



thermo scientific

NanoDrop 微量紫外/可见光分光光度计

# NanoDrop One

用户手册

269-309102 NanoDrop One UG

Revision B

2020 年 9 月

**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC

© 2020 Thermo Fisher Scientific Inc. 保留所有权利。

Wi-Fi 是 Wi-Fi Alliance 在美国和/或其他国家的商标或注册商标。Bluetooth 是 Bluetooth Special Interest Group 的商标或注册商标。Windows 是 Microsoft Corporation 在美国和/或其他国家的商标或注册商标。所有其他商标均为 Thermo Fisher Scientific Inc. 及其子公司的财产。

若要获得美国技术支持，请联系：

Thermo Fisher Scientific  
3411 Silverside Road  
Tatnall Building, Suite 100  
Wilmington, DE 19810 U.S.A.

电话：302 479 7707

免费电话：1 877 724 7690

（仅限美国和加拿大）

电子邮件：nanodrop@thermofisher.com

若要获得国际支持，请联系：

<http://www.nanodrop.com/support>

请联系当地经销商。有关联系信息，请访问：

<http://www.nanodrop.com/Order.aspx>

Thermo Fisher Scientific Inc. 为购买产品的客户提供本文档，供其在操作产品时参考。本文档受版权保护，未经 Thermo Fisher Scientific Inc. 书面许可，严禁复制本文档或本文档中的任何部分。

本文档的内容可能会随时更改，恕不另行通知。本文档中的所有技术信息仅供参考。本文档中的系统配置和规格将取代购买者先前获得的所有信息。

Thermo Fisher Scientific Inc. 不保证本文档是完整、准确或无误的，对因使用本文档而可能导致的任何错误、遗漏、损坏或损失不承担任何责任和义务，即使正确遵循文档中的信息。

本文档不属于 Thermo Fisher Scientific Inc. 和购买者之间销售合同的一部分。任何情形下，都不得使用本文档来取代或修改任何“Terms and Conditions of Sale（销售条款与条件）”，若两份文档信息发生冲突，则以“Terms and Conditions of Sale（销售条款与条件）”中的信息为准。

仅供研究使用。此仪器或附件不是医疗器械，因此不适合用于防止、诊断、护理或治疗疾病。



**警告** 避免爆炸或火灾的发生。此仪器或附件不适合在爆炸性环境区域中使用。

# 目录

<b>第 1 章</b>	<b>分光光度计简介 .....</b>	<b>7</b>
	功能 .....	8
	触摸屏 .....	8
	比色皿架.....	9
	USB A 端口 .....	9
	配件 .....	10
	DYMO™ LabelWriter™ 450 型标记打印机 .....	10
	PR-1 基座修复试剂盒.....	10
	PV-1 性能验证溶液 .....	10
	仪器检测限 .....	11
<b>第 2 章</b>	<b>仪器设置.....</b>	<b>13</b>
	注册您的仪器.....	13
	更新软件 .....	13
	设置用户帐户控制（可选） .....	14
	用户帐户控制 .....	14
	安全管理策略 .....	15
	技术支持 .....	17
	若要获得美国/加拿大技术支持，请联系： .....	17
	若要获得国际支持，请联系： .....	17
<b>第 3 章</b>	<b>应用检测范围.....</b>	<b>19</b>
	适用于全部应用的检测限 .....	19
	适用于所有标准品应用的检测限.....	19
	适用于预定义染料的检测限.....	21
<b>第 4 章</b>	<b>核酸应用 .....</b>	<b>23</b>
	检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA .....	23
	检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA.....	23
	核酸检测的最佳实践.....	25
	核酸报告结果 .....	27
	核酸检测设置 .....	30
	核酸检测计算 .....	30

检测基因芯片 .....	33
检测基因芯片样品 .....	33
基因芯片报告结果 .....	36
基因芯片检测设置 .....	37
基因芯片检测计算 .....	41
使用用户自定义系数检测 .....	45
使用用户自定义系数检测核酸 .....	45
用户自定义系数报告结果 .....	47
使用用户自定义系数检测核酸的设置 .....	48
使用用户自定义系数检测核酸的检测限 .....	49
检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA .....	51
检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA .....	51
寡核苷酸报告结果 .....	54
用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的设置 .....	56
用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的检测限 .....	58
用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的计算 .....	59
<b>第 5 章</b>	
<b>蛋白质应用 .....</b>	<b>63</b>
检测蛋白质 A280 .....	63
检测 A280 处的蛋白质浓度 .....	63
蛋白质检测的最佳实践 .....	65
蛋白质 A280 报告结果 .....	67
用于蛋白质 A280 检测的设置 .....	68
蛋白质编辑器 .....	71
用于蛋白质 A280 检测的检测限 .....	74
用于蛋白质 A280 检测的计算 .....	75
检测蛋白质 A205 .....	80
检测 A205 处的蛋白质浓度 .....	80
蛋白质 A205 报告结果 .....	82
用于蛋白质 A205 检测的设置 .....	85
用于蛋白质 A205 检测的计算 .....	87
检测蛋白芯片 .....	89
检测标记蛋白样品 .....	89
蛋白芯片报告结果 .....	91
用于蛋白芯片检测的设置 .....	93
用于蛋白芯片检测的检测限 .....	95
用于蛋白芯片检测的计算 .....	96

	检测蛋白质 BCA 法.....	99
	检测总蛋白浓度.....	99
	蛋白质 BCA 法报告结果.....	107
	用于蛋白质 BCA 法检测的设置.....	110
	检测蛋白质 Bradford 法.....	113
	检测总蛋白浓度.....	113
	蛋白质 Bradford 法报告结果.....	117
	用于蛋白质 Bradford 法检测的设置.....	120
	检测蛋白质 Lowry 法.....	123
	检测总蛋白浓度.....	123
	若要检测蛋白质 Lowry 法的标准品和样品.....	124
	蛋白质 Lowry 法报告结果.....	126
	用于蛋白质 Lowry 法检测的设置.....	128
	检测蛋白质 Pierce 660 法.....	131
	检测总蛋白浓度.....	131
	若要检测蛋白质 Pierce 660 法的标准品和样品.....	132
	蛋白质 Pierce 660 法报告结果.....	134
	用于蛋白质 Pierce 660 法检测的设置.....	137
<b>第 6 章</b>	<b>检测 OD600.....</b>	<b>139</b>
	检测 OD600.....	139
	若要检测 OD600 样品.....	141
	OD600 报告结果.....	143
	OD600 检测设置.....	144
	OD600 检测计算.....	147
<b>第 7 章</b>	<b>用户自定义应用.....</b>	<b>149</b>
	检测紫外-可见光.....	150
	检测紫外-可见光.....	150
	紫外-可见光检测的最佳实践.....	151
	紫外-可见光报告结果.....	152
	紫外-可见光检测设置.....	155
	检测用户自定义.....	157
	使用用户自定义方法检测.....	157
	删除用户自定义方法.....	160
	用户自定义方法报告结果.....	161
	管理用户自定义方法.....	163

<b>第 8 章</b>	<b>检测动力学.....</b>	<b>173</b>
	检测动力学.....	173
	创建动力学方法.....	177
	编辑动力学方法.....	178
	动力学报告结果.....	179
	动力学检测设置.....	184
<b>第 9 章</b>	<b>学习中心.....</b>	<b>187</b>
	微体积采样 - 工作原理.....	188
	设置仪器.....	190
	连接电源.....	190
	连接附件.....	190
	设置蓝牙连接.....	190
	设置以太网连接.....	195
	设置无线连接.....	196
	评估仪器连接.....	198
	操作指标.....	199
	检测微体积样品.....	200
	微体积检测的最佳实践.....	201
	建议样品体积.....	202
	使用比色皿检测样品.....	205
	比色皿检测的最佳实践.....	206
	制备样品和空白溶液.....	208
	制备样品.....	208
	运行空白检测周期.....	211
	基本仪器操作.....	213
	NanoDrop One 主页屏幕.....	213
	NanoDrop One 检测屏幕.....	216
	NanoDrop One 常规操作.....	231
	Acclaro 样品智能检测技术.....	241
	查看 Acclaro 样品智能检测技术信息.....	241
	污染物分析.....	243
	请求式技术支持.....	247
	无效结果警报.....	248
	仪器设置.....	249
	系统设置.....	249
	网络设置.....	251

	导出设置.....	252
	常规设置.....	254
	数据删除设置 .....	255
	<b>PC 控制软件 .....</b>	<b>257</b>
	PC 控制“主页”屏幕概览 .....	257
	控制选项.....	258
	仪器状态.....	261
	检测屏幕显示选项 .....	262
<b>第 10 章</b>	<b>维护 .....</b>	<b>263</b>
	维护计划 .....	264
	日常维护.....	264
	定期维护.....	264
	每 6 个月 .....	264
	清洁触摸屏 .....	265
	维护基座 .....	265
	清洁基座.....	265
	修复基座.....	268
	仪器去污处理.....	270
	维护比色皿采样系统 .....	272
	仪器诊断 .....	272
	强度检查.....	273
	性能验证.....	275
	基座图像检查 .....	280
<b>第 11 章</b>	<b>安全和操作防范措施 .....</b>	<b>281</b>
	操作防范措施.....	282
	安全信息 .....	283
	安全和特殊注意事项.....	283
	当系统送达时 .....	285
	抬起或搬运仪器.....	285
	电气要求及安全.....	286
	电源线 .....	286
	火灾安全和灼伤危险.....	287
	光学安全性.....	288
	危险物质.....	288



## 分光光度计简介



**注** 将该仪器置于远离通风口和排气风扇的位置以最小化蒸发。

The Thermo Scientific™ NanoDrop™ One<sup>C</sup> 是紧凑型的独立式紫外可见光分光光度计，专用于多种分析物的微体积分析。利用获得专利的**样品滞留系统**，可对高浓度样品进行检测，无需事先进行稀释。

NanoDrop One 自带预装软件和一台触摸显示屏。NanoDrop One PC 控制软件可安装在本地计算机上，用于控制仪器和查看数据。可将该仪器通过 **USB** 线缆连接至选配的打印机，或通过以太网连接或无线网络连接至远程打印机。

**注** 操作 NanoDrop One 仪器之前，请阅读**安全和操作防范措施**并在使用仪器时遵循其建议。

## 功能

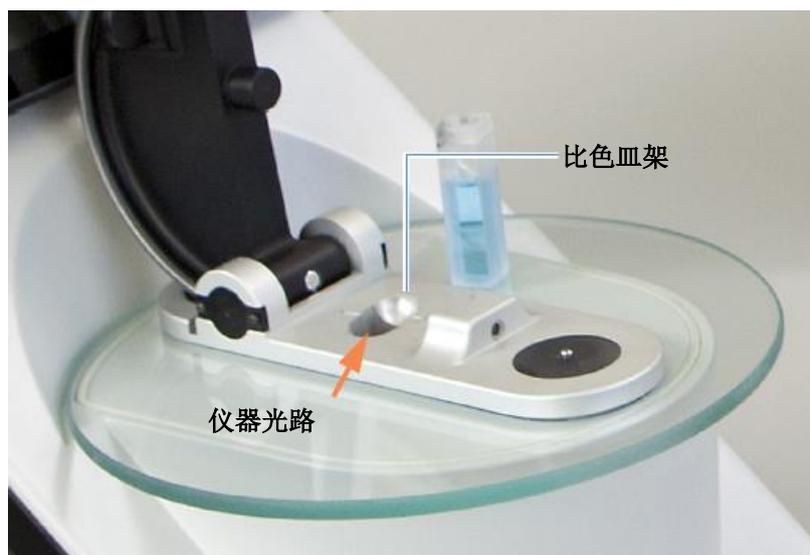
NanoDrop One<sup>C</sup> 分光光度计配备获得专利的**微体积样品滞留系统**。NanoDrop One<sup>C</sup> 还配备一个比色皿架，以便使用标准紫外可见光比色皿对稀释样品进行分析。

## 触摸屏



NanoDrop One<sup>C</sup> 配备内置的 7 英寸高清触摸屏，其中预装了简便易用的仪器控制软件。可根据个人喜好将触摸屏滑向左侧或右侧，也可前后倾斜以获得最佳视觉效果。

## 比色皿架



NanoDrop One<sup>C</sup> 型号配备一个比色皿架，可用于检测稀释样品、进行比色分析、细胞培养以及动力学研究。比色皿系统提供了以下附加功能：

- 扩展检测下限
  - 专用于温度敏感型样品和分析的 37 °C 加热器选项
  - 可确保样品的均匀性以便进行动力学研究的微搅拌选项
- 有关详细信息，请参阅[使用比色皿检测样品](#)。

## USB A 端口

仪器的前部有一个 USB A 端口，仪器的后面板上还有两个 USB A 端口。

## 配件

本节列出了与 NanoDrop One<sup>C</sup> 配合使用的配件。

### DYMO™ LabelWriter™ 450 型标记打印机

该打印机可打印两份尺寸为 5/16 英寸 x 4 英寸的自粘标签，以便将样品数据直接存放到实验记录簿中或张贴到公告板上。利用其中的软件，可打印每个样品的检测数据，或者对同时记录并检测的一组样品进行[数据打印](#)。

该打印机通过 USB 线缆（已附带）与仪器（前部或后部）相连。

### PR-1 基座修复试剂盒



该复合剂是一种经专门配制的调整化合物，可涂抹到样品平台上以恢复其疏水状态（要获得足够大的表面张力以准确检测样品，平台必须具备疏水状态。）该复合剂盒中含有调整化合物和涂抹器。有关详细信息，请参[阅修复基座](#)。

### PV-1 性能验证溶液

用于检查仪器性能的液相光度检测标准。有关详细信息，请参[阅性能验证](#)。

## 仪器检测限



检测位置	光程 (mm)	检测上限 (10 mm 当量吸光度)
基座	1.0	12.5
	0.2	62.5
	0.1	150
	0.05	300
	0.03	550
比色皿	10	1.5
	5	3
	2	7.5
	1	15

本页特意留白。

# 仪器设置

## 注册您的仪器

对您的仪器进行注册，之后即可通过电子邮件接收 NanoDrop One 仪器软件和配件相关更新。要进行注册，需具备互联网连接。

### 要注册您的仪器

1. 执行下列操作之一：
  - 在连接到互联网的任何计算机上，使用网站浏览器导航至[我们的网站](#)。

在网站中，找到 NanoDrop One “注册” 位置并根据说明对仪器进行注册。

## 更新软件

从我们的网站快速轻松下载并安装最新版的 NanoDrop One 软件和软件发行说明。按步骤更新或升级您的本地仪器上的软件和/或安装或更新个人计算机 (PC) 上的 NanoDrop One 软件。要下载软件，需具备互联网连接。

### 在计算机上安装或更新 NanoDrop One 软件

1. 将包含安装程序软件的 U 盘插入计算机上可用的 USB 端口，或打开从互联网下载的安装文件夹。
2. 启动 **Start.exe**，然后点击**安装**。软件安装程序就会运行。

### 在仪器上安装或更新 NanoDrop One 软件

1. 将带有新软件的 .zip 文件从计算机复制到 USB 存储设备上。不要试图对该文件夹进行解压缩。
2. 将一个 USB 设备插入 NanoDrop One 仪器上的 USB 端口。
3. 在仪器“主页”屏幕上，点击**设置 > 系统 > 更新软件**并选择最新版软件。

## 2 仪器设置

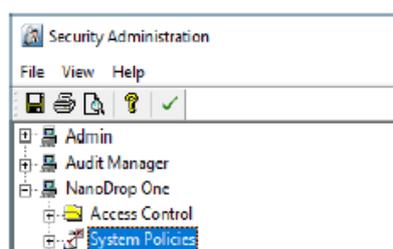
设置用户帐户控制（可选）

# 设置用户帐户控制（可选）

使用“安全管理”应用程序管理用户帐户控制。可以为实验室中使用的需要符合 21 CFR 第 11 部分的仪器购买用于 NanoDrop One 的 Thermo Scientific 安全管理软件。启动“安全管理”应用程序时，需要输入您的 Windows 登录信息。

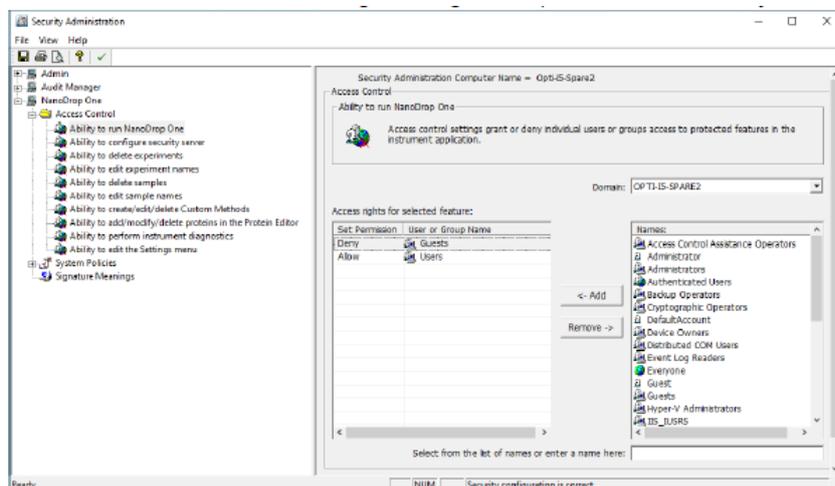
## 用户帐户控制

启动“安全管理”应用程序，从左侧的目录中选择 NanoDrop One，显示访问控制和系统策略。



## 访问控制

访问控制用于授予或拒绝单个用户或组对仪器应用中受保护功能的访问权。在访问列表中添加和删除用户和组，并使用每个实体的下拉菜单设置访问权限。



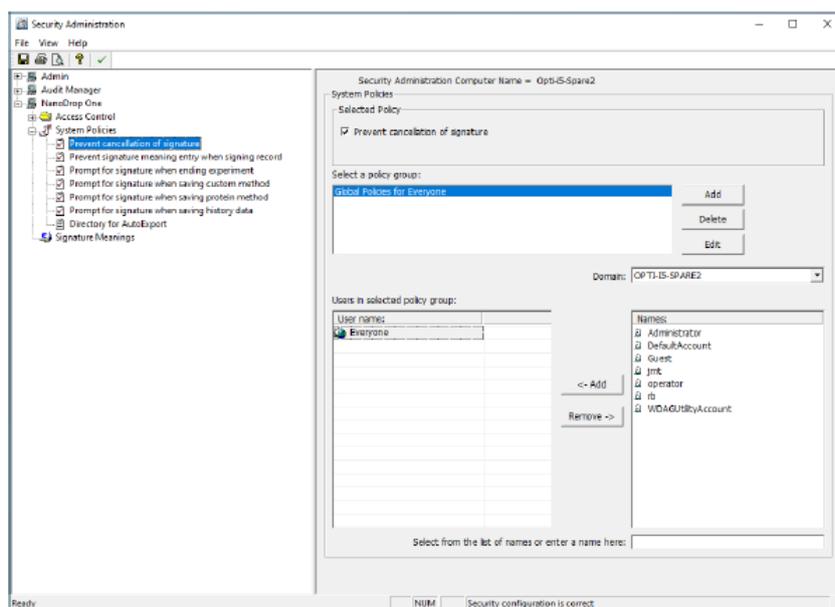
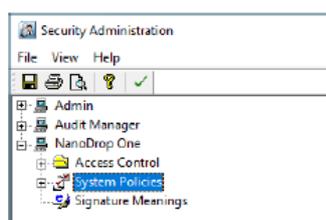
## 系统策略

系统策略用于设置定义客户端应用程序行为的选项。请参阅“安全管理策略”。

## 安全管理策略

系统策略允许您为用户和组分配数据和方法的创建、删除和编辑权限。

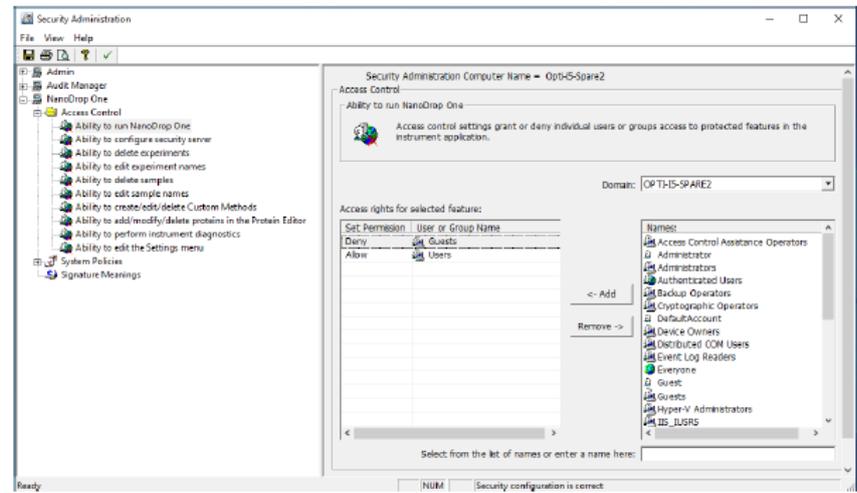
启动“安全管理”应用程序，选择 **NanoDrop One-> 系统策略**。



## 2 仪器设置

设置用户帐户控制（可选）

您可以添加、删除或编辑策略组，并启用或禁用该组用户删除数据的权限。选择 **NanoDrop One-> 访问控制**。



完成后，选择**保存**。更改将在下次启动 NanoDrop One 时生效。

## 技术支持

若要获得美国/加拿大技术支持，请联系：

Thermo Fisher Scientific  
3411 Silverside Road  
Tatnall Building, Suite 100  
Wilmington, DE 19810 U.S.A.

电话：302 479 7707

免费电话：1 877 724 7690（仅限美国和加拿大）

传真：302 792 7155

电子邮件：nanodrop@thermofisher.com

网址：[www.thermoscientific.com/nanodrop](http://www.thermoscientific.com/nanodrop)

若要获得国际支持，请联系：

请联系当地经销商。有关联系信息，请访问：

<http://www.nanodrop.com/Order.aspx>

如果您的系统出现问题，请参阅故障排除信息。如果问题仍存在，请联系我们。如果您是在美国和加拿大以外的地区，请联系当地经销商。

如果您的仪器需要维护或维修，请联系我们或当地经销商。



## 应用检测范围

### 适用于全部应用的检测限



注 下表提供的检测限为近似值并仅适用于微体积检测；这些检测限基于仪器的 0–550 A 吸光度范围（10 mm 当量）。对于使用 10 mm 光程比色皿的检测，吸光度范围为 0-1.5 A。

### 适用于所有标准品应用的检测限

样品类型	检测下限	检测上限	典型重复性 <sup>a</sup>
单链 DNA	2.0 ng/ $\mu$ L (基座)	27,500 ng/ $\mu$ L (基座)	样品浓度处于 2.0 和 100 ng/ $\mu$ L 之间的样品为 $\pm$ 2.0 ng/ $\mu$ L;
	0.20 ng/ $\mu$ L (比色皿)	75 ng/ $\mu$ L (比色皿)	> 100 ng/ $\mu$ L 的样品为 $\pm$ 2%
双链 DNA	1.3 ng/ $\mu$ L (基座)	18,150 ng/ $\mu$ L (基座)	样品浓度处于 2.0 和 100 ng/ $\mu$ L 之间的样品为 $\pm$ 2.0 ng/ $\mu$ L;
	0.13 ng/ $\mu$ L (比色皿)	49.5 ng/ $\mu$ L (比色皿)	> 100 ng/ $\mu$ L 的样品为 $\pm$ 2%

### 3 应用检测范围

适用于全部应用的检测限

样品类型	检测下限	检测上限	典型重复性 <sup>a</sup>
RNA	1.6 ng/μL (基座)	22,000 ng/μL (基座)	样品浓度处于 2.0 和 100 ng/μL 之间的样品为 ±2.0 ng/μL; > 100 ng/μL 的样品为 ±2%
	0.16 ng/μL (比色皿)	60 ng/μL (比色皿)	
DNA 基因芯片 (单链 DNA)	1.3 ng/μL (基座)	495 ng/μL (基座)	样品浓度处于 2.0 和 100 ng/μL 之间的样品为 ±2.0 ng/μL; > 100 ng/μL 的样品为 ±2%
	0.13 ng/μL (比色皿)	49.5 ng/μL (比色皿)	
通过蛋白质 A280 法的纯化 BSA	0.06 mg/mL (基座)	825 mg/mL (基座)	±0.10 mg/mL (0.10-10 mg/mL 样品) ; >10 mg/mL 的样品为 ±2%
	0.006 mg/mL (比色皿)		
通过蛋白质 A280 法的 IgG	0.03 mg/mL (基座)	402 mg/mL (基座)	
	0.003 mg/mL (比色皿)		
通过蛋白芯片的纯化 BSA	0.06 mg/mL (基座)	19 mg/mL (基座)	0.10–10 mg/mL 的样品为 ±0.10 mg/mL
	0.006 mg/mL (比色皿)		
蛋白质 BCA 法	0.2 mg/mL (20:1 试剂/样品体积)	8.0 mg/mL (基座)	整个范围的 2%
		0.20 mg/mL (比色皿)	整个范围的 0.01 mg/mL
	0.01 mg/mL (1:1 试剂/样品体积)		
蛋白质 Lowry 法	0.2 mg/mL (基座)	4.0 mg/mL (基座)	整个范围的 2%
蛋白质 Bradford 法	100 μg/mL (50:1 试剂/样品体积)	8000 μg/mL	100–500 μg/mL 的样品为 ±25 μg/mL
	15 μg/mL (1:1 试剂/样品体积)	100 μg/μL	500-8000 μg/mL 的样品为 ±5% 15-50 μg/mL 的样品为 ±4 μg/mL
			50-125 μg/mL 的样品为 ±5%
蛋白质 Pierce 660 法	50 μg/mL (15:1 试剂/样品体积)	2000 μg/mL	50-125 μg/mL 的样品为 ±3 μg/mL
	25 μg/mL (7.5:1 试剂/样品体积)	1000 μg/mL	> 125 μg/mL 的样品为 ±2% 25-125 μg/mL 的样品为 ±3 μg/mL > 125 μg/mL 的样品为 ±2%

<sup>a</sup> 基于五次重复 (SD=ng/μL; CV=%)

**注** 为了最小化高浓度样品导致的仪器误差，可进行稀释确保在以下吸光度范围内进行检测：

- 对于微体积检测，260 nm 处（核酸）或 280 nm 处（蛋白质）的最大吸光度应小于 62.5 A。
- 对于使用 10 mm 光程比色皿的检测，260 nm（或对于蛋白质的 280 nm）处的最大吸光度应小于 1.5 A，约为 75 ng/μL 双链 DNA。

## 适用于预定义染料的检测限

样品类型	检测下限	检测上限 <sup>a</sup>	典型重复性 <sup>b</sup>
Cy3、Cy3.5、Alexa Fluor 555、Alexa Fluor 660	0.2 pmol/μL (基座)	100 pmol/μL (基座)	样品浓度处于 0.20 和 4.0 pmol/μL 之间的样品为 ±0.20 pmol/μL； > 4.0 pmol/μL 的样品为 ±2%
Cy5、Cy5.5、Alexa Fluor 647	0.12 pmol/μL (基座)	60 pmol/μL (基座)	样品浓度处于 0.12 和 2.4 pmol/μL 之间的样品为 ±0.12 pmol/μL； > 2.4 pmol/μL 的样品为 ±2%
Alexa Fluor 488、Alexa Fluor 594	0.4 pmol/μL (基座)	215 pmol/μL (基座)	样品浓度处于 0.40 和 8.0 pmol/μL 之间的样品为 ±0.40 pmol/μL； > 8.0 pmol/μL 的样品为 ±2%
Alexa Fluor 546	0.3 pmol/μL (基座)	145 pmol/μL (基座)	样品浓度处于 0.30 和 6.0 pmol/μL 之间的样品为 ±0.30 pmol/μL； > 6.0 pmol/μL 的样品为 ±2%

<sup>a</sup> 近似值

<sup>b</sup> 基于五次重复 (SD=ng/μL; CV=%)

