

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.

INDEX DES LANGUES

Espagnol	1-28
Anglais	29-55
Français	56-82

TABLE OF CONTENTS

1. Présentation du produit.....	58
1.1 Principe de détection du module d'absorbance	58
1.2 Plage d'application de l'instrument	59
1.2.1 Acides nucléiques :	59
1.2.2 Protéine :	59
1.2.3 Balayage conventionnel à longueur d'onde complète UV/visible :	59
1.2.4 Solution cellulaire (modèle Z-6500C uniquement) :	59
1.2.5 Méthode de la courbe standard :	59
1.2.6 Or colloïdal :	59
1.2.7 Cinétique (modèle Z-6500C uniquement) :	59
1.3 Paramètres de l'instrument	60
1.3.1 Mode ultramicro	60
1.3.2 Mode cuvette (modèle Z-6500C uniquement)	60
2. Introduction aux modes de détection	60
2.1 Mode ultramicro	60
2.1.1 Fonctionnement de base de la base	61
2.2 Mode cuvette (modèle Z-6500C uniquement)	61
2.2.1 Fonctionnement de base de la cuvette.....	62
3. Présentation de l'interface du logiciel.....	62
3.1 Interface ultramicro.....	62
3.1.3 Barre des éléments de détection à droite (zone 3) :	62
3.1.4 Historique des enregistrements (zone 4)	62
3.1.1 Barre de menu principale (zone 1) :	62
3.1.2 Barre des types de détection à gauche (zone 2) :	62
4. Fonction du module ultramicro et détection des échantillons	63
4.1 Module acide nucléique.....	63
4.1.1 Exigences en matière de dosage de l'échantillon	63
4.1.2 Plage de mesure	63
4.1.3 Configuration de la mesure	64
4.1.4 Étapes de détection.....	66
4.1.5 Affichage des résultats.....	67

4.2	Module protéines	67
4.2.1	Exigences en matière de dosage de l'échantillon	67
4.2.2	Plage de mesure	67
4.2.3	Paramètres de mesure	68
4.2.4	Étapes de détection	70
4.2.5	Affichage des résultats	71
4.3	Module OD600 (modèle Z-6500C uniquement)	71
4.3.1	Exigences en matière de dose d'échantillon	71
4.3.2	Plage de mesure	72
4.3.3	Réglages de mesure	72
4.3.4	Étapes de mesure	72
4.4	Personnalisation	73
4.4.1	Éléments de détection	73
4.4.2	Longueur d'onde complète	73
4.4.3	Méthode de la courbe standard	74
4.4.4	Nanoparticules d'or	75
4.4.5	Cinétique (modèle Z-6500C uniquement)	76
5.	Stockage des données	77
5.1	Enregistrer, exporter et imprimer	77
5.1.1	Enregistrer	77
5.1.2	Exporter	78
5.1.3	Imprimer (facultatif)	78
5.2	Historique des enregistrements	79
6.	Configuration	80
6.1	Détection du dispositif	80
6.1.1	Ultramicro	80
6.1.2	Fluorescence (non applicable aux modèles Z-6500 et Z-6500C)	80
6.2	Configuration du système	80
6.2.1	Heure	81
6.2.2	Langue	81
6.2.4	À propos	81
6.2.5	Gestion des disques	81
7.	Mise hors tension	82
8.	Annexe	82

1. PRÉSENTATION DU PRODUIT

Le spectrophotomètre nanovolume Zuzi est équipé d'un écran 8 pouces, d'une interface HDMI, d'un port réseau, d'un port de type C et de deux interfaces USB. Le logiciel intégré ne nécessite aucune installation et permet de connecter une souris, un clavier, une imprimante, une clé USB, une carte réseau sans fil et d'autres périphériques USB.

L'instrument est équipé d'un module d'absorbance, adapté à la détection d'échantillons à forte concentration (tels que l'ADN double brin > 20 ng/ul). Il dispose de deux modes de détection : le mode microvolume et le mode cuvette, qui permettent de mesurer avec précision des échantillons de microvolume de 0,3 à 2 µL avec une bonne répétabilité. La détection à faible concentration est plus stable et la plage de détection à forte concentration est plus large, 200 fois supérieure à celle d'un spectrophotomètre UV-visible classique, sans nécessiter de dilution ni d'étalonnage de la ligne de base. Le mode microvolume nécessite un volume d'échantillon moindre, avec un volume de mesure minimum de 0,3 µl, et peut être utilisé pour détecter les acides nucléiques, les protéines et le balayage conventionnel à longueur d'onde complète, tandis que le mode cuvette peut être utilisé pour la détection traditionnelle avec cuvette (comme les solutions cellulaires, les échantillons de microarrays) et les modules de détection cinétique. Toutes les données sont automatiquement enregistrées pour faciliter les statistiques, et le logiciel est facile à maîtriser.

1.1 Principe de détection du module d'absorbance

Après que le spectrophotomètre ait effectué un contrôle à blanc, l'instrument enregistre automatiquement les résultats spectraux de la solution de référence à blanc et les enregistre comme valeur de référence d'intensité lumineuse pour la longueur d'onde. Lors de la détection des échantillons, l'intensité lumineuse transmise à travers l'échantillon est enregistrée. L'absorbance de l'échantillon est calculée selon la formule suivante, en comparant l'intensité lumineuse transmise à travers l'échantillon avec celle du contrôle à blanc :

$$\text{Absorbance} = - \log \left[\frac{\text{Intensity}_{\text{sample}}}{\text{Intensity}_{\text{blank}}} \right]$$

De cette manière, l'absorbance à une longueur d'onde spécifique peut être calculée à partir de l'intensité lumineuse transmise par l'échantillon et le contrôle à blanc.

La relation entre la concentration de l'échantillon et l'absorbance est déterminée par la loi de Lambert-Beer (Lambert-Beer) :

$$A = \epsilon b c$$

Où : A = Absorbance (A)

ϵ = Coefficient d'extinction molaire dépendant de la longueur d'onde (unité L/mol*cm)

b = Pas optique (unité cm)

c = Concentration de l'échantillon (unité mol/L)

La solution de référence, ou solution blanche, est généralement constituée des solvants qui dissolvent les molécules cibles, qui doivent avoir le même pH et la même force ionique que la solution échantillon.

1.2 Plage d'application de l'instrument

Le spectrophotomètre à nanovolume Zuzi peut être utilisé pour mesurer les plages suivantes :

1.2.1 Acides nucléiques :

- Concentration et pureté des échantillons d'acides nucléiques, y compris l'ADN double brin, l'ADN simple brin, l'ARN, défini par l'utilisateur, l'OligoDNA et l'OligoRNA.
- Puce génétique : capable de détecter simultanément les acides nucléiques et les concentrations de colorant fluorescent.

1.2.2 Protéine :

- Mesure A280 de la concentration de l'échantillon de protéine, y compris 1Abs=1mg/ml, BSA, HSA, MSA, IgG de souris, IgG humaine, IgE humaine, lysozyme, coefficient d'extinction molaire ϵ /poids moléculaire M, coefficient d'extinction de masse.
- Peptides : y compris A205 et A215.
- Puce protéique : capable de détecter simultanément les protéines et les colorants fluorescents.
- Méthode du kit (méthode Lowry, méthode BCA, méthode Bradford, méthode Pierce660) : le logiciel détermine la concentration en protéines de l'échantillon inconnu en traçant une courbe standard.

1.2.3 Balayage conventionnel à longueur d'onde complète UV/visible :

Il est possible d'effectuer un balayage sur toute la longueur d'onde UV/visible (190-910 nm).

1.2.4 Solution cellulaire (modèle Z-6500C uniquement) :

Mesure de la valeur d'absorbance de la solution cellulaire OD600 et détermination de la densité cellulaire.

1.2.5 Méthode de la courbe standard :

Outre la méthode couramment utilisée avec les kits, il est également possible de réaliser des courbes standard pour d'autres longueurs d'onde de détection afin de déterminer les concentrations.

1.2.6 Or colloïdal :

Détection de la valeur d'absorbance de l'or colloïdal.

