

## Инструкция

1) Ввести исходные данные в Ваш амплификатор перед проведением реакции:

Столбец "Target":

В столбец "Target" ввести обозначение исследуемого анализа (гена, транскрипта или транслокации; например, 210, 9-21, не используя символ ";" (точка с запятой)); если используется референсный ген, следует вводить его обозначение в столбец "Target" (например, "abl").

Нужно вводить одно универсальное обозначение референсных генов, даже если этих генов несколько в одной таблице.

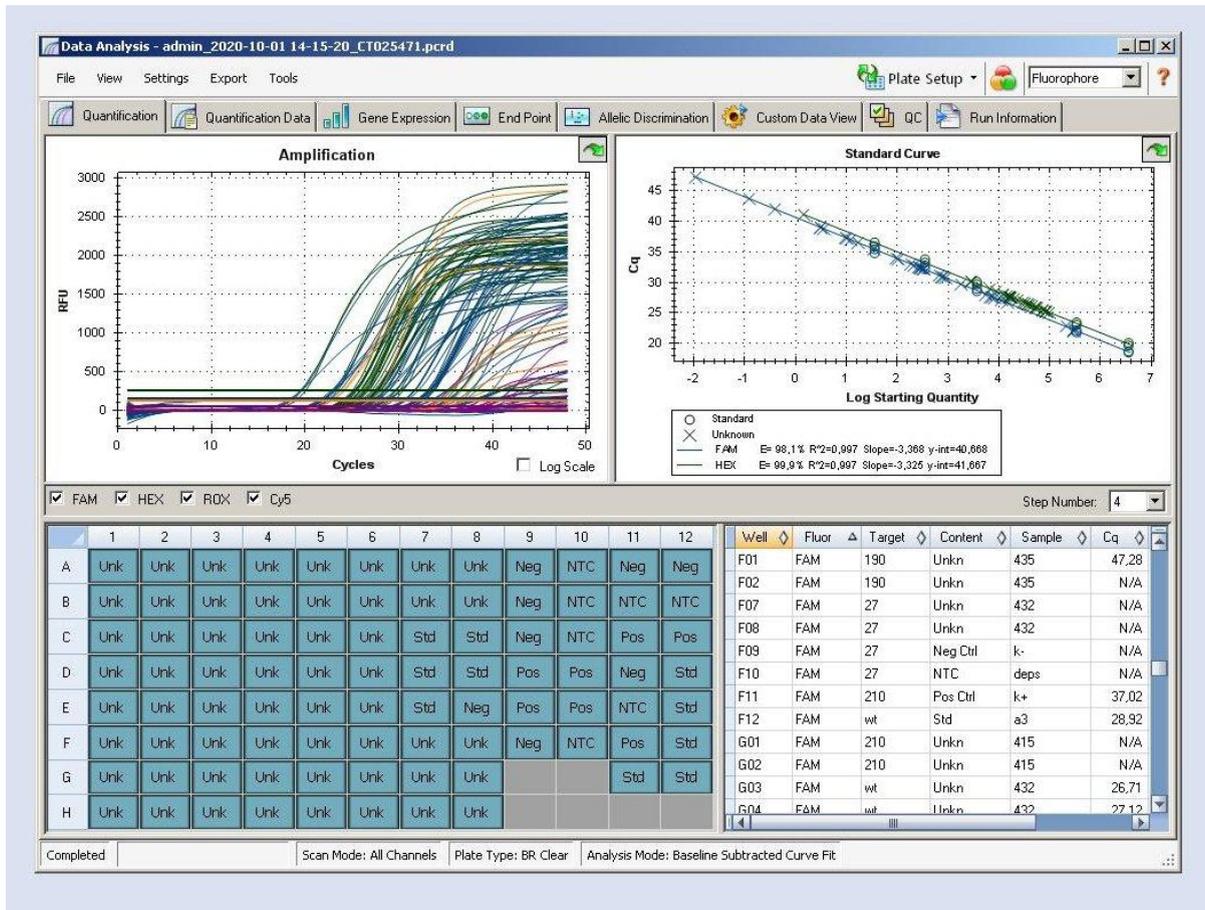
Столбец "Sample":

В столбец "Sample" ввести обозначение пробы пациента (ячейки этого столбца должны быть одинаковыми в строках с исследованием разных генов одного и того же пациента).

