

Platinum 5

Manual del usuario de la pantalla táctil



Manual del usuario de la pantalla táctil

Índice

Acrónimos

1. Iniciar sesión en Platinum

- 1.1 Pantalla de inicio de sesión
 - 1.1.1 Inicio de sesión del operador
 - 1.1.2 Opciones de inicio de sesión de operador adicional
 - 1.1.3 Activación del producto

2. Ventana de estado de V8

- 2.1 Advertencia del sistema y estado del V8
- 2.2 Definir reactivos y tampones
- 2.3 Comprobar los niveles de tampón
- 2.4 Carga de reactivos
 - 2.4.1 Instalación de reactivos usando la Ventana de reactivo
 - 2.4.2 Limpieza de un reactivo desde la Ventana de reactivo
- 2.5 Registro de errores de V8
- 2.6 Comunicaciones de V8
- 2.7 Comunicaciones de LIMS
- 2.8 Diagnóstico
- 2.9 Gestión de los capilares
- 2.10 Portamuestras
 - 2.10.1 Códigos de barras de los tubos de muestras
 - 2.10.2 Eliminar un indicador de «Muestra sin código de barras» de Platinum
- 2.11 Mensajes

3. Ventana de control de calidad

- 3.1 Características clave
- 3.2 Navegación de menú de control de calidad
- 3.3 Botones de la barra de herramientas
- 3.4 Iconos de estado de CC
- 3.5 Introducir ID de lote
- 3.6 Ajustes de CC
- 3.7 Cómo completar el gráfico de Levey Jennings
- 3.8 Características del gráfico de Levey Jennings

4. Ventana de lista de trabajo

5. Ventana de solicitud

- 5.1 Selección del método por defecto
- 5.2 Solicitud de prueba
 - 5.2.1 Cómo cancelar una prueba solicitada

6. Cola del LIMS

- 6.1 Controlar los datos para el LIMS/LIS
- 6.2 Enviar datos a la cola LIMS
- 6.3 Ver y liberar datos en la cola LIMS
- 6.4 Enviar datos de muestras directamente al LIMS

7. Ventana de búsqueda

7.1 Búsqueda de datos

7.2 Buscar resultados

8. Ventana de resultados

8.1 Ventana de sesión activa

8.2 Edición

8.2.1 Edición de línea base

8.2.2 Edición de picos

8.2.3 Añadir marcador de valle

8.2.4 Eliminar marcador de valle

8.2.5 Dividir pico

8.2.6 Suavizado

8.2.7 Filtrado

8.2.8 Función de superposición

8.2.9 Superposición normal

8.2.10 Superposición de muestras en la pantalla

8.2.11 Coincidir formas

8.2.12 Estirar muestras para superponer bandas

8.3 Trazas medias

8.4 Cuantificación de una proteína monoclonal

8.4.1 Pico M lavado

8.4.2 Añadir un pico M lavado

8.4.3 Pico M cortado

8.4.4 Añadir un pico M cortado

8.4.5 Eliminar un pico M

8.5 Eliminar artefactos de las trazas

8.5.1 Cortar datos

8.5.2 Lavar datos

8.6 Primer derivativo

8.7 Añadir comentarios a un resultado de muestra

8.7.1 Añadir comentarios a un resultado de muestra única

8.7.2 Añadir comentarios a un resultado de muestra múltiple

8.7.3 Árbol de comentarios

8.8 Buscar y adjuntar un resultado de inmunotipado

8.8.1 Adjuntar una muestra del historial del paciente

8.8.2 Cargar datos fuente en el historial del paciente

8.9 Modo cuadrícula

8.10 Modo enfoque

8.11 Añadir una ID de tubo a las muestras procesadas

8.12 Cómo realizar una prueba reflejo

8.12.1 Solicitud manual de pruebas reflejo

8.12.2 IFE automático para Touch

8.12.2.1 Usar la función de dilución automática de IFE

8.12.2.2 Usar la dilución automática IFE con la función de prueba reflejo

8.12.2.3 Usar la dilución automática IFE con la función de gestionar pruebas

9. Ventana de configuración

9.1 Sistemas V8

9.1.1 Seleccionar sistema V8

9.1.2 Definir el modo de prueba del V8

9.1.3 Prioridad de prueba reflejo

9.2 Comentarios

9.2.1 Redactar comentarios estándar

- 9.3 Base de datos
 - 9.3.1 Copia de seguridad de datos nuevos
 - 9.3.2 Copia de seguridad de todos los datos
 - 9.3.3 Archivar datos seleccionados
 - 9.3.4 Compactar la base de datos
- 9.4 Informe
 - 9.4.1 Crear informe nuevo
 - 9.4.2 Cómo crear un diseño de plantilla
 - 9.4.3 Edición de informes
 - 9.4.4 Previsualizar informes
 - 9.4.5 Definir un informe como predeterminado
 - 9.4.6 Configurar informes de ID
- 9.5 Configurar métodos V8
- 9.6 Métodos
 - 9.6.1 Regiones de traza
- 9.7 Estadísticas

10. Sesiones de gel

- 10.1 Modo de gel
- 10.2 Seleccionar gel
- 10.3 Configuraciones de escaneado
 - 10.3.1 Seleccionar un escáner
 - 10.3.2 Indicar a Platinum que escanee
 - 10.3.3 Alinear una plantilla de gel
 - 10.3.4 Marcar un gel
 - 10.3.5 Configurar geles

11. Glosario de iconos de software

- 11.1 Iconos de ventana principal
- 11.2 Iconos generales
- 11.3 Iconos de la página de inicio
- 11.4 Iconos de estado de V8
- 11.5 Iconos de control de calidad
- 11.6 Iconos de lista de trabajo
- 11.7 Iconos de solicitud
- 11.8 Iconos de cola de LIMS
- 11.9 Iconos de búsqueda
- 11.10 Iconos de búsqueda/resultados de búsqueda
- 11.11 Iconos de otros resultados
- 11.12 Iconos de gel
- 11.13 Iconos de lista de trabajo de navegación
- 11.14 Gráficos de progreso

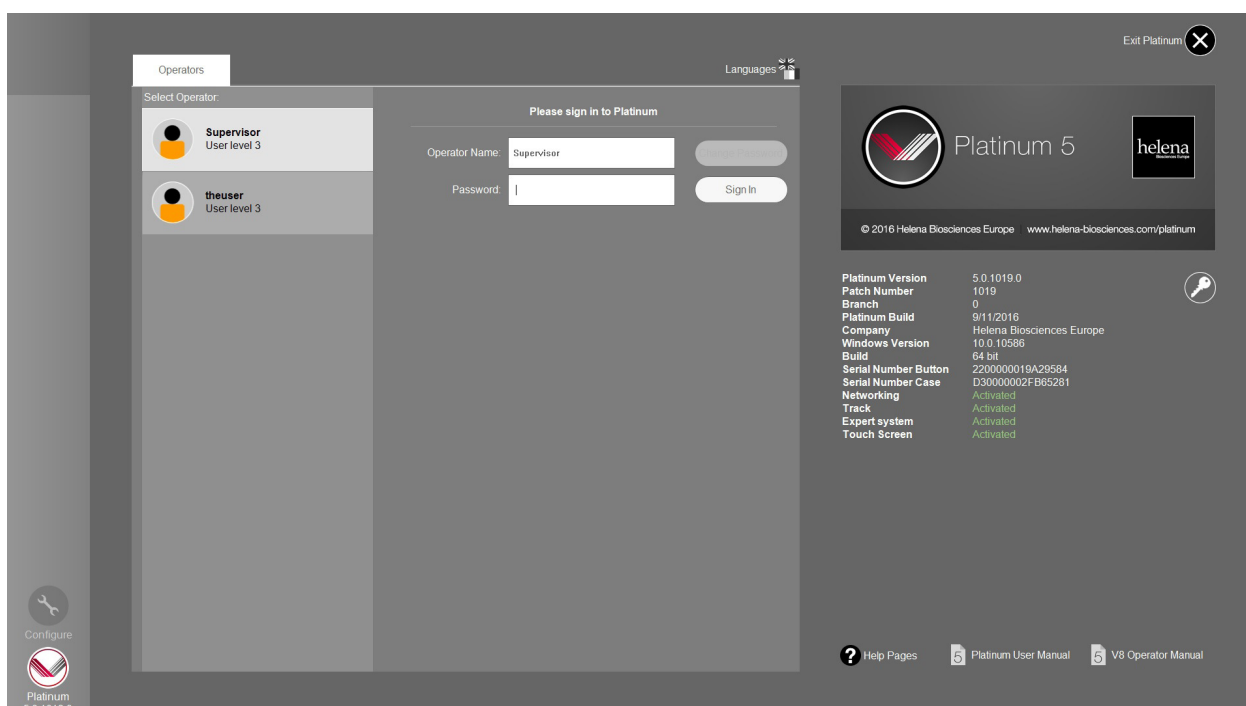
Acrónimos

ECC	Electroforesis capilar clínica
EC	Electroforesis capilar
IFE	Electroforesis con inmunofijación (por sus siglas en inglés)
MIU	Método en uso (por sus siglas en inglés)
LIMS	Sistema de gestión de información del laboratorio (por sus siglas en inglés)
LIS	Sistema de información del laboratorio (por sus siglas en inglés)
CC	Control de calidad
LTN	Lista de trabajo de navegación
SE	Sistema experto

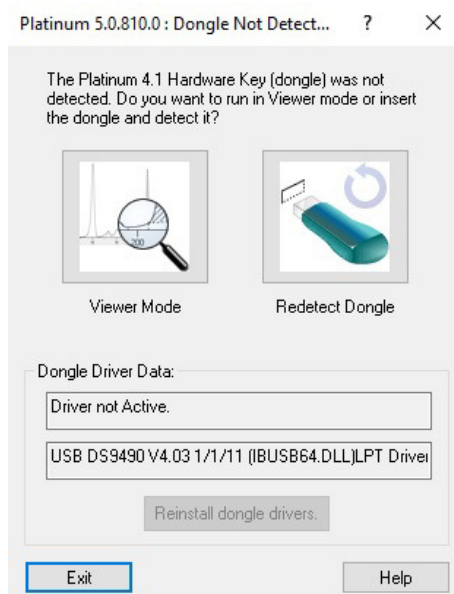
1. Iniciar sesión en Platinum

1.1 Pantalla de inicio de sesión

Cuando se abre Platinum, se mostrará la pantalla de inicio de sesión inicial. Debe introducirse un nombre de usuario y la contraseña asociada para continuar usando el software.



En un sistema Platinum que no tenga un dongle de Platinum conectado o si existe algún problema con la detección del dongle, el software mostrará la ventana «Dongle Not Detected» (ver la imagen siguiente). En este caso, el usuario puede conectar el dongle y seleccionar Redetect dongle (Volver a detectar dongle) o reinstalar los controladores del dongle. Si el usuario no tiene un dongle de Platinum, podrá seguir usando el sistema en «Viewer Mode». Esto permite al usuario acceder a datos archivados para interpretar y notificar estos datos, pero no adquirir nuevos datos ni iniciar nuevas sesiones. En el modo de visor, los usuarios deben iniciar sesión en el sistema del modo habitual.



1.1.1 Inicio de sesión del operador

El registro de operador almacena un historial completo de datos y toma de decisiones. Esta función permite realizar todas las funciones de visualización/edición por un usuario específico para identificar un periodo de tiempo definido.

1.1.2 Opciones de inicio de sesión de operador adicional


Imprimir: es posible imprimir la tabla seleccionando el botón Imprimir.

Exportar: es posible guardar los datos como un archivo .txt seleccionando el botón Exportar e introduciendo un nombre de archivo y ubicación en los recuadros apropiados de la ventana Guardar como.

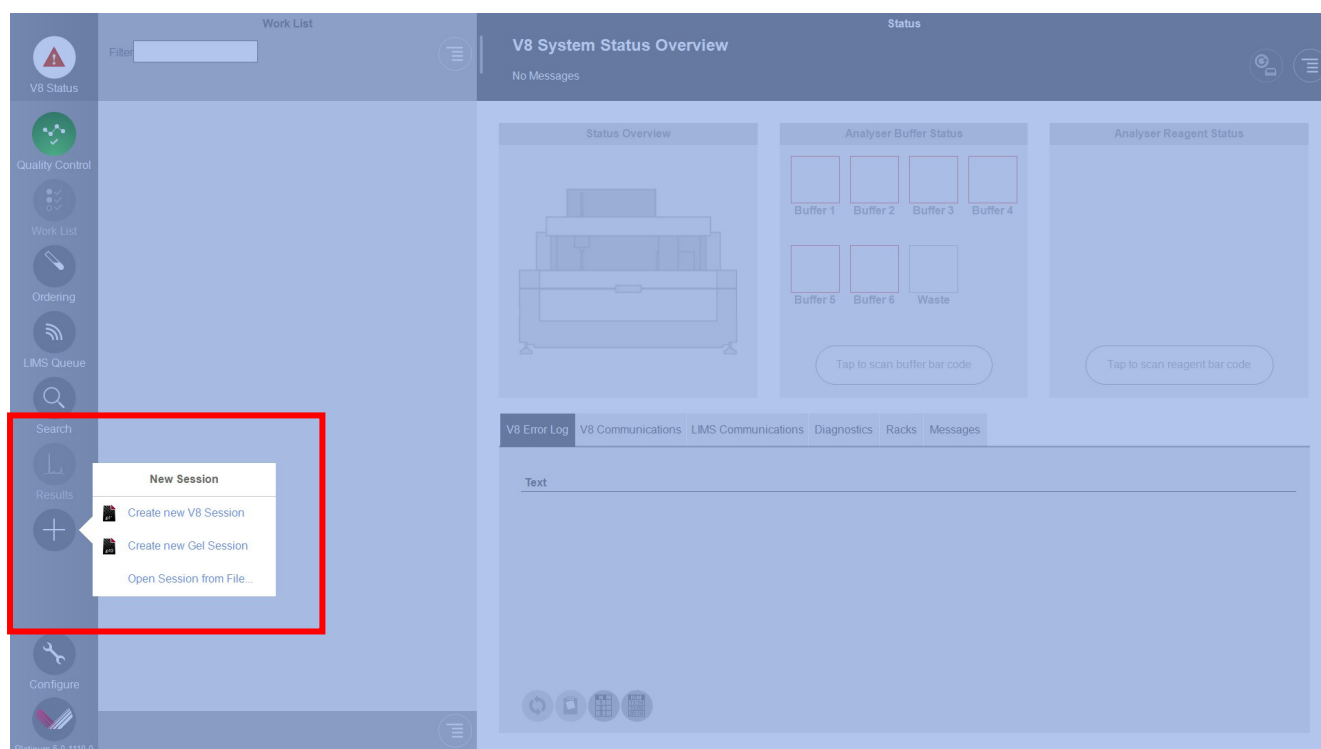
1.1.3 Activación del producto

La adquisición de Platinum Plus le permitirá la activación de funciones adicionales, incluidas Red, Rastrear, Sistema experto y Pantalla táctil. Seleccione el icono de Activación del producto e introduzca el Código de activación para habilitar las funciones adquiridas.

2. Ventana de estado de V8

Una vez iniciada la sesión Platinum cambiará a la ventana de estado de V8 y los iconos aparecerán en la parte izquierda de la pantalla. Desde aquí seleccione el  icono desde el que se le ofrecerán opciones que determinarán la acción principal de la sesión:

- Crear nueva sesión V8
- Crear nueva sesión gel
- Abrir sesión desde el archivo



El icono de estado de V8 cambiará según su estado de conexión actual con el V8:



Unidad desconectada



V8 requiere atención



Conexión establecida



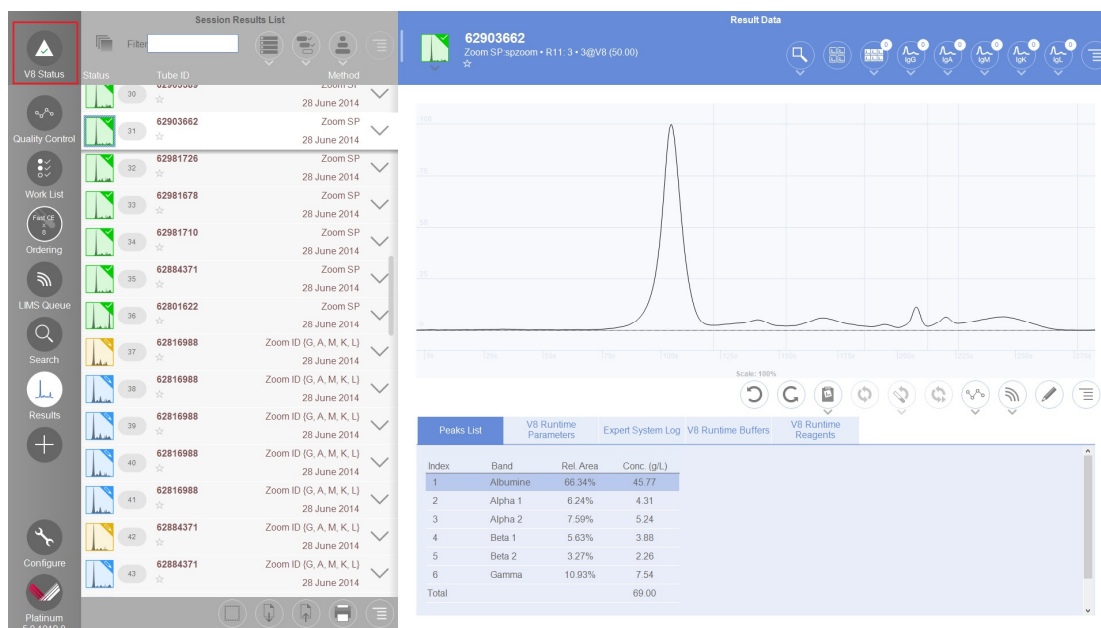
Preacondicionamiento




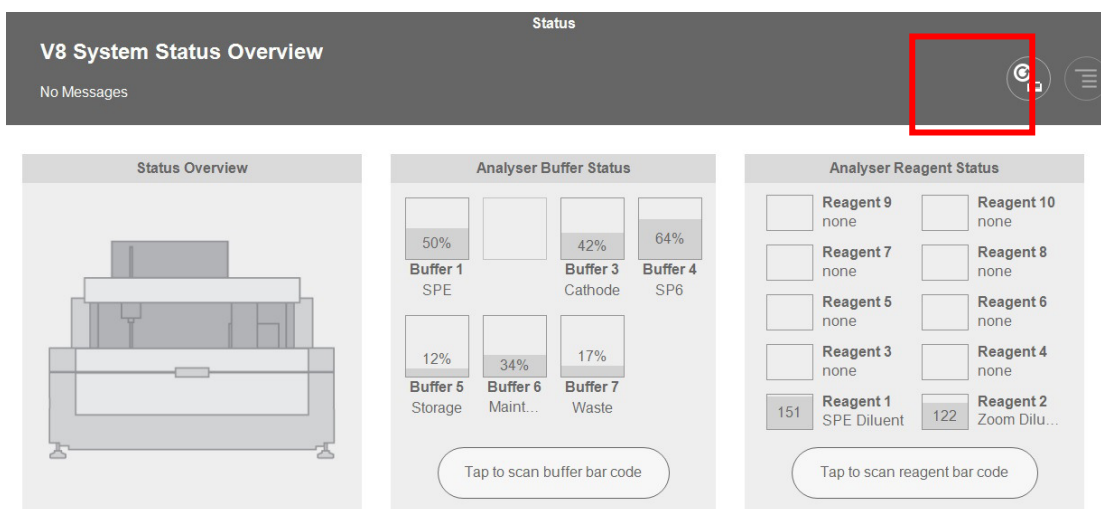
Postacondicionamiento

Cuando aparece inicialmente la ventana de estado de V8 no habrá ningún tipo de comunicación con el V8 hasta que no se haya iniciado una nueva sesión. Esto lo indica el icono rojo de estado de V8 y no en la información de tampón o reactivo.

Una vez se haya establecido correctamente la conexión el icono cambiará al color verde y ya estará disponible la información de tampón y reactivo.



