

# BioTek 多功能酶标仪

## 用户手册

基因有限公司

2018 年 12 月

# 目录

- 一、 仪器和软件操作流程
- 二、 常见应用举例
- 三、 日常维护方法及注意事项
- 四、 附录

## 一. 仪器和软件操作流程

### (一) 开机:

首先打开外置电源，外置电源有独立的电源开关，将其打开；之后打开位于仪器正面左下角或右下角的电源开关，主机进入自检程序（此过程中不要对仪器进行任何操作）。自检完成后，主机机身内的蜂鸣器会发出一声短响，之后微孔板托架会自动弹出。仪器启动之后，再开启电脑，打开软件；关机则相反。

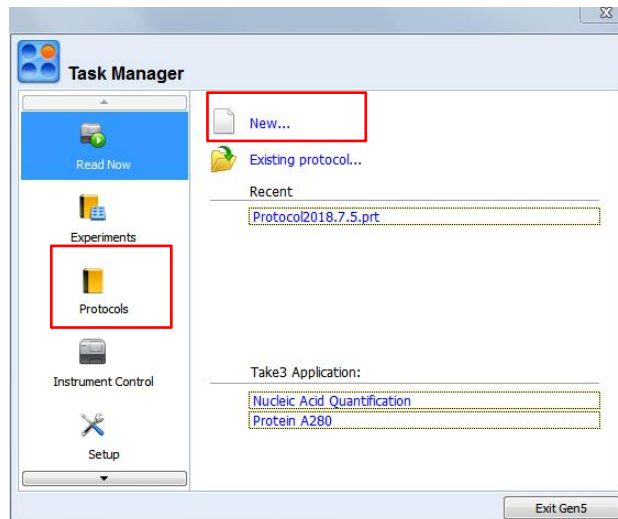
注意：电源开关下方设置有孔板弹进弹出按钮，操作人员可手动将孔板弹进弹出，但是读板过程中切勿使用。

### (二) 介绍仪器工作原理，主要是内部光路系统（见附录）

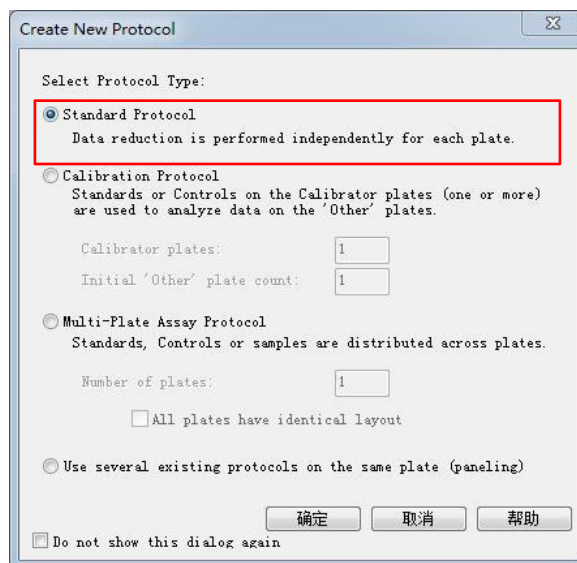
### (三) 软件操作讲解

#### Protocol 建立

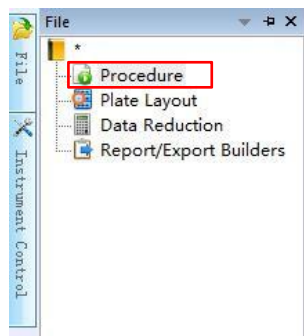
1、打开 Gen5 软件，在任务管理器界面，选择“Protocol- create new ”，出现 如下界面：



- 1) Read now: 可立即设置程序，运行实验。
- 2) Experiment: 包括protocol及至少一个plate信息。选择experiment后可以选择新建一个experiment或运行存在的实验。
- 3) Protocol: 是没有数据的实验程序设置。可被保存为独立文件，可充当无限量实验的模板。更改protocol后，之前基于该protocol运行的实验结果不会更改。



2、选择建立 Standard protocol，出现如下界面：



注意：下面所述为完整版检测步骤，并不是每一步骤都要用到，而是根据实验的具体需要来进行任意步骤的组合。选择的步骤会出现在下图中的“Description”中，操作者可通过简单的拖动对设置步骤顺序进行上下调节，仪器按照设置步骤的顺序进行读板。

2、选择“Procedure”，出现如下界面

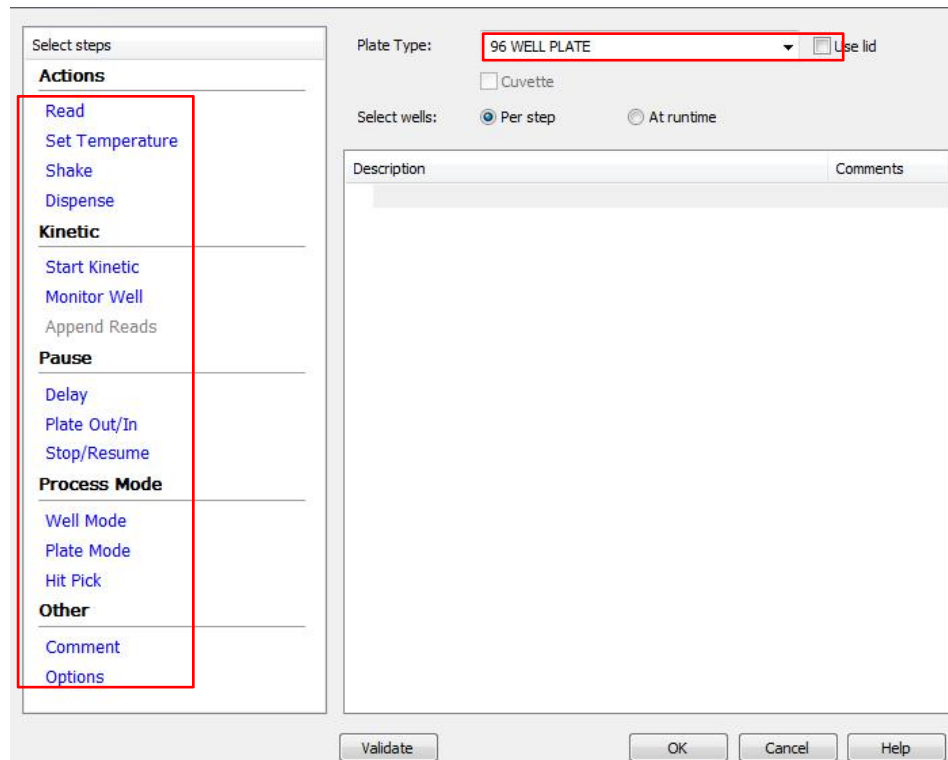
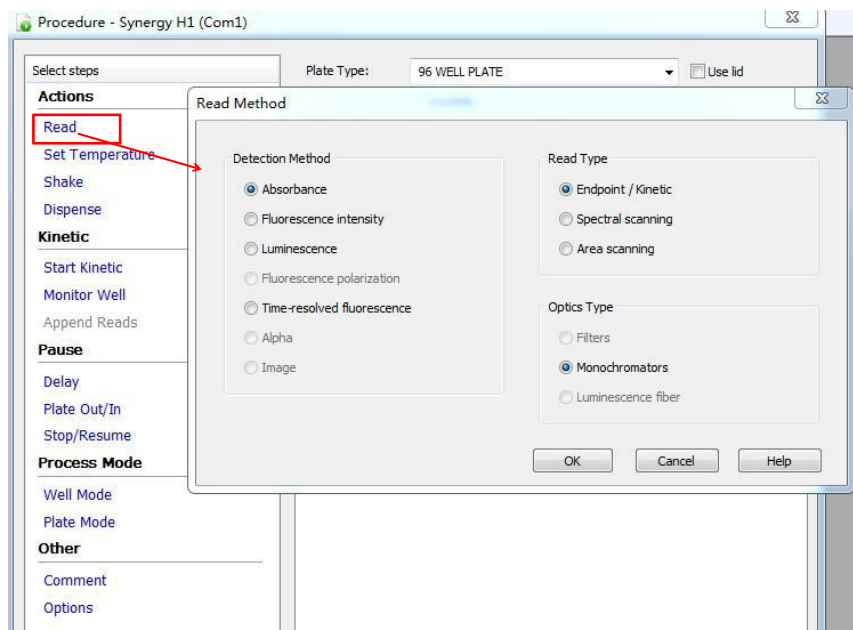


Plate Type: 96 WELL PLATE ， 在下拉框中选择酶标板的型号和类型。

Use lid ， 根据实验类型， 选择加盖或不加盖。

### (1) Read 设置

1、读板选项， 单击 Read 按钮， 出现如下界面，



Detection Method 检测方式：（根据实验情况及仪器配置情况进行选择）

Absorbance: 吸收光检测

Fluorescence intensity: 荧光强度检测

Luminescence: 发光检测

Luminescence polarization: 荧光偏振

Time-resolved fluorescence: 时间分辨荧光

Alpha: Alpha 检测

Read Type 读板类型：

Endpoint/Kinetic: 终点法

Spectral scanning: 区域扫描法

Area scanning: 光谱扫描法

Optics Type 光学元件选择：

Filter: 滤光片

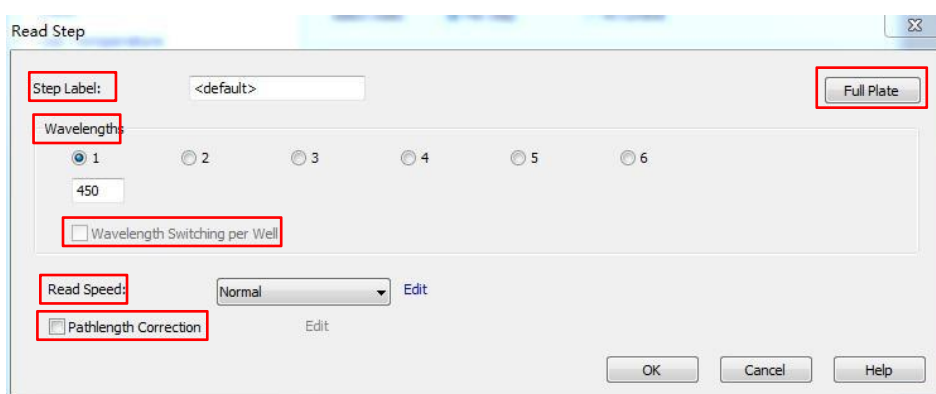
Monochromators: 单色器

Luminescence fiber: 光纤

## (2) 吸收光检测

### 1、选择读板类型

Endpoint 终点法（为仪器读板最常用的检测类型），得到如下界面：



1) Step label: 对所进行的读取步骤进行命名；

2) Full plate: 选择需检测的孔，注意“Full plate”选项会出现在不同步骤设置中，定义该步骤所对应的孔；

3) Wavelengths: 对检测的波长进行定义。做吸收光检测时可同时检测6个波长，波长数值

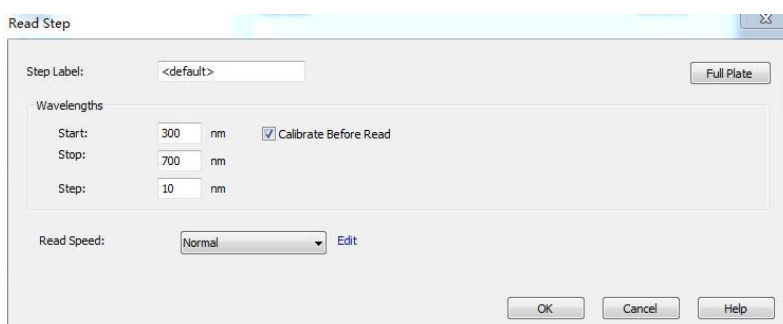
可手动输入；

4) Wavelength Switching per Well: 对不同波长的检测进行切换方式的选择，若勾选表示每个孔先进行 1 波长的检测，再切换到 2 波长检测，然后进行下一个孔的检测；

5) Read speed: 定义阅读的速度（通常选择“Normal”）；

6) Pathlength correction: 光程校正（只针对核酸检测，表示对样本孔的值进行光程校正，因为酶标板各样本孔内样本液的高度不一定为1cm，使用该选项，可自动把吸收值校正为光程1cm 时的吸收值；如果进行蛋白检测无需勾选此选项）；