1.2.7 Cinétique (modèle Z-6500C uniquement) :

Permet de détecter la tendance de variation de l'absorbance dans le temps à une longueur d'onde fixe donnée et de sélectionner simultanément plusieurs longueurs d'onde pour une analyse comparative afin d'étudier la cinétique des substances détectées.

1.3 Paramètres de l'instrument

1.3.1 Mode ultramicro

Passage optique : 1 mm, 0,2 mm, 0,1 mm, 0,03 mm, 0,02 mm

Volume requis : 0,3 à 2 μ L

Source lumineuse : lampe flash au xénon longue durée (109 flashes)

Type de détecteur : matrice linéaire CCD en silicium à 3864 éléments

Plage de longueurs d'onde pour l'analyse : 190-910 nm

Plage de longueurs d'onde de la lampe au xénon : 185-2000 nm

Précision de la longueur d'onde : ± 1 nm

Résolution de longueur d'onde : 2 nm (FWHM à Hg 254 nm)

Précision d'absorbance : 0,002 Abs

Précision d'absorbance : 1 % (0,988 Abs à 257 nm)

Plage d'absorbance : 0,04~800 Abs (équivalent à un pas optique de 10 mm)

Plage de détection de la concentration (base micro-ondes) : 2~40000 ng/ μ l (ADN double brin) ; 0,06~1194 mg/ml (BSA) ; 0,03 mg/ml-584 mg/ml (IgG) ; 0,02 mg/ml-303 mg/ml (lysozyme).

Cycle de détection : ≤ 3 secondes

Tension de fonctionnement : CC 24 V/2,5 A

Puissance maximale : 60 W

Base de l'échantillon : acier inoxydable

Dimensions : 300 mm \times 210 mm \times 130 mm

Poids : 5 kg

1.3.2 Mode cuvette (modèle Z-6500C uniquement)

Spécifications de la cuvette : passage optique de 1 mm, 2 mm, 5 mm, 10 mm

Hauteur du faisceau lumineux : 8,5 mm

Plage de détection de la concentration (cuvette de 10 mm) : 0,2 - 80 ng/ μ l (ADN double brin) ; 0,006 - 2,38 mg/ml (BSA) ; 0,003 mg/ml-1,16 mg/ml (IgG) ; 0,002 mg/ml-0,61 mg/ml (lysozyme)

Précision de l'absorbance : 1 % (absorbance de 0,988 à 257 nm)

2. INTRODUCTION AUX MODES DE DÉTECTION

2.1 Mode ultramicro

1. Blanc : utilisez une pipette pour transférer entre 0,3 et 2 μ l (quantifiés selon les conditions réelles) de solution tampon et déposez-la sur la base de détection (la base de détection est en acier inoxydable et le point central est en quartz). La tête de détection inférieure est l'extrémité réceptrice et la tête de détection supérieure est l'extrémité émettrice.

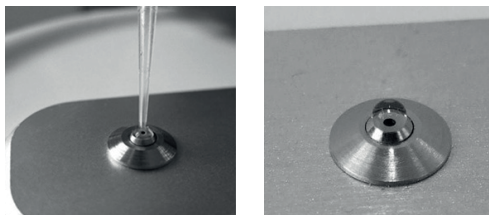
2. Mesure de l'échantillon : utilisez une pipette pour transférer entre 0,3 et 2 μ l de l'échantillon mesuré et déposez-le sur la base de détection. Pour les échantillons de protéines, un volume d'échantillon de 2,0 μ l est nécessaire pour la détection.

3. En raison de la tension incohérente des différents échantillons, afin de mieux former la colonne liquide de l'échantillon, la quantité recommandée pour la détection de l'échantillon est la suivante (les utilisateurs peuvent l'ajuster en fonction des conditions réelles) :

Solution d'acide nucléique : 2,0 μ l Solution de protéines : 2,0 μ l Autres échantillons : 2,0 μ l

2.1.1 Fonctionnement de base de la base

1. Soulevez le bras d'échantillonnage, utilisez une pipette pour aspirer entre 0,3 et 2 μl d'échantillon et déposez-le sur la base.



2. Abaissez le bras d'échantillonnage et lancez la détection de la valeur d'absorbance à l'aide du logiciel informatique. Une colonne d'échantillonnage automatique sera extraite entre les deux fibres optiques, puis la détection sera effectuée.

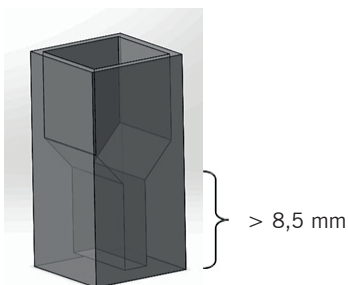
3. Une fois la détection terminée, relevez le bras d'échantillonnage et utilisez des serviettes en papier absorbantes pour nettoyer les échantillons des bases supérieure et inférieure. Ce nettoyage permet d'éviter que des résidus d'échantillon ne restent sur la base.

2.2 Mode cuvette (modèle Z-6500C uniquement)

L'instrument peut utiliser des cuvettes conventionnelles (hauteur 45 mm) ou personnalisées (27 mm) avec un passage de lumière de 10 mm. Lorsque vous utilisez des cuvettes avec un petit passage de lumière (par exemple 5 mm, 2 mm, 1 mm), il est recommandé d'utiliser des cuvettes opaques sans transparence autour. Les cuvettes opaques garantissent que toute la lumière qui traverse l'échantillon atteint le détecteur. Les cuvettes transparentes permettent à la lumière qui n'a pas traversé l'échantillon d'atteindre également le détecteur, ce qui peut entraîner une détection inexacte, en particulier dans le cas d'échantillons à faible concentration.

En raison de la hauteur du faisceau lumineux, la hauteur de l'échantillon ajouté dans la cuvette doit être supérieure à 8,5 mm. Reportez-vous aux recommandations du fabricant pour connaître le volume d'échantillon nécessaire.

Les cuvettes fournies avec l'instrument sont des cuvettes en verre classiques avec un passage optique de 10 mm et un volume d'échantillon minimum de 1000 μl .



2.2.1 Fonctionnement de base de la cuvette

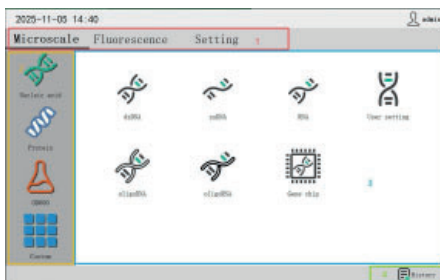
1. Ajoutez l'échantillon dans la cuvette en vous assurant que le volume d'échantillon ajouté est suffisant pour couvrir le faisceau lumineux. Il est recommandé que le niveau de liquide soit supérieur à 8,5 mm.
2. Soulevez le bras d'échantillonnage, insérez la cuvette dans la chambre de détection des cuvettes et faites attention à la direction du trajet optique de l'instrument lorsque vous insérez la cuvette.
3. Le bras de l'échantillon doit être abaissé lors de la détection de la cuvette.
4. Une fois la détection terminée, retirez la cuvette, versez l'échantillon et nettoyez la cuvette.

Remarque : lorsque vous utilisez une cuvette pour la détection, vous devez également abaisser le bras de détection. Lorsque vous utilisez la base pour la détection, il est recommandé de retirer la cuvette afin de garantir que le bras de la base puisse être placé dans la bonne position.

3. PRÉSENTATION DE L'INTERFACE DU LOGICIEL

Après avoir allumé l'instrument, attendez environ 2 minutes pour accéder à l'interface de connexion utilisateur. Le compte administrateur par défaut est « Nom d'utilisateur : admin Mot de passe : 123456 ». Cliquez sur « Connexion au compte » pour accéder à l'interface de détection. Si la connexion à la gestion des utilisateurs est requise, l'administrateur peut configurer les autorisations de connexion dans l'interface « Configuration » - « Module utilisateur ».

3.1 Interface ultramicro



3.1.1 Barre de menu principale (zone 1) :

Micro-échelle, Fluorescence (non affichée sur les modèles Z-6500 et Z-6500C), Paramètres.

3.1.2 Barre des types de détection à gauche (zone 2) :

Acide nucléique, Protéine, OD600, Personnalisé (comprend la longueur d'onde complète, la méthode de courbe standard, l'or colloïdal, la cinétique).

