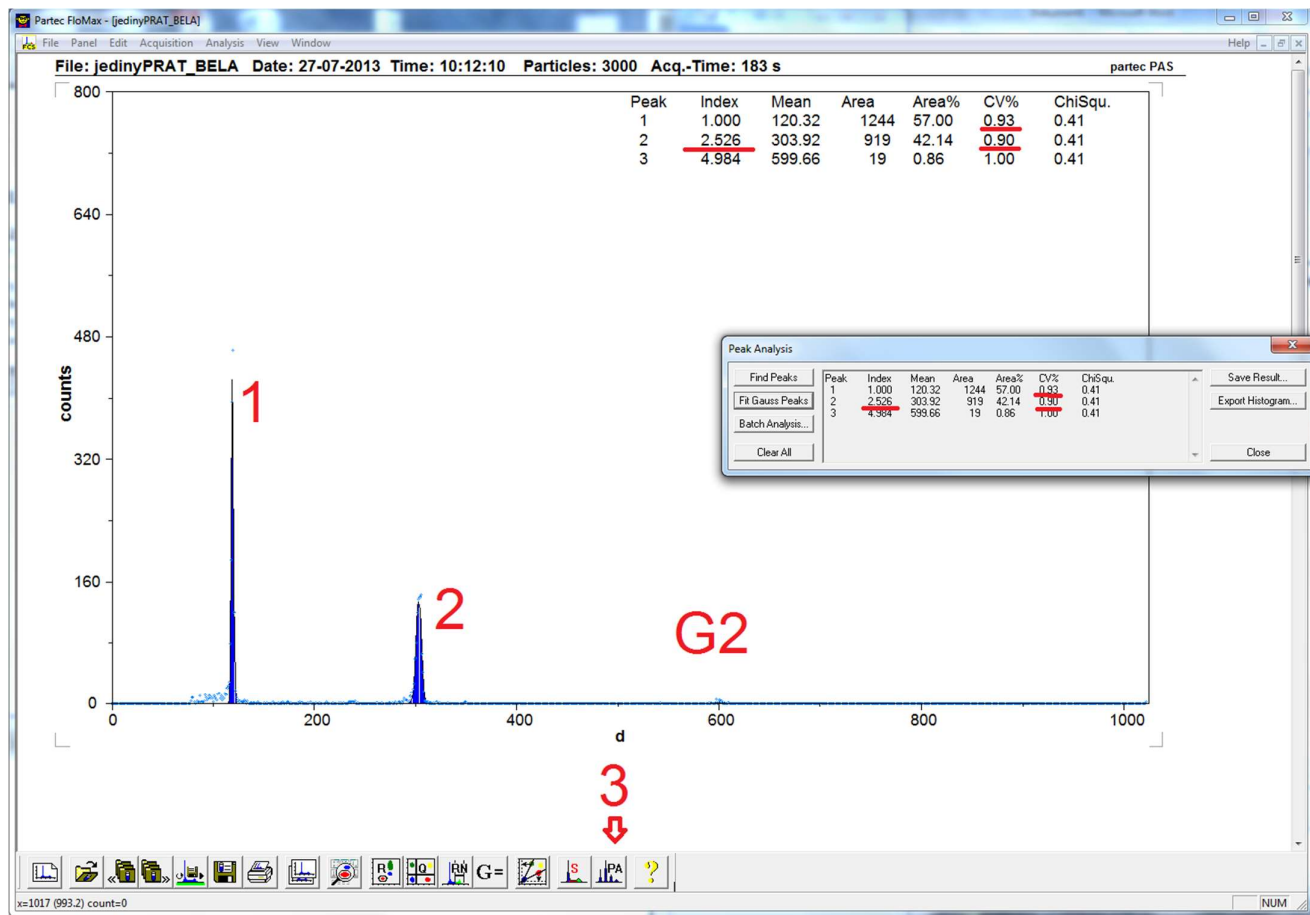


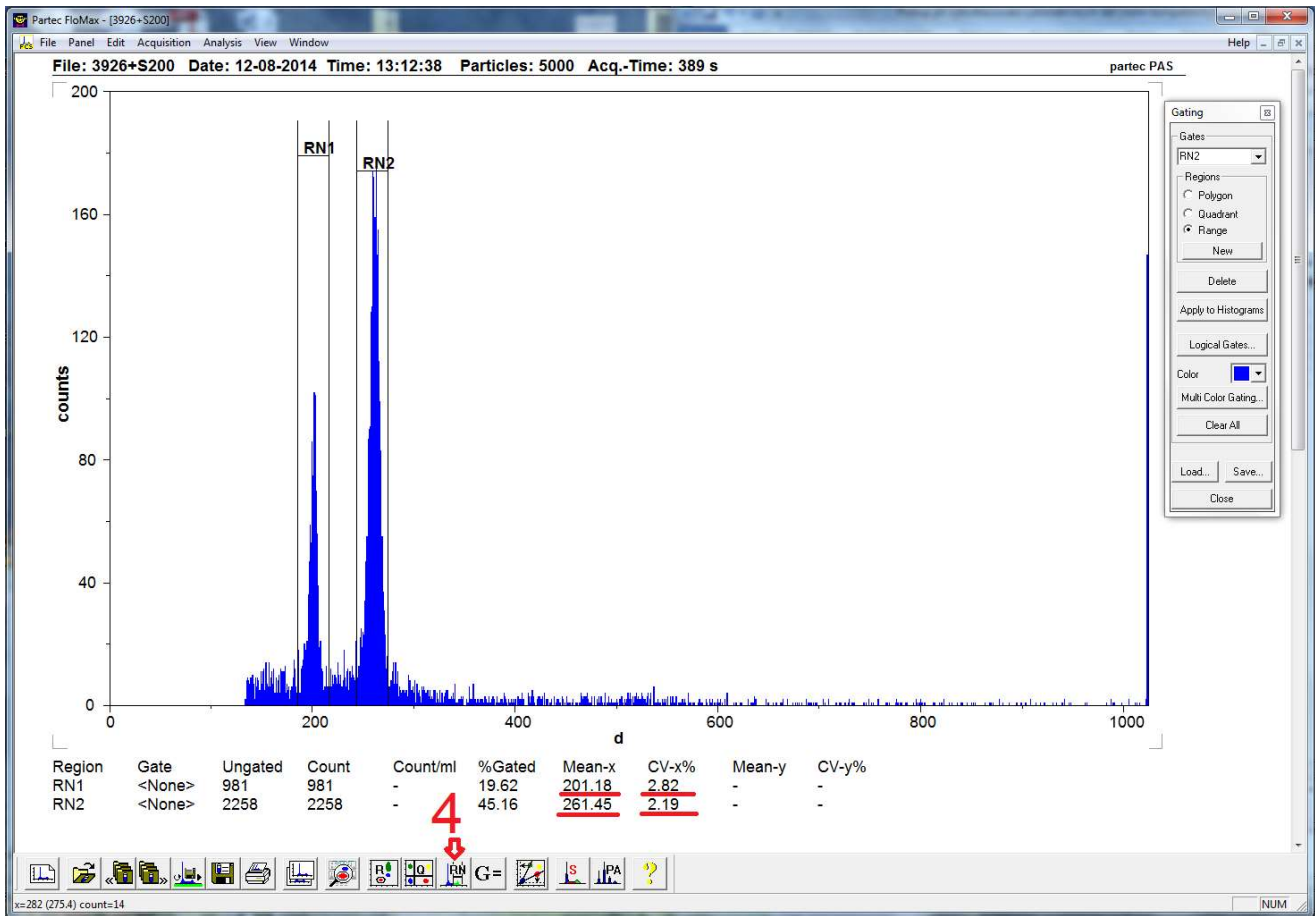
## Postup při vyhodnocování cytometrických dat:

Pokud jsou analýzy v pořádku (tzn. zřetelné píky a nevýrazné pozadí), tak je postup následovný:

V menu **Analysis** si otevřete položku **Peak analysis**, v otevřeném okně stiskněte **Fit Gauss Peaks** – software automaticky indikuje píky (alternativně lze využít ikonku na dolním panelu – č. 3). Hodnoty, které Vás zajímají, jsou podtrženy červeně – násobek ke standardu (případně pokud je standard za vzorkem, jde o převrácenou hodnotu tohoto indexu,  $1/x$ ), CV vzorku a CV standardu (obojí by mělo být do 3%!!!). V našem případě je vzorek (č. 2) před standardem (č. 1), je tedy nutné hodnotu přepočítat ( $1/2,526 = 0,396$ ), pak dostaneme poměr ke standardu.



Pokud jsou analýzy s výraznějším pozadím (šumem), je nutné použít alternativní metodu analyzování – pomocí tlačítka **4 (RN)** si přesně označíme jednotlivé píky, pod histogramem se poté objeví výsledky zvlášť pro každý pik. Poměr vzorku ke standardu je pak nutné vypočítat z hodnot **Mean-x**.

