

DS-11+操作方法(核酸の測定)

※最低サンプル量は0.5ulですが**1ul以上の方が確実**です。

※サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

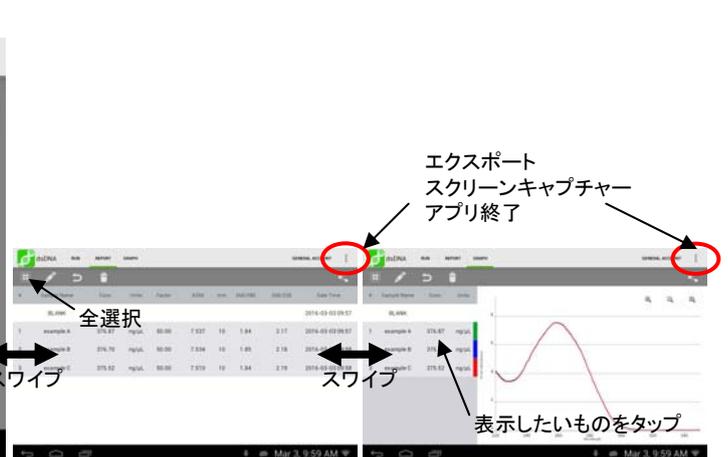
※サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

※濃度の薄いものは若干時間がかかりますが異常ではありません。

1. 予め**測定部を綺麗**しておく。DS-11の**電源を入れる**。
2. ホームメニューから**dsDNA, RNA, ssDNA**のいずれかをタップする。
3. **ブランク溶液をのせBlank**をタップする。ブランク溶液を**拭き取る**。
(ふき取るときはアームの**上部と下部の両方**を拭くこと)
4. (必要ならサンプル名を入力し)**サンプルをのせMeasure**をタップする。
波形と濃度等の結果が表示される。サンプルを**拭き取る**。
5. サンプル**測定を繰り返す**。
測定開始時からの結果を見る場合は画面を左スワイプします。右スワイプで戻ります。
画面は左から測定画面、結果テーブル、グラフの順に並んでいます。
グラフはサンプル名をタップすると表示されます。
6. データをUSBに保存する場合は**結果テーブルまたはグラフ画面でサンプル名を選択し、
右上のボタン**から**Export Selected Samples**または**Screen Capture**を選ぶ。
Exportはテキストデータ(csv)が、Screen Captureは画像(Jpeg)が保存される。
7. 測定終了後は**右上のボタン**から**Exit**でアプリを終了し、**測定部を綺麗に拭いておく**。
8. 機械が**動作していない**ことを確認し、USBを抜いて**電源を切る**。
9. 使用簿を記入する。



ラン(測定画面)



レポート(結果テーブル)

グラフ

DS-11+操作方法(スペクトラム測定)

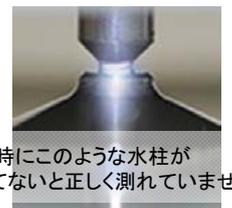
※最低サンプル量は0.5ulですが**1ul以上の方が確実**です。

※サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

※サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

※濃度の薄いものは若干時間がかかりますが異常ではありません。

1. 予め**測定部を綺麗**にしておく。DS-11の**電源を入れる**。
2. ホームメニューから**UV-Vis**をタップする。
3. **キュベットタイプ**を選択する。(ドロップで使用するときはMicrovolume)
4. **[:]**から**Add new**を選び、吸光度を見たい**波長を入力**し、**List Name**を付けて保存する。
5. **ブランク溶液をのせBlank**をタップする。ブランク溶液を**拭き取る**。
(ふき取るときは**アームの上部と下部の両方を拭く**こと)
6. (必要ならサンプル名を入力し)**サンプルをのせMeasure**をタップする。
波形と吸光度等の結果が表示される。サンプルを**拭き取る**。
7. サンプル**測定を繰り返す**。
測定開始時からの結果を見る場合は画面を左にスワイプします。右にスワイプすると戻ります。
画面は左から測定画面、結果テーブル、グラフの順に並んでいます。
グラフはサンプル名をタップすると表示されます。
8. データをUSBに保存する場合は**結果テーブルまたはグラフ画面でサンプル名を選択**し、
右上のボタンから**Export Selected Samples**または**Screen Capture**を選ぶ。
Exportはテキストデータ(csv)が、Screen Captureは画像(Jpeg)が保存される。
9. 測定終了後は**右上のボタン**から**Exit**でアプリを終了し、**測定部を綺麗に拭いておく**。
10. 機械が**動作していない**ことを確認し、USBを抜き、**電源を切る**。
11. 使用簿を記入する。



