

ESPECTROFOTÓMETRO NANOVOLUMEN NANOVOLUME SPECTROPHOTOMETER SPECTROPHOTOMÈTRE NANOVOLUME

REF. - CODE - RÉF. - HJF001 (Z-6500) - HJF002 (Z-6500C)



Este manual es parte inseparable del aparato por lo que debe estar disponible a todos los usuarios del equipo. Le recomendamos leer atentamente el presente manual y seguir rigurosamente los procedimientos de uso para obtener las máximas prestaciones y una mayor duración del mismo.

This manual should be available for all users of these equipments. To get the best results and a higher duration of this equipment it is advisable to read carefully this manual and follow the processes of use.

Ce manuel est une partie indissociable de l'appareil et doit être mis à la disposition de tous les utilisateurs de l'équipement. Nous vous recommandons de lire attentivement ce manuel et de suivre scrupuleusement les procédures d'utilisation afin d'obtenir des performances maximales et une plus longue durée de vie de l'appareil.

ÍNDICE DE IDIOMAS

Castellano	1-28
Inglés	29-55
Francés	56-82

ÍNDICE DE CONTENIDOS

1. Presentación del producto	4
1.1 Principio de detección del módulo de absorbancia	4
1.2 Rango de aplicación del instrumento	5
1.2.1 Ácidos nucleicos:	5
1.2.2 Proteína:	5
1.2.3 Escaneo convencional de longitud de onda completa UV/visible:	5
1.2.4 Solución celular (solo modelo Z-6500C):	5
1.2.5 Método de la curva estándar:	5
1.2.6 Oro coloidal:	5
1.2.7 Cinética (solo modelo Z-6500C):	5
1.3 Parámetros del instrumento	6
1.3.1 Modo ultramicro	6
1.3.2 Modo cubeta (solo modelo Z-6500C)	6
2. Introducción a los modos de detección	6
2.1 Modo ultramicro	6
2.1.1 Funcionamiento básico de la base	7
2.2 Modo cubeta (solo modelo Z-6500C)	7
2.2.1 Funcionamiento básico de la cubeta	8
3. Introducción a la interfaz del software	8
3.1 Interfaz ultramicro	8
3.1.3 Barra de elementos de detección a la derecha (área 3):	8
3.1.4 Registros históricos (área 4)	8
3.1.1 Barra de menú principal (área 1):	8
3.1.2 Barra de tipos de detección a la izquierda (área 2):	8
4. Función del módulo ultramicro y detección de muestras	9
4.1 Módulo de ácido nucleico	9
4.1.1 Requisitos de dosis de la muestra	9
4.1.2 Rango de medición	9
4.1.3 Configuración de medición	10
4.1.4 Pasos de detección	12
4.1.5 Visualización de resultados	13

4.2 Módulo de proteínas	13
4.2.1 Requisitos de dosificación de la muestra	13
4.2.2 Rango de medición	13
4.2.3 Ajustes de medición	14
4.2.4 Pasos de detección	16
4.2.5 Visualización de resultados	17
4.3 Módulo OD600 (solo modelo Z-6500C)	17
4.3.1 Requisitos de dosis de la muestra	17
4.3.2 Rango de medición	18
4.3.3 Ajustes de medición	18
4.3.4 Pasos de medición	18
4.4 Personalización	19
4.4.1 Elementos de detección	19
4.4.2 Longitud de onda completa	19
4.4.3 Método de curva estándar	20
4.4.4 Nanopartículas de oro	21
4.4.5 Cinética (solo modelo Z-6500C)	22
5. Almacenamiento de datos	23
5.1 Guardar, exportar e imprimir	23
5.1.1 Guardar	23
5.1.2 Exportar	24
5.1.3 Imprimir (opcional)	24
5.2 Registros históricos	25
6. Configuración	26
6.1 Detección del dispositivo	26
6.1.1 Ultramicro	26
6.1.2 Fluorescencia (no aplicable a los modelos Z-6500 y Z-6500C)	26
6.2 Configuración del sistema	26
6.2.1 Hora	27
6.2.2 Idioma	27
6.2.3 Actualización del software	27
6.2.4 Acerca de	27
6.2.5 Gestión de discos	27
7. Apagado	28
8. Apéndice	28

1. PRESENTACIÓN DEL PRODUCTO

El espectrofotómetro nanovolumen Zuzi está equipado con una pantalla de 8 pulgadas, 1 interfaz HDMI, 1 puerto de red, 1 puerto tipo C y 2 interfaces USB. El software integrado no requiere instalación y se puede conectar un ratón, un teclado, una impresora, una unidad flash USB, una tarjeta de red inalámbrica y otros dispositivos USB.

El instrumento cuenta con un módulo de absorbancia, adecuado para detectar muestras con altas concentraciones (como dsDNA > 20 ng/ul). Tiene dos formas de detección: modo de microvolumen y modo de cubeta, que pueden medir con precisión muestras de microvolumen de 0,3 a 2 µL con buena repetibilidad. La detección de baja concentración es más estable y el rango de detección de alta concentración es más amplio, 200 veces mayor que el de un espectrofotómetro UV-visible convencional, sin necesidad de dilución ni calibración de la línea de base. El modo de microvolumen requiere menos volumen de muestra, con un volumen mínimo de medición de 0,3 µl, y se puede utilizar para detectar ácidos nucleicos, proteínas y escaneo convencional de longitud de onda completa, mientras que el modo de cubeta se puede utilizar para la detección tradicional con cubeta (como soluciones celulares, muestras de microarrays) y módulos de detección cinética. Todos los datos se guardan automáticamente para facilitar las estadísticas, y el software es fácil de dominar.

1.1 Principio de detección del módulo de absorbancia

Después de que el espectrofotómetro haya realizado un control en blanco, el instrumento registrará automáticamente los resultados espectrales de la solución de referencia en blanco y los guardará como valor de referencia de intensidad luminosa para la longitud de onda. Al detectar muestras, se registrará la intensidad luminosa transmitida a través de la muestra. La absorbancia de la muestra se calcula según la siguiente fórmula, comparando la intensidad luminosa transmitida a través de la muestra con la del control en blanco:

$$Absorbance = - \log \left[\frac{Intensity_{sample}}{Intensity_{blank}} \right]$$

De este modo, la absorbancia a una longitud de onda específica se puede calcular a través de la intensidad de la luz transmitida por la muestra y el control en blanco.

La relación entre la concentración de la muestra y la absorbancia viene determinada por la ley de Lambert-Beer (Lambert-Beer):

$$A = \epsilon b c$$

Donde: A = Absorbancia (A)

ϵ = Coeficiente de extinción molar dependiente de la longitud de onda (unidad L/mol*cm)

b = Paso óptico (unidad cm)

c = Concentración de la muestra (unidad mol/L)

La solución de referencia, o solución en blanco, suele ser aquellos disolventes que disuelven las moléculas objetivo, que deben tener el mismo pH y la misma fuerza iónica que la solución de muestra.

1.2 Rango de aplicación del instrumento

El espectrofotómetro nanovolumen Zuzi se puede utilizar para medir los siguientes rangos:

1.2.1 Ácidos nucleicos:

- La concentración y pureza de muestras de ácidos nucleicos, incluyendo ADN de doble cadena, ADN de cadena simple, ARN, definido por el usuario, OligoDNA y OligoRNA.
- Chip genético: capaz de detectar simultáneamente ácidos nucleicos y concentraciones de colorante fluorescente.