### Spectral scanning 光谱扫描法:



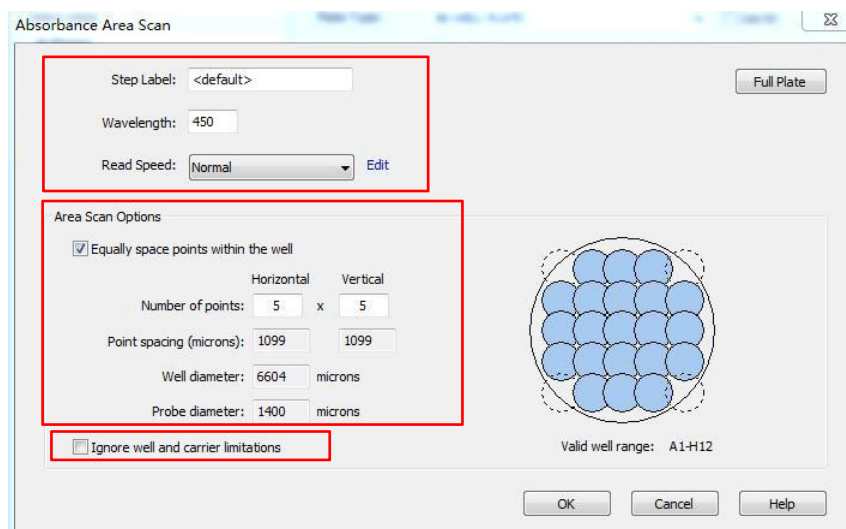
1) Step label: 对所进行的读取步骤进行命名；

2) Full plate: 选择需检测的孔；

3) Wavelengths: 对检测的波长进行定义。设置扫描的起始波长、终止波长和波长间隔，终止波长必须大于或等于起始波长；

4) Read Speed: 读板速度，推荐正常速度；

Area scanning 区域扫描法: 选择该功能可以对每个孔进行多次读数，读数的次数通过设置矩阵的大小来控制，读数次数越多准确度越高，但是读板的速度会降低。

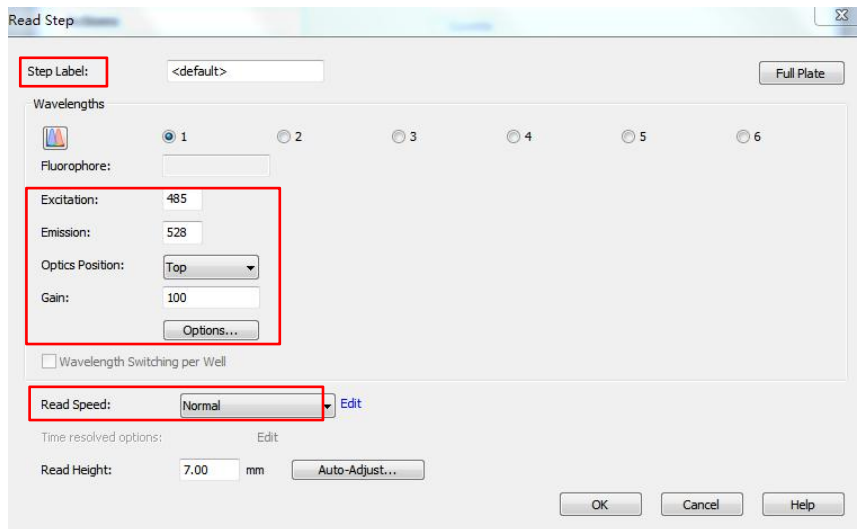


1) Area Scan Options: Equally space points within the well: 孔内设置的点水平方向与垂直方向的点数目、大小相同;

2) Ignore well and carrier limitations: 忽略孔边缘的限制。

### (3) 荧光检测

Endpoint 终点法:



1) Step label: 对所进行的读取步骤进行命名;

2) Full plate: 选择需检测的孔; 注意“Full plate”选项会出现在不同步骤设置中, 定义该步骤所对应的孔;

3) Wavelengths: 对检测的波长进行定义。做吸收光检测时可同时检测6个波长, 波长数值可手动输入。

4) Excitation: 激发光波长;

5) Emission: 发射光波长;

6) Optcis position: 选择顶读或底读, 均相溶液和悬浮细胞检测用顶读, 贴壁细胞检测用底读;

7) Gain: 增益值, 可选择自动调整, 若测的值偏低, 可手动输入提高;

8) Wavelength Switching per Well: 对不同波长的检测进行切换方式的选择, 若勾选表示每个孔先进行 1 波长的检测, 再切换到 2 波长检测, 然后进行下一个孔的检测;

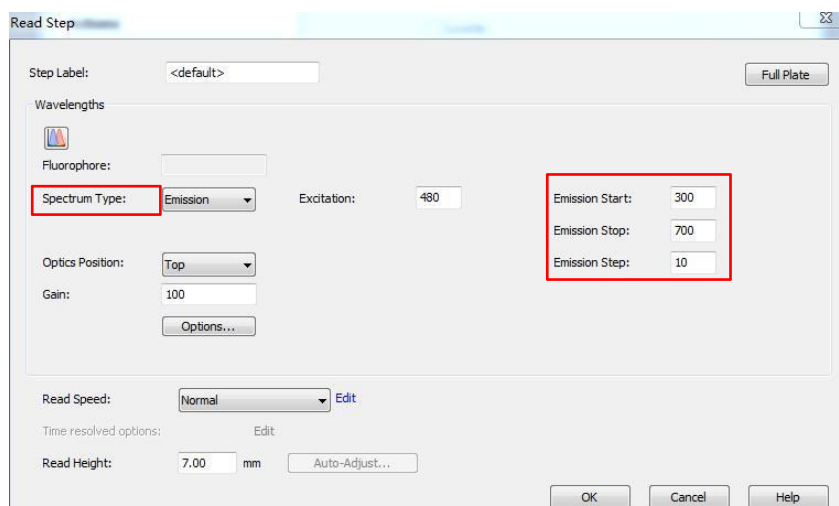
9) Read speed: 定义阅读的速度 (通常选择“Normal”);

10) Pathlength correction: 光程校正 (只针对核酸检测, 表示对样本孔的值进行光程校正, 因为酶标板各样本孔内样本液的高度不一定为1cm, 使用该选项, 可自动把吸收值校正

为光程1cm时的吸收值；如果进行蛋白检测无需勾选此选项）；

11) Read Height: 可选择自动调节。

### Spectral scanning 光谱扫描法:



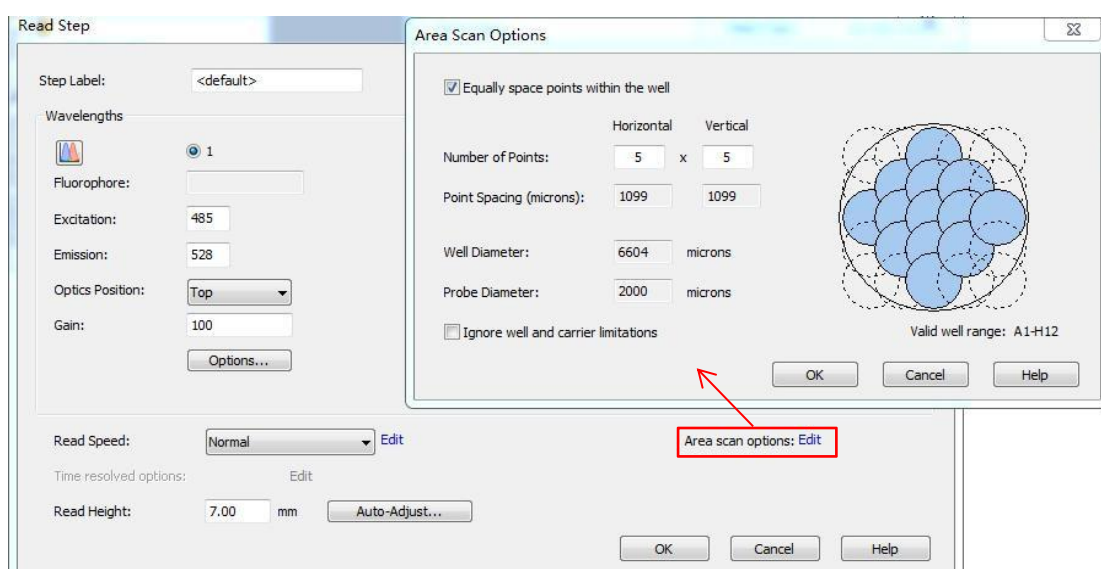
1) Spectrum Type: 选择光谱扫描类型，选择激发光或发射光，再设置起始波长、终止波长和波长间隔；

2) Optics position: 选择顶读或底读；

3) Gain: 增益值，可选择自动调整，若测的值偏低，可手动输入提高；

4) Read speed: 定义阅读的速度（通常选择“Normal”）；

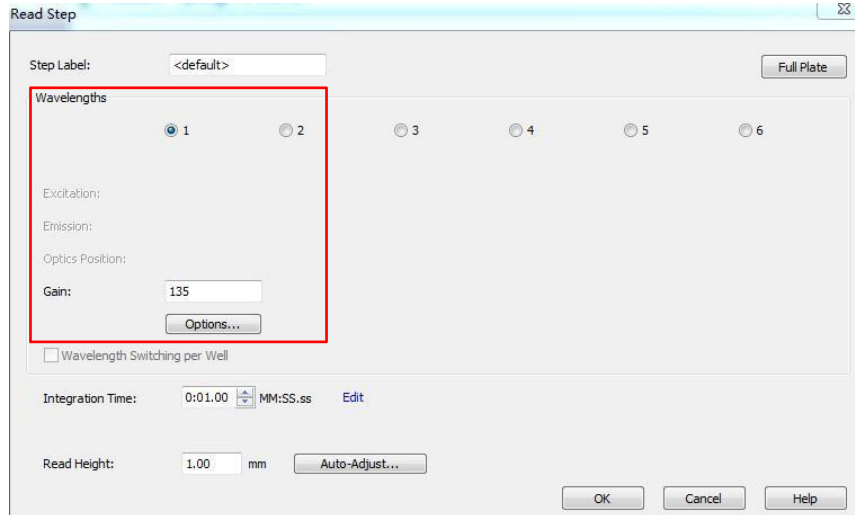
### Area scanning 区域扫描法:



点击右侧选择 Edit 进行区域扫描的选择，其余与上面吸收光设置的方法一致。

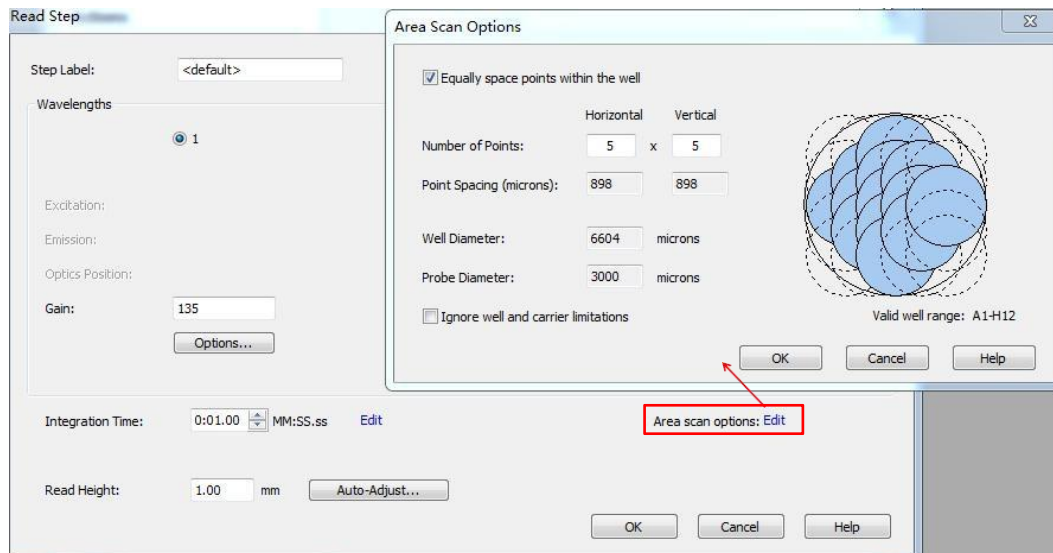
#### (4) 发光检测

Endpoint 终点法: 选择光纤, 无需输入波长;



Integration time: 积分时间设置, 根据实验进行具体的设置; 其余设置与吸收光终点法一致

Area scanning 区域扫描法: 界面如下, 设置可参考前面

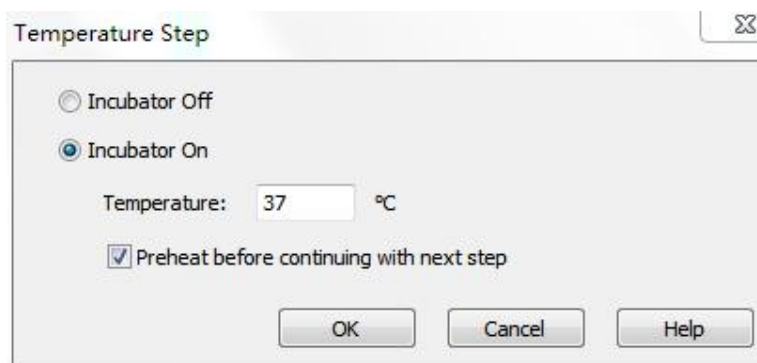


#### (5) Set Temperature

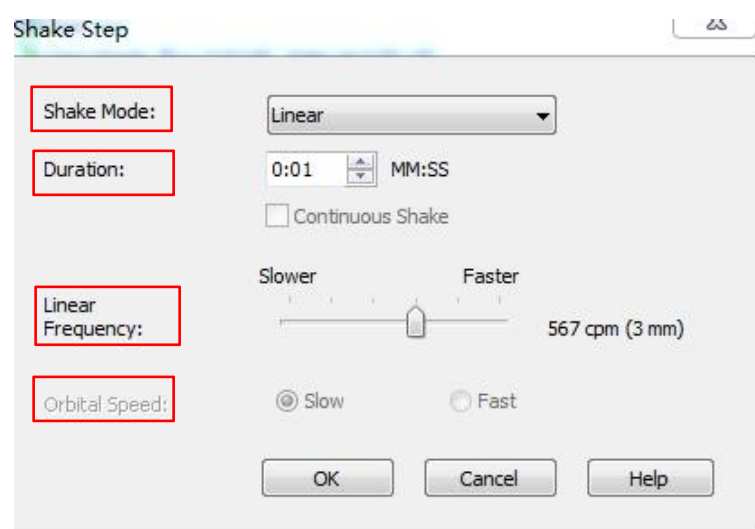
温度设定, 单击Set temperature按钮

Incubator off: 温度孵育关闭

Incubator on: 温度孵育打开, 并设定时间, (并可选择是否预热)



#### (6) Shake: 振荡



1) Shake Mode: Linear (线性)、Orbital (轨道)、Double Orbital (双轨道);