AutoRunにチェックを入れておくとアームの上げ下げだけで測定できます



ラン(測定画面)



レポート(結果テーブル)

グラフ

DS-11+操作方法(蛋白の測定)

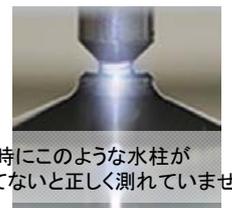
※最低サンプル量は0.5ulですが**1ul以上の方が確実**です。

※サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

※サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

※濃度の薄いものは若干時間がかかりますが異常ではありません。

1. 予め**測定部を綺麗**しておく。DS-11の**電源を入れる**。
2. ホームメニューから**Protein A280** , **Labeled Proteins** , **Peptides**のいずれかをタップする。
3. サンプルの**タイプを選択**する。
4. **ブランク溶液をのせBlank**をタップする。ブランク溶液を**拭き取る**。
(ふき取るときはアームの上部と下部の**両方**を拭くこと)
5. (必要ならサンプル名を入力) **サンプルをのせMeasure**をタップする。
波形と濃度等の結果が表示される。サンプルを**拭き取る**。
6. サンプル**測定を繰り返す**。
測定開始時からの結果を見る場合は画面を左スワイプします。右スワイプで戻ります。
画面は左から測定画面、結果テーブル、グラフの順に並んでいます。
グラフはサンプル名をタップすると表示されます。
7. データをUSBに保存する場合は**結果テーブルまたはグラフ画面でサンプル名を選択し、右上のボタンからExport Selected Samples**または**Screen Capture**を選ぶ。
Exportはテキストデータ(csv)が、Screen Captureは画像(Jpeg)が保存される。
8. 測定終了後は**右上のボタンからExit**でアプリを終了し、**測定部を綺麗に拭いておく**。
9. 機械が**動作していない**ことを確認し、USBを抜いて**電源を切る**。
10. 使用簿を記入する。



AutoRunにチェックを入れておくとアームの上げ下げだけで測定できます



ラン(測定画面)



レポート(結果テーブル)

グラフ

DS-11+操作方法(比色法での蛋白測定)

