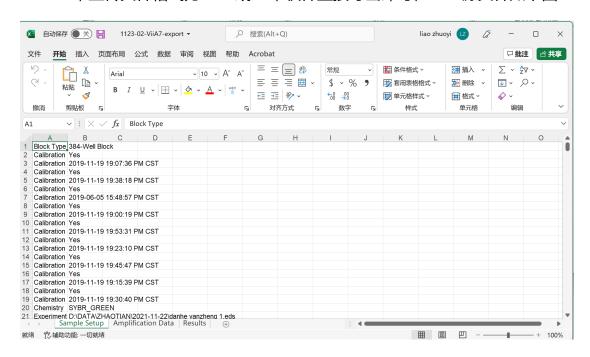
PCRv1.5 网页工具使用指南 (2022-04-25):

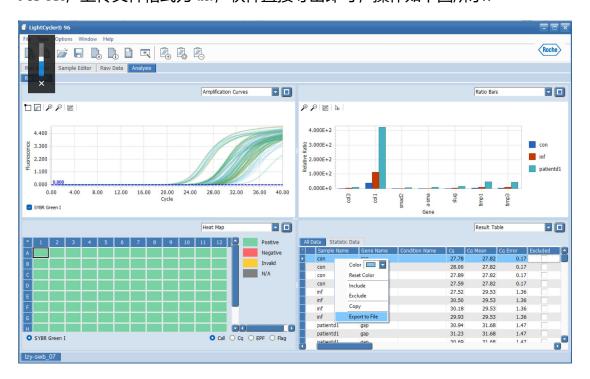
网址: PCR Calculator v1.5 (shinyapps.io)

1. 上传文件

384 PCR, 上传文件格式为 xlsx 或 xls, 软件直接导出即可, excel 源文件如下图:

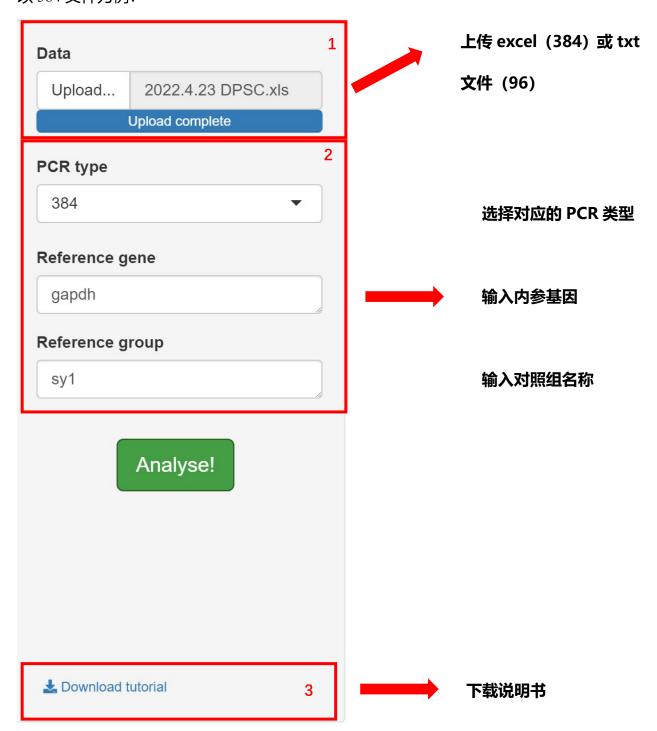


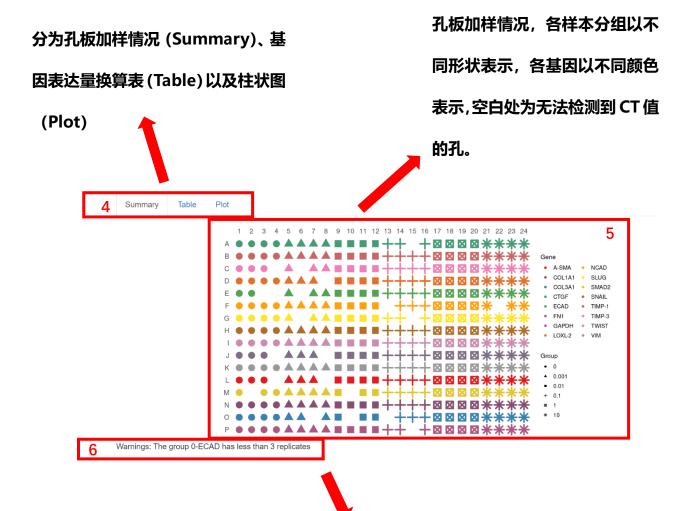
96PCR, 上传文件格式为 txt, 软件直接导出即可, 操作如下图所示:



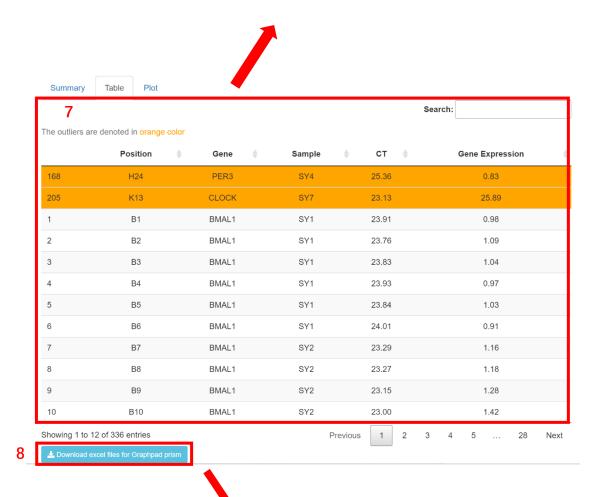
- 2. 选择对应的 PCR 类型
- 3. 输入内参基因(忽略大小写,暂不支持多个内参基因)
- 4. 输入对照组名称 (忽略大小写)
- 5. 点击 "Analyse!" 即可进行自动化分析