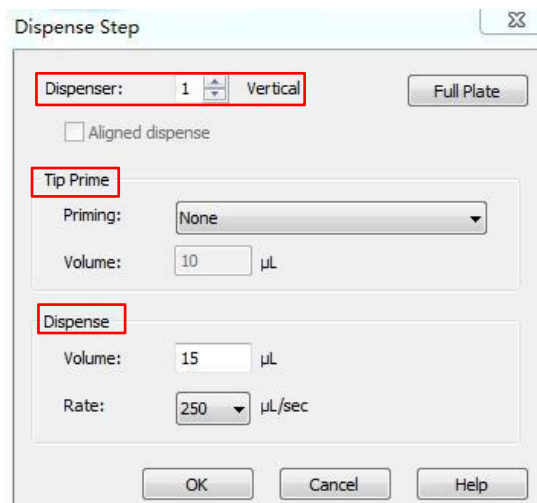
2) Duration: 根据实验需求选择振荡的时间;

3) Frequency: 选择振荡频率;

4) Orbital Speed: 轨道振荡速度, 可选择慢或快;

#### (7) Dispense

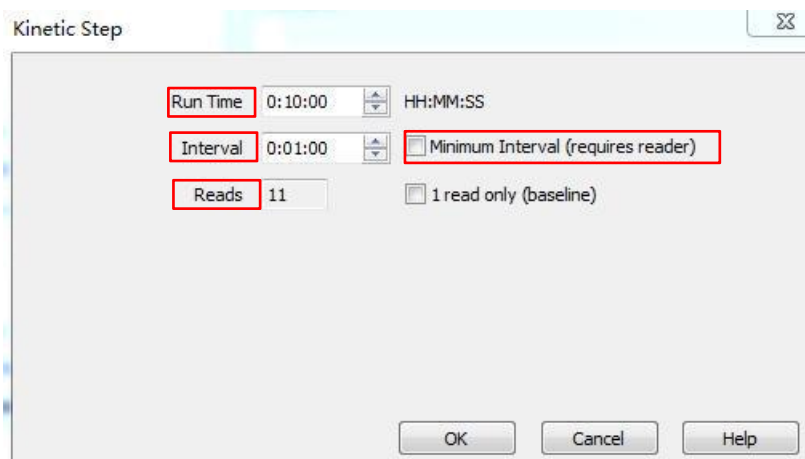
分液装置 (根据实验需要进行设置), 单击 Dispenser 按钮



- 1) Dispenser: 选择进样器（一般为两个），可以按照实验需要对进样器进行设置；
- 2) Tip prime: 选择是否需要将分液器的尖端充盈，防止空气的残留，并选择充盈的液体体积；
- 3) Dispense: 选择进样的体积和进样的速度；

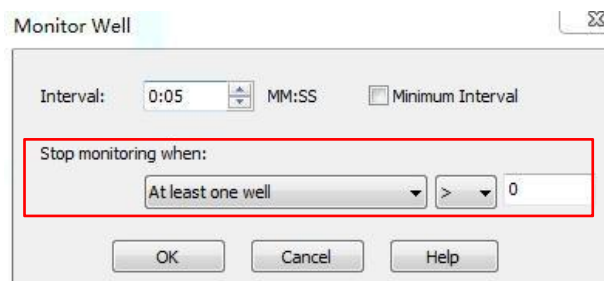
#### (8) Start Kinetic

定义动力学检测，单击 start kinetic 按钮



- 1) Run time: 运行总时间
- 2) Interval: 读数间隔时间
- 3) Reads: 读数次数
- 4) Minimum interval: 选择最小读数间隔时间

### (9) Monitor Well



对一个孔或者一组孔设置一个标准，只有当指定的孔达到标准，才会开始设定程序的阅读。

### (10) Delay

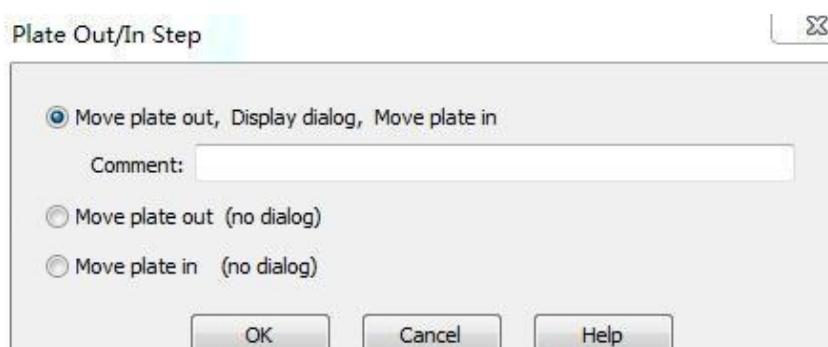
延时，单击 Delay按钮



Delay time: 选择在何步骤进行停顿以及停顿的时程。

### (11) Plate Out/In

酶标板的进出控制，单击 Plate out/in 按钮，根据需要选择



- 1) 酶标板弹出，显示对话框（comment 中填写对话），酶标板弹入
- 2) 酶标板弹出无对话框
- 3) 酶标板弹入无对话框

## (12) Stop/Resume

读数结束选择，是否选择结束前弹出酶标板并添加提示语



## (13) Well Mode

孔模式选项，读板时逐孔读数，加一孔读一孔。该选项在使用分液装置的情况下经常采用。

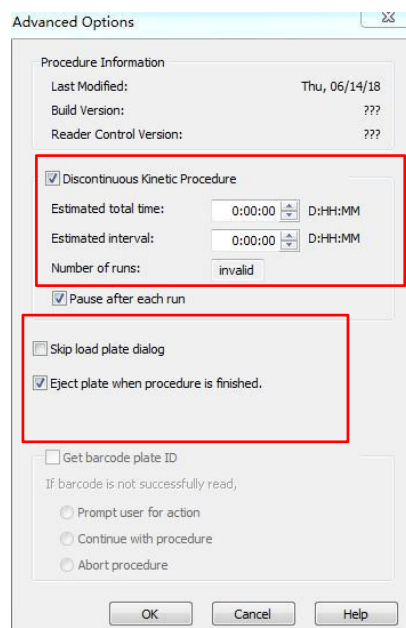
## (14) Plate Mode

板模式，读板时为整板读数，加完整板后读数

## (15) Comment

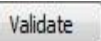
添加提示语，可选择程序运行时显示提示语。

## (16) Options



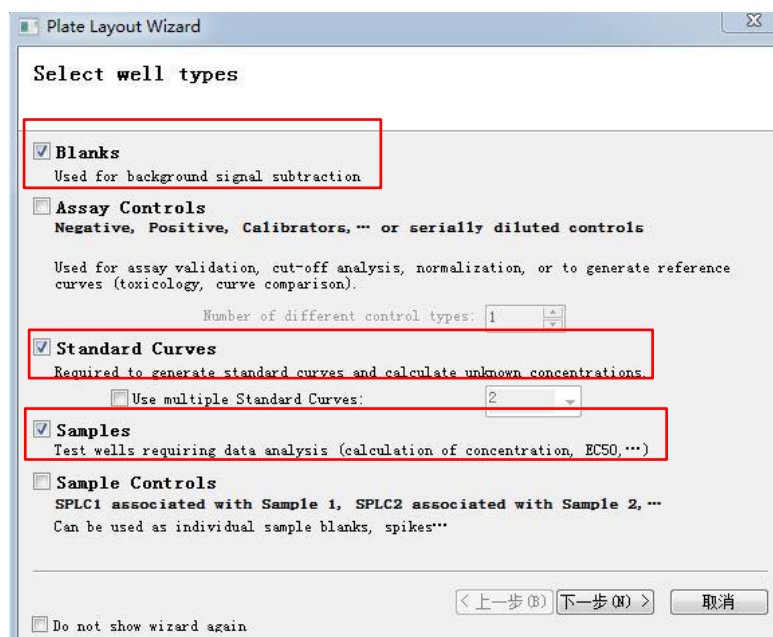
- 1) Discontinuous Kinetic procedure: 不连续动力学设置，较长间隔的活细胞检测可支持样品取出，以提高仪器使用效率。软件自动记忆成像点坐标；
- 2) Pause after each run: 每次读板完即停，不勾选
- 3) Skip load plate dialog: 跳过加载酶标板对话框，不建议勾选；
- 4) Eject plate when procedure is finished: 程序结束后弹出酶标板。

### (17) Validate

 : 对所编写的程序是否符合逻辑进行有效性验证，如果不符合，会显示问题在几步无效。

### 布板设置

选择  Procedure  
 Plate Layout  
 Data Reduction  
 Report/Export Builders 图标中plate Layout的，出现如下界面：



(1) 选择检测的孔类型，有 Blank、Assay Control、Standard Curves、Samples、Sample Control 等可供选择。根据个人实验设计选择相应的孔类型。下面以选择 Blank、

Standard Curves、Sample 孔类型为例；

(2) 勾选 Blank、Standard Curves、Sample 后，点击“Next”，出现如下界面，首先对“Blank”（BLK）进行编辑；

**Blank**  
Please define the settings of Blank.

Plate Layout ID: BLK Full Name: Blank, Buffer

Replicates: 1

Colors

Text color: [Black]

Background Color: [Cyan]

Do not show wizard again

< 上一步 (B) 下一步 (N) > 取消

Replicates: 输入空白孔的重复数；

Colors: 对“Blank”孔的显示进行字体和背景颜色设置。

(3) 点击“Next”后，对“Standard Curves”（STD）进行编辑

**Standard Curve #1**  
Please define the settings of Standard Curve #1.

Plate Layout ID: STD Full Name: Standards, reference curve...

Replicates: 3

Conc. \Dil. values Colors

Define dilutions/concentrations

Type: Concentrations Unit:

STD1	100
STD2	200
STD3	400
STD4	800
STD5	1600
STD6	
STD7	
STD8	

Auto

Increment: [ ]

Factor: 2 [ ]

Ratio: [ ]

Clear list

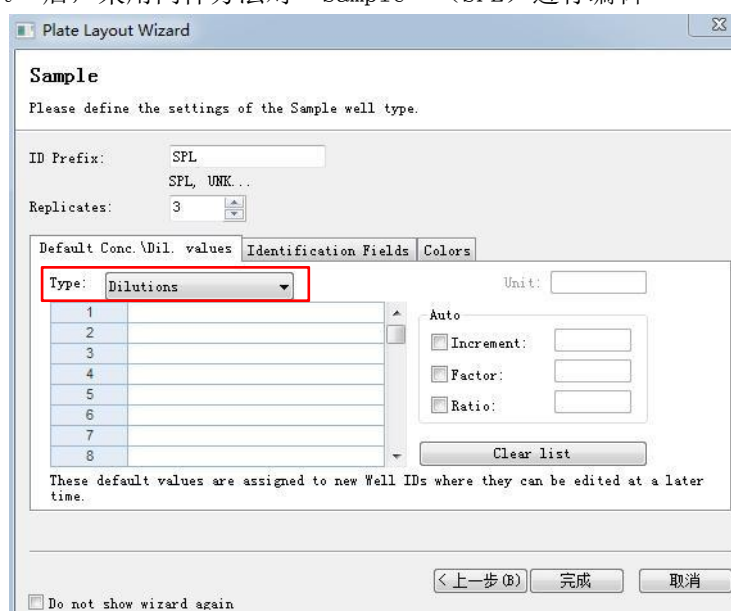
Do not show wizard again

< 上一步 (B) 下一步 (N) > 取消

1) Replicates: 输入每一浓度孔的重复数；

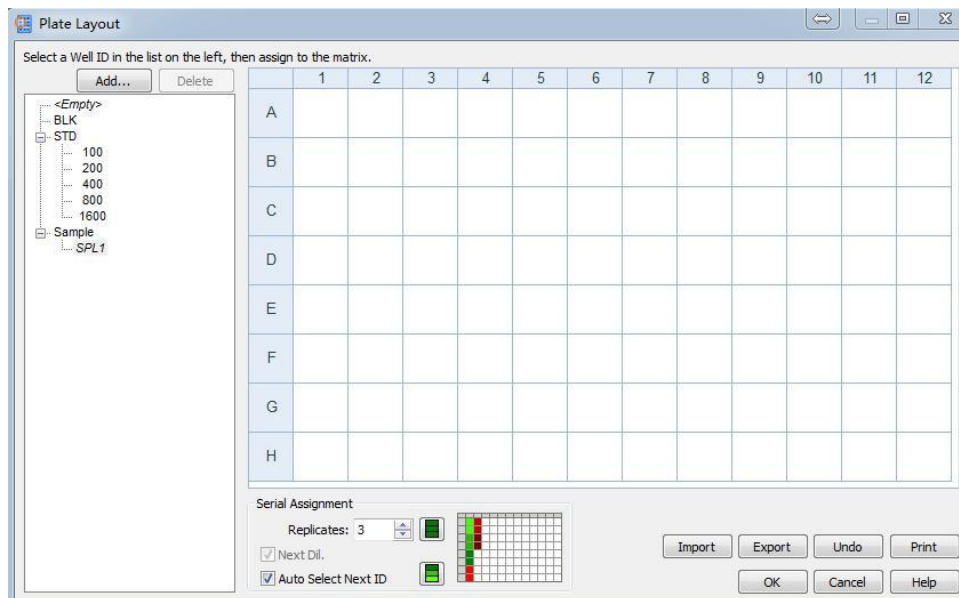
- 2) Concentrations: 以浓度定义标准品类型;
- 3) Unit: 标准品的浓度单位;
- 4) Increment: 表示标准品间浓度差异为递增;
- 5) Factor: 表示标准品间浓度差异为递乘, 可输入小数或者整数, 不可是分数; 在 STD1 中输入首个浓度值后, 依次点击 STD2. 3..., 相应数值会自动显示;
- 6) Ratio: 表示标准品间浓度差异为递除, 可输入小数或者整数, 不可是分数; 在 STD1 中输入首个浓度值后, 依次点击 STD2. 3..., 相应数值会自动显示。