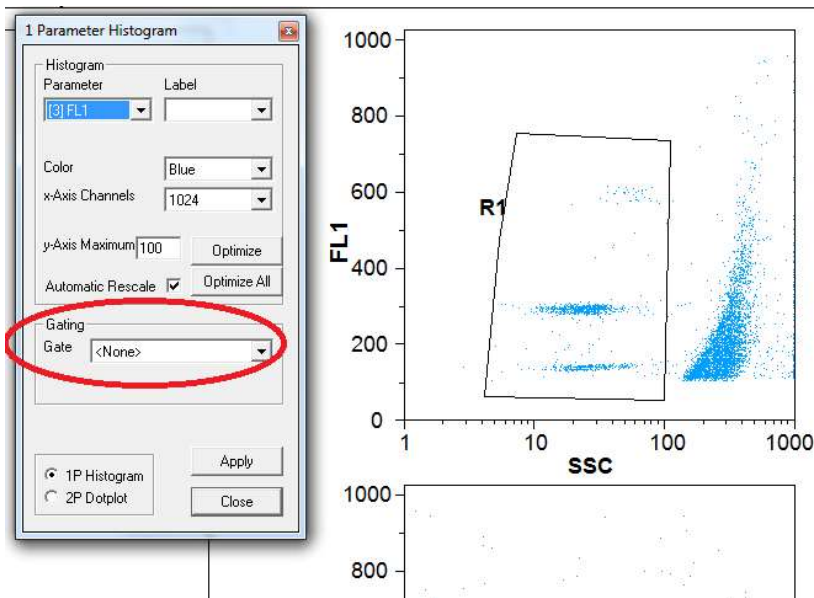
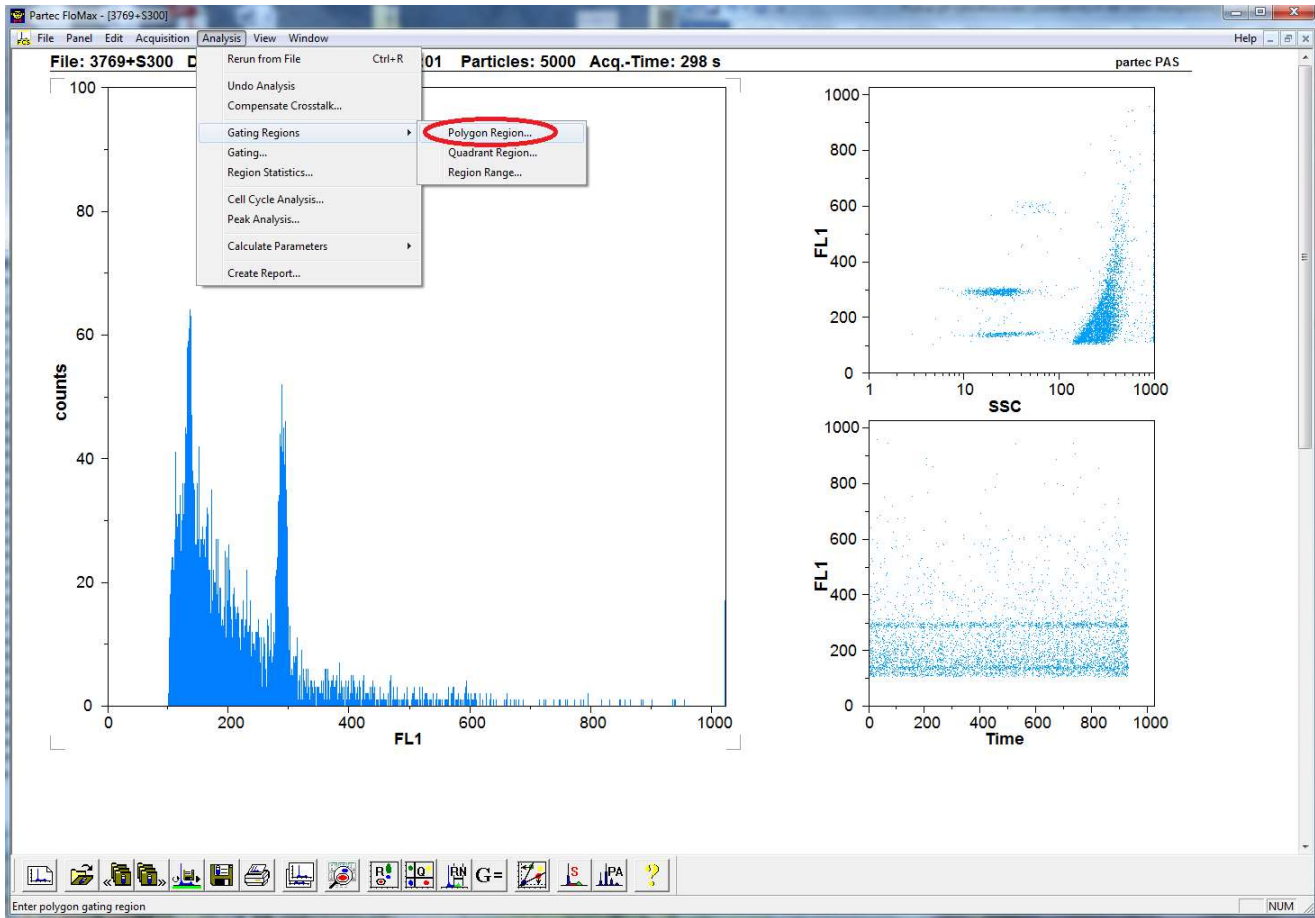




## Analýza kvalitativně horších dat:

### V menu **Analysis – Gating Regions – Polygon Region**

Na pravém horním grafu (FL vs. SSC) vyklikat jednotlivé linie jader a linie následně spojit (nejlépe jako čtyřúhelník nebo podkovu). Následně kliknout pravým myšidlem do levého histogramu – naskočí okno **Parameter Histogram**. V něm **Gating – gate**-nastavit **R1** – pak **Apply**



Šum se automaticky odfiltruje a píky vlevo se zanalyzují dle normálního postupu, tj. menu **Analysis – Peak Analysis – Fit Gauss Peaks**.