

## Guía de uso del lector de placas Biorad 680

El Bio-Rad Model 680 Microplate Reader es un instrumento versátil diseñado para la lectura de placas de microtitulación, permitiendo a los usuarios realizar análisis de absorbancia en diferentes longitudes de onda. A continuación se presenta un breve manual que incluye la creación y modificación de protocolos, la obtención de datos crudos y recomendaciones para un uso adecuado del equipo.

### 1. Encender el Instrumento:

- Encienda el microplacas y espere aproximadamente 30 segundos para que realice el autodiagnóstico. En la parte trasera del equipo está la tecla de encendido.
- **Le solicitara un password, el mismo es: 0000**, y presione ENTER.
- El teclado de navegación y selección es muy predecible y fácil de utilizar, lea bien las descripciones en cada tecla para modificar, aceptar o volver en el menú.

## Creación para Absorbancia a Punto Final

### Acceder al Menú de Edición:

Por default aparecerá en la pantalla el último protocolo utilizado por el equipo, Presione el botón Edit en la pantalla principal para acceder al menú de edición.



### 1) Seleccionar Protocolo:

- Para seleccionar y/o modificar un protocolo pulse la tecla "Memory Recall"
- Elija la opción Protocol y seleccione End Point Protocol para crear o modificar un protocolo de absorbancia a punto final, el equipo también puede realizar mediciones en modo cinética si así lo precisa.
- Aparecerá una lista con los protocolos existentes (pueden seleccionar uno y modificarlo para que les quede guardado), al seleccionarlo retornan al inicio.



**A continuación las configuraciones más importantes para que pueda crear un protocolo básico:**

## Modificación de un Protocolo

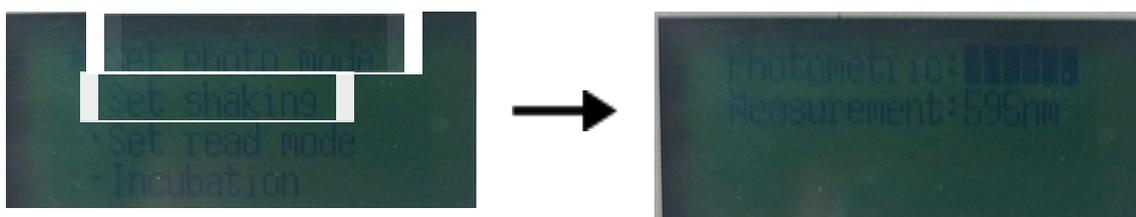
La pantalla de inicio le muestra el protocolo actual, indicando el nombre, la longitud de onda a medir, y **debe asegurarse que el modo "Shake" no esté encendido** dado que para preservar el equipo recomendamos **No utilizarlo**.(ejemplo :Bradford, 595 nm, Shake:OFF)



- Para empezar a modificar el protocolo presione la tecla "EDIT" y seleccione la opción "protocolo". **Aclaración: no modifique la opción Filters de la primera pantalla dado que ya están calibradas las posiciones de cada filtro.**



- Aparecerán varias opciones para modificar, si bien el equipo puede, crear curvas de calibración con standards (con la opción STDs) calcular concentraciones a partir de dicha curva, crear matrices de la placa con las muestras y standards al igual que el Epoch (usando la opción "Mapping") recomendamos obtener solo los datos crudos de Abs leyendo toda la placa y luego procesar esa información en su Pc.
- La opción "**Kit name**" le permite renombrar al protocolo para identificarlo en la lista.
- La opción "**Mode**", le permite seleccionar el modo de lectura (Photometric a una sola longitud de onda o "Dual" a dos longitudes de onda). También la longitud de onda deseada (Filtros disponibles: 415 nm, 450 nm, 490 nm, 550 nm, 595nm y 655 nm). **En la opción "Set Shaking" asegurarse que diga OFF.**



- La opción "**Report**" permite elegir qué información le imprimirá el equipo luego de la lectura, recomendamos solo dejar marcado la opción "**Raw**" para

que imprima solo los datos crudos de Abs. El siguiente ejemplo muestra los datos obtenidos de una curva de calibración típica de Bradford leída a 595 nm a distintas concentraciones de albúmina sérica bovina.

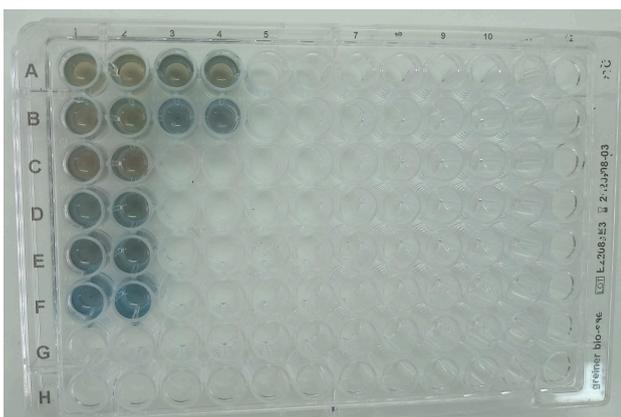


- **Lectura e Impresión de Datos:**

Una vez configurado y seleccionado el protocolo, vuelva a la pantalla principal con la tecla **"Main"**. Abra la tapa del equipo la misma es corrediza, e introduzca la placa a medir , luego presione la **tecla roja de "Start/Stop"** para iniciar la lectura e imprimir el resultado.

luego de obtener sus datos, recuerde apagar y desenchufar el equipo.

Ejemplo de curva de calibración de Bradfor para distintas concentraciones de albúmina sérica bovina, e impresión de los datos crudos



Model 500 Microplate Reader S/N 00000  
Raw data report  
05/12/2024 17:25:18  
Lab. name: Bio-Rad Laboratories  
Kit name: nd point #01  
Reading mode: Single  
Measurement Filter: 595nm(6)

	1	2	3	4	5	6	
614	A	0.319	0.286	0.365	0.372	0.039	0.039
243	B	0.344	0.349	0.455	0.454	0.047	0.051
413	C	0.416	0.397	0.044	0.051	0.052	0.043
613	D	0.460	0.488	0.049	0.052	0.048	0.043
813	E	0.541	0.518	0.115	0.043	0.082	0.046
1013	F	0.595	0.542	0.043	0.045	0.044	0.047
	G	0.045	0.052	0.044	0.043	0.045	0.051
	H	0.045	0.051	0.040	0.043	0.040	0.051

	7	8	9	10	11	12
A	0.058	0.044	0.040	0.042	0.041	0.045
B	0.046	0.039	0.041	0.045	0.052	0.049
C	0.046	0.064	0.046	0.045	0.057	0.046
D	0.055	0.056	0.042	0.045	0.045	0.047
E	0.088	0.042	0.042	0.048	0.040	0.047
F	0.043	0.046	0.042	0.036	0.042	0.044
G	0.044	0.048	0.042	0.042	0.042	0.042
H	0.040	0.039	0.041	0.042	0.042	0.042

Cualquier consulta o duda sobre el funcionamiento del equipo busque a los encargados:

- Maximiliano Rios (EN)**
- Santiago Fornasier (EN)**
- Glenda Martin (EPA)**