



# Simple Western Size

## 软件高级应用

翁祖森 Field Application Scientist

Tel : 18818901949

E-mail : [Zusen.weng@bio-techne.com](mailto:Zusen.weng@bio-techne.com)

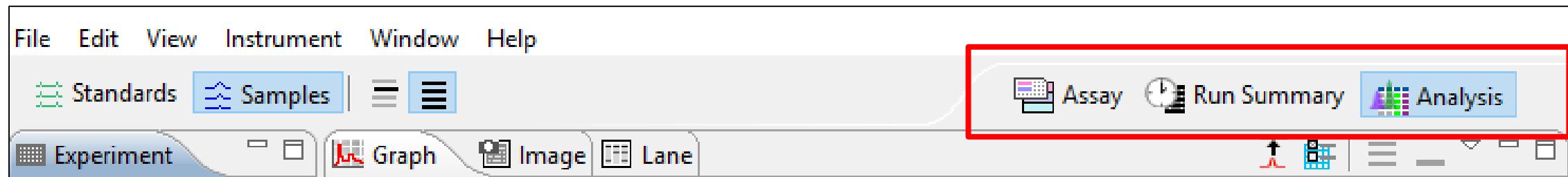
Apr 17<sup>th</sup>, 2020

# CONTENTS

- 软件视图回顾，包括：Filter、Hide功能
- Simple Western 分析的完整过程
- 其它功能（Grouping、蛋白归一化、标准曲线制作）

# 视图回顾--Compass 三个主要界面

- Assay – 实验前的设置
- Run summary – 运行过程中的实时情况
- Analysis – 分析界面



- 注意在不同界面，顶部菜单栏的内容不一样

# 数据分析完整流程



# 确认数据质量

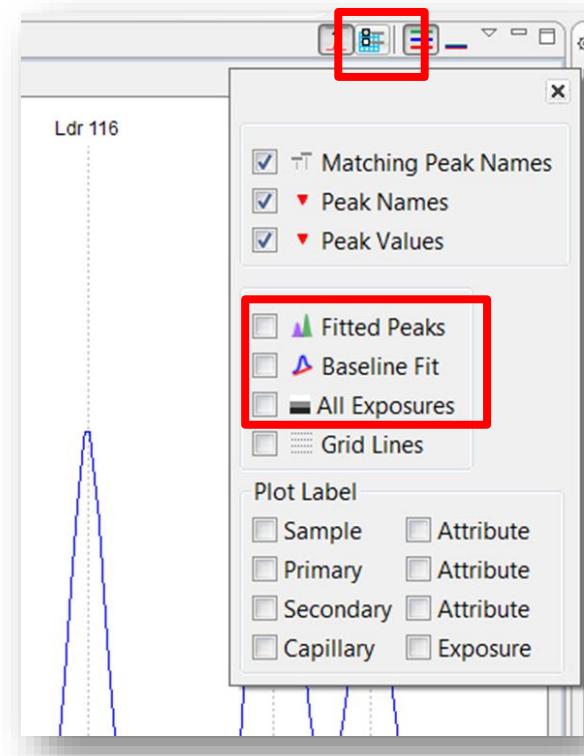
## 三“命名”

命名前，进行数据质量检查：

1. 判断信号是否过曝
2. 检查背景是否正常：基线拟合、背景值
3. 检查 Peak Fit 是否正常

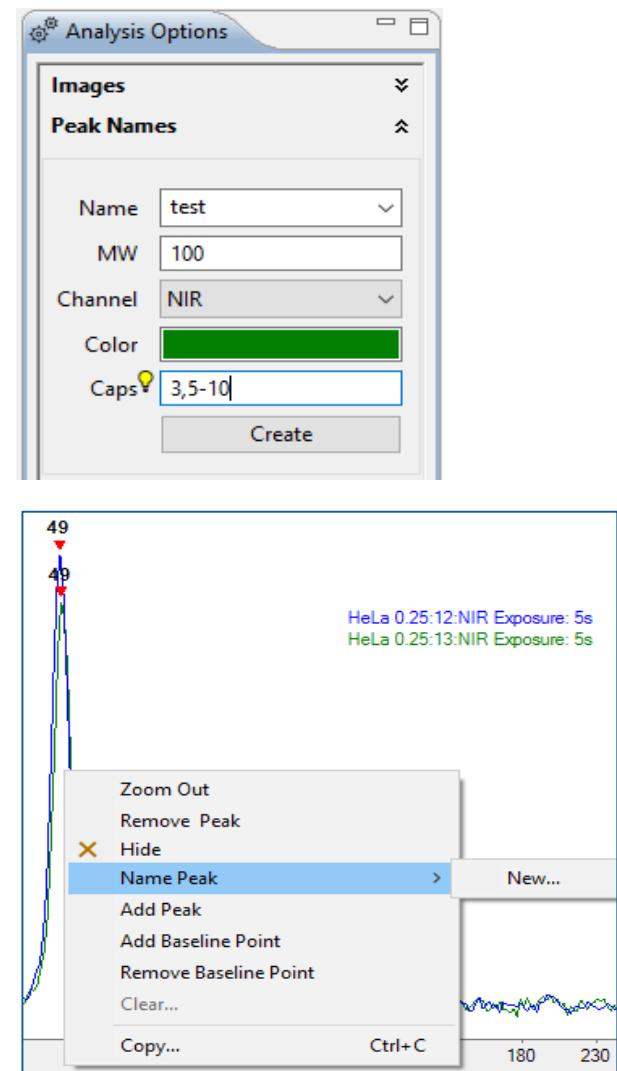
在 *Graph options* 中设置显示项

- *All exposures* , 所有曝光时间
- *Baseline fit* , 基线拟合
- *Fitted peaks* , 拟合峰



# 完成确认数据质量检查后，进行峰命名

- 选项 1: Analysis Options 窗格里
  - 在 Name 中: 下拉选中 [New]
  - 输入峰名称等
  - 单击 create
- 选项 2: 在峰形图中
  - 在单个检测通道下
    - 选择一个或多个泳道,
    - 在峰位置右键,
    - 选择*name peak* → *new...*
  - 对峰进行命名
  - 应用到所有泳道或者当前选择的泳道



- 选项 3: 右键点击峰统计表中的峰，选择*name peak* → *new...* 进行命名
- 选项 4: 在Edit/Analysis 菜单栏中
  - 在 Peak Names 栏中进行峰命名

# 提取数据，导出数据

- 图像拷贝
  - 在峰形图或者泳道图中，右键点击Copy 复制或保存图像
  - 选中峰统计表中的行（一行或多行），右键点击 Copy 复制数据

- 点击 File→export tables
  - 软件将建立一个文件夹导出各类统计数据
- 点击 File→run report
  - 软件将建立一个 PDF 文档，详细报告图和表

# 其它软件功能

- Grouping, 分组
- 标准曲线的建立
- 内参归一化

# THANK YOU