3.1.3 Barre des éléments de détection à droite (zone 3) :

Les éléments de détection de chaque type de détection sont différents.

Les éléments de détection pour l'acide nucléique sont : ADN double brin, ADN simple brin, ARN, réglages utilisateur, ADN oligonucléotide, ARN oligonucléotide, puce génétique.

Les éléments de détection pour les protéines sont : A280, peptide, puce à protéines, Bradford, Lowry, Pierce660.

Les éléments de détection pour l'OD600 sont : suspension cellulaire.

Les éléments de détection pour Personnalisé sont : longueur d'onde complète, courbe standard, or colloïdal, cinétique.

3.1.4 Historique des enregistrements (zone 4)

4. FONCTION DU MODULE ULTRAMICRO ET DÉTECTION DES ÉCHANTILLONS

4.1 Module acide nucléique

Le spectrophotomètre nanovolume Zuzi peut mesurer la concentration des échantillons d'acide nucléique et évaluer la pureté des acides nucléiques. Étant donné que les acides nucléiques ont leur pic d'absorbance le plus élevé à 260 nm pour la lumière ultraviolette, en mesurant l'absorbance des échantillons d'acide nucléique à 260 nm, le logiciel peut fournir directement la concentration des échantillons d'acide nucléique à l'aide de la formule de calcul de la concentration (loi de Lambert-Beer) et, en consultant les rapports A260/A280 et A260/A230, il est possible d'évaluer la pureté des échantillons d'acide nucléique.

4.1.1 Exigences en matière de dosage de l'échantillon

Volume ultramicro (recommandé) : 0,3-2 μL

Volume de la cuvette (recommandé) : $\geq 1000 \mu\text{L}$

4.1.2 Plage de mesure

Mode ultramicro :

ADN double brin : 2 à 40 000 $\text{ng}/\mu\text{L}$

ADN simple brin : 1,32 à 26 400 $\text{ng}/\mu\text{L}$

ARN : 1,6 à 32 000 $\text{ng}/\mu\text{L}$

Répetabilité : Concentration 2-100 $\text{ng}/\mu\text{L}$: $\pm 3 \text{ ng}/\mu\text{L}$ (ADN double brin)

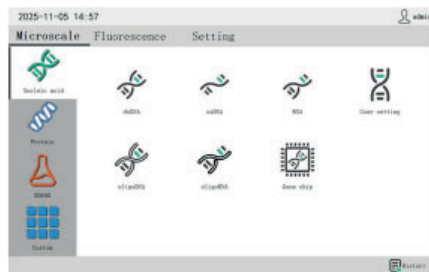
Concentration $> 100 \text{ ng}/\mu\text{L}$: $\pm 3 \%$ (ADN double brin)

Mode cuvette :

Pas optique	Plage de mesure (Abs)	Concentration d'ADN double brin ($\text{ng}/\mu\text{L}$)
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

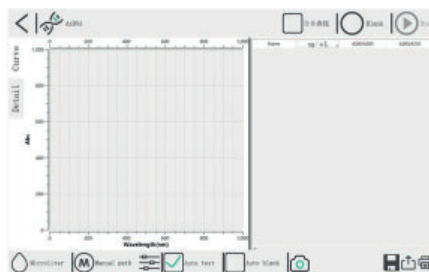
4.1.3 Configuration de la mesure

Après avoir allumé l'appareil, sélectionnez le compte administrateur par défaut « Nom d'utilisateur : admin Mot de passe : 123456 » et cliquez sur « Connexion au compte » pour accéder à l'interface de détection. Le module ultramicro est le paramètre par défaut dans l'interface de type d'acide nucléique, comme illustré dans la figure suivante :



4.1.3.1 Sélectionnez d'abord l'élément à analyser : dsDNA, ssDNA, RNA, configuration utilisateur, oligoDNA, oligoRNA, puce génétique.

4.1.3.2 Sélectionnez dsDNA, ssDNA, RNA et accédez à l'interface de détection. La configuration et les méthodes sont les mêmes. Prenons l'exemple du dsDNA, comme illustré dans l'image suivante :



cliquez sur ce bouton pour passer du mode ultramicro au mode cuvette.



cliquez sur ce bouton pour passer du mode optique automatique au mode optique manuel.



Si le passage optique manuel est sélectionné, choisissez cette icône et, dans la boîte de dialogue qui s'affiche, sélectionnez le passage optique requis (0,02/0,03/0,1/0,2/1,0 mm).



Sélectionnez cette option (cochez la case) pour activer la fonction de détection automatique, c'est-à-dire fermer le bras de détection pour activer la détection automatique ; si elle n'est pas sélectionnée (la case n'est pas cochée), la fonction de détection automatique est désactivée, c'est-à-dire fermez le bras de détection et cliquez manuellement sur le bouton de détection.



Sélectionnez cette option (cochez la case) pour activer la fonction de détection automatique de la cible, c'est-à-dire fermez le bras de détection pour détecter automatiquement la cible ; si elle n'est pas sélectionnée (la case n'est pas cochée), la fonction de détection automatique de la cible est désactivée, c'est-à-dire fermez le bras de détection et cliquez manuellement sur le bouton de la cible.



Cliquez sur ce bouton pour ouvrir la caméra.



Cliquez sur ce bouton pour enregistrer le programme actuel. Pour plus d'informations, consultez la section « Stockage des données ».



Exporter des fichiers vers une clé USB. Vous devez insérer une clé USB avant d'exporter.



Bouton Imprimer (facultatif).



合并曲线

Cochez cette case et sélectionnez les courbes que vous souhaitez fusionner pour les afficher.



Blank

Ce bouton est le bouton de détection de la cible. Avant de mesurer l'échantillon, il est nécessaire de mesurer d'abord la cible, puis de mesurer l'échantillon.



Run

Ce bouton est le bouton de détection des échantillons.



Retour à l'interface du niveau précédent. Si vous enregistrez manuellement, l'enregistrement sera sauvegardé sous le nom par défaut.

Remarques :

1. Cliquez sur Graphique/Rapport détaillé pour changer le mode d'affichage.
2. Dans l'interface de l'historique, double-cliquez sur le nom de l'échantillon dans la zone d'affichage des résultats pour le modifier.
3. Dans l'enregistrement historique, le nom de l'échantillon ne peut pas être modifié à nouveau.

4.1.3.3 Sélectionnez Configuration utilisateur, entrez le coefficient et cochez si vous souhaitez activer la longueur d'onde de référence dans la boîte de dialogue contextuelle, puis cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection. La configuration et les étapes de fonctionnement dans l'interface de détection se réfèrent à l'interface de détection de l'ADN double brin.

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

- Factor settings (ng-cm/μL):** A text input field containing the value "50.00".
- Baseline (nm):** A text input field containing the value "340", followed by a checked checkbox labeled "Enable".
- Buttons:** "OK" and "Cancel" buttons at the bottom.

4.1.3.4 Sélectionnez oligoADN, oligoARN pour accéder à l'interface de configuration, vous devez sélectionner les touches A/T/C/G ou A/U/C/G, saisir la séquence de nucléotides et le logiciel calculera automatiquement le coefficient et l'affichera dans la zone des coefficients. Après avoir confirmé les paramètres définis, cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection. Pour connaître la configuration et les étapes de fonctionnement de l'interface de détection, consultez l'interface de détection de l'ADN double brin.

La figure suivante montre l'interface de configuration pour oligoADN.

4.1.3.5 Sélectionnez la puce génétique pour accéder à l'interface de configuration. La figure suivante montre l'interface de configuration de la puce génétique.

- Méthode de détection : sélectionnez l'une des options suivantes pour la détection : ADN double brin, ADN simple brin, ARN, oligoADN, oligoARN ou défini par l'utilisateur.
- Coefficient : lorsqu'il est défini par l'utilisateur, entrez le coefficient correspondant.
- Colorant 1/Colorant 2 : vous pouvez choisir un ou deux colorants.
- Unité de colorant : vous pouvez choisir entre pmol/uL, uM ou mM.
- Longueur d'onde de correction de la pente du colorant (nm) : vous pouvez choisir d'activer ou non la correction de la pente du colorant.
- Longueur d'onde de correction de l'analyse (nm) : la valeur par défaut est 340 nm. Vous pouvez modifier la longueur d'onde ou choisir d'activer ou non cette option.