1.2.2 Proteína:

- Medición A280 de la concentración de la muestra de proteína, incluyendo $1\text{Abs}=1\text{mg/ml}$, BSA, HSA, MSA, IgG de ratón, IgG humana, IgE humana, lisozima, coeficiente de extinción molar $\epsilon/\text{peso molecular}$ M, coeficiente de extinción de masa.
- Péptidos: incluyendo A205 y A215.
- Chip de proteína: capaz de detectar proteínas y colorantes fluorescentes simultáneamente.
- Método de kit (método Lowry, método BCA, método Bradford, método Pierce660): el software determina la concentración de proteínas de la muestra desconocida trazando una curva estándar.

1.2.3 Escaneo convencional de longitud de onda completa UV/visible:

Se puede realizar un escaneo de longitud de onda completa UV/Visible (190-910 nm).

1.2.4 Solución celular (solo modelo Z-6500C):

Medición del valor de absorbancia de la solución celular OD600 y determinación de la densidad celular.

1.2.5 Método de la curva estándar:

Además del método de kit comúnmente utilizado, también se pueden realizar curvas estándar para otras longitudes de onda de detección con el fin de determinar las concentraciones.

1.2.6 Oro coloidal:

Detección del valor de absorbancia del oro coloidal.

1.2.7 Cinética (solo modelo Z-6500C):

Puede detectar la tendencia del cambio de absorbancia con el tiempo en una determinada longitud de onda fija y también puede seleccionar simultáneamente múltiples longitudes de onda para el análisis comparativo con el fin de estudiar la cinética de las sustancias detectadas.

1.3 Parámetros del instrumento

1.3.1 Modo ultramicro

Paso óptico: 1 mm, 0,2 mm, 0,1 mm, 0,03 mm, 0,02 mm

Requisitos de volumen: 0,3-2 μ L

Fuente de luz: lámpara flash de xenón de larga duración (109 destellos)

Tipo de detector: matriz lineal CCD de silicio de 3864 elementos

Rango de longitud de onda para análisis: 190-910 nm

Rango de longitud de onda de la lámpara de xenón: 185-2000 nm

Precisión de longitud de onda: \pm 1 nm

Resolución de longitud de onda: 2 nm (FWHM a Hg 254 nm)

Precisión de absorbancia: 0,002 Abs

Precisión de absorbancia: 1 % (0,988 Abs a 257 nm)

Rango de absorbancia: 0,04~800 Abs (equivalente a un paso óptico de 10 mm)

Rango de detección de concentración (base de microondas): 2~40000 ng/ μ l (dsDNA); 0,06~1194 mg/ml (BSA); 0,03 mg/ml-584 mg/ml (IgG); 0,02 mg/ml-303 mg/ml (lisozima).

Ciclo de detección: \leq 3 segundos

Voltaje de funcionamiento: CC 24 V/2,5 A Potencia máxima: 60 W

Base de la muestra: acero inoxidable

Dimensiones: 300 mm \times 210 mm \times 130 mm

Peso: 5 kg

1.3.2 Modo cubeta (solo modelo Z-6500C)

Especificaciones de la cubeta: paso óptico de 1 mm, 2 mm, 5 mm, 10 mm

Altura del haz de luz: 8,5 mm

Rango de detección de concentración (cubeta de 10 mm): 0,2 - 80 ng/ μ l (dsDNA); 0,006 - 2,38 mg/ml (BSA); 0,003 mg/ml-1,16 mg/ml (IgG); 0,002 mg/ml-0,61 mg/ml (lisozima)

Precisión de la absorbancia: 1 % (absorbancia de 0,988 a 257 nm)

2. INTRODUCCIÓN A LOS MODOS DE DETECCIÓN

2.1 Modo ultramicro

1. En blanco: utilice una pipeta para transferir entre 0,3 y 2 μ l (cuantificados según las condiciones reales) de solución tampón y déjela caer sobre la base de detección (el material de la base de detección es acero inoxidable y el punto central es cuarzo). El cabezal de detección inferior es el extremo receptor y el cabezal de detección superior es el extremo emisor.

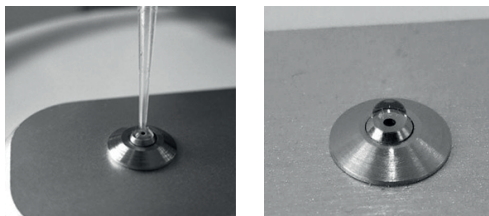
2. Medición de la muestra: utilice una pipeta para transferir entre 0,3 y 2 μ l de la muestra medida y déjela caer sobre la base de detección. Para las muestras de proteínas, se requiere un volumen de muestra de 2,0 μ l para la detección.

3. Debido a la tensión inconsistente de las diferentes muestras, con el fin de formar mejor la columna líquida de la muestra, la cantidad recomendada para la detección de la muestra es la siguiente (los usuarios pueden ajustarla según las condiciones reales):

Solución de ácido nucleico: 2,0 μ l Solución de proteína: 2,0 μ l Otras muestras: 2,0 μ l

2.1.1 Funcionamiento básico de la base

1. Levante el brazo de la muestra, utilice una pipeta para aspirar entre 0,3 y 2 μl de muestra y déjela caer sobre la base.



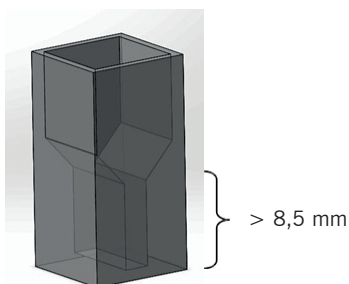
2. Baje el brazo de la muestra e inicie la detección del valor de absorbancia utilizando el software del ordenador. Se extraerá una columna de muestra automática entre las dos fibras ópticas y, a continuación, se llevará a cabo la detección.

3. Una vez completada la detección, levante el brazo de muestras y utilice toallas de papel absorbentes para limpiar las muestras de las bases superior e inferior. Esta limpieza puede evitar que queden residuos de la muestra en la base.

2.2 Modo cubeta (solo modelo Z-6500C)

El instrumento puede utilizar cubetas convencionales (altura 45 mm) o personalizadas (27 mm) con un paso de luz de 10 mm. Cuando se utilizan cubetas con un paso de luz pequeño (como 5 mm, 2 mm, 1 mm), se recomienda utilizar cubetas opacas sin transparencia alrededor. Las cubetas opacas garantizan que toda la luz que pasa a través de la muestra llegue al detector. Las cubetas transparentes permiten que la luz que no ha atravesado la muestra también llegue al detector, lo que puede dar lugar a una detección inexacta, especialmente en el caso de muestras de baja concentración.

Debido a la altura del haz de luz, la altura de la muestra añadida dentro de la cubeta debe ser superior a 8,5 mm. Consulte las recomendaciones del fabricante para conocer el volumen de muestra necesario. Las cubetas que se suministran con el instrumento son cubetas de vidrio convencionales con un paso óptico de 10 mm y un volumen mínimo de muestra de 1000 μl .



2.2.1 Funcionamiento básico de la cubeta

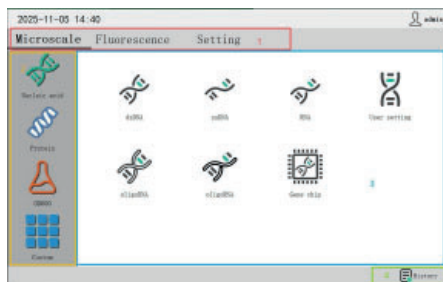
1. Añada la muestra a la cubeta, asegurándose de que el volumen de muestra añadido sea suficiente para cubrir el haz de luz. Se recomienda que el nivel de líquido sea superior a 8,5 mm.
2. Levante el brazo de la muestra, inserte la cubeta en la cámara de detección de cubetas y preste atención a la dirección de la trayectoria óptica del instrumento al insertar la cubeta.
3. El brazo de la muestra debe bajarse cuando se realice la detección de la cubeta.
4. Una vez completada la detección, retire la cubeta, vierta la muestra y limpie la cubeta.