以 384 文件为例:



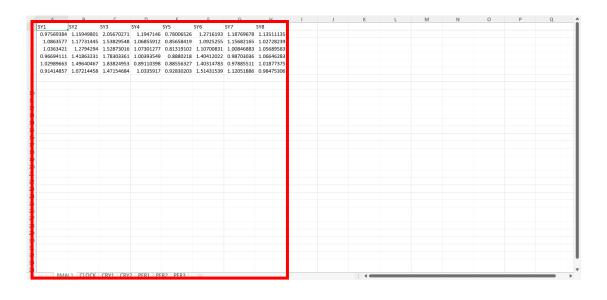


异常情况提示,若有某基因-样本组少于 3 个复孔,则会给出提示; 另外,若复孔中存在明显异常值 (复孔的 CT 值距离平均值>2 个标准差,即 p<0.05),也会给出提示。若要去除异常值重新分析,可以根据提示在原文件 (txt 或者 excel 文件)中将对应孔的 CT 值改为 "-",重新上传文件即可 根据 $gene_expression = 2^{-\Delta\Delta CT}$ 的相对定量公式计算出相应的基因表达量。橙色背景的为复孔中的异常值,可在 excel 或 txt 中将对应 CT 值删除或改为 "-"

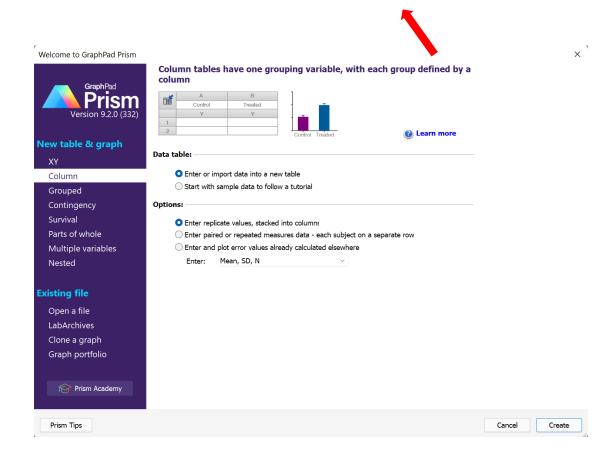


下载对应的 excel 文件,方便后续在 Graphpad Prism 中进行后续作图。

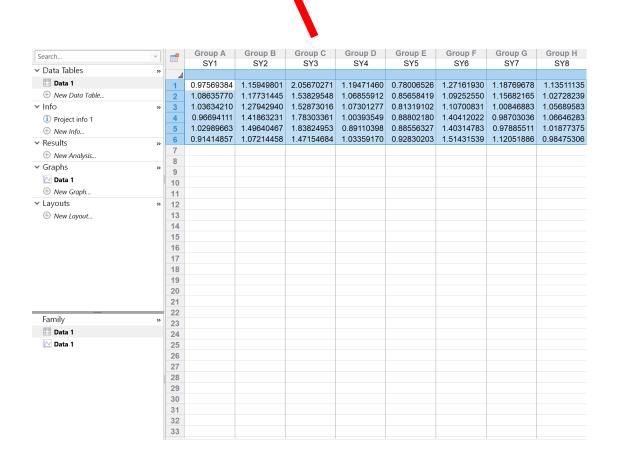
Excel 文件如图所示,不同基因储存在不同工作表中:



Graphpad prism 作图, 打开 Column 这个选项

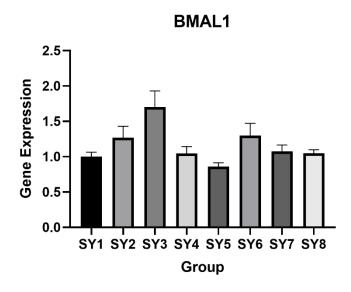


直接将下载的 Excel 中的每一个工作表的内容粘贴到 Prism 的 Data table

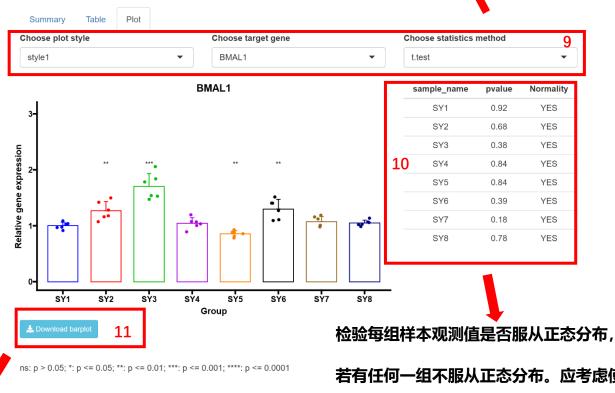


点击 Graph, 就可以生成柱状图





柱状图参数,可选择作图 style,目标基因和统计方法(t.test 是参数检验方法,观测值需服从正态分布,wilcox.test 是非参数检验方法,观测值无须服从正态分布)



下载柱状图

若有任何一组不服从正态分布。应考虑使用 非参数检验方法(t.test 对应的非参方法为 Wilcox.test, one-way anova 对应的非参方 法为 Kruskal-Wallis 检验)