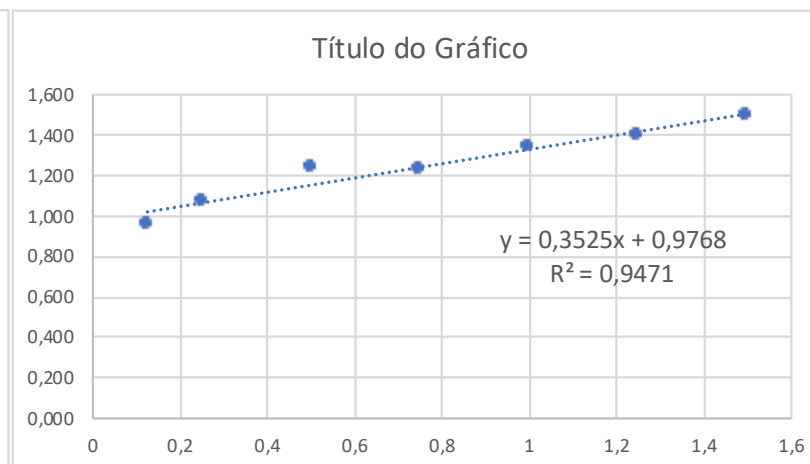
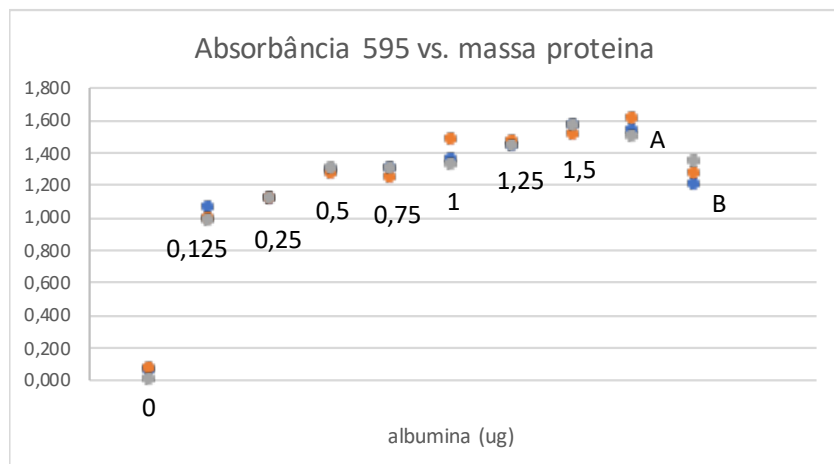


_g	ABS 1	ABS 2	ABS 3	Media	subtraindo o branco - linha de base
0	0,059	0,072	0,000	0,044	0
0,125	1,052	0,994	0,973	1,006	0,963
0,25	1,108	1,113	1,110	1,110	1,067
0,5	1,275	1,269	1,297	1,280	1,237
0,75	1,300	1,240	1,291	1,277	1,233
1	1,348	1,474	1,324	1,382	1,338
1,25	1,441	1,460	1,432	1,444	1,401
1,5	1,557	1,499	1,558	1,538	1,494
A	1,526	1,605	1,489	1,540	1,496
B	1,193	1,272	1,331	1,265	1,222

amostras que se quer medir devem estar na faixa de linearidade da curva -padrao

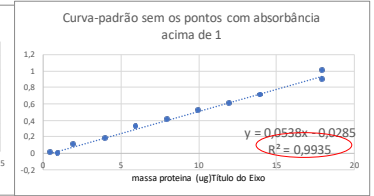
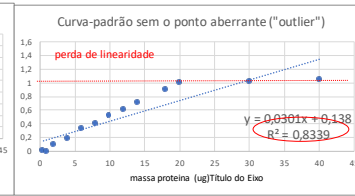
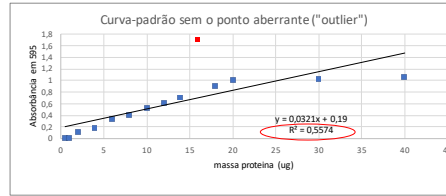


Pela regressão linear

$y = 0,3525x + 0,9768$	
A	1,474
B	0,695

**Curva-padrão** Solução de albumina (1g/L)

Tubo	volume (ul)	Água (ul)	massa proteína (ug) em 100 ul	Reagente de Bradford (mL)	Absorbância em 595nm após 5 min de incubação	
1		0,5	99,5	0,5	1	0,002
2		1	99	1	1	0,001
3		2	98	2	1	0,1
4		4	96	4	1	0,18
5		6	94	6	1	0,32
6		8	92	8	1	0,4
7		10	90	10	1	0,51
8		12	88	12	1	0,6
9		14	86	14	1	0,7
10		16	84	16	1	1,7 valor aberrante
11		18	82	18	1	0,9
12		20	80	20	1	1
13		30	70	30	1	1,02
14		40	60	40	1	1,05



3 lisados cm 5 ml

Tubo	Lisado A (mL)	Diluição prévia	Reagente de Bradford (mL)	Absorbância em 595 nm após 5min de incubação	massa proteína (ug)	conc. proteína (ug/ml)	corrigindo para diluição do lisado (ug/ml)	Valor da concentração de proteínas (ug/ml)
1		0,1 Sem diluir	1	2	37,70	377,0	377,0	215,1
2		0,1 2x	1	0,55	10,75	107,5	215,1	fora da linearidade da curva-padrão, medida pouco confiável. Lisado excessivamente concentrado.
3		0,1 5x	1	0,32	6,48	64,8	323,9	327,8
4		0,1 10x	1	0,15	3,32	33,2	331,8	
5		0,1 Sem diluir	1	0,32	6,48	64,8	64,8	
6		0,1 200x	1	0,01	0,72	7,2	1431,2	absorbância muito próxima da linha de base. diluição excessiva do lisado. repetir experimento com menor diluição

$y = 0,0538x - 0,0285$