Nota: Cuando se utiliza una cubeta para la detección, también es necesario bajar el brazo de detección. Cuando se utiliza la base para la detección, se recomienda retirar la cubeta para garantizar que el brazo de la base se pueda colocar en la posición correcta.

3. INTRODUCCIÓN A LA INTERFAZ DEL SOFTWARE

Después de encender el instrumento, espere unos 2 minutos para acceder a la interfaz de inicio de sesión del usuario. La cuenta de administrador predeterminada es «Nombre de usuario: admin Contraseña: 123456». Haga clic en «Inicio de sesión en la cuenta» para acceder a la interfaz de detección. Si se requiere el inicio de sesión de gestión de usuarios, el administrador puede configurar los permisos de inicio de sesión en la interfaz «Configuración» - «Módulo de usuario».

3.1 Interfaz ultramicro



3.1.1 Barra de menú principal (área 1):

Microescala, Fluorescencia (no se muestra en los modelos Z-6500 y Z-6500C), Ajustes.

3.1.2 Barra de tipos de detección a la izquierda (área 2):

Ácido nucleico, Proteína, OD600, Personalizado (incluye longitud de onda completa, método de curva estándar, oro coloidal, cinética).

3.1.3 Barra de elementos de detección a la derecha (área 3):

Los elementos de detección de cada tipo de detección son diferentes.

Los elementos de detección para el ácido nucleico son: ADN bicatenario, ADN monocatenario, ARN, ajustes del usuario, ADN oligonucleótido, ARN oligonucleótido, chip genético.

Los elementos de detección para proteínas son: A280, péptido, chip de proteínas, Bradford, Lowry, Pierce660.

Los elementos de detección para OD600 son: suspensión celular.

Los elementos de detección para Personalizado son: longitud de onda completa, curva estándar, oro coloidal, cinética.

3.1.4 Registros históricos (área 4)

4. FUNCIÓN DEL MÓDULO ULTRAMICRO Y DETECCIÓN DE MUESTRAS

4.1 Módulo de ácido nucleico

El espectrofotómetro nanovolumen Zuzi puede medir la concentración de muestras de ácido nucleico y evaluar la pureza de los ácidos nucleicos. Dado que los ácidos nucleicos tienen el pico de absorbancia más alto a 260 nm para la luz ultravioleta, al medir la absorbancia de las muestras de ácido nucleico a 260 nm, el software puede proporcionar directamente la concentración de las muestras de ácido nucleico mediante la fórmula de cálculo de la concentración (ley de Lambert-Beer) y, al consultar las relaciones A260/A280 y A260/A230, se puede evaluar la pureza de las muestras de ácido nucleico.

4.1.1 Requisitos de dosis de la muestra

Volumen ultramicro (recomendado): 0,3-2 μL

Volumen de la cubeta (recomendado): $\geq 1000 \mu\text{L}$

4.1.2 Rango de medición

Modo ultramicro:

ADN bicatenario: 2-40000 $\text{ng}/\mu\text{L}$

ADN simple cadena: 1,32-26400 $\text{ng}/\mu\text{L}$

ARN: 1,6-32000 $\text{ng}/\mu\text{L}$

Repetibilidad: Concentración 2-100 $\text{ng}/\mu\text{L}$: $\pm 3 \text{ ng}/\mu\text{L}$ (ADN bicatenario)

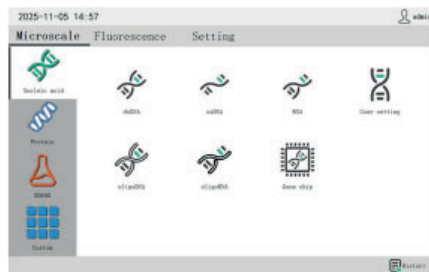
Concentración $> 100 \text{ ng}/\mu\text{L}$: $\pm 3 \%$ (ADN bicatenario)

Modo cubeta:

Paso óptico	Rango de medición (Abs)	Concentración de ADN bicatenario ($\text{ng}/\mu\text{L}$)
10 mm	0,004-1,6	0,2-80
5 mm	0,008-3,2	0,4-160
2 mm	0,02-8,0	1-400
1 mm	0,04-16	2-800

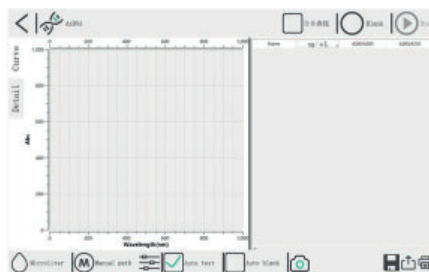
4.1.3 Configuración de medición

Después de encender el dispositivo, seleccione la cuenta de administrador predeterminada «Nombre de usuario: admin Contraseña: 123456» y haga clic en «Inicio de sesión en la cuenta» para acceder a la interfaz de detección. La configuración predeterminada es el módulo ultramicro en la interfaz de tipo de ácido nucleico, como se muestra en la siguiente figura:



4.1.3.1 Seleccione primero el elemento que se va a analizar: dsDNA, ssDNA, RNA, configuración del usuario, oligoDNA, oligoRNA, chip genético.

4.1.3.2 Seleccione dsDNA, ssDNA, RNA y acceda a la interfaz de detección. La configuración y los métodos son los mismos. Tomando como ejemplo el dsDNA, como se muestra en la siguiente imagen:



Haga clic en este botón para cambiar entre los modos ultramicro y cubeta.



Haga clic en este botón para cambiar entre paso óptico automático y manual.



Si se selecciona paso óptico manual, elija este icono y, en el cuadro de diálogo emergente, seleccione el paso óptico requerido (0,02/0,03/0,1/0,2/1,0 mm).



Seleccione esta opción (marque la casilla) para habilitar la función de detección automática, es decir, cierre el brazo de detección para habilitar la detección automática; si no se selecciona (no se marca la casilla), la función de detección automática se deshabilita, es decir, cierre el brazo de detección y haga clic manualmente en el botón de detección.



Seleccione esta opción (marque la casilla) para habilitar la función de detección automática del blanco, es decir, cierre el brazo de detección para detectar automáticamente el blanco; si no se selecciona (no se marca la casilla), la función de detección automática del blanco se deshabilita, es decir, cierre el brazo de detección y haga clic manualmente en el botón del blanco.



Haga clic en este botón para abrir la cámara.



Haga clic en este botón para guardar el programa actual. Para más información, consulte el apartado "Almacenamiento de datos".



Exportar archivos a USB. Debe insertar una unidad flash USB antes de exportar.



Botón Imprimir (opcional).



Marque esta casilla y seleccione las curvas que desea fusionar para su visualización.



Este botón es el botón de detección del blanco. Antes de medir la muestra, es necesario medir primero el blanco y, a continuación, medir la muestra.



Este botón es el botón de detección de muestras.



Volver a la interfaz del nivel anterior. Si se guarda manualmente, el registro se guardará con el nombre predeterminado.

Notas:

1. Haga clic en Gráfico/Informe detallado para cambiar el modo de visualización.
2. En la interfaz del registro histórico, haga doble clic en el nombre de la muestra en el área de visualización de resultados para cambiarlo.
3. En el registro del historial, el nombre de la muestra no se puede volver a cambiar.

4.1.3.3 Seleccione Configuración del usuario, introduzca el coeficiente y marque si desea habilitar la longitud de onda de referencia en el cuadro de diálogo emergente, haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección. La configuración y los pasos de funcionamiento en la interfaz de detección se refieren a la interfaz de detección de dsDNA.

