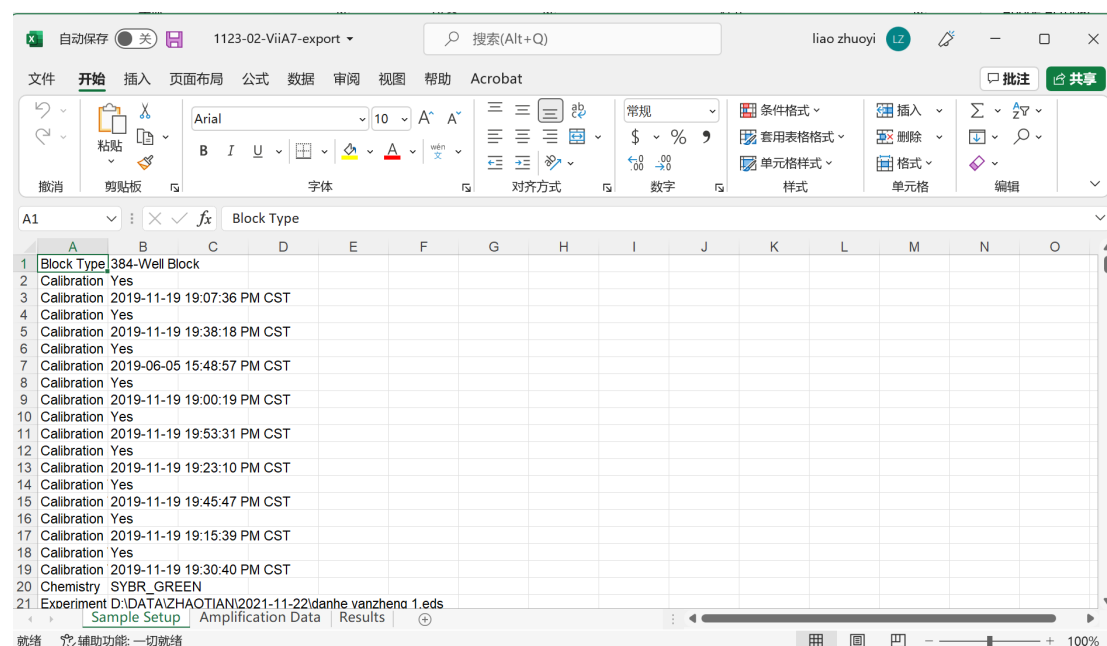


PCRv1.0 网页工具使用指南 (2022-04-19):

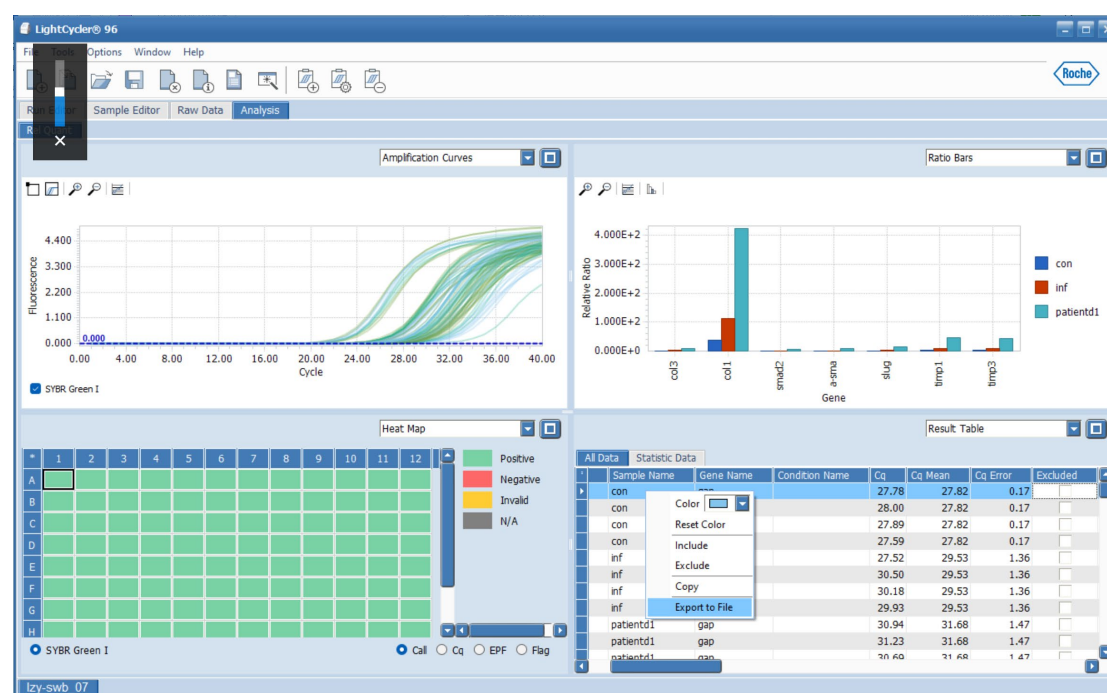
网址: [PCR-Calculator v1.0 \(shinyapps.io\)](http://PCR-Calculator.v1.0(shinyapps.io))

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:

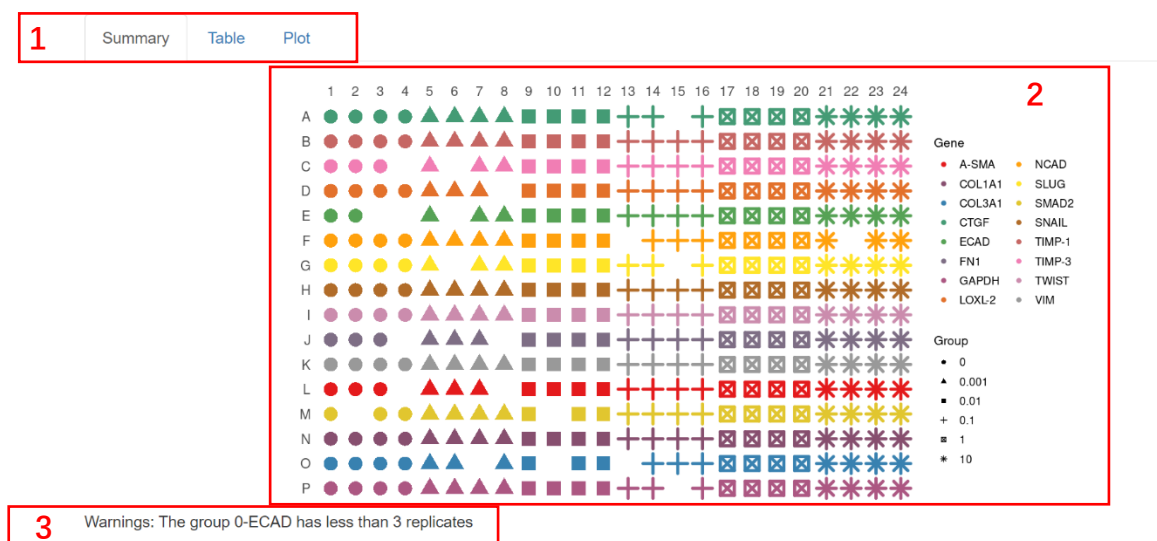


96PCR, 上传文件格式为 **txt**, 软件直接导出即可, 操作如下图所示:



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. 可选择预览的行数
6. 点击 “Analyse!” 即可进行自动化分析

以 384 文件为例：



工作区 1：

主要功能分区，分为孔板加样情况（Summary）、基因表达量换算表（Table）以及柱状图（Plot）

工作区 2：

孔板加样情况，各样本分组以不同形状表示，各基因以不同颜色表示，空白处为无法检测到 CT 值的孔。

工作区 3：

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（复孔间 CT 值差异>2），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。

Summary Table Plot

position	gene_name	sample_name	CT	gene_expression
A1	CTGF	0	19.39	0.99
A2	CTGF	0	19.33	1.04
A3	CTGF	0	19.46	0.95
A4	CTGF	0	19.34	1.03
A5	CTGF	0.001	19.75	0.74
A6	CTGF	0.001	20.68	0.39
A7	CTGF	0.001	19.53	0.87
A8	CTGF	0.001	19.67	0.79
A9	CTGF	0.01	20.21	0.65
A10	CTGF	0.01	20.06	0.72

Download excel files for Graphpad prism

工作区 4：

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。

工作区 5：

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：

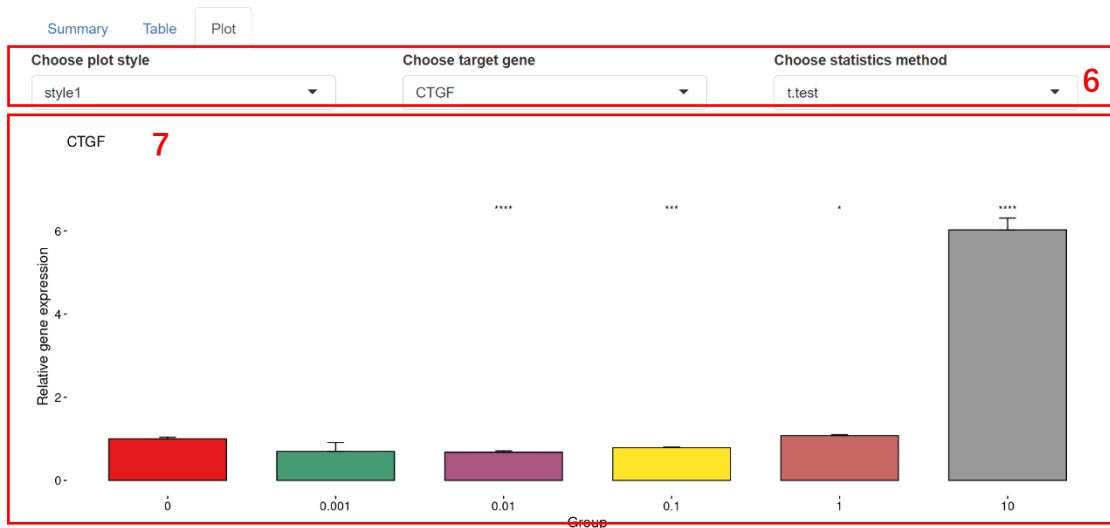
384_LZY_1_17_qPCR_RAW.xlsx - 受保护的视图

受保护的视图 请注意 - 来自 Internet 的文件可能包含病毒。除非需要编辑，否则保持在受保护视图中比较安全。

L5

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	0	0.001	0.01	0.1	1	10		
2	0.76750515	0.70378057	0.96225394	1.35997582	0.58405882	0.94141799		
3	1.41540442	0.62999862	1.01430503	1.25676944	0.55654783	1.1887261		
4	0.92053044	1.51415047	1.3070303	1.17773748	0.65605905	0.95919985		
5			1.09853481	1.06374917	0.53906105	0.81533245		
35								
36								
37								
38								
39								
40								
41								
42								
43								
44								
45								
46								
47								
48								
49								
50								

A-SMA COL1A1 COL3A1 CTGF ECAD FN1 LOXL-2 NCAD SLUG SM ...



工作区 6:

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, 观测者无须服从正态分布)

工作区 7:

PCR 柱状图区