(4) 点击“Next”后, 采用同样方法对“Sample”(SPL)进行编辑



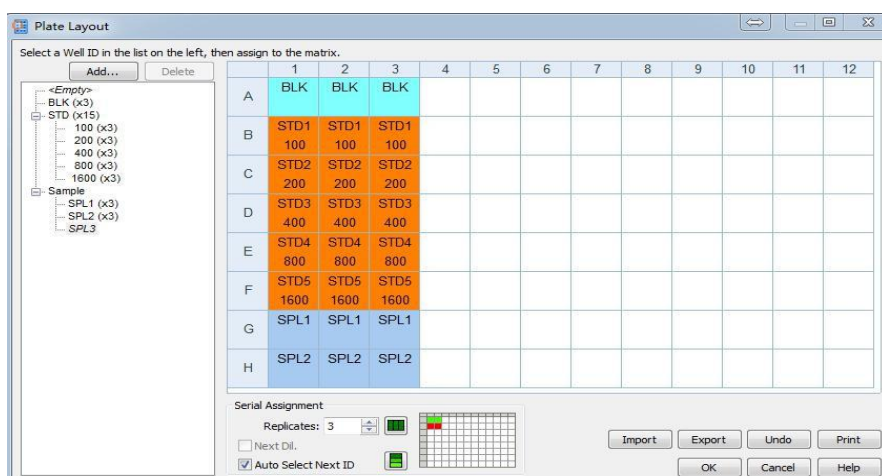
Type: 可选择 concentration 或 Dilution, 以浓度或稀释倍数来定义样品。点击“完成”后, 出现如下界面:


(5) 在上图左框中选择需定义的孔类型, 然后在右侧空白的 96 孔板中进行点击排布。



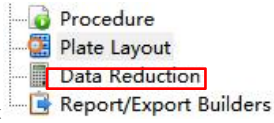
- 1) Add: 添加其他的孔类型;
- 2) Delete: 删除孔, 删除时需先选择“SPL1”之类的孔编号, 才能执行删除;
- 3) Auto Select Next ID : 孔编号自动递增;
- 4)  : 孔编号时横排或者竖排选项;
- 5) Import: 将之前设置好的板布局导入;
- 6) Export: 将板布局导出;
- 7) Undo: 撤销选项。


(6) 布好的平板图如下所示:

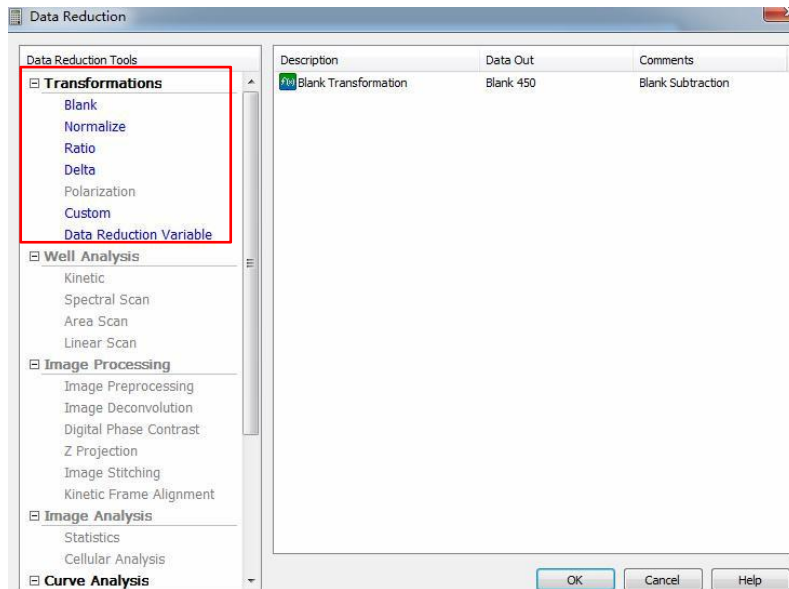


- (7)  保存 protocol, Read 存好的 protocol。

## 数据分析设置

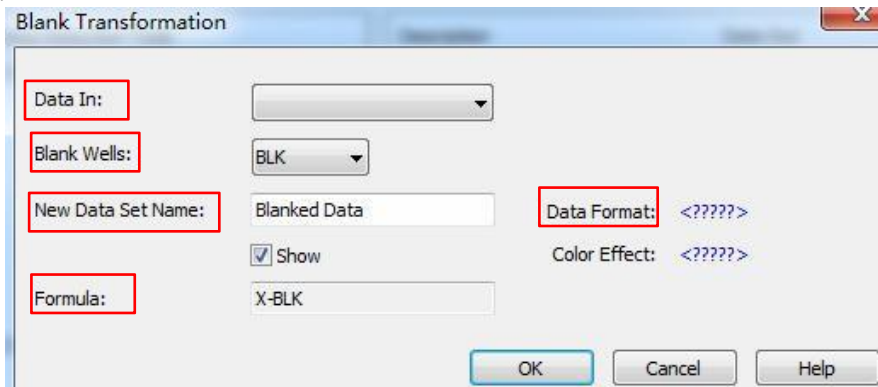


(1) 选择  图标中的Data Reduction，出现如下界面：



(2) Transformation：使用软件自带的公式或自定义的公式对数据进行加减乘除等运算。之前孔类型选择时，选择了 BLK 孔类型，软件会自动计算出扣除 BLK 的孔相应数值，如上所示：“Blank 450”，如果没有选择 BLK 孔类型，则没有此数值。

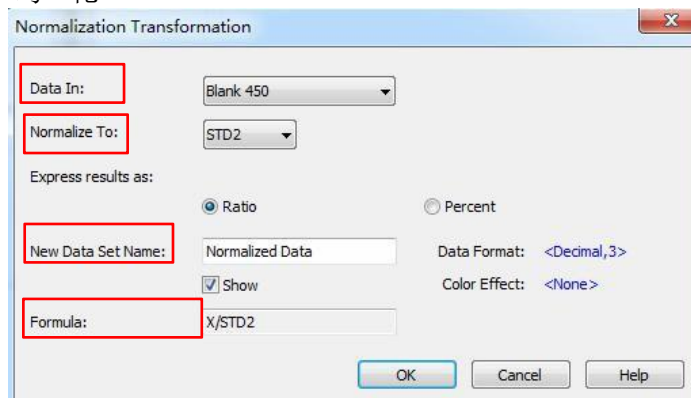
Blank:



- 1) Data In: 选择要进行 Blank 处理的数据;
- 2) Blank Wells: 选择当做 blank 的孔;
- 3) New Data Set Name: 设置新数据的名称;
- 4) Data Format: 数据的显示形式, 可选择小数或有效数字;

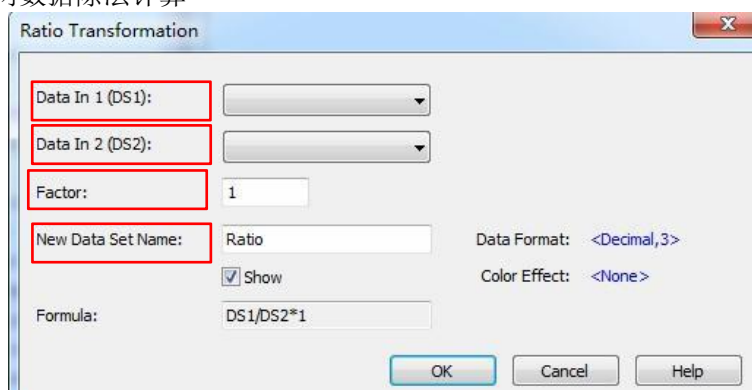
5) Formula: 计算公式。

(3) Normalize: 均一化



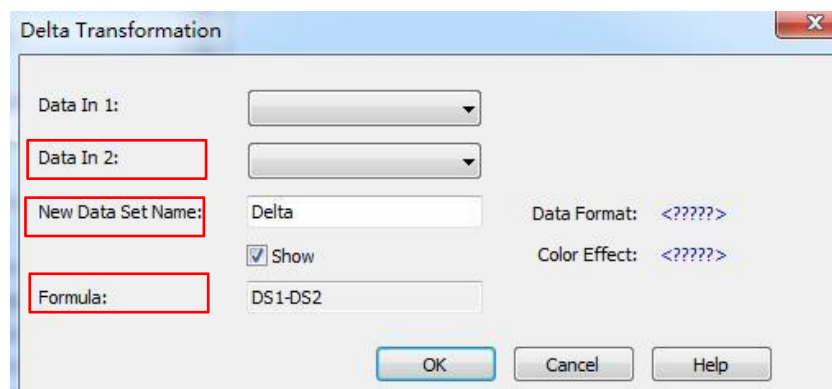
- 1) Data In: 选择要进行均一化处理的数据;
- 2) Normalize To: 选择被参考的数据;
- 3) Express result as: 选择数据显示形式, 可以小数或是百分数;
- 4) New Data Set Name: 设置新数据的名称;

(4) Ratio: 两数据除法计算



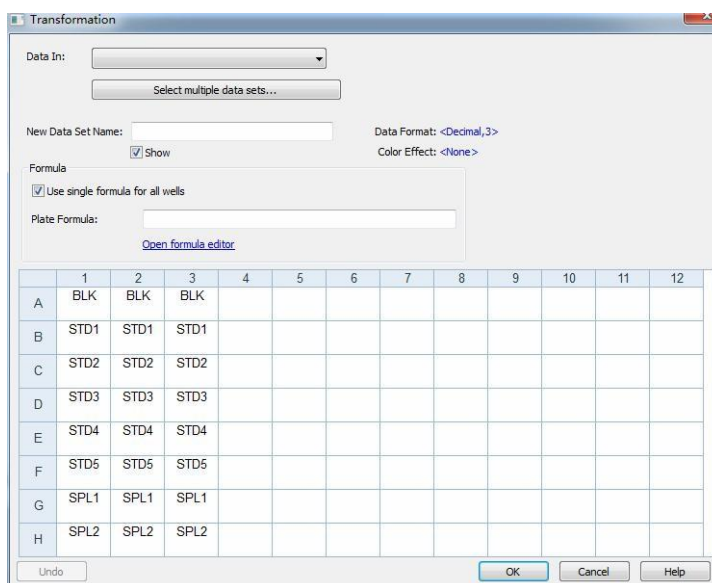
- 1) Data In 1: 选择作为分母的数据;
- 2) Data In 2: 选择作为分子的数据;
- 3) Factor: 因子, 可手动输入具体数值;
- 4) New Data Set Name: 设置新数据的名称;

(5) Delta: 两数据减法计算

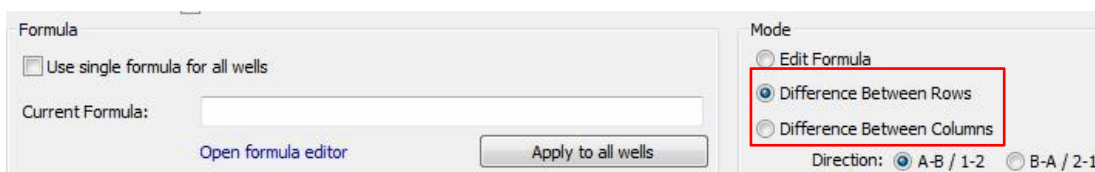


- 1) Data In 1: 选择作为被减数的数据;
- 2) Data In 2: 选择作为减数的数据;
- 3) New Data Set Name: 设置新数据的名称;

(6) Custom: 客户公式自定义



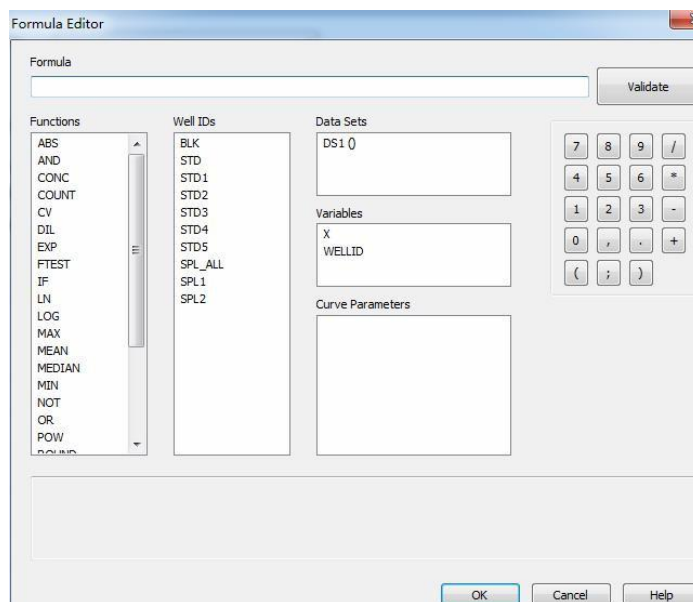
- 1) Data In: 选择要处理的数据;
- 2) New Data Set Name: 设置新数据的名称;
- 3) Formula: 公式设置;
- 4) Use single formula for all wells: 将计算公式运用于整板。如果只对单独的孔进行计算, 则不需勾选, 输入公式后选择板子上的孔;



5) Difference Between Rows: 可以进行行间的差值计算, 再选择方向, A-B/1-2 表示从顶部开始减去下部的行;

6) Difference Between Columns: 可以进行列间的差值计算, 再选择方向, A-B/1-2 表示从左部开始减去右边的列;

7) Open formula editor:

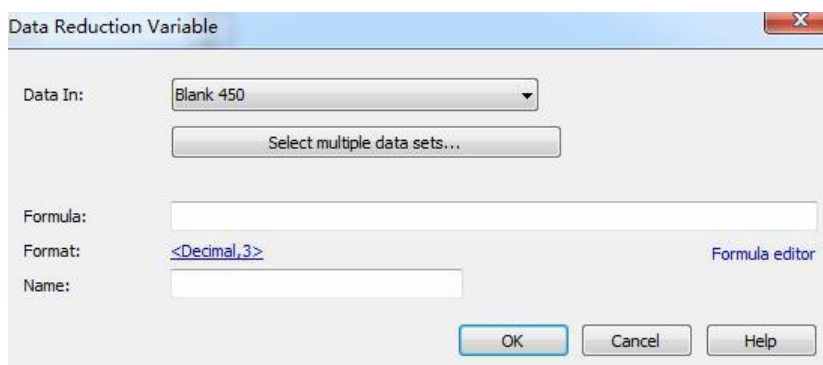


8) DS1: 表示 Data in 时选择的数据;

