

食品、药物、生化研究新视界 μ SC扫描式3D微量热仪



-40~200°C，双通道
温度范围：-40 ~ 200°C
控温精度：优于0.001K

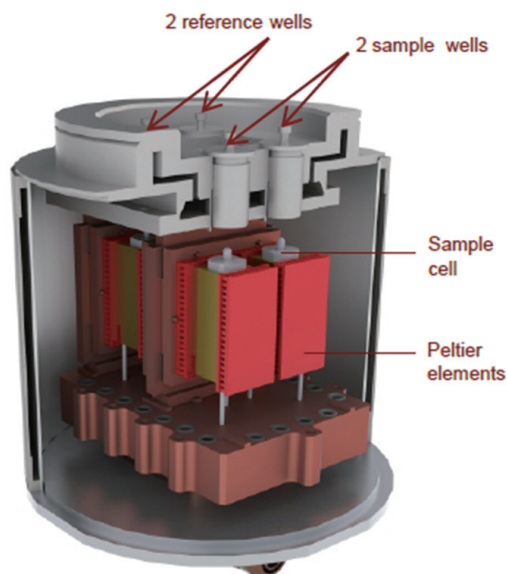
生物微量热仪 μSC



最具任务弹性的微量热仪

作为经典的Setaram Calvet 3D微量热仪的代表，μSC继承具有数十年历史的μDSC系列衣钵，并将其进一步发扬光大，在提供无与伦比的灵敏度与准确性的同时，更提供业内独一无二的灵活性，为您构筑理想的全功能量热平台：

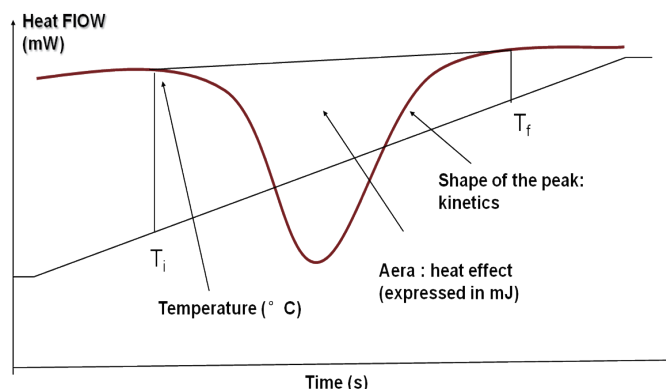
工作模式：	扫描	↔	恒温
样品形态：	稀溶液	↔	固体，胶体
反应类型：	间歇	↔	原位混合



良好的样品相容性：放得进去的就能测！

- 标准样品池由哈氏合金C276制成
- 采用移动式设计（非固定在仪器中），容积850uL，
- 由O型圈密封，耐压至20Bar
- 可重复使用
- 几乎可容纳任何样品，无论形态、化学组成及浓度
- 耐腐蚀性好，多种溶剂任意清洗，或直接置于超声清洗槽中进行清洗

What Can be Done?



扫描式微量热法能提供什么？

作为一种较为通用的测试手段，量热法的典型数据通常体现为不同形态的“峰”，其中所蕴含的信息：

是否有变化发生	是否有“峰”	
变化发生在何时	峰的位置	定性
变化的强度	峰面积	定量
变化的速度	峰的形状	动力学

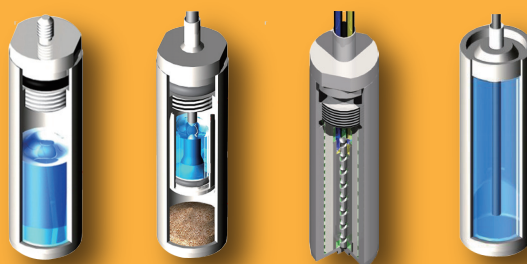
Why 3D Calorimetry?

XRD、光谱、色谱、流变仪等也是在食品、药物等生命科学研究领域研究广泛使用的分析测试手段，它们的局限性在哪里？扫描式微量热仪的优势是什么？

灵敏度	是否“测得到”
温度控制	是否精准
过程信息	能否反映
真实体系	样品适应性与相容性
定量测试	是否可靠
原位混合	可否实现

模拟原位反应：溶解，吸附，混合...