Après avoir confirmé les paramètres définis, cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection. Pour connaître la configuration et les étapes de fonctionnement de l'interface de détection, consultez l'interface de détection d'ADN double brin.

4.1.4 Étapes de détection

Une fois la configuration terminée, lancez la détection dans l'interface de détection. Les étapes pour le mode ultramicro sont les suivantes :

1. Utilisez une pipette pour aspirer le solvant d'acide nucléique, déposez-le sur la base, fermez le bras de détection et cliquez sur « Blanc ».
2. Utilisez un mouchoir en papier pour essuyer le solvant.
3. Déposez l'échantillon sur la base et cliquez sur « Détecter » (si la « Détection automatique » est activée, il n'est pas nécessaire de cliquer sur le bouton « Détecter », car le système détectera automatiquement).

4. Après quelques secondes, les résultats de la détection s'affichent, y compris les valeurs et les spectres.

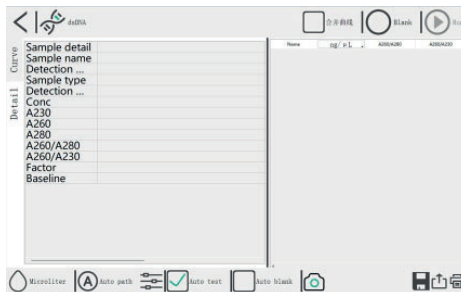
Étapes pour la détection avec cuvette : Reportez-vous à la section 2.2 pour la sélection et l'utilisation des cuvettes.

4.1.5 Affichage des résultats

4.1.5.1 La zone d'affichage des résultats indiquera : le nom de l'échantillon, la concentration (unité), A260/A280, A260/A230.

- 260/280 : rapport entre l'absorbance à 260 nm et 280 nm ; cette valeur est utilisée pour déterminer la pureté de l'ADN et de l'ARN. La pureté de l'ADN est d'environ 1,8 et celle de l'ARN d'environ 2,0. Si ce rapport est trop faible, cela indique la présence de protéines, de phénol ou d'autres contaminants, qui ont une absorbance significative à 280 nm.

- 260/230 : rapport entre l'absorbance à 260 nm et à 230 nm, c'est un indicateur secondaire de la concentration en acide nucléique. Le rapport des acides nucléiques purs est généralement supérieur au rapport 260/280, généralement compris entre 1,8 et 2,2. Si le rapport est faible, cela indique la présence de contaminants dans les acides nucléiques.



4.1.5.2 Si vous avez besoin de consulter des informations détaillées sur les résultats, sélectionnez le rapport détaillé dans le panneau de gauche, comme indiqué dans la figure suivante :

4.2 Module protéines

Le spectrophotomètre à nanovolume Zuzi peut détecter la concentration en protéines. En utilisant le pic d'absorbance le plus élevé de la protéine à 280 nm dans la lumière ultraviolette, pour les protéines pures, la concentration de l'échantillon de protéine à 280 nm peut être calculée directement à l'aide du logiciel en utilisant la formule de calcul de la concentration (loi de Lambert-Beer), et la concentration de l'échantillon de protéine peut être obtenue.

4.2.1 Exigences en matière de dosage de l'échantillon

Volume ultramicro (recommandé) : 0,3-2 μ L

Volume de la cuvette (recommandé) : $\geq 1000 \mu$ L

4.2.2 Plage de mesure

Mode 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 souris : 0,025 à 519 mg/mL

IgG humaine : 0,03 à 584 mg/mL

IgE humaine : 0,028 à 563 mg/mL

Lysozyme : 0,02 à 303 mg/mL

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

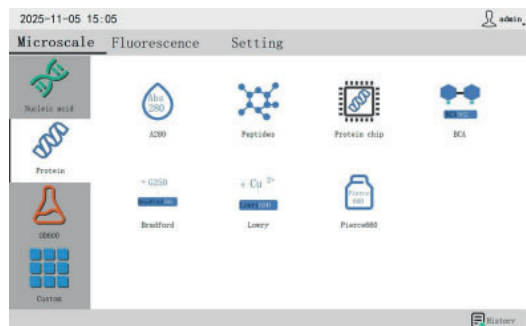
>3 mg/ml : ± 3 % (BSA)

Mode cuvette

Passage optique	Plage de mesure (Abs)	Concentration en protéines (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 Paramètres de mesure

Sélectionnez le type de protéine dans l'interface principale, comme indiqué dans l'image suivante :



4.2.3.1 Commencez par sélectionner le projet à analyser : A280, peptide, puce à protéines, BCA, Bradford, Lowry, Pierce660.

Remarques : 1Abs=1mg/ml est utilisé pour mesurer la protéine avec une absorbance d'environ 1,0 à une concentration de 1mg/mL et un pas optique de 10 mm.

BSA, HSA, MSA, IgG de souris, IgG humaine, IgE humaine et lysozyme sont utilisés pour mesurer respectivement l'albumine sérique bovine pure, l'albumine sérique humaine, l'albumine sérique de souris, l'immunoglobuline G de souris, l'immunoglobuline G humaine, l'immunoglobuline E humaine et le lysozyme.

BCA, Bradford, Lowry et Pierce660 sont des kits quantitatifs pour la mesure des protéines.

4.2.3.2 Sélectionnez A280, accédez à l'interface de configuration :

- Si vous décidez d'effectuer le test avec 1Abs=1mg/ml, BSA, HSA, MSA, IgG de souris, IgG humaine, IgE humaine, lysozyme, confirmez que les autres paramètres sont corrects, puis cliquez sur OK pour accéder directement à l'interface de test.

- Si la méthode de test choisie est le coefficient d'extinction molaire ϵ /poids moléculaire ou le coefficient d'extinction de masse, vous serez directement connecté au sous-menu. Entrez le coefficient d'extinction molaire ϵ et le poids moléculaire M, ou le coefficient d'extinction de masse de l'échantillon. Après avoir cliqué sur le bouton OK, accédez à l'interface de test. Les réglages et les étapes de fonctionnement de l'interface de test se réfèrent à l'interface de test dsDNA.

La figure suivante montre l'interface de configuration de l'A280.

- Méthodes de test : 1Abs=1mg/ml, BSA, HSA, MSA, IgG de souris, IgG humaine, IgE humaine, lysozyme, coefficient d'extinction molaire ϵ /poids moléculaire, coefficient d'extinction massique.
- Longueur d'onde de référence (nm) : la longueur d'onde de référence prédéfinie est de 340 nm et la longueur d'onde de référence est activée. Vous pouvez modifier la longueur d'onde de référence si elle est activée.
- Coefficient d'extinction de masse : sélectionnez 1 % ou 0,1 %.

4.2.3.3 Sélectionnez « Peptide », puis accédez à l'interface de configuration. Sélectionnez la méthode de test (A205, A215), confirmez les paramètres, puis cliquez sur le bouton OK pour accéder directement à l'interface de test. La figure suivante montre l'interface de configuration du peptide.

4.2.3.4 Sélectionnez la puce à protéines et accédez à l'interface de configuration. La figure suivante montre l'interface de configuration de la puce à protéines.

- Méthodes de test : 1Abs=1mg/ml, BSA, HSA, MSA, IgG de souris, IgG humaine, IgE humaine, lysozyme, coefficient d'extinction molaire ϵ /poids moléculaire, coefficient d'extinction de masse.

Si la méthode de détection sélectionnée est le coefficient d'extinction molaire ϵ /poids moléculaire M ou le coefficient d'extinction de masse, vous serez directement redirigé vers le sous-menu et devrez saisir le coefficient d'extinction molaire ϵ et le poids moléculaire M, ou le coefficient d'extinction de masse associé à l'échantillon. D'autres méthodes de détection (1Abs=1mg/ml, BSA, IgG, lysosymase, etc.) ont des coefficients d'extinction de masse prédéterminés et ne nécessitent aucune saisie.