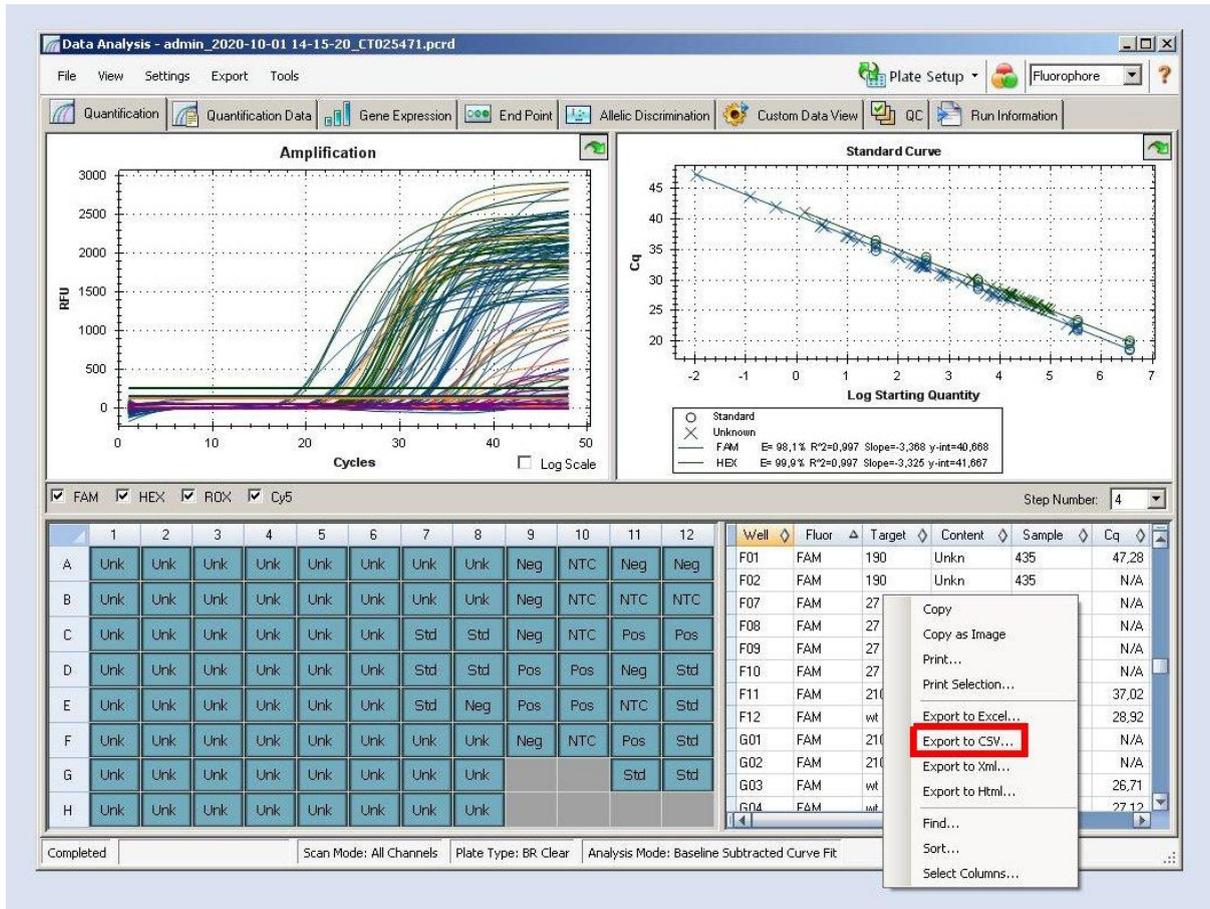
2) Выбрать файл амплификации, такой, как на картинке:



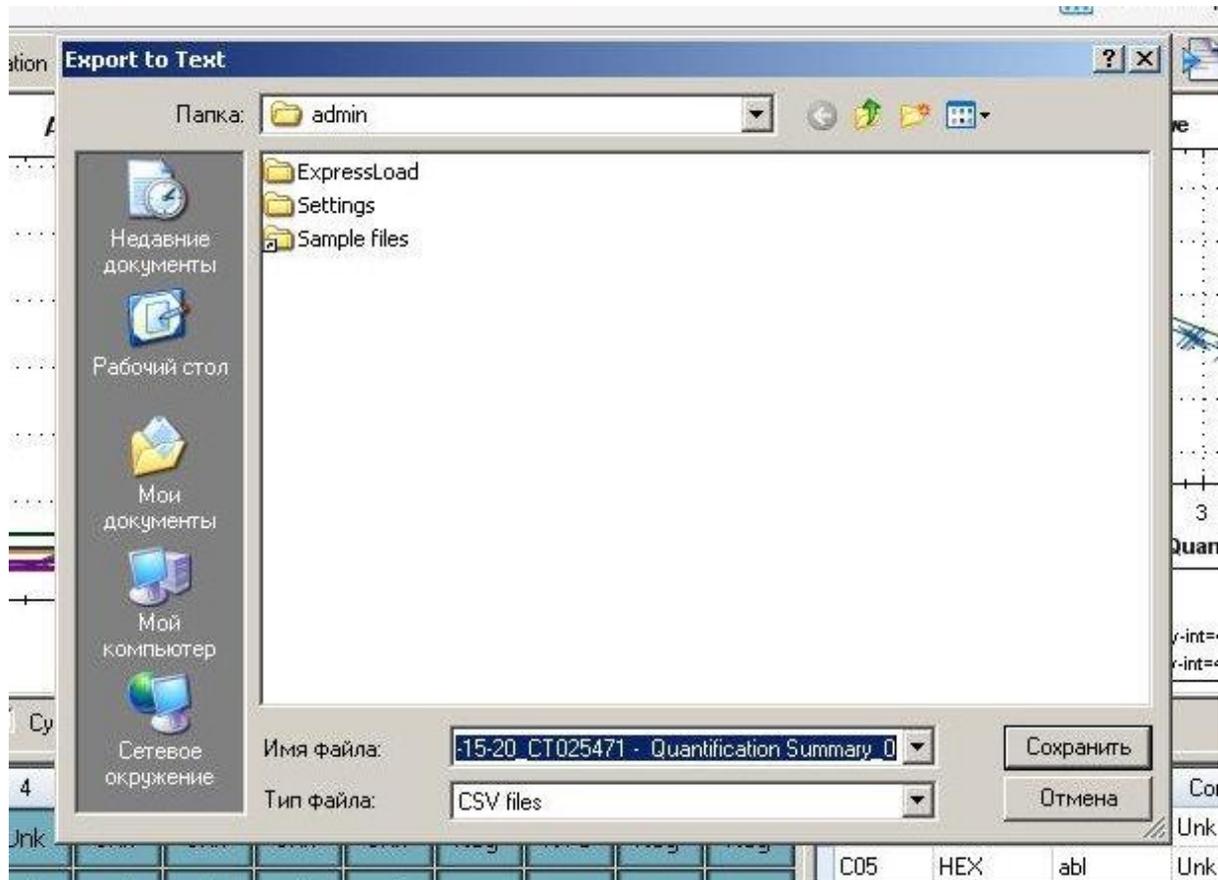
### 3) Запустить в программе CFX Manager:



4) Правой кнопкой мыши нажать на таблицу в нижнем правом углу окошка и выбрать "Export to CSV":



5) Правой кнопкой мыши нажать на таблицу в нижнем правом углу окошка и выбрать "Export to CSV":



Сохранить этот файл. В случае ошибок ввода в амплификатор можно отредактировать этот файл в MS Excel или любом текстовом редакторе.