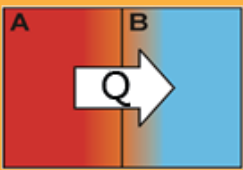
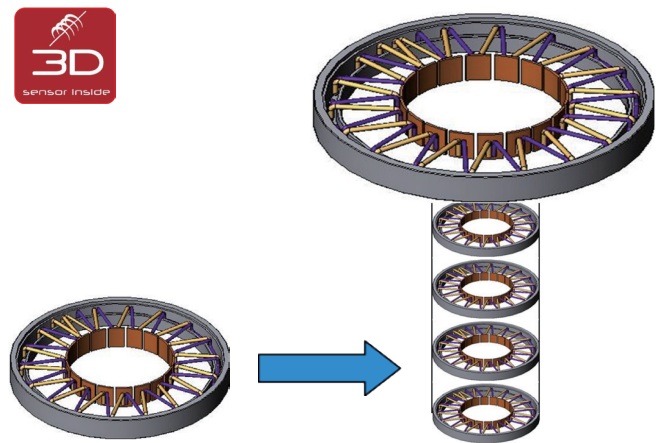
利用多种反应样品池，μSC还可以在量热仪内部原位实现多相混合，模拟各种食品加工处理过程，得到准确的反应热数据。



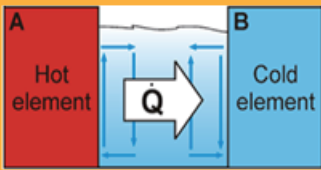
卡尔维式三维量热传感器：

作为Setaram标志性的技术之一，3D Calvet量热传感器已经在实际的科研工作中历练数十年，并随整体科技发展的脚步与时俱进。

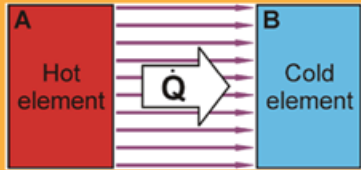
- 由热电偶或帕尔贴构成3D传感器空间阵列
- 超高灵敏度
- 全方位环绕样品区域
- 真实反映热效应
- 可靠的全温区焦耳标定
- 构筑灵活开放的样品空间
- 适配多种样品池，实现原位反应。



✓ 传导



✓ 对流

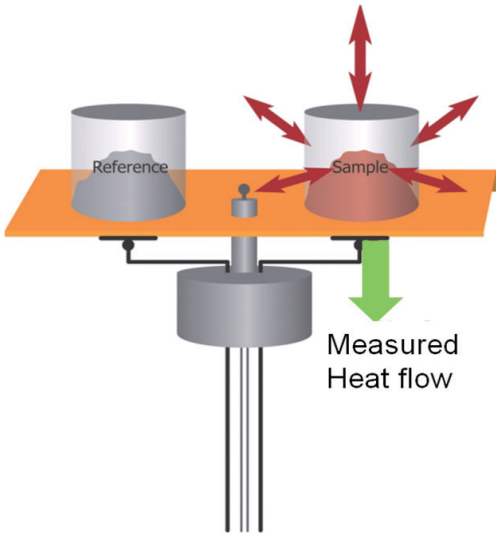
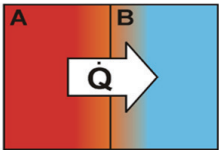


✓ 辐射

普通DSC的局限性 — “2D” 测试 准确性问题

普通DSC均使用平板式二维量热传感器，仅能探测样品容器底部的热交换，导致量热效率低，定量结果难以反映样品真实热效应。

- 主要测试基于热传导的部分热交换
- 通常为单热电偶，灵敏度低
- 标定方法不可靠，仅适用于小量固体样品的特定类型反应
- 再现性差，量热精度没有保证
- 样品适应性差，不适于液态样品
- 坩埚容积小，样品量小
- 测试液态及非均质样品较为困难