- Coefficient d'extinction massique : entrez ou affichez le coefficient d'extinction massique de 1 %.
- Colorant 1/Colorant 2 : vous pouvez sélectionner un ou deux colorants.
- Unités de colorant : vous pouvez choisir entre pmol/uL, uM, mM.
- Longueur d'onde de correction de la pente du colorant (nm) : vous pouvez choisir de l'activer ou non.
- Correction de la longueur d'onde d'analyse (nm) : la valeur par défaut est 340 nm, vous pouvez modifier la longueur d'onde ou choisir de l'activer.

Après avoir confirmé les paramètres définis, cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection. Reportez-vous à l'interface de détection de l'ADN double brin pour connaître la configuration et les étapes de fonctionnement de l'interface de détection.

4.2.3.5 BCA, Bradford, Lowry et Pierce660 sont quatre méthodes de kits protéiques, adaptées respectivement à la méthode BCA, la méthode Bradford, la méthode Lowry et la méthode Pierce660 pour déterminer la concentration en protéines. Lorsque l'utilisateur sélectionne l'une de ces méthodes, l'instrument définit par défaut une longueur d'onde fixe : méthode BCA à 562 nm, méthode Bradford à 595 nm, méthode Lowry à 650 nm et méthode Pierce660 à 660 nm. Une courbe standard doit être réalisée avant la mesure de l'échantillon. Les méthodes de configuration sont les mêmes, et l'interface de configuration BCA est utilisée ici à titre d'exemple.

Curve name	Linear
Baseline (nm)	750 <input checked="" type="checkbox"/> 启用
Test wavelength (nm)	562
Standard units	ng/μL

OK Cancel

- Type de courbe : linéaire, interpolation, polynôme quadratique, polynôme cubique.
- Longueur d'onde de référence (nm) : celle affichée est la longueur d'onde de référence prédéfinie et la longueur d'onde de référence est activée. Vous pouvez également modifier la longueur d'onde de référence et choisir de l'activer ou non ; il est recommandé d'utiliser la longueur d'onde de référence prédéfinie et de l'activer.
- Longueur d'onde de détection (nm) : la longueur d'onde affichée est la longueur d'onde de détection, qui ne peut pas être modifiée ().
- Unité de solution standard : vous pouvez choisir ng/μL, μg/μL, μg/mL, mg/mL, ng/mL.

4.2.4 Étapes de détection

Le fonctionnement du module A280 et des peptides est appelé étapes de détection des acides nucléiques (voir 4.1.4).

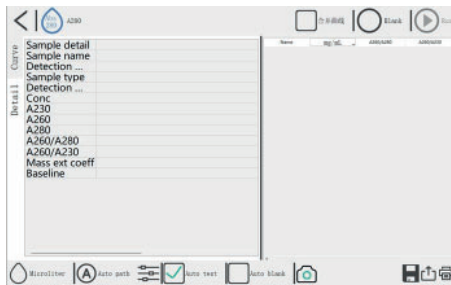
Le fonctionnement du module de puce à protéines est appelé étapes de détection de la puce génétique (voir 4.1.3.5).

La méthode consistant à créer une nouvelle courbe standard ou à sélectionner une courbe connue dans le kit (BCA, Bradford, Lowry, Pierce660) est appelée méthode de la courbe standard (voir 4.4.3).

4.2.5 Affichage des résultats

4.2.5.1 La zone d'affichage des résultats indique : le nom de l'échantillon, la concentration (unité), A260/A280, A260/A230.

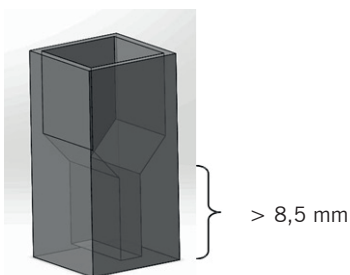
4.1.5.2 Si vous avez besoin de consulter les informations détaillées des résultats, sélectionnez Rapport détaillé dans le panneau de gauche, comme indiqué dans la figure suivante du détail de l'échantillon A280.



4.3 Module OD600 (modèle Z-6500C uniquement)

L'OD600 est utilisé pour mesurer le bouillon cellulaire, c'est-à-dire qu'un spectrophotomètre est utilisé pour détecter la dispersion de la lumière de la suspension cellulaire (utilisé uniquement en mode cuvette).

4.3.1 Exigences en matière de dose d'échantillon



En raison de la hauteur du faisceau, la hauteur de l'échantillon ajouté à la cuvette doit être supérieure à 8,5 mm. Reportez-vous aux recommandations du fabricant de la cuvette pour déterminer le volume d'échantillon nécessaire.

Pas optique	Plage de mesure (absorbance)	Volume de l'échantillon (cuvette constante)
10 mm	0,004~1,6	plus de 1000 μ l
5 mm	1,6~3,2	plus de 500 μ l
2 mm	3,2~8,0	plus de 200 μ l
1 mm	8,0~16	plus de 100 μ l

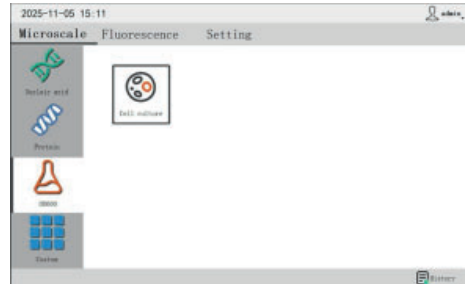
4.3.2 Plage de mesure

Plage d'absorbance de la culture cellulaire :
 Répétabilité : 0 Abs ~ 1,6 Abs : $\pm 0,1$

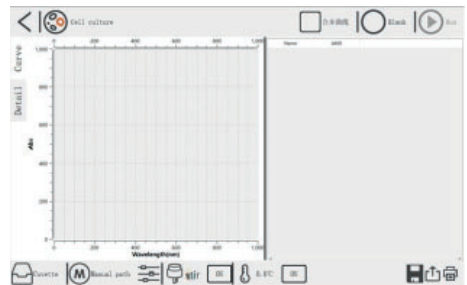
0 Abs ~ 1,6 Abs

4.3.3 Réglages de mesure

Sélectionnez le type OD600 dans l'interface principale, comme indiqué dans la figure suivante :



Cliquez sur culture cellulaire pour accéder à l'interface de détection.



Vous pouvez accéder aux paramètres de la culture cellulaire. Les paramètres d'étalement de l'absorbance, les autres paramètres de longueur d'onde de détection, les paramètres du coefficient de conversion du comptage cellulaire, les paramètres de longueur d'onde de référence et le démarrage ou non, etc. peuvent être configurés selon les besoins de l'utilisateur.



Cliquez sur l'icône pour accéder à l'interface de configuration, réglez l'intensité et la durée de l'agitation ; cliquez sur le bouton marche/arrêt pour activer/désactiver l'agitation (facultatif).

4.3.4 Étapes de mesure

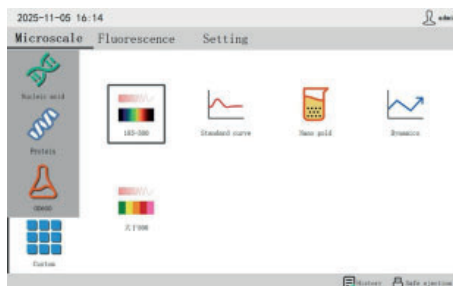
1. Utilisez un tampon approprié comme contrôle blanc. Normalement, on utilise de l'eau pure comme contrôle blanc. Insérez la cuvette dans le passage optique indiqué sur l'instrument et fermez le couvercle. Cliquez sur « Blanc ».
2. Retirez le contrôle blanc, placez la cuvette contenant l'échantillon à tester dans une pièce sombre, fermez le couvercle et cliquez sur « Détecter ».
3. Les résultats de la détection, les valeurs et les spectres s'affichent quelques secondes plus tard.
4. Une fois la détection terminée, retirez la cuvette, videz l'échantillon et nettoyez la cuvette.

4.4 Personnalisation

Le module « Personnalisé » contient quatre éléments de détection : longueur d'onde complète, courbe standard, or colloïdal et cinétique. Les utilisateurs peuvent sélectionner l'élément de détection approprié pour la détection en fonction de leurs besoins. Les réglages et les méthodes de détection sont ceux décrits dans le document précédent.

