

## SMA PLUS SOFTWARE KULLANIM KILAVUZU

SMA Plus Software yardımı ile sonuçlarınızı pratik bir şekilde analiz edebilirsiniz.

**1:** Çalışma bittikten sonra Baseline Threshold değerini her boya için aşağıda belirtilen değerlere ayarlayın (Şekil 1 -2).

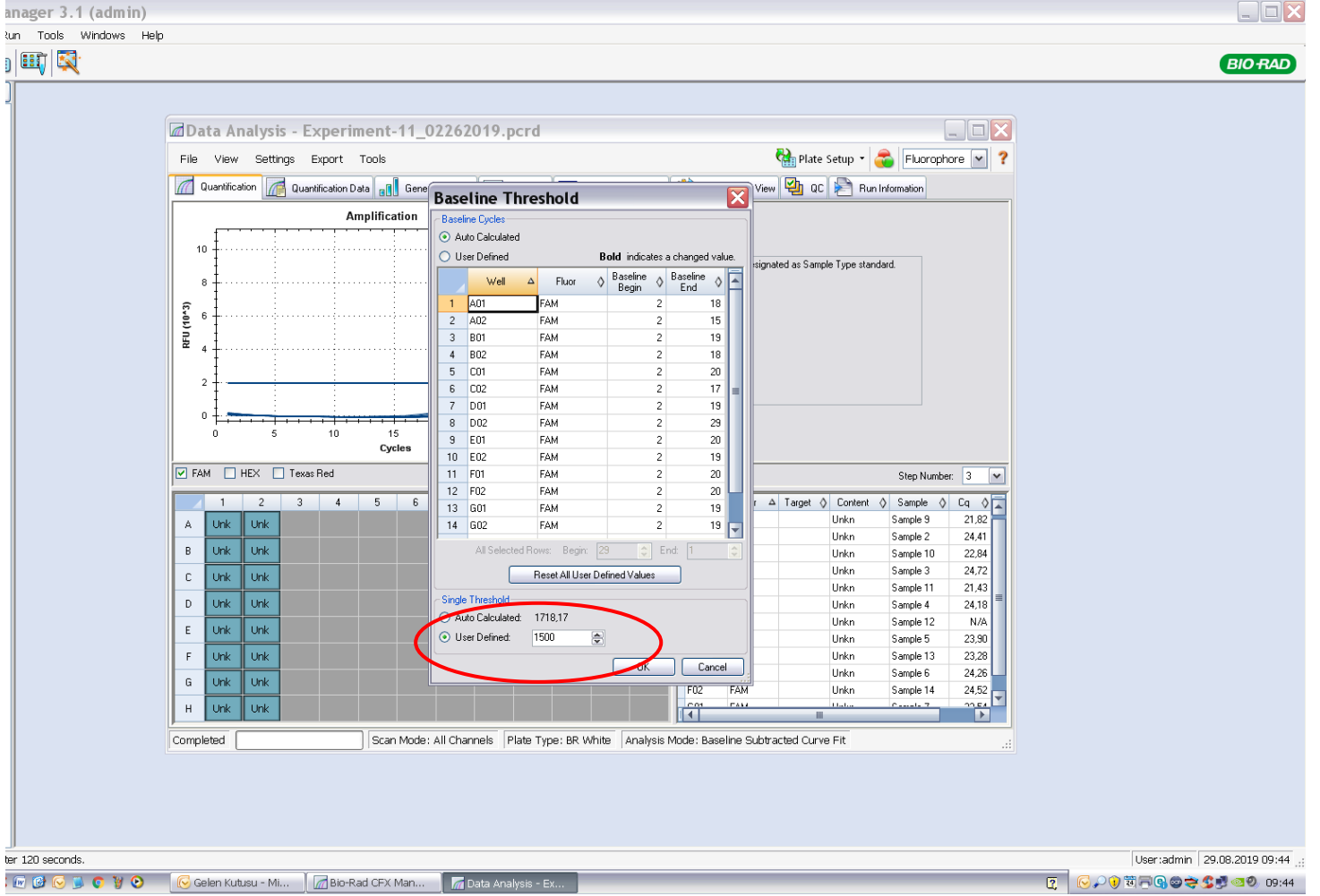
**Blood kitlerinde her boya için TS değeri 1500 olmalıdır.**