Después de un problema de comunicación entre Platinum y el instrumento V8, esta función restablece el enlace de comunicación con el último sistema V8 conectado. Para reiniciar la comunicación tiene que seleccionar en la ventana de estado de V8 el icono  que aparece en la esquina superior derecha:

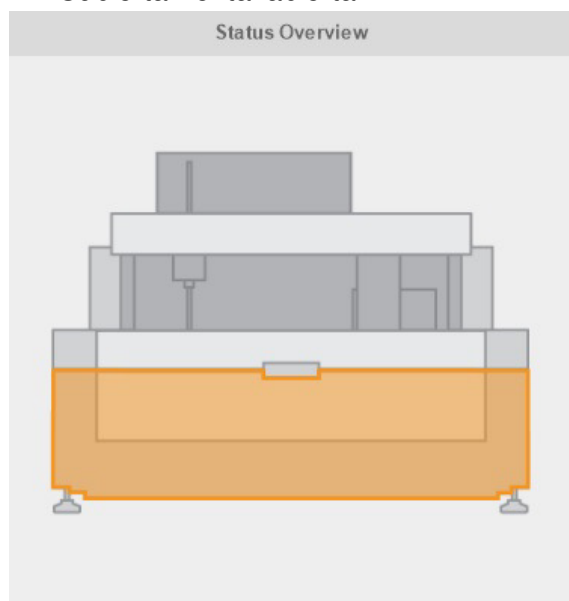


2.1 Advertencia del sistema y estado del V8

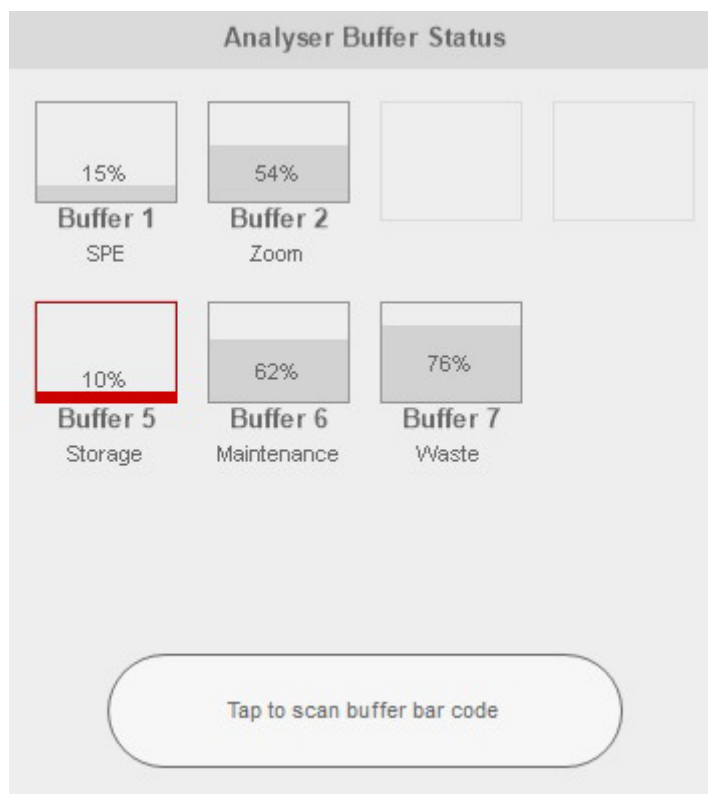
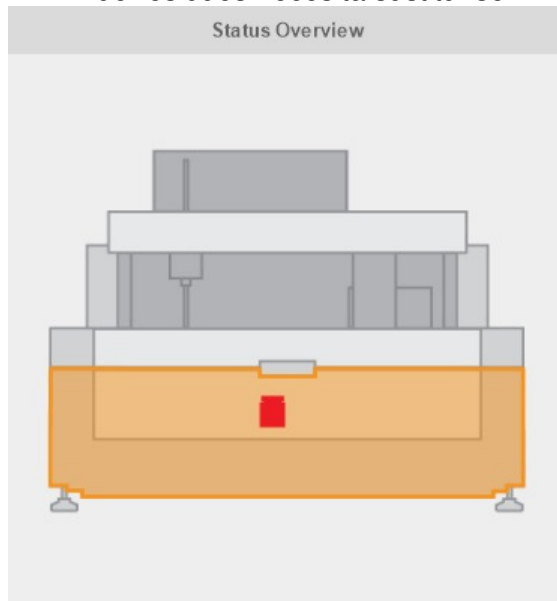
La ventana de estado de V8 informa continuamente al usuario del estado o la operación del instrumento y de cualquier advertencia o mensaje de error. Puede encontrar aquí toda la información relacionada con el estado del instrumento.

Cualquier estado de sistema V8 que requiera de la atención del usuario aparecerá en la descripción del estado en naranja. Los estados que requieran la atención inmediata aparecerán en rojo. Cuando el nivel de líquido de un tampón está por debajo del 10 % o cuando un reactivo ya no puede realizar más pruebas, estos mensajes aparecerán en rojo en sus respectivas ventanas de estado.

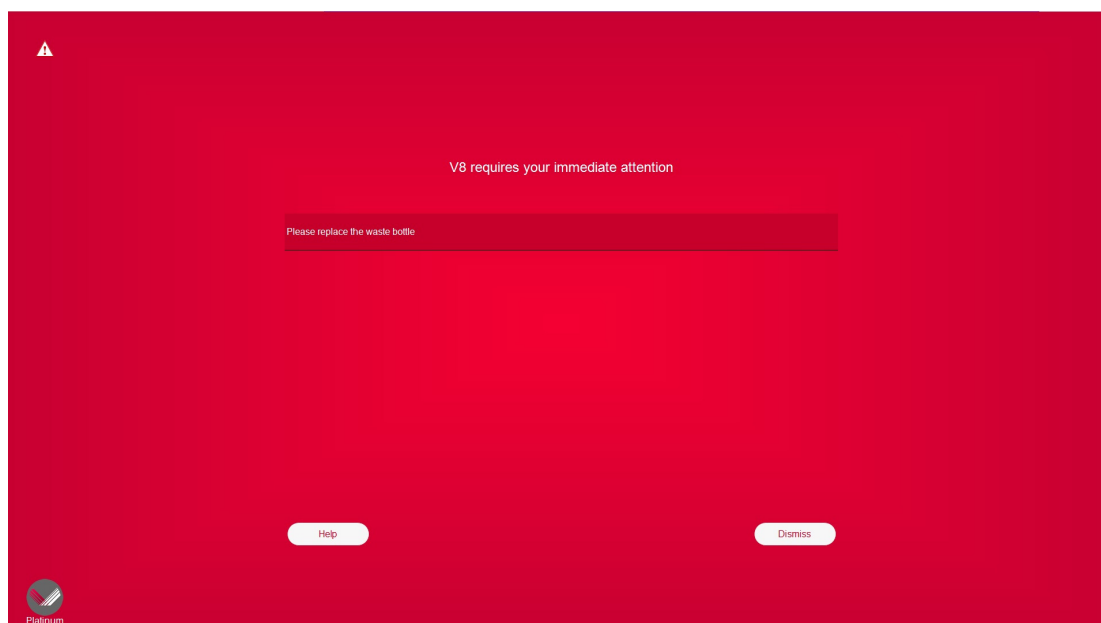
Cubierta frontal abierta:



Cubierta frontal abierta y el frasco de residuos necesita sustituirse:



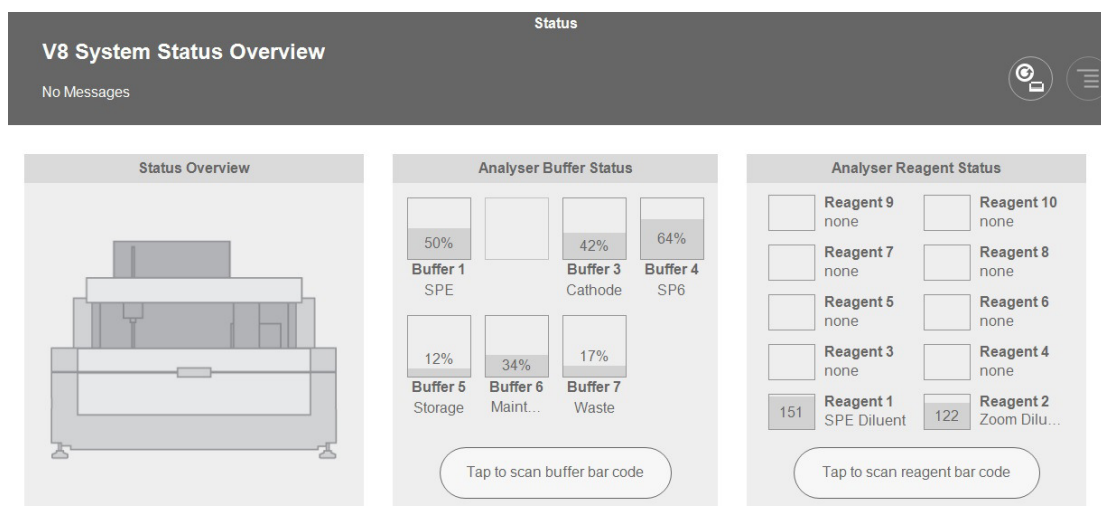
Si un elemento necesita atención inmediata del usuario antes de que el V8 pueda continuar funcionando, aparecerá un mensaje de advertencia en la pantalla. En ella se enunciará claramente el problema detectado y que es necesario hacer para solucionarlo.



Una vez el operador haya resuelto el problema identificado el mensaje de advertencia desaparecerá de la pantalla.

Si el usuario está ocupado y desea ocultar temporalmente la ventana, puede seleccionar la opción «Dismiss» (Ignorar) y ésta desaparecerá. No obstante, seguirá apareciendo un área de V8 resaltado en la descripción del estado hasta que se resuelva el problema.

2.2 Definir reactivos y tampones

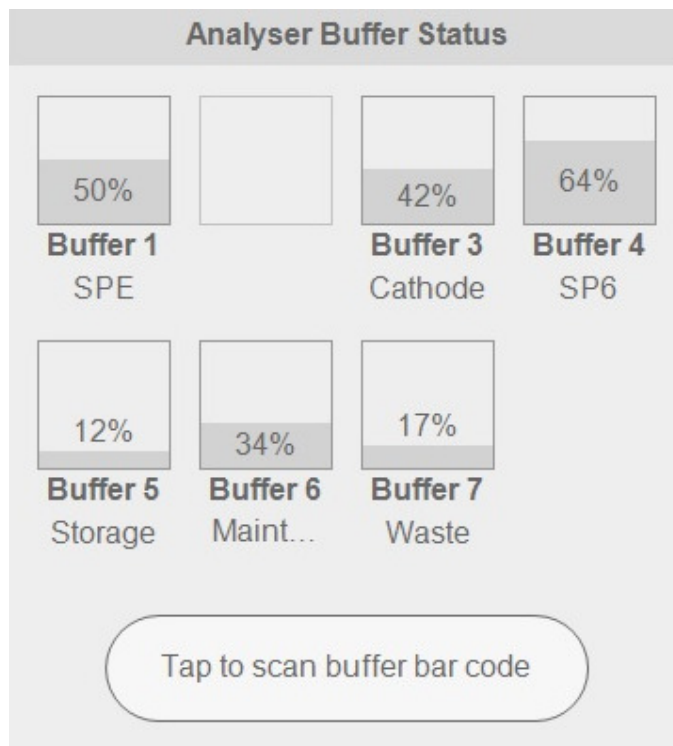


Todos los reactivos y tampones usados en el V8 tienen un código de barras individual. Con la ayuda de la función de analizador del estado de los tampones y analizador del estado de los reactivos el usuario puede ver qué está en uso y la posición de los tampones y reactivos. También permite al usuario cambiar los frascos de tampón o reactivo al recibir la indicación del V8 o al cambiar de ensayo.

2.3 Comprobar los niveles de tampón

Es posible comprobar los niveles de tampón restantes para asegurarse de que haya suficiente tampón cargado para completar el análisis.

En la ventana de estado del V8 podrá comprobar los niveles de líquido de cada tampón. Seleccione de nuevo el icono de estado del V8 para actualizar los valores.



2.4 Carga de reactivos

2.4.1 Instalación de reactivos usando la Ventana de reactivo

Para instalar reactivos:

- Vaya a **V8 Status (Estado de V8) > Analyser Reagent Status (Analizador del estado de los reactivos)> Tap to scan reagent bar code (Pulse para escanear el código de barras del reactivo)**.
- Escanee o introduzca la información del código de barras en el lateral del frasco de reactivo, asegurándose de que las posiciones en Platinum coincidan con las del V8.
- Es posible introducir varios reactivos simultáneamente.
- Una vez introducido, añada el reactivo a la bahía de reactivos.

Analyser Reagent Status

<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 9 none </div>	<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 10 none </div>
<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 7 none </div>	<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 8 none </div>
<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 5 none </div>	<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 6 none </div>
<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 3 none </div>	<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 4 none </div>
<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 1 SPE Diluent </div>	<div style="border: 1px solid black; width: 50px; height: 50px; margin: 0 auto; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin-bottom: 5px;"> <div style="width: 10px; height: 10px; background-color: #ccc; margin: 0 auto;"></div> </div> <div style="text-align: left; margin-bottom: 10px;"> Reagent 2 Zoom Dilu... </div>

Tap to scan reagent bar code

32%
54%

Buffer 1
SPE

Buffer 2
Zoom

0%

Buffer 7
Waste

Reagents
?
×

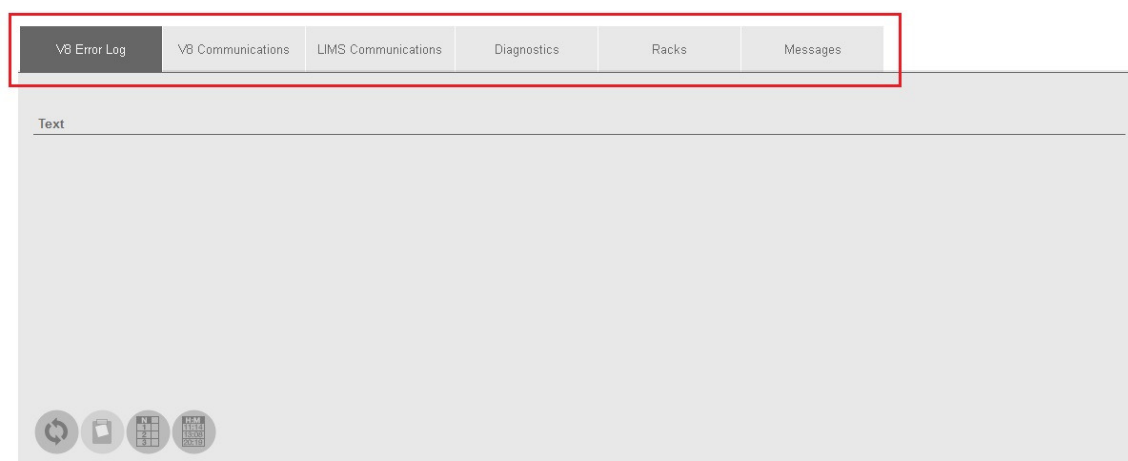
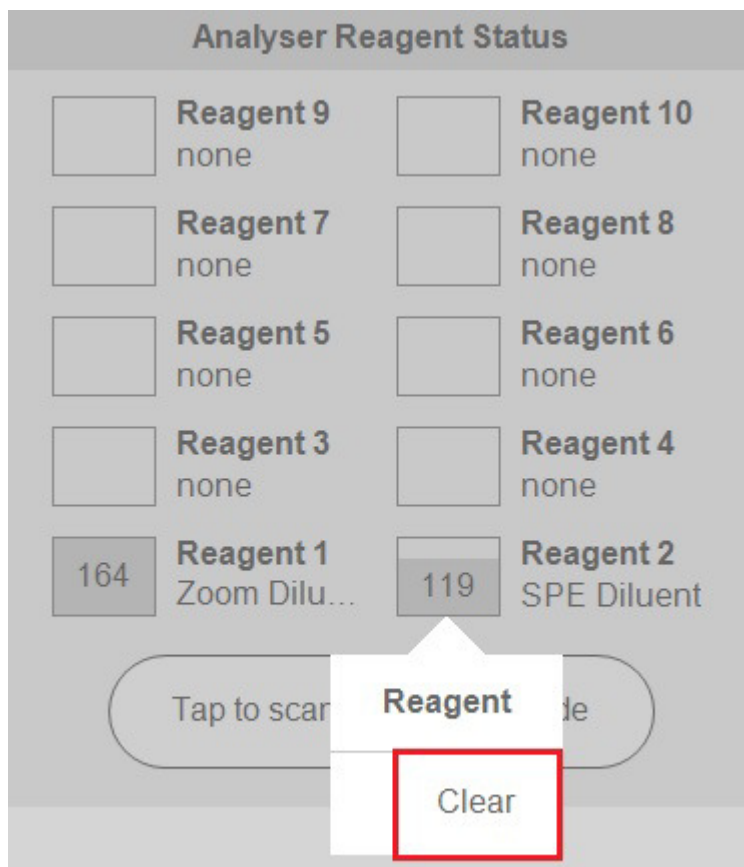
	Reagent 1	Reagent 2	Reagent 3	Reagent 4	Reagent 5
Barcode:	RD31VEEDDV	0000000000	CBVKCMVFRU	FSCEUVCCAD	I12F11HBK0
Product reference:					
Expiry:					
Lot:					
Batch index:					
Tests Left:					
Max tests:					

	Reagent 6	Reagent 7	Reagent 8	Reagent 9	Reagent 10
Barcode:	I66M067EL7	LH2AHH16FG	0000000000	0000000000	0000000000
Product reference:					
Expiry:					
Lot:					
Batch index:					
Tests Left:					
Max tests:					


OK
Cancel

2.4.2 Limpieza de un reactivo desde la Ventana de reactivo

Para limpiar un reactivo desde la Ventana de reactivo pulse en el cuadrado (en el que se muestra el número de pruebas restantes) al lado del reactivo que quiere eliminar. Cuando aparezca el menú pulse «Clear» (Quitar).

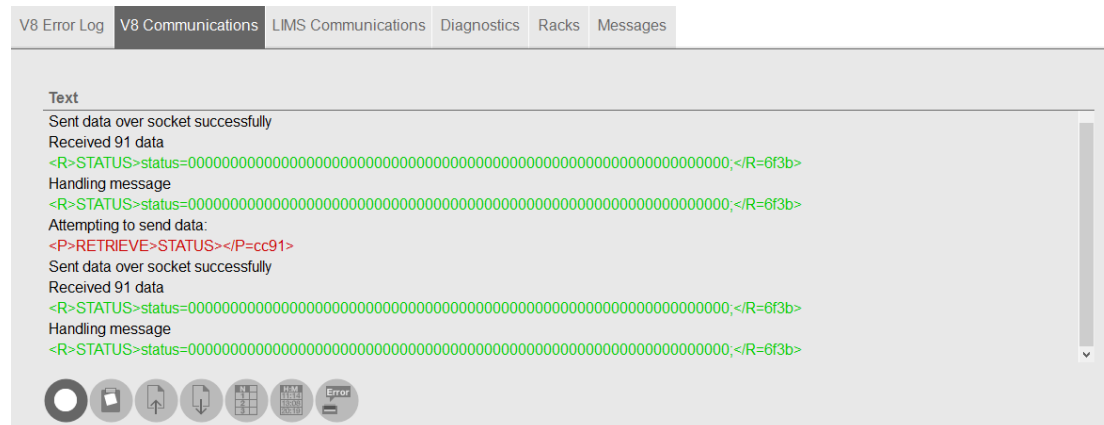


2.5 Registro de errores de V8

El registro de errores mostrará todos los errores que el V8 detecte. Seleccione el icono «Update» (Actualizar)  para ver el registro o para actualizarlo después de ya haberlo visto una vez. El usuario puede copiar y guardar el registro de errores fuera del software Platinum para una visualización más fácil o para enviarlo a soporte técnico.

2.6 Comunicaciones de V8

El registro de comunicaciones de V8 permite al usuario ver la comunicaciones entre el V8 y Platinum. Pulse el botón «Record» (Registrar) para comenzar el registro de estos mensajes. Puede copiar, guardar o abrir un registro antiguo y visualizarlo.



2.7 Comunicaciones de LIMS

Esta pestaña mostrará solamente las comunicaciones entre Platinum y el software de LIMS

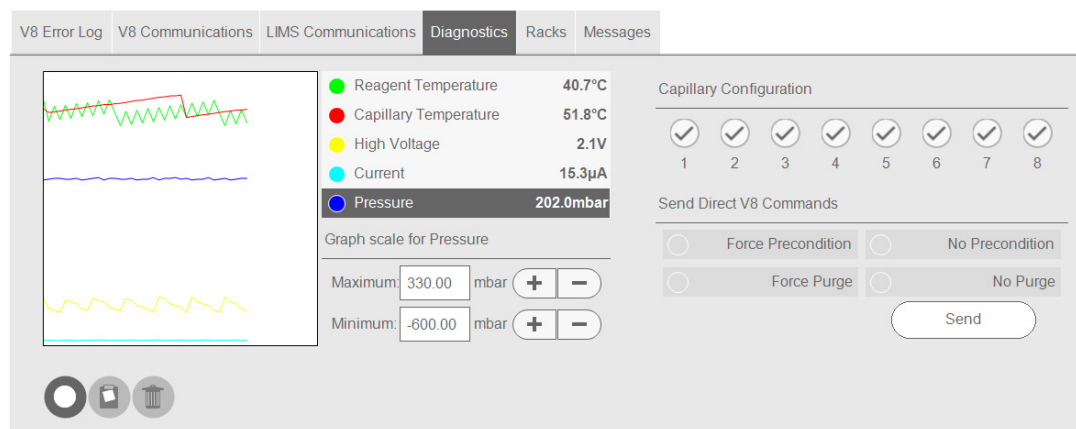
Seleccione el icono «Record» (Registrar)  para comenzar el registro de estos mensajes. El usuario puede copiar y guardar fuera del software Platinum.

2.8 Diagnóstico

El diagnóstico del sistema V8 muestra al usuario la temperatura de los capilares, la temperatura del bloque de reactivos, la presión, la tensión y la intensidad. También permite al usuario controlar las configuraciones de los capilares y enviar órdenes al V8 durante la puesta en marcha.

Aquí el usuario también puede guardar gráficos de los parámetros de tiempo de ejecución para supervisar el rendimiento del sistema.

Para actualizar estos valores seleccione el icono de la ventana de estado de V8.



2.9 Gestión de los capilares

En caso de que un capilar esté dañado o se considere inutilizable, puede desactivarse la manipulación de muestras para dicho capilar y retirarse del uso. El orden del trabajo se ajustará para que las muestras se procesen automáticamente entre varias pruebas del V8 sin que el usuario deba indicar más instrucciones. Los resultados se mostrarán mostrando solo los capilares disponibles.

- a. Vaya a **V8 Status (Estado de V8) > Diagnostics (Diagnóstico) > Capillary Configuration (Configuración de los capilares)**
- b. Los capilares se muestran numerados del 1 al 8 correspondiendo a las posiciones de izquierda a derecha en el instrumento. Para aislar un capilar y desconectarlo, desmarque la casilla de verificación situada encima del capilar relevante.
- c. Para activar el capilar, asegúrese de que la casilla de verificación esté marcada.