4.1.3.4 Seleccione oligoADN, oligoARN para acceder a la interfaz de configuración, debe seleccionar las teclas A/T/C/G o A/U/C/G, introducir la secuencia de nucleótidos y el software calculará automáticamente el coeficiente y lo mostrará en el área de coeficientes. Después de confirmar los parámetros establecidos, haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección. Para conocer la configuración y los pasos de funcionamiento de la interfaz de detección, consulte la interfaz de detección de ADN bicatenario.

La siguiente figura muestra la interfaz de configuración para oligoADN.

4.1.3.5 Seleccione el chip genético para acceder a la interfaz de configuración. La siguiente figura muestra la interfaz de configuración del chip genético.

- Método de detección: seleccione uno de los siguientes para la detección: dsDNA, ssDNA, RNA, oligoDNA, oligoRNA o definido por el usuario.
- Coeficiente: cuando sea definido por el usuario, introduzca el coeficiente correspondiente.
- Colorante 1/Colorante 2: puede elegir uno o dos colorantes.
- Unidad de colorante: puede elegir entre pmol/uL, uM o mM.
- Longitud de onda de corrección de la pendiente del colorante (nm): puede elegir si desea habilitar la corrección de la pendiente del colorante.
- Longitud de onda de corrección del análisis (nm): El valor predeterminado es 340 nm. Puede cambiar la longitud de onda o elegir si desea habilitarla.

Después de confirmar los parámetros establecidos, haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección. Para conocer la configuración y los pasos de funcionamiento de la interfaz de detección, consulte la interfaz de detección de ADN bicatenario.

4.1.4 Pasos de detección

Una vez completada la configuración, inicie la detección en la interfaz de detección. Los pasos para el modo ultramicro son los siguientes:

1. Utilice una pipeta para aspirar el disolvente de ácido nucleico, déjelo caer sobre la base, cierre el brazo de detección y haga clic en «Blanco».
2. Utilice un pañuelo de papel para limpiar el disolvente.
3. Deposite la muestra en la base y haga clic en «Detectar» (si la «Detección automática» está activa, no es necesario hacer clic en el botón «Detectar», ya que el sistema detectará automáticamente).

4. Tras unos segundos, se mostrarán los resultados de la detección, incluidos los valores y los espectros.

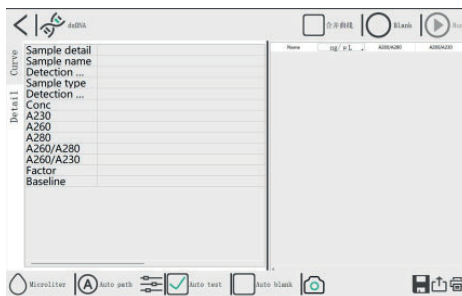
Pasos para la detección con cubeta: Consulte la sección 2.2 para la selección y el uso de cubetas.

4.1.5 Visualización de resultados

4.1.5.1 El área de visualización de resultados mostrará: nombre de la muestra, concentración (unidad), A260/A280, A260/A230.

- 260/280: la relación entre la absorbancia a 260 nm y 280 nm; este valor se utiliza para determinar la pureza del ADN y el ARN. La pureza del ADN es de aproximadamente 1,8 y la del ARN es de aproximadamente 2,0. Si esta relación es demasiado pequeña, indica la presencia de proteínas, fenol u otros contaminantes, que tienen una absorbancia significativa a 280 nm.

- 260/230: relación entre la absorbancia a 260 nm y a 230 nm, es un indicador secundario de la concentración de ácido nucleico. La relación de los ácidos nucleicos puros suele ser superior a la relación 260/280, generalmente entre 1,8 y 2,2. Si la relación es baja, indica que hay contaminantes en los ácidos nucleicos.



4.1.5.2 Si necesita ver información detallada sobre los resultados, seleccione el informe detallado en el panel izquierdo, como se muestra en la siguiente figura:

4.2 Módulo de proteínas

El espectrofotómetro nanovolumen Zuzi puede detectar la concentración de proteínas. Utilizando el pico de absorbancia más alto de la proteína a 280 nm en la luz ultravioleta, para proteínas puras, la concentración de la muestra de proteína a 280 nm puede calcularse directamente mediante el software utilizando la fórmula de cálculo de concentración (ley de Lambert-Beer), y se puede obtener la concentración de la muestra de proteína.

4.2.1 Requisitos de dosificación de la muestra

Volumen ultramicro (recomendado): 0,3-2 μ L

Volumen de la cubeta (recomendado): \geq 1000 μ L

4.2.2 Rango de medición

Modo ultramicro

1 Abs = 1 mg/mL: 0,04-800 mg/mL

BSA: 0,060-1194 mg/mL

HSA/MSA: 0,075-1509 mg/mL

IgG de ratón: 0,025-519 mg/mL

IgG humana: 0,03-584 mg/mL

IgE humana: 0,028-563 mg/mL

Lisozima: 0,02-303 mg/mL

Repetibilidad: 0,0-3 mg/ml: \pm 0,09 mg/ml (BSA)

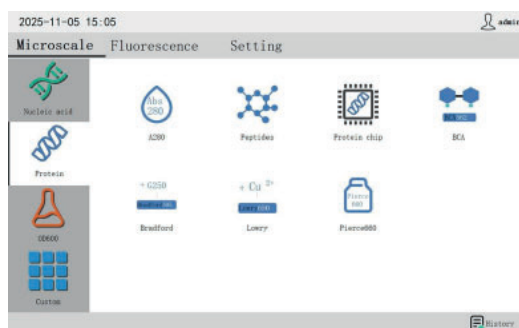
>3 mg/ml: \pm 3 % (BSA)

Modo cubeta:

Paso óptico	Rango de medición (Abs)	Concentración de proteínas (BSA) (mg/mL)
10 mm	0,004~1,6	0,006~2,38
5 mm	0,008~3,2	0,012~4,77
2 mm	0,02~8,0	0,03~11,94
1 mm	0,04~16	0,06~23,88

4.2.3 Ajustes de medición

Seleccione el tipo de proteína en la interfaz principal, tal y como se muestra en la siguiente imagen:



4.2.3.1 En primer lugar, seleccione el proyecto que se va a analizar: A280, péptido, chip de proteínas, BCA, Bradford, Lowry, Pierce660.

Notas: Se utiliza $1\text{Abs}=1\text{mg/ml}$ para medir la proteína con una absorbancia de aproximadamente 1,0 a una concentración de 1mg/mL y un paso óptico de 10 mm.

BSA, HSA, MSA, IgG de ratón, IgG humana, IgE humana y lisozima se utilizan para medir la albúmina sérica bovina pura, la albúmina sérica humana, la albúmina sérica de ratón, la inmunoglobulina G de ratón, la inmunoglobulina G humana, la inmunoglobulina E humana y la lisozima, respectivamente. BCA, Bradford, Lowry y Pierce660 son kits cuantitativos para la medición de proteínas.

4.2.3.2 Seleccione A280, entre en la interfaz de configuración:

- Si decide realizar la prueba con $1\text{Abs}=1\text{mg/ml}$, BSA, HSA, MSA, IgG de ratón, IgG humana, IgE humana, lisozima, confirme que los demás parámetros son correctos y, a continuación, haga clic en OK para acceder directamente a la interfaz de prueba.

- Si el método de prueba elegido es el coeficiente de extinción molar ϵ /peso molecular o el coeficiente de extinción de masa, se conectará directamente al submenú, introduzca el coeficiente de extinción molar ϵ y el peso molecular M, o el coeficiente de extinción de masa de la muestra. Después de hacer clic en el botón OK, entre en la interfaz de prueba. Los ajustes y los pasos de funcionamiento de la interfaz de prueba se refieren a la interfaz de prueba dsDNA.

