

# [Tutorial] Uso del well-plate assistant

Laboratorio de Moléculas Individuales

January 28, 2024

## 1 Historial de versiones

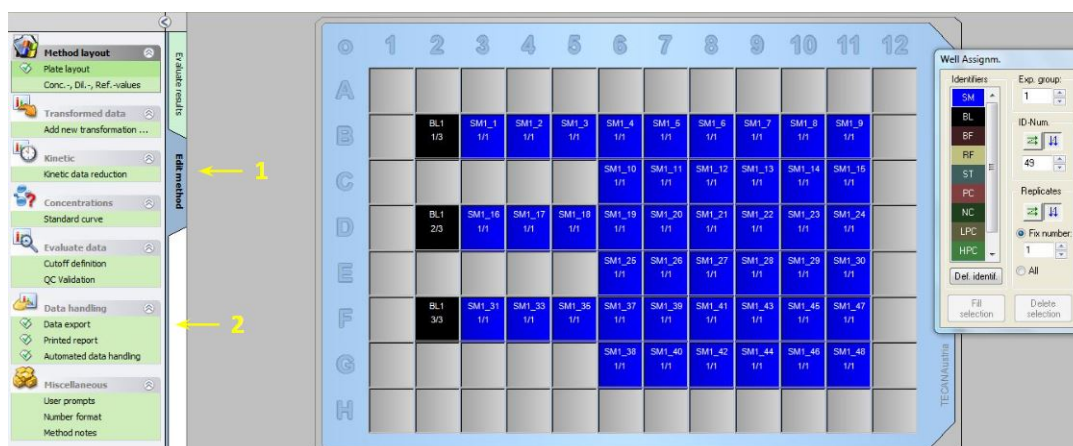
### 1.1 well-plate assistant v.1

- La app solo acepta como formato de entrada datos de tipo *block-shaped* (e.g *FluorStyle* o *matrix separated* del TECAN), o *wide-shaped* (i.e cada columna muestra la data en el tiempo de cada pozo), de tipo {.xlsx}
- Los datos de densidad óptica (OD) y fluorescencia deben ser subidos como archivos diferentes, de tipo {.xlsx}
- La app fue diseñada para trabajar con un experimento a la vez. Por lo tanto, si en la misma placa se realizaron mediciones en paralelo (e.g diferentes concentraciones de inductor en  $> 2$  cepas distintas), cada experimento debe ser procesado por separado