**NBS kitlerinde her boya için TS değeri 1000 olmalıdır.**

The screenshot shows the SMA Plus software interface. The main window is titled "Data Analysis - Experiment-11\_02262019.pcrd". The "Settings" menu is open, and the "Baseline Threshold..." option is highlighted with a red circle. The main window displays a graph of RFU (10<sup>3</sup>) vs Cycles and a table of analysis results.

Well	Fluor	Target	Content	Sample	Cq
A02	FAM		Unkn	Sample 9	21.27
B01	FAM		Unkn	Sample 2	23.98
B02	FAM		Unkn	Sample 10	22.32
C01	FAM		Unkn	Sample 3	24.23
C02	FAM		Unkn	Sample 11	20.99
D01	FAM		Unkn	Sample 4	23.66
D02	FAM		Unkn	Sample 12	N/A
E01	FAM		Unkn	Sample 5	23.40
E02	FAM		Unkn	Sample 13	22.79
F01	FAM		Unkn	Sample 6	23.80
F02	FAM		Unkn	Sample 14	24.05
G01	FAM		Unkn	Sample 7	22.11
G02	FAM		Unkn	Sample 8	23.11

Şekil - 1



Şekil - 2

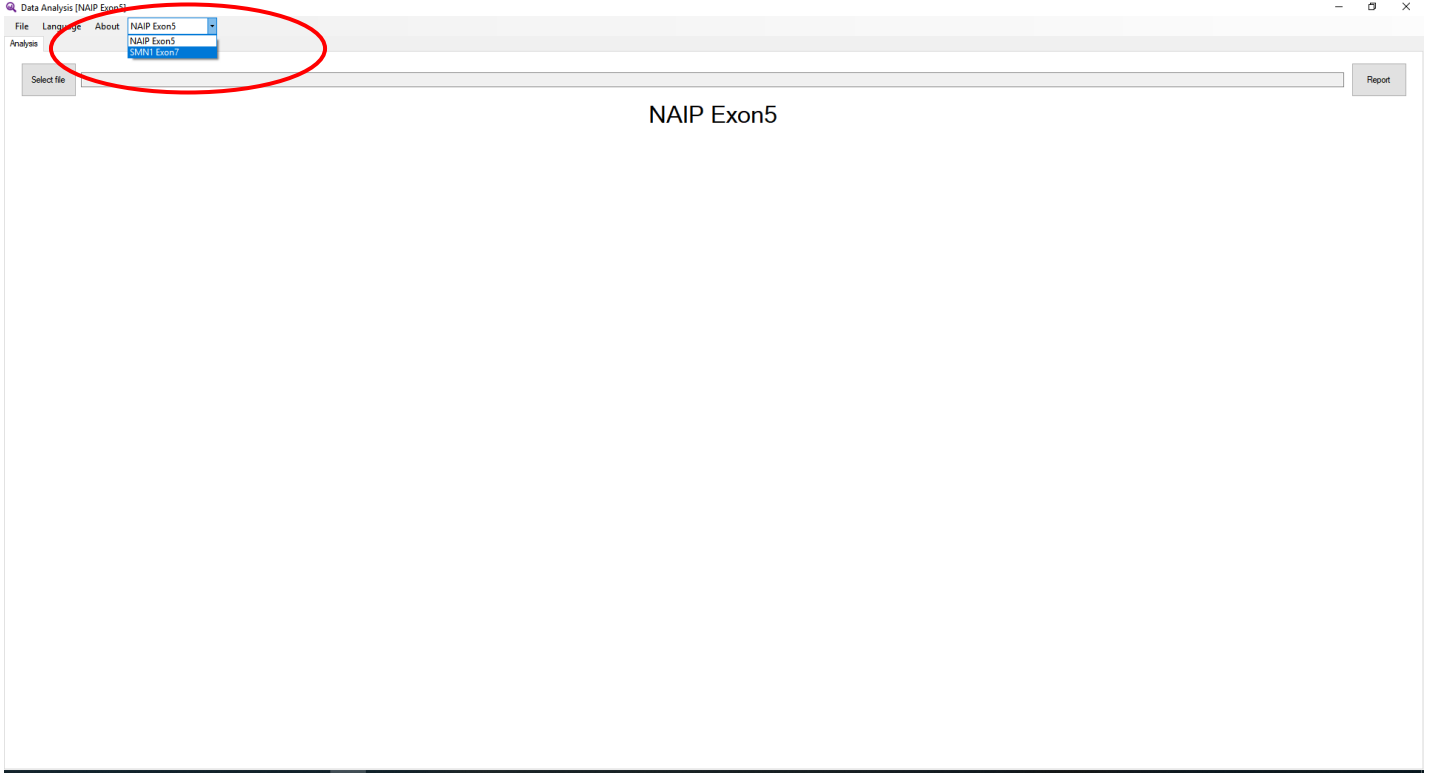
**2:** Çalışmanızı Excel 2003 formatında dilediğiniz bir klasöre "Export" edin. Export > Export All Data Sheets > Excel 2003 (\*.xls) (Şekil – 3).