La siguiente figura muestra la interfaz de configuración de A280.

- Métodos de prueba: 1Abs=1mg/ml, BSA, HSA, MSA, IgG de ratón, IgG humano, IgE humano, lisozima, coeficiente de extinción molar ϵ /peso molecular, coeficiente de extinción de masa.
- Longitud de onda de referencia (nm): la longitud de onda de referencia predeterminada es 340 nm y la longitud de onda de referencia está habilitada. Puede cambiar la longitud de onda de referencia si está habilitada.
- Coeficiente de extinción de masa: Seleccione 1 % o 0,1 %.

Method: 1Abs=1mg/ml

Baseline (nm): 340 Enable

Mass ext coeff (L/g-cm): 10.00 1%

OK Cancel

4.2.3.3 Seleccione péptido, entre en la interfaz de configuración. Seleccione el método de prueba (A205, A215), confirme los parámetros y, a continuación, haga clic en el botón OK para entrar directamente en la interfaz de prueba. La siguiente figura muestra la interfaz de configuración del péptido.

Method: A205

Mass ext coeff (L/g-cm): 31.00 Default value

Baseline (nm): 340 Enable

OK Cancel

4.2.3.4 Seleccione chip de proteínas y acceda a la interfaz de configuración. La siguiente figura muestra la interfaz de configuración del chip de proteínas.

- Métodos de prueba: 1Abs=1mg/ml, BSA, HSA, MSA, IgG de ratón, IgG humano, IgE humano, lisozima, coeficiente de extinción molar ϵ /peso molecular, coeficiente de extinción de masa.

Method: 1Abs=1mg/ml

Mass ext coeff (L/g-cm): 10.00

Dye1: Cy3

Dye2:

Sloping correction (nm): Enable

Analysis correction (nm): 340 Enable

OK Cancel

Si el método de detección seleccionado es el coeficiente de extinción molar ϵ /peso molecular M o el coeficiente de extinción de masa, se enlazará directamente con el submenú, y será necesario introducir el coeficiente de extinción molar ϵ y el peso molecular M, o el coeficiente de extinción de masa relacionado con la muestra. Otros métodos de detección (1Abs=1mg/ml, BSA, IgG, lisozima, etc.) tienen coeficientes de extinción de masa predeterminados y no requieren introducción.

- Coeficiente de extinción de masa: introduzca o muestre el coeficiente de extinción de masa del 1 %.
- Colorante 1/Colorante 2: puede seleccionar uno o dos colorantes.
- Unidades de colorante: puede elegir entre pmol/uL, uM, mM.
- Longitud de onda de corrección de la pendiente del colorante (nm): puede elegir si desea habilitarla.
- Corrección de la longitud de onda de análisis (nm): el valor predeterminado es 340 nm, puede cambiar la longitud de onda o elegir si desea habilitarla.

Después de confirmar los parámetros establecidos, haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección. Consulte la interfaz de detección de ADN bicatenario para conocer la configuración y los pasos de funcionamiento de la interfaz de detección.

4.2.3.5 BCA, Bradford, Lowry y Pierce660 son cuatro métodos de kits de proteínas, adecuados respectivamente para el método BCA, el método Bradford, el método Lowry y el método Pierce660 para determinar la concentración de proteínas. Cuando el usuario selecciona uno de estos métodos, el instrumento establece de forma predeterminada una longitud de onda fija: método BCA a 562 nm, método Bradford a 595 nm, método Lowry a 650 nm y método Pierce660 a 660 nm. Se debe realizar una curva estándar antes de la medición de la muestra. Sus métodos de configuración son los mismos, y a continuación se utiliza como ejemplo la interfaz de configuración de BCA.

The image shows a configuration dialog box for the BCA method. It contains the following fields and controls:

- Curve name:** A dropdown menu set to "Linear".
- Baseline (nm):** A text input field containing "750" and a checked checkbox labeled "启用" (Enable).
- Test wavelength (nm):** A text input field containing "562".
- Standard units:** A dropdown menu set to "ng/μL".
- Buttons:** "OK" and "Cancel" buttons at the bottom.

- Tipo de curva: lineal, interpolación, polinomio cuadrático, polinomio cúbico.
- Longitud de onda de referencia (nm): la que se muestra es la longitud de onda de referencia predeterminada y la longitud de onda de referencia está habilitada. También puede cambiar la longitud de onda de referencia y elegir si habilitarla; se recomienda utilizar la longitud de onda de referencia predeterminada y habilitarla.
- Longitud de onda de detección (nm): La longitud de onda mostrada es la longitud de onda de detección, que no se puede modificar.
- Unidad de solución estándar: puede elegir ng/μL, μg/μL, μg/mL, mg/mL, ng/mL.

4.2.4 Pasos de detección

El funcionamiento del módulo A280 y péptidos se denomina pasos de detección de ácidos nucleicos (consulte 4.1.4).

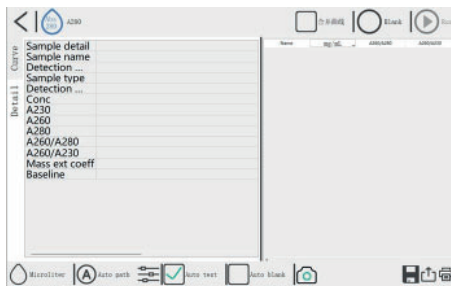
El funcionamiento del módulo de chip de proteínas se denomina pasos de detección del chip genético (consulte 4.1.3.5).

El método de creación de una nueva curva estándar o de selección de una curva conocida en el kit (BCA, Bradford, Lowry, Pierce660) se denomina método de la curva estándar (consulte 4.4.3).

4.2.5 Visualización de resultados

4.2.5.1 El área de visualización de resultados mostrará: nombre de la muestra, concentración (unidad), A260/A280, A260/A230.

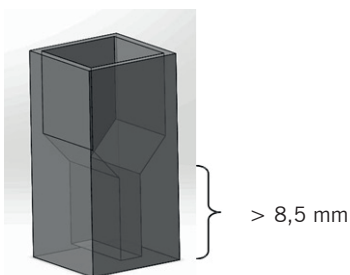
4.1.5.2 Si necesita ver la información detallada de los resultados, seleccione Informe detallado en el panel izquierdo, como se muestra en la siguiente figura del detalle de la muestra A280.



4.3 Módulo OD600 (solo modelo Z-6500C)

OD600 se utiliza para medir el caldo celular, es decir, se usa un espectrofotómetro para detectar la dispersión de la luz de la suspensión celular (solo se utiliza en modo cubeta).

4.3.1 Requisitos de dosis de la muestra



Debido a la altura del haz, la altura de la muestra añadida a la cubeta debe ser superior a 8,5 mm. Consulte las recomendaciones del fabricante de la cubeta para determinar el volumen de muestra necesario.