9) X: 表示当前孔中的数值;

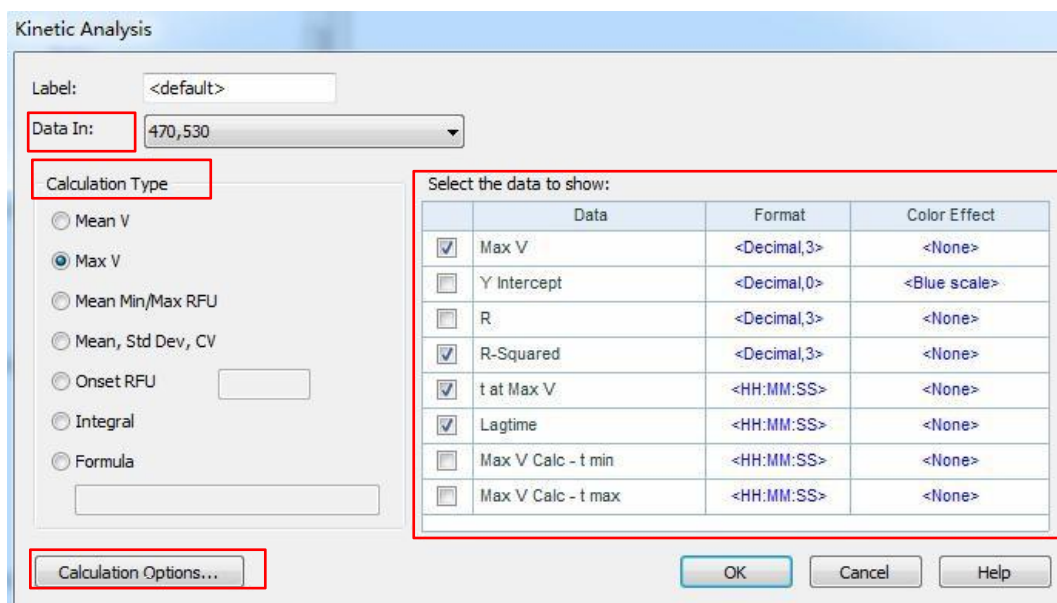
10) WELLID: 代表每个组的数据平均值;

(7) Data Reduction V Variable: 适用于计算中需要使用固定值如校正因子或其他常量。

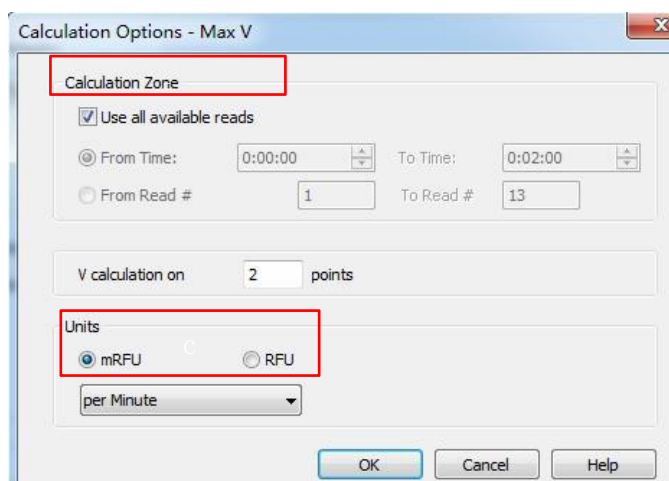


(8) Well analysis : 对动力学或光谱扫描等模式得到的数据进行分析;

(9) Kinetic Analysis: 动力学分析, 得到的界面如下



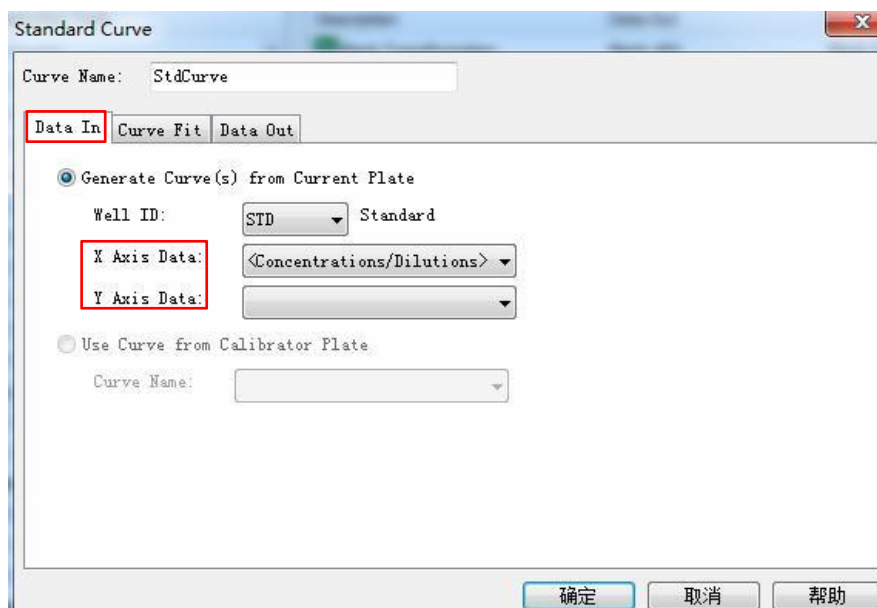
- 1) Data In: 选择要处理的数据;
- 2) Calculation Type: Mean V (平均斜率), Max V (最大斜率), Mean Min/Max RFU (平均最大或最小荧光值或吸光值), Mean, std Dev, CV (平均值、标准偏差、变异系数), Onset RFU (起始荧光值);
- 3) Select the data to show: 根据之前的计算类型, 会有对应的数据可进行勾选, 常用的有R2, Y轴截距, 斜率等;
- 4) Calculation Options: 选择动力学计算的时间范围, 或数值范围; 数据单位选择。



Standard curve: 标准曲线分析

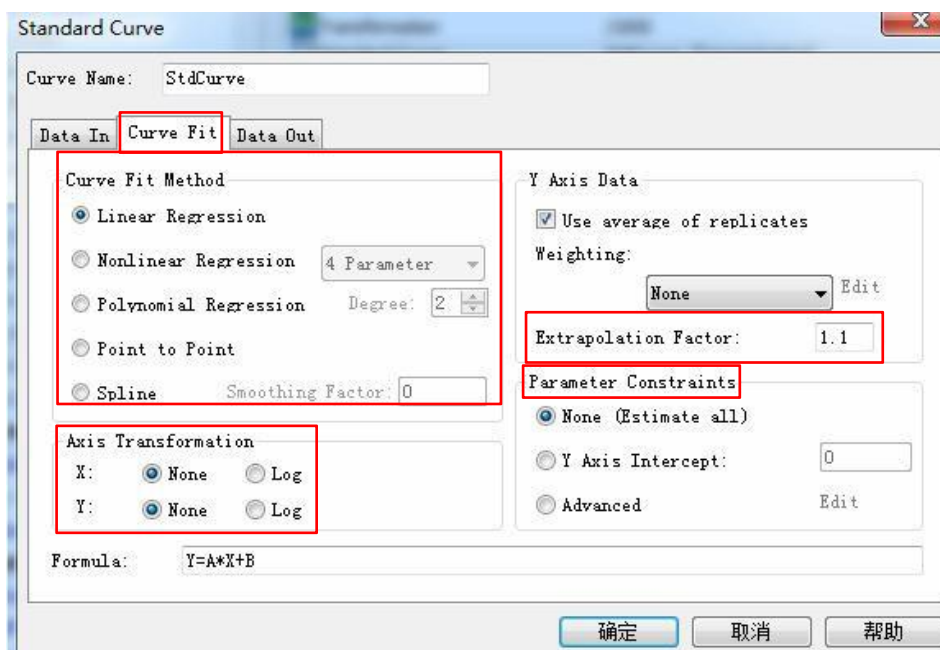
以标准曲线分析为例，选择 Standard Curve 选项，出现如下界面：

### Data In



- 1) Curve Name: 输入曲线的名称；
- 2) Data In: 选择曲线中 X、Y 轴相对应的数值；

### Curve Fit: 曲线拟合选项



1) Curve Fit Method 选择曲线拟合类型;

Linear Regression: 线性回归

Nonlinear Regression: 非线性回归

Polynomial Regression: 多项式回归

Point to point : 点对点

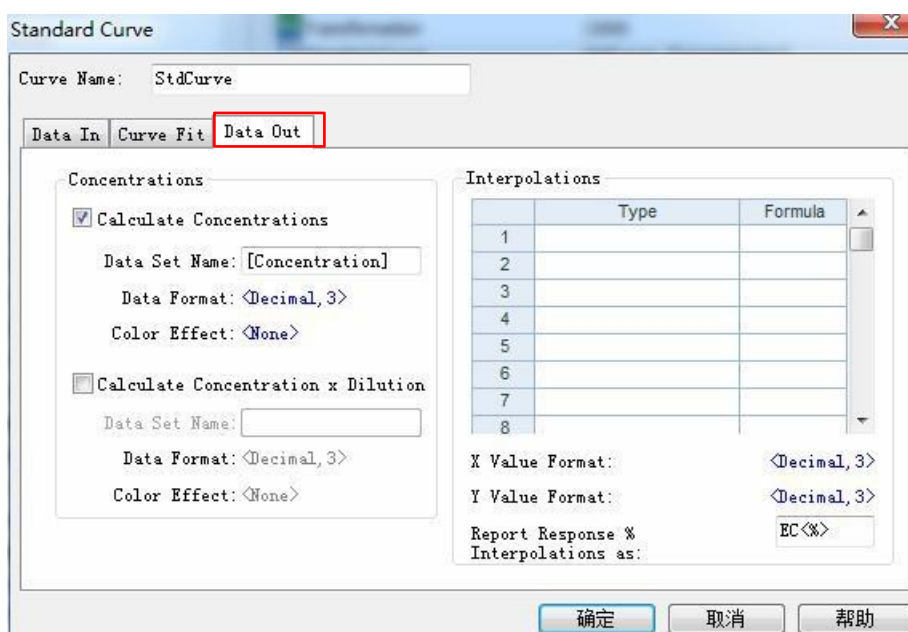
Spline: 样条曲线

2) Axis Transformtion: X、Y 轴的线性关系 “None” 或者 log;

3) Extrapolation Factor: 外推因子, 对超出标准浓度的样本进行推算;

4) Parameter Constraints: 参数约束选择

#### Data Out: 数据输出选项



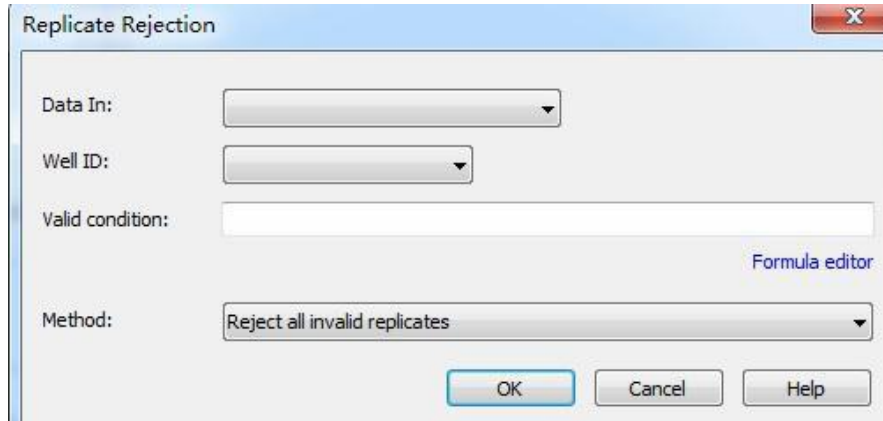
1) Concentrations: 定义计算值的名称;

2) Interpolations: 在该对话框内; 可以定义最多20个Y值 (公式、数字), 其对应的 X 值 (浓度) 就会计算出来, 并显示在标准曲线上;

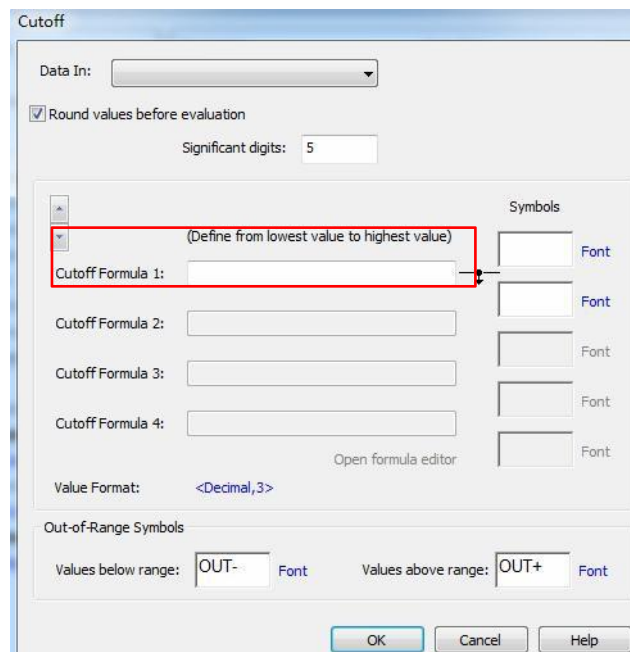
3) 每次设置结束点击 OK 保存设置;

