル変更可能)