Paso óptico	Rango de medición (absorbancia)	Volumen de muestra (cubeta constante)
10 mm	0,004~1,6	más de 1000 μ l
5 mm	1,6~3,2	más de 500 μ l
2 mm	3,2~8,0	más de 200 μ l
1 mm	8,0~16	más de 100 μ l

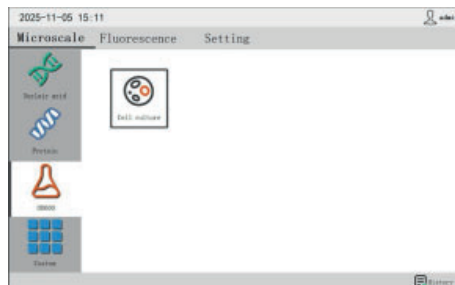
4.3.2 Rango de medición

Rango de absorbancia del cultivo celular: 0 Abs ~ 1,6 Abs

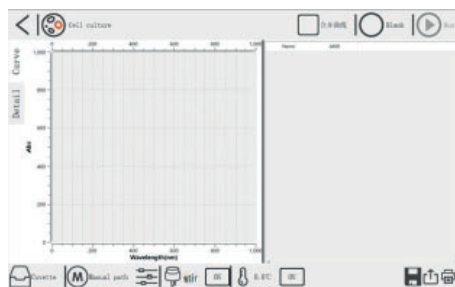
Repetibilidad: 0 Abs ~ 1,6 Abs: $\pm 0,1$

4.3.3 Ajustes de medición

Seleccione el tipo OD600 en la interfaz principal, como se muestra en la siguiente figura:



Haga clic en cultivo celular para acceder a la interfaz de detección.



Puede acceder a la configuración del cultivo celular. La configuración de la calibración de la absorbancia, otros ajustes de la longitud de onda de detección, los ajustes del coeficiente de conversión del recuento celular, los ajustes de la longitud de onda de referencia y si se debe iniciar o no, etc., se pueden configurar según las necesidades del usuario.



Haga clic en el icono para acceder a la interfaz de configuración, establezca la intensidad y el tiempo de agitación; haga clic en el botón de encendido/apagado para activar/desactivar la agitación (opcional).

4.3.4 Pasos de medición

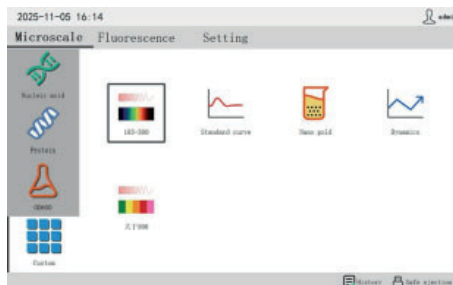
1. Utilice un tampón adecuado como control del blanco. Normalmente, se utiliza agua pura como control del blanco. Inserte la cubeta según el paso óptico marcado en el instrumento y cierre la tapa. Haga clic en «Blanco».
2. Retire el control en blanco, coloque la cubeta que contiene la muestra de prueba en una habitación oscura, cierre la tapa y haga clic en «Detectar».
3. Los resultados de la detección, los valores y los espectros se mostrarán unos segundos más tarde.
4. Una vez completada la detección, retire la cubeta, vacíe la muestra y limpie la cubeta.

4.4 Personalización

El módulo «Personalizado» contiene cuatro elementos de detección: longitud de onda completa, curva estándar, oro coloidal y cinética. Los usuarios pueden seleccionar el elemento de detección correspondiente para la detección según sus necesidades. Los ajustes y métodos de detección son los descritos en el documento anterior.

4.4.1 Elementos de detección

Seleccione «Personalizado» en la interfaz principal, como se muestra en la siguiente figura:



4.4.2 Longitud de onda completa

La detección de longitud de onda completa incluye dos módulos: «185-500» y «mayor que 500». Módulo «185-500»: rango de longitud de onda de detección de 185 a 500 nm, utilice este módulo. Módulo «mayor de 500»: rango de longitud de onda de detección mayor de 500 nm, utilice este módulo.

4.4.2.1 Seleccione «185-500» y acceda a la interfaz de configuración.

Los usuarios pueden configurar la longitud de onda de detección principal, la longitud de onda de referencia y si se desea habilitar la longitud de onda de referencia, así como otras 8 longitudes de onda de detección. Haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección.

Primary wavelength	450			
Baseline (nm)	750			<input checked="" type="checkbox"/> Enable
Other wavelengths λ	0	0	0	0
	0	0	0	0

OK Cancel

4.4.2.2 Seleccione «mayor que 500» para acceder a la interfaz de configuración.

Los usuarios pueden configurar la longitud de onda de detección principal, la longitud de onda de referencia y si desean habilitar la longitud de onda de referencia, así como otras 8 longitudes de onda de detección. Haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección. La longitud de onda de detección y la longitud de onda de referencia introducidas deben ser superiores a 500 nm.

- Seleccione el modo de placa ultramicro volumen/colorimétrica, paso óptico automático/paso óptico manual.
- Introduzca la concentración de la muestra en la lista «Concentración».
- Detección de absorbancia: cada concentración puede tener hasta 5 muestras paralelas, y los datos con desviaciones se pueden eliminar haciendo clic en los datos correspondientes y seleccionando «Eliminar».
- Una vez completada la detección, introduzca el «Nombre de la curva», haga clic en «Ajustar» y la curva estándar se creará correctamente.

4.4.3.3 Pasos de detección

Seleccione «Nombre de la curva» para acceder a la interfaz de detección y siga los pasos operativos posteriores de la detección de volumen ultramicro (consulte 4.1.4).

4.4.3.4 Resultados de la detección

El área de resultados mostrará: nombre de la muestra, concentración, absorbancia en la longitud de onda correspondiente y estado (dentro o fuera).

Nota: «dentro» indica que está dentro del rango de la curva; «fuera» indica que no está dentro del rango de la curva.

El informe detallado mostrará: detalles de la muestra, nombre de la muestra, tiempo de detección, tipo de muestra, plataforma de detección, concentración y absorbancia de la longitud de onda correspondiente, nombre de la curva estándar, fórmula de la curva estándar, longitud de onda de referencia y estado.

4.4.4 Nanopartículas de oro

4.4.4.1 Seleccione nanopartículas de oro y acceda a la interfaz de configuración. Si la detección automática de picos está desactivada, la longitud de onda de detección predeterminada es 525 nm (se puede cambiar); si la detección automática de picos está activada, el software detectará automáticamente el pico entre 500 y 550 nm y lo mostrará.

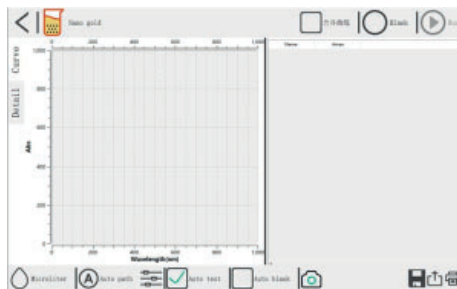
Los usuarios pueden configurar si desean habilitar la detección automática de picos, la longitud de onda de detección principal (cuando la detección automática de picos está desactivada), hasta otras 2 longitudes de onda de detección, la longitud de onda de referencia, si desean habilitar la longitud de onda de referencia y otras longitudes de onda de detección.

The screenshot shows a configuration dialog box with the following elements:

- Automatic peak determination:** A dropdown menu currently set to "Open".
- Baseline (nm):** A text input field containing "750" and a checked checkbox labeled "Enable".
- Other wavelengths λ :** Two empty text input fields, each containing a "0".
- Buttons:** "OK" and "Cancel" buttons at the bottom.

4.4.4.2 Pasos de detección

Una vez completada la configuración, inicie la detección en la interfaz de detección. Consulte el módulo dsDNA para conocer el método de funcionamiento.



4.4.4.3 Resultados de la detección

El área de resultados mostrará: nombre de la muestra, A_{max}/λ (longitud de onda establecida) y absorbancia en otras longitudes de onda.

El informe detallado mostrará: detalles de la muestra, nombre de la muestra, tiempo de detección, tipo de muestra, plataforma de detección, A_{max}/λ (longitud de onda establecida), pico máximo correspondiente, longitud de onda de referencia y su absorbancia.

4.4.5 Cinética (solo modelo Z-6500C)

4.4.5.1 Seleccione cinética e ingrese a la interfaz de configuración. La detección cinética solo es aplicable al modo de placa colorimétrica.