Calvet VS 2D 平板式DSC：灵敏度问题

相比普通DSC，Calvet式3D微量热仪不仅在表观灵敏度方面具有数量级的优势，更可以在保证量热效率的前提下增大样品量，从而进一步提高整体信号响应强度，从而提供高于普通DSC2~3个数量级的总体信号响应，保证对微弱热效应的有效检测。

	灵敏度uV/mW	样品容积μL	总体信号响应
2D平板式DSC	S(通常<10μV/mW)	V (通常为数十μL)	A(=S*V)
3D Calvet微量热仪	>S*10	10~100V (mL级)	100~1000A



蛋白质研究

变性及聚集温度

反应热

稳定性及相容性

β -乳球蛋白: 在不同环境下的变性温度

通过改变环境参数, 评价蛋白质在不同pH、盐度及浓度条件下的变性行为。

样品: 商业 β -乳球蛋白溶液

浓度: 25g/L

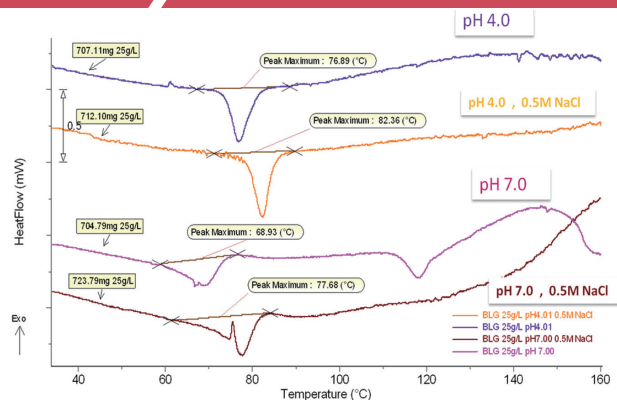
标准池 扫描模式

温度程序: 30°C ~ 160°C @ 0.5K/min

缓冲液: 4.01 或 7.00

盐: NaCl, 0 或 0.5M

结果: 不同测试环境下的蛋白变性温度如附表所示。



*变性温度与环境的关系

PH \ 盐度	0	0.5M
4.0	76.89 °C	82.36 °C
7.0	68.93 °C	77.68 °C

免疫球蛋白的热稳定性:

样品: 5mg/mL IgG

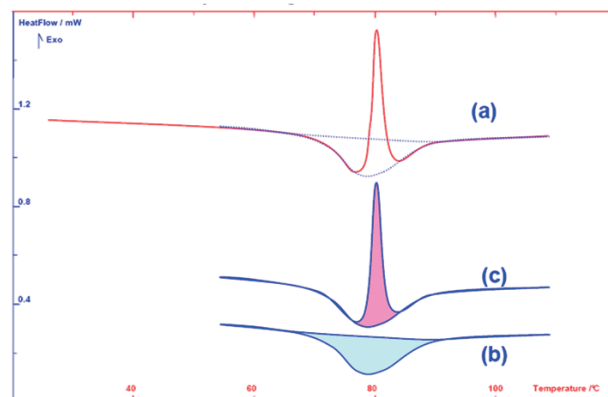
温度程序: 25°C ~ 100°C

@ 1 K/min

标准池 扫描模式

结果:

升温过程中出现叠加的吸-放热峰, 通过Calisto软件去卷积可以将总的热效应 (a) 分为两部分, 变性的吸热峰 (b), 聚集的放热峰 (c)。



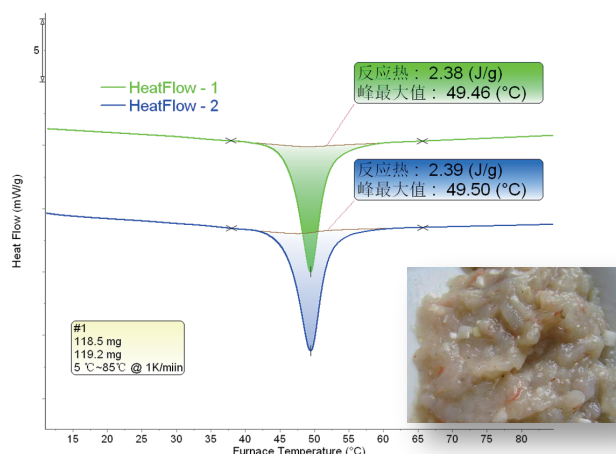
蛋白质变性: 反应热及温度的再现性

样品: 肉糜, 约100mg, 直接置入样品池

标准池 扫描模式

温度程序: 5°C ~ 80°C @ 1 K/min

49°C度附近出现的明显吸热峰为对应蛋白质的变性, 通过对比两次实验结果可见 μ SC在反应温度及量热测试方面的优异再现性, 不同实验的反应热再现性测试误差优于1%。