### 3 应用检测范围

适用于全部应用的检测限

## 核酸应用

### 检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

检测 260 nm 处吸收的纯化双链 DNA、单链 DNA 或 RNA 样品的浓度。

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

报告结果

设置

检测限

计算



### 检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

使用双链 DNA、单链 DNA 和 RNA 应用定量分析纯化的双链 (ds) 或单链 (ss) DNA 或 RNA 样品。这些应用报告核酸浓度和两个吸光度比 ( $A_{260}/A_{280}$  和  $A_{260}/A_{230}$ )。也可使用单点基线校正。

#### 若要检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA 样品

##### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

## 4 核酸应用

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测核酸

1. 在“主页”屏幕上，选择**核酸**选项卡并点击**双链 DNA、单链 DNA 或 RNA**，根据要检测的样品而定。
2. 如果需要，指定一个**基线校正**。
3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

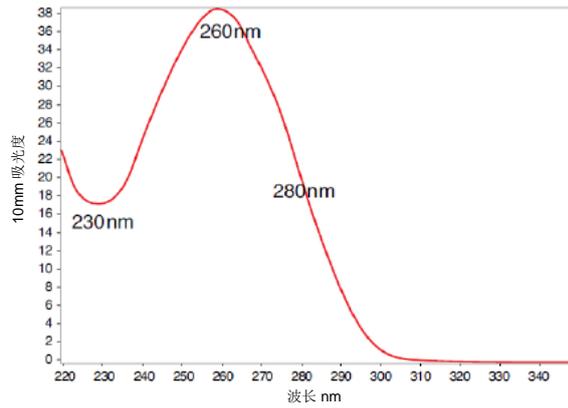
**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 1-2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。
7. 开始样品检测：

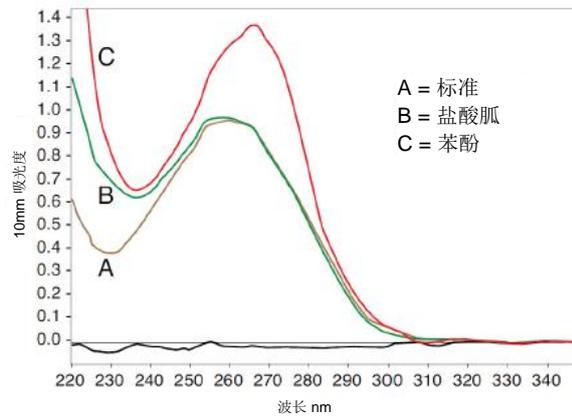
- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。
- 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



典型的核酸光谱图



含/不含二种常见污染物的核酸光谱比较

## 核酸检测的最佳实践

- 在检测之前，将核酸样品隔离和纯化以去除杂质。根据样品而定，杂质可以包括 DNA、RNA、游离核苷酸、蛋白质、一些缓冲液成分和染料。有关详细信息，请参阅[样品制备](#)。

**注** 如果样品中存在抽提试剂（即使是残留量），如盐酸胍、苯酚和 EDTA，其会增加处于 230 nm 和 280 nm 之间的吸光度并影响检测结果。

## 4 核酸应用

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

- 确保样品吸光度处于仪器的[吸光度检测限](#)内。
- 使用用于再悬浮目标分析物的相同缓冲溶液进行空白检测。空白检测溶液的 pH 值和离子强度应类似于分析物溶液。
- 运行[空白检测周期](#)评估缓冲溶液增加的吸光度。如果处于或接近分析波长（通常为 260 nm）的缓冲液展现强大的吸收度，您可能需要选择一个不同的缓冲液或应用。有关详细信息，请参阅[选择和进行空白检测](#)。
- 对于微体积检测：
  - 确保基座表面已正确[清洁](#)和[调节](#)。
  - 如果可能，在进行检测之前，应将高浓度或大分子样品，如基因组或  $\lambda$  噬菌体 DNA 加热至 63 °C (145 °F)，然后轻轻（但彻底）混匀。混合和转移样品时，避免引入气泡。
  - 按照[微体积检测的最佳实践](#)。
  - 使用 1-2  $\mu$ L 样品体积。有关详细信息，请参阅[建议样品体积](#)。
- 对于比色皿检测（仅限 NanoDrop One<sup>C</sup> 仪器），请使用相容比色皿，然后按照[比色皿检测的最佳实践](#)。

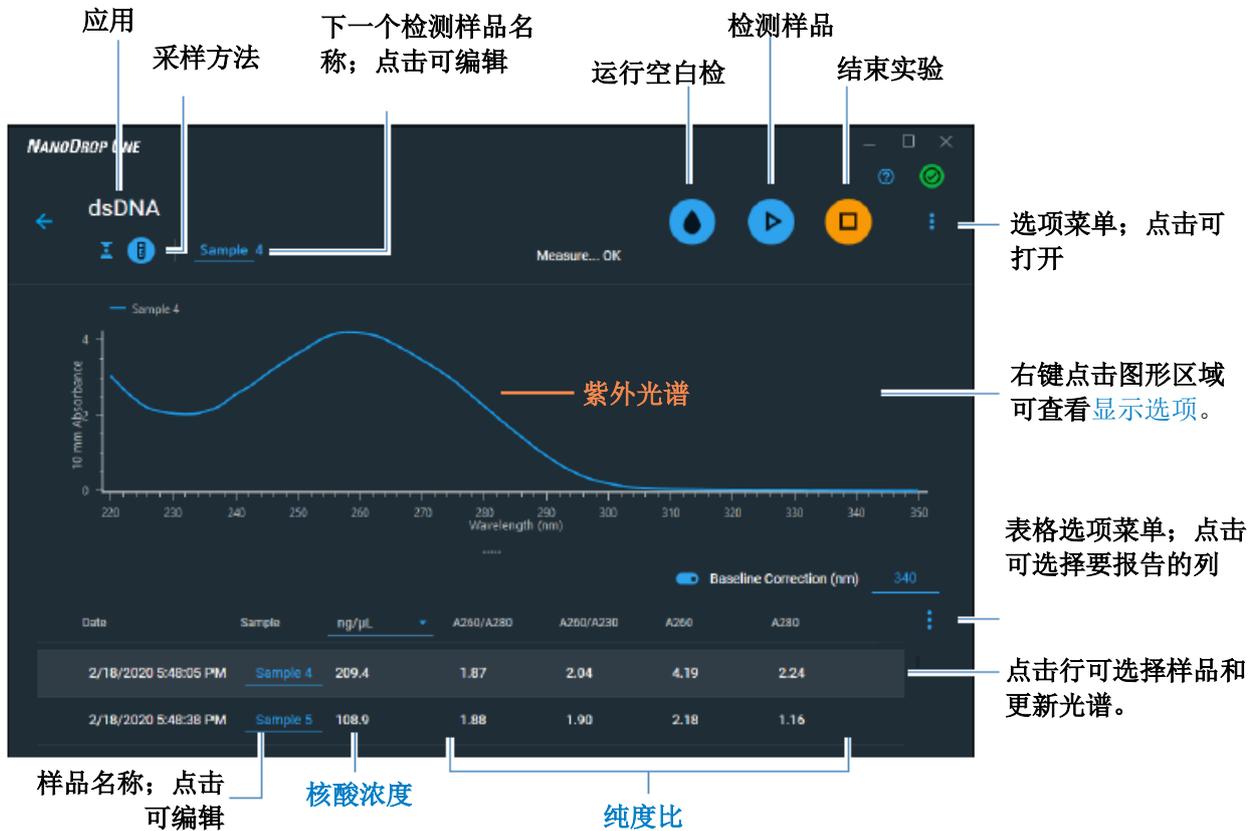
### 相关主题

- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [微体积检测的最佳实践](#)
- [比色皿检测的最佳实践](#)
- [制备样品和空白溶液](#)
- [基本仪器操作](#)

## 核酸报告结果

### 双链 DNA 检测屏幕

对于每个检测的样品，双链 DNA、单链 DNA 和 RNA 应用显示紫外吸光度光谱和结果摘要。以下是 PC 控制软件检测屏幕的示例：



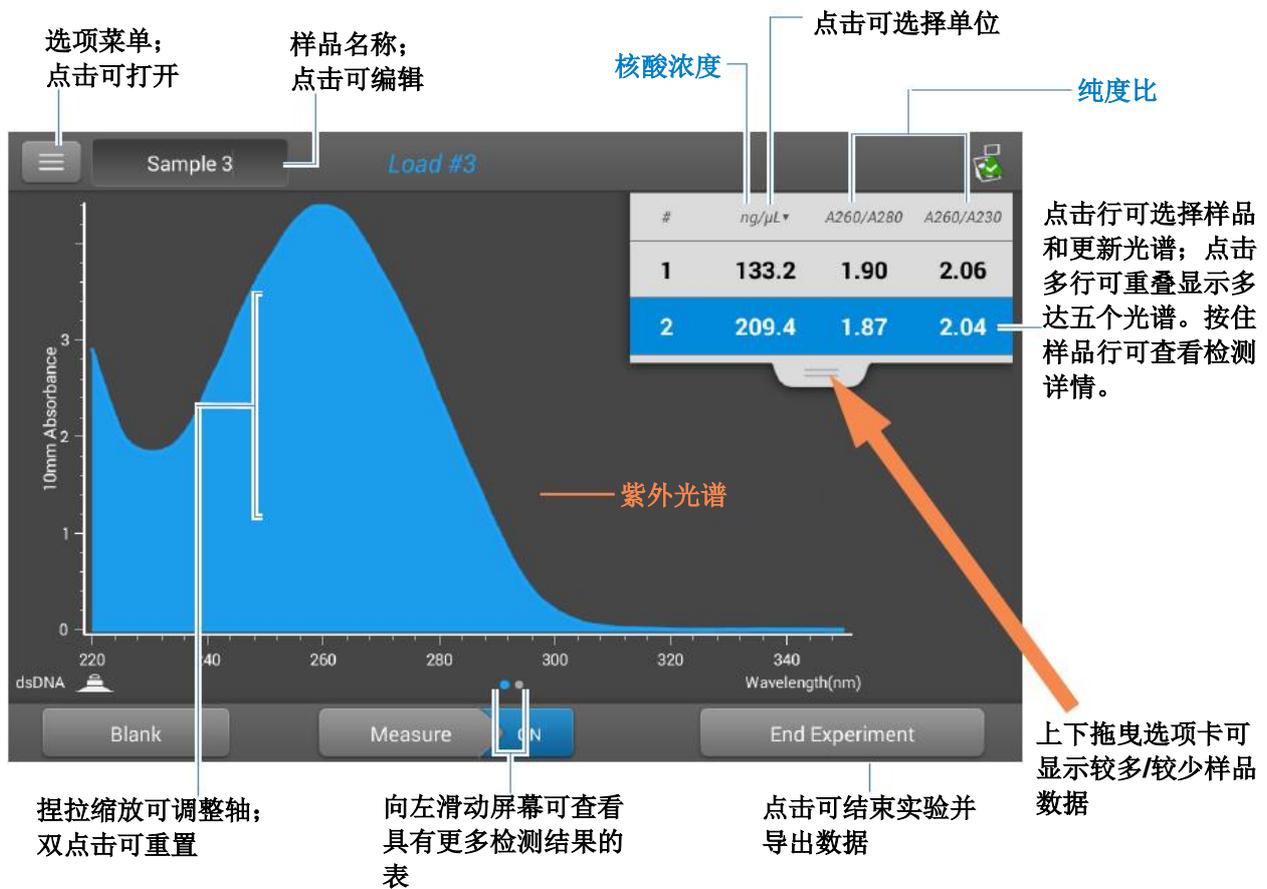
### PC 控制软件的检测屏幕

注 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

#### 4 核酸应用

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

以下是本地控制检测屏幕的示例：



#### NanoDrop One 本地控制软件的检测屏幕

## 双链 DNA、单链 DNA 和 RNA 报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



- 样品详情（使用的应用和采样方法，如基座或比色皿）
- 样品名称
- 创建于（进行样品检测的日期）
- 核酸浓度
- A260/A280
- A260/A230
- A260
- A280
- 系数
- 基线校正

## 4 核酸应用

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

### 核酸检测设置

若要显示双链 DNA、单链 DNA 或 RNA 设置，从双链 DNA、单链 DNA 或 RNA 检测屏幕，点击  > 核酸设置。

设置	可用选项	描述
基线校正	打开或关闭 输入基线校正波长（单位为 nm）或使用默认值（340 nm）	可选用户自定义基线校正。软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子导致的任何偏移。因此，在指定基线校正波长处的样品光谱吸光度为零。

### 核酸检测计算

核酸应用使用 Beer-Lambert 等式的修改式（如右侧所示）计算吸光度和浓度，其中消光系数和光程相结合，被称为“系数”。

#### 消光系数与系数的对比

使用 Beer-Lambert 等式中的术语，系数 (f) 被定义为：

$$\text{系数 (f)} = 1/(\epsilon \cdot b)$$

其中：

$\epsilon$  = 波长相关的摩尔消光系数，单位为 ng-cm/ $\mu$ L

b = 样品光程，单位为 cm

作为结果，分析物浓度 (c) 的计算为：

$$c = A * [1/(\epsilon \cdot b)]$$

或者

$$c = A * f$$

其中：

c = 分析物浓度，单位为 ng/ $\mu$ L

A = 吸光度，以吸光度单位 (A) 表示

f = 系数，单位为 ng-cm/ $\mu$ L（如下所示）

对于双链 DNA、单链 DNA 和 RNA 应用，通常被接受的核酸系数会配合 Beer 定律使用以计算样品浓度。对于“用户自定义系数”应用，将会使用用户指定的系数。

计算的核酸浓度基于 260 nm 处的吸光度值、使用的系数和样品光程。也可应用单点基线矫正（或分析矫正）。

报告的浓度以质量为单位。互联网上提供了计算器，用于根据样品序列，将浓度单位从质量转换为摩尔。

260 nm、280 nm 和有时候 230 nm 处的吸光度值，用于计算所检测核酸样品的纯度比。纯度比对样品中存在的污染物敏感，如通常在样品纯化过程中使用的残余溶剂和试剂。

## 使用的系数

- 双链 DNA（系数 = 50 ng-cm/ $\mu$ L）
- 单链 DNA（系数 = 33 ng-cm/ $\mu$ L）
- RNA（系数 = 40 ng-cm/ $\mu$ L）
- 用户自定义系数（用户输入处于 15 ng-cm/ $\mu$ L 和 150 ng-cm/ $\mu$ L 之间的系数）

## 检测值

**注：**对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

## A260 吸光度

- 核酸吸光度值使用标准化光谱图在 260 nm 处测得。如果未选择“基线矫正”，这是报告的 A260 值。
- 如果选择了基线矫正，矫正波长的吸光度值将减去 260 nm 处吸光度。将报告 260 nm 处已矫正吸光度并可用于计算核酸浓度。

## A230 和 A280 吸光度

- 230 nm 和 280 nm 处标准化和基线矫正（如选择）的吸光度值用于计算 A260/A230 和 A260/A280 比率。

## 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅常规设置）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。

## 4 核酸应用

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA

### 报告值

- **核酸浓度。**以选中的单位（即 ng/μL、μg/uL 或 μg/mL）报告。使用矫正的核酸吸光度值，基于修改的 Beer 定律等式计算。
- **A260/A280 纯度比。**260 nm 处已矫正吸光度比可用于 280 nm 处已矫正吸光度。约 1.8 的 A260/A280 纯度比通常被接受为“纯”DNA（RNA 为约 2.0）。酸性溶液的报告值可能少 0.2-0.3；碱性溶液则相反。
- **A260/A230 纯度比。**260 nm 处已矫正吸光度比可用于 230 nm 处已矫正吸光度。处于 1.8 和 2.2 之间的 A260/A230 纯度比通常被接受为“纯”DNA 和 RNA。

**注：**虽然纯度比是样品质量的重要指标，但质量的最佳指标是目标下游应用的功能（例如，实时 PCR）。

- **系数。**配合 Beer 定律用于计算样品浓度。
- **污染物** - 如果 Acclaro 软件识别到污染物，则该污染物将显示在此列中。
- **A260 吸光度。**
- **A280 吸光度。**
- **基线矫正。**

## 检测基因芯片

对已被标记为使用最多两个荧光染料的纯化核酸浓度进行检测，以便在下游基因芯片应用中使用。

[检测基因芯片样品](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[检测限](#)

[计算](#)



### 检测基因芯片样品

使用基因芯片应用对已被标注为使用最多两个荧光染料的核酸进行定量分析。该应用报告核酸浓度、A260/A280 比和浓度、以及检测的染料吸光度值，允许检测低至 0.2 皮摩尔/微升的染料浓度。

若要检测基因芯片样品

#### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

#### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测基因芯片样品

1. 在“主页”屏幕上，选择**核酸**选项卡并点击**基因芯片**。
2. 指定**样品类型和系数**和使用的**染料类型**。

**提示：**从预定义列表选择一个染料或使用**染料/色谱图编辑器**添加用户自定义染料。

3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。

6. 将 1-2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。

7. 开始样品检测：

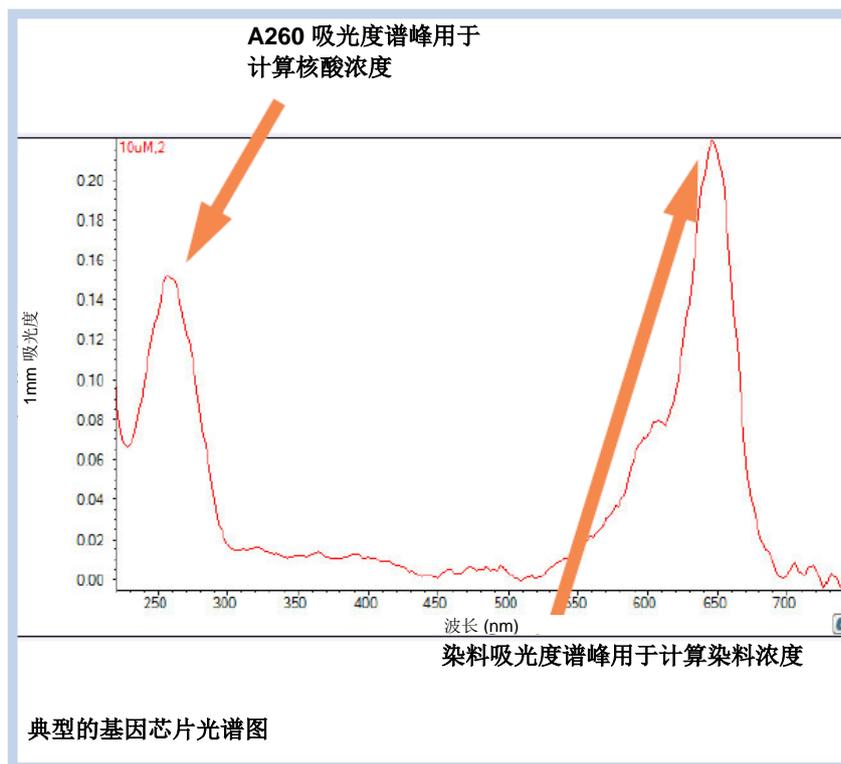
- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

- 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。

9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



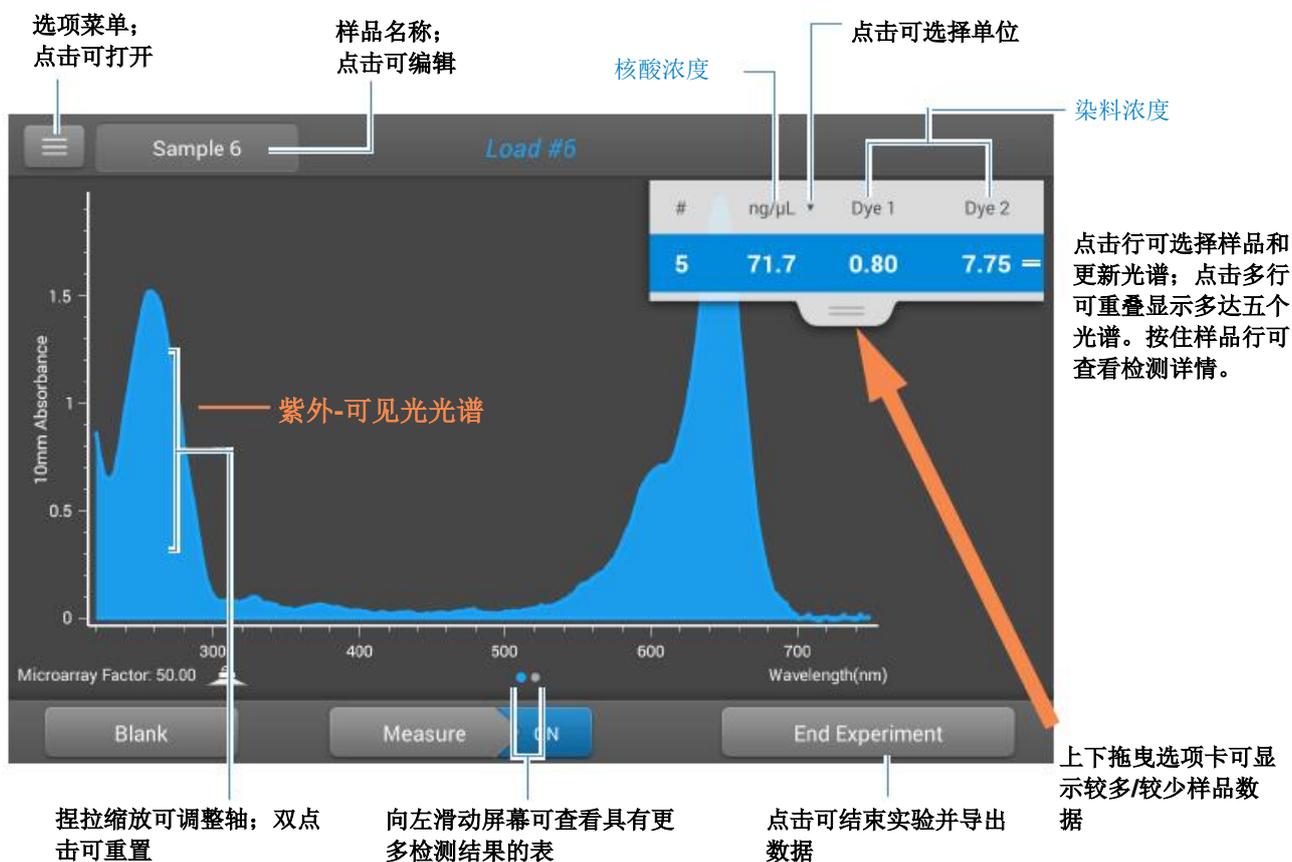
### 相关主题

- 核酸检测的最佳实践
- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品
- 微体积检测的最佳实践
- 比色皿检测的最佳实践
- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

## 基因芯片报告结果

### 基因芯片检测屏幕

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为示例：



#### 注

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 750 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## 基因芯片报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：

- 样品详情（使用的应用和基座或比色皿）
- 样品名称
- 创建于（进行样品检测的日期）
- 核酸浓度
- A260
- A260/A280
- 染料 1/染料 2 浓度
- 样品类型
- 分析矫正
- 系数

## 基因芯片检测设置

### 基因芯片设置

在“主页”屏幕上的“核酸”选项卡选择“基因芯片”应用后，将会显示“基因芯片设置”屏幕。要在“基因芯片”检测屏幕中显示基因芯片设置，点击  > 基因芯片设置。

设置	可用选项	描述
样品类型和系数	双链 DNA（使用不可编辑的系数 50 ng-cm/ $\mu$ L）	双链 DNA 的广泛接受值
	单链 DNA（使用不可编辑的系数 33 ng-cm/ $\mu$ L）	单链 DNA 的广泛接受值
	RNA（使用不可编辑的系数 40 ng-cm/ $\mu$ L）	RNA 的广泛接受值
	寡核苷酸 DNA 使用不可编辑的计算系数，单位为 ng-cm/ $\mu$ L	从用户定义 DNA 碱基序列计算系数。当选择时，可用的 DNA 碱基单位（即 G、A、T、C）将显示为按键。通过点击适当的按键定义序列。系数是根据每个碱基单位的广泛接受值自动计算的。

设置	可用选项	描述
	寡核苷酸 RNA 使用不可编辑的计算系数，单位为 ng-cm/μL	从用户定义 RNA 碱基序列计算系数。当选择时，可用的 RNA 碱基单位（即 G、A、T、C）将显示为按键。通过点击适当的按键定义序列。系数是根据每个碱基单位的广泛接受值自动计算的。
	用户自定义（使用用户指定的系数，单位为 ng-cm/μL）	输入介于 15 ng-cm/μL 和 150 ng-cm/μL 之间的系数
染料 1/染料 2 类型 <sup>a</sup>	Cy3、5、3.5 或 5.5、Alexa Fluor 488、546、555、594、647 或 660	选择用于标记样品材料的预定义染料，或已经使用染料编辑器添加的染料。
染料 1/染料 2 单位	皮摩尔/微升 (pmol/μL)、微摩尔 (μM) 或毫摩尔 (mM)	选择用于报告染料浓度的单位
分析校正 <sup>b</sup>	打开或关闭 输入分析校正波长（单位为 nm）或使用默认值 (340 nm)	从分析波长处的吸光度值减去指定分析校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子所导致样品吸光度检测的任何偏移。校正的值将用于计算样品浓度。 <b>提示：</b> 如果样品经修改在 340 nm 处吸收光，选择不同的校正波长或关闭分析校正。

<sup>a</sup> 若要添加用户自定义染料或编辑可用的染料列表，请使用染料/色谱图编辑器。

<sup>b</sup> 分析校正仅影响核酸浓度的计算。

## 染料/色谱图编辑器

使用染料/色谱图编辑器可将用户自定义染料添加到[基因芯片设置](#)或[蛋白芯片设置](#)中的可用染料列表上。您还可以指定该列表中可用的染料。

若要访问染料/色谱图编辑器：

- 在“主页”屏幕上，点击  > 染料编辑器
- 在“基因芯片”或“蛋白芯片”检测屏幕上，点击  >  设置 > 染料编辑器

## 染料编辑器

锁定的染料  
(预定义; 不能编辑或删除)

点击可添加用户自定义染料

点击可编辑选择的用户自定义染料

点击可删除选择的用户自定义染料

Id	Dye	Unit	Coefficient (l/mole-cm)	Wavelength (nm)	260nm Correction	280nm Correction
1	None	μM	0	0	0.00	0.00
2	Cy3	μM	150000	550	0.04	0.05
3	Cy5	μM	250000	650	0.00	0.05
4	Alexa Fluor 488	μM	71000	495	0.30	0.11
5	Alexa Fluor 546	μM	104000	556	0.21	0.12
6	New1	pmol/μL	143000	470	0.10	0.20

Done

用户自定义染料 (用户定义; 不能编辑或删除)

选择染料 (将显示在基因芯片设置或蛋白芯片设置中的染料 1 和染料 2 列表中)

点击可关闭染料编辑器

染料/色谱图编辑器提供了以下操作：

### 添加或移除染料

要添加或移除基因芯片设置或蛋白芯片设置中染料 1 或染料 2 下拉列表中的染料：

- 选择或取消选择对应的复选框



### 添加用户自定义染料

- 点击 显示“新染料”框
- 为新染料输入唯一的名称（点击字段可显示键盘，点击完成键可关闭键盘）

- 选择默认**单位**可显示染料浓度
- 输入染料的**消光系数**（或摩尔吸光常数），单位为 L/mole-cm（通常由染料制造商提供）
- 指定**波长**，单位为 nm（介于 450 nm 和 700 nm），用于检测染料的吸光度
- 指定 260 nm 和 280 nm 处染料的**矫正值**
- 点击**添加染料**

**注** 若要确定染料矫正值（如果染料制造商未提供）：

- 使用仪器检测纯染料并注意在 260 nm、280 nm 和染料分析波长处的吸光度（请参阅上文）
- 计算  $A_{260}/A_{\text{dye wavelength}}$  的比率并输入该值进行 260 nm 矫正
- 计算  $A_{280}/A_{\text{dye wavelength}}$  的比率并输入该值进行 280 nm 矫正