Los usuarios pueden configurar la longitud de onda de detección principal, otras 2 longitudes de onda de detección, la longitud de onda de referencia, si se habilita, el número de etapas (1-5), la unidad de tiempo (segundos, minutos), el retraso por etapa, el intervalo de tiempo, el número de detecciones y la duración calculada automáticamente. Haga clic en OK para acceder a la interfaz de detección.

Primary wavelength

Other wavelength λ

Baseline (nm) Enable

Stage number

Time unit

	Delay	Time interval	#intervals	Duration
stage1	0	5	5	20
stage2	0	0	0	0
stage3	0	0	0	0
stage4	0	0	0	0
stage5	0	0	0	0

4.4.5.2 Pasos de detección

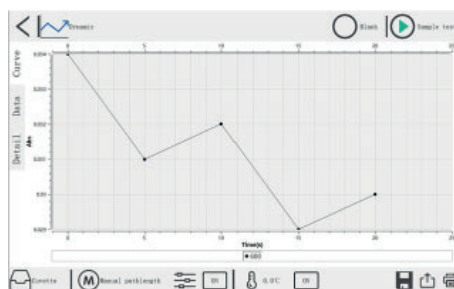
Una vez completada la configuración, inicie la detección en la interfaz de detección. Durante el proceso de detección, puede elegir entre pausar o detener.

Pasos de detección con cubeta: Consulte la sección 2.2 para la selección y el uso de cubetas.

4.4.5.3 Resultados de la detección

Curva: muestra el espectro cinético de hasta tres longitudes de onda.

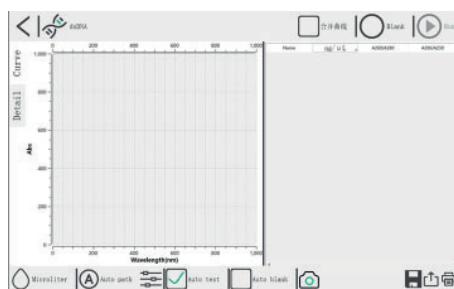
Datos: muestra el nombre de la muestra, la etapa, el tiempo de detección y la absorbancia correspondiente a la longitud de onda en forma de lista. Informe detallado: detalles de la muestra, nombre de la muestra, tiempo de detección, tipo de muestra, plataforma de detección, paso óptico de la cubeta, número de etapa actual, tiempo de detección, absorbancia correspondiente a la longitud de onda, longitud de onda de referencia y absorbancia de la longitud de onda de referencia.



Nota: Cuando el número de etapas es ≥ 2 , si el tiempo de retraso por etapa es 0, los primeros datos de cada etapa sobrescribirán los últimos datos de la etapa anterior.

5. ALMACENAMIENTO DE DATOS

5.1 Guardar, exportar e imprimir




5.1.1 Guardar

1) En la interfaz de detección, haga clic en  y aparecerá una interfaz de guardado.


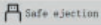
Haga doble clic en el cuadro de diálogo para que aparezca el teclado. El formato predeterminado para el nombre del experimento es modo de detección-tipo de detección-módulo de detección-hora-número, y el nombre del experimento no se puede duplicar; los identificadores se pueden utilizar en notas y búsquedas.

Nota: Después de hacer clic en «Guardar» y confirmar, se generará un registro histórico. Si vuelve a hacer clic en «Guardar» la interfaz seguirá siendo la predeterminada, no la denominación anterior. Al confirmar de nuevo, se generará otro registro del historial.

2) Si no hace clic en el botón «Guardar» y hace clic directamente en , el programa se guardará automáticamente con el nombre predeterminado.


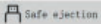
5.1.2 Exportar

1) La exportación en la interfaz de detección solo se puede realizar para una sola muestra y se utiliza principalmente para exportar los datos e imágenes originales de una sola muestra.

- Exportar a USB: Inserte una unidad flash USB con antelación, seleccione los resultados de detección de la muestra requerida en la interfaz de detección, haga clic en  y aparecerá una página de exportación. Los usuarios pueden elegir exportar «Detalles del experimento/Datos originales/Imágenes», y seleccionar «USB» como ubicación de exportación. Después de confirmar, la interfaz mostrará el mensaje «Operación completada». Vuelva a la interfaz principal, haga clic en  y aparecerá un mensaje indicando que la operación se ha realizado correctamente. A continuación, puede retirar la unidad flash USB.

- Exportar a local: esto significa exportar a la memoria del instrumento, que se puede utilizar para transferir archivos dentro de la red de área local.



2) Interfaz de registro histórico: permite exportar los resultados de uno o más grupos de experimentos. Adecuado para la exportación por lotes de detalles de experimentos y datos originales, no adecuado para la exportación por lotes de imágenes.


- Exportar a USB: inserte una unidad flash USB con antelación, seleccione uno o más grupos de experimentos para exportar en el área de la lista de la izquierda, haga clic en el icono  en la interfaz y seleccione «Detalles del experimento/Datos originales» para exportar. Seleccione «USB» como ubicación de exportación, confirme y la interfaz mostrará «Operación completada». Vuelva a la interfaz principal, haga clic en  y aparecerá un mensaje indicando que la operación se ha realizado correctamente. A continuación, puede retirar la unidad flash USB.

- Exportar a local: esto significa exportar a la memoria del instrumento, que se puede utilizar para transferir archivos dentro de la red de área local.




5.1.3 Imprimir (opcional)

1) En la interfaz de detección, solo se pueden imprimir los resultados de una sola muestra. Primero, haga clic en el botón  para guardar el grupo de experimentos, luego seleccione la muestra que desea imprimir, haga clic en  y, una vez completada la impresión, la interfaz mostrará el mensaje «Operación completada».

2) En la interfaz de registro del historial, la impresión muestra los resultados de todo el grupo de experimentos. Seleccione el el grupo de experimentos desde el área de la lista de la izquierda, haga clic en el icono . La impresora comenzará a imprimir y, una vez finalizada la impresión, la interfaz mostrará el mensaje «Operación completada».

3) Papel de impresión: papel de impresión térmica con un ancho de 57 mm.

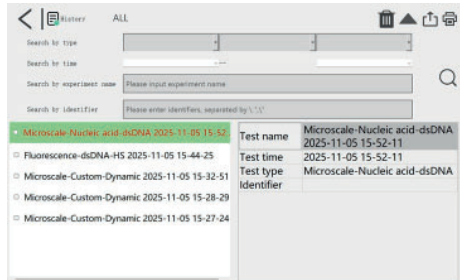
5.2 Registros históricos

Haga clic en  History en la página principal para acceder a la interfaz de historial de registros y consultar y recuperar registros históricos. La interfaz de historial de registros se divide en un cuadro de búsqueda, un área de lista y un área de detalles.

- Cuadro de búsqueda: se puede buscar por tipo de detección, hora de detección, nombre del experimento e identificador; algunos campos son opcionales.

- Área de lista: muestra los registros históricos, que se pueden seleccionar. Al hacer clic en un registro, este aparecerá en rojo, y al hacer doble clic en el nombre, se saltará al registro.

- Área de detalles: muestra los detalles de los registros en rojo del área de lista, incluyendo el nombre del experimento, la hora del experimento, el tipo de detección y el identificador. El nombre del experimento se puede cambiar de nuevo haciendo doble clic sobre él.



Volver a la interfaz anterior.



Seleccionar todos los registros del área de lista actual; haga clic de nuevo para deselectionarlos todos.



Eliminar los registros seleccionados.



Abre/cierra el cuadro de búsqueda.



Haga clic para iniciar la búsqueda.