4.4.1 Éléments de détection

Sélectionnez « Personnalisé » dans l'interface principale, comme indiqué dans la figure suivante :



4.4.2 Longueur d'onde complète

La détection de longueur d'onde complète comprend deux modules : « 185-500 » et « supérieure à 500 ». Module « 185-500 » : plage de longueur d'onde de détection de 185 à 500 nm, utilisez ce module. Module « supérieure à 500 » : plage de détection de longueur d'onde supérieure à 500 nm, utilisez ce module.

4.4.2.1 Sélectionnez « 185-500 » et accédez à l'interface de configuration.

Les utilisateurs peuvent configurer la longueur d'onde de détection principale, la longueur d'onde de référence et si la longueur d'onde de référence doit être activée, ainsi que 8 autres longueurs d'onde de détection. Cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection.

 The screenshot shows a configuration dialog box. It has three main sections:

- Primary wavelength**: A text input field containing the value '450'.
- Baseline (nm)**: A text input field containing '750' and a checked checkbox labeled 'Enable'.
- Other wavelengths λ** : A 2x4 grid of text input fields, all containing the value '0'.

 At the bottom of the dialog, there are two buttons: 'OK' and 'Cancel'.

4.4.2.2 Sélectionnez « supérieure à 500 » pour accéder à l'interface de configuration.

Les utilisateurs peuvent configurer la longueur d'onde de détection principale, la longueur d'onde de référence et choisir d'activer ou non la longueur d'onde de référence, ainsi que 8 autres longueurs d'onde de détection. Cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection. La longueur d'onde de détection et la longueur d'onde de référence saisies doivent être supérieures à 500 nm.

4.4.2.3 Étapes de détection

Une fois la configuration terminée, lancez la détection dans l'interface de détection.

Voici les étapes à suivre pour la détection ultramicro :

1. Utilisez une pipette pour aspirer la cible et la déposer sur la base, fermez le bras de détection et cliquez sur « Cible ».
 2. Utilisez un mouchoir en papier pour essuyer le solvant.
 3. Ajoutez l'échantillon à la base et cliquez sur « Détecter » (si la « Détection automatique » est activée, il n'est pas nécessaire de cliquer sur le bouton « Détecter », le système détectera automatiquement).
 4. Les résultats de la détection, les valeurs et les spectres s'afficheront quelques secondes plus tard.
- Étapes pour la détection avec cuvette : Reportez-vous à la section 2.2 pour la sélection et l'utilisation des cuvettes.

4.4.2.4 Affichage des résultats

La zone des résultats affichera : le nom de l'échantillon, l'absorbance à la longueur d'onde de détection principale et l'absorbance à d'autres longueurs d'onde de détection.

Le rapport détaillé affichera : les détails de l'échantillon, le nom de l'échantillon, le temps de détection, le type d'échantillon, la plateforme de détection, la longueur d'onde et l'absorbance correspondante, la longueur d'onde de référence et sa valeur d'absorbance.

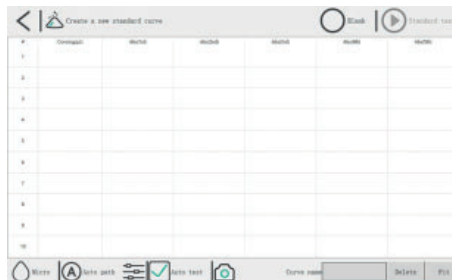
4.4.3 Méthode de la courbe standard

4.4.3.1 Sélectionnez la méthode de courbe standard et accédez à l'interface de configuration.

Les utilisateurs peuvent sélectionner les types de courbe : linéaire, interpolation, polynôme quadratique, polynôme cubique ; si vous souhaitez activer la longueur d'onde de référence ; longueur d'onde de détection, la plage de configuration de la longueur d'onde est comprise entre 190 et 910 nm ; unité de matériau standard : ng/ μ L, μ g/ μ L, μ g/mL, mg/mL, ng/mL.

4.4.3.2 Sélection de la courbe standard

Sélectionnez une courbe standard enregistrée : sélectionnez la courbe standard requise et cliquez sur Confirmer pour accéder à la page de détection. Créer une nouvelle courbe standard : cliquez sur le signe « + » situé dans le coin supérieur droit de la fin d'accéder à l'interface de la nouvelle courbe standard, comme illustré dans l'image suivante.



- Sélectionnez le mode plaque ultramicro volume/colorimétrique, passage optique automatique/passage optique manuel.
- Saisissez la concentration de l'échantillon dans la liste « Concentration ».
- Détection de l'absorbance : chaque concentration peut avoir jusqu'à 5 échantillons parallèles, et les données présentant des écarts peuvent être supprimées en cliquant sur les données correspondantes et en sélectionnant « Supprimer ».
- Une fois la détection terminée, entrez le « Nom de la courbe », cliquez sur « Ajuster » et la courbe standard sera créée correctement.

4.4.3.3 Étapes de détection

Sélectionnez « Nom de la courbe » pour accéder à l'interface de détection et suivez les étapes opérationnelles suivantes de la détection du volume ultramicro (voir 4.1.4).

4.4.3.4 Résultats de la détection

La zone des résultats affichera : le nom de l'échantillon, la concentration, l'absorbance à la longueur d'onde correspondante et l'état (intérieur ou extérieur).

Remarque : « conforme » indique que l'échantillon se trouve dans la plage de la courbe ; « non conforme » indique que l'échantillon ne se trouve pas dans la plage de la courbe.

Le rapport détaillé affichera : les détails de l'échantillon, le nom de l'échantillon, le temps de détection, le type d'échantillon, la plateforme de détection, la concentration et l'absorbance de la longueur d'onde correspondante, le nom de la courbe standard, la formule de la courbe standard, la longueur d'onde de référence et l'état.

4.4.4 Nanoparticules d'or

4.4.4.1 Sélectionnez les nanoparticules d'or et accédez à l'interface de configuration. Si la détection automatique des pics est désactivée, la longueur d'onde de détection par défaut est de 525 nm (elle peut être modifiée) ; si la détection automatique des pics est activée, le logiciel détectera automatiquement le pic entre 500 et 550 nm et l'affichera.

Les utilisateurs peuvent configurer s'ils souhaitent activer la détection automatique des pics, la longueur d'onde de détection principale (lorsque la détection automatique des pics est désactivée), jusqu'à 2 autres longueurs d'onde de détection, la longueur d'onde de référence, s'ils souhaitent activer la longueur d'onde de référence et d'autres longueurs d'onde de détection.

Automatic peak determination: Open

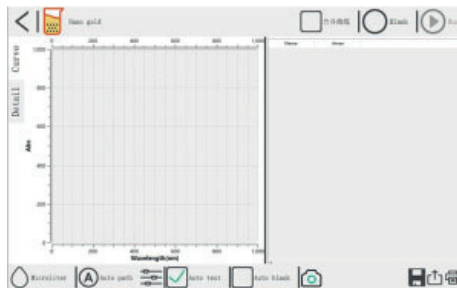
Baseline (nm): 750 Enable

Other wavelengths λ : 0 0

OK Cancel

4.4.4.2 Étapes de détection

Une fois la configuration terminée, lancez la détection dans l'interface de détection. Reportez-vous au module dsDNA pour connaître le mode de fonctionnement.



4.4.4.3 Résultats de la détection

La zone des résultats affichera : le nom de l'échantillon, Amax/A (longueur d'onde définie) et l'absorbance à d'autres longueurs d'onde.

Le rapport détaillé affichera : les détails de l'échantillon, le nom de l'échantillon, la durée de la détection, le type d'échantillon, la plateforme de détection, Amax/A (longueur d'onde définie), le pic maximal correspondant, la longueur d'onde de référence et son absorbance.

4.4.5 Cinétique (modèle Z-6500C uniquement)

4.4.5.1 Sélectionnez cinétique et accédez à l'interface de configuration. La détection cinétique n'est applicable qu'au mode plaque colorimétrique.