如果在检测之前选择用户自定义染料，将报告该染料的吸光度和浓度值，并对检测的样品吸光度值和所得到的样品浓度和纯度比应用矫正。

### 编辑用户自定义染料

**提示** 在软件中预定义的染料不能被编辑。

- 点击可选择用户自定义染料
- 点击 
- 编辑任何条目或设置
- 点击**保存染料**

### 删除用户自定义染料

**提示** 在软件中预定义的染料不能被删除。

- 点击可选择用户自定义染料
- 点击 

**注意** 删除用户自定义染料将永久性删除该软件中的染料和所有相关信息。

## 基因芯片检测计算

与其他核酸应用一样，基因芯片应用使用 [Beer-Lambert 等式的修改式](#) 计算样品浓度，其中消光系数和光程相结合，被称为“系数”。基因芯片应用提供六个选项（如右侧所示），可为每个检测的样品选择一个合适的系数，配合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果该系数已知，请选择“用户自定义系数”选项，然后输入系数，单位为  $\text{ng-cm}/\mu\text{L}$ 。否则，选择最匹配样品溶液的选项。

**提示：**理想情况下，系数或消光系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究核酸来确定。

### 系数的可用选项

- **双链 DNA**（系数 =  $50 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ ）
- **单链 DNA**（系数 =  $33 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ ）
- **RNA**（系数 =  $40 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ ）
- **寡核苷酸 DNA**（从用户输入的 DNA 核苷酸序列进行计算）
- **寡核苷酸 RNA**（从用户输入的 RNA 核苷酸序列进行计算）
- **用户自定义系数**（用户输入处于  $15 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$  和  $150 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$  之间的系数）

**注：**有关详细信息，请参阅[样品类型](#)。

计算的核酸浓度基于 260 nm 处的吸光度值、使用的系数和样品光程。也可应用单点基线矫正（或分析矫正）。

报告的浓度以质量为单位。互联网上提供了计算器，用于根据样品序列，将浓度单位从质量转换为摩尔。

260 nm、280 nm 和有时候 230 nm 处的吸光度值，用于计算所检测核酸样品的纯度比。纯度比对样品中存在的污染物敏感，如通常在样品纯化过程中使用的残余溶剂和试剂。

## 检测值

### A260 吸光度

**注：**750 nm 处的吸光度值将从光谱中所有波长处的吸光度值减去。因此，所显示光谱中 750 nm 处的吸光度值为零。此外，对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

- 用于全部基因芯片**样品类型**的核酸吸光度值在 260 nm 处使用 750 已矫正和标准化光谱图进行检测。
- 如果选择了**分析矫正**，矫正波长的吸光度值将减去 260 nm 处吸光度。
- 如果选择一个或多个染料，在 260 nm 处的**染料矫正值**也将减去在 260 nm 处的吸光度。
- 将报告在 260 nm 处的最终已矫正吸光度并可用于计算样品浓度。

### A280 吸光度

- 在 280 nm 处的 750 已矫正和标准化吸光度值（减去 A280 染料矫正）可用于计算 A260/A280 比率。

染料浓度通过染料分析波长处的吸光度值、染料的消光系数和样品光程进行计算。也可使用染料斜率线校正。

### 染料吸光度

- 染料吸光度值在特定波长处检测。有关使用的分析波长信息，请参阅[染料/色谱图编辑器](#)。
- 如果选择了染料斜率校正，400 nm 和 750 nm 之间将绘制一条线性基线，对于每个染料，将从每个染料分析波长处的吸光度值减去斜率基线的吸光度值。将报告基线校正染料吸光值并用于计算染料浓度。

### 染料校正

- 预定义染料具有 A260 和 A280 的已知校正系数。有关使用的校正系数信息，请参阅[染料/色谱图编辑器](#)。
- A260 染料校正将从用于计算核酸浓度的 A260 吸光度值和用于计算 A260/A280 纯度比的 A260 吸光度值减去。

### 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。

### 报告值

- **核酸浓度**。以选中的单位（即  $\text{ng}/\mu\text{L}$ 、 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$  或  $\mu\text{g}/\text{mL}$ ）报告。使用矫正的核酸吸光度值，基于修改的 Beer 定律等式计算。
- **A260/A280 纯度比**。260 nm 处已矫正吸光度比可用于 280 nm 处已矫正吸光度。约 1.8 的 A260/A280 纯度比通常被接受为“纯”DNA（RNA 为约 2.0）。酸性溶液的报告值可能少 0.2-0.3；碱性溶液则相反。
- **染料 1/ 染料 2 浓度**。以  $\text{pmol}/\mu\text{L}$  为单位报告。使用（斜率）基线矫正染料吸光度值，基于 Beer 定律计算。

**注：**虽然纯度比是样品质量的重要指标，但 DNA 或 RNA 质量的**最佳指标**是目标下游应用的功能（例如，基因芯片）。

### 相关主题

- [核酸检测计算](#)

## 使用用户自定义系数检测

使用用户自定义系数计算检测纯化核酸的浓度。

使用用户自定义系数检测

报告结果

设置

检测限

计算



### 使用用户自定义系数检测核酸

使用用户自定义系数应用以用户定义的消光系数或系数定量分析在 260 nm 处吸收的纯化的 DNA 或 RNA 样品。该应用报告核酸浓度和两个吸光度比（A260/A280 和 A260/A230）。也可使用单点基线校正。

#### 使用用户自定义系数检测核酸样品

##### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

##### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

##### 使用用户自定义系数检测

1. 在“主页”屏幕上，选择**核酸**选项卡并点击**用户自定义系数**。

## 4 核酸应用

使用用户自定义系数检测

2. 输入用于计算的**系数**，如果需要，可指定一个**基线校正**。

3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保**将比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。

6. 将 1-2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。

7. 开始样品检测：

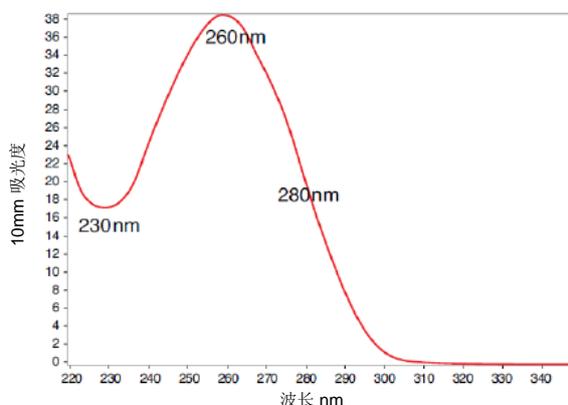
— 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

— 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。

9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



典型的核酸光谱图

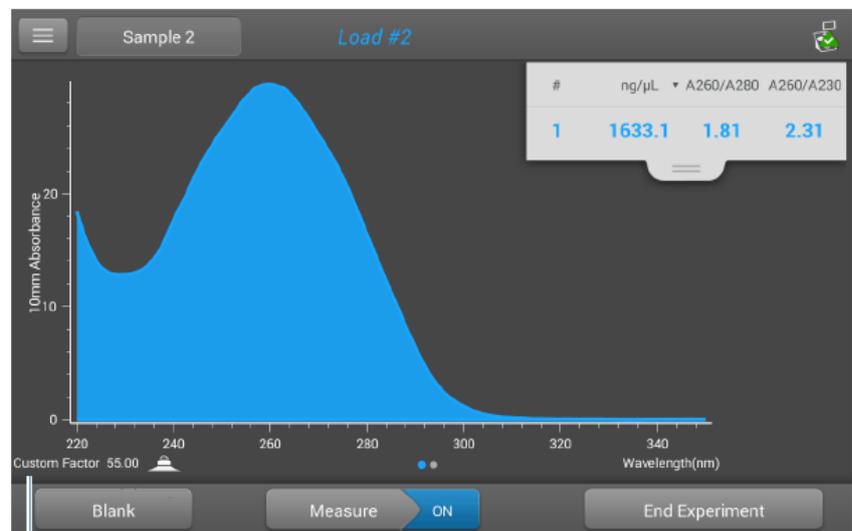
## 相关主题

- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品
- 微体积检测的最佳实践
- 比色皿检测的最佳实践
- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

## 用户自定义系数报告结果

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为示例：

注 除了用户自定义系数在左下角（请参见下图）显示报告之外，用户自定义系数检测屏幕与用于其他核酸应用的检测屏幕非常近似。



用户自定义系数用于计算核酸浓度

## 4 核酸应用

### 使用用户自定义系数检测

#### 相关主题

- [基本仪器操作](#)
- [核酸报告结果](#)
- [核酸计算](#)

## 使用用户自定义系数检测核酸的设置

要显示用户自定义系数设置，从本地控制点击  > 用户自定义系数设置。

使用 PC 控制软件时，从“用户自定义系数”检测屏幕选择设置图标 ，以查看用户自定义系数设置。

设置	可用选项	描述
用户自定义系数	输入介于 15 ng-cm/μL 和 150 ng-cm/μL 之间的整数	在修改的 Beer 定律等式中用于计算核酸浓度的常数。基于消光系数和光程： $f = 1/(\epsilon_{260} * b)$ 其中： <b>f</b> = 系数 <b>ε</b> = 260 nm 处的摩尔消光系数，单位为 ng-cm/μL <b>b</b> = 样品光程，单位为 cm（使用 NanoDrop One 仪器检测核酸时为 1 cm）
基线校正	打开或关闭 输入基线校正波长（单位为 nm）或使用默认值 (340 nm)	可选用户自定义基线校正值。软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子导致的任何偏移。因此，在指定基线校正波长处的样品光谱吸光度为零。 <b>注：</b> 基线校正可从 PC 控制软件的检测屏幕选择，并且在“用户自定义系数设置”中不显示。

#### 相关主题

- [仪器设置](#)

## 使用用户自定义系数检测核酸的检测限

此处提供用于核酸的较低检测限和重复性规范。检测上限取决于仪器的吸光度上限和用户定义的消光系数。

### 计算核酸样品的检测上限

使用以下等式计算检测上限，单位为 ng/μL：

$$\left( \text{吸光度上限}_{\text{仪器}} * \text{消光系数}_{\text{样品}} \right)$$

例如，使用消光系数 55 的样品检测，等式如下所示：

$$(550 \text{ AU} * 55 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}) = 30,250 \text{ ng}/\mu\text{L}$$

注 对于使用 10 mm 光程比色皿的检测，吸光度上限为 1.5 AU，约为双链 DNA 的 75 ng/μL。

### 相关主题

- [适用于全部应用的检测限](#)

#### 4 核酸应用

使用用户自定义系数检测

本页特意留白。

## 检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

检测 260 nm 处吸收的纯化单链 DNA 或 RNA 寡核苷酸的浓度。

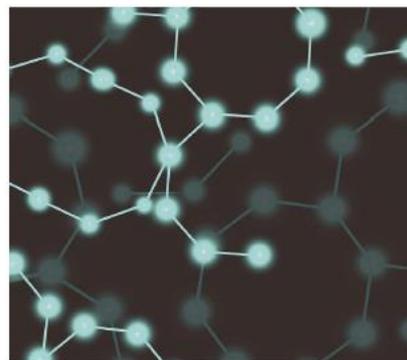
检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

报告结果

设置

检测限

计算



## 检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

使用寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 应用定量分析 260 nm 处吸收的寡核苷酸。摩尔消光系数会根据用户定义的样品碱基序列自动计算。这些应用报告核酸浓度和两个吸光度比 ( $A_{260}/A_{280}$  和  $A_{260}/A_{230}$ )。也可使用单点基线校正。

**注** 如果寡核苷酸已被修改，例如使用荧光染料，请与寡核苷酸制造商确认该修改是否会增加 260 nm 处的吸光度。如果是，我们建议使用[基因芯片应用](#)以量化核酸浓度。基因芯片应用包括一个校正，可消除由于寡核苷酸定量结果的染料造成的任何增加的吸光度。

## 若要检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA 样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

#### 若要检测寡核苷酸样品

1. 在“主页”屏幕上，选择**核酸**选项卡并根据需要点击**寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA**。
2. 如果需要，指定**寡核苷酸碱基序列**和**基线校正**。
3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

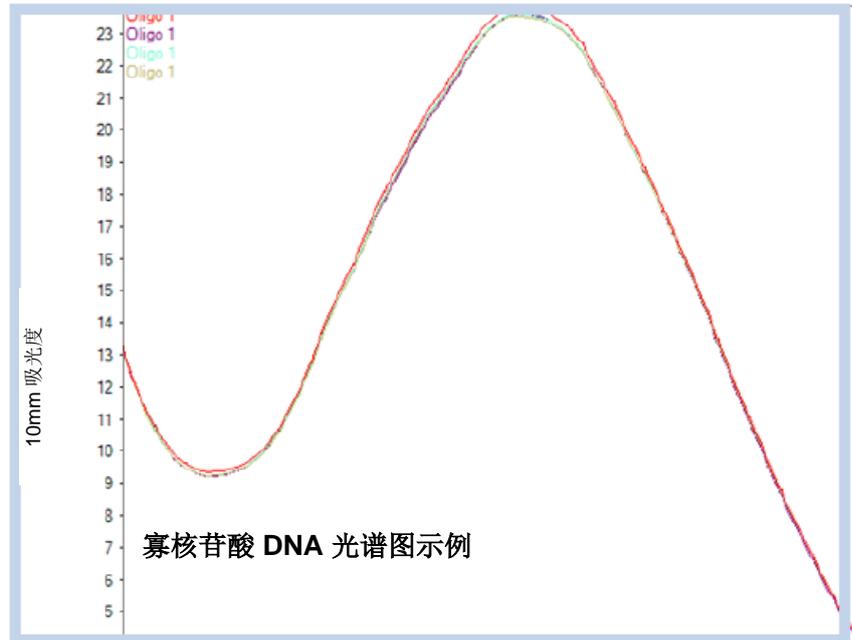
**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 1-2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。
7. 开始样品检测：

- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。
- 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



### 相关主题

- 核酸检测的最佳实践
- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品
- 微体积检测的最佳实践
- 比色皿检测的最佳实践
- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

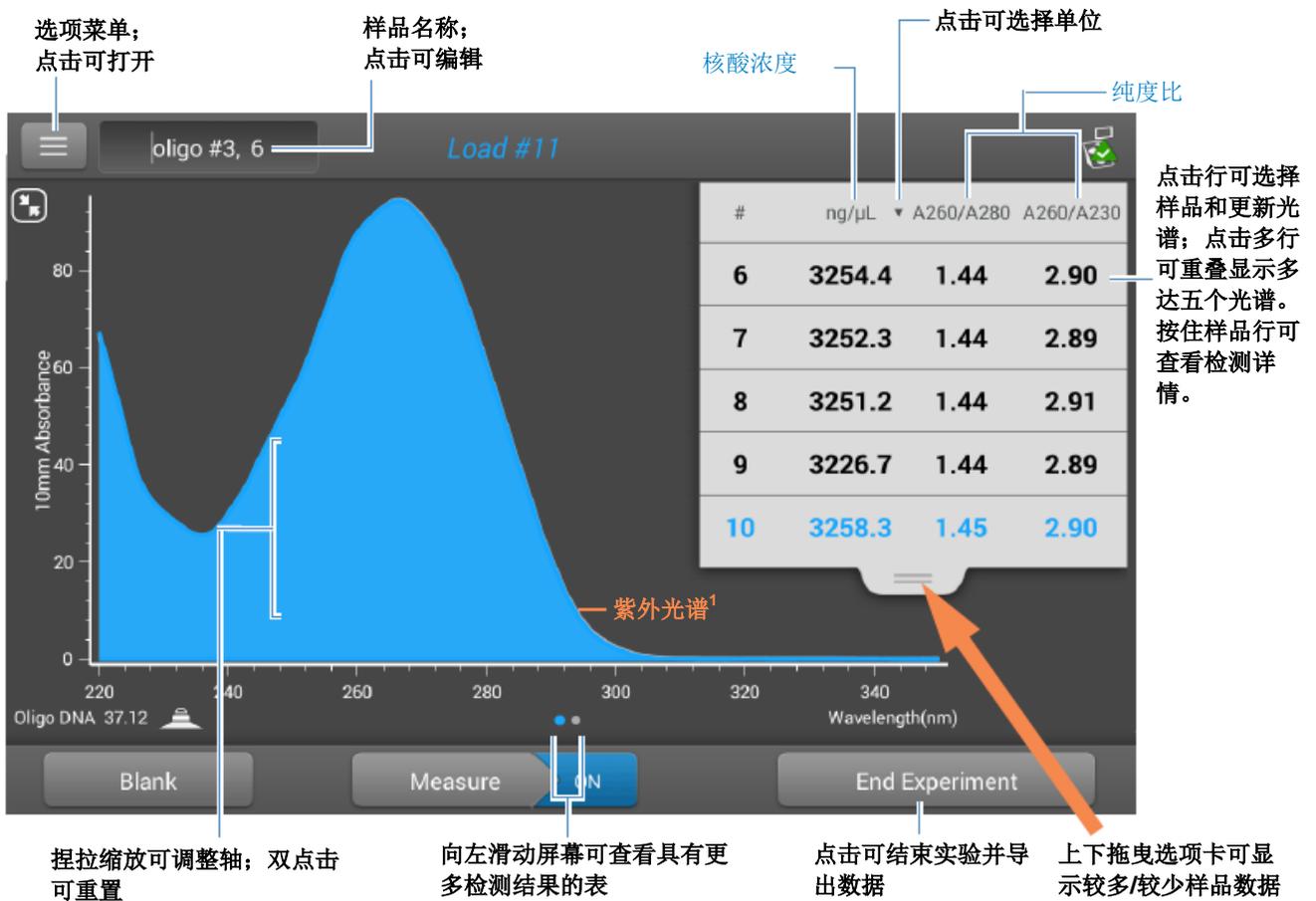
## 4 核酸应用

检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

### 寡核苷酸报告结果

#### 寡核苷酸 DNA 检测屏幕（本地控制）

对于每个检测的样品，寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 应用显示紫外吸光度光谱和结果摘要。此处为示例：



<sup>1</sup> 检测寡核苷酸：TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT

注 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## 寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：

- 样品详情（使用的应用和采样方法，如基座或比色皿）
- 样品名称
- 创建于（进行样品检测的日期）
- 核酸浓度
- A260/A280
- A260/A230
- A260
- A280
- 系数
- 寡核苷酸序列
- 基线矫正
- 磁力搅拌器状态

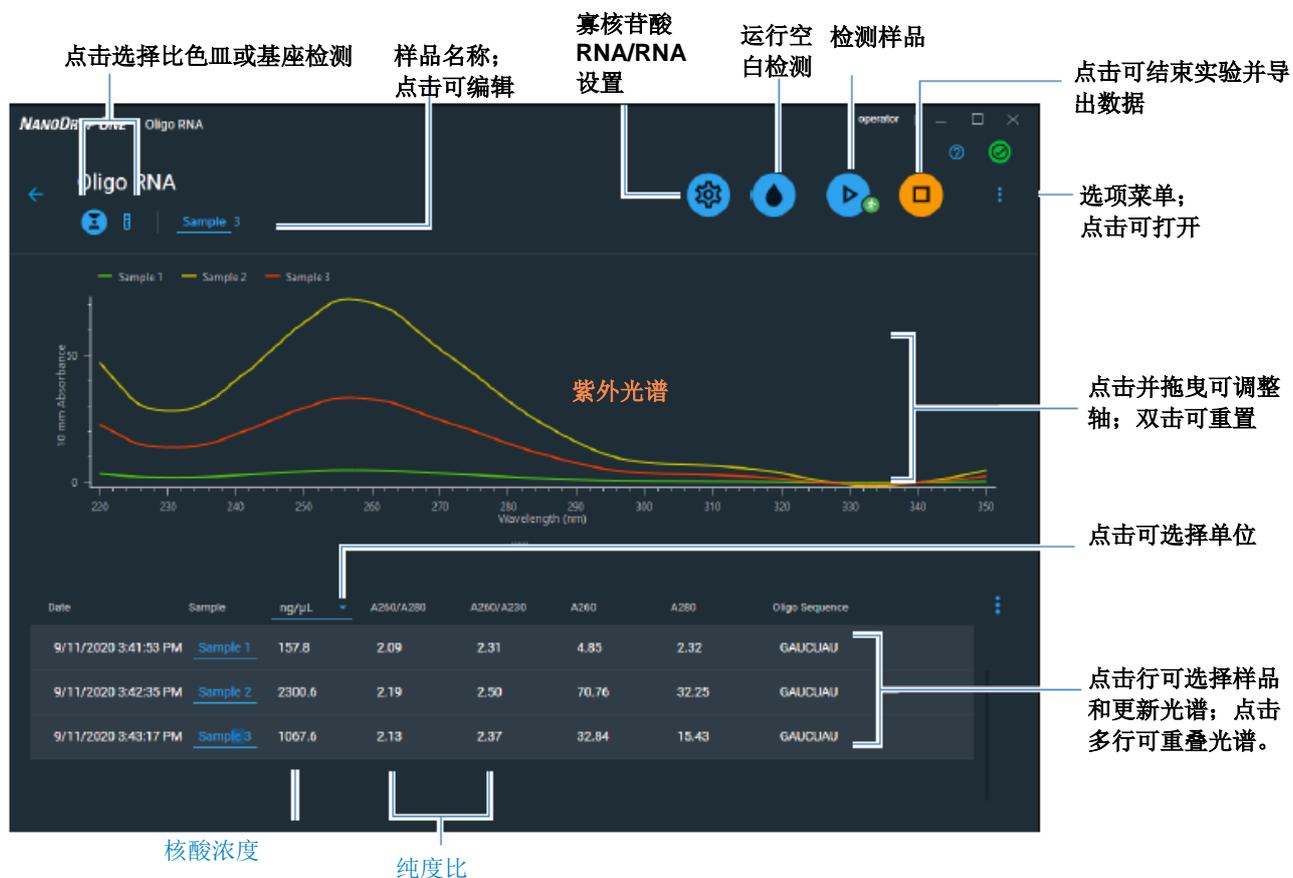
**注** 五个核苷酸组成的 DNA 和 RNA 展现变动很大的 A260/A280 比率。有关详细信息，请参阅寡核苷酸纯度比。

## 4 核酸应用

检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

### 寡核苷酸 DNA 和 RNA 检测屏幕 (PC 控制)

对于每个检测的样品，寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 应用显示紫外吸光度光谱报告值。此处为示例：



### 相关主题

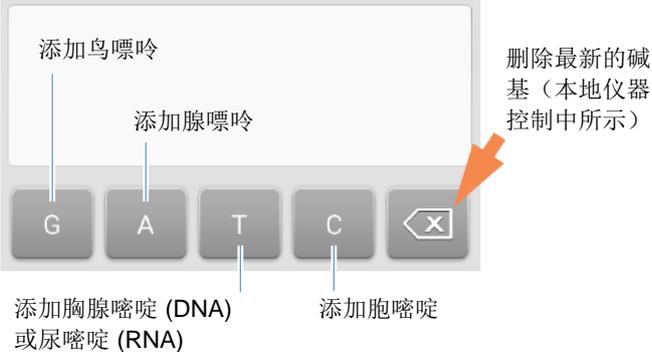
- 基本仪器操作
- 寡核苷酸计算

### 用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的设置

在“主页”屏幕上的“核酸”选项卡选择“寡核苷酸 DNA”或“寡核苷酸 RNA”应用后，将会显示“寡核苷酸设置”屏幕。

在本地仪器控制中，在“寡核苷酸”检测屏幕上，点击  >  寡核苷酸 DNA 设置（或  寡核苷酸 RNA 设置）。

在 PC 控制软件中，从“寡核苷酸 DNA 或 RNA”检测屏幕选择设置图标 ，以查看寡核苷酸 DNA 设置或寡核苷酸 RNA 设置。

设置	可用选项	描述
寡核苷酸碱基序列	<p>适用于 DNA：使用 G、A、T 和 C 键指定 DNA 碱基序列</p> <p>适用于 RNA：使用 G、A、U 和 C 键指定 RNA 碱基序列</p>	<p>指定您的 DNA 或 RNA 碱基序列。点击对应的键：</p>  <p>在 PC 控制软件中，您还可以使用键盘输入碱基序列，或从另一个应用中复制粘贴一个序列。</p> <p>每次将一个碱基添加至序列时，软件将计算如下：</p> <ul style="list-style-type: none"> <li><b>系数</b>。在修改的 Beer 定律等式中用于计算寡核苷酸浓度的常数。基于消光系数和光程：  <math display="block">f = 1/(\epsilon_{260} * b)</math>           其中：  <b>f</b> = 系数  <math>\epsilon</math> = 260 nm 处的摩尔消光系数，单位为 ng-cm/<math>\mu</math>L  <b>b</b> = 样品光程，单位为 cm（使用 NanoDrop One 仪器检测核酸时为 0.1 cm）</li> </ul>

## 4 核酸应用

检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

设置	可用选项	描述
		<ul style="list-style-type: none"><li>• 用户定义碱基序列计算的寡核苷酸分子量。</li><li>• 输入的<b>碱基数量</b>。</li><li>• <b>摩尔消光系数 (260 nm)</b>。260 nm 处的寡核苷酸从输入的碱基序列计算摩尔消光系数（单位为 ng-cm/<math>\mu</math>L）。</li><li>• <b>%GC</b>。输入的碱基总数中鸟嘌呤和胞嘧啶残留的百分比。</li></ul>
基线校正	打开或关闭 输入基线校正波长（单位为 nm）或使用默认值（340 nm）	软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子导致的任何偏移。因此，在指定基线校正波长处的样品光谱吸光度为零。 <b>提示：</b> 如果样品经修改在 340 nm 处吸收光，选择不同的校正波长或关闭基线校正。

### 相关主题

- [仪器设置](#)

## 用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的检测限

此处提供用于寡核苷酸样品类型（单链 DNA 和 RNA）的较低检测限和重复性规范。检测上限取决于仪器的**吸光度上限**、**吸光度上限**和用于用户定义**碱基序列**的消光系数。

### 计算核酸样品的检测上限

使用以下等式计算检测上限，单位为 ng/ $\mu$ L：

$$(\text{吸光度上限}_{\text{仪器}} * \text{消光系数}_{\text{样品}})$$

例如，使用消光系数 55 的样品检测，等式如下所示：

$$(550 \text{ AU} * 55 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}) = 30,250 \text{ ng}/\mu\text{L}$$

**注** 对于使用 10 mm 光程比色皿的检测，吸光度上限为 1.5 AU，约为双链 DNA 的 75 ng/ $\mu$ L。

## 用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的计算

与其他核酸应用一样，寡核苷酸应用使用 Beer-Lambert 等式关联基于样品消光系数和光程的吸光度和浓度。由于寡核苷酸是短的，单链分子（或重复序列的较长分子），其光谱和消光系数 ( $\epsilon$ ) 与碱基组成和序列密切相关。

（用于单链 DNA 和 RNA 的公认消光系数和系数提供自然合理的估计，基本上是随机序列，但并不适合短、合成的寡核苷酸序列。）为了确保最准确的结果，我们使用  $\epsilon_{260}$  的精确值计算寡核苷酸浓度。

NanoDrop 软件允许您在检测之前指定寡核苷酸的碱基序列。对于任何输入的碱基序列，该软件使用右侧的等式计算消光系数。

**提示：**消光系数是每个寡核苷酸的特定波长，并会受到缓冲液类型、离子强度和 pH 值的影响。

### 用于寡核苷酸的消光系数

该软件采用最近邻检测方法和以下公式计算特定寡核苷酸碱基序列的摩尔消光系数：

$$\epsilon_{260} = \sum_1^{N-1} \epsilon_1 - \sum_2^{N-1} \epsilon_2 + \sum_1^N \epsilon_3$$

其中：

$\epsilon$  = 摩尔消光系数，单位为 L/mole-cm

$\epsilon_1$  =  $\epsilon_{\text{最近邻}}$

$\epsilon_2$  =  $\epsilon_{\text{单个碱基}}$

$\epsilon_3$  =  $\epsilon_{\text{修饰}}$ ，如荧光染料

## 4 核酸应用

### 检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

计算的核酸浓度基于 260 nm 处的吸光度值、使用的系数和样品光程。也可应用单点基线校正（或分析校正）。

报告的浓度以质量为单位。互联网上提供了计算器，用于根据样品序列，将浓度单位从质量转换为摩尔。

260 nm、280 nm 和有时候 230 nm 处的吸光度值，用于计算所检测核酸样品的纯度比。纯度比对样品中存在的污染物敏感，如通常在样品纯化过程中使用的残余溶剂和试剂。