2.10 Portamuestras

Aquí se mostrarán todos los portamuestras que contengan algún tubo sin código de barras o con código de barras no leído.

2.10.1 Códigos de barras de los tubos de muestras

Pueden cargarse en el V8 tubos con códigos de barras individuales o sin ellos. Sin embargo, esto afectará a la forma en que Platinum procesa las muestras y las pruebas reflejo.

- Si los códigos de barras están, el V8 procesará cada muestra de forma individual.
- Sin códigos de barras el V8 procesará cada muestra individualmente y reconocerá cada una exclusivamente por el número y la posición del portamuestras. De este modo, los portamuestras NO deben retirarse del sistema ni de Platinum si son necesarias pruebas reflejo.

V8 introducirá el código de barras en la lista de trabajo de navegación bajo el primer valor demográfico normalmente marcado como identificador LIS. Si el V8 no ha logrado leer el código de barras en el tubo de muestras, o si no hay un tubo de muestras en cada posición de un portamuestras, este campo se dejará en blanco.

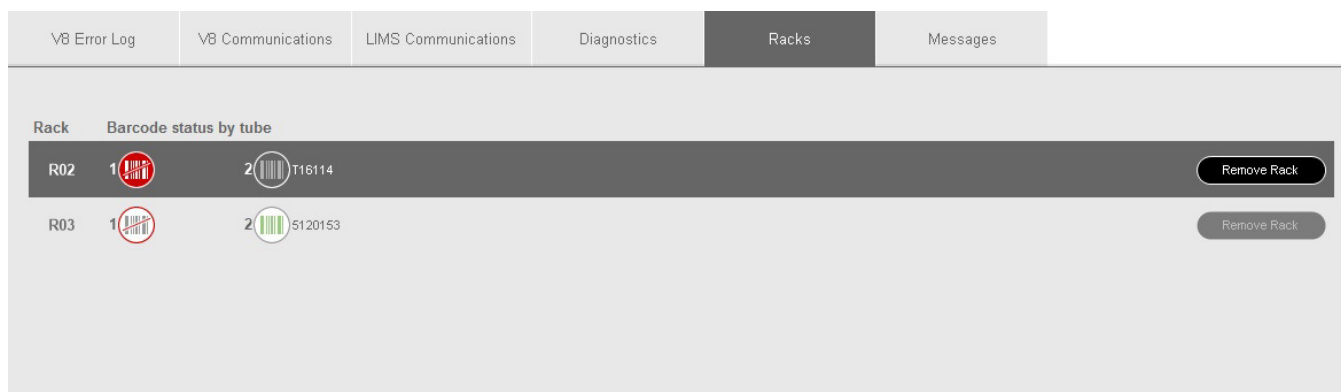
Para evitar interrupciones del flujo de trabajo, el V8 procesará todas las muestras y realizará el ensayo predeterminado para todos los tubos, a menos que se solicite otra prueba. Cuando se detecta un tubo desconocido (sin código de barras o no leído), el tubo aparecerá en la lista de trabajo de código de barras ausente.



Código de barras ausente



Código de barras presente

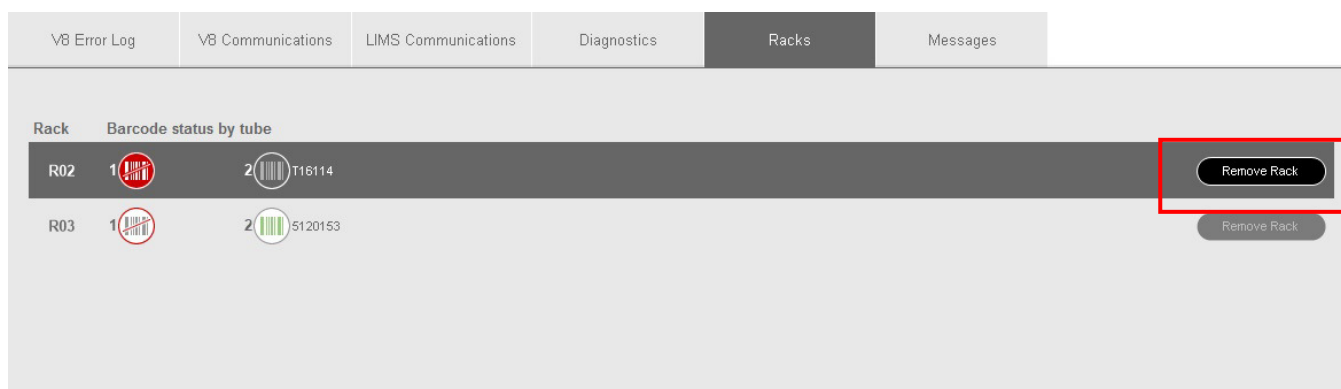


2.10.2 Eliminar un indicador de «Muestra sin código de barras» de Platinum

Los tubos de muestra sin códigos de barras o que no hayan podido leerse aparecerán en la lista «No Barcode Worklist» (Lista de trabajo sin códigos de barras). Antes de que este portamuestras pueda usarse de nuevo en el V8, el usuario debe vaciar manualmente esta lista. La finalidad de esta lista es garantizar que el mismo portamuestras no se analice otra vez.

Nota: al retirar un portamuestras del sistema, también se retiran los tubos de muestra que contiene. De este modo, no es posible realizar pruebas reflejo automáticas.

Para retirar el portamuestras seleccione el botón «Remove Rack» (Retirar portamuestras).



2.11 Mensajes

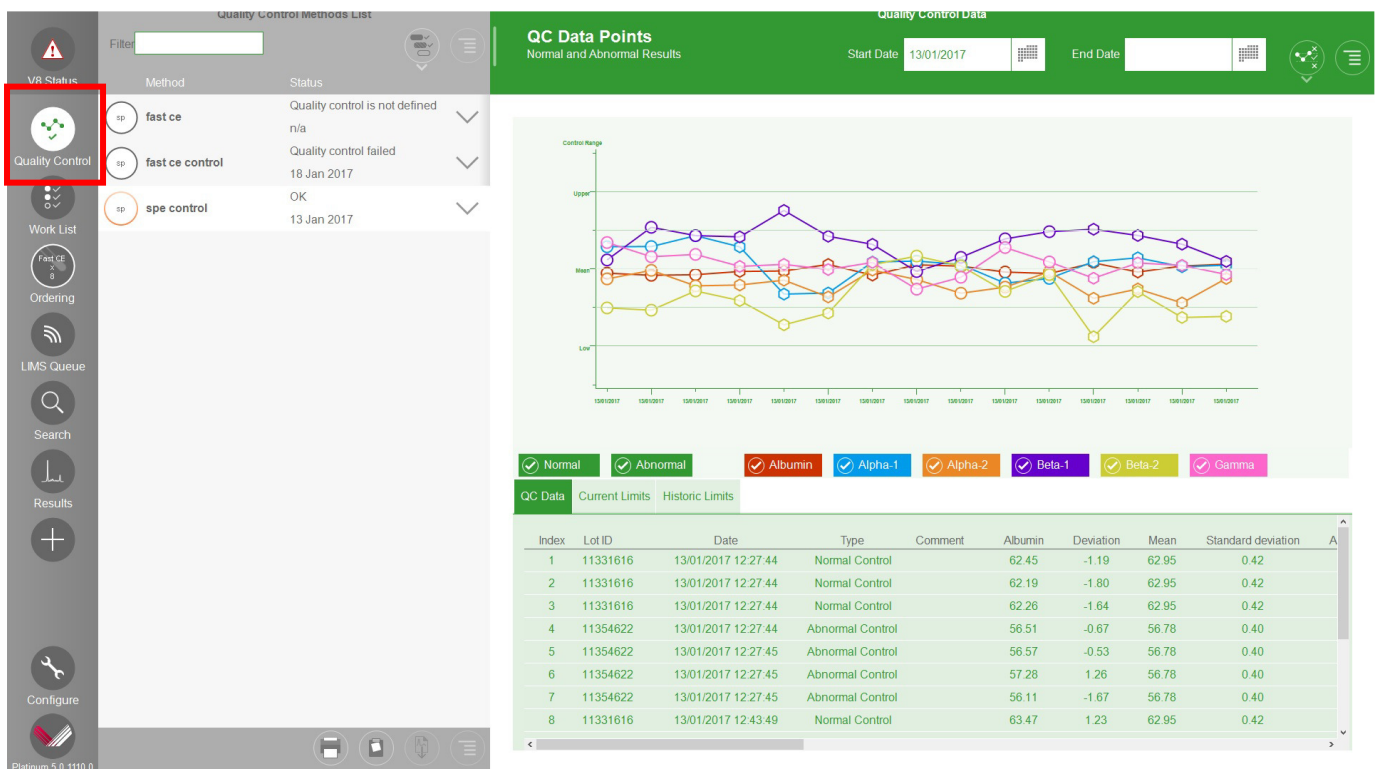
Esta pestaña informa de forma continua al usuario del estado del instrumento y sus acciones.

3. Ventana de control de calidad

3.1 Características clave

- Monitorización de controles mediante el gráfico de Levey Jennings
- Análisis de datos mediante reglas Westgard
- Visualización en tiempo real del estado de CC del analizador
- Comentarios de auditoría trazables sobre muestras de CC

3.2 Navegación de menú de control de calidad



3.3 Botones de la barra de herramientas



Ventana de control de calidad



Marcar como muestra



Marcar como control normal



Marcar como control anormal



Calibrador

3.4 Iconos de estado de CC



CC superado y en fecha



CC fuera de fecha



Fallo de CC

3.5 Introducir ID de lote

1. La página de ID de lote está en **Configure (Configurar) > Methods (Métodos)**
2. Seleccione el método apropiado en la lista de métodos
3. Haga clic en la pestaña **Lot ID** (ID de lote)
4. Utilice la ficha de ensayo facilitada con el material de control para rellenar los rangos apropiados, incluida la ID del lote y la fecha de caducidad
 - Tenga en cuenta que si desea utilizar un porcentaje de pico, deberá introducir un signo % después del valor.

Configure Standard Methods	Method type	Chemistry Value	Geometry	Lanes	Bands	Smoothing/Filtering	Gain Settings	Lot IDs	Barcode	Controls	Regions/Zones
Barcode entry : <input type="text"/>											
Normal lot ID: <input type="text" value="11331616"/>		Expiry Date (MM/YYYY) : <input type="text" value="8/2017"/>									
Abnormal lot ID: <input type="text" value="11354622"/>		Expiry Date (MM/YYYY) : <input type="text" value="1/2018"/>									
Band statistics:											
Band	Component	Low normal	Upper normal	Low abnormal	Upper abnor...	Mean normal	SD normal	Mean abnor...	SD abnormal		
1	Albumin	53.51%	72.39%	48.26%	65.29%	62.95	0.42	56.78	0.40		
2	A1AG	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00		
3	Alpha-1	3.89%	5.26%	3.64%	4.92%	4.58	0.09	4.28	0.13		
4	Alpha-2	7.18%	9.71%	6.72%	9.09%	8.44	0.26	7.90	0.35		
5	HPK	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00		
6	Beta-1	6.38%	8.64%	5.57%	7.54%	7.51	0.28	6.55	0.28		
7	Beta-2	3.50%	4.74%	2.82%	3.82%	4.12	0.15	3.32	0.15		
8	Gamma	10.54%	14.26%	17.99%	24.35%	12.40	0.24	21.17	0.28		
+											

3.6 Ajustes de CC

Los ajustes opcionales de CC se configuran en las preferencias del Control de calidad ubicadas en **Configure (Configurar) > Quality Control (Control de calidad)**.

Marque la función «Display Levey-Jennings Status» (Visualizar el estado de Levey-Jennings) y seleccione «Active control method» (Método de control activo) para activar el seguimiento del estado de CC en tiempo real. El icono de Control de calidad aparecerá en la parte izquierda de la pantalla y cambiará en función del estado de CC del método destacado en el recuadro de método de control activo. El temporizador de cuenta atrás indicará durante cuánto tiempo será válido este resultado.

Al activar la función «Display Levey-Jennings warning» (Mostrar advertencia de Levey-Jennings) se mostrará un mensaje de advertencia si el usuario utiliza la máquina cuando el CC ha caducado o está fuera de rango.

Al activar «Force QC failure comment» (Forzar comentario de fallo de CC) se abrirá un cuadro de comentarios emergente al abrir la ventana de Control de calidad si alguno de los resultados de CC está fuera de rango. Este comentario es trazable para auditoría y puede utilizarse para documentar acciones correctivas y/o como justificación para fines de acreditación.

Al seleccionar esta opción será obligatorio introducir un comentario antes de poder cerrar el cuadro de comentarios de CC no superado. Es posible configurar y aplicar un comentario predeterminado.

Puede activar las reglas Westgard destacándolas en el cuadro «Rules selection Defaults» (Ajustes predeterminados de selección de reglas).

Quality Control Preferences

☒ Display Levey Jennings Status

Active control method :

Fast CE Control

☒ Display Levey Jennings Warning

☐ Force QC failure comment

☐ Use default comment

QC Failure :

Count down timer

☒ Use Countdown Timer.

12 Hours

Time Left

0 Hours

Rules selection Defaults

- Result exceeds 3 SD
- 2 results exceed 2 SD on same side
- 2 results exceed 2 SD on different sides
- 3 results exceed 1 SD on same side
- 4 results exceed 1 SD on same side
- 9 results lie on same side of Mean
- 10 results lie on same side of Mean

Help

3.7 Cómo completar el gráfico de Levey Jennings

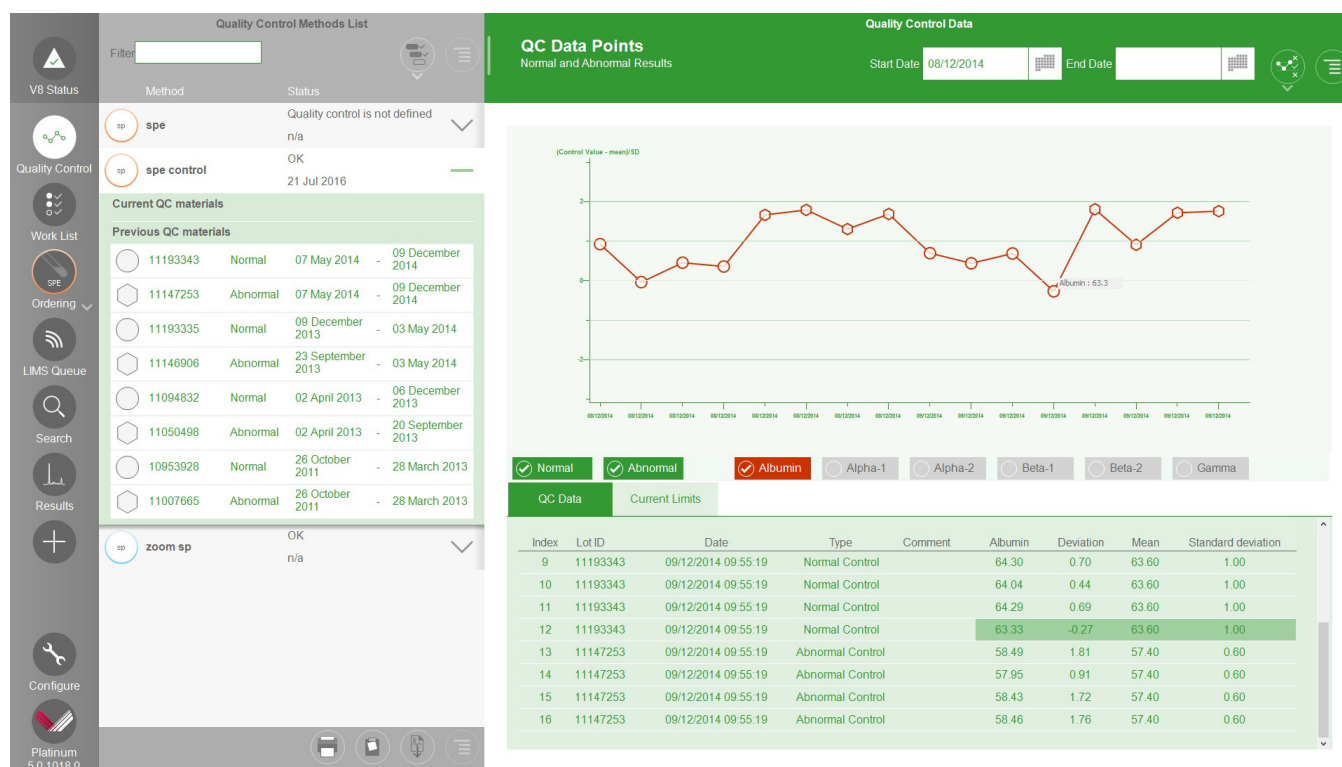
1. Ejecute el control de calidad usando el método de control apropiado asegurándose de completar la información del lote de control.
 - Es posible utilizar varios tipos de control completando el gráfico de Levey-Jennings usando datos obtenidos a partir de diferentes métodos base, es decir, todos los controles probados usando el método de control SPE se completarán en un gráfico distinto a los controles analizados usando el método SPE.
2. La traza de interpretación garantiza que todas las bandas se definen correctamente
3. Marque como un control normal o anormal usando el icono de CC para completar los resultados en el gráfico
4. Así, el icono de traza se mostrará como un control normal o anormal en la lista de trabajo de navegación

Session Results List					
V8 Status Quality Control Work List Fast CE x 8 Ordering LIMS Queue Search Results +	Status	Demographic 1	Method		
		4	☆	SPE Control	21 July 2016
		5	☆	SPE Control	21 July 2016
		6	☆	SPE Control	21 July 2016
		8	☆	SPE Control	21 July 2016
		9	☆	SPE Control	21 July 2016
		10	☆	SPE Control	21 July 2016
		11	☆	SPE Control	21 July 2016
		12	☆	SPE Control	21 July 2016
		13	☆	SPE Control	21 July 2016
		14	☆	SPE Control	21 July 2016
				SPE Control	

El cuadrado rojo superior muestra un control marcado como normal (un cuarto de círculo en la esquina superior derecha del icono de traza) y el cuadro rojo inferior muestra un control marcado como anormal (un pentágono en la esquina superior derecha del icono de traza). Para más información sobre el código de colores del icono de traza y las marcas consulte la sección 8.2.

3.8 Características del gráfico de Levey Jennings

1. Es posible ver la selección del método de CC, la ID del lote y los datos junto al gráfico de control de calidad.
2. Al cambiar el lote de control se insertará una línea vertical azul en el gráfico.
3. Cualquier resultado fuera del parámetro definido hará que aparezca un cuadro de comentarios.
4. Al seleccionar un resultado del gráfico avanzará hasta los valores del punto de datos en el cuadro de resultados y se destacarán en verde.



4. Ventana de lista de trabajo

Status	Line	Sample/Control	Patient ID	Patient Name
Normal Control	8	Normal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	9	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	10	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	11	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	12	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	13	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	14	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	15	Abnormal Control	n/a	n/a
Abnormal Control	16	Abnormal Control	n/a	n/a
Sample	17	Sample	M320027782	
Sample	18	Sample	M320027782	
Sample	19	Sample	M320027782	
Sample	20	Sample	M320027782	
Sample	21	Sample	M320027782	

La ventana de lista de trabajo presenta todas las muestras que se han añadido a la sesión de V8, ya sea una sesión activa o una sesión antigua de Platinum. Aquí el usuario puede establecer los controles y también introducir cualquier valor demográfico o químico para la muestra. Si está conectado con LIMS los valores demográficos se completarán automáticamente siempre que las muestras con códigos de barras se escaneen y si está activada la consulta automática. Si la consulta automática no está activada, los valores demográficos se pueden completar manualmente consultando LIMS.

Cualquier dato introducido aquí debe aparecer en los valores demográficos de traza en la ventana de resultados.

Esta ventana también se puede utilizar para crear una lista de trabajo de gel utilizando el icono **+** para añadir nuevas muestras.

5. Ventana de solicitud

5.1 Selección del método por defecto

El método por defecto se puede establecer de las siguientes maneras:

- Pulsado prolongado en el icono de solicitud para que aparezca la ventana «Select Method» (Seleccionar método).
- Seleccionándolo desde el menú desplegable en la ventana de solicitud.

5.2 Solicitud de prueba


La solicitud de pruebas hace referencia a la asignación de un ensayo a una muestra. Es posible solicitar una prueba cuando es necesario realizar ensayos distintos del ensayo predeterminado.