Les utilisateurs peuvent configurer la longueur d'onde de détection principale, 2 autres longueurs d'onde de détection, la longueur d'onde de référence, si elle est activée, le nombre d'étapes (1-5), l'unité de temps (secondes, minutes), le retard par étape, l'intervalle de temps, le nombre de détections et la durée calculée automatiquement. Cliquez sur OK pour accéder à l'interface de détection.

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 Étapes de détection

Une fois la configuration terminée, lancez la détection dans l'interface de détection. Pendant le processus de détection, vous pouvez choisir entre mettre en pause ou arrêter.

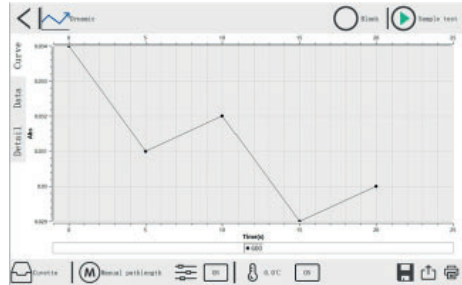
Étapes de détection avec cuvette : Reportez-vous à la section 2.2 pour la sélection et l'utilisation des cuvettes.

4.4.5.3 Résultats de la détection

Courbe : affiche le spectre cinétique jusqu'à trois longueurs d'onde.

Données : affiche le nom de l'échantillon, l'étape, le temps de détection et l'absorbance correspondant à la longueur d'onde sous forme de liste.

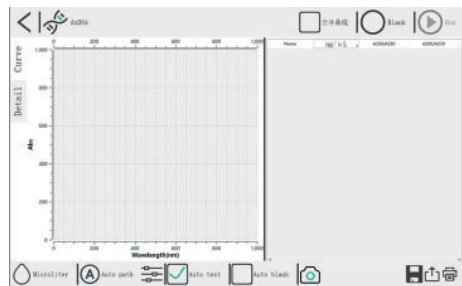
Rapport détaillé : détails de l'échantillon, nom de l'échantillon, temps de détection, type d'échantillon, plate-forme de détection, passage optique de la cuvette, numéro d'étape actuel, temps de détection, absorbance correspondant à la longueur d'onde, longueur d'onde de référence et absorbance de la longueur d'onde de référence.



Remarque : lorsque le nombre d'étapes est ≥ 2 , si le temps de retard par étape est 0, les premières données de chaque étape écrasent les dernières données de l'étape précédente.

5. STOCKAGE DES DONNÉES

5.1 Enregistrer, exporter et imprimer




5.1.1 Enregistrer

1) Dans l'interface de détection, cliquez sur  pour afficher une interface d'enregistrement.

Double-cliquez sur la boîte de dialogue pour faire apparaître le clavier. Le format par défaut pour le nom de l'expérience est mode de détection-type de détection-module de détection-heure-numéro, et le nom de l'expérience ne peut pas être dupliqué ; les identifiants peuvent être utilisés dans les notes et les recherches.


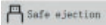
Remarque : après avoir cliqué sur « Enregistrer » et confirmé, un enregistrement historique sera généré. Si vous cliquez à nouveau sur

« Enregistrer » l'interface restera la valeur par défaut, et non la dénomination précédente. En confirmant à nouveau, un autre enregistrement sera généré dans l'historique.

2) Si vous ne cliquez pas sur le bouton « Enregistrer » et que vous cliquez directement sur  le programme sera automatiquement enregistré sous le nom par défaut.


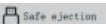
5.1.2 Exporter

1) L'exportation dans l'interface de détection ne peut être effectuée que pour un seul échantillon et est principalement utilisée pour exporter les données et les images originales d'un seul échantillon.

- Exporter vers une clé USB : insérez une clé USB à l'avance, sélectionnez les résultats de détection de l'échantillon requis dans l'interface de détection, cliquez sur  et une page d'exportation s'affichera. Les utilisateurs peuvent choisir d'exporter « Détails de l'expérience/Données originales/Images » et sélectionner « USB » comme emplacement d'exportation. Après confirmation, l'interface affichera le message « Opération terminée ». Revenez à l'interface principale, cliquez sur  et un message indiquant que l'opération a été effectuée avec succès s'affichera. Vous pouvez ensuite retirer la clé USB.

- Exporter vers un emplacement local : cela signifie exporter vers la mémoire de l'instrument, qui peut être utilisée pour transférer des fichiers au sein du réseau local.



2) Interface d'enregistrement historique : permet d'exporter les résultats d'un ou plusieurs groupes d'expériences. Convient pour l'exportation par lots de détails d'expériences et de données originales, ne convient pas pour l'exportation par lots d'images.


- Exporter vers une clé USB : insérez une clé USB à l'avance, sélectionnez un ou plusieurs groupes d'expériences à exporter dans la liste de gauche, cliquez sur l'icône  dans l'interface et sélectionnez « Détails de l'expérience/Données originales » pour exporter. Sélectionnez « USB » comme emplacement d'exportation, confirmez et l'interface affichera « Opération terminée ». Revenez à l'interface principale, cliquez sur  et un message indiquant que l'opération a été effectuée avec succès s'affichera. Vous pouvez ensuite retirer la clé USB.

- Exporter vers un emplacement local : cela signifie exporter vers la mémoire de l'instrument, qui peut être utilisée pour transférer des fichiers au sein du réseau local.



5.1.3 Imprimer (facultatif)

1) Dans l'interface de détection, seuls les résultats d'un seul échantillon peuvent être imprimés. Cliquez d'abord sur le bouton  pour enregistrer le groupe d'expériences, puis sélectionnez l'échantillon que vous souhaitez imprimer, cliquez sur  et, une fois l'impression terminée, l'interface affichera le message « Opération terminée ».

2) Dans l'interface d'enregistrement de l'historique, l'impression affiche les résultats de l'ensemble du groupe d'expériences. Sélectionnez le groupe d'expériences dans la liste de gauche, puis cliquez sur l'icône . L'imprimante commence à imprimer et, une fois l'impression terminée, l'interface affiche le message « Opération terminée ».

3) Papier d'impression : papier d'impression thermique d'une largeur de 57 mm.

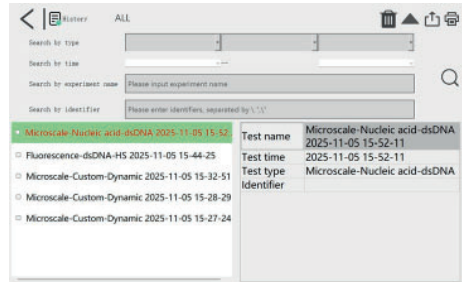
5.2 Historique des enregistrements

Cliquez sur  sur la page d'accueil pour accéder à l'interface d'historique des enregistrements et consulter et récupérer les enregistrements historiques. L'interface d'historique des enregistrements est divisée en un champ de recherche, une zone de liste et une zone de détails.


- Champ de recherche : vous pouvez effectuer une recherche par type de détection, heure de détection, nom de l'expérience et identifiant ; certains champs sont facultatifs.


- Zone de liste : affiche les enregistrements historiques, qui peuvent être sélectionnés. Lorsque vous cliquez sur un enregistrement, celui-ci apparaît en rouge, et lorsque vous double-cliquez sur le nom, vous accédez à l'enregistrement.

- Zone de détails : affiche les détails des enregistrements en rouge dans la zone de liste, y compris le nom de l'expérience, l'heure de l'expérience, le type de détection et l'identifiant. Le nom de l'expérience peut être modifié à nouveau en double-cliquant dessus.




 revenir à l'interface précédente.


 Sélectionner tous les enregistrements de la zone de liste actuelle ; cliquer à nouveau pour tous les désélectionner.

 Supprimer les enregistrements sélectionnés.

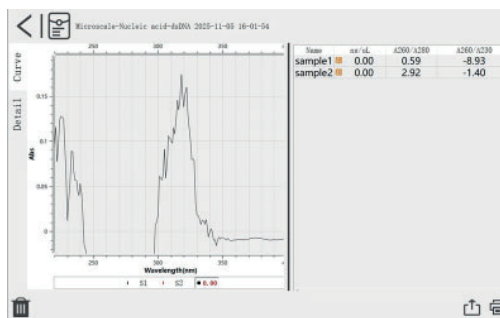
 Ouvre/ferme la boîte de recherche.