## 检测值

### A260 吸光度

**注：**对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

- 核酸吸光度值使用标准化光谱图在 260 nm 处测得。如果未选择“基线校正”，这是报告的 A260 值。
- 如果选择了[基线校正](#)，校正波长的吸光度值将减去 260 nm 处样品吸光度。将报告 260 nm 处已校正吸光度并可用于计算核酸浓度。

### A230 和 A280 吸光度

- 230 nm、260 nm 和 280 nm 处标准化吸光度值用于计算 A260/A230 和 A260/A280 比率。

## 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。

五个核苷酸组成的 DNA 和 RNA 展现变动很大的 A260/A280 比率。适用于每个独立检测核苷酸的估计 A260/A280 比率如下：

鸟嘌呤：1.15  
腺嘌呤：4.50  
胞嘧啶：1.51  
尿嘧啶：4.00  
胸腺嘧啶：1.47

对于特定的核酸序列，A260/A280 比率约等于四个核苷酸的 A260/A280 比率加权平均。

**注：**由于与胸腺嘧啶相比，尿嘧啶具有较高比率，RNA 通常会有更高的 260/280 比率。

## 报告值

- **核酸浓度。**以选中的单位（即 ng/μL、μg/uL 或 μg/mL）报告。使用矫正的核酸吸光度值，基于修改的 Beer 定律等式计算。
- **A260/A280 纯度比。**260 nm 处已矫正吸光度比可用于 280 nm 处已矫正吸光度。
- **A260/A230 纯度比。**260 nm 处已矫正吸光度比可用于 230 nm 处已矫正吸光度。

**注：**传统的纯度比（A260/A280 和 A260/A230），作为在核酸样品的各种污染物的指标，因为其光谱形状高度依赖于其碱基组成，所以不适用于寡核苷酸。有关详细信息，请参阅侧边栏。

## 相关主题

- [核酸检测计算](#)

#### 4 核酸应用

检测寡核苷酸 DNA 或寡核苷酸 RNA

# 蛋白质应用

## 检测蛋白质 A280

检测 280 nm 处吸收的纯化蛋白质样品的浓度。

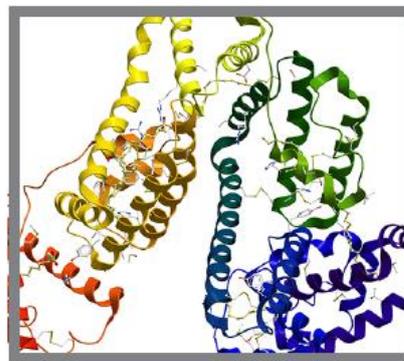
[检测 A280 蛋白质](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[检测限](#)

[计算](#)



### 检测 A280 处的蛋白质浓度

使用蛋白质 A280 应用定量分析包含氨基酸（如色氨酸或酪氨酸，或半胱氨酸-半胱氨酸的二硫键）的纯化蛋白质样品，它在 280 nm 处显示吸光度。此应用报告 280 nm 处检测的蛋白质浓度和一个吸光度比 (A260/A280)。也可使用单点基线矫正。此应用不需要标准曲线。

**注** 如果样品中主要含有肽键和很少或没有氨基酸，请使用[蛋白质 A205](#) 应用而不是蛋白质 A280。

### 若要检测蛋白质 A280 样品

#### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测蛋白质 A280 样品

1. 在“主页”屏幕上，选择**蛋白质**选项卡并点击**蛋白质 A280**。
2. 如果需要，可指定**样品类型**和**基线校正**。
3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

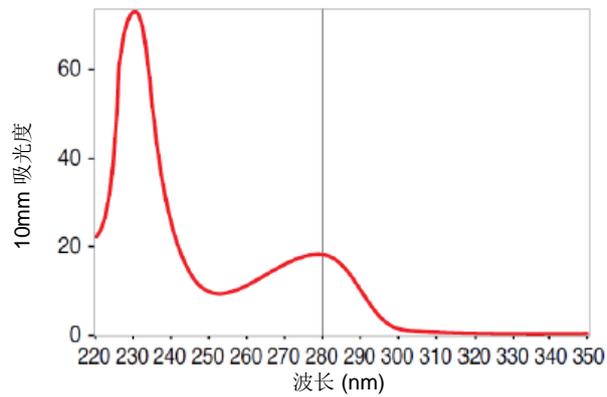
5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。
7. 开始样品检测：

- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

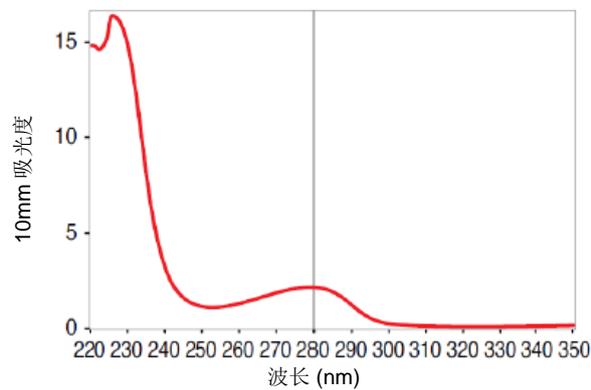
- 比色皿：点击**检测**

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



高浓度 BSA 样品



低浓度 BSA 样品

## 蛋白质检测的最佳实践

- 在检测之前，将蛋白质样品隔离和纯化以去除杂质。根据样品而定，杂质可以包括 DNA、RNA 和一些缓冲液成分。有关详细信息，请参阅[样品制备](#)。

**注** 如果样品中存在抽提试剂（即使是残留量）会增加处于 200 nm 和 280 nm 之间的吸光度，将会影响检测结果。

- 确保样品吸光度处于仪器的[吸光度检测限](#)内。

- 选择空白检测：
  - 对于蛋白质 A280、蛋白质 A205 和蛋白芯片应用，使用用于再悬浮目标分析物的相同缓冲溶液进行空白检测。空白检测溶液的 pH 值和离子强度应类似于分析物溶液。
  - 对于蛋白质 BCA 法、蛋白质 Bradford 法和蛋白质 Lowry 法应用，使用去离子水 (DI H<sub>2</sub>O) 进行空白检测。
  - 对于蛋白质 Pierce 660 法应用，使用用于制作标准曲线的参考品溶液进行空白检测（参考品溶液不应含有标准蛋白质原液）。有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)。
- 运行空白检测周期评估缓冲溶液增加的吸光度。如果处于或接近分析波长（通常为 280 nm 或 205 nm）的缓冲液展现强大的吸收度，您可能需要选择一个不同的缓冲液或应用，如比色法分析（例如，BCA 或 Pierce 660）。有关详细信息，请参阅[选择和进行空白检测](#)。

**注** 缓冲液如 Triton X、RIPA 和 NDSB 会显著增加吸光度，并且与直接的 A280 或 A205 检测不兼容。

- 对于微体积检测：
  - 确保基座表面已正确[清洁](#)和[调节](#)。（蛋白质倾向于粘附在基座表面。）
  - 在进行检测之前，轻轻（但彻底）混匀样品。混合和转移样品时，避免引入气泡。
  - 按照[微体积检测的最佳实践](#)。
  - 使用 2 µL 样品体积。有关详细信息，请参阅[建议样品体积](#)。
- 对于比色皿检测（仅限 NanoDrop One<sup>C</sup> 仪器），请使用相容比色皿，然后按照[比色皿检测的最佳实践](#)。

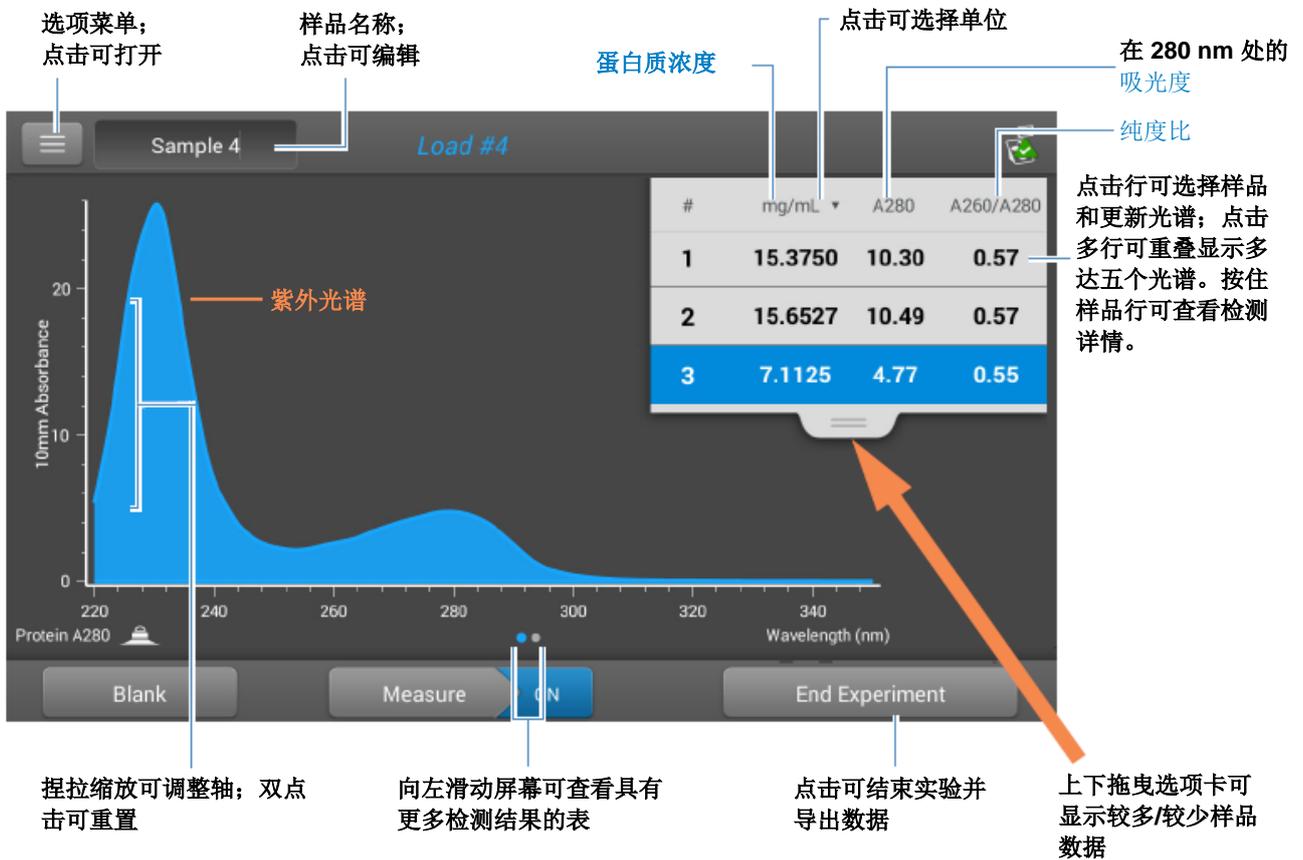
#### 相关主题

- [蛋白质检测的最佳实践](#)
- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [制备样品和空白溶液](#)
- [基本仪器操作](#)

## 蛋白质 A280 报告结果

### 蛋白质 A280 检测屏幕（本地控制）

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为本地控制屏幕示例：



注 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## 蛋白质 A280 报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



### 相关主题

- 基本仪器操作
- 蛋白质 A280 计算

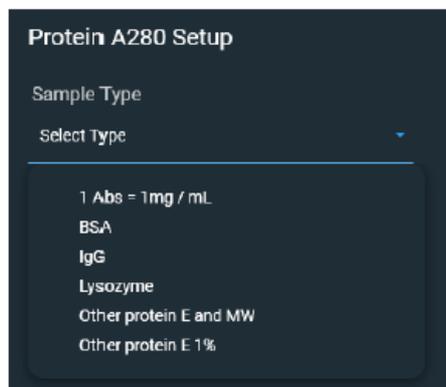
## 用于蛋白质 A280 检测的设置

在本地仪器控制中，若要在“蛋白质 A280”检测屏幕中显示蛋白质 A280 设置，点击  > 蛋白质 A280 设置。

在 PC 控制软件中，从“蛋白质 A280”检测屏幕选择设置图标 ，以查看蛋白质 A280 设置。

## 蛋白质 A280 设置

蛋白质 A280 应用提供各种用于纯化蛋白质分析的样品类型选项。



每个样品类型采用唯一消光系数计算蛋白质。如果样品的消光系数已知，可选择  $\epsilon + MW$ （摩尔）或  $\epsilon 1\%$ （质量）选项并输入数值。否则，计算消光系数或选择最匹配样品溶液的选项。如果您只需要粗略估计蛋白质浓度并且样品消光系数未知，则选择 1 Abs=1 mg/mL 样品类型选项。

**提示** 理想情况下，消光系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究蛋白质来确定。

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
样品类型 <sup>a</sup>	1 Abs = 1 mg/mL	常规参考品	建议当消光系数未知且蛋白质浓度的粗略估计可接受用于没有其他干扰物质的溶液时使用。假设 0.1% (1 mg/mL) 蛋白质溶液在 280 nm 处产生 1.0A（其中光程为 10 mm），即 $\epsilon 1\% = 10$ 。
	BSA	6.7	对于 1%（即 10 mg/mL）BSA（牛血清蛋白）溶液，使用 280 nm 处的质量消光系数 ( $\epsilon$ ) 6.7 L/gm-cm 计算 BSA 蛋白质浓度。假设 MW 为 66,400 道尔顿 (Da)，280 nm 处用于 BSA 的摩尔消光系数大约为 $43,824 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ 。

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
	IgG	13.7	适用于大多数哺乳动物的抗体（即，免疫球蛋白或 IgG）。对于 1%（即 10 mg/mL）IgG 溶液，使用 280 nm 处的质量消光系数 ( $\epsilon$ ) 13.7 L/gm-cm 计算蛋白质浓度。假设 MW 为 150,000 Da，280 nm 处用于 IgG 的摩尔消光系数大约为 210,000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> 。
	溶菌酶	26.4	对于 1%（即 10 mg/mL）溶菌酶溶液，使用 280 nm 处的质量消光系数 ( $\epsilon$ ) 26.4 L/gm-cm 计算溶菌酶蛋白质浓度。假设蛋白溶菌酶范围的摩尔消光系数介于 36,000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> 和 39,000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> 之间。
	其他蛋白质 ( $\epsilon$ + MW)	用户输入摩尔消光系数和分子量	<p>假设蛋白质具有已知摩尔消光系数 (<math>\epsilon</math>) 和分子量 (MW)，其中：</p> $(\epsilon_{\text{molar}}) * 10 = (\epsilon_{\text{percent}}) * (MW_{\text{protein}})$ <p>输入单位为千道尔顿 (kDa) 的 MW 和摩尔消光系数 (<math>\epsilon</math>)（单位为 M<sup>-1</sup>cm<sup>-1</sup>）除以 1000（即 <math>\epsilon/1000</math>）。例如，对于摩尔消光系数为 210,000 M<sup>-1</sup>cm<sup>-1</sup> 的蛋白质，输入 210。</p>
	其他蛋白质 ( $\epsilon$ 1%)	用户输入质量消光系数	假设蛋白质具有已知的质量消光系数 ( $\epsilon$ )。输入用于 10 mg/mL ( $\epsilon$ 1%) 蛋白质溶液的质量消光系数，单位为 L/gm-cm。

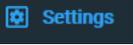
<sup>a</sup> 若要添加或编辑用户自定义蛋白质，使用蛋白质编辑器。

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
基线矫正	打开或关闭 输入基线矫正波长 (单位为 nm) 或使用默认值 (340 nm)	不适用	软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线矫正波长处的吸光度值, 矫正光散射粒子导致的任何偏移。因此, 在指定基线矫正波长处的样品光谱吸光度为零。 <b>提示:</b> 如果样品经修改在 340 nm 处吸收光, 选择不同的矫正波长或关闭基线矫正。

## 蛋白质编辑器

使用蛋白质编辑器可将用户自定义蛋白质添加到 [蛋白质 A280 设置](#) 和 [蛋白芯片设置](#) 中的可用蛋白质样品类型列表上。

若要访问蛋白质编辑器:

- 在 PC 控制软件的“主页”屏幕上, 点击  **Settings** 设置 > 蛋白质编辑器。

### PC 控制软件蛋白质编辑器



- 在本地控制“主页”屏幕上，点击  > 蛋白质编辑器。此外，还可在“蛋白质 A280”或“蛋白芯片”检测屏幕上，点击  >  设置 > 蛋白质编辑器。

### 本地控制蛋白质编辑器

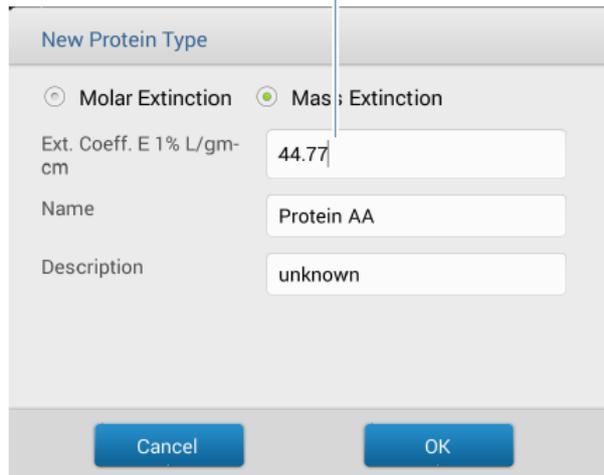


蛋白质编辑器提供了以下操作：

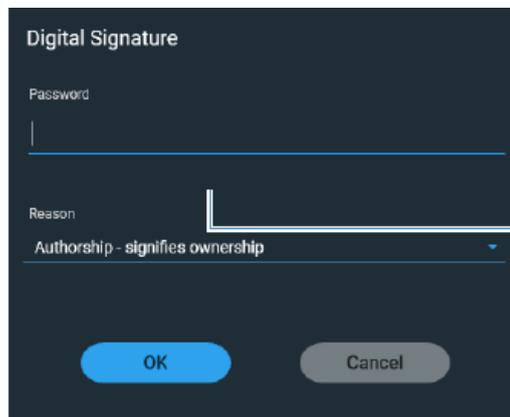
### 添加用户自定义蛋白质

- 在蛋白质编辑器中，点击  或  以显示新蛋白质类型框。
- 为新蛋白质输入唯一的名称（在本地控制中，点击字段可显示键盘，点击完成键可关闭键盘）。
- 为新蛋白质输入描述。
- 指定输入用于用户自定义蛋白质的摩尔消光系数或质量消光系数。
  - 如果选择质量消光系数，输入用于 10 mg/mL ( $\epsilon 1\%$ ) 蛋白质溶液的质量消光系数，单位为 L/gm-cm。

点击字段可显示键盘；若要关闭，点击“完成”键。



- 如果选择**摩尔消光**，
    - 输入摩尔消光系数 ( $\epsilon$ ) (单位为  $M^{-1}cm^{-1}$ ) 除以 1000 (即  $\epsilon/1000$ )。例如，对于摩尔消光系数为  $210,000 M^{-1}cm^{-1}$  的蛋白质，输入 210。
    - 输入单位为千道尔顿 (kDa) 的分子量 (MW)
5. 在本地控制中，点击**确定**关闭**新蛋白质类型**框。在 PC 控制软件中，点击**保存**。
6. 如有提示，请输入密码以签署更改。



输入密码以  
签署更改

新的用户自定义蛋白质将出现在“蛋白质 A280 设置”和“蛋白芯片设置”中的**类型**列表中。

### 编辑用户自定义蛋白质

1. 在蛋白质编辑器中，点击以选择用户自定义蛋白质
2. 点击  显示编辑蛋白质类型框
3. 编辑任何条目或设置
4. 点击确定

### 删除用户自定义蛋白质

1. 在蛋白质编辑器中，点击以选择用户自定义蛋白质进行删除
2. 点击 

**注** 删除用户自定义蛋白质将永久性删除该软件中的蛋白质和所有相关信息。

## 用于蛋白质 A280 检测的检测限

此处提供用于纯化 BSA 蛋白质的检测限和重复性规范。BSA 较低检测限和重复性值可应用至任何蛋白质样品类型。检测上限取决于仪器的吸光度上限和样品的消光系数。

### 若要计算其他（非 BSA）蛋白质样品类型的检测上限

使用以下等式计算蛋白质的检测上限，单位为 mg/mL：

$$\left( \text{吸光度上限}_{\text{仪器}} / \text{质量消光系数}_{\text{样品}} \right) * 10$$

例如，对于 1% (10 mg/mL) 的溶液，若样品在 280 nm 处的质量消光系数为 6.7，等式如下所示：

$$(550 / 6.7) * 10 = 824.6 \text{ (或 } \sim 825)$$

## 用于蛋白质 A280 检测的计算

蛋白质 A280 应用使用 **Beer-Lambert 等式** 关联吸光度和浓度。用于浓度的求解 Beer 定律产生的等式位于右边。

**Beer-Lambert 等式 (求解浓度)**

$$c = A / (\epsilon * b)$$

其中:

A = 紫外吸光度, 以吸光度单位表示 (AU)

$\epsilon$  = 波长相关的摩尔吸光系数 (或消光系数), 单位为 L/mole-cm

b = 光程, 单位为 cm

c = 分析物浓度, 单位为摩尔/升或摩尔单位 (M)

**注:** 将检测的样品溶液吸光度值除以其摩尔消光系数, 得到样品的摩尔浓度。有关摩尔对比质量浓度值的详细信息, 请参阅[发布的消光系数](#)。

肽或蛋白质的消光系数与其色氨酸 (W)、酪氨酸 (Y) 和半胱氨酸 (C) 的氨基酸组成相关。

**提示:** 消光系数是每个蛋白质的特定波长, 并会受到缓冲液类型、离子强度和 pH 值的影响。

### 用于蛋白质的消光系数

在 280 nm 处, 消光系数是 280 nm 处三氨基酸组分的摩尔消光系数近似加权总和, 如这个等式所描述:

$$\epsilon = (nW * 5500) + (nY * 1490) + (nC * 125)$$

其中:

$\epsilon$  = 摩尔消光系数

n = 每个氨基酸残留物数量

5500、1490 和 125 = 在 280 nm 处氨基酸摩尔吸光系数

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 A280

此应用提供六个选项（如右侧所示），可为每个检测的样品选择一个合适的消光系数，配合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果样品的消光系数已知，可选择  $\epsilon + MW$ （摩尔）或  $\epsilon 1\%$ （质量）选项并输入数值。否则，计算消光系数或选择最匹配样品溶液的选项。

**提示：**理想情况下，消光系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究蛋白质来确定。

大多数来源报告的蛋白质消光系数在或接近 280 nm 处在磷酸盐或其他生理缓冲液中测得。这些值为蛋白质浓度常规评估提供了足够的精度。

适用于消光系数的可用选项

- **1 Abs = 1 mg/mL**，样品类型和/或消光系数未知（产生粗略估计的蛋白质浓度）
- **BSA**（牛血清蛋白，6.7 L/gm-cm）
- **IgG**（任何哺乳动物抗体，13.7 L/gm-cm）
- **溶菌酶**（蛋白溶菌酶，26.4 L/gm-cm）
- **其他蛋白质( $\epsilon + MW$ )**，用户指定的摩尔消光系数
- **其他蛋白质( $\epsilon 1\%$ )**，用户指定的质量消光系数
- 

**注：**有关详细信息，请参阅[样品类型](#)。

### 发布的消光系数

用于蛋白质的发布消光系数可能会被报告为：

- 波长相关的摩尔吸光（或消光）系数( $\epsilon$ )，单位为  $M^{-1}cm^{-1}$
- 百分比溶液消光系数 ( $\epsilon 1\%$ )，单位为  $(g/100 mL)^{-1}cm^{-1}$ （即，在 1 cm 比色皿中检测 1% 或 1 g/100mL 溶液）
- 用于 0.1%（即 1 mg/mL）溶液的蛋白质吸光度值

**提示：**仔细评估已发布的值，确保使用正确的度量单位。

右边的等式显示摩尔消光系数之间的关系 ( $\epsilon_{\text{molar}}$ ) 和消光系数百分比 ( $\epsilon 1\%$ )。

在  $\epsilon_{\text{molar}}$  和  $\epsilon 1\%$  之间进行转换

$$(\epsilon_{\text{molar}}) * 10 = (\epsilon 1\%) * (MW_{\text{protein}})$$

示例：要确定用于蛋白质的具有摩尔消光系数  $43,824\text{M}^{-1}\text{cm}^{-1}$  和分子量 (MW) 为 66,400 道尔顿 (Da) 的百分比溶液消光系数 ( $\epsilon 1\%$ )，重新排列并求解上述等式，如下所示：

$$\epsilon 1\% = (\epsilon_{\text{molar}} * 10) / (MW_{\text{protein}})$$

$$\epsilon 1\% = (43,824 * 10) / 66,400 \text{ Da}$$

$$\epsilon 1\% = 6.6 \text{ g/100 mL}$$

若要确定单位为 mg/mL 的样品浓度 (c)，使用右边的等式和转换系数 10。

在 g/100 mL 和 mg/mL 之间进行转换

$$C_{\text{protein in mg/mL}} = (A / \epsilon 1\%) * 10$$

提示：NanoDrop One 软件包括在报告蛋白质浓度的转换系数。

示例：如果相对于参考品在 280 nm 处检测的蛋白质样品吸光度为 5.8 A，蛋白质浓度可以计算为：

$$C_{\text{protein}} = (A / \epsilon 1\%) * 10$$

$$C_{\text{protein}} = (5.8/6.6 \text{ g/100 mL}) * 10$$

$$C_{\text{protein}} = 8.79 \text{ mg/mL}$$

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 A280

计算的蛋白质浓度基于 280 nm 处的吸光度值、选择（或输入）的消光系数和样品光程。可应用单点基线矫正（或分析矫正）。

报告的浓度以质量为单位。互联网上提供了计算器，用于根据样品序列，将浓度单位从质量转换为摩尔。

260 nm 和 280 nm 处的吸光度值，用于计算所检测蛋白质样品的纯度比。

纯度比对样品中存在的污染物敏感，如通常在样品纯化过程中使用的残余溶剂和试剂。

### 检测值

#### A280 吸光度

**注：**对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

- 蛋白质吸光度值使用标准化光谱图在 280 nm 处测得。如果没有选择基线矫正，这是报告的 A280 值和用于计算蛋白质浓度的值。
- 如果选择了[基线矫正](#)，将报告 280 nm 处的标准化和基线已矫正吸光度值并用于计算蛋白质浓度。

### 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。

## 报告值

- **蛋白质浓度。**以选中的单位（mg/mL 或  $\mu\text{g/mL}$ ）报告。使用矫正的蛋白质吸光度值，基于 Beer-Lambert 等式计算。
- **A260/A280 纯度比。**260 nm 处已矫正吸光度比可用于 280 nm 处已矫正吸光度。约 0.57 的 A260/A280 纯度比通常被接受为“纯”蛋白质。

**注：**虽然纯度比是样品质量的重要指标，但蛋白质质量的最佳指标是目标下游应用的功能（例如，实时 PCR）。

## 检测蛋白质 A205

检测 205 nm 处吸收的纯化蛋白质群体的浓度。

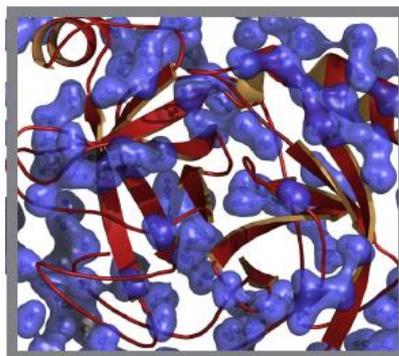
[检测 A205 蛋白质](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[检测限](#)

[计算](#)



### 检测 A205 处的蛋白质浓度

使用蛋白质 A205 应用定量分析纯化肽和包含肽键的其他蛋白质，其在 205 nm 处显示吸光度。此应用报告蛋白质浓度和两个吸光度值（A205 和 A280）。也可使用单点基线校正。此应用不需要标准曲线。