谷物·淀粉类食品的表征

基于高灵敏度及良好的样品相容性， μ SC非常适宜模拟及评估淀粉类食品生产加工及贮存过程中的糊化、回生等变化。



淀粉制品的糊化

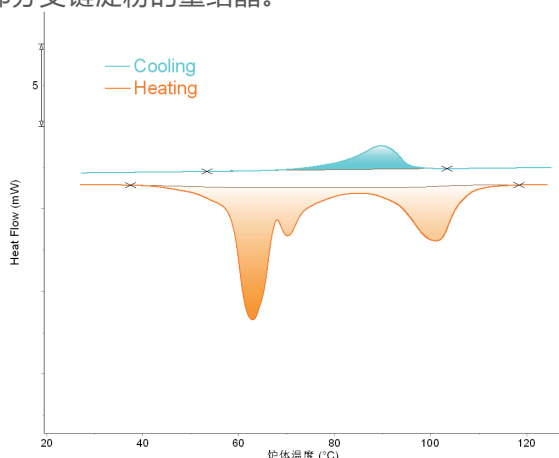
样品：小麦粉 + 水 (50% w/w)，共980 mg

温度程序：5°C ~ 120°C @ 1 K/min；

120°C ~ 5°C @ 1 K/min

标准池 扫描模式

结果：升温时出现两组吸热峰，分别对应直链淀粉的糊化及支链淀粉缔合物的降解；降温时的放热峰对应部分支链淀粉的重结晶。



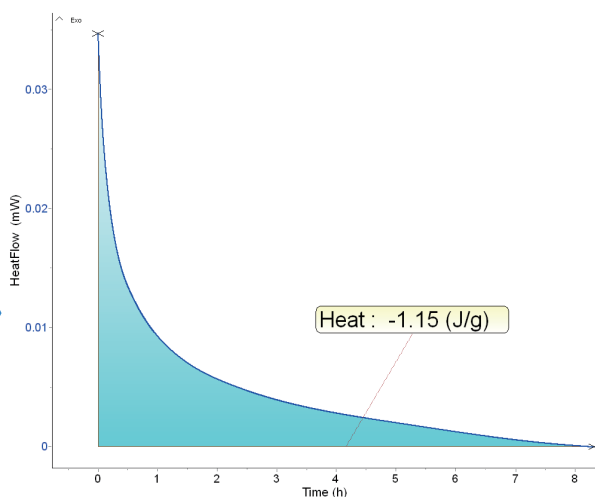
淀粉制品的等温回生

样品：左图糊化后的样品

标准池 恒温模式

结果：样品冷却到4°C，恒温18小时

检测到支链淀粉的低度结晶。通过对放热曲线积分，可知支链淀粉的结晶热为1.15 J/g。通过对结晶曲线的分析，可以进一步评估淀粉回生的动力学。



贮存时间对面包品质的影响

样品：玉米及小麦淀粉(110°C加热1小时)、新鲜的面包芯400 mg

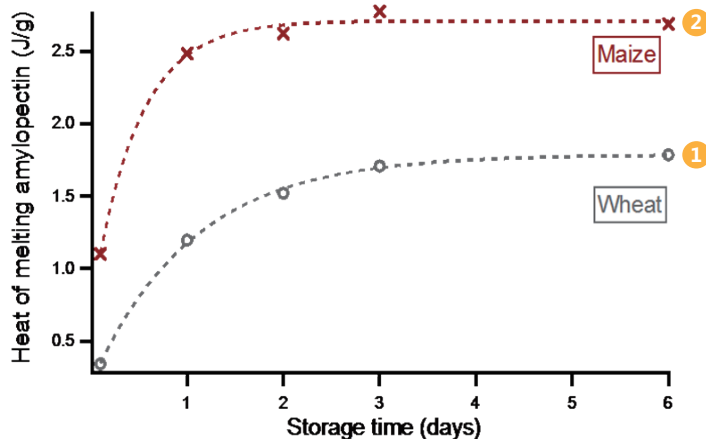
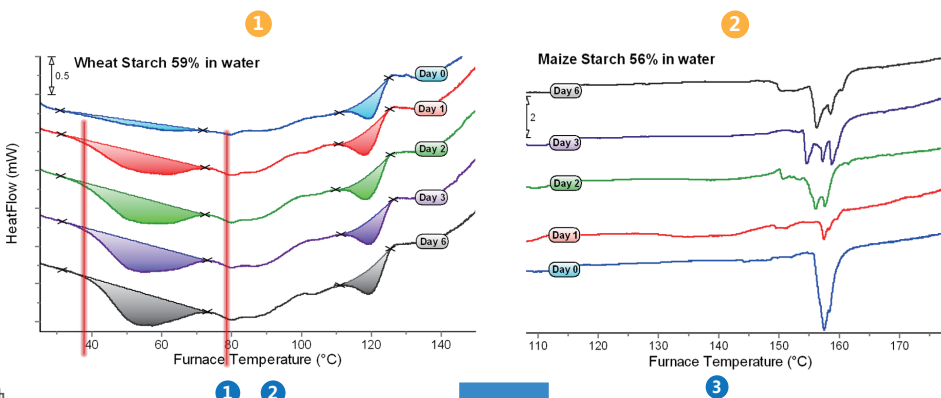
标准池 扫描模式

温度：10°C~180°C、0.7°C/min

室温储存在密闭容器中，每日取样进行量热测试。

结果：

- ① 小麦淀粉升温扫描过程中观察到两组吸热峰，分别对应结晶的支链淀粉的融化（40°C~80°C间），及支链淀粉脂类缔合物的降解（120°C附近）；
- ② 随着老化时间的延长，小麦支链淀粉发生糊化时的熔融热增加，说明其回生程度不断增加；贮存时间超过2天后，吸热峰明显增速放缓，说明回生程度趋于稳定；
- ③ 玉米淀粉：在150°C-160°C温度范围内的吸热对应结晶的支链淀粉的熔融；随老化时间的延长，这组吸热峰发生“分裂”，源于淀粉晶体结构的异化。



发酵：酸奶制作

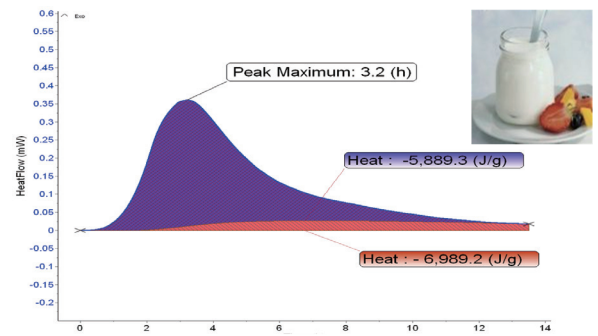
样品: 酸奶 + 牛奶

间歇混合池 恒温模式

实验温度: 37°C 恒温(酸奶在上, 牛奶在下)