(11) Qualitative Analysis/QC

Replicate Rejection: 试剂盒常建议忽略那些不符合某些标准的数据，此步骤可以实现这一步

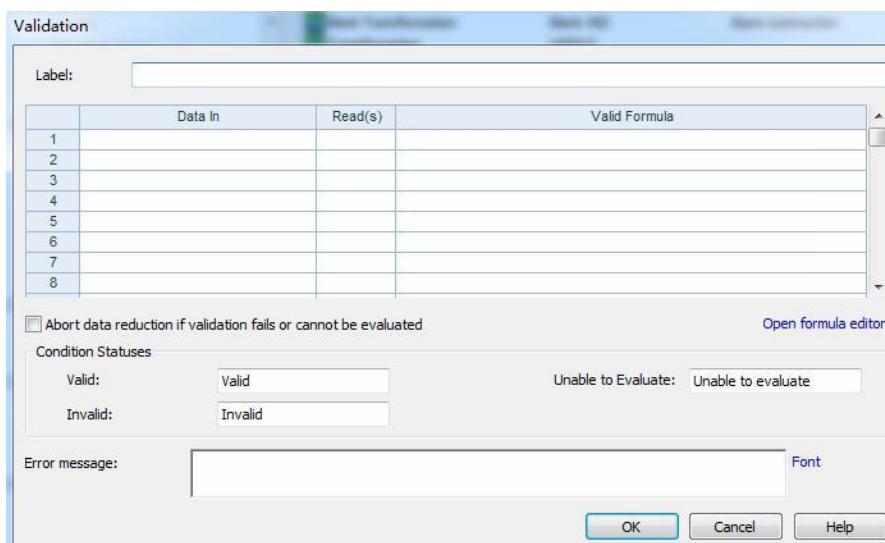


(11) Cutoff: 临界值设定



- 1) Data In: 选择要进行分类的数据;
- 2) Symbols: 输入分类显示的标识;
- 3) Cut-off : 输入临界值，临界值可以是数字，也可以是公式或者孔符号。但是必须是升序排列。进行分类的数据首先和第一个分类的标准（1.6）进行比较，如果小于第一临界值就表示为”low”，如果大于等于第一个临界值，则表示为“high”，其他依次类推，可以设定不同级别的分类标准。

(13) Validation: 检验值设置选项



1) Validation 是一系列的判断标准，用来评估获得的数据是否适宜进行后面的计算，Gen5 可定义多达 50 个检验标准。读板完成后，查看每个检验标准的检验情况(根据实验结果在以下三个对话框中填入信息)：

2) Valid Text:条件匹配；

3) Invalid Text : 条件不匹配，计算的结果可信度不高；Unable to Evaluate Text:如果选择的数据不能确定时，可能会出现这种情况。设置成功后点击 OK。

(14) ZPrime: 当板布局中有空白组，对照组或标准品设置时，并且每组至少有两个平行孔，此功能可以使用。用来确定高通量实验中特定分析的适用性。

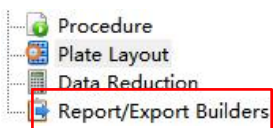


1) Data In: 选择要分析的数据；

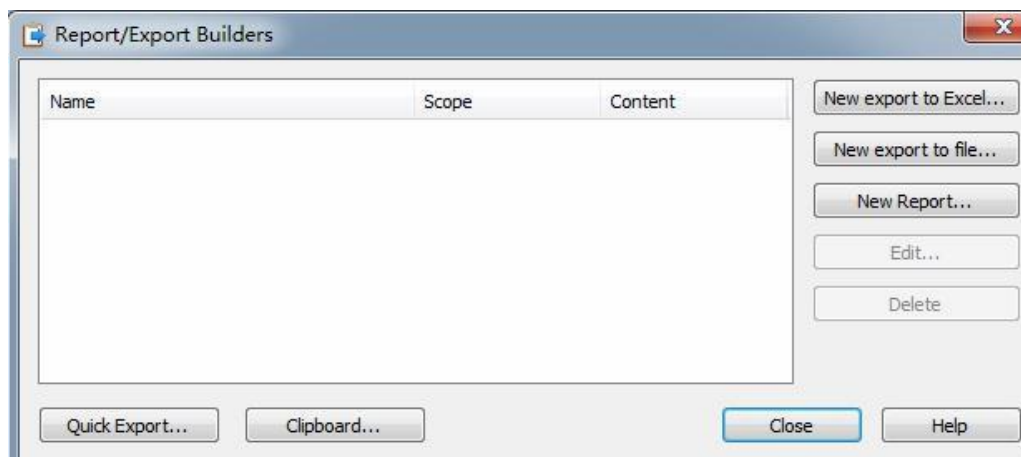
2) Well ID: 选择不同组的孔；

4) New Data Set Name: 设置新数据的名称

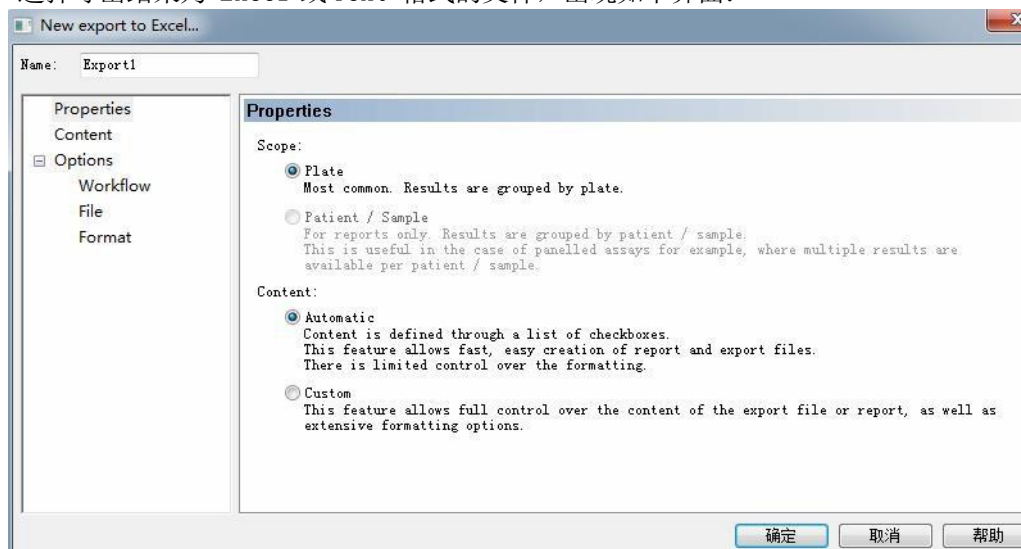
## 构建报告模板





(1) 选择  图标中的Report/Export Builders，出现如下界面：

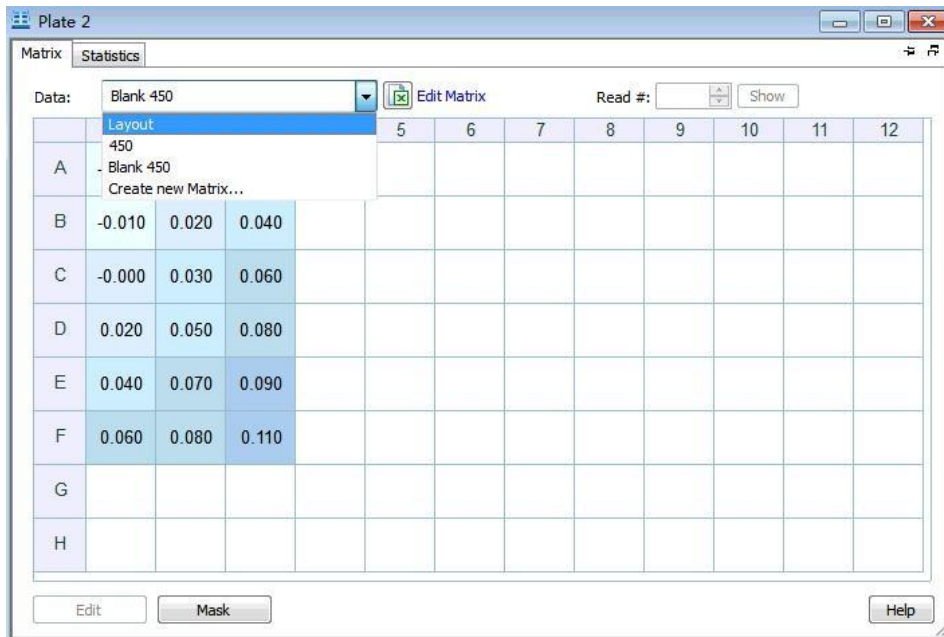



(2) 选择导出结果为 Excel 或 Text 格式的文件，出现如下界面：



(3) 选择需导出的内容，设置成功后点击 OK，点击“Close”关闭此报告模板设置。

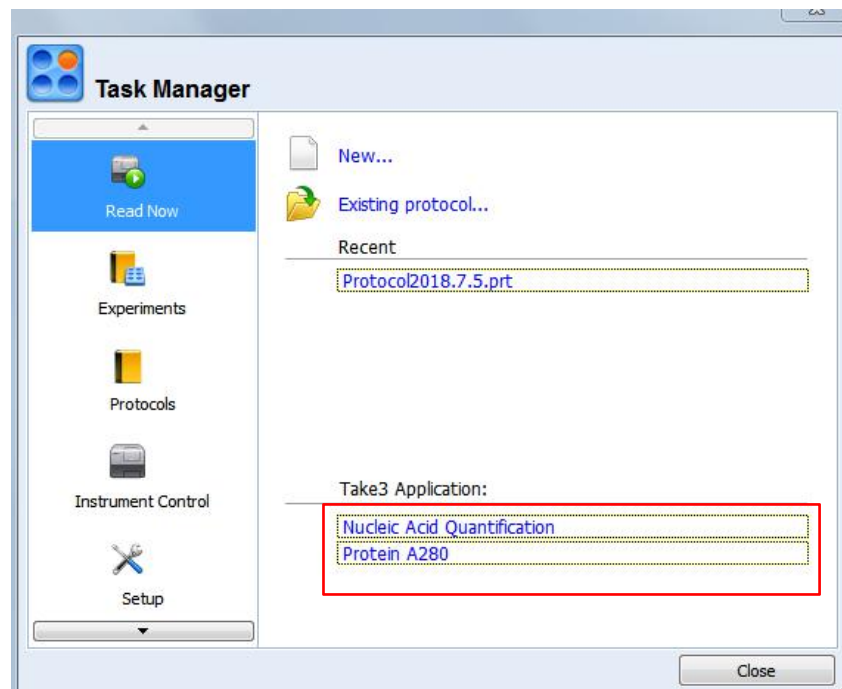
(4) 点击  按钮，根据提示放入样品板，根据提示选取保存路径，开始读板，得到实验结果，从Data 处下拉各查看不同数据，点击  进行保存；



(5) 点击  将数据导出至构建的报告模板中

#### (四) Take 3 板子的使用

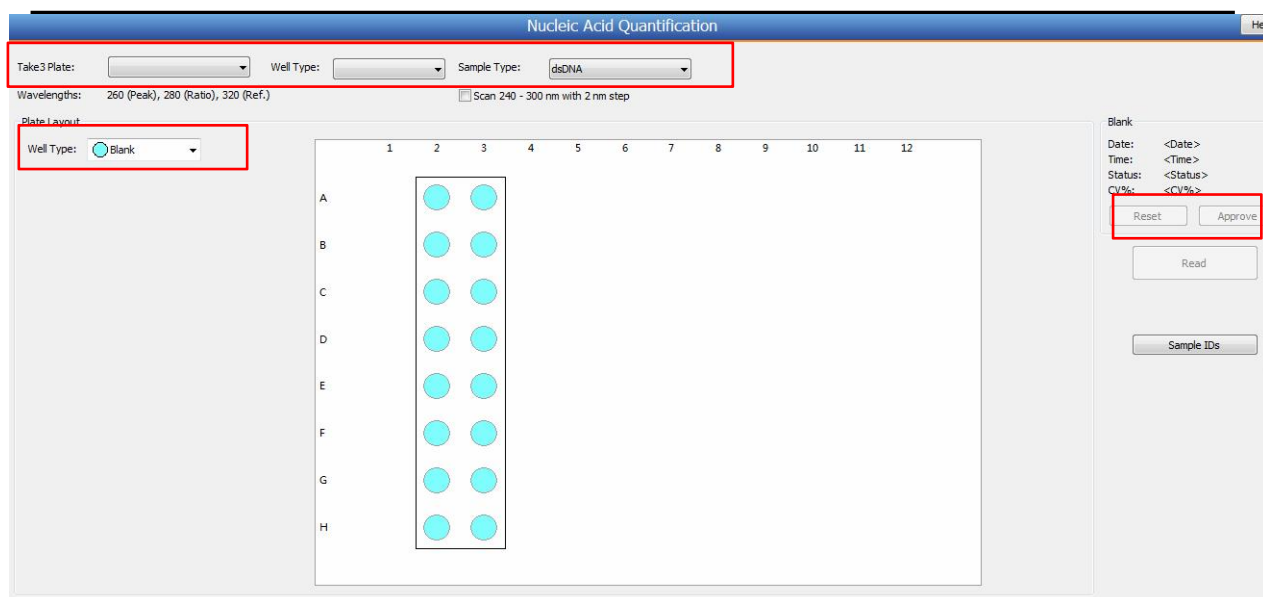
1、点击任务管理器，选择“Read”，点击蛋白或/核酸检测；



2、例如，选择核酸定量，出现核酸定量界面，选择合适的孔类型和样品类型，然后进行板布局。

## Synergy 系列多功能酶标仪用户使用手册

厂家	BioTek	型号	Synergy多功能酶标仪	软件版本号	Gen5 3.03	第 35页, 共45页
----	--------	----	---------------	-------	-----------	-------------



- 1) 样品类型: dsDNA, RNA, ssDNA;
- 2) 孔类型: 微黑子 (即微量样品点), BioCell, 样品池 (即标准比色皿);
- 3) 板布局: 根据具体实验要求选择本底 (即空白) 或样品进行布板。软件会自动计算空白平均值并扣除空白, 再进行样品的浓度计算。