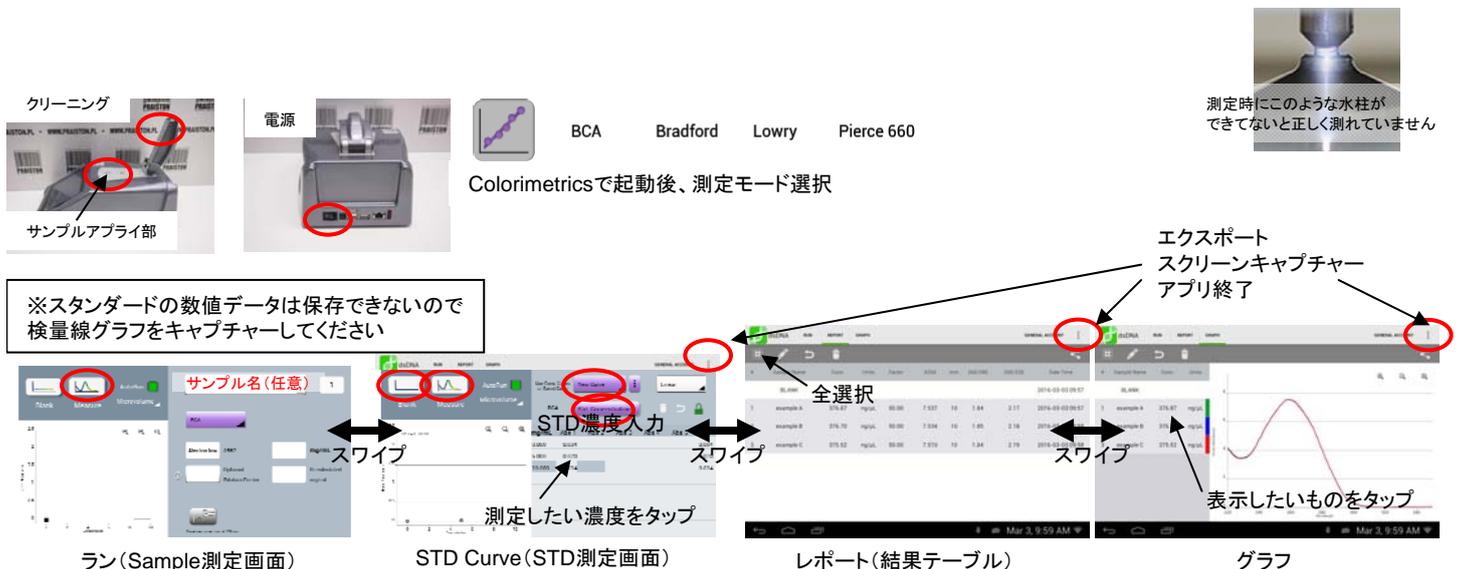
※最低サンプル量は0.5ulですが**1ul以上の方が確実**です。

※サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

※サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

※濃度の薄いものは若干時間がかかりますが異常ではありません。

1. 予め**測定部を綺麗**しておく。DS-11の**電源を入れる**。
2. ホームメニューから**Colorimetrics**をタップする。
3. **キュベットタイプとアッセイタイプ**を選択する。(ドロップで使用する場合はMicrovolume)
4. 画面を左にスワイプし、**STD Curveの画面**(検量線作成)にする。
5. プルダウンから**New Curve**を選択。
Std. Concentrationsをタップし、スタンダードの**濃度を入力**する。
6. **ブランク溶液をのせBlank**を押すタップする。ブランク溶液を**拭き取る**。
(ふき取るときはアームの上部と下部の**両方**を拭くこと)
7. 画面右半分の**テーブル**から測りたいスタンダードの**位置をタップ**する。(任意の濃度から測定可能)
指定した濃度の**スタンダードをのせ**、**Measure**をタップする。(Abs2の位置をタップすると2回目が測定できます)
スタンダードを**拭き取る**。
8. 同様の操作で**全てのスタンダードサンプルを測定**する。
画面左半分にスタンダードカーブができるので正しくできていることを確認する。
9. 画面を右にスワイプし、**Runの画面**(未知サンプル測定)にする。
10. (必要ならサンプル名を入力し)**サンプルをのせMeasure**を押す。
波形と濃度等の**結果が表示**される。サンプルを**拭き取る**。
11. サンプル**測定を繰り返す**。
測定開始時からの結果を見る場合は画面を左に2回スワイプします。
画面は左から測定、検量線、結果テーブル、グラフの順に並んでいます。
グラフはサンプル名をタップすると表示されます。
12. データをUSBに保存する場合は**結果テーブルまたはグラフ画面でサンプル名を選択**し、
右上のボタンからExport Selected SamplesまたはScreen Captureを選ぶ。
Exportはテキストデータ(csv)が、Screen Captureは画像(Jpeg)が保存される。
13. 測定終了後は**右上のボタン**からExitでアプリを終了し、**測定部を綺麗に拭いておく**。
14. 機械が**動作していない**ことを確認し、USBを抜いて**電源を切る**。
15. 使用簿を記入する。



DS-11+操作方法(検量線法での測定)