Para solicitar una prueba:

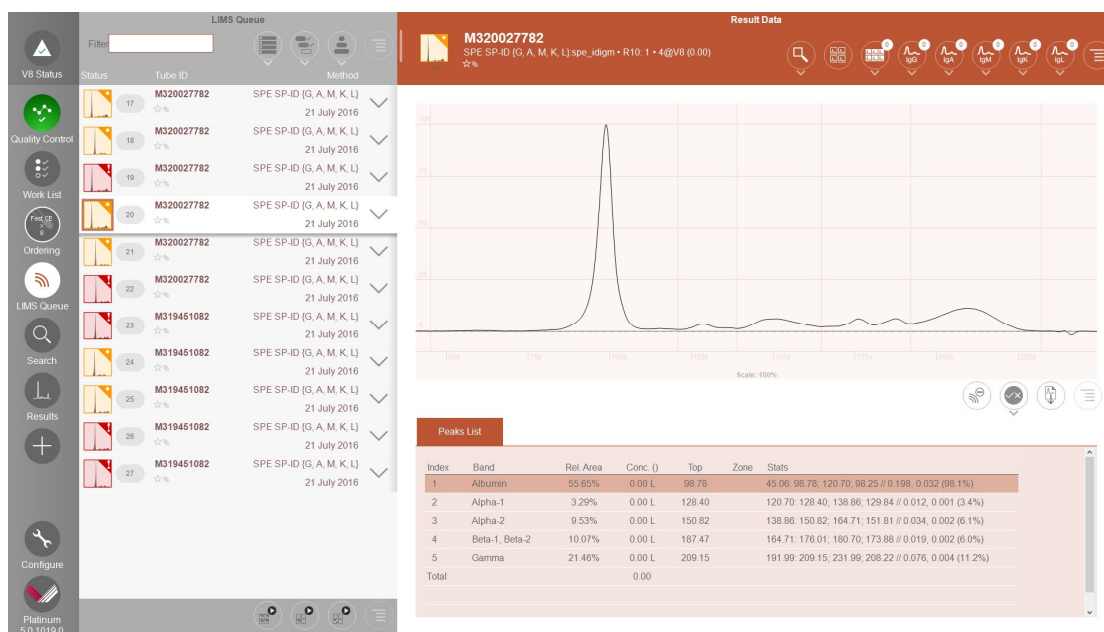
- Vaya a la ventana de solicitud
- Seleccione el método que necesite haciendo clic en «Method Selection» (Selección de método) en la caja desplegable
- Introduzca el código de barras de la muestra solicitada (si procede)
- Introduzca cualquier longitud de onda de anulación o dilución de anulación si no son las mismas que por defecto.
- Seleccione la posición del tubo y/o su código de barras en el que se realizarán las pruebas (se puede utilizar el mismo método para múltiples muestras/portamuestras al mismo tiempo).
- Seleccione «Order Test» (Solicitar prueba)
- Las pruebas deben aparecer en el lado izquierdo de la pantalla, en la lista de pruebas solicitadas
- Cargue la/s muestra/s en el portamuestras y asegúrese de que el ID y el portamuestras coincidan con los introducidos en Platinum.
- Coloque el/los portamuestras en la zona de transporte de portamuestras y cierre la tapa.
- V8 procesará automáticamente el ensayo solicitado
- Después de finalizar, la muestra ya no aparecerá en la ventana de solicitud.

5.2.1 Cómo cancelar una prueba solicitada

Las pruebas solicitadas o que estén en espera de pruebas reflejo permanecerán en el sistema como pendientes, a pesar de que las muestras se hayan retirado del V8. Si las muestras se retiran del V8 y después vuelven a cargarse, las pruebas solicitadas se realizarán a menos que se cancelen del sistema. Si un tubo sin código de barras/no leído tiene una prueba pendiente, esta prueba se eliminará automáticamente del sistema al retirar el portamuestras de la lista «No Barcode Worklist» (Lista de trabajo sin códigos de barras).

- Abra la ventana de solicitud
- Seleccione la prueba solicitada que desee cancelar
- Seleccione el icono «Remove ordered test» (Cancelar la prueba solicitada) en la parte inferior de la pantalla 

6. Cola del LIMS







6.1 Controlar los datos para el LIMS/LIS

Existen dos formas de enviar datos al LIMS/LIS. Pueden enviarse a la cola LIMS, donde los datos pueden validarse antes de enviarlos al LIMS/LIS, o pueden enviarse directamente sin validación al LIMS/LIS.

6.2 Enviar datos a la cola LIMS

Las muestras se envían a la cola de espera del sistema de gestión de información del laboratorio (LIMS/LIS) para que cuando un usuario con el nivel apropiado haya validado los datos como aceptables, puedan enviarse a la base de datos del LIMS.



Para enviar una vía individual o varias vías a la cola LIMS seleccione la muestra que le gustaría enviar desde la ventana de resultados y después seleccione el icono LIMS  y después, añadir a la cola LIMS .


Para enviar toda la sesión de V8 o exploración de gel al LIMS seleccione el icono  y Añadir al LIMS, después seleccione la opción Añadir a la cola LIMS .


Las muestras enviadas a la cola LIMS se marcarán con un icono de lista de trabajo.


6.3 Ver y liberar datos en la cola LIMS




Para ver las muestras de la cola LIMS debe ir a la ventana de la cola LIMS.

Para aprobar la liberación de la cola de LIMS de una muestra individual debe seleccionar el icono de Enviar seleccionados a LIMS . Aparecerá una marca azul al lado del icono LIMS .

Para aprobar la liberación de la cola de LIMS de múltiples muestras seleccionadas debe resaltar las muestras que le gustaría aprobar pulsando el pequeño icono de traza en LTN y después, seleccionar Aprobar el envío a LIMS . Deben aparecer marcas azules al lado del icono LIMS para todas las muestras seleccionadas.

Para evitar que una muestra individual previamente aprobada salga de la cola LIMS destaque la muestra y seleccione «Clear Approval for Sending to LIMS» (Eliminar aprobación para enviar a LIMS) . La marca azul debe eliminarse de la LNT. Para hacer esta acción en múltiples muestras debe destacar todas las muestras a las que desee eliminar la aprobación pulsando el pequeño icono de traza en la LTN antes de seleccionar «Clear Approval for Sending to LIMS» (Eliminar aprobación para enviar a LIMS).




Para eliminar de la cola de LIMS una muestra individual debe seleccionar el icono «Remove from LIMS queue» (Eliminar de la cola LIMS) . Para eliminar múltiples muestras debe destacar todas las muestras a las que desee eliminar pulsando el pequeño icono de traza en MWL antes de seleccionar «Remove from LIMS queue» (Eliminar de la cola LIMS).

Una vez autorizadas las muestras adecuadas para su envío a la base de datos LIMS, seleccione o bien «Send All to LIMS» (Enviar todo a LIMS) , «Send Selected to LIMS» (Enviar seleccionados a LIMS)  o «Send Selected Approved to LIMS» (Enviar seleccionados aprobados a LIMS)  según la necesidad que tenga de enviar los resultados a la base de datos LIMS.

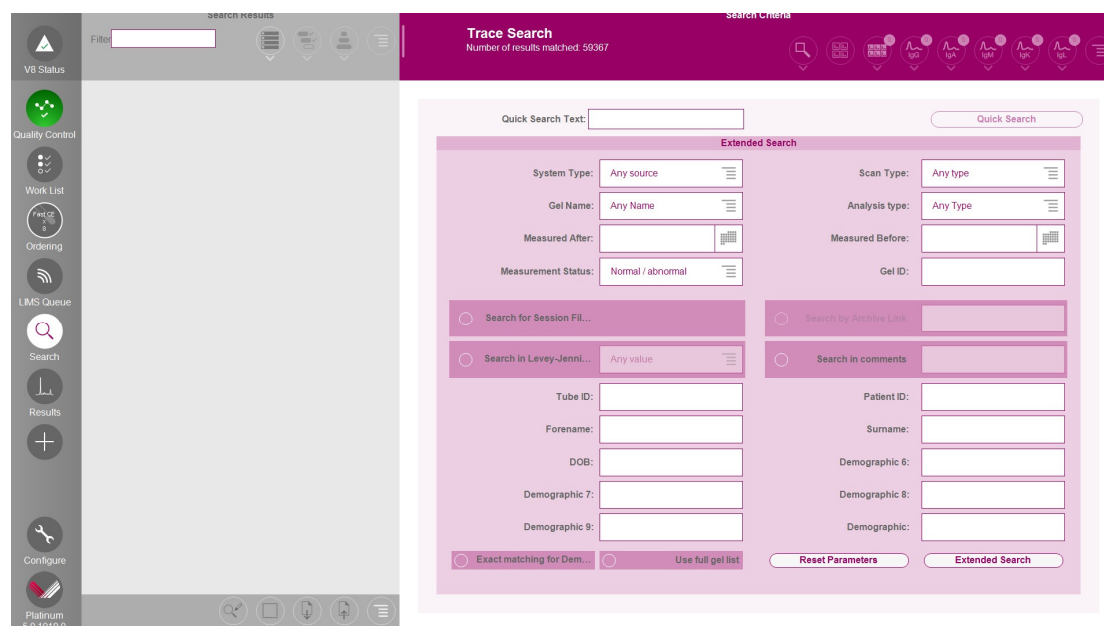
Si desea visualizar el progreso de la transferencia a LIMS debe ir a **Configure (Configurar) > Customise (Personalizar) > Sending to LIMS (Enviando a LIMS)** y asegurarse de que la opción «Display inspector window» (Mostrar ventana de inspección) está seleccionada.

6.4 Enviar datos de muestras directamente al LIMS

Es posible enviar muestras directamente al LIMS/LIS evitando el uso del sistema de colas.

Para enviar toda la sesión a LIMS debe ir al icono de seleccionar  y elegir «Select All» (Seleccionar todo). Después debe ir al icono LIMS  y seleccionar enviar a LIMS .

7. Ventana de búsqueda



7.1. Búsqueda de datos

Para localizar resultados de muestras, geles enteros o sesiones V8 en la base de datos, puede usar la ventana de búsqueda.

La ventana de búsqueda realizará automáticamente la búsqueda de muestras individuales a menos que seleccione alguna de las siguientes opciones:

- Buscar archivos de sesión
- Buscar en Levey-Jennings
- Buscar por enlace de archivo
- Buscar en comentarios

Al buscar resultados de muestras individuales, puede usarse cualquiera de los 10 campos demográficos para identificar la muestra y filtrar los resultados.

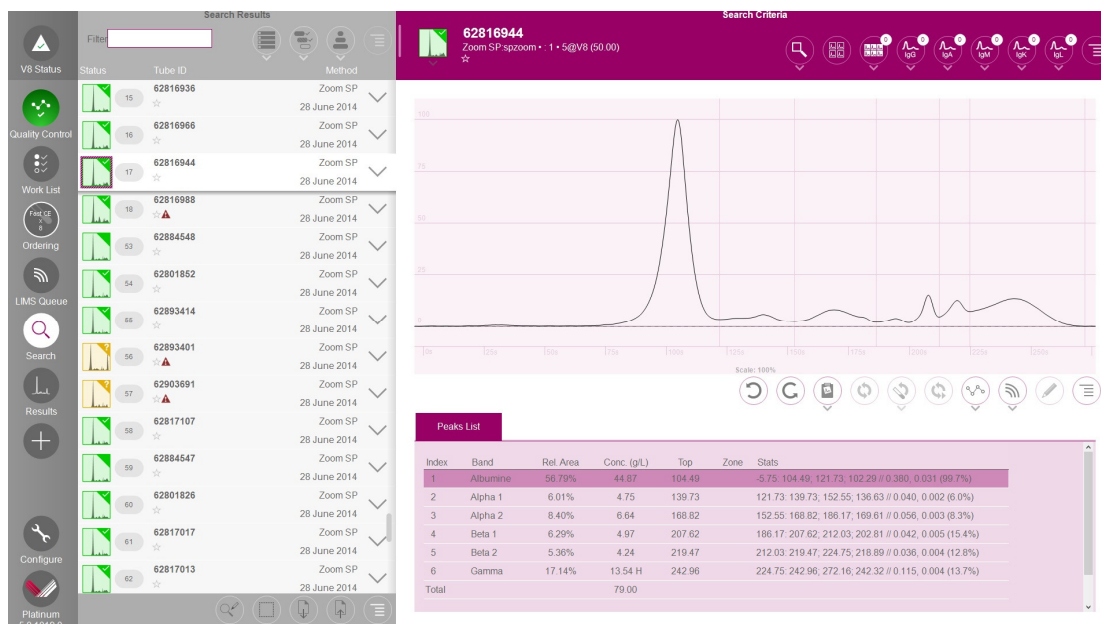
Además, hay 7 filtros genéricos disponibles:

- Tipo de sistema
- Tipo de exploración
- Nombre del gel
- Tipo de análisis
- Tiempo de medición

- ID del gel
- Estado de medición


Cuando busque una sesión estarán disponibles solo los 7 filtros genéricos que se muestran arriba. Al introducir los filtros demográficos necesarios, como la ID del paciente, y pulsar el botón Search (Buscar), aparecerá la lista de resultados de búsqueda.


7.2 Buscar resultados



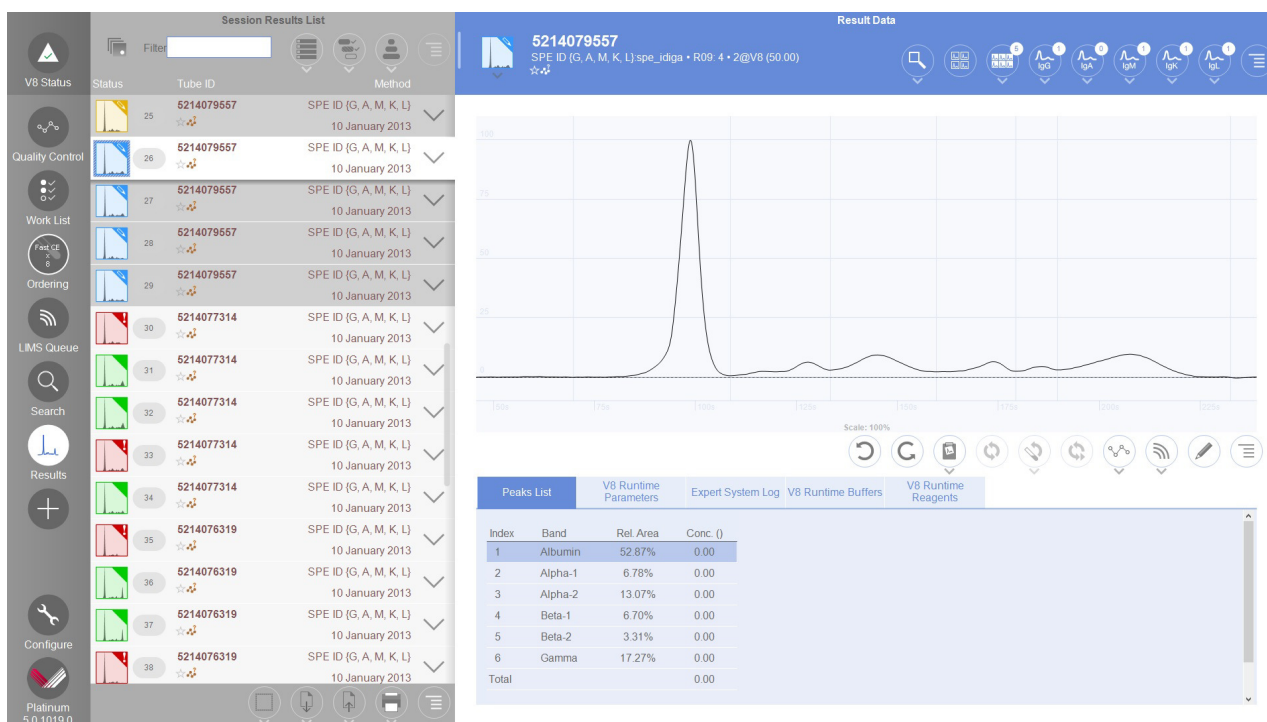
Se puede mostrar un máximo de 1.000 trazas al mismo tiempo. En caso de que se encuentren más, aparecerá una ventana de diálogo.

Los resultados de búsqueda se pueden filtrar en la esquina superior izquierda de la pantalla.

Una vez se muestren los resultados, es posible realizar funciones de visualización básica. Se puede cargar la sesión V8 original seleccionando el icono  para una edición de muestras más detallada.

Una vez haya terminado la visualización puede iniciar una nueva búsqueda seleccionando el icono .

8. Ventana de resultados





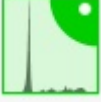
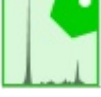
8.1 Ventana de sesión activa

Es posible tener varias ventanas de sesión abiertas en Platinum simultáneamente. Para evitar confundirse de ventana de sesión actualmente activa la sesión se etiqueta como «Active V8 System Session» (Sesión activa de sistema V8) cuando el usuario selecciona el icono .

8.2 Edición


Cuando se muestra una traza o imagen de gel por primera vez, es posible que los datos requieran algún tipo de ajuste para poder realizar la interpretación correcta de los resultados. Por lo tanto, es posible editar cada traza de muestra según las preferencias del usuario. Las muestras aparecen en la lista de trabajo de navegación con un código de colores para indicar visualmente el estado de edición. La correspondencia de los colores es la siguiente:

Icono	Estado
	La vía tiene el número correcto de bandas con todos los valores dentro del rango, lo que sugiere que es una muestra normal.
	La vía tiene el número correcto de bandas con todos los valores dentro del rango, lo que sugiere que es una muestra normal. La vía ya se ha visualizado.
	La vía tiene el número correcto de bandas con todos los valores dentro del rango, lo que sugiere que es una muestra normal, pero la muestra se ha editado.
	La vía no está editada y puede tener un número incorrecto de picos/bandas o los valores están fuera de rango, lo que indica que la muestra puede ser anormal.

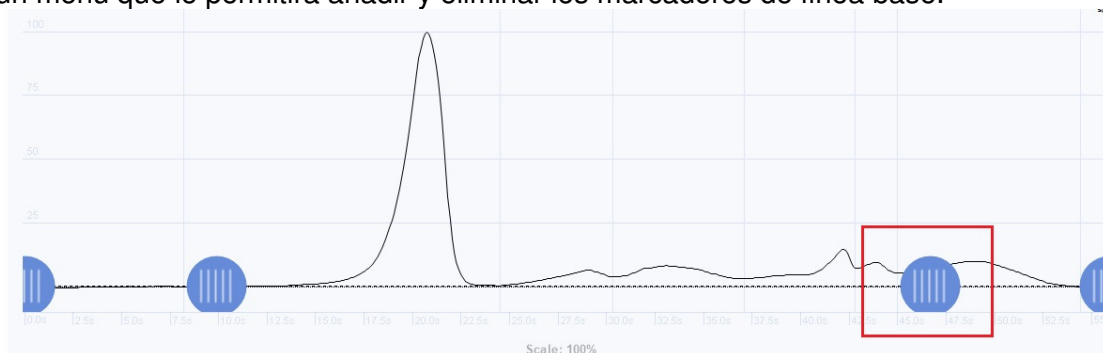
	Se ha visualizado la vía pero está sin editar. La muestra tiene un número incorrecto de picos o los picos/bandas o los valores están fuera de rango. La muestra puede ser anormal.
	Se ha visualizado y editado la vía. La muestra presenta un número incorrecto de picos/bandas o los valores están fuera de rango. Las bandas monoclonales marcadas serán de color amarillo. La muestra puede ser anormal.
	La vía es un control normal con el número correcto de bandas con todos los valores dentro del rango. El punto significa que la vía ya se ha visualizado.
	La vía es un control anormal con el número correcto de bandas con todos los valores dentro del rango. El punto significa que la vía ya se ha visualizado.

Para editar manualmente la traza utilice el icono  para mostrar todas las opciones de edición.


8.2.1 Edición de línea base

Si es necesario editar la línea base, hacer clic en el icono  permitirá el movimiento manual de la línea base.

Si selecciona este icono se mostrarán unos círculos grandes azules que se pueden mover para ajustar la línea base. Si pulsa durante un rato encima de uno de los círculos aparecerá un menú que le permitirá añadir y eliminar los marcadores de línea base.



8.2.2 Edición de picos

Después de seleccionar una muestra, es posible editar los picos haciendo clic en el icono de editar picos . Si pulsa durante un rato sobre un marcador de pico en la traza de la muestra aparecerán opciones específicas que se pueden aplicar al pico seleccionado.

8.2.3 Añadir marcador de valle

Para añadir un marcador de valle adicional a una traza, pulse durante un rato en la ubicación deseada para el marcador. Seleccione «Add Trough» (Añadir valle) en el menú desplegable y el marcador se añadirá a la traza. Es posible ajustar arrastrando el marcador hasta la ubicación correcta en la banda.


8.2.4 Eliminar marcador de valle

Para borrar un marcador de valle sobrante pulse durante un rato el marcador que le gustaría eliminar. Ahora, seleccione «Remove Trough» (Eliminar marcador) en el menú desplegable; el marcador se eliminará de la traza.

8.2.5 Dividir pico

Para dividir un pico añadiendo un marcador de valle, pulse durante un rato la ubicación deseada para el marcador. Seleccione «Split Peak» (Dividir pico) en el menú desplegable y el marcador se añadirá a la traza. Es posible ajustar arrastrando el marcador hasta la ubicación correcta en la banda.

8.2.6 Suavizado

Para suavizar una traza seleccione el icono «Filtering/Smoothing» (Filtrado/suavizado) y utilice la barra deslizante para seleccionar el ajuste que desee 

8.2.7 Filtrado

Para filtrar una traza seleccione el icono «Filtering/Smoothing» (Filtrado/suavizado) y utilice las barras deslizantes de filtrado para seleccionar el ajuste que desee

8.2.8 Función de superposición

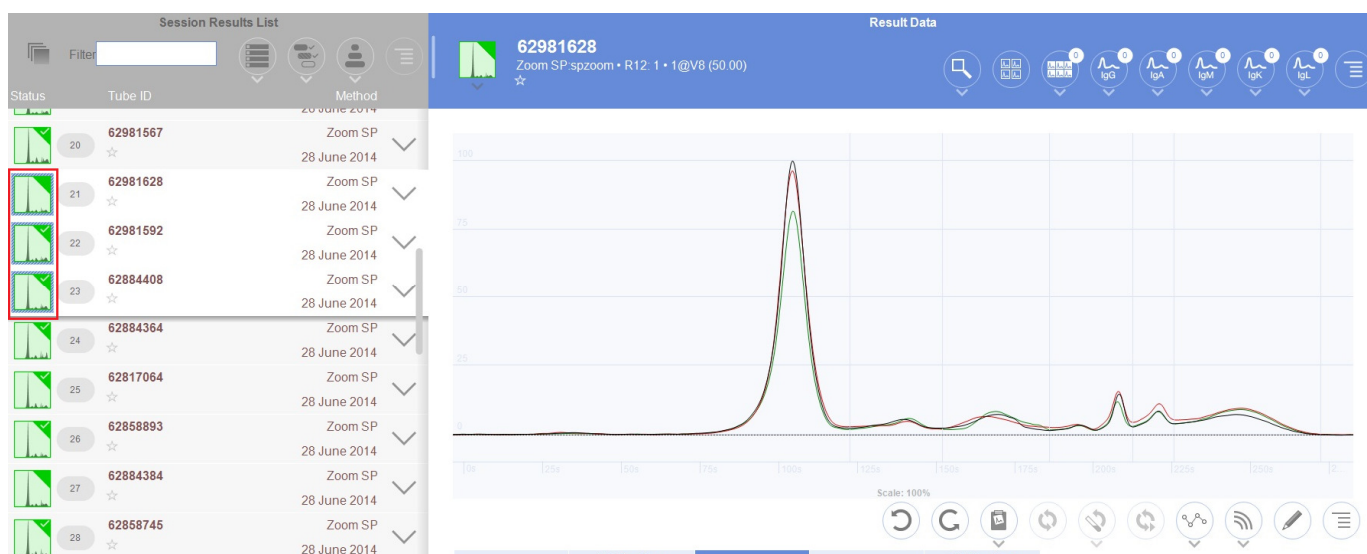
La función de superposición permite comparar una muestra con traza especificada previamente o con otra muestra.


