

西安交通大学实验报告

成绩：

课程：分子细胞生物学实验

实验日期：2020 年 4 月 7 日

专业班号：化生 81

提交日期：2020 年 8 月 4 日

姓名：高旭帆

学号：2186113574

同组成员：

实验名称：动物细胞传代培养与观察

1 实验目的

1. 掌握 SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳的基本原理与实验操作技术；
2. 学会使用 SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳的方法测定蛋白质的相对分子量。

2 实验原理

2.1 SDS-PAGE

十二烷基硫酸钠（Sodium dodecyl sulfate SDS）是一种阴离子表面活性剂在一定的条件下，它能打开蛋白质氢键和疏水键，并按比例地结合到这些蛋白质分子上形成带负电荷的蛋白质-SDS 复合物，每克蛋白质一般结合 1.4 克 SDS。SDS 与蛋白质的定比结合使蛋白质-SDS 复合物均带上相同的负电荷，其量远远超过蛋白质原有的电荷量，因而掩盖了蛋白质间原有的电荷差异。在水溶液中，蛋白质-SDS 复合物具有相同的构象，近似雪茄烟形的长椭圆棒（短轴均为 1.8nm 长轴则随蛋白质的分子量成正比变化），克服了蛋白质间原有的形状差异。这样蛋白质-SDS 复合物在凝胶中的迁移率不再受原有电荷和形状的影响，而只是蛋白质分子量的函数。蛋白质分子量与电泳迁移率间的关系可用下式表示：

$$\lg Mr = K - bm$$

式中 Mr 为分子量； K 为常数； b 为斜率； m 为迁移率。因此，用 SDS-PAGE 方法可以对蛋白质的分子量进行测定，只需根据待测蛋白质在已知分子量的标准蛋白质的 $\lg Mr$ -迁移率的图中的位置，就能得知分子量。

2.2 principle2

3 实验仪器与试剂

3.1 样品

3.2 仪器

3.3 试剂

4 实验步骤

1. 找到激光器电源模块，打开开关，出现激光。
2. 调节激光，保证功率在 200mW 以上，波长在 532.8nm 左右。
3. 第一个空间光调制器选择 HG 模式，输入合适的参数，观察光栅的样式，打开接收高阶高斯光的 CCD 相机，观察高阶高斯光。
4. 调节第一个空间光调制器的位置，进行微调，使得在 CCD 上观察到的高阶高斯光能够完全显示。
5. 转化成 LG 高斯模式，观察 CCD 上的图案。
6. 调节双柱透镜，保证其焦距是两个透镜间距的一半，高斯光通过之后转换高斯模式，通过 CCD 观察。
7. 调节第二个空间光调制器，选择分束模式。
8. 打开显微镜控制模块，产生显微镜照明灯光。
9. 打开最后一个 CCD，调出微粒自旋的效果。
10. 让最后一个 CCD 上出现拉盖尔高阶高斯光，观察微粒自旋和公转的效果。