酸奶及牛奶混合后, 探测乳酸菌生长的放热效应, 放热最大值出现在约2.5小时处。

*Setaram仪器配套的**Calisto**热分析软件, 内置多种基线计算方式, 可以根据需要选择合适的积分模型。



凝胶：溶胶-凝胶过程

在保证超高灵敏的同时, 得益于易于清洗活动式样品池设计, Setaram Clavet 3D微量热仪系列尤为适合测试高浓度、高粘度类型样品, 如各类凝胶等。

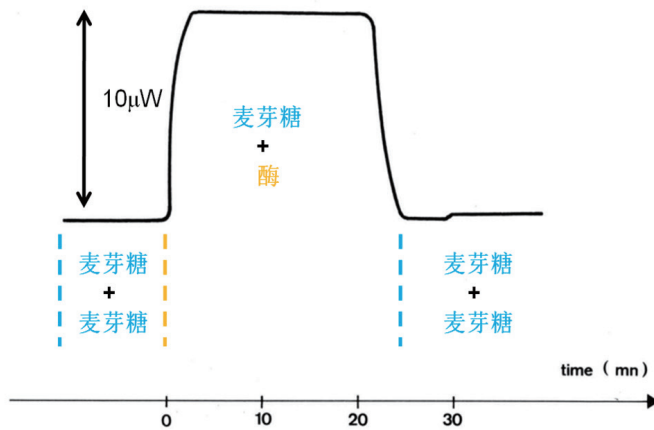
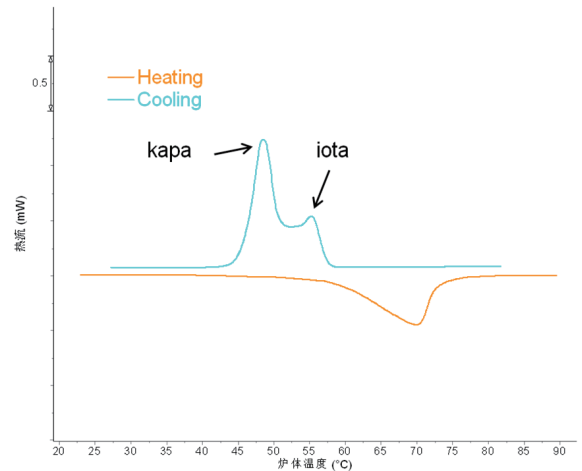
样品: 卡拉胶-75% kappa (1%) + 25% iota (1%) in 0.1M KCl

质量: 857 mg

标准池 扫描模式

温度: 10°C~90°C@ 1K/min 90°C~10°C@ 1K/min

结果: 升温时观察到一个吸热峰, 降温时的两个放热峰对应的凝胶过程 (iota at 56.2°C, kappa at 50.1°C)。



酶促反应 - 原位混合

样品: 真菌葡萄糖淀粉酶 (1%水溶液) + 麦芽糖 (1% 水溶液)

流速: 各0.3 mL/min ; 温度: 25°C 恒温
流动混合池 恒温模式

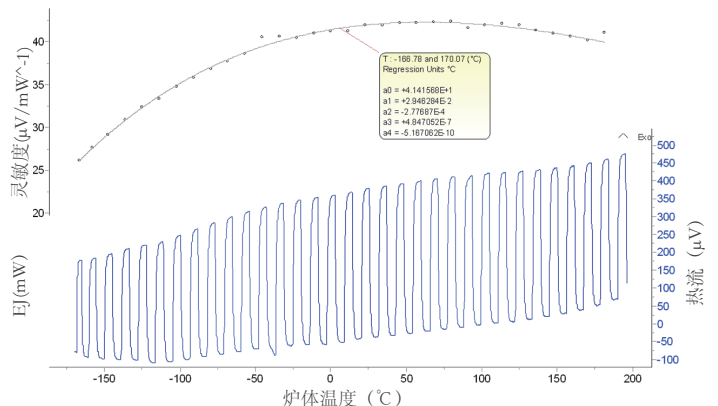
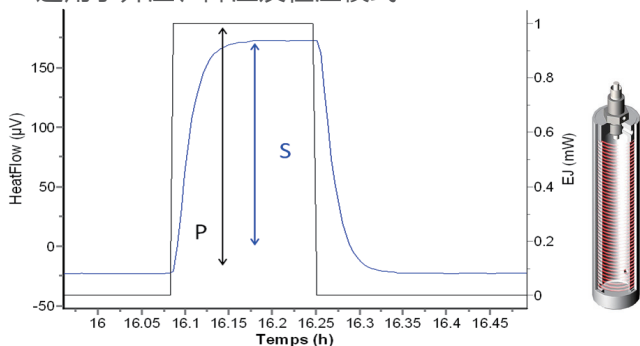