3、加样: 打开微量检测板, 加样后合上微量检测板 微量样品点: 使用移液枪加液 2-5  $\mu$ L。

BioCell: 加样后放置于 A9 和 H9 位置, 并确保加样孔在右侧, 测量时应取下塞子。

标准比色皿: 加样后带塞横放于 E10 和 E11 位置, 并确保比色皿在两孔范围内无气泡, 透明面朝上。

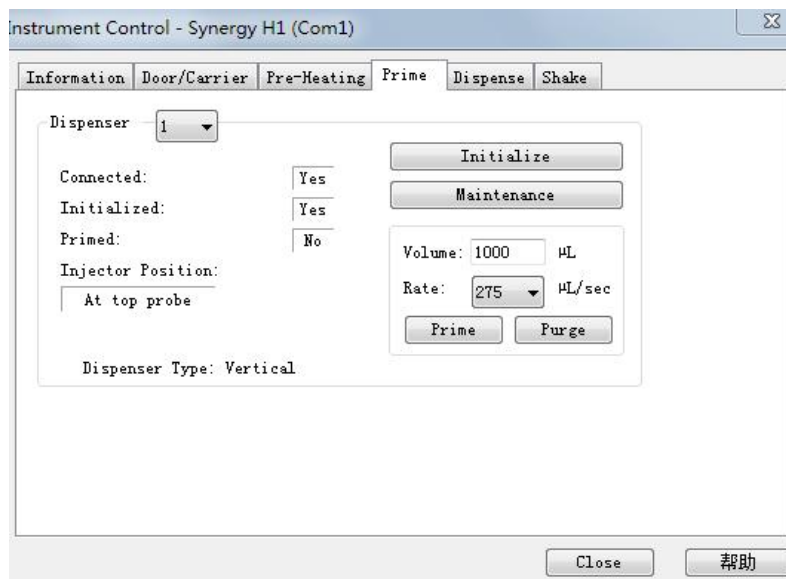
#### 4、检测并保存数据:

加样完成后, 点击界面右侧检测按钮, 软件会提示将板置于载板台上将微量检测板放在仪器载板台上, 确保微量检测板 A1 位与仪器载板台 A1 位一致。点击确定, 仪器会自动进板检测。

5、检测完成后, 软件会自动计算出空白孔之间的变异系数 CV% (应小于10%, 如大于10%, 应选择重置按钮, 重新加样检测), 并显示在界面右侧, 点击批准, 软件会自动将数据导出至 Excel, 选择保存即可。

## （五）注射器操作流程

1. 先将 Priming 板子放于仪器板架上
2. 将实验用的试剂加入试剂瓶内, 将 inlet 管子放入瓶中
3. 软件 中选择 System->Instrument control->仪器> Prime, 分别 Dispenser1 / Dispenser 2, Prime体积以2000ul为宜, 较为珍贵的试剂, 建议1.2m。



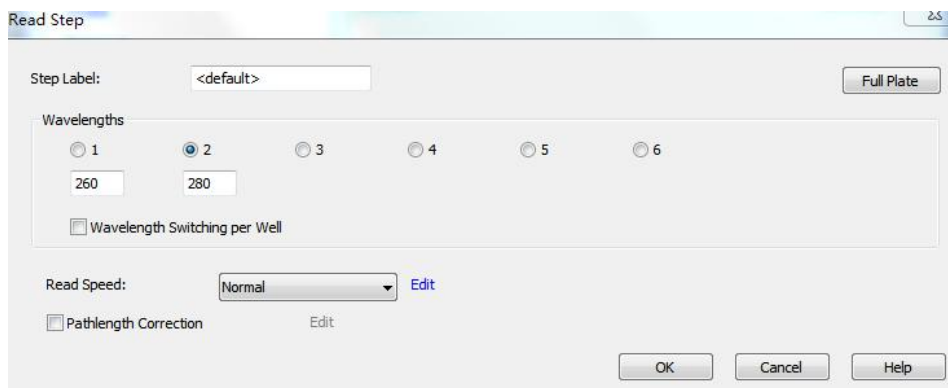
4. 当完成实验后, 为了节省试剂, 可以点击 Purge将管路中的液体排出。
5. 当完成实验或是下次实验前, 可以用水分别对管路进行清洗. 成像部分软件操作步骤。

## 二. 常见应用举例

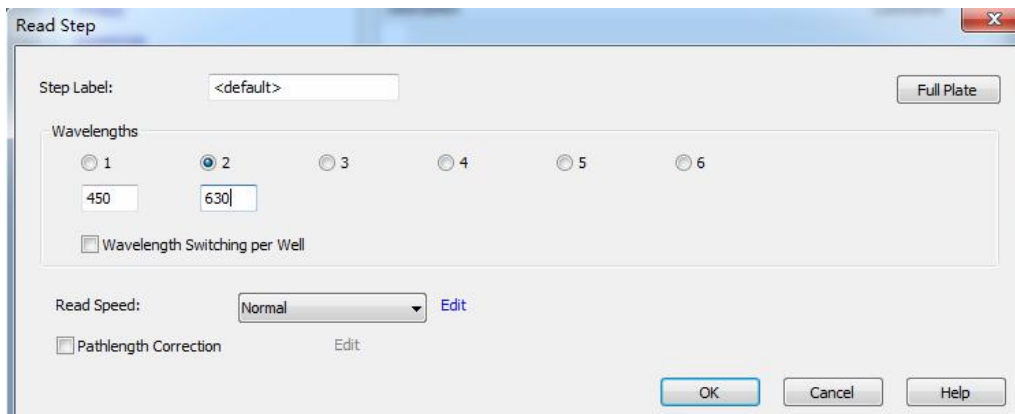
如客户要求做实验，可以根据仪器配置，在条件具备的情况下完成 1 次实际实验操作。  
(由于涉及客户样本等问题，不保证实验效果，仅作流程演示)

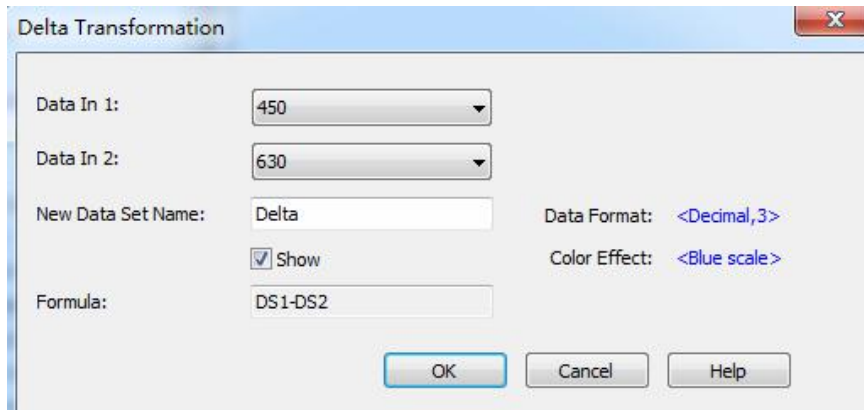
### DNA 浓度测定

注意：请客户提前准备 UV 板

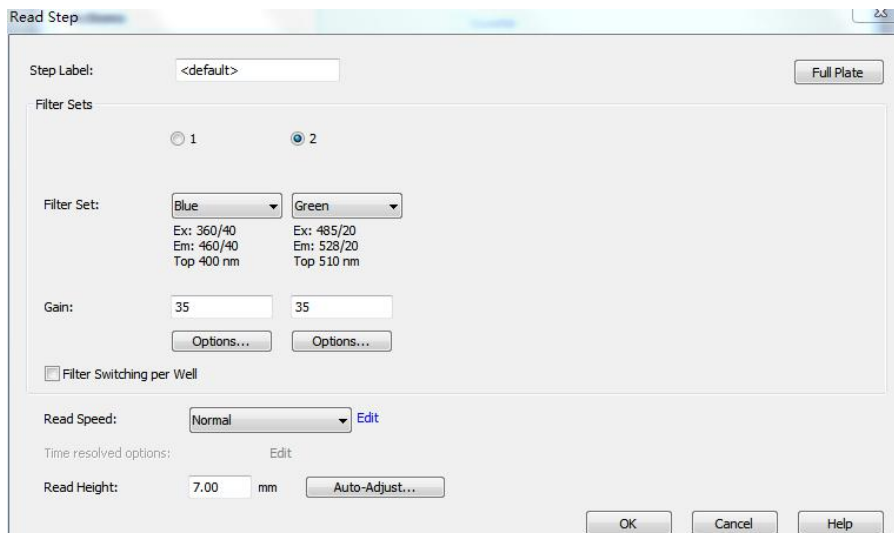


ELISA 检测 (TMB) — 检测波长450nm，参考波长630nm，最后要进行数据处理

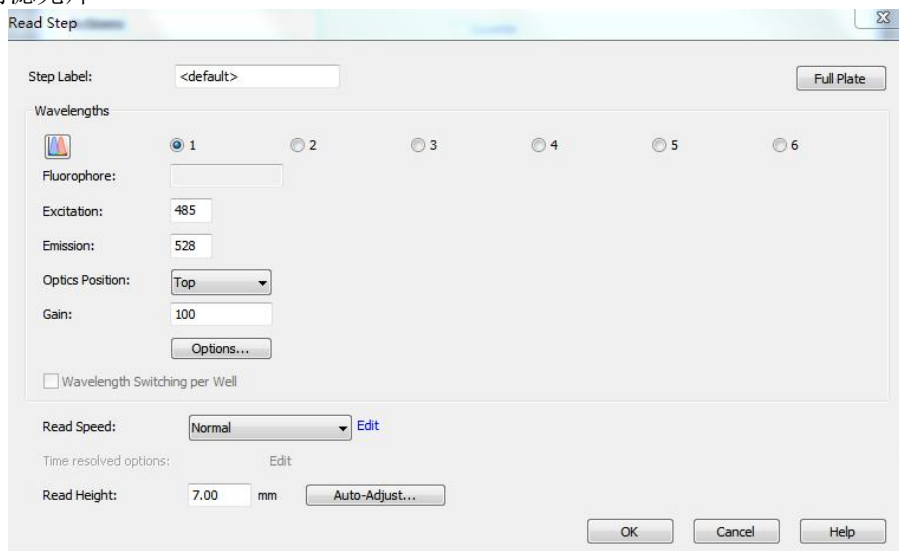




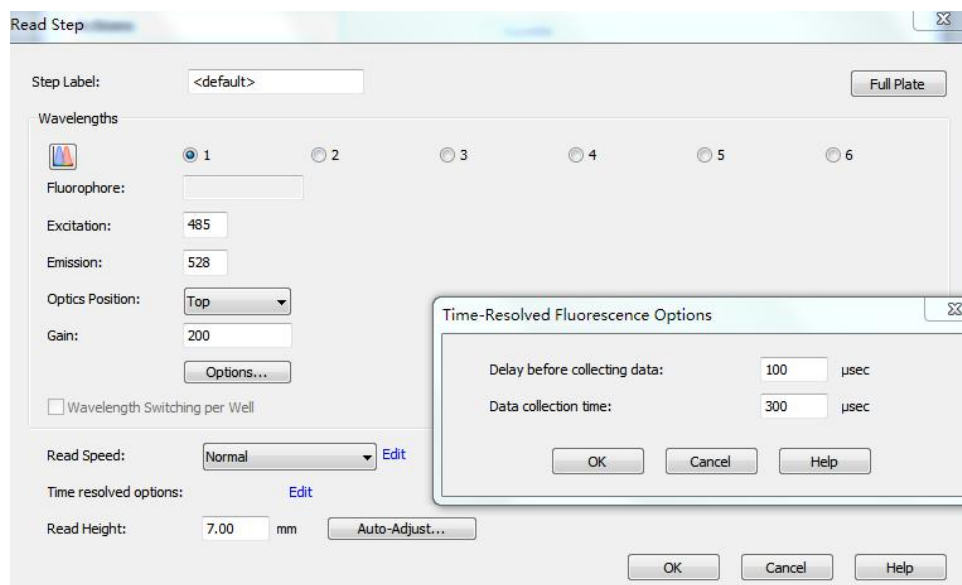
荧光检测—使用滤光片



或不使用滤光片

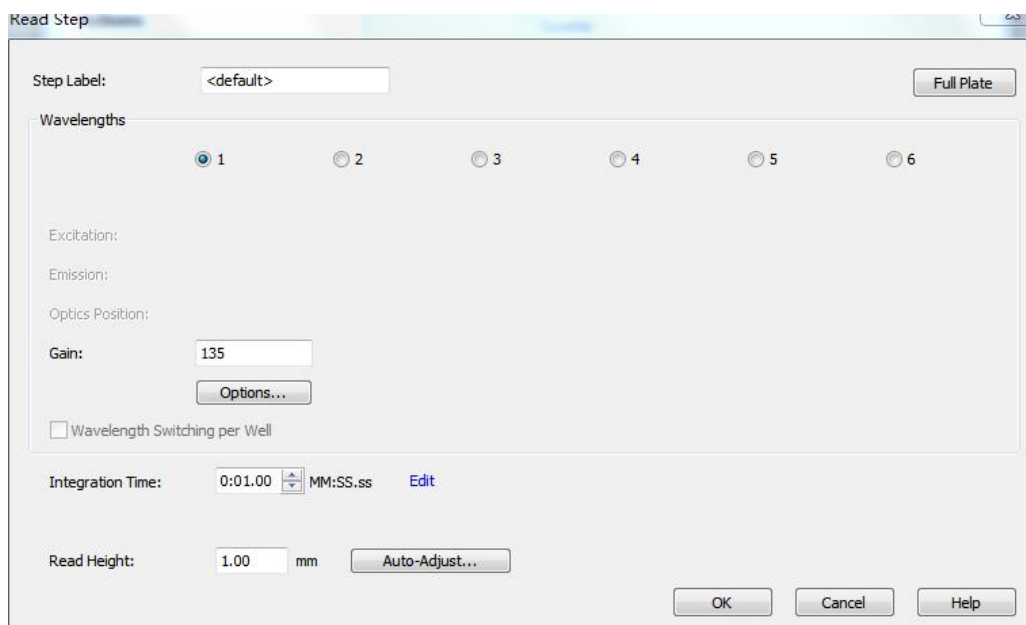


## 时间分辨荧光



Delay before collecting data 和 Data collection time 按试剂盒推荐数值设定

## 发光检测



### 三. 日常维护方法及注意事项

(1) 若仪器配有注射器模块, 为了保持注射器系统的性能, 应每日在工作结束后用去离子水冲洗管路, 并用去离子水浸泡管路过夜, 只需于使用前将管路中的水排出即可。