6) Заполнить форму для расчётов:

Выбрать файл CSV.

### Перевести файл qPCR в таблицу

(инструкция - в нижней части страницы)

Выберите файл:

Файл не выбран

Выберите систему:

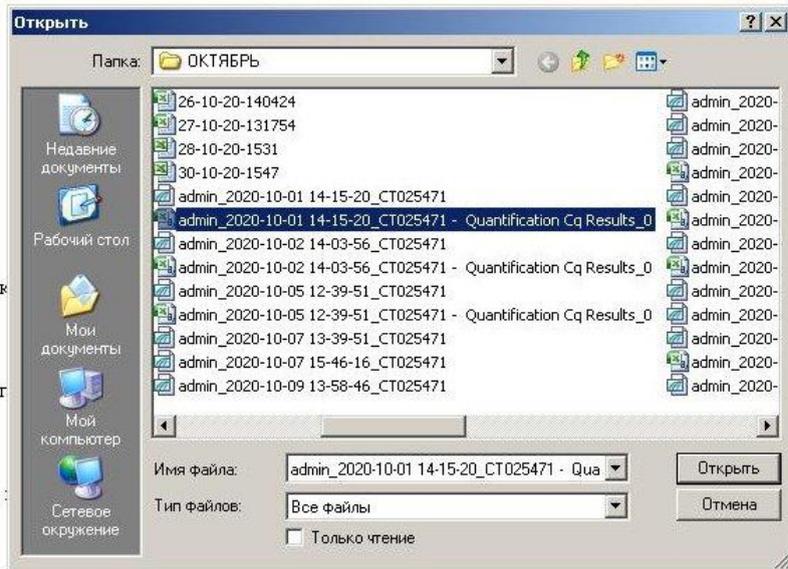
CFX96 ▾

Введите референсный ген так, как

Введите обозначение проб "дикого

Введите количество одинаковых :

Определить референсные строки автоматически



Выбрать систему (например, CFX96).

Перевести файл qPCR в таблицу  
(инструкция - в нижней части страницы)

Выберите файл:  
 Файл не выбран

Выберите систему:  
CFX96 ▾

Введите референсный ген так, как указывали в приборе (в столбце Target)

Введите обозначение проб "дикого типа" так, как в таблице (столбец Target)