**注** 如果样品中主要含有氨基酸（如色氨酸和酪氨酸）或半胱氨酸-半胱氨酸的二硫键，请使用[蛋白质 A280](#)应用而不是蛋白质 A205。

### 若要检测蛋白质 A205 样品

#### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

#### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测蛋白质 A205 样品

1. 在“主页”屏幕上，选择**蛋白质**选项卡，然后点击**蛋白质 A205**。
2. 如果需要，可指定**样品类型**和**基线校正**。
3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。
7. 开始样品检测：

- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。
- 比色皿：点击**检测**

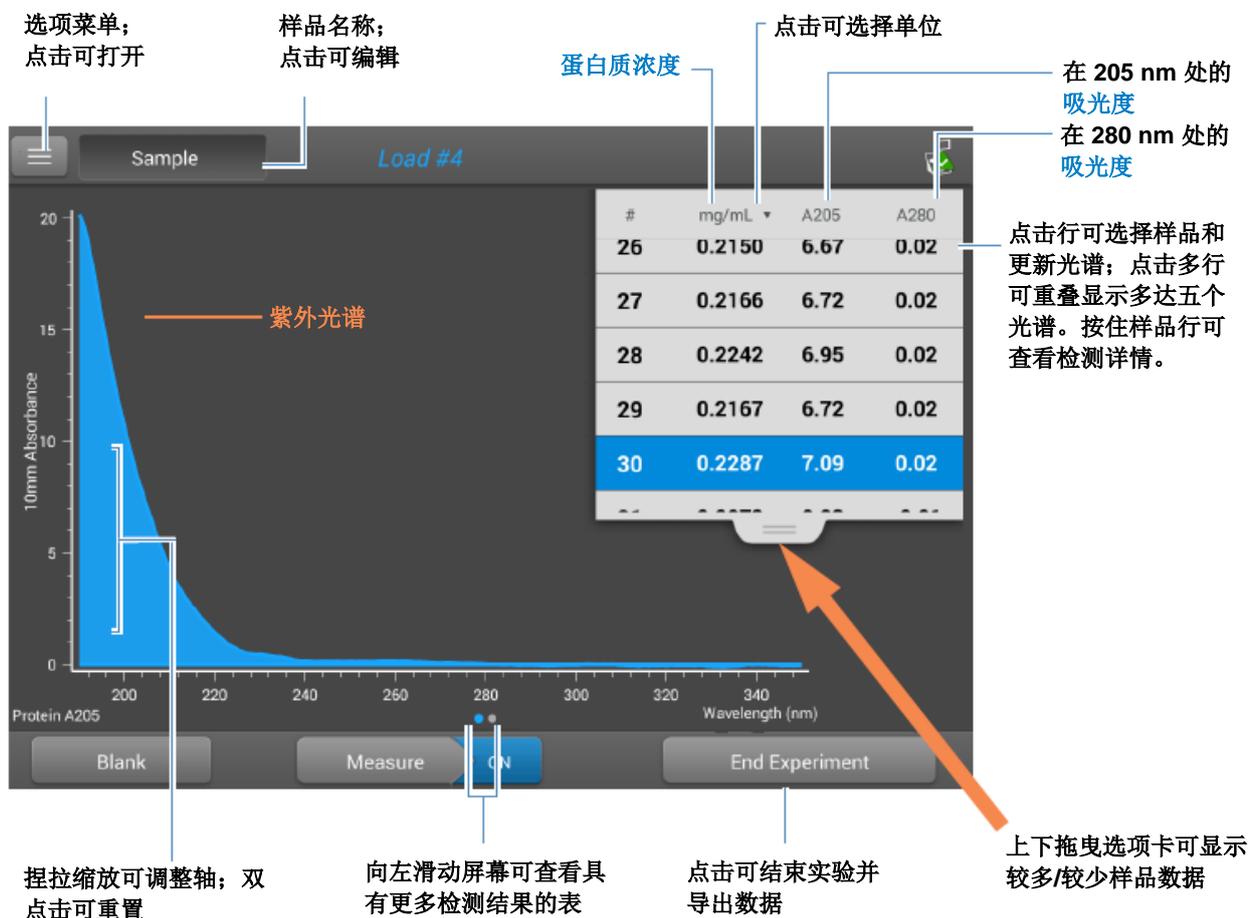
样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

## 蛋白质 A205 报告结果

### 蛋白质 A205 检测屏幕（本地控制）

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为示例：



注 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

### 蛋白质 A205 报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：

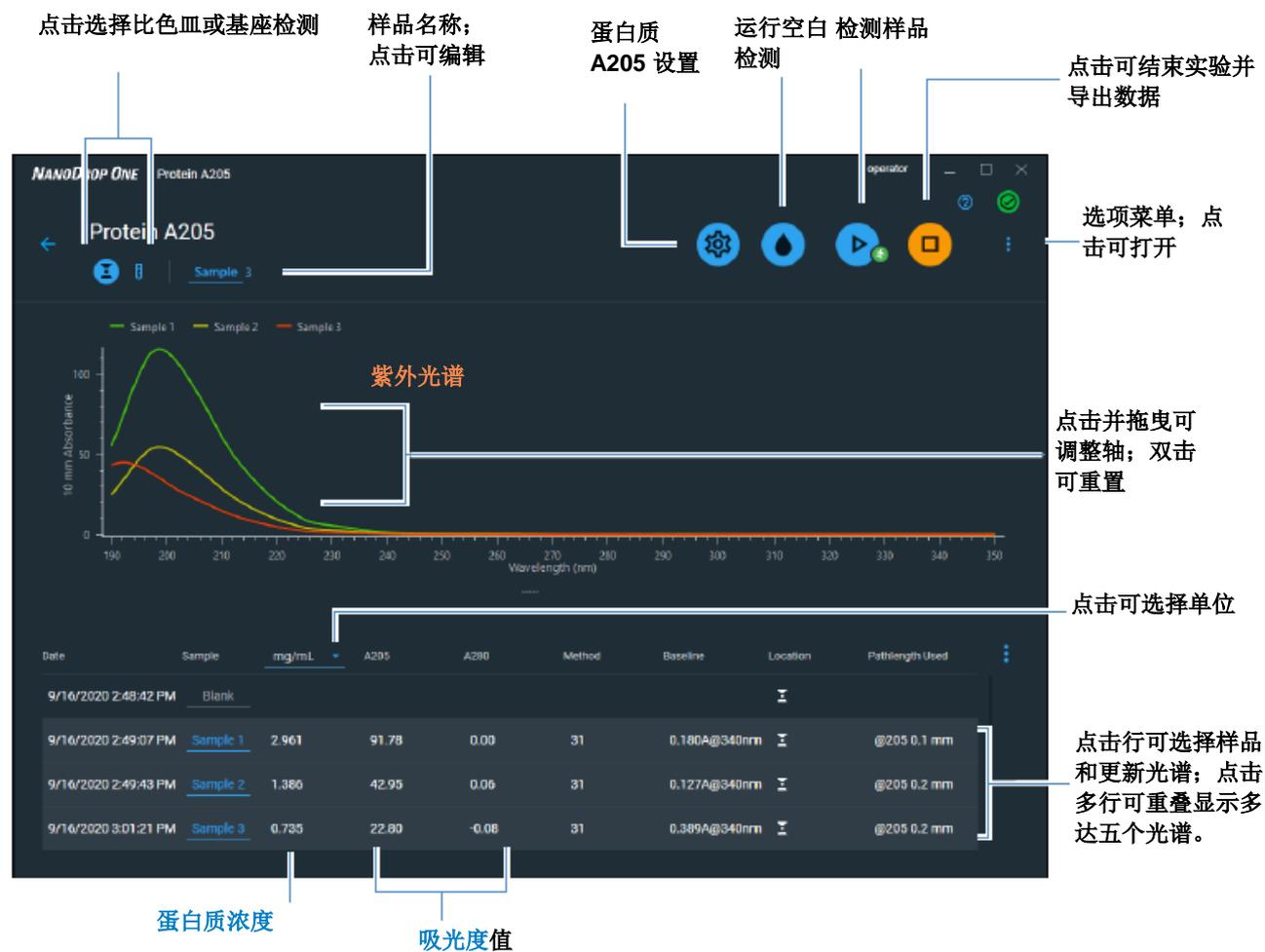


## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 A205

#### 蛋白质 A205 检测屏幕 (PC 控制)

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和报告结果。此处为示例：



#### 相关主题

- 基本仪器操作
- 蛋白质 A205 计算

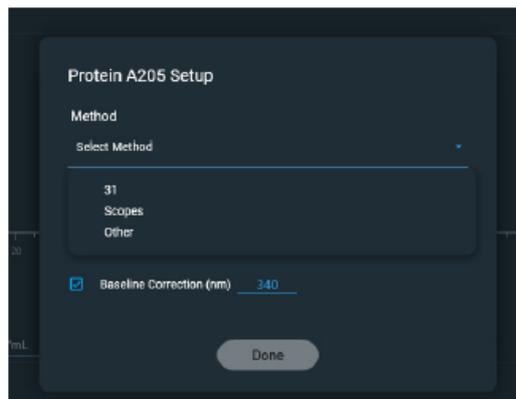
## 用于蛋白质 A205 检测的设置

在本地仪器控制中，若要在“蛋白质 A205”检测屏幕中显示蛋白质 A205 设置，点击  > 蛋白质 A205 设置。

在 PC 控制软件中，从“蛋白质 A205”检测屏幕选择设置图标 ，以查看蛋白质 A205 设置。

### 蛋白质 A205 设置

蛋白质 A205 应用提供各种用于蛋白质分析的方法选项。



设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
样品类型	31	31	假设 205 nm 处 $\epsilon_{0.1\%} (1 \text{ mg/mL}) = 31$
	范围	$27 + 120 * (A_{280}/A_{205})$	假设 205 nm 处 $\epsilon_{0.1\%} (1 \text{ mg/mL}) = 27 + 120 * (A_{280}/A_{205})$

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
	其他蛋白质 ( $\epsilon$ 1%)	用户输入质量消光系数	假设蛋白质具有已知的质量消光系数 ( $\epsilon$ )。输入用于 1 mg/mL ( $\epsilon$ 0.1%) 蛋白质溶液的质量消光系数，单位为 L/gm-cm。
基线校正	打开或关闭 输入基线校正波长 (单位为 nm) 或使用默认值 (340 nm)	不适用	软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子导致的任何偏移。因此，在指定基线校正波长处的样品光谱吸光度为零。 <b>提示：</b> 如果样品经修改在 340 nm 处吸收光，选择不同的校正波长或关闭基线校正。

## 用于蛋白质 A205 检测的计算

与其他蛋白质应用一样，蛋白质 A205 使用 Beer-Lambert 等式关联基于样品消光系数和光程的吸光度和浓度。

此应用提供三个选项（如右侧所示），可为每个检测的样品选择一个合适的消光系数，配合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果样品的消光系数已知，可选择  $\epsilon 1\%$ （质量）选项并输入数值。否则，计算消光系数或选择最匹配样品溶液的选项。

**提示：**理想情况下，消光系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究蛋白质来确定。

计算的蛋白质浓度基于 205 nm 处的吸光度值、选择（或输入）的消光系数和样品光程。也可使用单点基线矫正。

报告的浓度以质量为单位。互联网上提供了计算器，用于根据样品序列，将浓度单位从质量转换为摩尔。

### 适用于消光系数的可用选项

- **31**，假设 205 nm 处  $\epsilon 0.1\%$  (1 mg/mL) = 31
- **范围**，假设 205 nm 处  $\epsilon 0.1\%$  (1 mg/mL) = 27 + 120 \* (A280/A205)
- **其他蛋白质**，输入用于 1 mg/mL ( $\epsilon 0.1\%$ ) 蛋白质溶液的质量消光系数，单位为 L/gm-cm。

**注：**有关详细信息，请参阅[样品类型](#)。

### 检测值

#### A205 吸光度

**注：**对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

- 蛋白质吸光度值使用标准化光谱图在 205 nm 处测得。如果没有选择基线矫正，这是报告的 A205 值和用于计算蛋白质浓度的值。
- 如果选择了[基线矫正](#)，将报告 205 nm 处的标准化和基线已矫正吸光度值并用于计算蛋白质浓度。

#### A280 吸光度

- 也会报告 280 nm 处的标准化和基线矫正（如选择）吸光度值。

### 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。

### 报告值

- **蛋白质浓度。**以选中的单位（mg/mL 或  $\mu\text{g/mL}$ ）报告。使用矫正的蛋白质吸光度值，基于 Beer-Lambert 等式计算。

## 检测蛋白芯片

对已被标记为使用最多两个荧光染料的纯化蛋白质浓度进行检测。

检测标记蛋白质

报告结果

设置

检测限

计算



## 检测标记蛋白样品

使用蛋白芯片应用定量分析用于蛋白偶联物阵列的蛋白质和荧光染料，以及金属蛋白如血红蛋白，使用波长比。此应用报告 280 nm 处检测的蛋白质浓度、A260/A280 吸光度比和浓度、以及检测的染料吸光度值，允许检测低至 0.2 皮摩尔/微升的染料浓度。此信息对于评估用于下游应用的蛋白质/染料结合（标记程度）特别有用。

### 若要检测标记蛋白样品

#### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

#### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

#### 若要检测标记蛋白样品

1. 在“主页”屏幕上，选择**蛋白质**选项卡并点击**蛋白芯片**。

2. 指定**样品类型**和使用的**染料类型**。

**提示：**从预定义列表选择一个染料或使用**染料/色谱图编辑器**添加用户自定义染料。

3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。

6. 将 2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。

7. 开始样品检测：

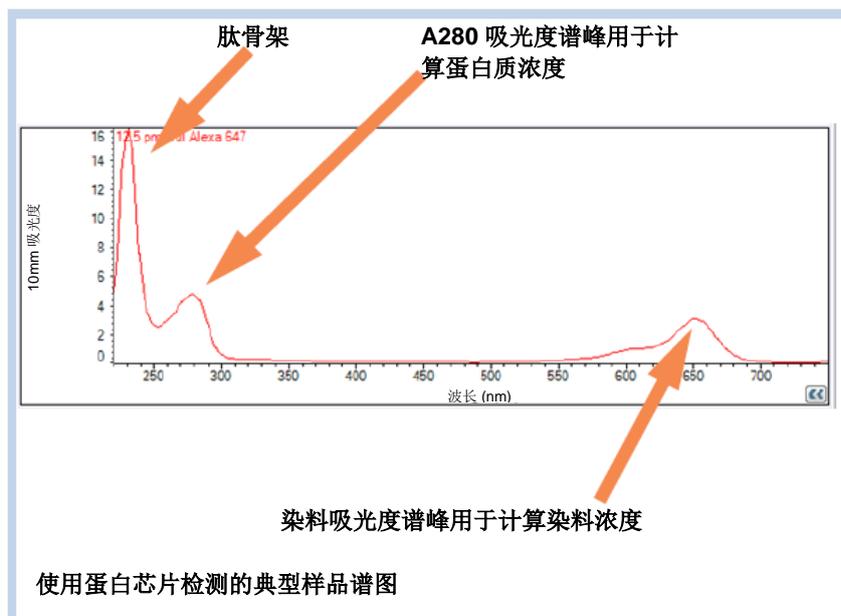
- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

- 比色皿：点击**检测**

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。

9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



### 相关主题

- 蛋白质检测的最佳实践
- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品
- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

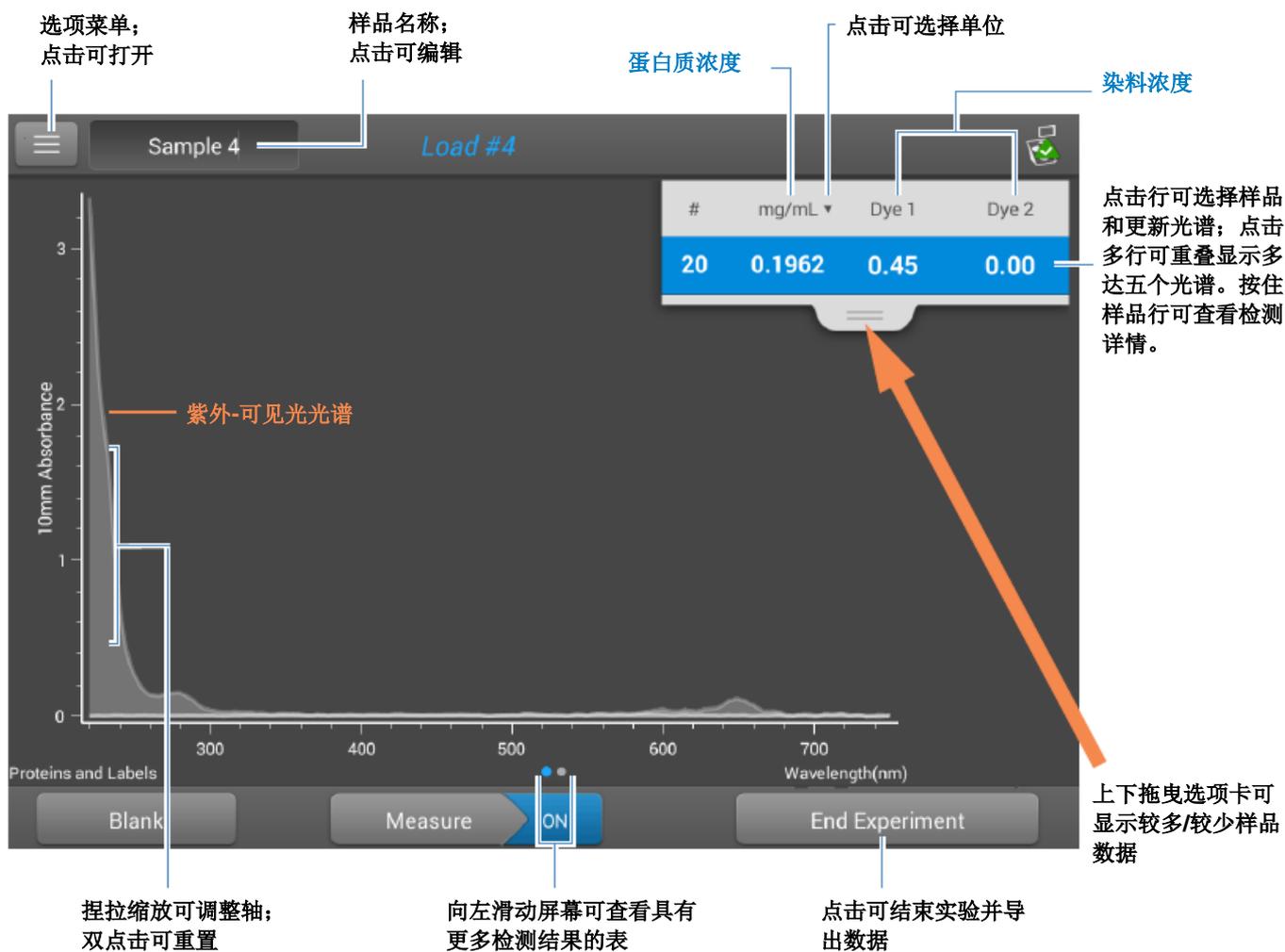
## 蛋白芯片报告结果

### 蛋白芯片检测屏幕

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。  
此处为示例：

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白芯片



#### 注

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 750 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## 蛋白芯片报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：

### 适用于蛋白芯片应用的报告值

- 样品详情（使用的应用和采样方法，如基座或比色皿）
- 样品名称
- 创建日期
- 蛋白质
- A280
- 样品类型
- 染料 1/染料 2
- 染料斜率矫正
- 分析矫正

### 相关主题

- 基本仪器操作
- 蛋白芯片计算

## 用于蛋白芯片检测的设置

要在“蛋白芯片”检测屏幕中显示蛋白芯片设置，点击  > 蛋白芯片设置。

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
样品类型 <sup>a</sup>	1 Abs = 1 mg/mL BSA IgG 溶菌酶 其他蛋白质 (ε + MW) 其他蛋白质 (ε1%)	常规参考品 6.7 13.7 26.4 用户输入摩尔消光系数/分子量 用户输入质量消光系数	有关每个可用设置的详细说明， <a href="#">请点击此处</a> 。 每个样品类型采用唯一消光系数计算蛋白质。如果样品的消光系数已知，可选择 ε + MW（摩尔）或 ε1%（质量）选项并输入数值。否则，计算消光系数或选择最匹配样品溶液的选项。如果您只需要粗略估计蛋白质浓度并且样品消光系数未知，则选择 1 Abs=1 mg/mL 样品类型选项。 <b>提示：</b> 理想情况下，消光系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究蛋白质来确定。
分析校正 <sup>b</sup>	打开或关闭 输入分析校正波长（单位为 nm）或使用默认值 (340 nm)	不适用	从分析波长处的吸光度值减去指定分析校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子所导致样品吸光度检测的任何偏移。校正的值将用于计算样品浓度。 <b>提示：</b> 如果样品经修改在 340 nm 处吸收光，选择不同的校正波长或关闭分析校正。
染料 1/染料 2 类型 <sup>c</sup>	Cy3、5、3.5 或 5.5、Alexa Fluor 488、546、555、594、647 或 660	有关每个染料的具体值，请参阅 <a href="#">染料/色谱图编辑器</a> 。	选择用于标记样品材料的预定义染料，或已经使用染料/色谱图编辑器添加的染料。
染料 1/染料 2 单位	皮摩尔/微升 (pmol/uL)、微摩尔 (uM) 或毫摩尔 (mM)	不适用	选择用于报告染料浓度的单位。

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
染料斜率校正 <sup>d</sup>	打开或关闭		从染料分析波长处的吸光度值减去 400 nm 至 750 nm 处斜率基线的吸光度值，校正光散射粒子所导致染料吸光度检测的任何偏移。

<sup>a</sup> 若要添加或编辑用户自定义蛋白质，使用[蛋白质编辑器](#)。

<sup>b</sup> 分析校正仅影响蛋白质浓度的计算。

<sup>c</sup> 若要添加用户自定义染料或编辑可用的染料列表，请使用[染料/色谱图编辑器](#)。

<sup>d</sup> 染料斜率校正仅影响染料浓度的计算。

### 相关主题

- [仪器设置](#)
- [蛋白质编辑器](#)
- [染料/色谱图编辑器](#)

## 用于蛋白芯片检测的检测限

此处提供预先在软件中定义的用于纯化 BSA 蛋白和染料的检测限和重复性规范。BSA 较低检测限和重复性值可应用至任何蛋白质样品类型。检测上限取决于仪器的[吸光度上限](#)和样品的消光系数。

### 若要计算其他（非 BSA）蛋白质样品类型的检测上限

使用以下等式计算蛋白质的检测上限，单位为 mg/mL：

$$\left( \text{吸光度上限}_{\text{仪器}} / \text{质量消光系数}_{\text{样品}} \right) * 10$$

例如，对于 1% (10 mg/mL) 的溶液，若样品在 280 nm 处的质量消光系数为 6.7，等式如下所示：

$$(550 / 6.7) * 10 = 824.6 \text{ (或 } \sim 825)$$

### 相关主题

- [适用于全部应用的检测限](#)

## 用于蛋白芯片检测的计算

与其他蛋白质应用一样，蛋白芯片使用 [Beer-Lambert 等式](#) 关联基于样品消光系数和光程的吸光度和浓度。

此应用提供六个选项（如右侧所示），可为每个检测的样品选择一个合适的消光系数，配合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果样品的消光系数已知，可选择  $\epsilon + MW$ （摩尔）或  $\epsilon 1\%$ （质量）选项并输入数值。否则，计算消光系数或选择最匹配样品溶液的选项。

**提示：**理想情况下，消光系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究蛋白质来确定。

### 适用于消光系数的可用选项

- **1 Abs = 1 mg/mL**，样品类型和/或消光系数未知（产生粗略估计的蛋白质浓度）
- **BSA**（牛血清蛋白，6.7 L/gm-cm）
- **IgG**（任何哺乳动物抗体，13.7 L/gm-cm）
- **溶菌酶**（蛋白溶菌酶，26.4 L/gm-cm）
- **其他蛋白质 ( $\epsilon + MW$ )**，用户指定的摩尔消光系数
- **其他蛋白质 ( $\epsilon 1\%$ )**，用户指定的质量消光系数

**注：**有关详细信息，请参阅[样品类型](#)。

计算的蛋白质浓度基于 280 nm 处的吸光度值、选择（或输入）的消光系数和样品光程。可应用单点基线矫正（或分析矫正）。

报告的浓度以质量为单位。互联网上提供了计算器，用于根据样品序列，将浓度单位从质量转换为摩尔。

染料浓度通过染料分析波长处的吸光度值、染料的消光系数和样品光程进行计算。也可使用染料斜率线矫正。

## 检测值

### A280 吸光度

**注：**750 nm 处的吸光度值将从光谱中所有波长处的吸光度值减去。因此，所显示光谱中 750 nm 处的吸光度值为零。此外，对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

- 蛋白质吸光度值使用 750 nm 已矫正和标准化光谱图在 280 nm 处测得。如果没有选择分析矫正和染料矫正，这是报告的 A280 值和用于计算蛋白质浓度的值。
- 如果选择了分析矫正，将报告 280 nm 处的 750 已矫正、标准化和分析已矫正吸光度值并用于计算蛋白质浓度。
- 如果使用了染料，将报告 280 nm 处的 750 已矫正、标准化、分析已矫正和染料已矫正吸光度值并用于计算蛋白质浓度。

### 染料吸光度

- 染料吸光度值在特定波长处检测。有关使用的分析波长信息，请参阅染料/色谱图编辑器。
- 如果选择了染料斜率矫正，400 nm 和 750 nm 之间将绘制一条线性基线，对于每个染料，将从每个染料分析波长处的吸光度值减去斜率基线的吸光度值。将报告基线矫正染料吸光值并用于计算染料浓度。

### 染料矫正

- 预定义染料具有 A260 和 A280 的已知矫正值。有关使用的矫正值信息，请参阅染料/色谱图编辑器。
- A280 染料矫正将从用于计算蛋白质浓度的 A280 吸光度值减去。

### 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。

### 报告值

- **蛋白质浓度**。以选中的单位（mg/mL 或  $\mu\text{g/mL}$ ）报告。使用矫正的蛋白质吸光度值，基于 Beer-Lambert 等式计算。
- **染料 1/ 染料 2 浓度**。以 pmol/ $\mu\text{L}$  为单位报告。使用（斜率）基线矫正染料吸光度值，基于 Beer 定律计算。

### 相关主题

- [Beer-Lambert 等式](#)
- [蛋白质 A280 计算](#)

## 检测蛋白质 BCA 法

使用二辛可宁酸比色法检测试剂来检测未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。

检测总蛋白

报告结果

设置

检测限



### 检测总蛋白浓度

蛋白质 BCA 法分析采用二辛可宁酸作为比色法检测试剂来确定未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。此应用对于检测成分在 200 nm 和 280 nm 之间显著增加吸光度的稀释蛋白溶液或蛋白质非常有用，这就排除了在 280 nm 或 205 nm 处直接进行蛋白检测的情况。此应用检测 562 nm 处的吸光度并使用标准曲线来计算蛋白质浓度。可使用单点基线校正。

### 蛋白质 BCA 法分析理论

蛋白质 BCA 法分析采用二辛可宁酸 (BCA) 作为用于  $\text{Cu}^{+1}$  的检测试剂，其在  $\text{Cu}^{+2}$  于碱性环境中被某些蛋白质还原时形成。紫色的反应产物是由两个 BCA 分子与一个亚铜离子 ( $\text{Cu}^{+1}$ ) 螯合作用形成的。蛋白质中产生的 Cu-BCA 螯合物在 562 nm 处检测，并使用 750 nm 处的吸光度值进行基线校正。我们或本地经销商均有提供预先配制的 BCA 试剂和  $\text{CuSO}_4$  试剂盒。

### 蛋白质检测试剂盒和方案

有关 NanoDrop One 仪器的最新试剂盒和方案的信息，请参阅 NanoDrop 网站。遵循检测试剂盒制造商对所有标准品和样品（未知）提供的建议。确保每个样品在整个检测过程中符合相同的定时和温度。

试剂盒制造商也可以提供用于产生标准曲线的蛋白标准品。由于 NanoDrop One 基座可以比基于比色皿的传统分光光度计检测更高的蛋白浓度，因此，您可能需要自备浓度高于制造商所提供浓度的蛋白标准品。例如，可能需要额外的标准品来确保标准曲线覆盖未知样品的动态检测范围和预期范围。