具体方法:

1. 按动机身上的托架弹出按钮, 弹出微孔板托架。
2. 将针头灌注槽放置于托架左上方的槽内。
3. 将灌注板放于托架上。
4. 在两个试剂瓶内加入蒸馏水或去离子水, 并将试剂瓶置于试剂瓶支架上, 然后将支架放置在注射器正前方, 最后将进液管插进瓶内。
5. 在Gen 5 软件内, 选择 System->Reader Control->Synergy \* (Com<#>) (“\*”为仪器型号, “#”为仪器所使用的端口号)。
6. 点击“Dispenser”标签。
7. 将“Dispenser”设置为“1”, “Volume”设置为 5000 ul, 点击“Prime”按钮。说明: 注射器活塞应该上下重复运动, 从试剂瓶内吸取液体, 液体将通过管路后, 被打入灌注托盘内。检查管路的装配, 不应有任何漏水现象; 如果发现漏水, 用手重新紧固后再重新执行本步骤。
8. 将“Dispenser”设置为“2”, 然后重复以上步骤 7。
9. 完成后, 移除灌注托盘并将其清空。
10. 同时须按照如下步骤清洗针头灌注槽和灌注托盘:

(2) 针头灌注槽的清洗:

针头灌注槽的容量只有1.5mL, 因此用户需要定期地清空和清洗, 弹出微孔板托架, 然后取下灌注槽, 用热的肥皂水清洗灌注槽, 并使用小刷子刷洗其角落持续漂洗, 然后彻底晾干, 将灌注槽装回到微孔板托架上。

(3) 灌注托盘的清洗:

为避免细菌生长和残渣堆积, 须定期清洗灌注托盘, 用热的肥皂水清洗灌注托盘, 并使用小刷子刷洗其角落, 持续漂洗, 然后彻底晾干。

(4) 不定期地清洁仪器外壳，需要去离子水或蒸馏水、清洁的无纺布和中性洗涤剂（可选）

按以下步骤进行：

切断仪器电源，并拔下电源线，

将无纺布蘸水或洗涤剂（无纺布不得在水中浸泡），轻柔地擦拭仪器外壳，

若使用了洗涤剂，则用一块蘸有清水的无纺布再擦拭仪器外壳一遍用清洁且干燥的无纺布擦干所有潮湿的表面。

(5) 至少每三个月检查和清洁滤光片一次。由于操作涉及到光学器件，不建议用户自行操作。

(6) 二相色镜仅在必要时才需要清洁，无需经常性的维护。由于操作涉及光学器件，不建议用户自行操作。

(7) 内部管路和针头等至少每三个月须清洁一次，并视用户所使用试剂的性质酌情缩短。由于需拆机操作，不建议用户自行操作。

(8) 仅当有液体泼溅至仪器内部或实验中侦测到异常高的背景信号值时，才需要进行内部清洁操作由于需拆机操作，不建议用户自行操作。

## 四. 附录

### 2. 常用酶标板参考信息

#### (1) 吸收光

紫外波段: DNA 浓度测定 . 注意准备 UV 板

可见光波段 注意准备透明板

#### (2) 荧光检测 注意准备黑色板

#### (3) 发光检测 注意准备白色板

货号	厂家	描述
3635	Corning Life Science	96孔UV板, 用于进行260nm/280nm DNA/RNA核酸定量, 透明板
9017	Corning Life Science	96孔普通透明平底中结合力酶标板
3601	Corning Life Science	96孔透明底黑色结合力酶标板, 用于底部荧光结合性检测
3631	Corning Life Science	96孔透明底黑色未处理酶标板, 用于底部荧光非结合性检测
3925	Corning Life Science	96孔平底全黑色高结合力酶标板, 用于顶部荧光检测
3915	Corning Life Science	96孔平底全黑色未处理酶标板, 用于顶部均相非结合性荧光检测
3922	Corning Life Science	96孔平底全白色高结合力酶标板, 用于结合性化学发光检测
3912	Corning Life Science	96孔平底全白色未处理普通酶标板, 用于非结合性化学发光检测
730.009-QG	Hellma	白色石英酶标板 (孔径6.6, 深12.5, 底厚2nm, 300ul容量)
730.009B-QG	Hellma	黑色石英酶标板 (孔径6.6, 深12.5, 底厚2nm, 300ul容量)

### 3、Error Code (报错代码信息)

<b>Code</b>	<b>Description and Possible Remedy</b>
2353	<p><b>Expected plug/hole/filter not found in filter cube</b></p> <p>This error indicates that the filter cube is not installed and is required for the read. Install the filter cube or check that it is installed correctly.</p>
2700	<p><b>Error attempting to run the barcode scanner SET command</b></p> <p>A response returned from the scanner is invalid.</p>
2701	<p><b>Error attempting to run the barcode scanner SET command</b></p> <p>The command message is calling out an invalid barcode location. Valid numbers are 1–4.</p>
2702	<p><b>Error attempting to get barcode scanner information regarding one of the barcode types</b></p> <p>The barcode type returned by the scanner is not one of those expected.</p>
2703	<p><b>Barcode type is not supported</b></p> <p>One of the four barcode types is not supported by the scanner.</p>
2704	<p><b>Error disabling start/stop character transmission</b></p> <p>While attempting to tell the scanner to disable the transmission of start and stop characters along with the barcode value for the Codebar barcode type, an error occurred.</p>
2B0A	<p><b>Priming plate not detected</b></p>
2B0x	<p><b>Dispenser syringe 1 or 2 (respectively) did not home</b></p> <p>x=1–3</p> <p>Generally, this error indicates the syringe was not properly installed. Make sure the syringe's thumbscrews are properly threaded. (Refer to the <b>Installation</b> chapter for instructions.) Restart the reader.</p>
2B04	<p><b>Dispenser syringe 1 or 2 (respectively) failed position verify</b></p> <p>Generally, this error indicates the syringe was not properly installed. Make sure the syringe's thumbscrews are properly threaded. Restart the reader. (Refer to the <b>Installation</b> chapter for instructions.)</p>
37x0/47x0 38x0/48x0 39xy/49xy	<p><b>Noise Test Errors</b> <b>Offset Test Errors</b> <b>Dark Range Errors</b></p> <p>x=0, 1; y=0–6</p> <p>This series of System Test errors may indicate too much light inside the chamber. Make sure the plate carrier door and the front hinged door are properly closed. For models with the dispense module, if the dispense tubes are not connected to the reader, re-install the light shield that shipped with the instrument (or cover the hole with black tape). Restart the reader.</p>

4Fxy	<p><b>Fluorescence signal out of range.</b></p> <p>x=0, 1; y=0–6</p> <p>Too low of a reading indicates a light signal problem. Ensure that Gen5 Fluor/Lum wavelengths table matches the actual filter installed in the filter cube.</p>																													
40xx	<p><b>PMT overload well error at &lt;well #xxx&gt;</b></p> <p>This error typically means that the fluid in a well has oversaturated the PMT (i.e., the well is too bright). Try lowering the sensitivity value in the read step.</p> <p><b>To identify the well:</b> Wells are counted starting at A1, moving left-to-right, row-by-row. The row and column of the well can be extracted from the well number code by applying the following formula (example uses 8 x 12 geometry, 96-well plate):</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Convert the ASCII hex string to a decimal equivalent. Ex: “057” indicates 57 hex, yielding a well code of 87 decimal.</li> <li>2. Row = (well code) / (columns in plate), rounded up to a whole number. Ex: 87/12 = 7.25, indicating row 8 (or H).</li> <li>3. Column = (well code) - ((row-1) * (columns in plate)). Ex: 87 - ((8 - 1) * 12) = column 3.</li> </ol> <p>NOTE: If this code is returned during an area scan, it indicates the scan point corresponding to the row/column equivalent in the currently defined scan map, NOT the actual well where the error occurred.</p>																													
4Exy	<p><b>Detector saturated (too much light). Relative Fluorescing Units (RFU) reached (99999).</b></p> <p>X = Fluorescence channel Fluorescence/Luminescence Channel</p> <table border="0" data-bbox="523 1137 1197 1415"> <tr><td>    Mono optics reference channel</td><td>0</td></tr> <tr><td>    Mono optics PMT channel</td><td>1</td></tr> <tr><td>    Top filter optics reference channel</td><td>2</td></tr> <tr><td>    Top filter optics, top PMT channel</td><td>3</td></tr> <tr><td>    Top filter optics, side PMT channel</td><td>4</td></tr> <tr><td>    Bottom filter optics reference channel</td><td>5</td></tr> <tr><td>    Bottom filter optics PMT channel</td><td>6</td></tr> </table> <p>Y = PMT Test Type Code</p> <table border="0" data-bbox="375 1496 1197 1691"> <tr><td>Connection Test</td><td>0</td><td>PMT not connected</td></tr> <tr><td>High Voltage Test</td><td>1</td><td>Failure during test at higher voltage</td></tr> <tr><td>Low Voltage Test</td><td>2</td><td>Failure during test at lower voltage</td></tr> <tr><td>Well Overload Test</td><td>5</td><td>Failure during test at well</td></tr> <tr><td>Background Overload Test</td><td>8</td><td>Failure during background overload test</td></tr> </table> <p>OR Y = filter readset</p> <p>This error can indicate one of several scenarios. It is possibly due to incorrect chemistry, e.g., the fluorescence standards dispensed to the plate exceed expectations.</p> <p>For models with the dispense module, the internal chamber may require cleaning (contact BioTek TAC).</p> <p>If a <b>4E18</b> error is detected during monochromator-based fluorescence, the luminescence probe may be picking up stray light. Try installing a plug in the filter cube. Restart the reader.</p>	Mono optics reference channel	0	Mono optics PMT channel	1	Top filter optics reference channel	2	Top filter optics, top PMT channel	3	Top filter optics, side PMT channel	4	Bottom filter optics reference channel	5	Bottom filter optics PMT channel	6	Connection Test	0	PMT not connected	High Voltage Test	1	Failure during test at higher voltage	Low Voltage Test	2	Failure during test at lower voltage	Well Overload Test	5	Failure during test at well	Background Overload Test	8	Failure during background overload test
Mono optics reference channel	0																													
Mono optics PMT channel	1																													
Top filter optics reference channel	2																													
Top filter optics, top PMT channel	3																													
Top filter optics, side PMT channel	4																													
Bottom filter optics reference channel	5																													
Bottom filter optics PMT channel	6																													
Connection Test	0	PMT not connected																												
High Voltage Test	1	Failure during test at higher voltage																												
Low Voltage Test	2	Failure during test at lower voltage																												
Well Overload Test	5	Failure during test at well																												
Background Overload Test	8	Failure during background overload test																												

	<p><b>Fluorescence wavelength not found in table</b></p> <p>This error indicates that the wavelength specified in the procedure is not detected in the instrument's filter table. In Gen5, verify the Fluorescence filter table has the wavelengths loaded into the reader. Compare the contents of the table with the filters installed in the filter cube (see the Gen5 Help system for more information). Restart the reader.</p>						
50xx 510x	<p><b>Axis failed to home</b></p> <table> <tr> <td>Top filter optics, lower filter/mirror slider</td> <td>03</td> </tr> <tr> <td>Top filter optics, upper filter/mirror slider</td> <td>04</td> </tr> <tr> <td>Bottom filter optics, filter/mirror slider</td> <td>06</td> </tr> </table> <p>Generally, this error indicates the filter cube is not seated properly in the reader. Remove it, ensure each filter or plug is properly positioned and reinstall it securely. Restart the reader.</p>	Top filter optics, lower filter/mirror slider	03	Top filter optics, upper filter/mirror slider	04	Bottom filter optics, filter/mirror slider	06
Top filter optics, lower filter/mirror slider	03						
Top filter optics, upper filter/mirror slider	04						
Bottom filter optics, filter/mirror slider	06						
540x	<p><b>Filter cube failed positional verify</b></p> <table> <tr> <td>Top filter optics, lower filter/mirror slider</td> <td>03</td> </tr> <tr> <td>Top filter optics, upper filter/mirror slider</td> <td>04</td> </tr> <tr> <td>Bottom filter optics, filter/mirror slider</td> <td>06</td> </tr> </table> <p>Generally, this error indicates the filter cube is not seated properly in the reader. Remove it, ensure each filter or plug is properly positioned and reinstall it securely. Restart the reader.</p>	Top filter optics, lower filter/mirror slider	03	Top filter optics, upper filter/mirror slider	04	Bottom filter optics, filter/mirror slider	06
Top filter optics, lower filter/mirror slider	03						
Top filter optics, upper filter/mirror slider	04						
Bottom filter optics, filter/mirror slider	06						



基因售后服务  
微信:GeneGroup005



Gene Brightens Every Life · BioTech Connects the World  
基因燃亮生命 · 生物技术连接世界

欢迎您关注“基因售后服务”微信公众号。

如有任何问题或建议，您可以通过“基因售后服务”中的“微客服”功能与我司取得联系，也可以直接致电或电邮联系我司售后服务团队。

联系电话：

华北/东北/西北地区：010-51665161-222

华东/华中地区：021-64951899-230

华南/西南地区：020-85524840-1029

电子邮件：[service@genecompany.com](mailto:service@genecompany.com)