8.2.9 Superposición normal

El usuario define la traza normal en función de los rangos de referencia límite de laboratorio especificados. Una traza específica se puede establecer como la superposición normal por defecto si pulsa durante un rato en cualquier parte de la traza para que aparezca un menú desplegable en el que debe seleccionar «Use as Normal Overlay» (Utilizar como superposición normal). La traza definida aparecerá en gris en la pantalla, como se muestra a continuación. Para activar/desactivar la superposición normal, pulse durante un rato la traza y seleccione «Show Normal Overlay» (Mostrar superposición normal).


8.2.10 Superposición de muestras en la pantalla

Si hace clic en el pequeño icono de traza en la LTN puede seleccionar todas las muestras que desee para la superposición. Si hace clic en el icono una vez más, lo desmarcará.




También es posible seleccionar todas las muestras con el icono  y seleccionando «Select All» (Seleccionar todo).

8.2.11 Coincidir formas

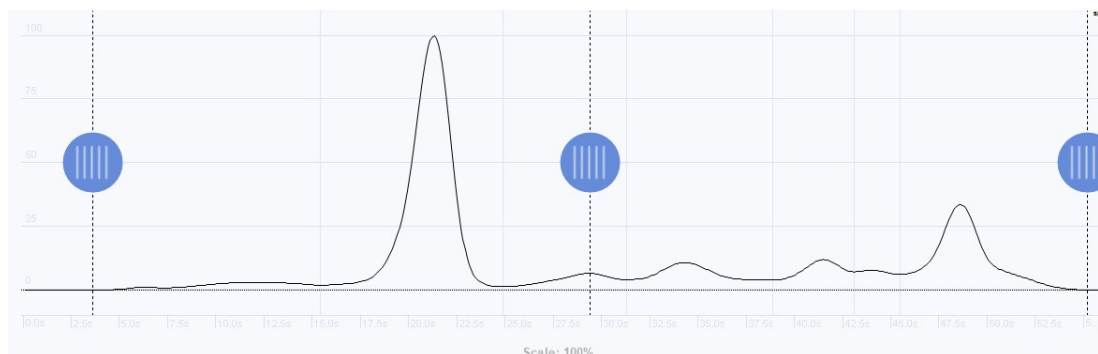
Cuando se superponen trazas de muestras en Platinum a menudo es necesario coincidir la superposición de una muestra con otra, lo que sucede especialmente con muestras de inmunodesplazamiento. Platinum automatiza este proceso para que sea lo más rápido y sencillo posible. Para hacerlo solo debe destacar dos o más trazas que le gustaría que coincidieran y seleccione el icono .

8.2.12 Estirar muestras para superponer bandas

Al superponer muestras de distintos periodos de tiempo, puede ser necesario estirar una traza para superponer cada pico con su pico correspondiente en la segunda traza.

Puede superponer las muestras que sean necesarias haciendo clic en sus iconos de traza en la LTN y después seleccionando el icono .

Las trazas se alinearán automáticamente una sobre otra. Si es necesario manipular más las muestras, es posible estirar manualmente la traza arrastrando los tres marcadores verticales que aparecen en pantalla.



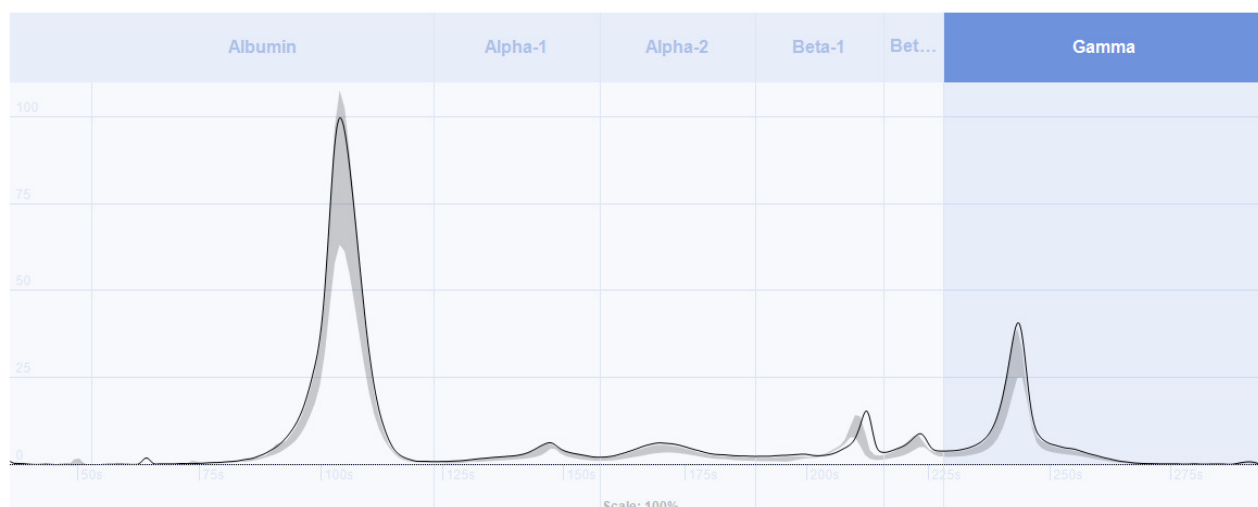
8.3. Trazas medias

Permite ver en pantalla un rango visual de muestras normales en relación con la traza seleccionada actualmente.

Para añadir trazas a la superposición media seleccione el menú de rebalse en la parte derecha de la pantalla al lado del icono «Edit» (Editar) y después, seleccione «Comparisons» (Comparaciones). Seleccione «Add to Mean Traces» (Añadir a trazas medias) del menú desplegable.

Para ver las trazas utilizadas para componer la superposición media debe ir al mismo menú de rebalse y seleccionar «Comparisons» (Comparaciones) y después, «Load Mean Traces» (Cargas trazas medias) del menú desplegable.

El menú desplegable de «Comparisons» (Comparaciones) también ofrece la opción de eliminar una muestra específica de la superposición media.



8.4 Cuantificación de una proteína monoclonal


Para cuantificar una proteína monoclonal, es necesario aislar la banda monoclonal en la traza. Hay dos métodos posibles para hacerlo que ofrecen valores ligeramente diferentes de la proteína monoclonal: corte y lavado. Si se conoce el valor de proteína total, Platinum calculará automáticamente la contribución de proteína de cualquier pico M marcado.

Nota: se recomienda que los usuarios elijan un método u otro, si alterna los métodos se pueden producir cambios en la cuantificación monoclonal del paciente en el tiempo debido a los diferentes métodos de medición empleados.

8.4.1 Pico M lavado

Esta metodología tiene en cuenta el fondo policlonal de una muestra y permite al usuario estimar la cantidad de fondo policlonal y eliminarlo de la cuantificación.

8.4.2 Añadir un pico M lavado


Seleccione el icono editar picos , después, pulse durante un rato el pico monoclonal y seleccione «Add Skimmed M-spike» (Añadir un pico M lavado).

Platinum estimará el grado del pico monoclonal y destacará esta zona rellenando en la traza con líneas punteadas. Para editar la ubicación del punto de inicio y del final del área cuantificado, arrastre el marcador de valle a la ubicación necesaria. La lista de bandas contendrá ahora una banda adicional llamada M-spike (pico M) con prefijos y sufijos adicionales en función de su ubicación en la traza y el número de picos M añadidos, por ejemplo 5 M Gamma M-spike 1 13,39 %, donde «5» es el número de pico, «M» muestra que es un pico M y no uno normal, «Gamma» es la región en la que está ubicado el pico M, «M-spike 1» (Pico M) muestra que es el primer pico M marcado (puesto que se puede añadir más de uno) y 13,39 % representa el área relativa del pico M.

8.4.3 Pico M cortado

Esta metodología asume que la banda de proteína monoclonal es la única proteína en el gel en esta posición y, por lo tanto, cuantifica la banda hasta la línea base de la traza.

8.4.4 Añadir un pico M cortado

Seleccione el icono editar picos , después, pulse durante un rato el pico monoclonal y seleccione «Add Sliced M-spike» (Añadir un pico M cortado). Platinum estimará el tamaño del pico monoclonal y destacará esta zona rellenándola con líneas punteadas. Para editar la ubicación del punto de inicio y del final del área cuantificado, arrastre el marcador de valle a la ubicación necesaria.


8.4.5 Eliminar un pico M

Para eliminar un pico M innecesario, pulse durante un rato el pico M y seleccione «Remove M-spike» (Eliminar pico M). Desaparecerá la zona punteada.


8.5 Eliminar artefactos de las trazas

Los artefactos no son comunes pero en ocasiones son un problema; esta función permite eliminar un artefacto de una traza sin alterar los datos.

8.5.1 Cortar datos

Si quiere editar una traza para eliminar un artefacto no deseado (a la línea base), pulse el icono  y arrastre por el área que desee eliminar.

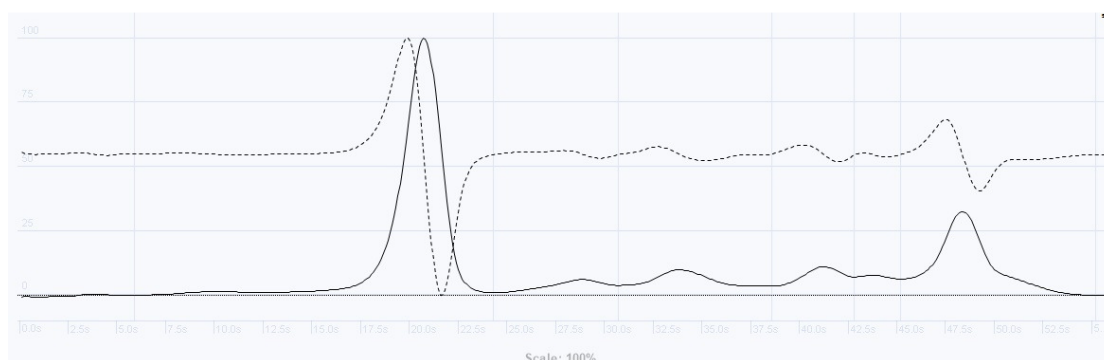
8.5.2 Lavar datos

Para editar una traza para eliminar un artefacto no deseado mientras se mantiene la progresión general de la curva (de pico a pico), haga clic en el icono de lavado  y después, arrastre sobre el área que quiere eliminar. Esto se destacará con una serie de bandas verticales.

8.6 Primer derivativo


Muestra el primer derivativo de la traza seleccionada. Es útil para identificar bandas monoclonales pequeñas puesto que se destaca la tasa de variación de la curva.

Pulse durante un rato la traza y seleccione «Show derivative» (Mostrar derivativo) y el primer derivativo aparecerá como una línea de puntos. Para eliminar este primer derivativo de la traza debe pulsar durante un rato la traza y desmarcar «Show derivative» (Mostrar derivativo) en el menú desplegable.






8.7 Añadir comentarios a un resultado de muestra

8.7.1 Añadir un comentario a un resultado de muestra única


Los comentarios de una traza se pueden ver seleccionando la flecha hacia abajo en la lista de trabajo de navegación, así verá la ventana de inspección. Los comentarios se pueden introducir manualmente en la sección «Patient Comments» (Comentarios del paciente). También es posible añadir comentarios predefinidos a la caja de comentarios a través de dos rutas diferentes seleccionando el icono :

- Configurar comentarios estándar (consulte la sección 9.2)
- Árbol de comentarios

8.7.2 Añadir comentarios a un resultado de muestra múltiple

Si desea añadir el mismo comentario a múltiples trazas debe destacar todas las trazas cuyo resultado quiera que tenga el mismo comentario y pulse en el pequeño icono de traza en la lista de trabajo de navegación. Seleccione el menú «Options» (Opciones)  debajo de la lista de trabajo y vaya a «Add Comment to Selected Traces» (Añadir comentario a las trazas seleccionadas). Desde ahí puede introducir manualmente el comentario o seleccionar el icono  para añadir un comentario de «Standard Comments» (Comentarios estándar) o «Comment Tree» (Árbol de comentarios). Seleccione «Add» (Añadir) para añadirlos a las trazas seleccionadas. Aparecerá un icono de comentarios  en todas las trazas a las que se ha añadido dicho comentario.

8.7.3 Árbol de comentarios


Si desea añadir un comentario predeterminado del árbol de comentarios a un resultado, seleccione el icono  y después seleccione el/los comentario/s que le gustaría añadir utilizando las casillas de verificación. Utilice la opción «Add Selected» (Añadir lo seleccionado) para añadirlos todos a la traza y después seleccione «Close» (Cerrar). El/los comentario/s deben aparecer en la sección «Patient Comments» (Comentarios del paciente) debajo de la traza.

Puede añadir nuevos comentarios a árbol utilizar las opciones de «New Comment» (Comentario nuevo) o «New to Root» (Comentario nuevo a la raíz), dependiendo de si quiere que el comentario se relacione con un ensayo específico o no. Los árboles de comentarios que ya se hayan configurado se pueden cargar utilizando la opción «Load Tree» (Cargar árbol) o puede guardar el árbol actual en un archivo utilizar la opción «Save Tree» (Guardar árbol).

Nota: los comentarios IFE solo pueden añadirse/editarse en la exploración IFE original.


8.8 Buscar y adjuntar un resultado de inmunotipado

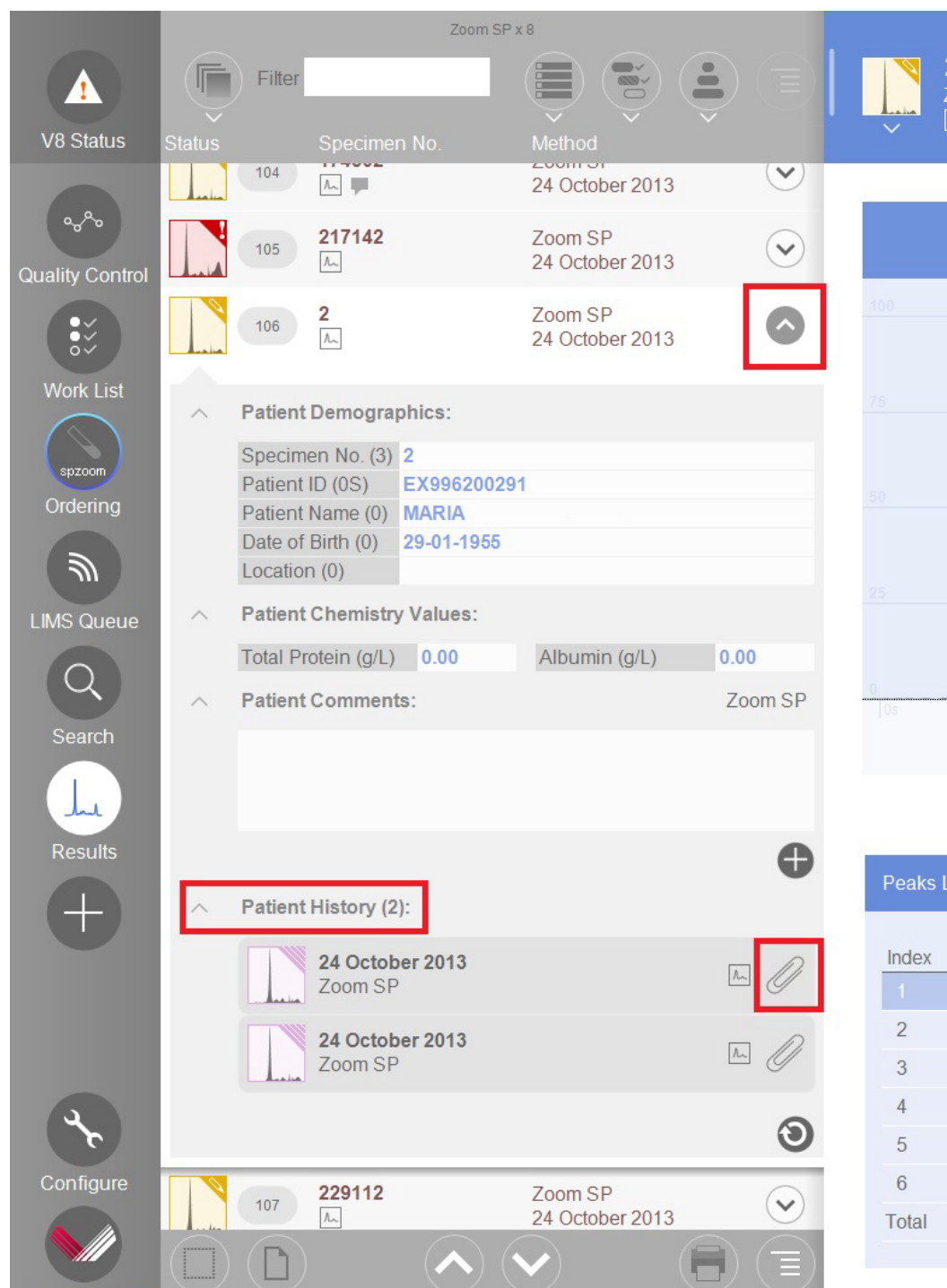
Es posible en una sola ventana de Platinum vincular y mostrar trazas de inmunodesplazamiento/geles IFE relacionadas con un paciente específico junto a la traza de seroproteína correspondiente para usarla como referencia.

Seleccione la muestra de seroproteína a la que desee enlazar el inmunodesplazamiento/IFE y seleccione el icono de datos  del menú «Options» (Opciones) y después, «Search and Attach Immunotyping» (Buscar y adjuntar inmunotipado).

Aparecerá una ventana de búsqueda. Seleccione el botón de búsqueda y, cuando hayan aparecido los resultados, destaque cualquier inmunotipo que desee vincular con la seroproteína. Seleccione OK. Se realizará la vinculación y se cerrará la ventana.

8.8.1 Adjuntar una muestra del historial del paciente

Para adjuntar una muestra directamente desde el historial del paciente debe seleccionar la flecha hacia abajo al lado de la muestra para mostrar la ventana de inspección. En la parte inferior de la pantalla de inspección al lado del historial del paciente seleccione el icono . Pulse en el icono del clip al lado de cada resultado para adjuntarlo a la traza seleccionada en ese momento



The screenshot displays the software interface for patient data management. The sidebar on the left contains navigation icons for V8 Status, Quality Control, Work List, Ordering, LIMS Queue, Search, Results, and Configure. The main panel shows a table of test results with columns for Status, Specimen No., and Method. The table lists three results for 'Zoom SP' on '24 October 2013'. The first result (Specimen No. 104) is highlighted. The second result (Specimen No. 217142) is also highlighted. The third result (Specimen No. 2) is highlighted. The 'Patient History (2):' section is highlighted with a red box. The 'Attach' icon (clip) next to the second result is highlighted with a red box. The 'Refresh' icon (circular arrow) is also visible.