The screenshot shows the SNP software interface. The main window is titled "Data Analysis - Experiment-11\_02262019.pcrd". The "Export" menu is open, and "Excel 2003 (\*.xls)" is highlighted. The window also displays a graph of RFU (10<sup>3</sup>) vs Cycles and a table of well data.

Well	Fluor	Target	Content	Sample	Cq
A01	FAM		Unkn	Sample 1	23.12
A02	FAM		Unkn	Sample 9	21.27
B01	FAM		Unkn	Sample 2	23.98
B02	FAM		Unkn	Sample 10	22.32
C01	FAM		Unkn	Sample 3	24.23
C02	FAM		Unkn	Sample 11	20.99
D01	FAM		Unkn	Sample 4	23.66
D02	FAM		Unkn	Sample 12	N/A
E01	FAM		Unkn	Sample 5	23.40
E02	FAM		Unkn	Sample 13	22.79
F01	FAM		Unkn	Sample 6	23.80
F02	FAM		Unkn	Sample 14	24.06

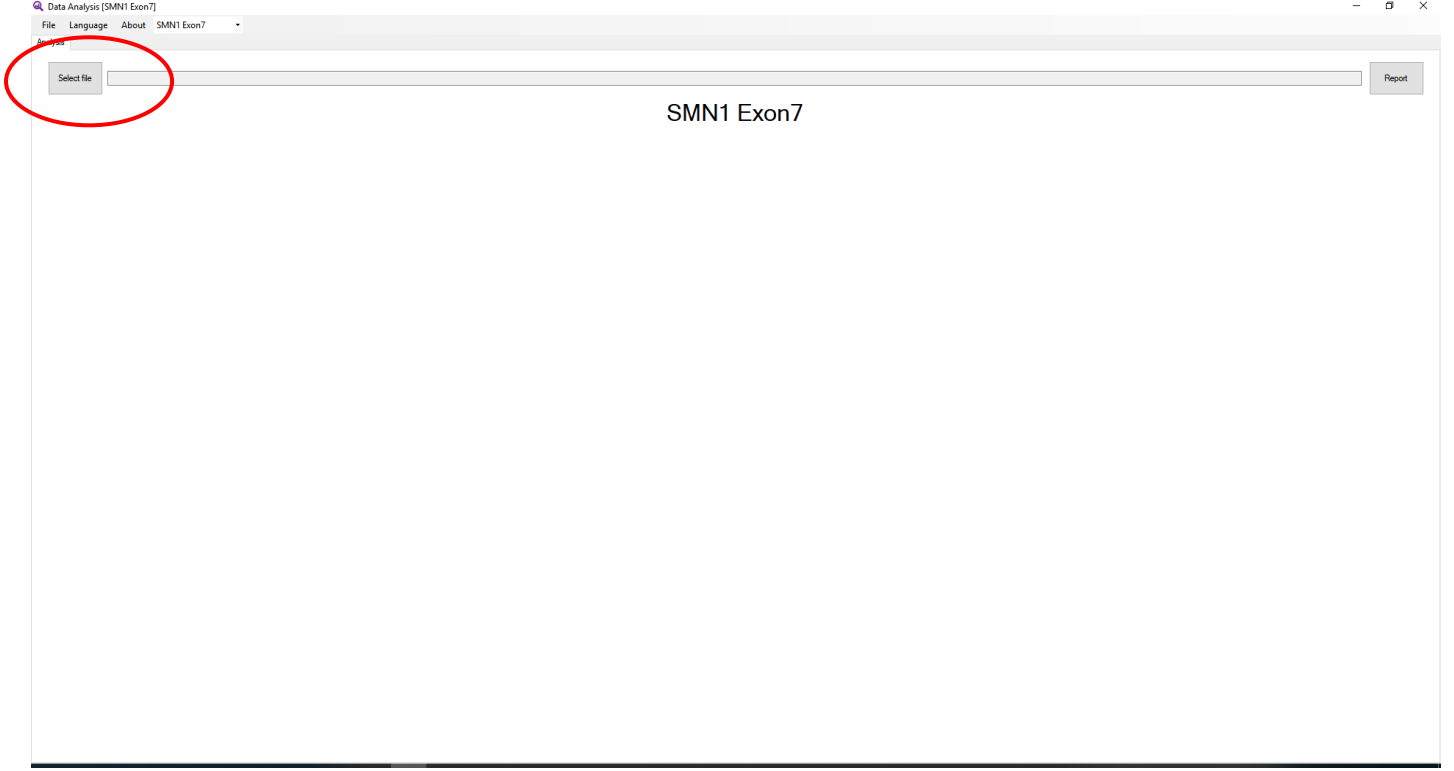
Şekil - 3

**3:** SMA *Plus* Software'ı ikonuna çift tıklayarak açın. Analiz etmek istediğiniz parametreyi seçin. Örneğin, SMN1 Exon 7 (Şekil - 4).