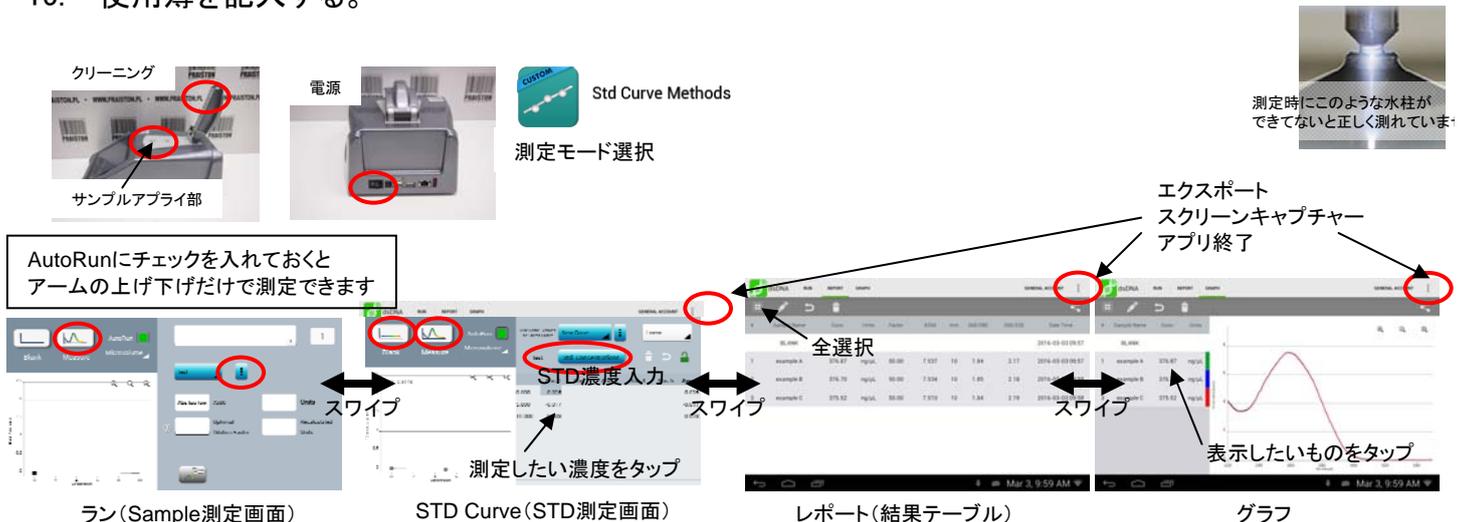
※最低サンプル量は0.5ulですが**1ul以上の方が確実**です。

※サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

※サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

※濃度の薄いものは若干時間がかかりますが異常ではありません。

1. 予め**測定部を綺麗**しておく。DS-11の**電源**を入れる。
2. ホームメニューから**STD Curve Method**をタップする。
3. **キュベットタイプ**を選択する。(ドロップで使用する場合はMicrovolume)
4.  から**New Method**を選択。Analysis nmに**測定波長**、Baseline nmに**ベースライン波長**を入力、Min nm、Max nmに**測定範囲**を入力し、**Method Name**を付けて保存する。
(画面の指示に従い最適化の作業をする)
5. 画面を左にスワイプし、**STD Curveの画面**(検量線作成)にする。(STD Curve画面にメソッド名が表示されているのを確認)
STD. Concentrationsをタップし、スタンダードの**濃度**を入力する。
6. **ブランク溶液をのせBlank**を押すタップする。
ブランク溶液を**拭き取る**。(ふき取るときはアームの上部と下部の**両方を拭く**こと)
7. 画面右半分のテーブルから測りたいスタンダードの**位置をタップ**する。(任意の濃度から測定可能)
指定した濃度の**スタンダードをのせ**、**Measure**をタップする。(Abs2の位置をタップすると2回目測定できます)
スタンダードを**拭き取る**。
8. 同様の操作で**全てのスタンダードを測定**する。
画面左半分にスタンダードカーブができるので正しくできていることを確認する。
9. 画面を右にスワイプし、**Runの画面**(未知サンプル測定)にする。
10. (必要ならサンプル名を入力し)**サンプルをのせMeasure**を押す。
波形と濃度等の**結果が表示**される。サンプルを**拭き取る**。
11. サンプル**測定を繰り返す**。
測定開始時からの結果を見る場合は画面を左に2回スワイプします。
画面は左から測定、検量線、結果テーブル、グラフの順に並んでいます。
グラフはサンプル名をタップすると表示されます。
12. データをUSBに保存する場合は**結果テーブルまたはグラフ画面でサンプル名を選択**し、**右上のボタン**からExport Selected SamplesまたはScreen Captureを選ぶ。
Exportはテキストデータ(csv)が、Screen Captureは画像(Jpeg)が保存される。
13. 測定終了後は**右上のボタン**からExitでアプリを終了し、**測定部を綺麗に拭いておく**。
14. 機械が**動作していない**ことを確認し、USBを抜いて**電源を切る**。
15. 使用簿を記入する。