Status	Specimen No.	Method
104	174002	Zoom SP 24 October 2013
105	217142	Zoom SP 24 October 2013
106	2	Zoom SP 24 October 2013

Patient Demographics:

Specimen No. (3)	2
Patient ID (0S)	EX996200291
Patient Name (0)	MARIA
Date of Birth (0)	29-01-1955
Location (0)	

Patient Chemistry Values:

Total Protein (g/L)	0.00	Albumin (g/L)	0.00
---------------------	------	---------------	------


Patient Comments: Zoom SP

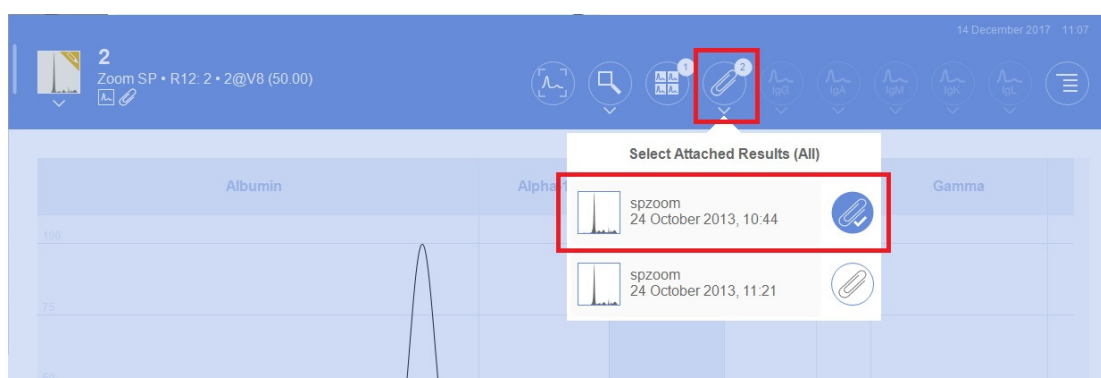
Patient History (2):

24 October 2013 Zoom SP	Attach
24 October 2013 Zoom SP	Attach

Peaks L

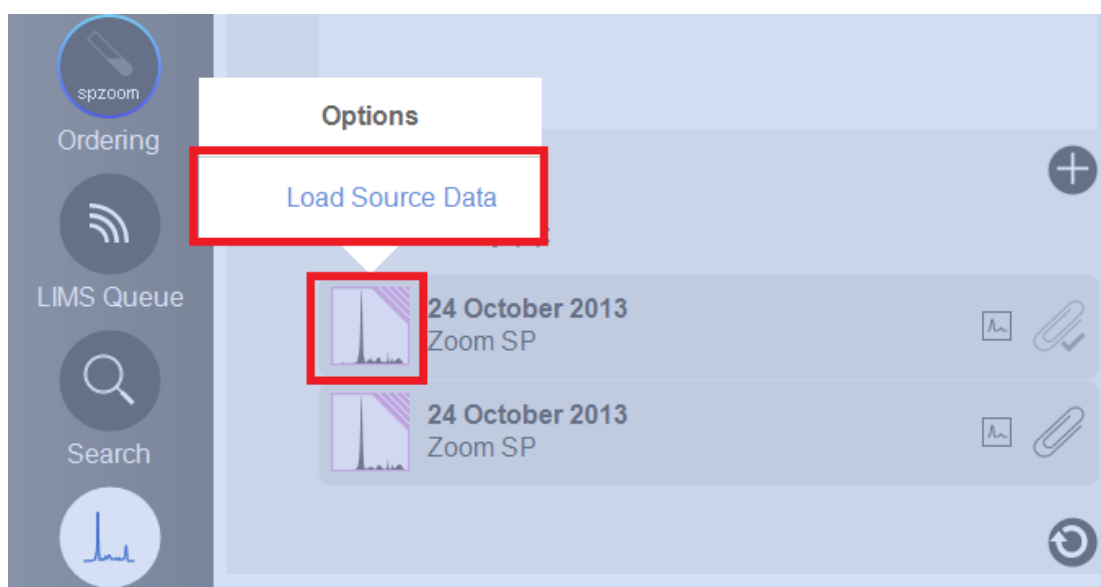
Index
1
2
3
4
5
6
Total

Si se adjunta correctamente, al lado del clip aparecerá una pequeña marca y en la esquina superior derecha de la pantalla debe aparecer un «1» (o el número anterior incrementado en 1 si ya había muestras enlazadas/adjuntadas) sobre el icono .




8.8.2 Cargar datos fuente en el historial del paciente

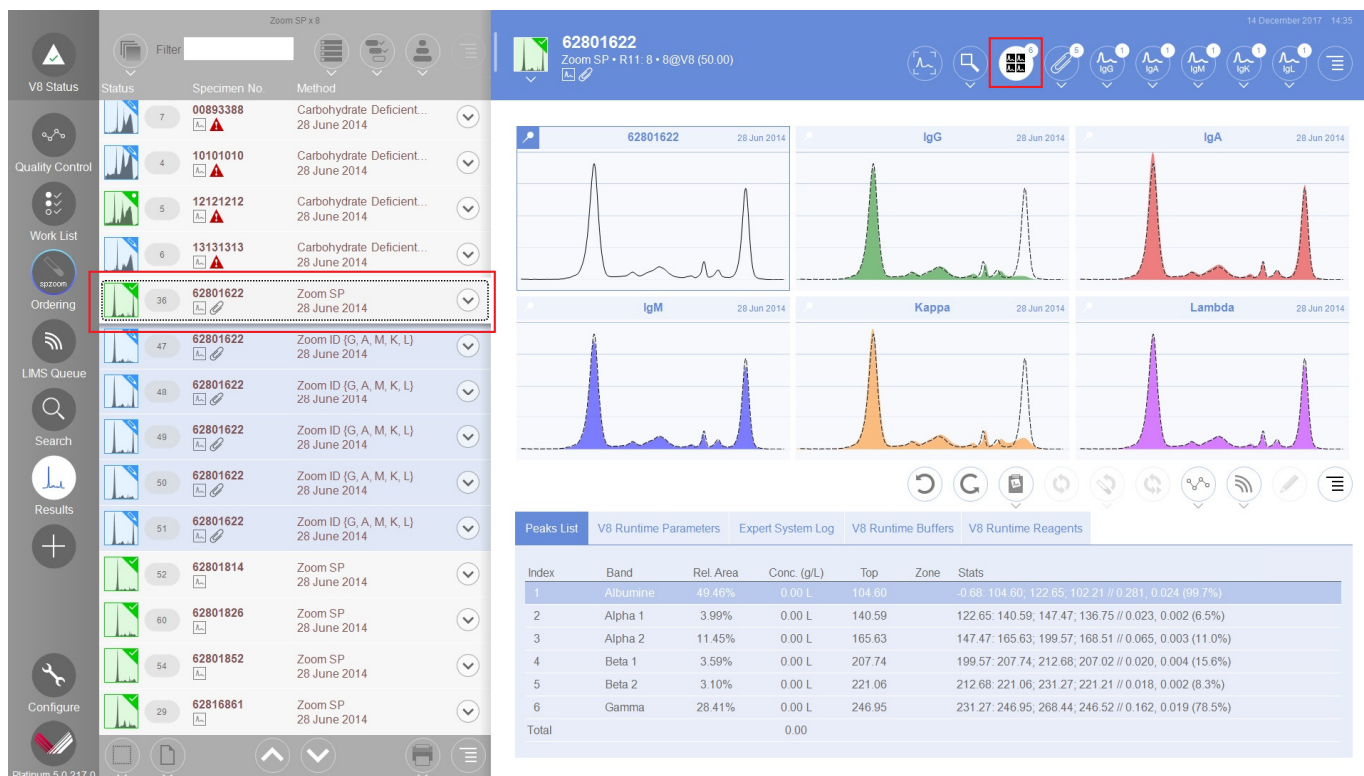
Para cargar los datos fuente para cualquier muestra del historial del paciente debe pulsar durante un rato en el pequeño icono de traza de la muestra y después seleccionar «Load Source Data» (Cargar datos fuente).




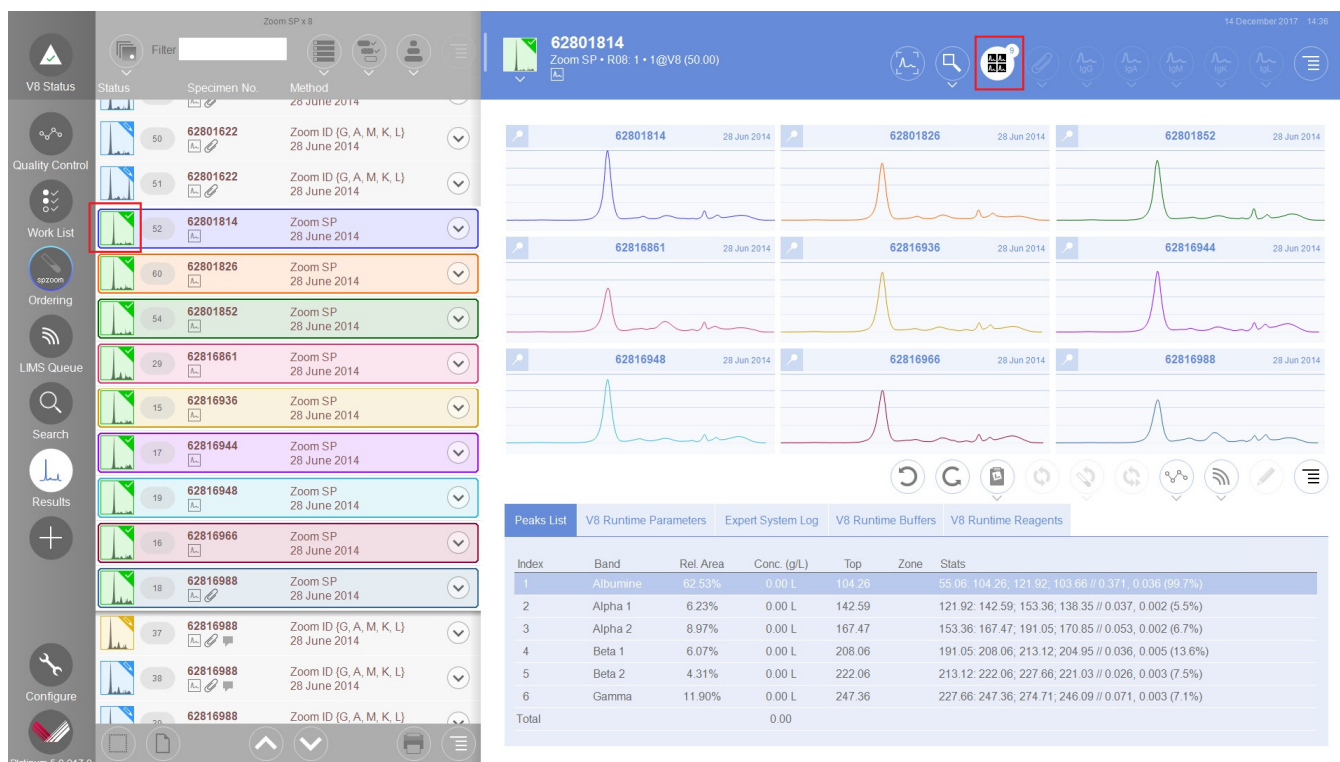
8.9 Modo cuadrícula


El modo cuadrícula ofrece dos funciones para ver múltiples muestras: inmunoventana o vista en cuadrícula.

Para ver un inmunodesplazamiento con el modo cuadrícula seleccione una de las muestras de inmunodesplazamiento y seleccione el icono .



Si desea ver múltiples traza de cualquier tipo en modo cuadrícula debe pulsar en el pequeño icono de traza para destacarla y después seleccionar el icono . Se puede mostrar un máximo de 9 muestras en el modo cuadrícula al mismo tiempo. Esto incluye muestras que se muestran en «Patient History» (Historial del paciente), muestras IFE y muestras de gel.



Cuando esté en el modo cuadrícula puede «nominar» cualquier muestra como traza principal. Esto permite superponer la muestra sobre todas las demás en el modo cuadrícula como lo haría una traza de seroproteína en el modo de inmunoventana. Para nominar una traza debe seleccionar el icono  en la esquina superior izquierda de la traza que quiera nominar.



Las opciones del modo cuadrícula están en el menú «Options» (Opciones) en la esquina superior derecha, después debe ir a «Grid View Options» (Opciones de visualización de cuadrícula). Puede acceder a estas opciones solamente cuando esté en modo cuadrícula.

8.10 Modo enfoque

El modo enfoque proporciona una vista básica de los resultados. La traza actualmente seleccionada se muestra en una porción mucho más grande de la pantalla lo que hace que sea más fácil ver y editar la traza. Puede navegar entre muestras utilizando las grandes flechas en la parte inferior de la pantalla o deslizando por los iconos de trazas en la parte izquierda. Puede superponer múltiples trazas pulsando con dos dedos en el icono de traza. Todas las opciones de traza como la edición y pruebas reflejo seguirán disponibles en la esquina inferior izquierda.




Puede seguir utilizando el modo cuadrícula mientras esté en modo enfoque con muestras que seguirán seleccionadas incluso si cambia de vista.



8.11 Añadir una ID de tubo a las muestras procesadas

Los tubos de muestra sin códigos de barra o cuando no haya sido posible leerlos se identifican en la lista de navegación porque la ID del tubo está en blanco. El usuario puede introducir esta información solo DESPUÉS de que el V8 haya procesado la muestra y se hayan obtenido todos los datos.

- Para hacerlo debe seleccionar la columna de ID de tubo de la muestra no etiquetada en la ventana de lista de trabajo.
- Esto permitirá al usuario escanear el tubo con el escáner de códigos de barras o introducir la ID del tubo manualmente.
- También es posible introducir la información del código de barras de la muestra en la ventana de resultados. Seleccione la flecha de desplegable para que salga la ventana de inspección .
- Seleccione el campo demográfico de ID de tubo e inserte el código de barras manualmente.


8.12 Cómo realizar una prueba reflejo

Las pruebas reflejo pueden realizarse de forma manual o automática (usando el Sistema experto). Es esencial que la prueba reflejo necesaria se asigne como una respuesta al ensayo asociado, como inmunodesplazamiento, siendo la prueba reflejo para el ensayo de seroproteína. Esto se diferencia de la solicitud de prueba, puesto que las pruebas reflejo solamente se pueden solicitar después de que una muestra ya se haya probado, detectado como anormal o sea necesaria una confirmación de la prueba.

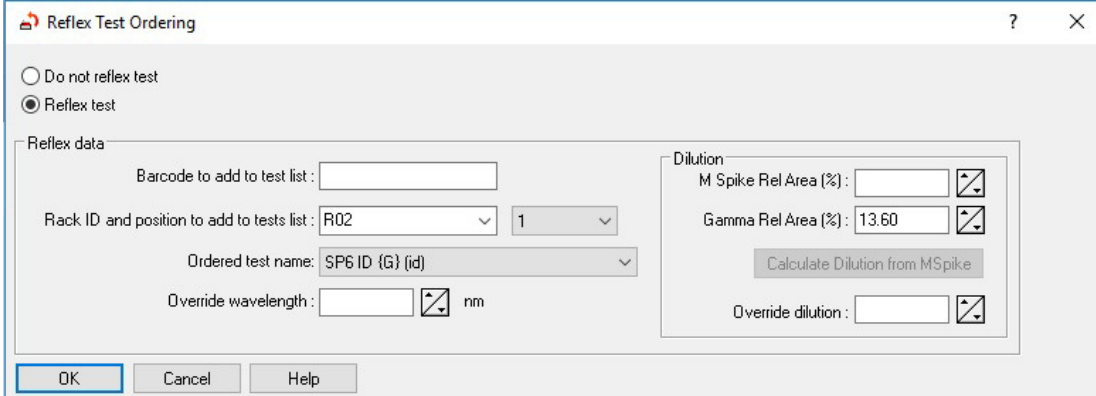
Por favor, consulte la sección 9.1.3 para ver información respecto a la prioridad de prueba de reflejo.

8.12.1 Solicitud manual de pruebas reflejo

Las pruebas reflejo manuales pueden solicitarse con el Sistema experto activado o desactivado. Para solicitar una prueba reflejo manualmente, debe haberse completado la adquisición de datos. Es posible analizar, manipular y solicitar pruebas reflejo en un portamuestras completado mientras otro se está preparando o analizando mediante EC.

En la ventana de resultados destaque el resultado de la muestra que requiera más análisis y seleccione el icono .

Aparecerá el siguiente cuadro de diálogo de solicitud de prueba:



The dialog box is titled "Reflex Test Ordering" and contains the following elements:


- Two radio buttons: "Do not reflex test" (unselected) and "Reflex test" (selected).
- A section titled "Reflex data" containing:
 - A text field for "Barcode to add to test list".
 - A dropdown menu for "Rack ID and position to add to tests list" with "R02" selected, and a small dropdown for "1".
 - A dropdown menu for "Ordered test name:" with "SP6 ID {G} (id)" selected.
 - A text field for "Override wavelength:" followed by a unit selector dropdown set to "nm".
- A section titled "Dilution" containing:
 - A text field for "M Spike Rel Area (%)" with a unit selector dropdown.
 - A text field for "Gamma Rel Area (%)" with the value "13.60" and a unit selector dropdown.
 - A button labeled "Calculate Dilution from MSpike".
 - A text field for "Override dilution:" with a unit selector dropdown.
- At the bottom are three buttons: "OK", "Cancel", and "Help".

Seleccione la opción de prueba reflejo. En el menú desplegable, seleccione «Ordered test name» (Nombre de la prueba solicitada) y, después, seleccione el ensayo reflejo apropiado.

Si no hay un código de barras presente, el número y la posición del portamuestras serán los únicos factores que puedan utilizarse para identificar la muestra. De ese modo, es ESENCIAL que los tubos no se cambien antes de haber realizado la prueba reflejo.

Si hay un código de barras, se utilizará preferentemente para realizar la prueba reflejo.

Una vez seleccionado, haga clic en OK. En función de las preferencias de la prueba reflejo seleccionada, el V8 realizará el análisis reflejo inmediatamente, realizará cada prueba reflejo una a una O BIEN el operador deberá seleccionar el icono «Allow Reflex Test Batches»

(Permitir pruebas reflejo de lotes) , donde el V8 almacenará todas las pruebas reflejo hasta que el usuario solicite realizar los análisis.

8.12.2 IFE automático para Touch

8.12.2.1 Usar la función de dilución automática de IFE


La función de dilución automática de inmunofijación IFE del V8 se ha diseñado para agilizar y automatizar la dilución de muestras de seroproteínas para inmunofijación. Usando la exclusiva preparación de muestras del V8, el manipulador de muestras del V8 y el software Platinum del sistema se combinan para automatizar la preparación de la dilución IFE óptima.

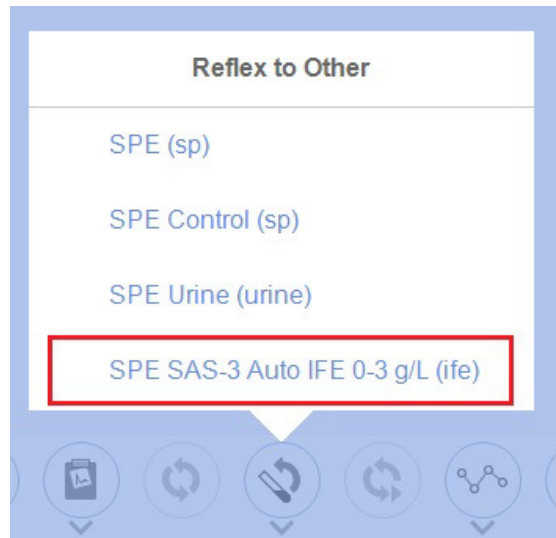
Para crear la dilución óptima, el software utiliza datos preexistentes para calcular la mejor relación de dilución. Esta dilución se utiliza para pipetear automáticamente desde el tubo de muestras en una cubeta de muestras que, después, está preparada para cargarse en un sistema de electroforesis de gel Helena. La fórmula de dilución utiliza el % relativo de la banda monoclonal con el % relativo de otras bandas y a partir de estos datos genera una dilución que ofrezca sensibilidad además de claridad.

Las diluciones de inmunofijación tradicionalmente se ofrecen como recomendaciones fijas para diluciones IFE en función de la concentración de proteína de la banda monoclonal en una serie de concentraciones. Esto requiere que esté disponible la concentración de albúmina o proteína total de la muestra y se aplique a un rango de concentración que puede resultar no siempre ideal. Tampoco tiene en cuenta la expresión de inmunoglobulina policlonal que puede dificultar la visualización.

La dilución automática IFE del V8 utiliza información preexistente encontrada en la traza de electroforesis capilar para ajustar automáticamente la dilución para cada muestra específica para ofrecer el resultado óptimo, esta función elimina la posibilidad de errores en los cálculos de dilución y optimiza el proceso de toma de decisiones.

8.12.2.2 Usar la dilución automática IFE con la función de prueba reflejo

1. Seleccione una muestra con una banda monoclonal y defina la banda monoclonal usando la función lavar/cortar, ver la sección **8.4**.
2. Solicite una prueba reflejo seleccionando el icono «Reflex to Other» (Prueba reflejo para otro)  debajo de la imagen de traza de muestra.
3. Seleccione [MIU] SAS-1 Auto IFE o [MIU] SAS-3 Auto IFE (MIU = método en uso) si está disponible en el menú emergente. En caso contrario, seleccione «More Options» (Más opciones).



4. En la ventana «Reflex Test Ordering (Solicitud de pruebas reflejo)» seleccione «Calculate Dilution from MSpike» (Calcular dilución a partir del pico M).

Ventana de solicitud de pruebas reflejo con la dilución ya calculada.

5. Seleccione **OK** y el V8 preparará la dilución (en el modo Batch Priority, el usuario debe seleccionar «**Allow Reflex Test Batches**» para que comience la prueba reflejo).

8.12.2.3 Usar la dilución automática IFE con la función de gestionar pruebas

Para los usuarios que soliciten pruebas de inmunofijación en pruebas que se hayan analizado en una sesión Platinum distinta:

1. Seleccione el menú de **Solicitud**.
2. Seleccione el código de barras o el número y la posición del portamuestras para la muestra que desea analizar.
3. Seleccione el nombre de la prueba solicitada [MIU] SAS-3 IFE 0-3g/L (IFE).
4. En la sección dilución de la ventana, introduzca el % relativo de la banda monoclonal y gamma para la muestra deseada y seleccione «Calculate» (Calcular).

En la imagen se muestra el área relativo de pico M y Gamma introducido.

5. Seleccione «Order Test» (Solicitar prueba)
6. Una vez solicitadas todas las pruebas los portamuestras avanzarán y las muestras especificadas se diluirán con las diluciones apropiadas.