Введите количество одинаковых исследований каждой пробы

Определить референсные строки автоматически

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1		Well	Fluor	Target	Content	Sample	Biological Cq	Cq Mean	Cq Std. Dev	Starting Log Startir	SQ Mean	SQ Std. Dev	Set Point	Well Note		
2	2	B01	FAM	12 21	Unkn	433	NaN	0	0	NaN	NaN	0	0	60		
3	3	B02	FAM	12 21	Unkn	433	NaN	0	0	NaN	NaN	0	0	60		
4	4	B03	FAM	wt	Unkn	431	31,32305	31,32305	0	316,5885	2,500495	316,5885	0	60		
5	5	B04	FAM	wt	Unkn	431	31,36669	31,36669	0	307,2042	2,487427	307,2042	0	60		
6	6	B05	FAM	evi	Unkn	431	35,37816	35,37816	0	15,33006	1,262233	19,33006	0	60		
7	7	B06	FAM	evi	Unkn	431	34,36342	34,36342	0	38,91221	1,590086	38,91221	0	60		
8	8	C01	FAM	210	Unkn	431	26,55707	26,55707	0	8464,862	3,92762	8464,862	0	60		
9	9	C02	FAM	210	Unkn	431	26,42875	26,42875	0	9247,901	3,966043	9247,901	0	60		
10	10	C03	FAM	wt	Unkn	436	31,16061	31,16061	0	354,1069	2,549134	354,1069	0	60		
11	11	C04	FAM	wt	Unkn	436	31,31	31,31	0	319,4501	2,504403	319,4501	0	60		
12	12	D01	FAM	190	Unkn	431	NaN	0	0	NaN	NaN	0	0	60		
13	13	D02	FAM	190	Unkn	431	41,96944	41,96944	0	0,205371	-0,68746	0,205371	0	60		
14	14	F09	FAM	27	Neg Ctrl	k+	NaN	0	0	NaN	NaN	0	0	60		
15	15	F10	FAM	27	NTC	deps	NaN	0	0	NaN	NaN	0	0	60		
16	16	F11	FAM	210	Pos Ctrl	k+	36,02331	36,02331	0	12,38938	1,093049	12,38938	0	60		
17	17	F12	FAM	wt	Std	a3	27,91964	27,91964	0	3690	3,567026	3690	0	60		
18	18	B01	HEX	abl	Unkn	433	24,07337	24,07337	0	68045,79	4,832801	68045,79	0	60		
19	19	B02	HEX	abl	Unkn	433	24,26052	24,26052	0	59666,98	4,775734	59666,98	0	60		
20	20	B03	HEX	abl	Unkn	431	25,90273	25,90273	0	18835,6	4,274979	18835,6	0	60		
21	21	B04	HEX	abl	Unkn	431	25,86692	25,86692	0	19315,21	4,2659	19315,21	0	60		
22	22	C03	HEX	abl	Unkn	436	24,67285	24,67285	0	44668,83	4,650005	44668,83	0	60		
23	23	C04	HEX	abl	Unkn	436	25,00788	25,00788	0	33305,72	4,547845	33305,72	0	60		
24	24	D01	HEX	abl	Unkn	431	25,93586	25,93586	0	18402,53	4,264878	18402,53	0	60		
25	25	D02	HEX	abl	Unkn	431	26,10625	26,10625	0	16327,61	4,212923	16327,61	0	60		

Если Вы работаете на амплификаторе CFX96 и пользуетесь CFX Manager, при открытии CSV файла в MS Excel у Вас должна отобразиться примерно такая картина

## Ввести обозначение референсных генов (например, ab1).

The screenshot shows a web browser window with the URL `epicenter.ispbgmu.ru/Views/cfx2excel` and a Microsoft Excel spreadsheet titled "Quantification Cq Results\_0". The spreadsheet has columns A through Q. The 'Target' column (D) contains various gene names. In row 18, the value 'ab1' is entered in the 'Target' column and is highlighted with a red box. The 'Content' column (E) for row 18 contains 'Unkn'.

On the left side of the browser window, there is a form titled "Перевести файл qPCR в таблицу" (Convert qPCR file to table) with the following fields and options:

- Выберите файл:  Файл не выбран
- Выберите систему:
- Введите референсный ген так, как указывали в приборе (в столбце Target):
- Введите обозначение проб "дикого типа" так, как в таблице (столбец Content):
- Введите количество одинаковых исследований каждой пробы:
- Определить референсные строки автоматически
- 

## Ввести обозначение проб целевого гена (например, wt – где применимо).

The screenshot shows the same web browser and Excel spreadsheet as above. In the 'Content' column (E) of row 18, the value 'wt' is entered and highlighted with a red box. The 'Target' column (D) for row 18 contains 'wt'.

The form on the left side of the browser window is the same as above, but the 'Content' field now contains 'wt'.

Это важно - для значений целевого гена рассчитываются средние значения чисел копий референсных генов и отношения количества ампликонов целевых и референсных генов.

Ввести количество одинаковых исследований каждой пробы: если мы капаем в каждые две лунки одну и ту же пробу с одними и теми же реагентами, чтобы затем рассчитать среднее значение по этим парам лунок, то следует указать 2 (в три лунки - 3 и так далее). Повторов нет – указать 1.