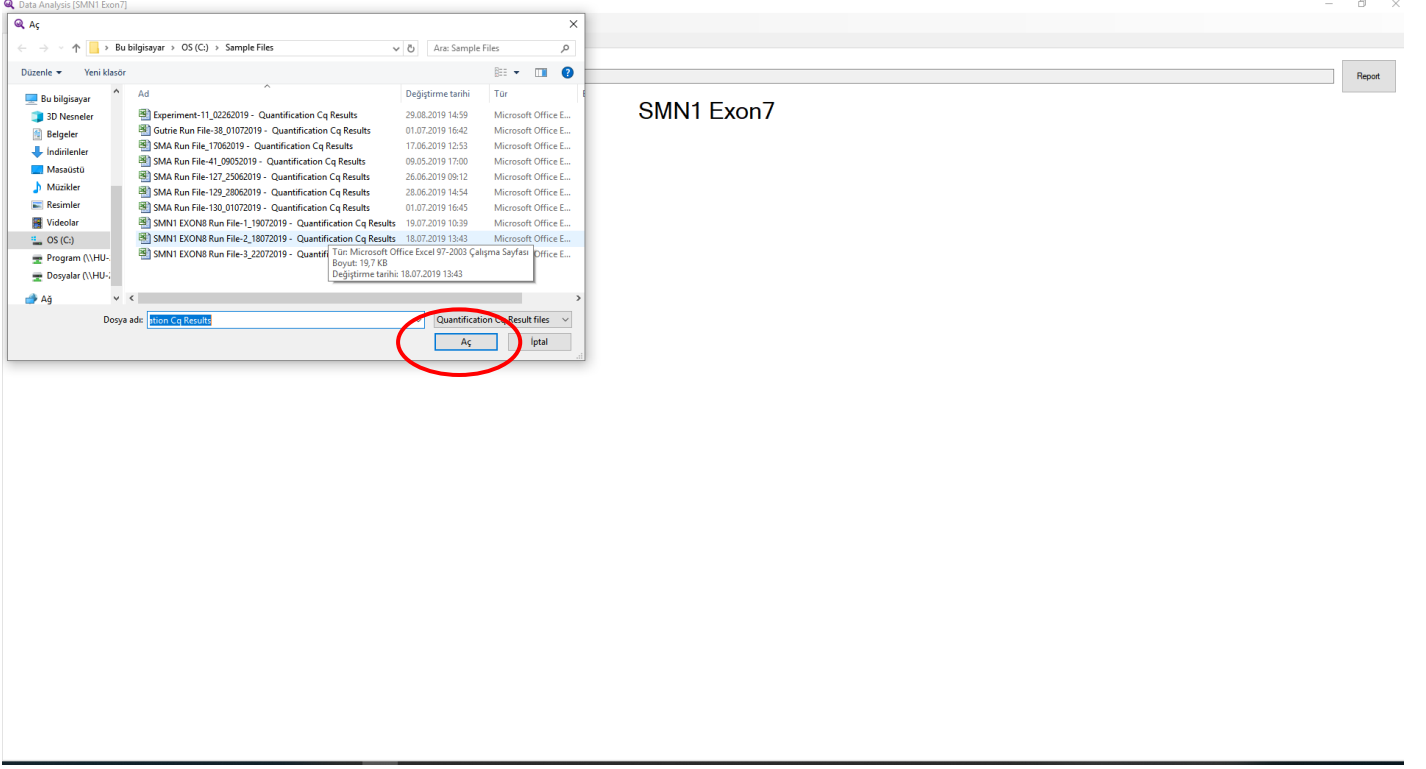


Şekil – 4

**4:** "Select file" butonuna tıklayarak kaydettiğiniz klasörden çalışmanıza ait dosyayı açın (Cq Results files) (Şekil 5 - 6).