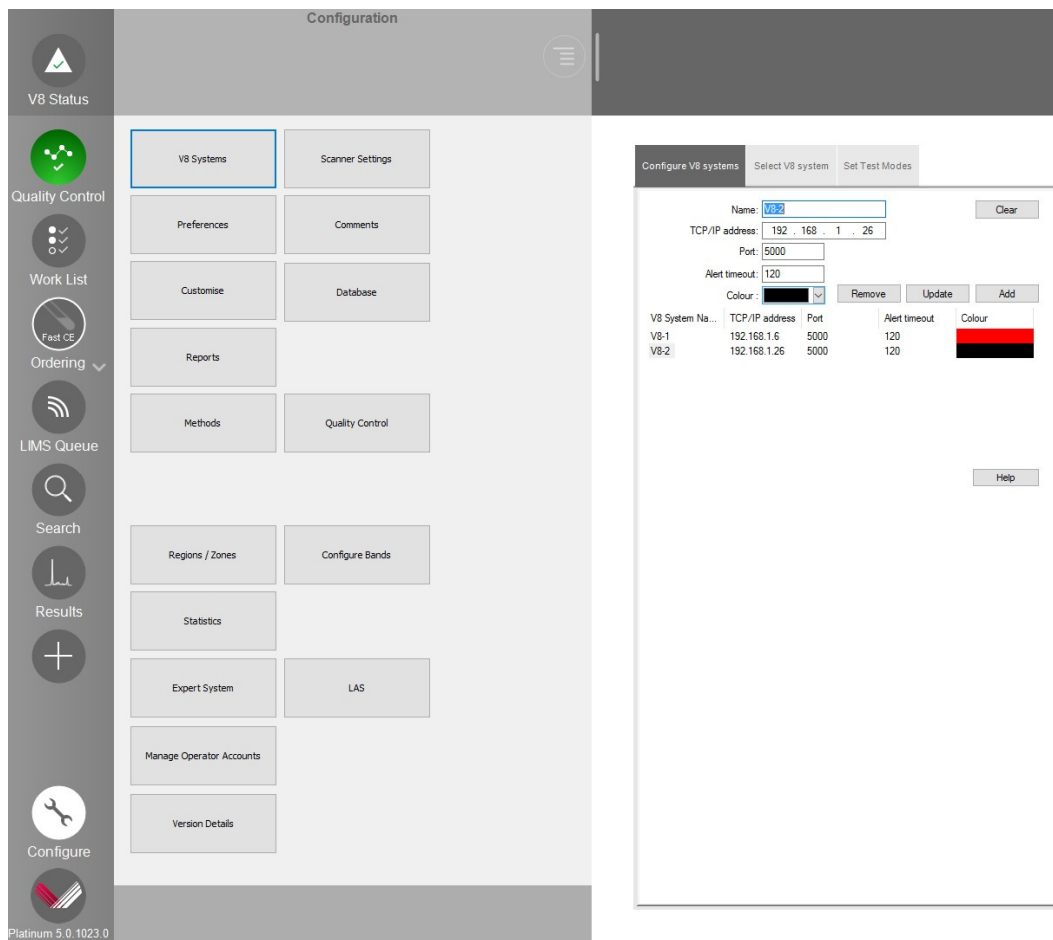
9. Ventana de configuración

9.1 Sistemas V8

Platinum debe estar enlazado con el instrumento V8 que va a utilizarse.

Vaya a **Configure (Configurar) > V8 Systems (Sistemas V8) > Configure V8 Systems (Configurar sistemas V8)**. Esto permite conectar nuevos sistemas V8 con Platinum y muestra los sistemas actuales/anteriores que se han utilizado. Para calibrar el V8 con Platinum, introduzca lo siguiente:

Sección	Descripción	Ejemplo
Nombre	Descripción del sistema V8. A definir por el usuario.	Biomedical Lab CCE
Dirección DCP/IP:	Dirección IP única del V8. Ponte contacto con tu representante local de Helena Biosciences para más información	192.168.1.2
Puerto:	Número de puerto único para el V8. Ponte contacto con tu representante local de Helena Biosciences para más información.	5000
Alerta de tiempo excedido:	Es el periodo de tiempo antes de que vuelva a aparecer la ventana.	120
Color	El color que aparecerá en la barra de título de la sesión activa.	Rojo



9.1.1 Seleccionar sistema V8

Permite al usuario ver una lista de todos los sistemas V8 que se han enlazado con el ordenador e iniciar una conexión entre Platinum y el sistema V8. El usuario puede seleccionar manualmente en la lista si debe cambiarse el sistema predeterminado por un instrumento diferente. Para seleccionar un sistema V8, vaya a **Configure (Configurar) > V8 Systems (Sistemas V8) > Select V8 System (Seleccionar sistema V8)**.

9.1.2 Definir el modo de prueba del V8

Configure V8 systems Select V8 system **Set Test Modes**

☒ Single specimen type per patient
☐ Multiple specimen types per patient

☒ Immediate retest
☐ Rack priority retest
☐ Complete batch retest

☒ Remove Duplicate Barcodes

El V8 tiene dos modos de funcionamiento principales: (1) análisis de nuevas muestras y (2) prueba reflejo de muestras recuperadas.

Análisis de nuevas muestras

En este modo, el V8 procesará todas las muestras cargadas en el instrumento, explorando la ID del portamuestras y los tubos de muestra primarios, y enviando los códigos de barras a Platinum para recibir instrucciones en cuanto al ensayo que debe realizar.

Pruebas reflejo

En este modo, el V8 solo procesará y analizará las muestras que se hayan marcado para pruebas reflejo (y aparezcan en la lista de pruebas de Platinum), o las que se hayan solicitado de forma individual. Se ignorarán otras muestras en el portamuestras.

En cada modo de funcionamiento, existen dos procedimientos de ensayo principales, que determinan si se analizará cada portamuestras como un ensayo de tipo sencillo (tipo de muestra única por paciente) o como un ensayo de tipo múltiple (tipos de muestra múltiples por paciente).

Nota: el modo de prueba no puede cambiarse durante una sesión. Si es necesario cambiar el modo de prueba o la prioridad reflejo, debe iniciarse una nueva sesión.

Para seleccionar el modo de prueba:

Para seleccionar el modo de prueba de prioridad reflejo, debe abrirse una nueva ventana de sesión del V8. Vaya a **Configure (Configurar) > V8 Systems (Sistemas V8) > Set Test Modes (Configurar modos de prueba)**.

9.1.3 Prioridad de prueba reflejo

La prioridad de prueba reflejo determina cuándo el V8 realiza las pruebas reflejo, tanto si se han solicitado de forma manual o automática. Existen tres modos de prioridad de prueba reflejo: inmediato, prioridad portamuestras y lote.

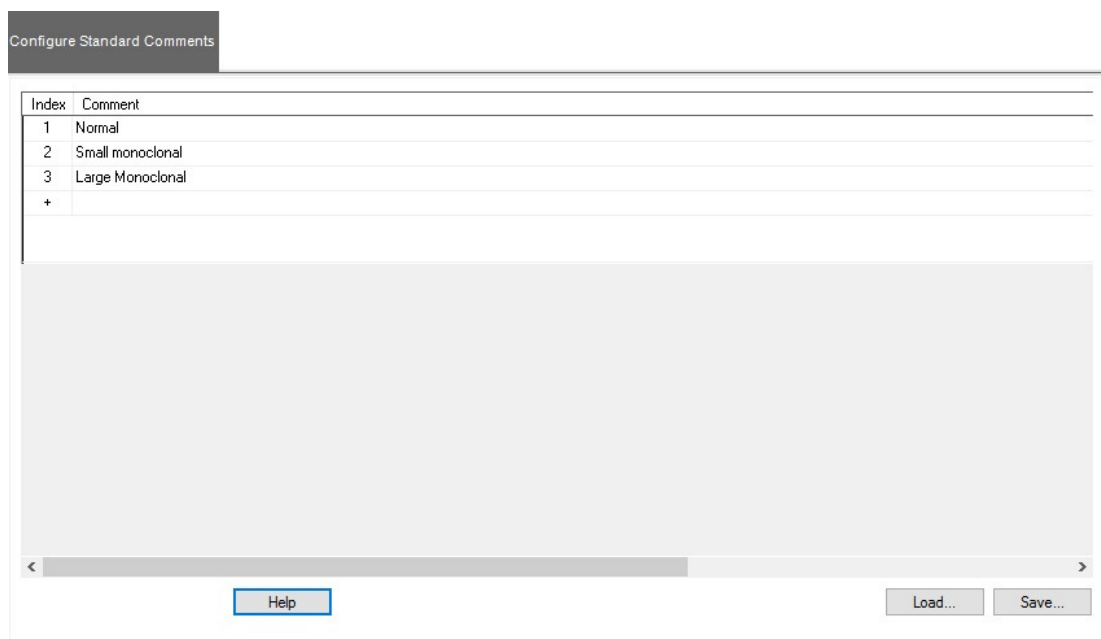
- El modo «Immediate retest» (Repetición de prueba inmediata) realizará las pruebas solicitadas de inmediato, moviendo los portamuestras a la zona de manipulación de muestras y cambiando de ensayo en caso necesario.
- El modo de «Rack priority retest» (Repetición de prueba de prioridad de portamuestras) retrasará la repetición de la prueba hasta que no queden más portamuestras disponibles para procesar usando el ensayo predeterminado. Si se cargan más portamuestras durante la repetición de prueba de prioridad de portamuestras, el V8 priorizará los nuevos portamuestras.
- El modo «Complete batch retest» (Repetición de pruebas de lote completo) mantendrá todas las pruebas solicitadas hasta que se le indique realizar los análisis a discreción del usuario.

9.2 Comentarios

Es posible almacenar comentarios predefinidos en Platinum que pueden añadirse a los registros de muestras individuales.

9.2.1 Redactar comentarios estándar

Vaya a **Configure (Configurar) > Comments (Comentarios)**.

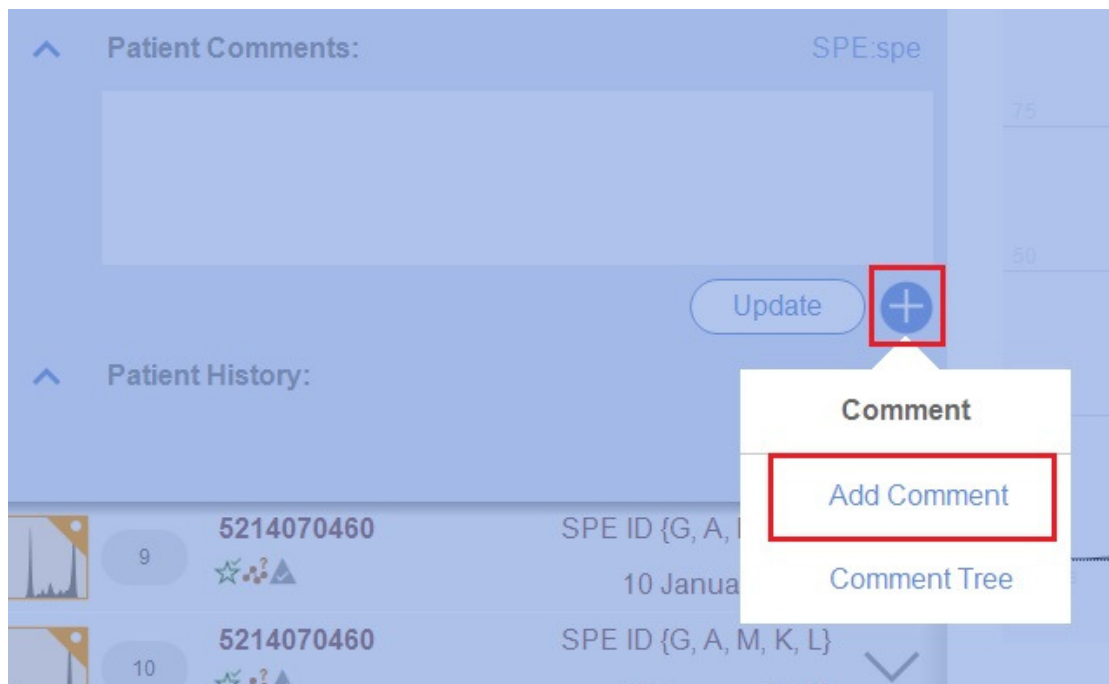


Es posible introducir el texto apropiado en la columna marcada como comentario. Una vez completados los comentarios se guardarán automáticamente. Existe una opción «Load» (Cargar) para importar los comentarios estándar previamente configurados y también una opción «Save» (Guardar) para poder guardar los comentarios externamente.

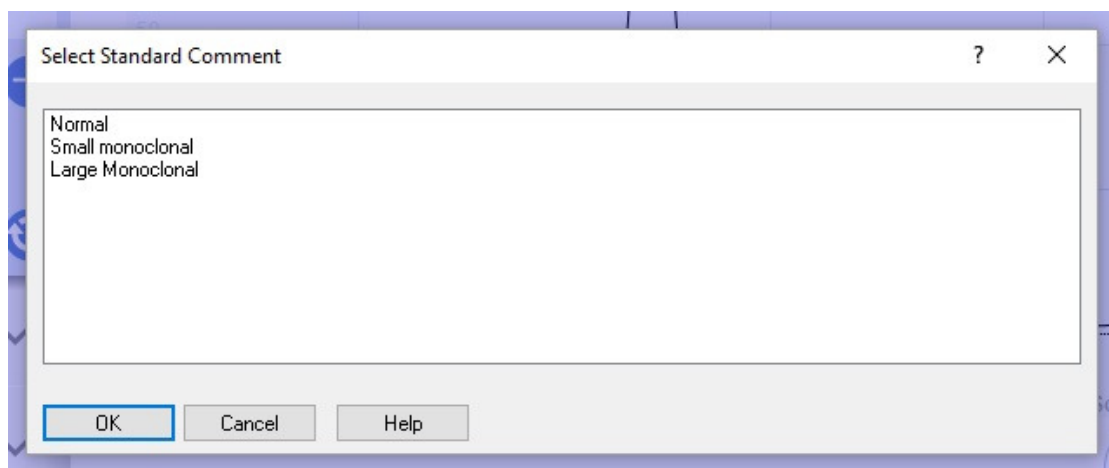
Para añadir dichos comentarios a una muestra, primero debe seleccionar la traza y después, mostrar la ventana de inspección seleccionando la flecha a la derecha de la lista de trabajo:



Debajo de la sección «Patient Comments» (Comentarios del paciente) seleccione el pequeño icono «+» y «Add Comment» (Añadir comentario):



Se abrirá una ventana en la que se mostrarán todos los comentarios configurados:



Seleccione el comentario que quiera añadir a la sección de comentarios y después pulse «OK». El comentario aparecerá en la ventana «Patient Comments» (Comentarios del paciente).



9.3 Base de datos

La base de datos de Platinum almacena todos los datos procesados e importados.

9.3.1 Copia de seguridad de datos nuevos

Para hacer una copia de seguridad de los datos nuevos en Platinum debe ir a **Configure (Configurar) > Database (Base de datos) > Backup (Copia de seguridad): New + Changed Sessions (Sesiones nuevas y cambiadas)**.

9.3.2 Copia de seguridad de todos los datos

Para hacer una copia de seguridad de todos los datos en Platinum debe ir a **Configure (Configurar) > Database (Base de datos) > Backup (Copia de seguridad): All Sessions (Todas las sesiones)**.

9.3.3 Archivar datos seleccionados

Para almacenar los datos seleccionados en Platinum debe ir a **Configure (Configurar) > Database (Base de datos) > Archive Selected Data (Guardar los datos seleccionados)**.


9.3.4 Compactar la base de datos

Para compactar la base de datos debe ir a **Configure (Configurar) > Database (Base de datos) > Compact Database (Compactar base de datos)**.

9.4 Informe

Los resultados de las muestras del paciente pueden verse como un informe e imprimirse para ser usados por el médico. Las plantillas pueden modificarse en función de las preferencias y el tipo de ensayo realizado.


9.4.1 Crear informe nuevo

Para crear un nuevo informe debe ir a **Configure (Configurar) > Reports (Informes)** y seleccionar el icono . Se abrirá una plantilla del informe con todas las funciones necesarias para crear nuevos diseños de plantillas.


9.4.2 Cómo crear un diseño de plantilla

Cuando se crea un diseño de plantilla, se mostrará una página en blanco con botones de herramientas a la izquierda. Los usuarios pueden elegir el tipo de resultados que se mostrarán, dónde se situarán y qué datos demográficos se mostrarán. También pueden incluirse datos como valores de pico y datos de inmunodesplazamiento.

9.4.3 Edición de informes

Para editar el informe predeterminado para el método actual, seleccione el icono  y abra el informe que quiera editar.

9.4.4 Previsualizar informes

Para previsualizar un informe antes de imprimirlo debe ir al icono de imprimir  y seleccionar «Preview Report for Selected Results...» (Previsualizar informe de los resultados seleccionados...).

En Platinum es posible utilizar informes definidos por el usuario, pero Helena Bioscience ofrece también una serie de plantillas de informes que el usuario puede personalizar en función de sus propias necesidades.

9.4.5 Definir un informe como predeterminado

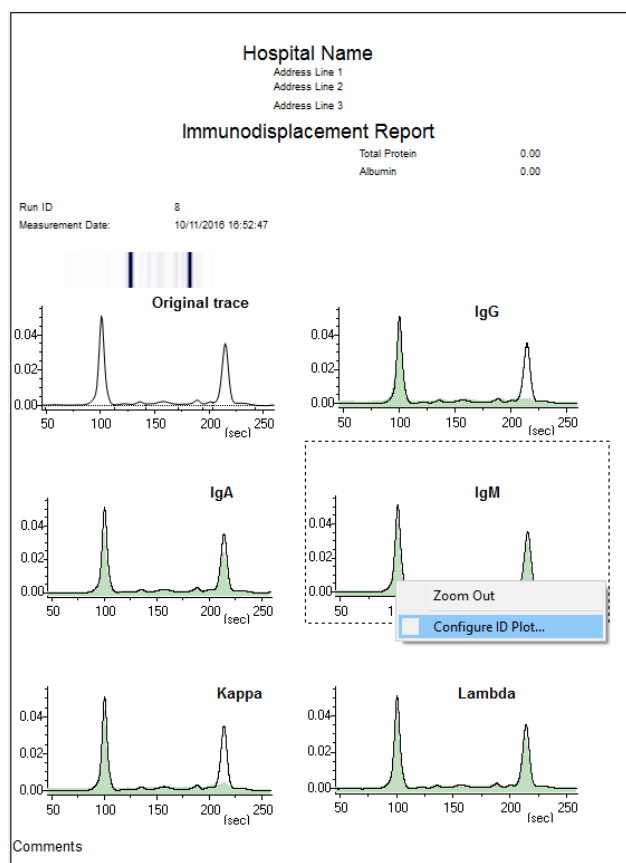
Es importante definir un tipo de informe para todos los resultados, pueden configurarse informes separados para resultados de seroproteínas e inmunodesplazamiento. Cuando un operador selecciona un informe para imprimirlo, Platinum utilizará por defecto el resultado de seroproteína, a menos que existan resultados de inmunodesplazamiento adjuntos a esa muestra, en cuyo caso Platinum utilizará el informe de inmunodesplazamiento de manera predeterminada. Para seleccionar un informe predeterminado:

- Vaya a **Configure (Configurar) > Configure Bands (Configurar bandas)** y en la sección de generar informe asegúrese de que la opción «Do not report» (No realizar informe) no está marcada.
- Seleccione el botón «...» al lado de definición de informe, es el informe que se seleccionará para la seroproteína sin ID. La ubicación predeterminada para los archivos de informes es la siguiente: C:\Archivos de programa\Platinum.
- Repita la selección para los informes con ID.
- Esta definición de informe se aplicará solo a los datos seleccionados.
- Si desea aplicarla a todos los datos futuros, repita este proceso en **Configure (Configurar) > Methods (Métodos) > Method Type (Tipo de método)**.

9.4.6 Configurar informes de ID

Los informes de ID están pensados para ofrecer un documento fácil de interpretar.

El usuario puede personalizarlos más para realizar un informe único y personalizado si pulsa durante un rato sobre la traza individual y selecciona «Configure ID Plot» (Configurar gráfico ID).



Cada traza individual del informe puede editarse por separado en función de las preferencias y requisitos del usuario.

ID plot configuration

☒ Plot main trace

ID plot items:

1	IgG	1
+		

☒ Match shapes before plotting

☒ Fill second trace

☐ Show method name

Close ☒ Copy settings to report definition

9.5 Configurar métodos V8

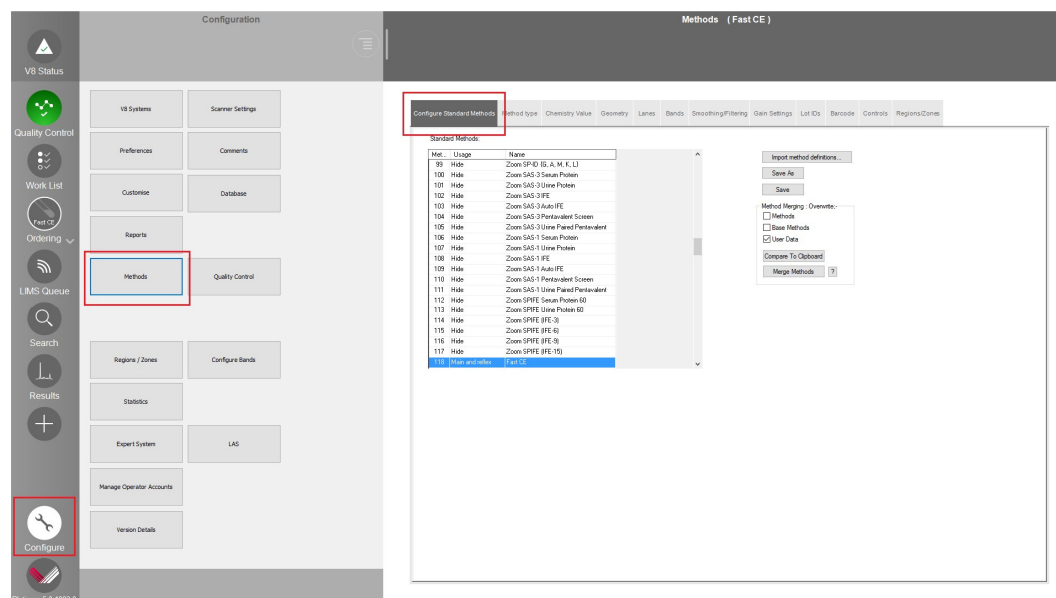
En Platinum, es posible configurar algunos elementos de cada método utilizado para procesar las muestras. Estos elementos se utilizan para especificar cuáles son los límites para cada banda, los niveles de suavizado y filtrado predeterminados y otros factores que son intercambiables.