## 使用标准曲线

比色法蛋白分析需要使用标准曲线。

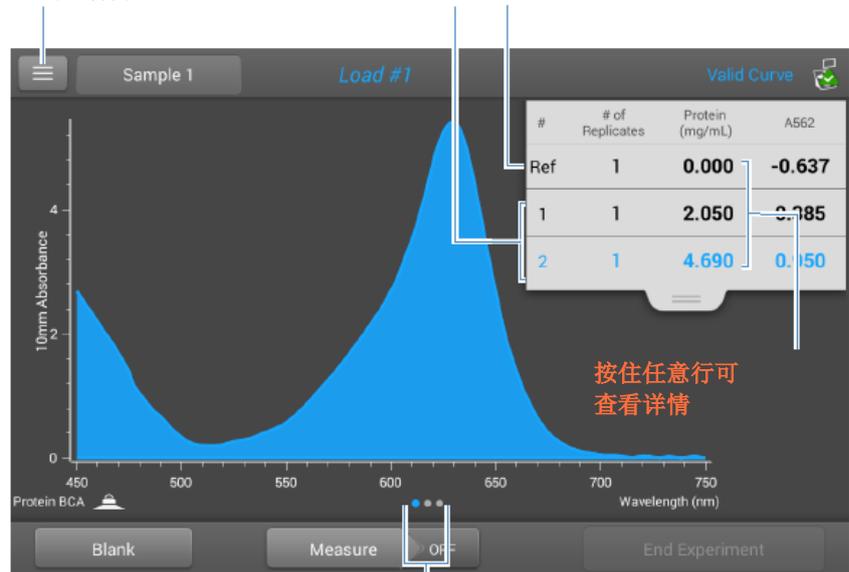
- 每个实验需要使用新的标准曲线。
- 用相同的方法制备标准品和未知样品。请参阅试剂盒制造商的指导原则和建议。
  - **全部参考品和标准品溶液**应该是用于再悬浮样品以及在样品中加入相同体积试剂的相同缓冲液。
  - **首个标准品**作为参考品检测。参考品溶液不应含有目标分析物。（参考品检测与空白检测不同。此应用需要两者。）
  - **标准品的浓度范围**必须覆盖未知样品的动态检测范围和预期范围。推算的样品分析物浓度不能超过最高标准的浓度。
- 使用应用设置屏幕输入用于标准品的浓度值，并指定如何检测标准品和样品（重复次数等）。
  - 根据 **曲线类型** 设置，可使用两个或更多标准品生成标准曲线。
  - 该软件 **需要一个参考品检测**并允许多达 **7 个标准品**。
  - **标准品的浓度值**可以以任何顺序输入，但标准品必须以其输入的顺序检测，然而，最佳实践决定从标准分析物原液的最低浓度到最高浓度对标准品进行检测。
- 对于所有的比色法分析（蛋白质 Pierce 660 法除外），使用 DI H<sub>2</sub>O（去离子水）**让仪器进行空白检测**。对于蛋白质 Pierce 660 法，使用参考品溶液进行空白检测（如下所示）。
- 在开始分析样品之前，**检测参考品和全部的标准品**。（在检测首个样品后，不允许对标准曲线作出任何更改。）

检测标准品时，会显示检测屏幕，类似于样品的检测屏幕。

菜单；  
点击可打开

标准品浓度和吸光度值

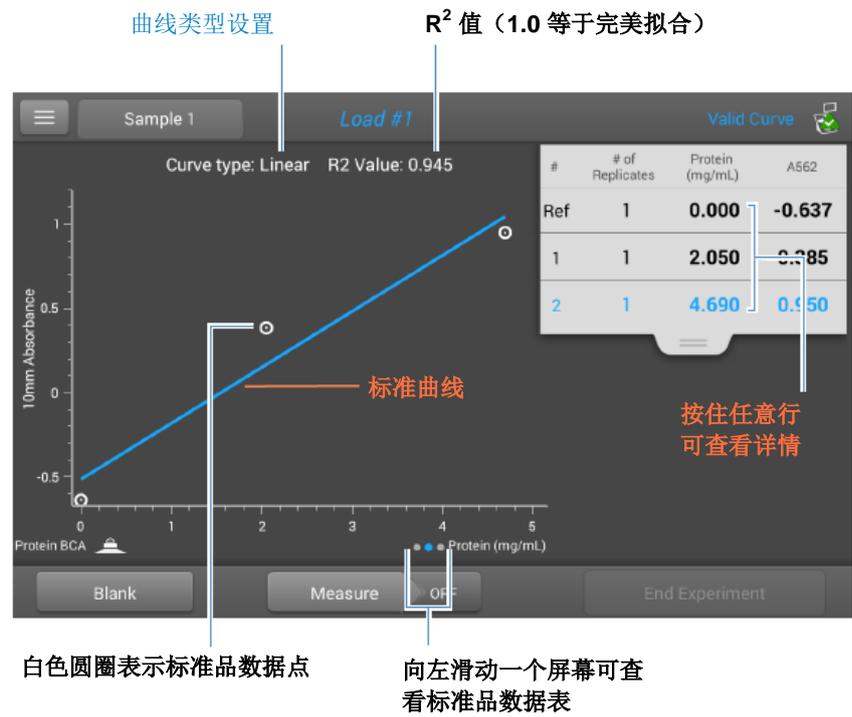
参考品浓度和吸光度值



按住任意行可  
查看详情

向左滑动一个屏幕  
可查看标准曲线

向左滑动一个屏幕可在创建标准曲线时查看。此处为示例：



R<sup>2</sup> 值表示标准曲线拟合标准品数据点的程度 (1.0 表示完美拟合; 所有点恰好处于曲线上)。

向左滑动一个屏幕可查看标准品数据表。此处为示例：

#	# of Replicates	Standard Name	Protein (mg/mL)	A562
Ref	1	Reference	0.000	-0.637
1	1	Standard	2.050	0.385
2	1	Standard	4.690	0.950

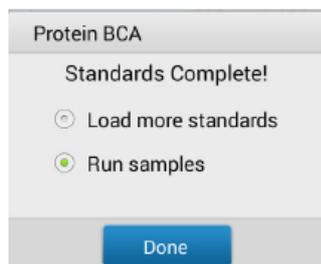
按住任意行  
可查看详情

按住任何先前屏幕上的行来查看单个标准品的详情。此处为示例：

Standard Details	
Standard Name	Standard
Created on	9/30/2015 6:58:37 PM
Protein (mg/mL):	4.690
A562:	0.950
R2 Value:	0.945

点击以删除  
此检测

在完成选定曲线类型的标准品检测数之后，将会显示类似于以下的消息：



**加载更多标准品：**返回设置屏幕，您可在其中添加或编辑任何标准品的浓度值，然后检测标准品。

**运行样品：**转至采样检测屏幕后，就不能再对标准品进行编辑。

- 在检测首个样品之前，可以随时添加、编辑或删除标准品。

#### 添加标准品：

- 从标准品检测屏幕，点击  > [应用名称]设置
- 点击下一个空的“浓度”字段，并输入新标准品的浓度值
- 点击**完成**

#### 编辑标准品：

- 从标准品检测屏幕，点击  > [应用名称]设置
- 点击“浓度”字段，然后编辑浓度值
- 点击**完成**

#### 删除标准品：

- 从标准品检测屏幕、标准曲线屏幕或标准品数据表，按住该行可显示“标准品详情”框
- 点击 

检测屏幕上的表中不再显示标准品，且在设置屏幕上不再显示其浓度值。

**注** 您可以使用此方法删除参考品检测，但是，之后必须立即检测新的参考品。

- 在完成选定曲线类型的最小标准品检测数之后，消息“无效曲线”会更改为“有效曲线”。（这甚至会在已定义附加标准品但尚未检测时出现。）如果在检测完所有输入标准品后“无效曲线”消息仍然存在，请尝试：
    - 选择一个不同的曲线类型
    - 使用矫正标准材料重新检测标准品
- 有效曲线指示器：**这只是一个指示器，需要为选定的曲线类型建立的最小点数。它没有验证曲线的完整性。例如，可能需要额外的标准品来覆盖预期的检测浓度范围。

## 若要检测蛋白质 BCA 法的标准品和样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测蛋白质 BCA 法的标准品和样品

- 在“主页”屏幕上，选择**蛋白质**选项卡并点击**蛋白质 BCA 法**。
- 指定**曲线类型**和**重复每个标准品**的次数并输入**每个标准品的浓度**。

**提示：**对于这个分析，我们建议将**曲线类型**设置为“线性”。

- 进行空白检测：
  - 将 2  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座，然后降下检测臂，或将 DI H<sub>2</sub>O 空白比色皿插入比色皿架

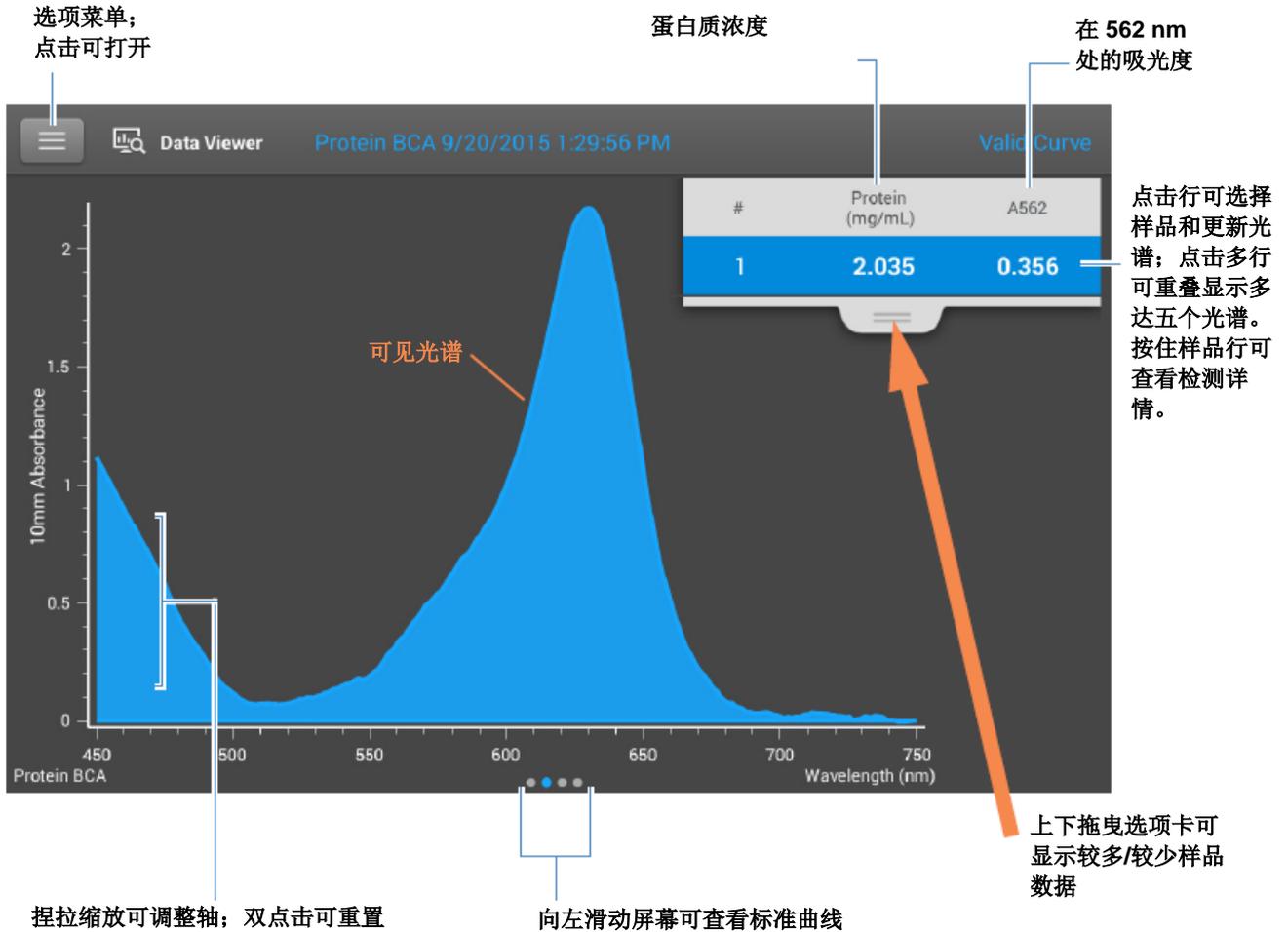
**提示：**如果使用比色皿，确保将比色皿光路对准仪器光路。

- 点击**空白检测**并等待检测完成
  - 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
4. 检测参考标准品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  参考溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有标准蛋白质原液，有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)）
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
5. 检测剩余标准品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  标准品 1 移取到基座上，或插入标准品 1 比色皿
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
  - 对每个额外标准品重复上述子步骤（检测完指定数量的标准品和重复样品后，将显示消息询问是否要加载更多标准品或开始检测样品）
  - 如果已完成检测标准品，点击**完成**（向左滑动屏幕可查看标准曲线）
6. 检测样品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  样品 1 移取到基座上，或插入样品 1 比色皿
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
7. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
8. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

## 蛋白质 BCA 法报告结果

### 蛋白质 BCA 法检测屏幕（在“历史记录”中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。在检测屏幕上向左滑动也可显示标准曲线（或显示在历史记录中，如下图所示）。



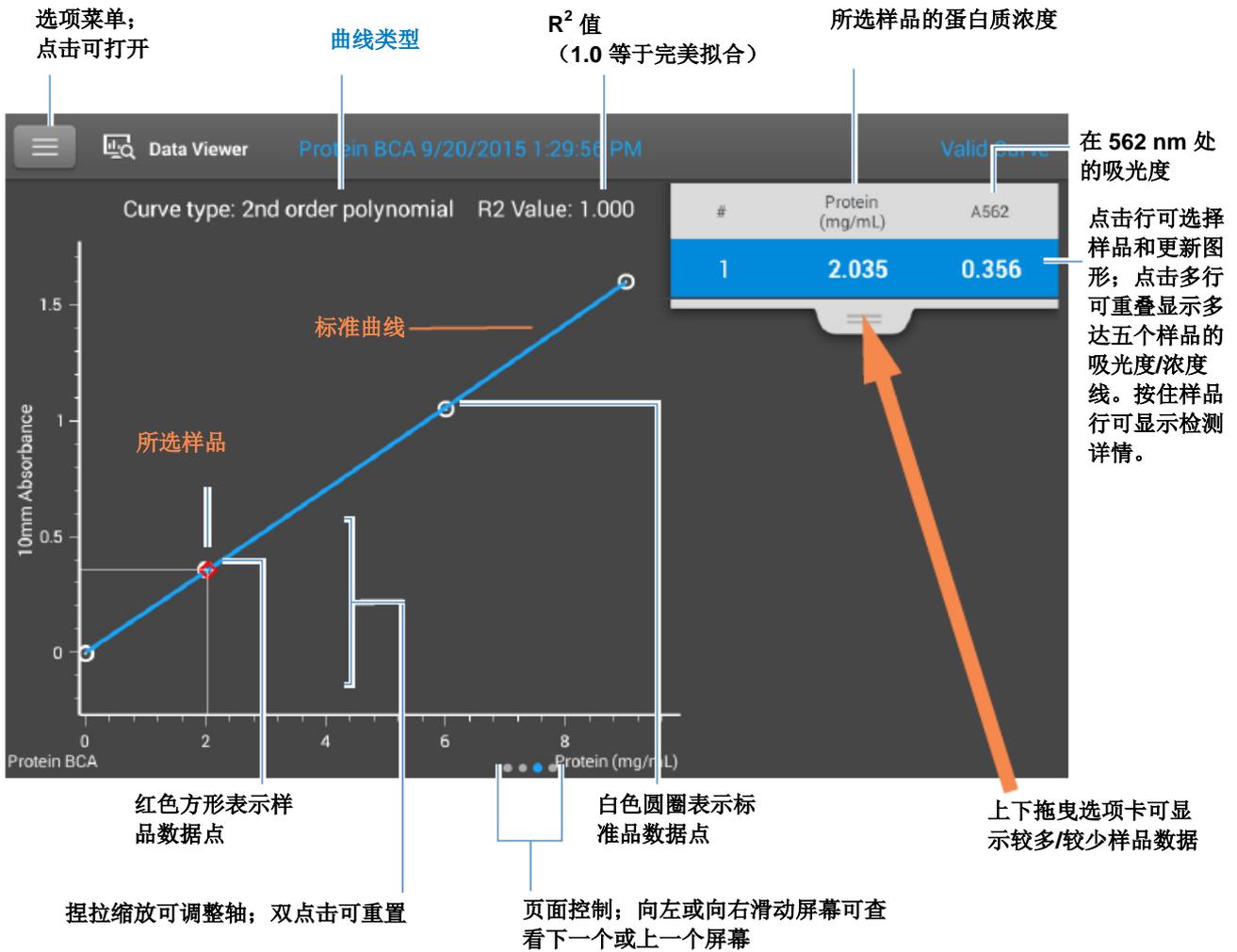
注

- 在 750 nm 处执行基线矫正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 750 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

蛋白质 BCA 法标准曲线屏幕

标准曲线屏幕以图形显示所选样品的检测标准品、计算的标准曲线，以及检测的吸光度和计算的浓度之间的关系。一条水平线将 Y 轴上的样品吸光度值连接至标准曲线。一条垂直线将该点连接至 X 轴上的样品浓度值。

$R^2$  值表示标准曲线拟合标准品数据点的程度（1.0 表示完美拟合；也就是说，所有点恰好处于曲线上）。



## 蛋白质 BCA 法报告值

每次检测后出现的初始屏幕和标准品屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



### 相关主题

- [基本仪器操作](#)
- [蛋白质 A280 计算](#)

## 用于蛋白质 BCA 法检测的设置

要在“蛋白质 BCA 法”检测屏幕中显示蛋白质 BCA 法设置，点击  > 蛋白质 BCA 法设置。

**注** 在检测标准品时，您可以更改应用检测屏幕顶部的列表框，编辑“曲线类型”设置。您可以在应用设置屏幕上编辑标准品的浓度值。进行首个样品检测后，不能更改这些设置。

设置	描述
曲线类型	指定用于从标准品浓度值创建标准曲线的等式类型。可用选项： <ul style="list-style-type: none"><li>- <b>线性：</b>通过所有检测的标准品，绘制线性最小二乘线（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- <b>插值：</b>绘制一系列直线，连接所有检测的标准品（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- <b>2 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 2 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少两个标准品）</li><li>- <b>3 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 3 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少三个标准品）</li></ul>
重复	输入参考品或者相同标准品或样品的平均检测次数，产生与其相关的浓度值。 <b>注：</b> 检测首个标准品后，不能更改“重复”设置。
标准品	输入每个标准品的实际浓度值。 <b>注：</b> 可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入的顺序进行检测。

### 相关主题

- [仪器设置](#)

**5 蛋白质应用**  
检测蛋白质 BCA 法

## 检测蛋白质 Bradford 法

使用考马斯亮蓝染料比色法检测试剂来检测未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。

[检测总蛋白](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[检测限](#)



### 检测总蛋白浓度

蛋白质 Bradford 法分析采用考马斯亮蓝染料作为比色法检测试剂来确定未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。此应用对于检测成分在 200 nm 和 280 nm 之间显著增加吸光度、要求较低检测灵敏度的稀释蛋白溶液或蛋白质非常有用，这就排除了在 280 nm 或 205 nm 处直接进行蛋白检测的情况。此应用检测 595 nm 处的吸光度并使用标准曲线来计算蛋白质浓度。有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)。可使用单点基线校正。

### 蛋白质 Bradford 法分析理论

蛋白质 Bradford 法分析采用蛋白诱导的考马斯亮蓝染料吸光度偏移来确定总蛋白浓度。结合蛋白染料复合物在 595 nm 处检测，并使用 750 nm 处的吸光度值进行基线校正。我们或本地经销商均有提供预先配制的包含考马斯亮蓝染料、酒精和表面活性剂的稳定试剂混合物试剂盒。

要最大化蛋白质 Bradford 法分析的可靠性：

- **快速工作，不让制备标准品或样品的闲置时间过长。**考马斯亮蓝染料-染料和考马斯亮蓝染料-蛋白聚集体可随着时间形成颗粒，从而导致吸光度读数明显波动。

- 采用新的等分为每个检测以一式三份的方式检测标准品和样品。对于基座检测，在 595 nm 处的全分析物（蛋白质-染料）信号因基座的 1.0 mm 光程、考马斯亮蓝染料浓度和酸性 pH 值而被限制至约 0-0.150A。

**注** 如果您拥有 NanoDrop One<sup>C</sup> 型号仪器，使用比色皿选项将获得更高的吸光度信号。

## 蛋白质检测试剂盒和方案

有关 NanoDrop One 仪器的最新试剂盒和方案的信息，请参阅 NanoDrop 网站。遵循检测试剂盒制造商对所有标准品和样品（未知）提供的建议。确保每个样品在整个检测过程中符合相同的定时和温度。

试剂盒制造商也可以提供用于产生标准曲线的蛋白标准品。由于 NanoDrop One 基座可以比基于比色皿的传统分光光度计检测更高的蛋白浓度，因此，您可能需要自备浓度高于制造商所提供浓度的蛋白标准品。例如，可能需要额外的标准品来确保标准曲线覆盖未知样品的动态检测范围和预期范围。

## 若要检测蛋白质 Bradford 法的标准品和样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测蛋白质 Bradford 法的标准品和样品

1. 在“主页”屏幕上，选择蛋白质选项卡并点击蛋白质 Bradford 法。
2. 指定曲线类型和重复每个标准品的次数并输入每个标准品的浓度。

**提示：**对于这个分析，将曲线类型设置为“2 阶多项式”并将重复设置为 3。

3. 进行空白检测：
  - 将 2  $\mu$ L DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座，然后降下检测臂，或将 DI H<sub>2</sub>O 空白比色皿插入比色皿架

**提示：**如果使用比色皿，确保将比色皿光路对准仪器光路。

- 点击**空白检测**并等待检测完成
  - 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
4. 检测参考标准品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  参考溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有标准蛋白质原液，有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)）
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
5. 检测剩余标准品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  标准品 1 移取到基座上，或插入标准品 1 比色皿
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
  - 对每个额外标准品重复上述子步骤（检测完指定数量的标准品和重复样品后，将显示消息询问是否要加载更多标准品或开始检测样品）
  - 如果已完成检测标准品，点击**完成**（向左滑动屏幕可查看标准曲线）
6. 检测样品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  样品 1 移取到基座上，或插入样品 1 比色皿
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
7. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
8. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 Bradford 法

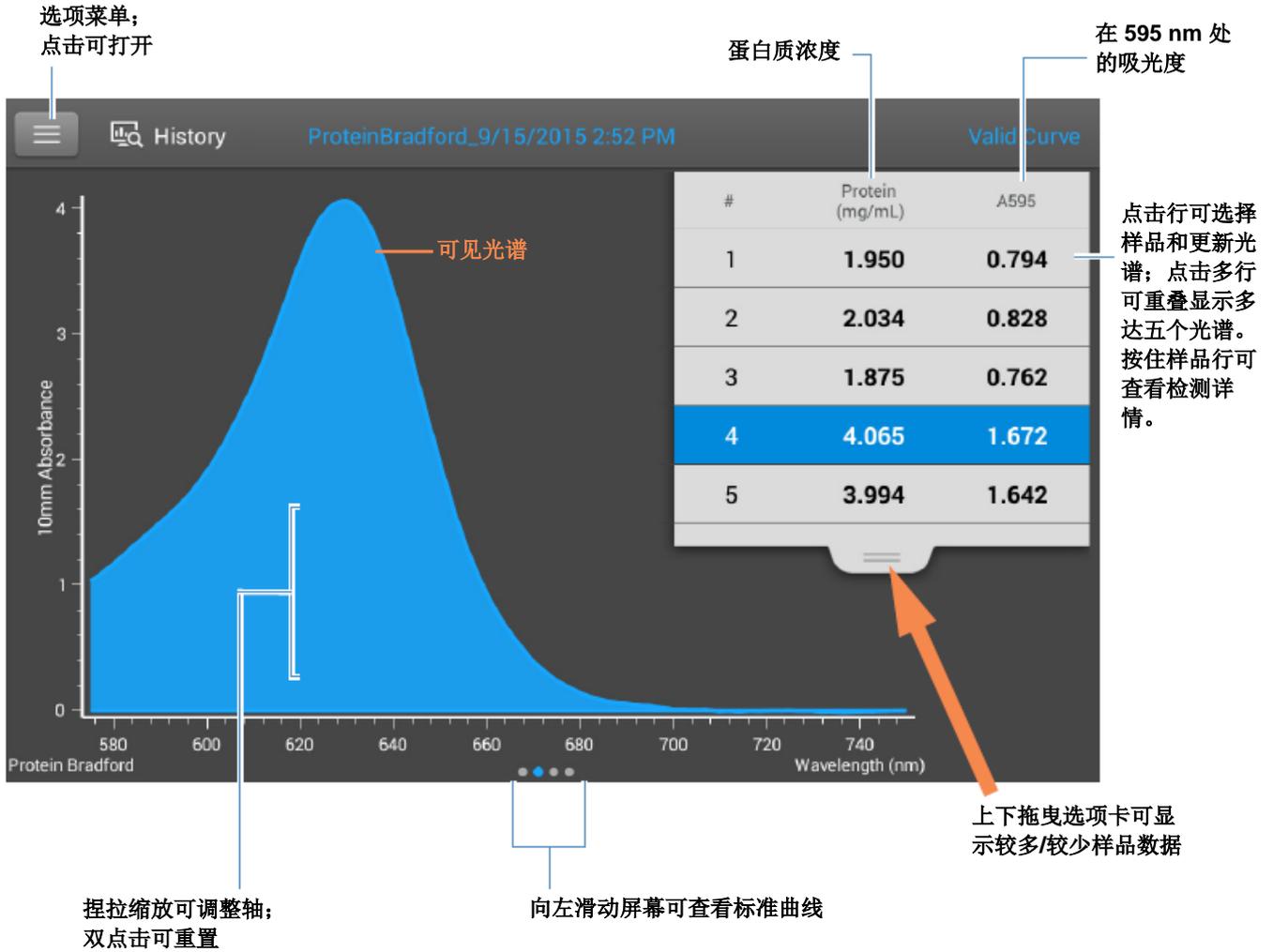
#### 相关主题

- [使用标准曲线](#)
- [蛋白质检测的最佳实践](#)
- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [制备样品和空白溶液](#)
- [基本仪器操作](#)

## 蛋白质 Bradford 法报告结果

蛋白质 Bradford 法检测屏幕（在“历史记录”中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。在检测屏幕上向左滑动也可显示标准曲线（或显示在历史记录中，如下图所示）。