结果: 两种溶液的流速为各0.3 ml/min, 实验开始时两路液体均为麦芽糖溶液, 待基线稳定后, 将其中一路切换为酶溶液, 两种溶液在样品池内原位混合后从出口流出, 即可观察到明显放热, 源于麦芽糖在酶作用下的水解反应; 而后将酶溶液通道切换回麦芽糖溶液, 基线再次回复到零位。由基线位移的高度可定量测定酶促反应热并评估反应效率。

标定Calibration

不同于普通平板DSC使用的标准金属标定法, 卡尔维3D微量热仪的能量标定采用焦耳效应进行

- 全温度段连续标定
- 灵敏度不受样品形态及反应类型影响
- 灵敏度比普通平板式DSC高1~2个数量级
- 适用于升温、降温及恒温模式



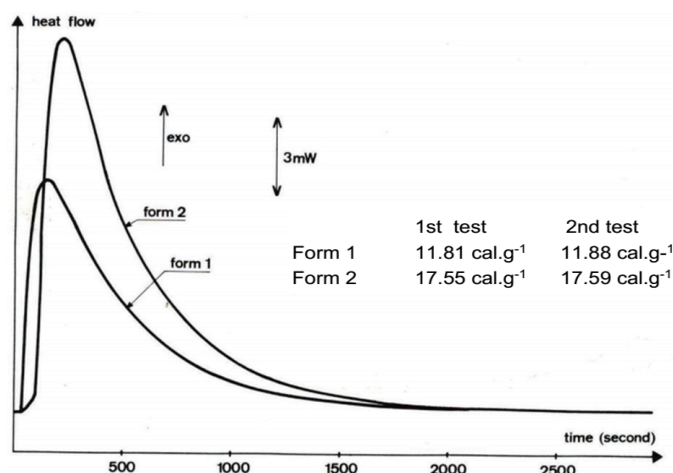
药物多晶型/仿制药等效性判别-溶出曲线

药物的溶出曲线可以看做是药物成分的某种“指纹信息”，不同成分及不同晶型的药物成分的溶出曲线会有明显差异。而且溶解实验可以在较低温度下进行，不受药物热稳定性的限制，适用范围比DSC更广。