## 2 Manual de uso

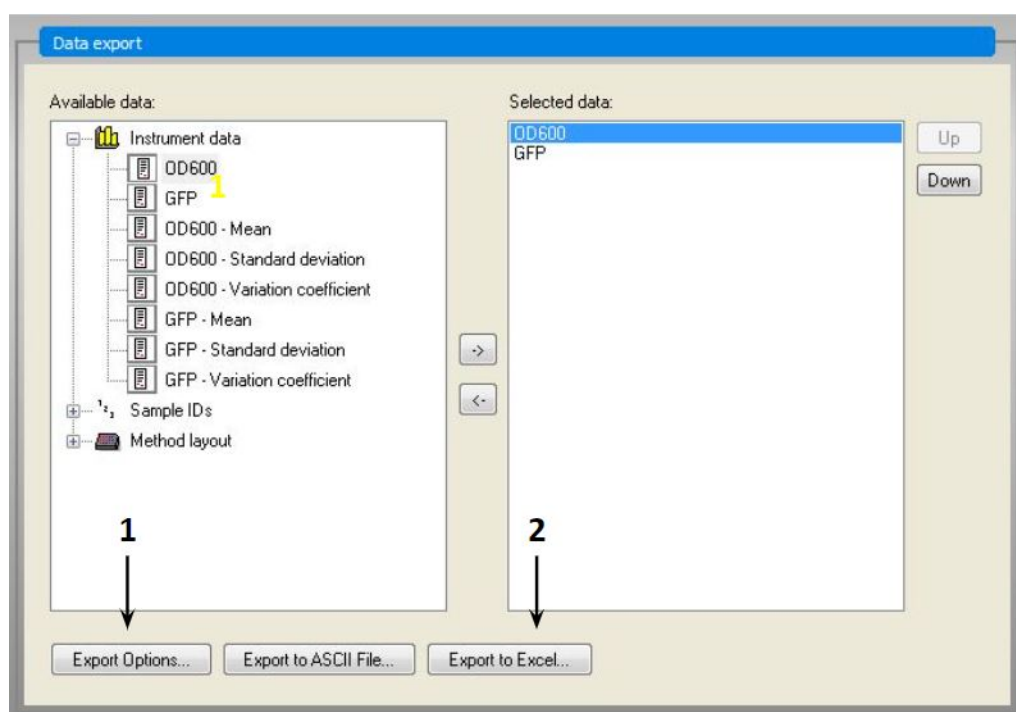
### 2.1 Formateo de datos en el TECAN

1. Una vez terminado el experimento, seleccionar la viñeta *Edit method* e ingresar a *Data handling / Data Export*



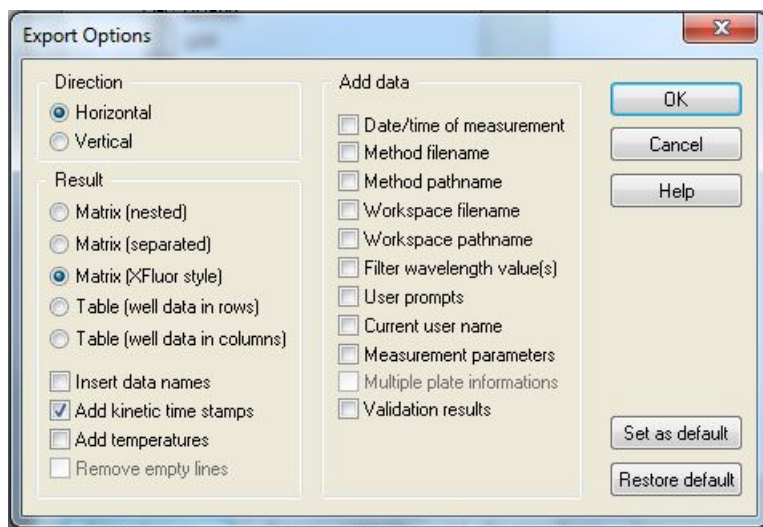
**Figure 1:** (1) Seleccionar Edit Method (2) Seleccionar Data handling / Data Export

2. En *Data Export*, seleccionar **solo** los datos de densidad óptica (OD) y fluorescencia.



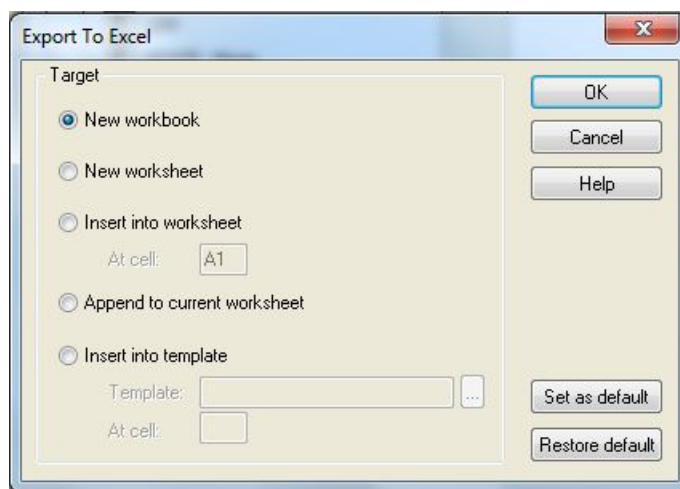
**Figure 2:** Seleccionar los datos de densidad óptica y fluorescencia

- En *Export Options* (ver Fig. 2) hacer click en *Add kinetic time stamps*. Seleccionar la dirección **horizontal** y el formato de la data. **Nota:** para la app well-plate assistant v.1, se recomiendan los formatos *Matrix (separated)* o *Matrix (FluorStyle)*



**Figure 3:** Seleccionar la estructura de datos

- En *Export to Excel* (ver Fig. 2), seleccionar *New workbook*



**Figure 4:** Seleccionar el formato de salida de los datos

- Manualmente, separar los datos de densidad óptica y fluorescencia en dos archivos .xlsx distintos. Para ver un ejemplo, descargar en Github los archivos *raw\_data/dummy/od\_dummy* y *raw\_data/dummy/flu\_dummy*

## 2.2 ¿Cómo usar la aplicación?

La app *well-plate assistant* puede utilizarse ejecutando el siguiente script en R (asegurarse de tener conexión a Internet!).