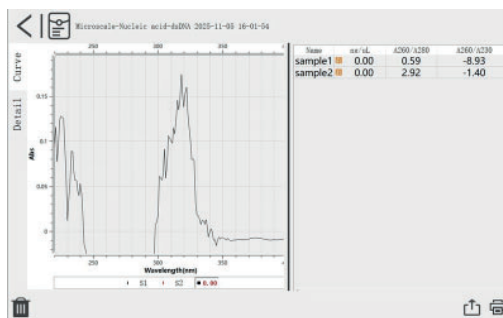


Exportar el grupo de experimentos seleccionado.



Imprimir los registros históricos seleccionados actualmente, consulte 5.1.3 (opcional).

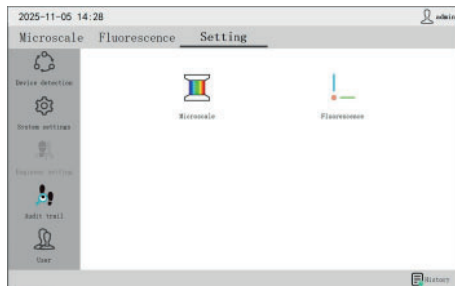
Al seleccionar un grupo de experimentos específico en el área de la lista, se saltará a los siguientes registros:



6. CONFIGURACIÓN

6.1 Detección del dispositivo

Haga clic en «Configuración» - «Detección del dispositivo» para configurar el instrumento. Este módulo es para que los ingenieros comprueben la configuración, por lo que no se deben modificar los parámetros a voluntad.



6.1.1 Ultramicro

- Haga clic en «Prueba» para ver la intensidad espectral del instrumento (utilizada habitualmente por los ingenieros para el servicio posventa).

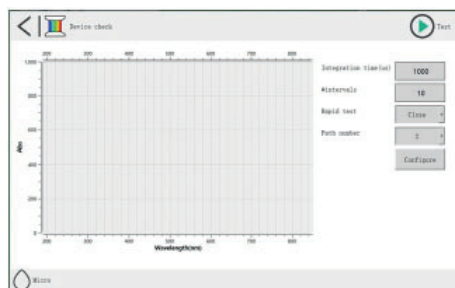
- La detección rápida ultramicro se puede activar o desactivar según sea necesario.

Desactivada: se detectarán los cinco pasos ópticos, que son 1 mm, 0,2 mm, 0,1 mm, 0,03 mm y 0,02 mm.

Activada: con la función activada, se puede seleccionar el número de pasos ópticos según sea necesario.

Seleccionar «2» significa seleccionar rutas ópticas de detección de 1 mm y 0,2 mm (predeterminado). Seleccionar «3» significa seleccionar rutas ópticas de detección de 1 mm, 0,2 mm y 0,1 mm.

- Al hacer clic en «modo ultramicro» en la parte inferior izquierda, se puede cambiar al «modo cubeta».



6.1.2 Fluorescencia (no aplicable a los modelos Z-6500 y Z-6500C)

Haga clic para detectar y ver la intensidad de la fluorescencia (se utiliza habitualmente para el uso posventa de los ingenieros).

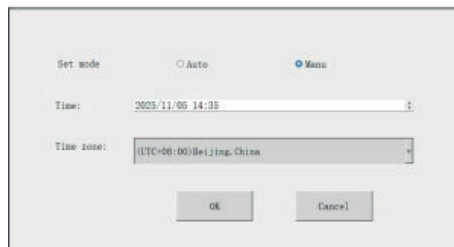
6.2 Configuración del sistema

Haga clic en «Configuración» - «Configuración del sistema» para realizar ajustes de hora, idioma, red, visualización de decimales, Bluetooth, pantalla, actualización de software y otros.



6.2.1 Hora

Haga clic en «Hora», seleccione «Manual» para configurar la hora y la zona horaria.



6.2.2 Idioma

El software está disponible en ocho idiomas: chino, inglés, francés, alemán, español, ruso, japonés y coreano. Haga clic en idioma para cambiar de idioma. El cambio se aplica después de reiniciar el dispositivo tras cambiar el idioma.

6.2.3 Actualización del software

Primero inserte la unidad flash USB (con el paquete de actualización), haga clic en el botón de actualización y aparecerá el mensaje «Actualizando...» en la interfaz. Una vez completada la actualización, aparecerá el mensaje «Actualización completada». Una vez completada la actualización, reinicie el instrumento.

6.2.4 Acerca de

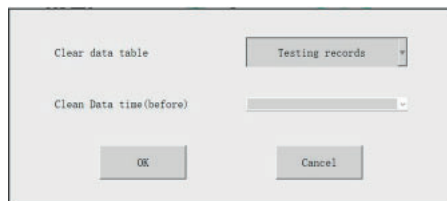
Puede obtener información sobre el número de versión del software y otros datos del instrumento haciendo clic en «Acerca de».

6.2.5 Gestión de discos

Después de utilizar el instrumento durante un tiempo y cuando la memoria esté casi llena, puede borrar la memoria y liberar espacio seleccionando la opción «Gestión de discos».

1) En primer lugar, guarde los datos experimentales con antelación y, en la interfaz, seleccione «Registros de detección» o «Tarjeta SD» en el campo «Borrar elementos de datos».

2) Seleccione el período de borrado de datos. En el calendario que aparece, seleccione la fecha que desea borrar y el instrumento eliminará los registros correspondientes anteriores a esa fecha. Nota: Guarde los datos experimentales antes de eliminar los registros.



7. APAGADO

Puede apagar directamente el interruptor de alimentación del instrumento.

8. APÉNDICE

Módulo de detección	Rango	Estado
dsDNA: alta sensibilidad	Rango básico: 1 ng/ml-500 ng/ml	en
	Rango ampliado: 0,5 ng/mL-1 ng/mL, 500 ng/mL-600 ng/mL	ampliar
dsDNA: rango amplio	Rango básico: 0,01 ug/mL-5 ug/mL	en
	Rango ampliado: 5 ug/mL-10 ug/mL	ampliar
1 × dsDNA: alta sensibilidad	Rango básico: 1 ng/mL-500 ng/mL	en
	Rango ampliado: 0,5 ng/ml-1 ng/ml, 500 ng/ml-600 ng/ml	ampliar
1 × dsDNA: rango amplio	Rango básico: 0,01 ng/uL-5 ng/uL	en
	Rango ampliado: 5 ng/uL--10 ng/uL	ampliar
ARN: alta sensibilidad	Rango básico: 25 ng/mL-500 ng/mL	en
	Rango ampliado: 20 ng/mL-25 ng/mL, 500 ng/mL-1000 ng/mL	ampliar
ARN: rango amplio	Rango básico: 0,1 ug/mL-5 ug/mL	en
	Rango ampliado: 0,05 ug/mL-0,1 ug/mL, 5 ug/mL-6 ug/mL	ampliar
ARN: rango ampliado	Rango básico: 1 ng/uL--50 ng/uL	en
	Rango ampliado: 0,5 ng/uL-1 ng/uL, 50 ng/uL-100 ng/uL	ampliar
microARN	Rango básico: 5 ng/mL-500 ng/mL	en
	Rango ampliado: 2,5 ng/mL-5 ng/mL, 500 ng/mL-750 ng/mL	ampliar
Integridad y calidad del ARN	Valor IQ: 1-10	/
Oligo: ssDNA	Rango básico: 5 ng/ml-1000 ng/ml	en
	Rango ampliado: 1 ng/mL-5 ng/mL, 1000 ng/mL-1200 ng/mL	ampliar
Proteína	Rango básico: 1,25 ug/mL-25 ug/mL	en
	Rango ampliado: 1 ug/mL-1,25 ug/mL, 25 ug/mL-26 ug/mL	ampliar
Proteína: rango amplio	Rango de detección: 0,1 mg/mL~20 mg/mL	en