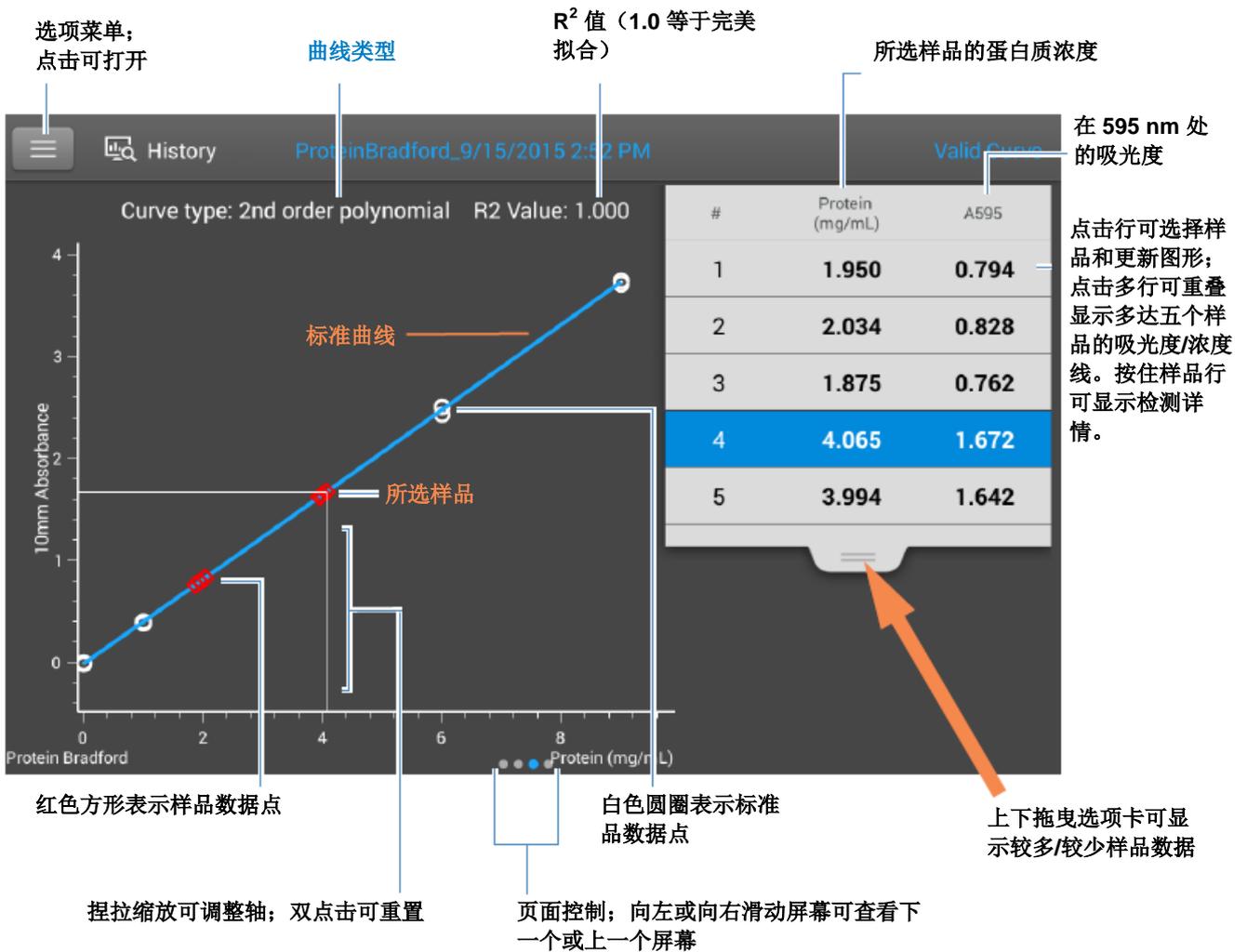
#### 注

- 在 750 nm 处执行基线矫正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 750 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

#### 蛋白质 Bradford 法标准曲线屏幕

标准曲线屏幕以图形显示所选样品的检测标准品、计算的标准曲线，以及检测的吸光度和计算的浓度之间的关系。一条水平线将 Y 轴上的样品吸光度值连接至标准曲线。一条垂直线将该点连接至 X 轴上的样品浓度值。

$R^2$  值表示标准曲线拟合标准品数据点的程度（1.0 表示完美拟合；也就是说，所有点恰好处于曲线上）。



注

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 750 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

蛋白质 Bradford 法报告值

每次检测后出现的初始屏幕和标准品屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



### 相关主题

- [标准曲线示例](#)
- [基本仪器操作](#)
- [蛋白质 A280 计算](#)

## 用于蛋白质 Bradford 法检测的设置

要在“蛋白质 Bradford 法”检测屏幕中显示蛋白质 Bradford 法设置，点击  > 蛋白质 Bradford 法设置。

**注** 在检测标准品时，您可以更改应用检测屏幕顶部的列表框，编辑“曲线类型”设置。您可以在应用设置屏幕上编辑标准品的浓度值。进行首个样品检测后，不能更改这些设置。

设置	描述
曲线类型	指定用于从标准品浓度值创建标准曲线的等式类型。可用选项： <ul style="list-style-type: none"><li>- <b>线性：</b>通过所有检测的标准品，绘制线性最小二乘线（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- <b>插值：</b>绘制一系列直线，连接所有检测的标准品（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- <b>2 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 2 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少两个标准品）</li><li>- <b>3 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 3 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少三个标准品）</li></ul>
重复	输入参考品或者相同标准品或样品的平均检测次数，产生与其相关的浓度值。 <b>注：</b> 检测首个标准品后，不能更改“重复”设置。
标准品	输入每个标准品的实际浓度值。 <b>注：</b> 可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入的顺序进行检测。

### 相关主题

- [仪器设置](#)

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 Bradford 法

## 检测蛋白质 Lowry 法

使用福林酚比色法检测试剂来检测未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。

检测总蛋白

报告结果

设置

检测限



### 检测总蛋白浓度

蛋白质 Lowry 法分析采用福林酚作为比色法检测试剂来确定未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。此应用是另一种比色法应用的替代品，用于检测成分在 200 nm 和 280 nm 之间显著增加吸光度的稀释蛋白溶液或蛋白质。此应用检测 650 nm 处的吸光度并使用标准曲线来计算蛋白质浓度。有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)。可使用单点基线矫正。

### 蛋白质 Lowry 法分析理论

蛋白质 Lowry 法分析包括在碱性溶液中与硫酸铜蛋白反应，从而导致铜蛋白复合物的形成。福林酚试剂有效地降低螯合铜复合物的比例。水溶性蓝反应产物在 650 nm 处检测，并使用 405 nm 处的吸光度值进行基线矫正。我们或本地经销商均有提供预先配制的福林酚试剂和  $\text{CuSO}_4$  试剂盒。

### 蛋白质检测试剂盒和方案

遵循检测试剂盒制造商对所有标准品和样品（未知）提供的建议。确保每个样品在整个检测过程中符合相同的定时和温度。

## 若要检测蛋白质 Lowry 法的标准品和样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测蛋白质 Lowry 法的标准品和样品

1. 在“主页”屏幕上，选择**蛋白质**选项卡并点击**蛋白质 Lowry 法**。
2. 指定**曲线类型**和**重复每个标准品**的次数并输入**每个标准品的浓度**。

**提示：**对于这个分析，我们建议将**曲线类型**设置为“2 阶多项式”。

3. 进行空白检测：
  - 将 2  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座，然后降下检测臂，或将 DI H<sub>2</sub>O 空白比色皿插入比色皿架
  - 提示：**如果使用比色皿，确保将**比色皿光路对准**仪器光路。
  - 点击**空白检测**并等待检测完成
  - 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
4. 检测参考标准品：
  - 将 2  $\mu\text{L}$  参考溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有标准蛋白质原液，有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)）
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
5. 检测剩余标准品：

- 将 2  $\mu\text{L}$  标准品 1 移取到基座上，或插入标准品 1 比色皿
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
  - 对每个额外标准品重复上述子步骤（检测完指定数量的标准品和重复样品后，将显示消息询问是否要加载更多标准品或开始检测样品）
  - 如果已完成检测标准品，点击**完成**（向左滑动屏幕可查看标准曲线）
6. 检测样品：
- 将 2  $\mu\text{L}$  样品 1 移取到基座上，或插入样品 1 比色皿
  - 降下检测臂开始检测（或如果“自动检测”设为“关闭”，则点击**检测**）
  - 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下比色皿
  - 如果“重复”设置大于 1，重复检测
7. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
8. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

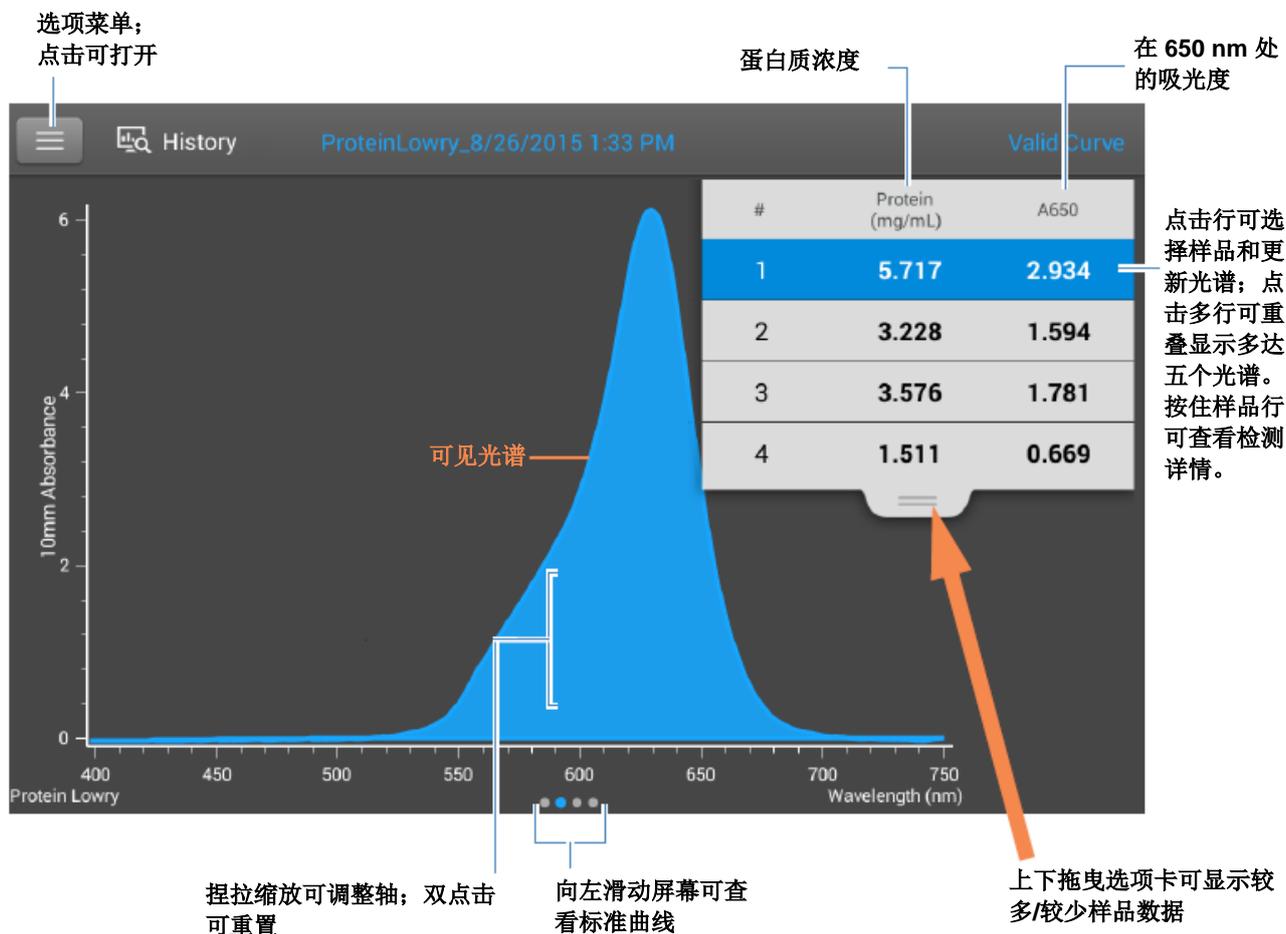
### 相关主题

- [使用标准曲线](#)
- [蛋白质检测的最佳实践](#)
- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [制备样品和空白溶液](#)
- [基本仪器操作](#)

## 蛋白质 Lowry 法报告结果

蛋白质 Lowry 法检测屏幕（在“历史记录”中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。在检测屏幕上向左滑动也可显示标准曲线（或显示在历史记录中，如下图所示）。



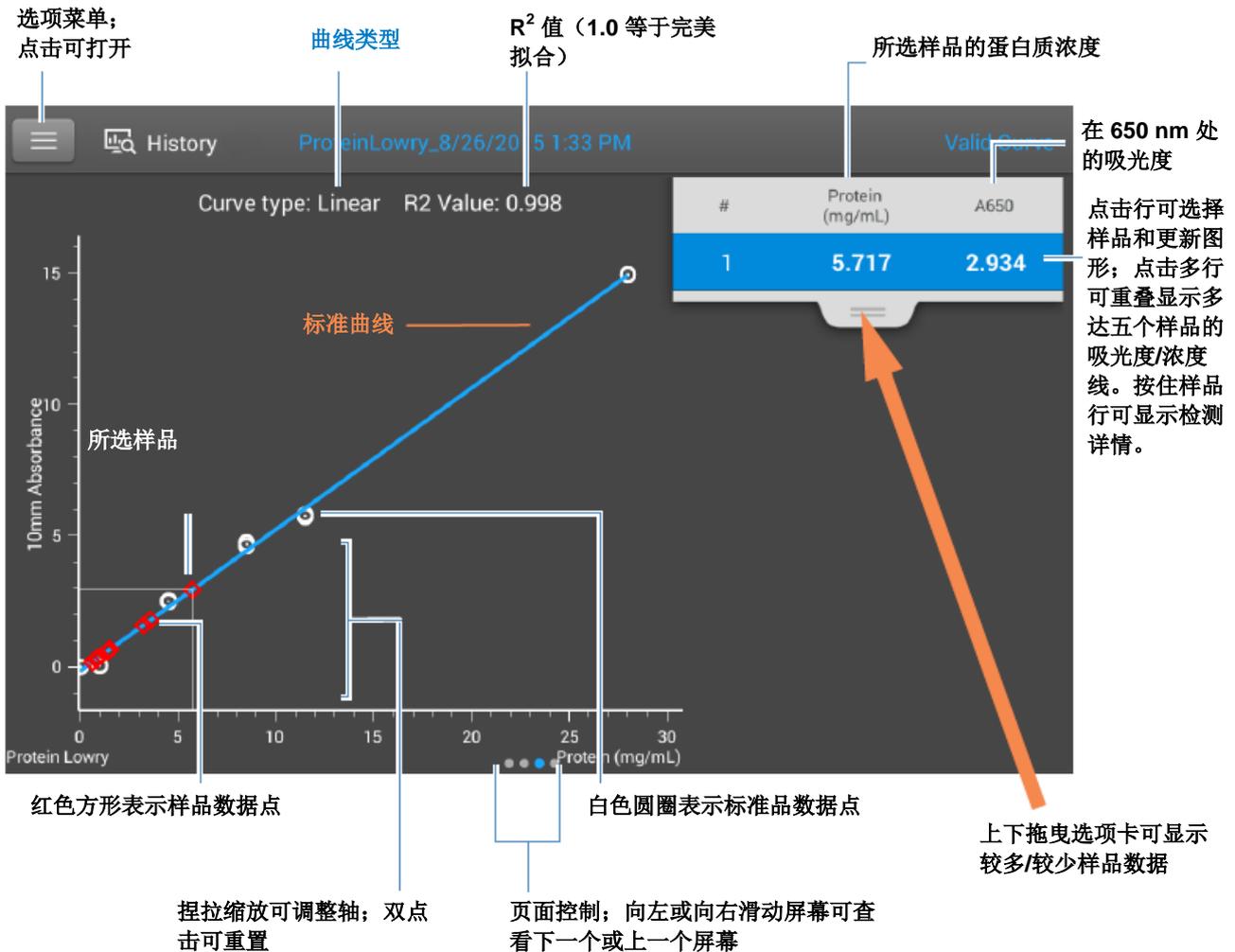
### 注

- 在 405 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 405 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## 蛋白质 Lowry 法标准曲线屏幕

标准曲线屏幕以图形显示所选样品的检测标准品、计算的标准曲线，以及检测的吸光度和计算的浓度之间的关系。一条水平线将 Y 轴上的样品吸光度值连接至标准曲线。一条垂直线将该点连接至 X 轴上的样品浓度值。

$R^2$  值表示标准曲线拟合标准品数据点的程度（1.0 表示完美拟合；也就是说，所有点恰好处于曲线上）。



## 蛋白质 Lowry 法报告值

每次检测后出现的初始屏幕和标准品屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



### 相关主题

- [标准曲线示例](#)
- [基本仪器操作](#)

## 用于蛋白质 Lowry 法检测的设置

要在“蛋白质 Lowry 法”检测屏幕中显示蛋白质 Lowry 法设置，点击  > 蛋白质 Lowry 法设置。

**注** 在检测标准品时，您可以更改应用检测屏幕顶部的列表框，编辑“曲线类型”设置。您可以在应用设置屏幕上编辑标准品的浓度值。进行首个样品检测后，不能更改这些设置。

设置	描述
曲线类型	<p>指定用于从标准品浓度值创建标准曲线的等式类型。可用选项：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- <b>线性：</b>通过所有检测的标准品，绘制线性最小二乘线（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- <b>插值：</b>绘制一系列直线，连接所有检测的标准品（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- <b>2 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 2 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少两个标准品）</li><li>- <b>3 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 3 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少三个标准品）</li></ul>
重复	<p>输入参考品或者相同标准品或样品的平均检测次数，产生与其相关的浓度值。</p> <p><b>注：</b>检测首个标准品后，不能更改“重复”设置。</p>
标准品	<p>输入每个标准品的实际浓度值。</p> <p><b>注：</b>可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入的顺序进行检测。</p>

### 相关主题

- [仪器设置](#)

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 Lowry 法

## 检测蛋白质 Pierce 660 法

使用专有比色法检测试剂来检测未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。

[检测总蛋白](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[检测限](#)



### 检测总蛋白浓度

蛋白质 Pierce 660 法分析采用专有蛋白结合材料作为比色法检测试剂来确定未纯化蛋白质样品的总蛋白浓度。此应用适用于含有高浓度洗涤剂、还原剂和其他常用试剂的蛋白质溶液。Pierce 660 法应用检测 660 nm 处的吸光度，并使用标准曲线来计算蛋白质浓度（有关详细信息，请参阅[使用标准曲线](#)）。可使用单点基线校正。

### 蛋白质 Pierce 660 法分析理论

蛋白质 Pierce 660 法分析基于专有的染料-金属复合物与蛋白在酸性条件下结合，从而使染料在 660 nm 处测得的最大吸光度发生偏移。染料-金属复合物为红棕色，在蛋白结合后变绿色。颜色变化是由于在低 pH 值下通过与蛋白质中带正电荷氨基酸基团相互作用使染料去质子化而产生的。染料主要与蛋白质中碱性残基相互作用，如组氨酸、精氨酸和赖氨酸，以及在较小程度上的酪氨酸、色氨酸和苯丙氨酸。反应产物在 660 nm 处检测，并使用 750 nm 处的吸光度值进行基线校正。

在分析中产生的颜色是稳定的，并在广泛的范围内随蛋白质浓度的上升而成比例增加。可选的离子洗涤剂相容试剂 (IDCR) 可添加到检测试剂中以提高与大量离子洗涤剂的兼容性，包括 Laemmli SDS 样品缓冲液与溴酚蓝。IDCR 在完全混合后会全部溶解，对检测无影响。我们或本地经销商均有提供预先配制的蛋白结合材料试剂盒。有关 IDCR 的信息，请咨询试剂盒制造商。

## 蛋白质检测试剂盒和方案

有关 NanoDrop One 仪器的最新试剂盒和方案的信息，请参阅 NanoDrop 网站。遵循检测试剂盒制造商对所有标准品和样品（未知）提供的建议。确保每个样品在整个检测过程中符合相同的定时和温度。

试剂盒制造商也可以提供用于产生标准曲线的蛋白标准品。由于 NanoDrop One 基座可以比基于比色皿的传统分光光度计检测更高的蛋白浓度，因此，您可能需要自备浓度高于制造商所提供浓度的蛋白标准品。例如，可能需要额外的标准品来确保标准曲线覆盖未知样品的动态检测范围和预期范围。

## 若要检测蛋白质 Pierce 660 法的标准品和样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测蛋白质 Pierce 660 法的标准品和样品

1. 在“主页”屏幕上，选择蛋白质选项卡并点击蛋白质 Pierce 660 法。
2. 指定曲线类型和重复每个标准品的次数并输入每个标准品的浓度。

**提示：**对于这个分析，我们建议将曲线类型设置为“线性”。

3. 进行空白检测：

- 将 2  $\mu$ L 参考品溶液移取到下基座上并降下检测臂，或将参考品溶液空白比色皿插入比色皿架（参考品溶液不应含有标准蛋白质原液；有关详细信息请参阅[使用标准曲线](#)）

**提示：**如果使用比色皿，确保将比色皿光路对准仪器光路。

- 点击空白检测并等待检测完成
- 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取

下比色皿

4. 检测参考标准品:

- 将 2  $\mu\text{L}$  参考溶液移取到基座上, 或插入参考品比色皿 (参考品溶液不应含有标准蛋白质原液, 有关详细信息, 请参阅[使用标准曲线](#))
- 降下检测臂开始检测 (或如果“自动检测”设为“关闭”, 则点击**检测**)
- 抬起检测臂, 用新的无尘纸擦拭上下基座, 或取下比色皿
- 如果“重复”设置大于 1, 重复检测

5. 检测剩余标准品:

- 将 2  $\mu\text{L}$  标准品 1 移取到基座上, 或插入标准品 1 比色皿
- 降下检测臂开始检测 (或如果“自动检测”设为“关闭”, 则点击**检测**)
- 抬起检测臂, 用新的无尘纸擦拭上下基座, 或取下比色皿
- 如果“重复”设置大于 1, 重复检测
- 对每个额外标准品重复上述子步骤 (检测完指定数量的标准品和重复样品后, 将显示消息询问是否要加载更多标准品或开始检测样品)
- 如果已完成检测标准品, 点击**完成** (向左滑动屏幕可查看标准曲线)

6. 检测样品:

- 将 2  $\mu\text{L}$  样品 1 移取到基座上, 或插入样品 1 比色皿
- 降下检测臂开始检测 (或如果“自动检测”设为“关闭”, 则点击**检测**)
- 抬起检测臂, 用新的无尘纸擦拭上下基座, 或取下比色皿
- 如果“重复”设置大于 1, 重复检测

7. 完成检测样品后, 点击**结束实验**。

8. 抬起检测臂, 用新的无尘纸擦拭上下基座, 或取下样品比色皿。

相关主题

- [使用标准曲线](#)
- [蛋白质检测的最佳实践](#)

## 5 蛋白质应用

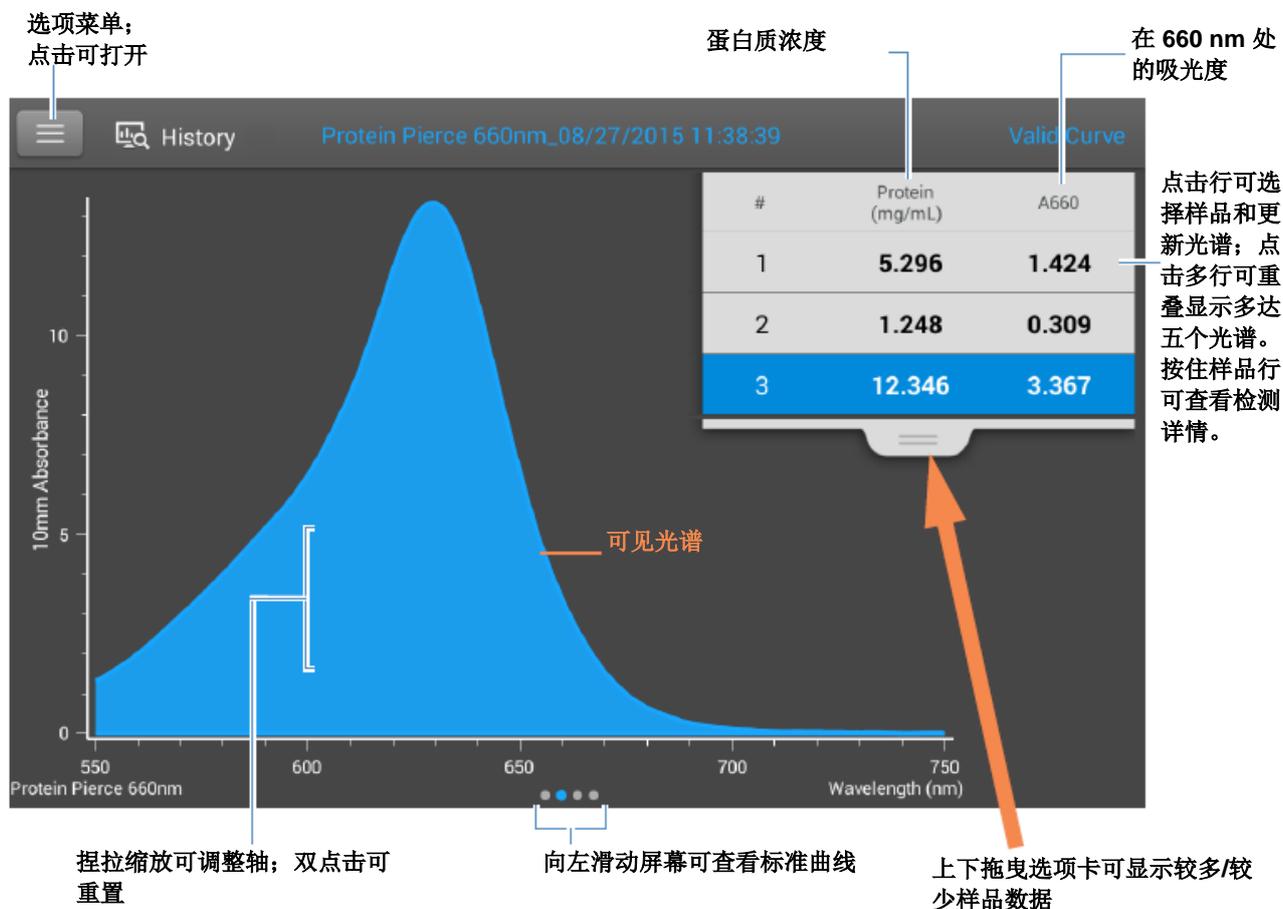
### 检测蛋白质 Pierce 660 法

- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品
- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

## 蛋白质 Pierce 660 法报告结果

### 蛋白质 Pierce 660 法检测屏幕（在“历史记录”中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。在检测屏幕上向左滑动也可显示标准曲线（或显示在历史记录中，如下图所示）。



#### 注

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去 750 nm 处的吸光度值）。
- 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

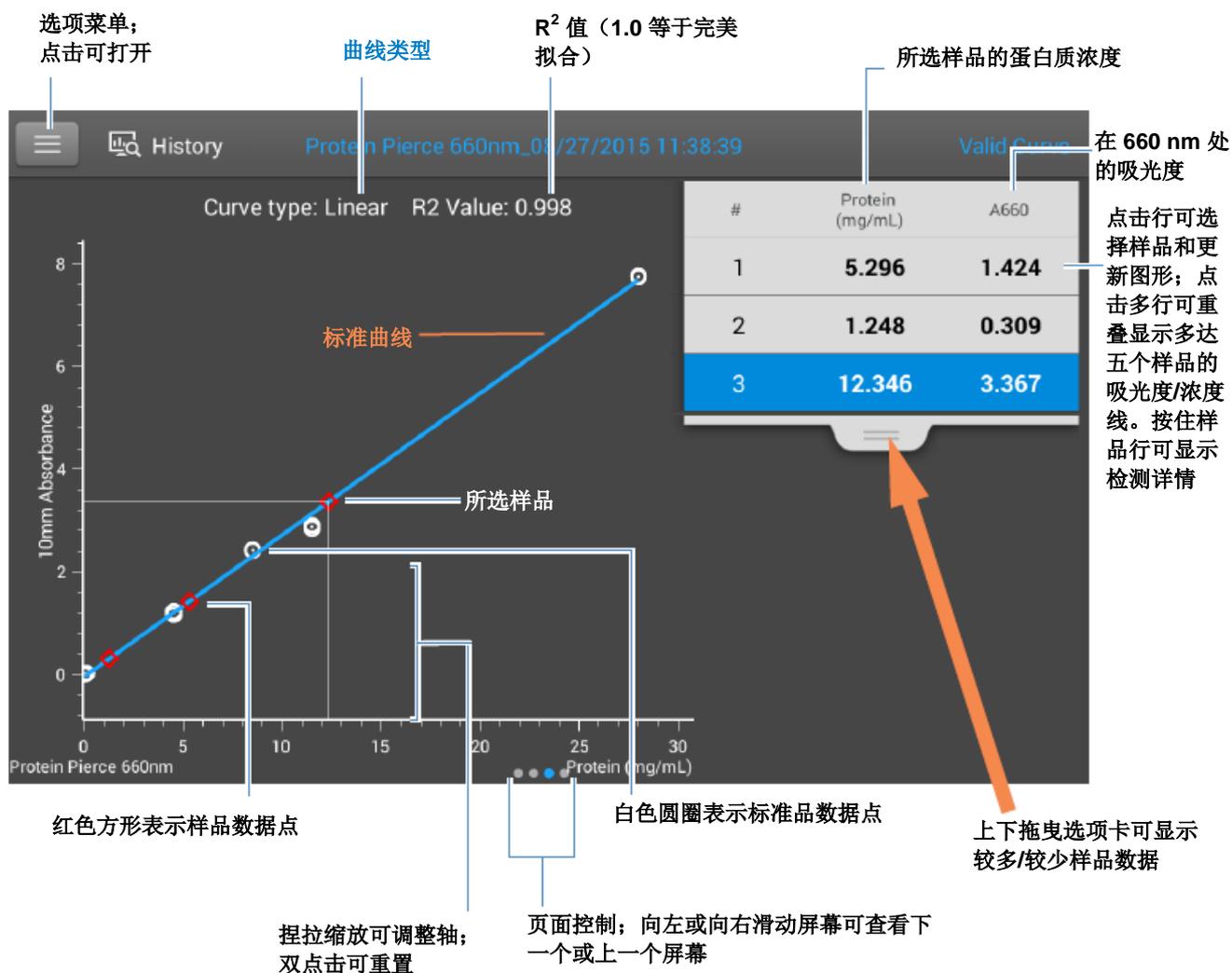
### 蛋白质 Pierce 660 法标准曲线屏幕

标准曲线屏幕以图形显示所选样品的检测标准品、计算的标准曲线，以及检测的吸光度和计算的浓度之间的关系。一条水平线将 Y 轴上的样品吸光度值连接至标准曲线。一条垂直线将该点连接至 X 轴上的样品浓度值。

