Scout 软件基本操作



2. 按下图菜单打开保存的 tiff 文件。



 判定蛋白迁移方向。可通过查看最上面一排样品的迁移方向判断,如果信号 在最上面一排孔的上面,选择 Up;如果在最上面一排孔的下面,选择 Down。



4. 软件将自动将有信号的泳道加绿框,无信号的泳道加蓝框。



5. 点击 Tools-Peak tables-Show/update peak table



6. 出现信号散点图后,点击 Peak Table-Auto Tag...



7. 散点图聚类表示同一个靶点信号。右图 Max expected peaks 选择1,表示泳道中有1个靶点。左图聚类散点图的上下两侧表示分子量太大或太的小的非靶点信号。



8. 点击 < Create New Tag>给靶点命名。



9. 在扫描芯片图上右键, Select-Select by Peak Tags...,选择之前命名的靶 点名称。



10. 在扫描芯片图上右键, Occupancy-Set Occupancy[o]...并将值设为1.



11. 点击 Tools-Data visualization-Histogram,通过直方图展示表达分布。



12. 左侧选择 PeakArea 代表考察的参数为表达丰度,右侧选择命名的靶点。

– 👈 Histogram Plot		- 🗆 X
- Select Data:		Select Tag:
PeakCenter PeakHeight PeakFWHM PeakArea PeakFillFactor PeakSize PeakSignalToNoise	^	AutoExcluded A Duplicate Excluded Target aml2
	v	¥
Histogram Type: Linear Scale Linear Scale, Missing = Log10 Scale	0	OK Cancel

13. 示例数据:表示表达跨度可达6个数量级,但大部分细胞处于低表达水

平。



14. 可点击 Export CSV-Tagged peaks, one row per lane 导出原始数据,进 一步通过第三方统计软件进行数据处理、作图展示等等。



15. 更详细软件使用说明可参阅《Scout_Software_User_Guide》。