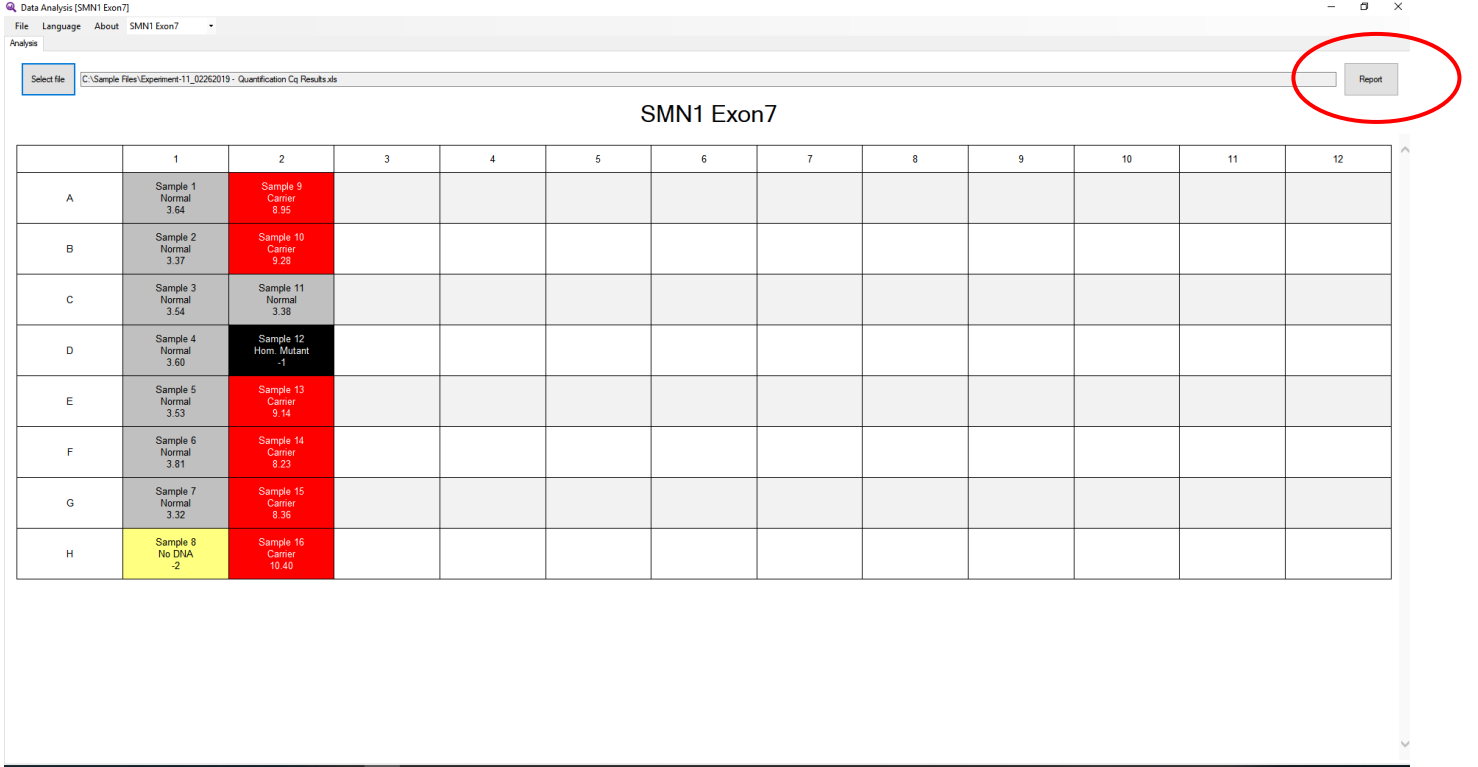


**Şekil - 5**



Şekil - 6

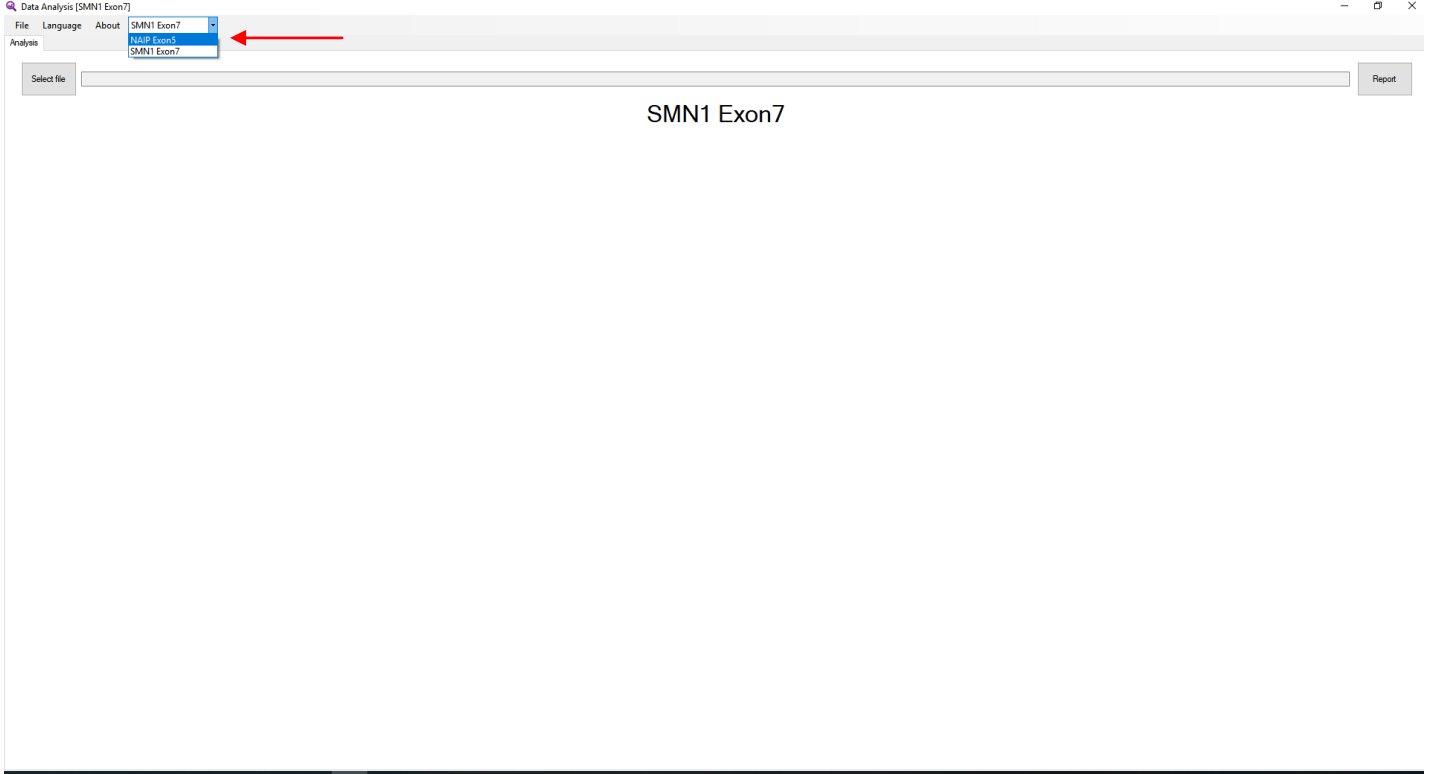
**5:** Sonular otomatik olarak ekranda grnecektir. **Gri:** Wild-Type, **Kırmızı :** Taşıyıcı, **Siyah:** Homozigot Delesyon, **Sarı:** DNA Yok, **Mavi:** Tekrar. Ayrıca **“Report”** butonuna basarak sonularınızı dilediğiniz yere .pdf olarak kaydedebilirsiniz. (Şekil - 7).



	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Sample 1 Normal 3.64	Sample 9 Carrier 9.95										
B	Sample 2 Normal 3.37	Sample 10 Carrier 9.26										
C	Sample 3 Normal 3.54	Sample 11 Normal 3.38										
D	Sample 4 Normal 3.60	Sample 12 Hom. Mutant -1										
E	Sample 5 Normal 3.53	Sample 13 Carrier 9.14										
F	Sample 6 Normal 3.81	Sample 14 Carrier 9.23										
G	Sample 7 Normal 3.32	Sample 15 Carrier 9.35										
H	Sample 8 No DNA -2	Sample 16 Carrier 10.40										