样品：某药物有效成分的两种晶型，各约100mg
+NaOH溶液 3mL，NaOH溶液在上
混合池 恒温模式（30℃）

结果：

两种构型的溶出曲线有较大差别，峰顶位置及积分峰面积均有明显差异（溶解热再现性良好），因此可以判定二者成分或晶型不一致。



药物有效成分和赋形剂的相容性

对于药物有效成分与赋形剂等辅料的相容性问题很大程度上决定了药物的稳定性，量热法是判别这种相容性的一种有效而快速的方法。

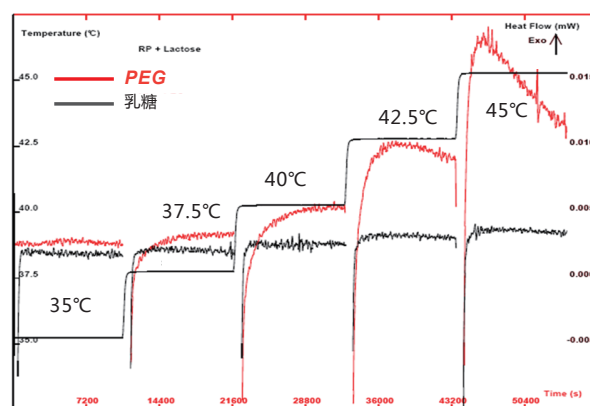
样品：药物有效成分+赋形剂（乳糖/PEG）

样品量：约800mg,浓度10mg/mL

标准池 阶梯升温

温度程序：依次在35℃,37.5℃,40℃,42.5℃,45℃做恒温

结果：从37.5℃开始，PEG为赋形剂的体系即显示出明显的放热趋势（基线向上），说明体系中存在某种相互作用，即有效成分和赋形剂的相容性不好。



抗体的热稳定性

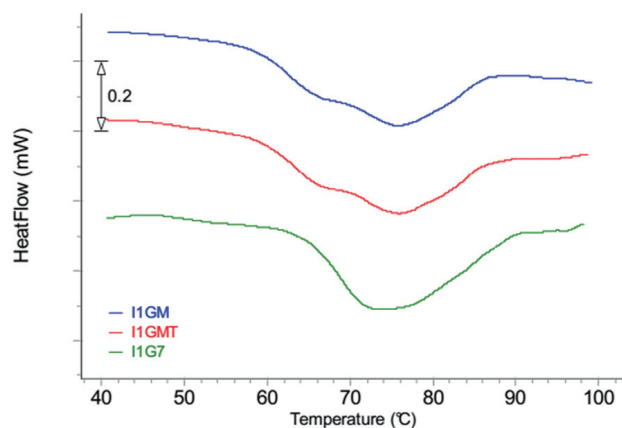
样品：三种不同抗体

样品量：约800mg, 浓度10mg/mL的溶液

标准池 扫描模式

温度：30℃~100℃,1K/min

结果：三种抗体的变性温度及反应热如下图所示，可见I1G7的相变起始温度明显高于另外两种。



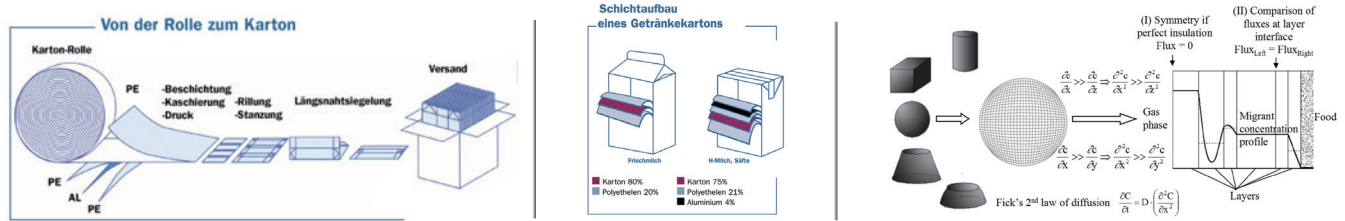
	Tm(℃)		Heat (J/g Protein)
	T _{onset} (℃)	T _{peak}	
I1GM	67.63	75.89	19.55
I1GMT	68.43	75.93	22.3
I1G7	73.78	76.13	23.17

食品/药品包材添加剂迁移率 - SML软件

SML是瑞士AKTS公司针对食品、药品包材添加剂迁移问题开发的一款模拟软件，以有限元分析法(FEA)为数学模型，预测在一定环境温度条件下，多层食品包装中的添加剂向食品中的迁移量。

- 可以模拟多层包装中各层添加剂向食品中扩散的迁移量，而不仅限于对单层包装的模拟。
- 可以模拟真实的非等温条件，如食品/药品经历不同温度环境下的加工、包装、储存及消费的最终过程中的包装物材料及添加剂迁移。
- 软件模拟结果经与理论及实验结果对照验证，确保模拟结果准确可信。

* SML软件符合欧盟法案(EU) No 10/2011。



SC技术参数

温度范围	-20℃至170℃
程控温度扫描速率（加热及冷却）	0.001至1.2℃.min ⁻¹
RMS噪音	0.2μW
样品池	1mL-双通道-哈氏合金-可拆卸，无信号交叉干扰 混合池、标准池多种选择

Option : AKTS动力学软件



微量热同系列产品

BT 2.15
-196℃~200℃
12.5 mL样品容积
多种原位反应样品池
0~1000 Bar

C80
RT~300℃
12.5 mL样品容积
多种原位反应样品池
0~1000 Bar

Sensys Evo
-120℃ ~830℃
0~30K/min
0~500Bar