 Cliquez pour lancer la recherche.

 Exporter le groupe d'expériences sélectionné.

 Imprimer les enregistrements historiques actuellement sélectionnés, voir 5.1.3 (facultatif).

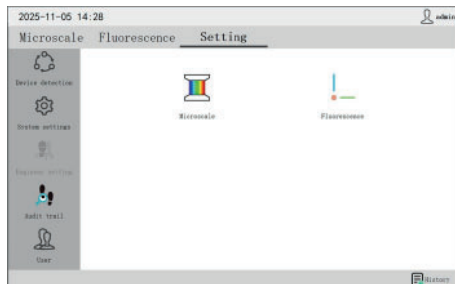
Lorsque vous sélectionnez un groupe d'expériences spécifique dans la zone de liste, vous accédez aux enregistrements suivants :



6. CONFIGURATION

6.1 Détection du dispositif

Cliquez sur « Configuration » - « Détection du dispositif » pour configurer l'instrument. Ce module est destiné aux ingénieurs pour vérifier la configuration, les paramètres ne doivent donc pas être modifiés à volonté.



6.1.1 Ultramicro

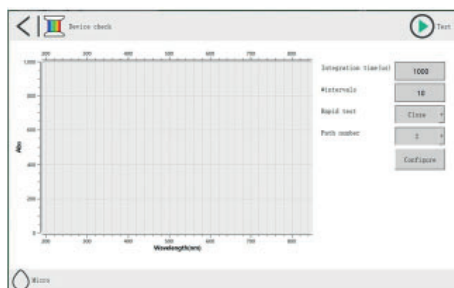
- Cliquez sur « Test » pour afficher l'intensité spectrale de l'instrument (généralement utilisée par les ingénieurs pour le service après-vente).
- La détection rapide ultramicro peut être activée ou désactivée selon les besoins.

Désactivée : les cinq pas optiques, qui sont 1 mm, 0,2 mm, 0,1 mm, 0,03 mm et 0,02 mm, seront détectés.

Activée : lorsque la fonction est activée, vous pouvez sélectionner le nombre de pas optiques selon vos besoins.

Sélectionner « 2 » signifie sélectionner des chemins optiques de détection de 1 mm et 0,2 mm (par défaut). Sélectionner « 3 » signifie sélectionner des chemins optiques de détection de 1 mm, 0,2 mm et 0,1 mm.

- En cliquant sur « mode ultramicro » en bas à gauche, vous pouvez passer en « mode cuvette ».

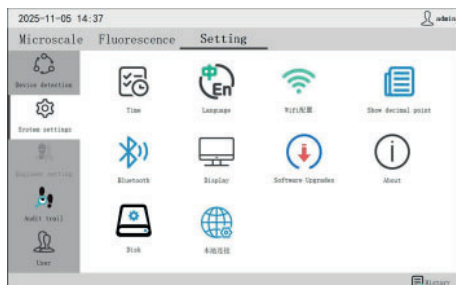


6.1.2 Fluorescence (non applicable aux modèles Z-6500 et Z-6500C)

Cliquez pour détecter et afficher l'intensité de la fluorescence (généralement utilisé pour l'utilisation après-vente par les ingénieurs).

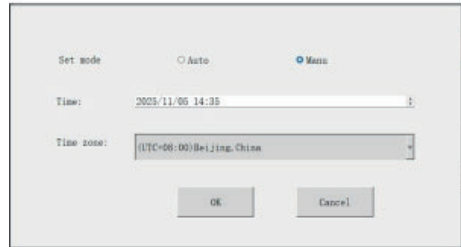
6.2 Configuration du système

Cliquez sur « Configuration » - « Configuration du système » pour régler l'heure, la langue, le réseau, l'affichage des décimales, le Bluetooth, l'écran, la mise à jour du logiciel et autres.



6.2.1 Heure

Cliquez sur « Heure », sélectionnez « Manuel » pour configurer l'heure et le fuseau horaire.



6.2.2 Langue

Le logiciel est disponible en huit langues : chinois, anglais, français, allemand, espagnol, russe, japonais et coréen. Cliquez sur la langue pour changer de langue. Le changement est appliqué après le redémarrage de l'appareil après avoir changé la langue.

6.2.3 Mise à jour du logiciel

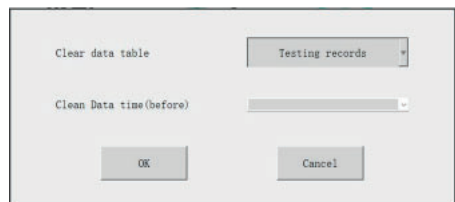
Insérez d'abord la clé USB (contenant le pack de mise à jour), cliquez sur le bouton de mise à jour et le message « Mise à jour en cours... » s'affichera sur l'interface. Une fois la mise à jour terminée, le message « Mise à jour terminée » s'affichera. Une fois la mise à jour terminée, redémarrez l'instrument.

6.2.4 À propos

Vous pouvez obtenir des informations sur le numéro de version du logiciel et d'autres données relatives à l'instrument en cliquant sur « À propos ».

6.2.5 Gestion des disques

Après avoir utilisé l'instrument pendant un certain temps et lorsque la mémoire est presque pleine, vous pouvez effacer la mémoire et libérer de l'espace en sélectionnant l'option « Gestion des disques ».



1) Commencez par enregistrer les données expérimentales à l'avance, puis, dans l'interface, sélectionnez « Enregistrements de détection » ou « Carte SD » dans le champ « Effacer les éléments de données ».

2) Sélectionnez la période de suppression des données. Dans le calendrier qui s'affiche, sélectionnez la date que vous souhaitez supprimer et l'instrument supprimera les enregistrements correspondants antérieurs à cette date.

Remarque : enregistrez les données expérimentales avant de supprimer les enregistrements.

7. MISE HORS TENSION

Vous pouvez éteindre directement l'instrument à l'aide de l'interrupteur d'alimentation.

8. ANNEXE

Module de détection	Plage	État
ADN double brin : haute sensibilité	Plage de base : 1 ng/ml-500 ng/ml	en
	Plage étendue : 0,5 ng/mL-1 ng/mL, 500 ng/mL-600 ng/mL	agrandir
ADN double brin : large plage	Plage de base : 0,01 ug/mL-5 ug/mL	en
	Plage étendue : 5 ug/mL-10 ug/mL	agrandir
1 × ADN double brin : haute sensibilité	Plage de base : 1 ng/mL-500 ng/mL	en
	Plage étendue : 0,5 ng/ml-1 ng/ml, 500 ng/ml-600 ng/ml	agrandir
1 × dsDNA : large plage	Plage de base : 0,01 ng/uL-5 ng/uL	en
	Plage étendue : 5 ng/uL--10 ng/uL	agrandir
ARN : haute sensibilité	Plage de base : 25 ng/mL-500 ng/mL	en
	Plage étendue : 20 ng/mL-25 ng/mL, 500 ng/mL-1000 ng/mL	agrandir
ARN : large plage	Plage de base : 0,1 ug/mL-5 ug/mL	en
	Plage étendue : 0,05 ug/mL-0,1 ug/mL, 5 ug/mL-6 ug/mL	agrandir
ARN : plage étendue	Plage de base : 1 ng/uL--50 ng/uL	en
	Plage étendue : 0,5 ng/uL-1 ng/uL, 50 ng/uL-100 ng/uL	agrandir
microARN	Plage de base : 5 ng/mL-500 ng/mL	en
	Plage étendue : 2,5 ng/mL-5 ng/mL, 500 ng/mL-750 ng/mL	agrandir
Intégrité et qualité de l'ARN	Valeur IQ : 1-10	/
Oligo : ssDNA	Plage de base : 5 ng/ml-1000 ng/ml	en
	Plage élargie : 1 ng/mL-5 ng/mL, 1000 ng/mL-1200 ng/mL	agrandir
Protéine	Plage de base : 1,25 ug/mL-25 ug/mL	en
	Plage étendue : 1 ug/mL-1,25 ug/mL, 25 ug/mL-26 ug/mL	agrandir
Protéine : large plage	Plage de détection : 0,1 mg/mL~20 mg/mL	en