DS-11+操作方法(後日データを保存する)

1. DS-11の電源を入れる。
2. ホームメニューからDataをタップする。
3. 検索条件を入力し、表示したいデータを検索する。
Applicationで測定モードを選択し、Searchすると全てのデータを表示します。
4. 右半分にデータの一覧が表示されるので、必要なものを選択し、Add to Reportをタップ。
5. 左にスワイプするとテーブル、グラフ表示に切り替わります。
画面は左から検索、結果テーブル、グラフの順に並んでいます。
グラフはサンプル名をタップすると表示されます。
6. データをUSBに保存する場合は結果テーブルまたはグラフ画面でサンプル名を選択し、右上のボタンからExport Selected SamplesまたはScreen Captureを選ぶ。
Exportはテキストデータ(csv)が、Screen Captureは画像(Jpeg)が保存される。
7. 機械が動作していないことを確認し、USBを抜いて電源を切る。



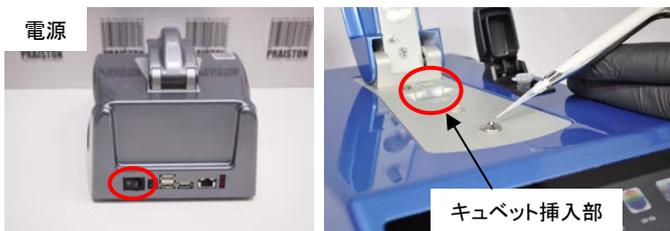
DS-11+操作方法(カインेटック測定)

※最低サンプル量は標準セルで1ml程度です。(全量の1/4程度必要)

※サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

1. DS-11の電源を入れる。
2. ホームメニューからKineticsをタップする。
3. キュベットタイプを選択する。
4. [⋮] からNew Methodを選択。以下の項目を設定し、確定をタップする。
Analysis nmに測定波長、Baseline nmにベースライン波長、Min nm、Max nmに測定範囲、Set Heater Tempに温度(温調しない時はチェックを外す)、石英セルの場合はUse Quartz Cuvetteにチェック、Delay before 1st Measurementに開始時の遅延時間、Measurement Intervalにインターバル、Duration of Stageに測定時間を入力し、Method Nameを付けて保存する。(画面の指示に従い最適化の作業をする)
5. 温調する場合はヒーターのコントロールをONにし、安定するまで待つ。
6. ブランク溶液をセットしBlankを押すタップする。
7. (必要ならサンプル名を入力)サンプルをセットしMeasureを押す。
(測定中は測定波長の経時吸光度グラフが表示される)
8. 測定終了後はレポートに全点のデータ、グラフに各点のスペクトル、トレンドに経時グラフが表示される。
9. データを保存する場合は、全選択し、右上のボタンからExport Selected SamplesまたはScreen Captureを選んで保存する。
9. 終了する時は右上のボタンからExitでアプリを終了する。
10. 機械が動作していないことを確認し、USBを抜いて電源を切る。
11. 使用簿を記入する。

カウント表示がないので
Delay中に開けないよう注意



電源

電源

キュベット挿入部

Kinetics
測定モード選択

Method名 測定波長 測定範囲

Enter New Method Name Min nm 730 測定範囲 700 Baseline nm 700

Set Heater Temp 温調設定 37.0

Use Quartz Cuvette 石英セルかどうか

Delay before 1st Measurement: Stage 1 Stage 2 Stage 3

Measurement Interval: 00:00:15

Duration of Stage (including delay): 00:01:00

測定開始までの待ち時間
インターバル
測定時間

Blank Measure Mode

Save 10 mg

サンプル名

Measure

Export

Screen Capture

全選択

スワイプ

スワイプ

スワイプ

表示したいものをタップ

ラン(測定画面)

レポート(結果テーブル)

グラフ

トレンド

エクスポート
スクリーンキャプチャー
アプリ終了