5 数据记录与处理

5.1 图片

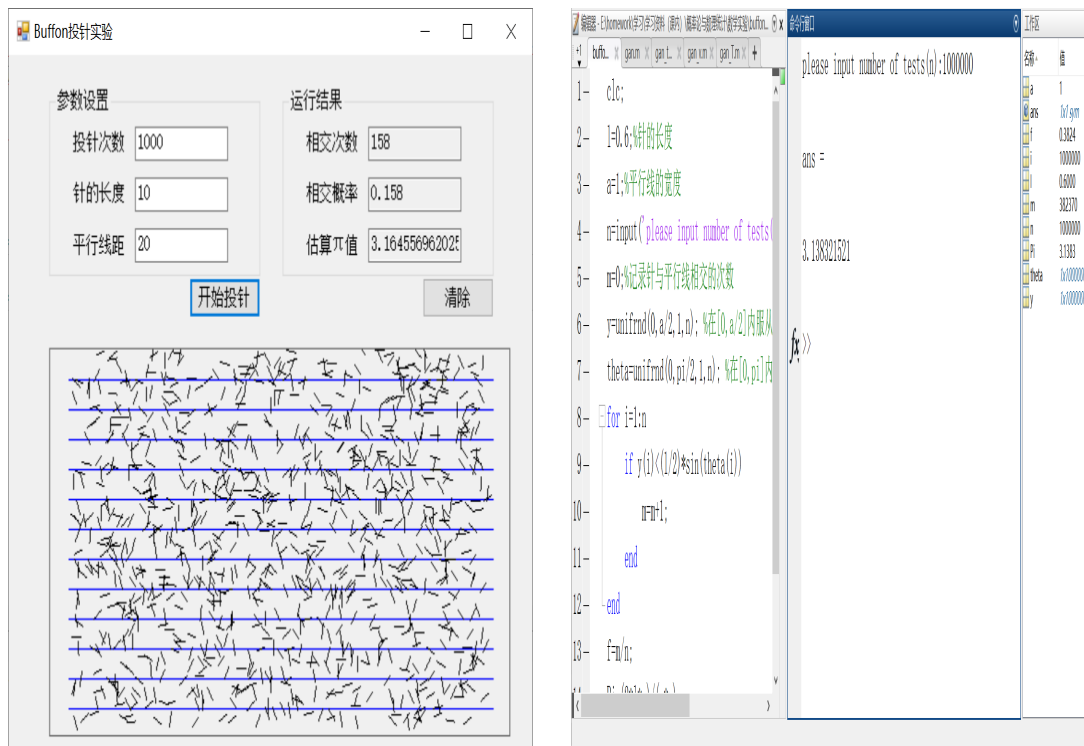
6 结果讨论

6.1 误差分析

6.2 现象观察与思考

1. 空间光调制器的位置决定了反射光的位置，所以当它的位置不当，CCD 相机上的画面就会不清晰或者不全，需要仔细调节。
2. 笔者不明白旋转波片的作用，但观察到在某些角度下，微粒并不会自转，而旋转波片后又可以。
3. 本实验要观察的最重要现象是，微粒进行自转和公转。粒子越接近光场的中心，公转的半径越小；当粒子离开光场，就停止自转和公转。由此可以实现将微粒任意移动和进行旋转操作。





6.3 建议

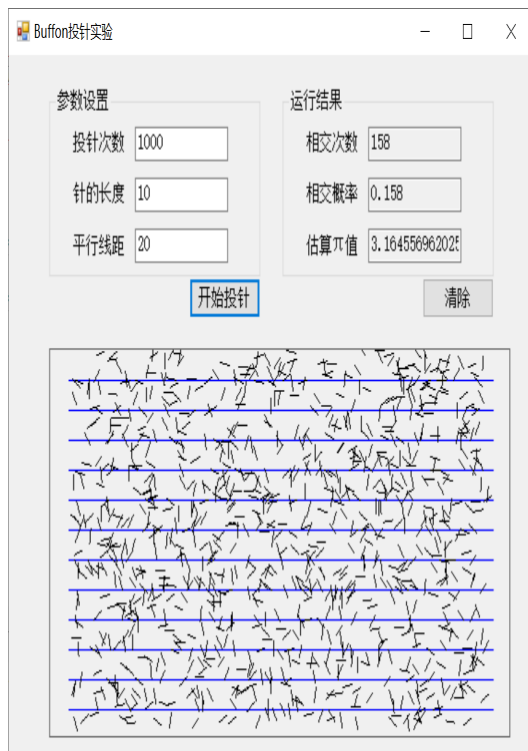
本实验提供了良好的体验，在最后提出几点建议：

1. 对实验报告的要求不明确。本实验原理较长，并且需要叙述使用方法。这占了很大的篇幅，没有体现学生的体会，没有促进进一步的思考。可以出一些思考题。
2. 实验界面不能通过按 Esc 键退出；CCD 相机的画面比较大，不能调节；按住仪器底座，再按方向键微调仪器有时会失效。这些有点影响体验。
3. 实验文档有些部分的格式不美观；而且没有介绍实验仪器、实验步骤的原理介绍不全面，学生并不能看着原理和装置就上手做，而是要根据在线演示照着做。

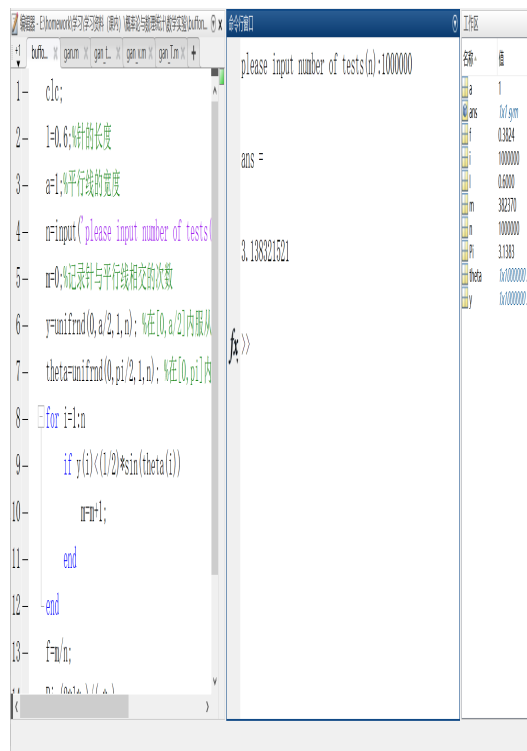
7 思考题

- 1.
- 2.
- 3.
- 4.





(a) 酒曲房



(b) 酒曲房

8 实验总结与体会

通过对回归分析及 MATLAB 软件在概率统计中的应用两章的自学，在查找资料和咨询老师同学的过程中，使我对 MATLAB 软件在概率论这门课程中的应用有了更加深入的了解，掌握了一定的技能，并且更直观的看到了概率统计的意义，在此过程中也对许多概念有了更加深入的了解和感悟，十分有益于概率论课程的学习。

参考文献

[1] 我爱北京天安门

[2]

A 附录 bulabula

A.1 程序

```
1 clear;  
2 x=[2,4,6,8,10];  
3 y=[64,138,205,285,360];
```



```
4 n=length(x);  
5 X=[ones(length(y),1),x'];  
6 Y=y';  
7 [b,bint,r,rint,stats]=regress(Y,X);  
8 %b为回归系数, bint为回归系数的区间估计  
9 %r为残差, rint为残差置信区间  
10 %stats对应相关系数R2, F值, 与F对应的概率p, 误差方差
```