**Listing 1:** Ejecutando la app en R

```
1 library(shiny)
2
3 # Easiest way is to use runGitHub
4 runGitHub("well-plate-assistant", "frank-britto")
5
6 # Run a tar or zip file directly
7 #runUrl("https://github.com/frank-britto/well-plate-assistant/archive/master.
   tar.gz")
8 runUrl("https://github.com/frank-britto/well-plate-assistant/archive/master.zip
   ")
```

Una vez ejecutado el script, se mostrará la siguiente ventana:

Formatting raw plate reader data

**Plate reader**

TECAN M200 Pro

**Data format**

Block-shape

**OD**

Browse... No file selected

**Fluorescence**

Browse... No file selected

**Experimental Condition**

0

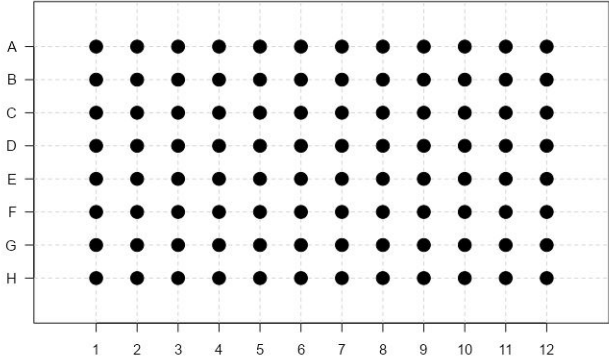
Restart Save design

**File Name**

biosensor

Design Data Blank

Design Matrix



**Figure 5:** Ventana principal del *well-plate assistant*

En el menú de la izquierda, seleccionar el lector de placas y el formato de los datos incluidos. Seguidamente, subir los datos de densidad óptica (OD) y fluorescencia. A continuación, en la placa multipozos de la derecha, ingresar los pozos utilizados en el experimento. Cada pozo será etiquetado según el valor ingresado en *Experimental condition*. Asegurarse siempre de incluir el o los blancos ingresando específicamente la palabra **blank**.

## Formatting raw plate reader data

Plate reader

TECAN M200 Pro

Data format

Block-shape

OD

Browse...

od\_dummy.xlsx

Upload complete

Fluorescence

Browse...

flu\_dummy.xlsx

Upload complete

Experimental Condition

30

Restart
Save design

File Name

biosensor\_Hilm

Design

Data

Blank

Design Matrix

**Figure 6:** *Diseño experimental*

Para confirmar que la data ha sido procesada de manera correcta, ingresar a la ventana *Data* en la parte superior de la app, y verificar el orden de las columnas inicie con los datos de tiempo y continúe en orden alfabético con cada pozo.

A continuación, en la pestaña *Blank*, para cada valor el menú desplegable *Assigning blanks*, hacer click en los pozos color gris correspondientes. Por ejemplo, hacer click en el pozo gris B2 si fue el blanco utilizando para la condición 10  $\mu\text{m}$ .

## Formatting raw plate reader data

Plate reader

TECAN M200 Pro

Data format

Block-shape

OD

Browse... od\_dummy.xlsx

Upload complete

Fluorescence

Browse... flu\_dummy.xlsx

Upload complete

Experimental Condition

30

Restart

Save design

File Name

biosensor\_Hlim

Design Data Blank

Blank matrix

Assigning blanks

10

Export

Wells Condition

1	NA	10
2	NA	20
3	NA	30

**Figure 7:** Selección de los blancos del experimento

Finalmente, hacer click en *Export*. Se recomienda que el nombre del archivo (*File Name*, en el menú de la izquierda) termine en *\_Hlim* si la data será analizada con el modelo de asignación del flujo de biosíntesis.