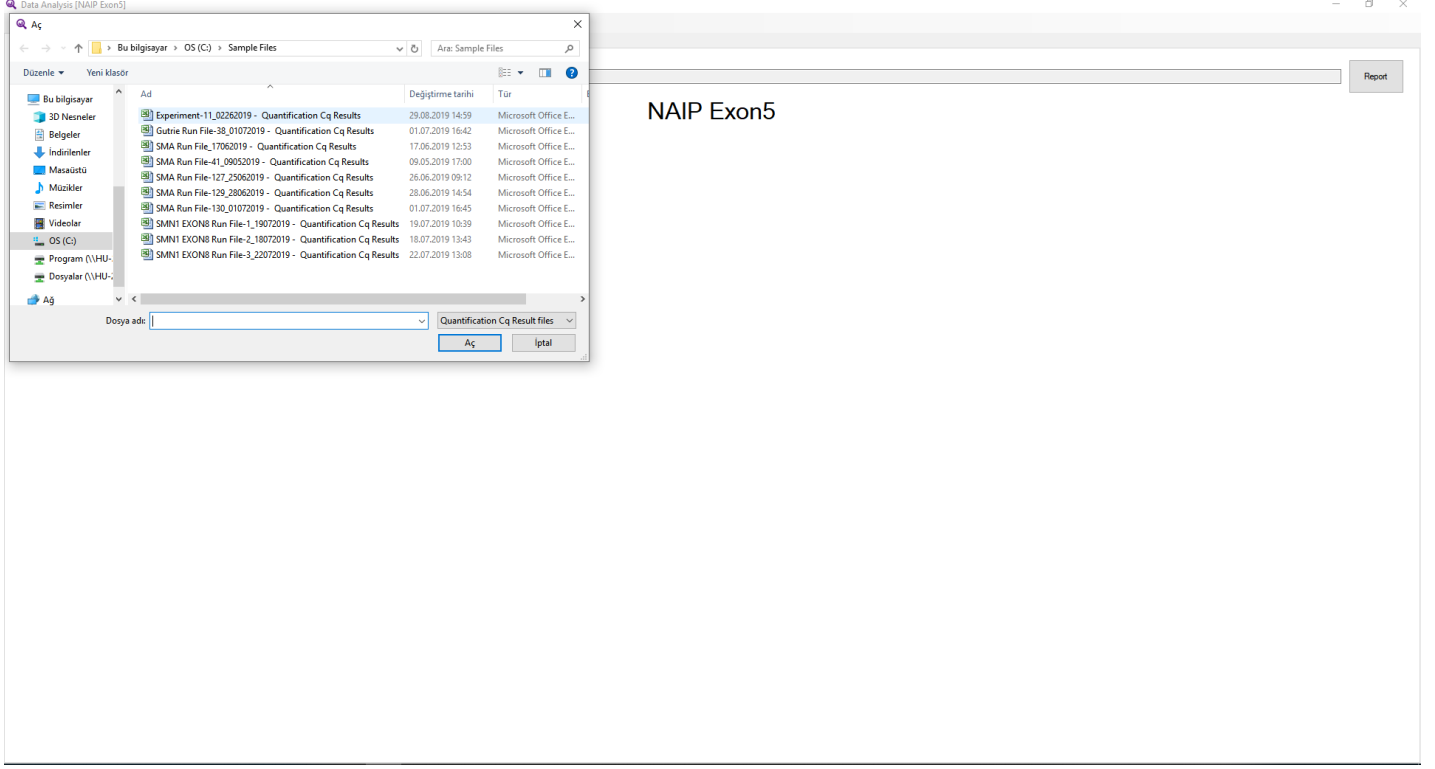
Şekil - 7

**6:** Analize devam etmek için diđer parametreyi seçin. Bu örnek için NAIP Exon 5. Daha önceki parametre analizi için yaptığımız adımları tekrarlayın (Adım 1-5) (Şekil 8 - 9 - 10 ).



**Şekil - 8**





Şekil - 9

Data Analysis [NAIP Exon5]

File Language About NAIP Exon5

Analysis

Select file C:\Sample Files\Experiment-11\_02262019 - Quantification Cq Results.xls Report

### NAIP Exon5

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Sample 1 Normal 3.03	Sample 9 Carrier 7.66										
B	Sample 2 Normal 3.00	Sample 10 Carrier 7.57										
C	Sample 3 Normal 2.79	Sample 11 Normal 2.95										
D	Sample 4 Normal 2.81	Sample 12 Hom. Mutant -										
E	Sample 5 Normal 2.81	Sample 13 Normal 3.09										
F	Sample 6 Normal 2.87	Sample 14 Carrier 7.77										
G	Sample 7 Normal 2.88	Sample 15 Carrier 8.15										
H	Sample 8 No DNA -	Sample 16 Normal 3.44										

Şekil - 10