9.6 Métodos

Debe ir a **Configure (Configurar) > Methods (Métodos) > Configure Standard Methods (Configurar los métodos estándar)**.

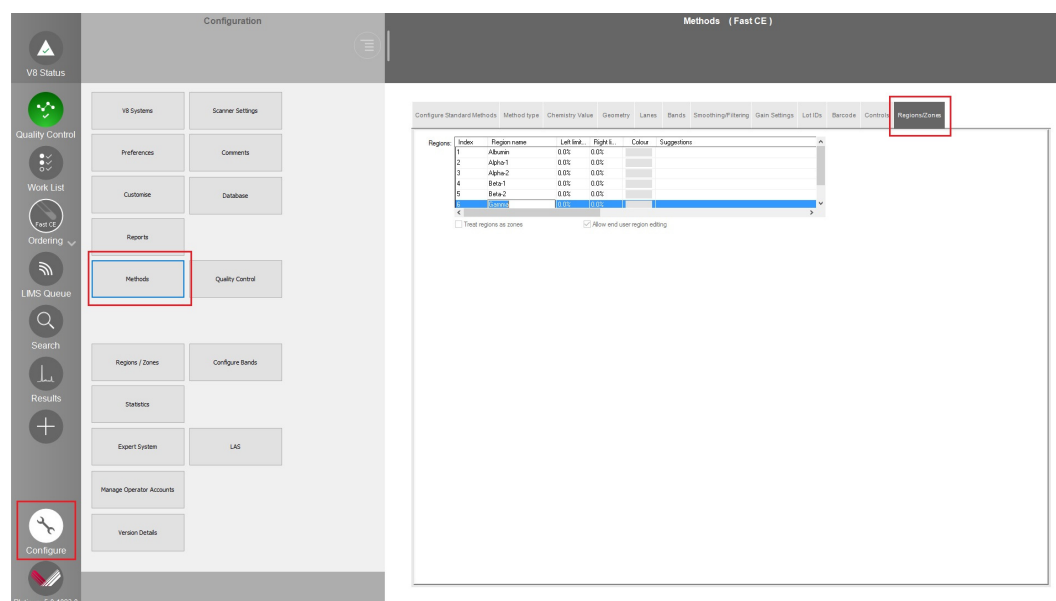
Desde esta ventana seleccione el método que desee configurar. También existen las opciones «Show» (Mostrar) o «Hide» (Ocultar) para mostrar u ocultar métodos seleccionando en la columna «Usage» (Uso).

Después de seleccionar el método deseado, existen 11 opciones de tabla disponibles. Se recomienda dejar la mayoría de ellas en su configuración predeterminada.



9.6.1 Regiones de traza


Debe ir a **Configure (Configurar) > Methods (Métodos) > Regions/Zones (Regiones/zonas)** e introducir los nombres y límites de las regiones. También es posible añadir sugerencias de bandas que aparecerían en esta región en la columna apropiada.



Para seleccionar las regiones según las trazas que se muestran debe ir a **Configure (Configurar) > Regions/Zones (Regiones/zonas)**.

9.7 Estadísticas

En Platinum, es posible realizar un análisis estadístico básico de los datos e imprimir o visualizar esta información.

Para comparar datos de varias muestras, es necesario tener todos los resultados en la misma ventana de análisis, bien en una sola imagen de gel o como el resultado de una búsqueda en la base de datos. Para seleccionar todas las muestras para su análisis seleccione el icono  y después, «Select All» (Seleccionar todo).

Para mostrar la ventana de estadísticas después de haber seleccionado todas las muestras necesarias, debe ir a **Configure (Configurar) > Statistics (Estadísticas)**.


Se muestra el índice de cada banda en la columna índice con el número de muestras entre paréntesis. El nombre de cada banda se indica en la columna de la banda, mientras que las columnas restantes pueden determinarse en la pestaña de banda en **Configure (Configurar) > Preferences (Preferencias)**. Estas columnas se utilizan para mostrar la media, la desviación estándar y el CV para el área, área relativa o concentración.

10. Sesiones de gel

10.1 Modo de gel

Si un sistema V8 no se ha configurado en Platinum, Platinum se abrirá automáticamente en «Gel Mode» (Modo gel). En el modo gel las pestañas sin utilizar de estado de V8 y solicitud no serán visibles.

10.2 Seleccionar gel

Para seleccionar un método de gel debe abrir una nueva sesión de gel pulsando  y seleccionando «Create new Gel session» (Crear nueva sesión de gel). Al lado de «Default Method Selection» (Selección del método por defecto) utilice el menú desplegable para seleccionar el tipo de gel.

10.3 Configuraciones de escaneado

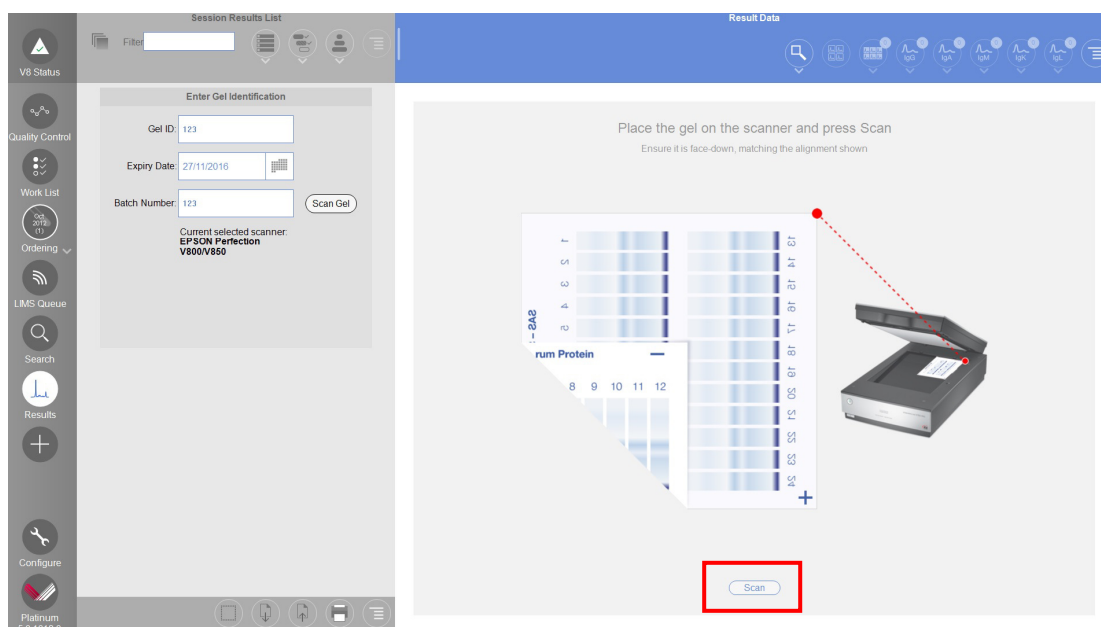
10.3.1 Seleccionar un escáner

El usuario puede elegir qué escáner se utiliza para importar imágenes de gel en Platinum. Se mostrarán todas las posibles fuentes de escaneado conectadas al instrumento en **Configure (Configurar) > Scanner Settings (Ajustes del escáner) > Select Scanner (Seleccionar escáner)**.

10.3.2 Indicar a Platinum que escanee

Cuando abra una nueva sesión de gel a través del icono , verá el botón «Scan Gel» (Escanear gel) con el que podrá ordenar a Platinum a escanear el gel colocado en el escáner

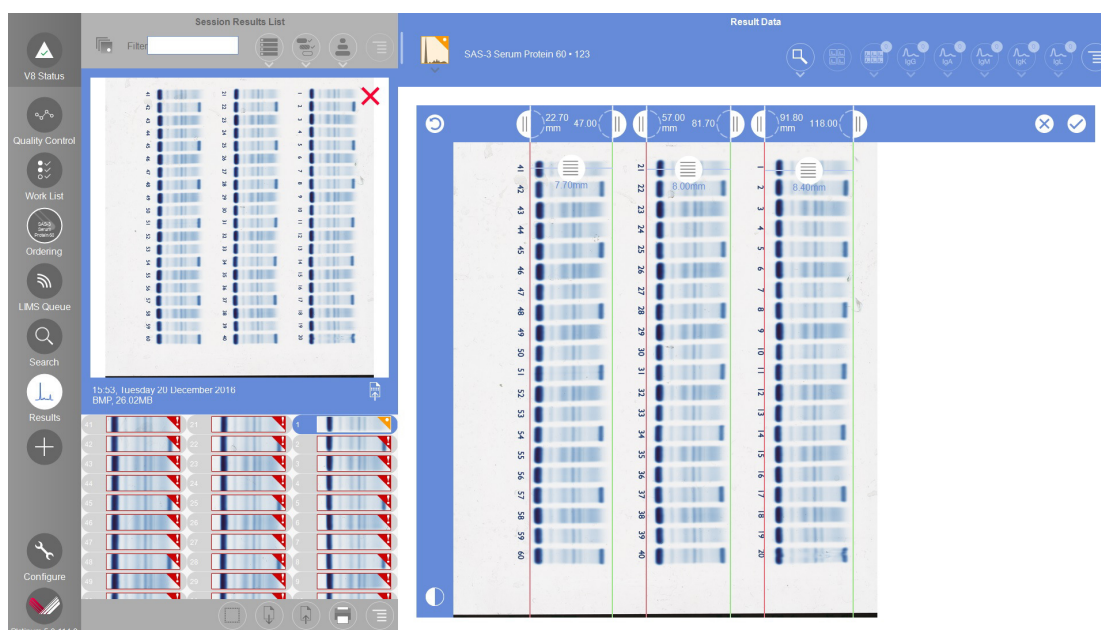
predeterminado. Para garantizar la trazabilidad de los datos, debe introducirse la ID del gel (escribirse o explorarse) en la ventana antes de que comience el escaneado.



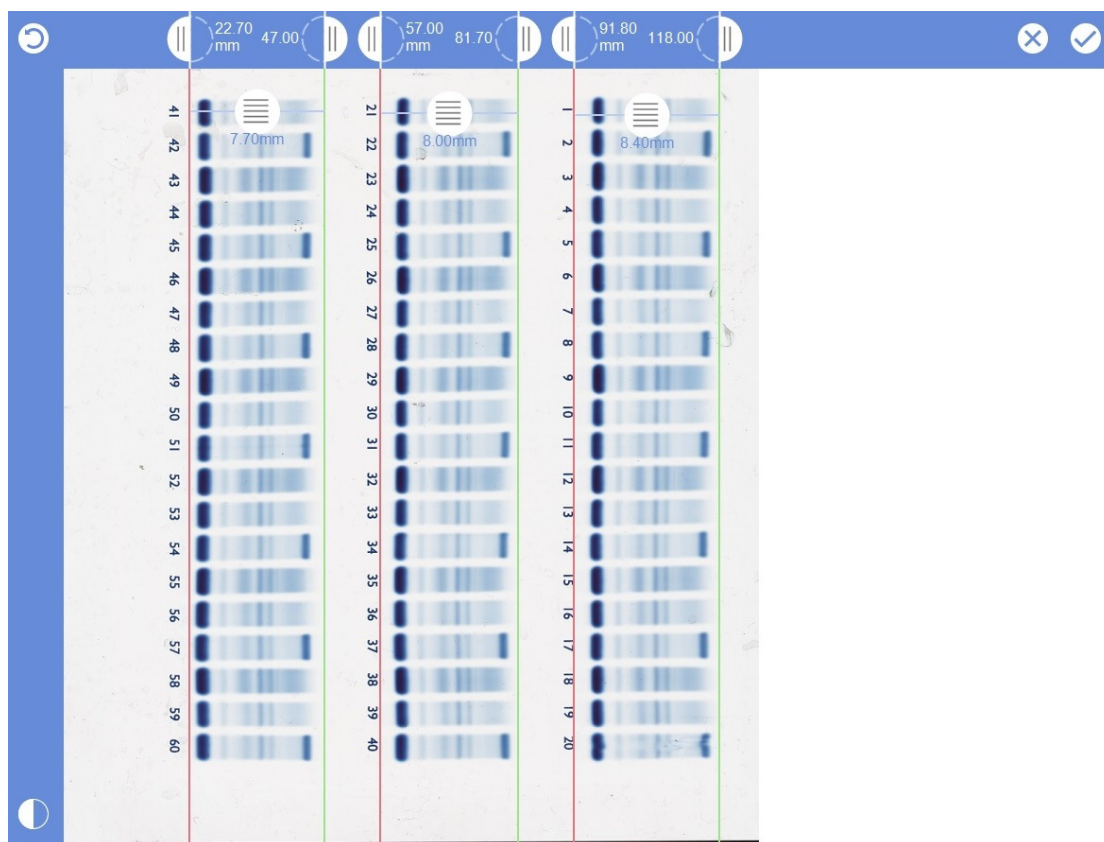
10.3.3 Alinear una plantilla de gel

Platinum aplica automáticamente una plantilla de gel a las imágenes de gel. Representa las zonas del gel desde las cuales se analizarán los datos de la exploración. Existen varias plantillas predefinidas en el menú tipo de gel que corresponden a configuraciones particulares de tamaño de gel y número de muestra. No obstante, estas plantillas pueden requerir pequeños ajustes para tener en cuenta ligeras variaciones individuales.


Si la alineación de gel requiere algún ajuste, seleccione el gel en la lista de trabajo de navegación en el lado izquierdo para mostrar los marcadores «Align Gel» (Alinear gel):



Dos marcadores verticales representan los límites izquierdo (rojo) y derecho (verde) de cada fila y un solo marcador horizontal indica la posición central de las primeras muestras en cada fila. Cada marcador se puede colocar manualmente moviéndolo. Los valores mostrados están en milímetros (mm) e indican la distancia del marcador desde el eje apropiado.



10.3.4 Marcar un gel

Para comprobar que una plantilla encaje correctamente en una imagen escaneada, utilice el icono  para superponer una máscara de plantilla sobre la imagen de gel. Esto permite comprobar la alineación de las muestras y, si está desalineada, puede corregirse usando la función de alinear gel.

10.3.5 Configurar geles

En Platinum, es posible configurar los métodos que se utilizan para procesar las muestras. Estos métodos se utilizan para especificar cuáles son los límites para cada banda, los niveles de suavizado y filtrado predeterminados y otros factores que se pueden configurar.

11. Glosario de iconos de software

11.1 Iconos de ventana principal



Página de inicio



Advertencia



Conectado con V8



No conectado con V8



Ventana de control de calidad



Fallo de control de calidad



Control de calidad caducado



Control de calidad aceptado



Control de calidad no definido



Lista de trabajo



Ventana de búsqueda



Ventana de solicitud



Ventana de cola de LIMS



Ventana de resultados



Nueva sesión



Ventana de configuración

11.2 Iconos generales (iconos que aparecen en más de una ventana)



Borrar



Deshacer



Rehacer



Guardar



Imprimir



Abrir



Seleccionar



Ver como geles



Ver como lista






















Ver como trazas



Ordenar



Fecha

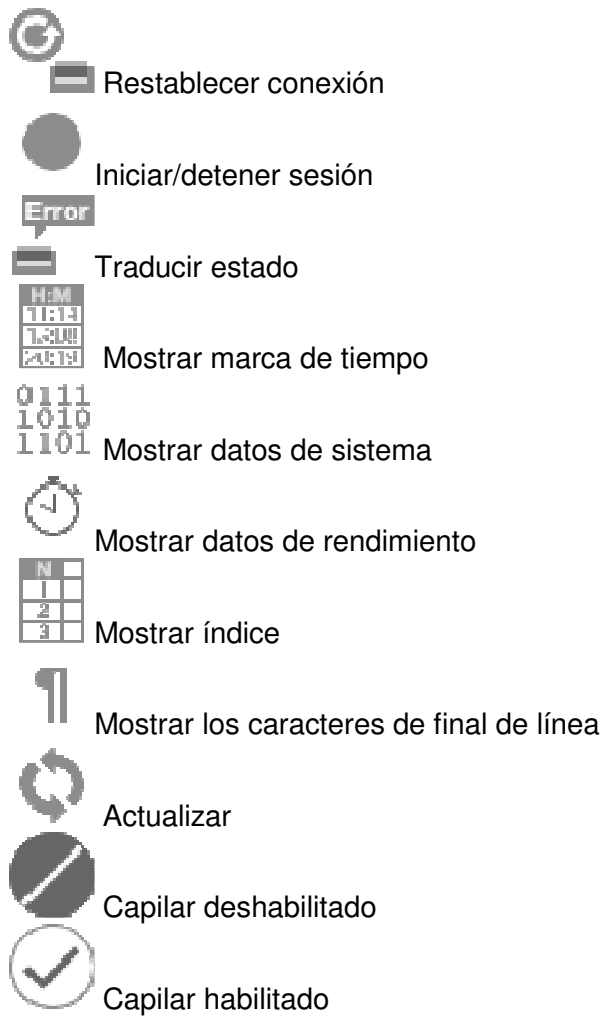
-  Cargar datos fuente
-  Restablecer zoom
-  Reducir
-  Ampliar
-  Zoom
-  Traza
-  **IgM** Mostrar IgM adjunto
-  **IgL** Mostrar IgL adjunto
-  **IgK** Mostrar IgK adjunto
-  **IgG** Mostrar IgG adjunto
-  **IgA** Mostrar IgA adjunto
-  **G A M K L** Mostrar IFE adjunto
-  Mostrar todo adjunto
-  Imagen IFE
-  Inmunoventana
-  Imagen de gel
-  **1 2 3** Bandas
-  Copia
-  **Mostrar**

Ventana de inspección

11.3 Iconos de la página de inicio



11.4 Iconos de estado de V8



11.5 Iconos de control de calidad



Reglas



Aplicar escala hasta los límites



Establecer escala



Reducir

11.6 Iconos de lista de trabajo



Obtener datos de lista de trabajo



Mostrar bandejas pendientes



Mostrar conflictos



Añadir nuevo elemento



Mostrar los valores químicos

11.7 Iconos de solicitud



Solicitar prueba nueva



Eliminar prueba solicitada

11.8 Iconos de cola de LIMS







Enviar seleccionados aprobados a LIMS




Enviar seleccionados a LIMS















Enviar todos a LIMS














-  Eliminar de la cola LIMS
-  Aprobación
-  Configurar aprobación para enviar a LIMS
-  Eliminar aprobación para enviar a LIMS

11.9 Iconos de búsqueda






-  Nueva búsqueda







11.10 Iconos de búsqueda/resultados de búsqueda

-  Datos
-  Volver a interpretar traza
-  Copia
-  Reflejo usando la prueba de reflejo predeterminada del método
-  Prueba reflejo para otro
-  Permitir pruebas reflejo de lote
-  CC
-  LIMS
-  Añadir a la cola LIMS
-  Eliminar de la cola LIMS
-  Enviar a LIMS
-  Editar






-  Solicitar otro
-  Comparaciones
-  Muestra
-  Control normal
-  Control anormal
-  Calibrador (nivel 1, 2 o 3)
-  Marcar como dudoso
-  Marcar como normal
-  Marcar automáticamente
-  Marcar como anormal
-  Adjuntar
-  Traza adjuntada
-  Eliminar traza adjunta

11.11 Iconos de otros resultados










-  Estirar
-  Cortar
-  Lavar
-  Editar picos
-  Coincidir formas




























-  Suavizado/filtrado
-  Editar línea base
-  Eliminar estiramiento
-  Sesión modificada
-  Sesiones
-  Salir de la sesión

11.12 Iconos de gel




-  Exportar imagen
-  Aplicar
-  Cancelar
-  Marcar gel
-  Revertir

11.13 Iconos de lista de trabajo de navegación

-  Reflejo completo
-  Pruebas reflejo en cola
-  Prueba reflejo solicitada
-  Comentario añadido
-  Muestra EC
-  Control normal EC
-  Control anormal EC
-  Muestra de gel
-  Control normal de gel

-  Control anormal de gel
-  CC sospechoso
-  Aceptar CC
-  Enviar a LIMS
-  Aprobado para enviar a LIMS
-  Pendiente de enviar a LIMS
-  Aprobado por LIMS
-  Advertencia del Sistema experto
-  Sistema experto normal
-  Sistema experto sin resultados
-  Escasez de bandas en el Sistema experto
-  Exceso de bandas en el Sistema experto
-  Malos resultados del Sistema experto
-  Prueba reflejo del Sistema experto
-  Sin resultado en la base de datos
-  Resultado monoclonal previo en la base de datos
-  Resultado normal previo en la base de datos
-  Resultado anormal previo en la base de datos
-  Trazas adjuntas
-  Método predeterminado
-  Por ID de tubo
-  Por ubicación
-  Búsqueda de host
-  Sin código de barras
-  Archivado
-  Bloqueado
-  Árbol de comentarios

11.14 Gráficos de progreso

-  Preparación de muestra
-  Inicio de electroforesis
-  Análisis

Helena Biosciences Europe
Queensway South
Team Valley Trading Estate
Gateshead
Tyne and Wear
NE11 0SD
United Kingdom

Tel: +44 (0)191 482 8440

Fax: +44 (0)191 482 8442

Email: info@helena-biosciences.com