$R^2$  值表示标准曲线拟合标准品数据点的程度（1.0 表示完美拟合；也就是说，所有点恰好处于曲线上）。

## 5 蛋白质应用

### 检测蛋白质 Pierce 660 法



### 蛋白质 Pierce 660 法报告值

每次检测后出现的初始屏幕和标准品屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



### 相关主题

- [标准曲线示例](#)
- [基本仪器操作](#)

## 用于蛋白质 Pierce 660 法检测的设置

要在“蛋白质 Pierce 660 法”检测屏幕中显示蛋白质 Pierce 660 法设置，点击  > 蛋白质 Pierce 660 法设置。

**注** 在检测标准品时，您可以更改应用检测屏幕顶部的列表框，编辑“曲线类型”设置。您可以在应用设置屏幕上编辑标准品的浓度值。进行首个样品检测后，不能更改这些设置。

设置	描述
曲线类型	<p>指定用于从标准品浓度值创建标准曲线的等式类型。可用选项：</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– <b>线性：</b>通过所有检测的标准品，绘制线性最小二乘线（需要参考品检测和至少一个标准品）</li> <li>– <b>插值：</b>绘制一系列直线，连接所有检测的标准品（需要参考品检测和至少一个标准品）</li> <li>– <b>2 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 2 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少两个标准品）</li> <li>– <b>3 阶多项式：</b>使用所有检测的标准品，绘制 3 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少三个标准品）</li> </ul>
重复	<p>输入参考品或者相同标准品或样品的平均检测次数，产生与其相关的浓度值。</p> <p><b>注：</b>检测首个标准品后，不能更改“重复”设置。</p>
标准品	<p>输入每个标准品的实际浓度值。</p> <p><b>注：</b>可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入的顺序进行检测。</p> <p>如果您还想输入之前标准品检测的吸光度值，请选择此复选框：</p> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 5px; margin: 5px 0;"> <input checked="" type="checkbox"/> 可手动检测或输入标准品的吸光度数据。        取消勾选此框以检测吸光度数据。勾选此框可手动输入吸光度值。     </div> <p>然后输入用于所有标准品的吸光度值。</p>

### 相关主题

- [仪器设置](#)

## 检测 OD600

通过检测 600 nm 处的散射光，检测溶液中微生物细胞的浓度。

[检测 OD600](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[计算](#)



## 检测 OD600

通过检测 600 nm 处细胞生长培养的光密度（吸光度），使用 OD600 应用监测细菌或其他微生物细胞培养的生长率。**Beer-Lambert** 等式和用户输入的转换系数用于关联吸光度与浓度。报告的浓度值可用于确定培养的细胞种群的阶段，例如，日志或倍数和固定。

OD600 应用报告细胞浓度，单位为细胞数/mL。可使用单点吸光度校正。此应用不需要标准曲线。

**注** 由于本分析中存在一定数量的散射光，因此吸光度读数通常非常低。

## OD600 应用理论

OD600 应用检测光透射，并利用该值计算吸光度。在光谱中，透射光被定义为不被样品吸收、反射和散射的任何光。

在活细胞的情况下，大部分的入射光会通过样品透射，而不是分散、反射或吸收。散射光的量很低，根据不同仪器而有所不同。作为结果，计算出的吸光度读数通常很低。

所计算的吸光度值用于确定溶液中细胞的密度，单位为细胞数/mL。与活细胞光学性质至浓度相关的物理概念和公式包括：

- 具有来自周围介质不同折射率的细胞随机反射和散射入射光路的光。散射量与样品中细胞密度成正比。
- **Beer** 定律等式用于关联吸收度与浓度。有关详细信息，请参阅 [OD600 检测计算](#)。
- 对于使用 **NanoDrop One** 仪器读取的比色皿，准确的吸光度读数范围通常在 **0.04 A** 和 **1.5 A** 之间。样品的连续稀释通常需要处于这个范围内的吸光度读数。
- 所有检测应使用相同的分光光度计类型和检测方法（即，基座与比色皿的比较），因为基于光学结构，所捕捉到的散射光量会有所不同。当使用不同的分光光度计或检测方法时，计算并应用转换系数至报告的结果。例如，使用基座与比色皿比较内径读数，转换系数可以计算如下：

$$\text{换算系数} = \text{比色皿内径} / \text{基座内径}$$

## OD600 检测的最佳实践

- 确保样品处于仪器的[吸光度检测限](#)内。
- 用目标细胞悬浮生长或培养基进行空白检测。
- 运行[空白检测周期](#)评估培养基溶液增加的吸光度。如果处于或接近分析波长 (**600 nm**) 的培养基溶液展现强大的吸收度，您可能需要选择一个不同的培养基溶液或应用。有关详细信息，请参阅[选择和进行空白检测](#)。
- 在培养基达到稳定期前，如有必要可进行稀释，确保样品培养不超过分析的线性动态范围。线性范围在很大程度上取决于光学结构，因此，基座和比色皿检测的结果会有所不同。若要确定线性范围：

- 使用微生物菌种的年轻过夜培养（约 16 小时）检测一系列的稀释样品
- 制作 OD600 检测与稀释系数的对比图

检测上限是检测的 OD600 值，其中稀释系数和 OD600 读数之间不再是线性关系。

- 在进行等分检测之前，立即轻轻但彻底混合样品。
- 对于微体积检测：
  - 确保基座表面已正确[清洁](#)和[调节](#)。
  - 混合和转移样品时，避免引入气泡。
  - 立即开始检测以避免沉淀或蒸发。
  - 按照[微体积检测的最佳实践](#)。
  - 使用 2  $\mu\text{L}$  样品体积。有关详细信息，请参阅[建议样品体积](#)。
  - 对于在 600 nm 处展现低吸光度的稀释样品，使用另一种波长（如 400 nm）来检测吸光度，或使用比色皿而不是微体积检测
- 对于比色皿检测（仅限 NanoDrop One<sup>C</sup> 仪器）：
  - 使用干净的塑料、玻璃或石英比色皿。
  - 按照[比色皿检测的最佳实践](#)。
  - 请勿在此检测使用自动[搅拌](#)功能。

## 若要检测 OD600 样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要检测 OD600 样品

1. 在“主页”屏幕上，选择 **OD600** 选项卡并点击 **OD600**。
2. 如果需要，指定[细胞数转换系数](#)和[第二个监测波长或吸光度校正](#)。
3. 将 2  $\mu\text{L}$  的空白检测溶液（即目标细胞悬浮培养基）移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白比色皿插入比色皿架。

**提示：**如果使用比色皿，确保将[比色皿光路对准](#)仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：**如果[自动空白检测](#)设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。
7. 开始样品检测：

— 基座：如果[自动检测](#)设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

— 比色皿：点击**检测**

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。
9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

### 相关主题

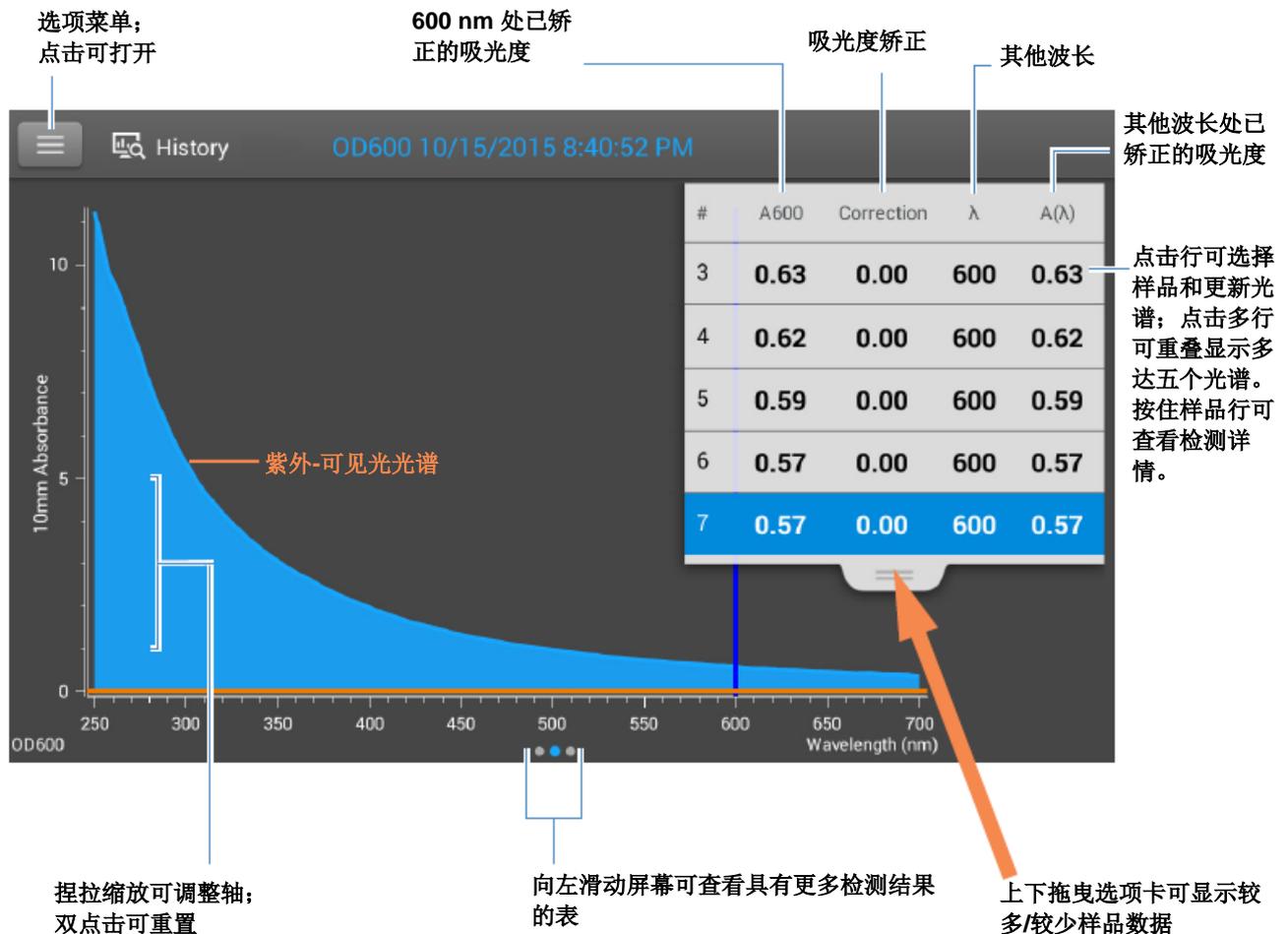
- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)

- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

## OD600 报告结果

### OD600 检测屏幕（在“历史记录”中显示）

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为示例：



**注** 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## OD600 报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



## 相关主题

- [基本仪器操作](#)
- [OD600 计算](#)

## OD600 检测设置

要在“OD600”检测屏幕中显示 OD600 设置，点击  > **OD600 设置**。

设置	可用选项	描述
吸光度校正	在 0 和 300 A 之间的吸光度值	<p>用户定义的吸光度校正。输入用于显示光谱图的吸光度校正。这可能是有用的，例如，校正因为用于让仪器进行空白检测的培养基溶液和用于悬浮细胞培养样品的培养基之间的差异，以及因为散射光通常会产生一个偏移所导致的基线偏移。</p> <p>吸光度校正值将从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去。（所有显示的吸光度值均为已校正值。）</p>

设置	可用选项	描述
其他监测波长 ( $\lambda$ )	在 250 nm 和 700 nm 之间的任何波长	<p>用户定义波长。如果需要，可输入另一个波长进行检测（用于 600 nm 处展现低吸光度的稀释样品）。</p> <p>如果指定了另一个波长，使用这个等式来计算细胞浓度：</p> $c = A(\lambda) * \text{系数}(\lambda)$ <p>其中：</p> <p><math>c</math> = 分析物浓度，单位为细胞数/mL</p> <p><math>A(\lambda)</math> = 在指定波长的紫外-可见光吸光度，以吸光度单位 (A) 表示</p> <p><math>\text{系数}(\lambda) = 1/(\epsilon(\lambda) * b)</math>，单位为 mL/cell-cm</p> <p>其中：</p> <p><math>\epsilon(\lambda)</math> = 在指定波长的摩尔吸光系数（或消光系数）</p> <p><math>b</math> = 样品光程，单位为 cm（用于 NanoDrop One 仪器时为 1.0 cm）</p>
细胞数转换系数 ( $10^8$ )	任何数字	<p>用户定义系数。用于检测细胞类型的公认系数，或凭经验通过使用相同培养基已知浓度研究细胞的溶液。</p> <p>默认值为 <math>1 \times 10^8</math>，这是用于大多数细菌细胞悬浮液，如大肠杆菌的公认系数。</p> <p><b>提示：</b>该系数为波长指定用于每个细胞类型，会受到用于检测的培养基类型的影响。理想情况下，系数应该凭经验通过使用相同缓冲液的已知浓度研究细胞来确定。</p>

## 相关主题

- [仪器设置](#)

## OD600 检测计算

与核酸应用一样，OD600 应用使用 [Beer-Lambert 等式的修改式](#) 计算样品浓度，其中消光系数和光程相结合，被称为“系数”。

OD600 应用提供用户指定的系数，配合 Beer 定律用于计算样品浓度。如果系数已知，请输入系数。否则，使用  $1 \times 10^8$ ，这是用于大多数细菌细胞悬浮液，如大肠杆菌的公认系数。

计算的细胞浓度基于 600 nm 处的吸光度值、输入的系数和样品光程。可使用单点吸光度校正。

### 检测值

#### A600 吸光度

**注：**对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

- 细胞培养吸光度值使用标准化光谱图在 600 nm 处测得。如果没有指定吸光度校正，这是报告的 A600 值和用于计算细胞浓度的值。
- 如果指定了[吸光度校正](#)，将报告 600 nm 处的标准化和（吸光度）已校正吸光度值并用于计算细胞浓度。

#### A( $\lambda$ ) 吸光度

- 也会报告任何指定的[其他监测波长 \( \$\lambda\$ \)](#) 处的标准化和（吸光度）已校正（如已使用）吸光度值。

### 样品光程

- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。
- 

### 报告值

**细胞浓度。**报告单位为细胞数/mL。使用校正的 A600 吸光度值，基于 Beer-Lambert 等式计算。



## 用户自定义应用

使用 NanoDrop One 进行紫外-可见光检测或您自己的自定义检测。

紫外-可见光应用可直接通过触摸屏进行设置，并可让该仪器用作传统的分光光度计。可以监测和报告 190 nm 到 850 之间多达 40 个波长。

“用户自定义”应用为仪器中使用的方法提供了更多的灵活性。请参阅 NanoDrop PC 控制软件，了解所支持的用户自定义方法功能。

- [检测紫外-可见光 ..... 第 150 页](#)
- [检测用户自定义 ..... 第 157 页](#)

## 检测紫外-可见光

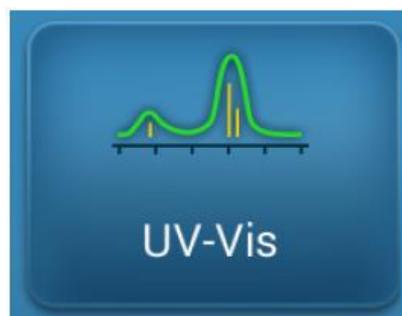
检测任何样品在紫外 (UV) 和可见光光谱区域多达 40 个波长的吸光度。

检测紫外-可见光

报告结果

设置

检测限



## 检测紫外-可见光

紫外-可见光应用可让该仪器用作传统的分光光度计。样品吸光度显示在屏幕上，范围从 190 nm 到 850 nm。可以为吸光度监测指定多达 40 个波长，并纳入报告。也可使用自动光程调整和单点基线校正。

### 若要进行紫外-可见光检测

#### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

#### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

#### 若要使用紫外-可见光应用检测样品

1. 在“主页”屏幕上，选择用户自定义选项卡，然后点击紫外-可见光。
2. 指定最多 40 个待监测波长（或者您也可以在以后需要时指定），以及是否使用自动化光程调整、分析波长和基线校正。

3. 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取到下基座，然后降下检测臂，或将空白检测比色皿插入比色皿架。

**提示：** 如果使用比色皿，确保将比色皿光路对准仪器光路。

4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

**提示：** 如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。（此选项不适用于比色皿检测。）

5. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。

6. 将 1-2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。

7. 开始样品检测：

- 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

- 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告值（请参阅下一个章节）。

8. 完成检测样品后，点击**结束实验**。

9. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

## 紫外-可见光检测的最佳实践

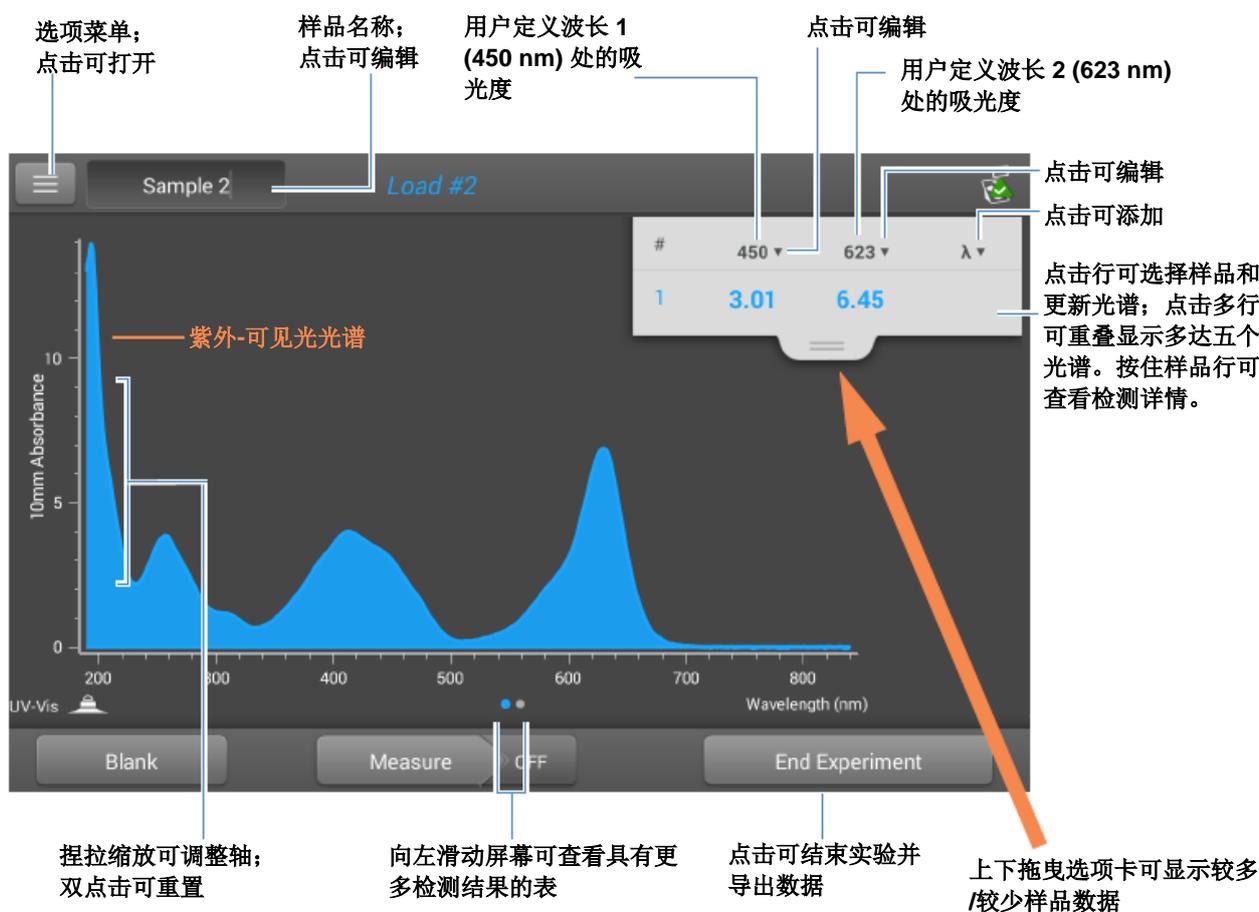
- 确保样品吸光度处于仪器的**吸光度检测限**内。
- 使用用于再悬浮目标分析物的相同缓冲溶液进行空白检测。空白检测溶液的 pH 值和离子强度应类似于分析物溶液。
- 运行**空白检测周期**评估缓冲溶液增加的吸光度。如果处于或接近分析波长的缓冲液展现强大的吸收度，您可能需要选择一个不同的缓冲液或应用。有关详细信息，请参阅**选择和进行空白检测**。
- 对于微体积检测：
  - 确保基座表面已正确**清洁和调节**。
  - 检测前，确保样品具有同质性。混合和转移样品时，避免引入气泡。
  - 按照**微体积检测的最佳实践**。

- 使用 1-2  $\mu\text{L}$  样品体积。有关详细信息，请参阅[建议样品体积](#)。
- 对于比色皿检测（仅限 NanoDrop One<sup>C</sup> 仪器），请使用相容比色皿，然后按照[比色皿检测的最佳实践](#)。

## 紫外-可见光报告结果

### 紫外-可见光检测屏幕

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为出现在本地仪器屏幕上的示例：



注 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

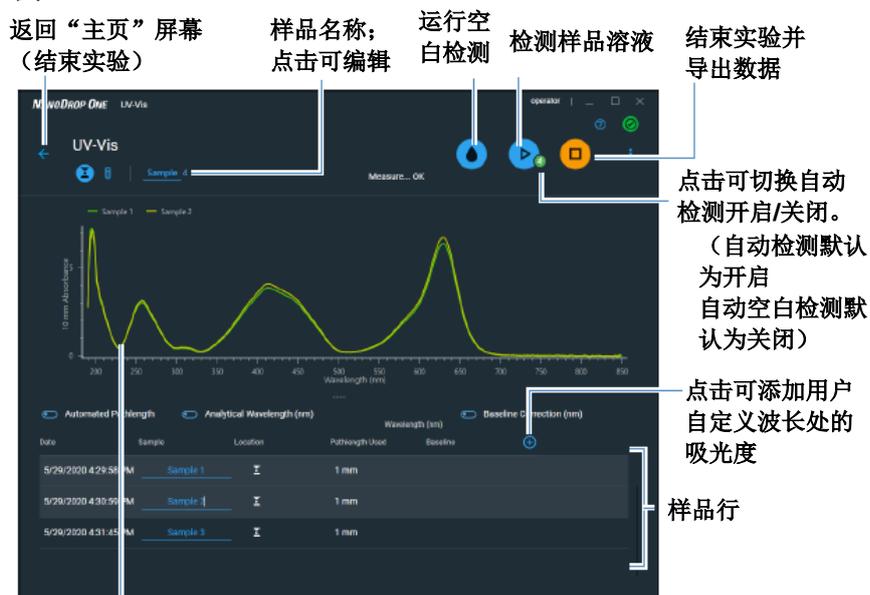
## 紫外-可见光报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：



**注** 向上滚动，以显示任何其他用户定义波长的吸光度值。

以下是出现在 NanoDrop PC 软件中带报告值的检测屏幕示例：



选定样品后，点击并拖动一个区域以进行缩放  
右键点击并选择自动缩放可使光谱适合窗口

### 提示：

点击样品行可选择样品和更新光谱。

按 **Shift** 键并点击多个样品行可重叠显示多达五个光谱。

点击样品并悬停在光谱上的位置可查看检测值

## 紫外-可见光检测设置

若要显示紫外-可见光设置，在“主页”屏幕上，选择用户自定义选项卡，然后点击**紫外-可见光**。

设置	可用选项	描述
监测波长	输入最多 40 个在 190 nm 和 850 nm 之间的波长	<p><b>运行时待检测和报告的用户定义波长。</b>前三个输入波长的吸光度值显示在<b>检测</b>屏幕中。要查看 8 个监测波长的吸光度值，在检测屏幕中向左滑动，以显示<b>数据表</b>。要查看所有监测波长，按住样品行，以显示<b>样品详情</b>屏幕（向上滚动可显示任何其他用户定义波长的吸光度值）。</p> <p><b>注：</b>若选择“基线矫正”，所有显示的吸光值都是已矫正值。</p>
分析波长	在 190 nm 和 850 nm 之间的任何波长	这是软件将用来确定光程选择的波长。
自动化光程	打开或关闭（仅影响基座检测）	<p><b>可选自动化光程选择。</b>允许软件为高浓度样品使用最佳（更短）基座光程，以帮助防止检测器饱和（有关详细信息，请参阅<b>检测限</b>）。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>选择后，当 220 nm 和 850 nm 之间的任何波长的 10 mm 当量吸光度值为 12.5 或更高时，将使用更短的光程。对于 190 nm 和 219 nm 之间的波长，当该范围内的任何波长的 10 mm 当量吸光度值为 10 或更高时，将更改成更短的光程。</li><li>取消选择后，所有波长的基座光程限制为 1 mm。</li></ul> <p><b>注：</b>无论哪种情况下，显示的吸光度值归一化为 10 mm 光程当量。</p>

设置	可用选项	描述
基线校正	打开或关闭 输入基线校正波长（单位为 nm）或使用默认值 (750 nm)	<b>可选用户自定义基线校正值。</b> 软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线校正波长处的吸光度值，校正光散射粒子导致的任何偏移。因此，在指定基线校正波长处的样品光谱吸光度为零。

## 检测用户自定义

运行使用 NanoDrop One 软件创建的用户自定义检测方法。

[检测用户自定义方法](#)

[删除用户自定义方法](#)

[报告结果](#)



## 使用用户自定义方法检测

使用用户自定义应用运行使用在个人计算机上运行的 NanoDrop One 软件创建的用户定义检测方法。有关详细信息，请参阅“[创建用户自定义方法](#)”（第 163 页）。

## 加载用户自定义方法

自定义方法只能在运行 NanoDrop One 软件的个人计算机上创建。如果您希望运行用户自定义方法，并在仪器上存储检测结果，该方法必须也存在于该仪器上。（如果您的仪器未通过以太网电缆连接到计算机，这是运行用户自定义方法的唯一方法。）

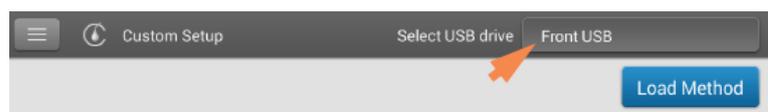
### 将用户自定义方法加载到仪器上

1. 从个人计算机 [导出方法](#)，并将方法文件复制到便携式 USB 设备（例如，记忆棒）的根目录下。

方法文件扩展名为“.method”。

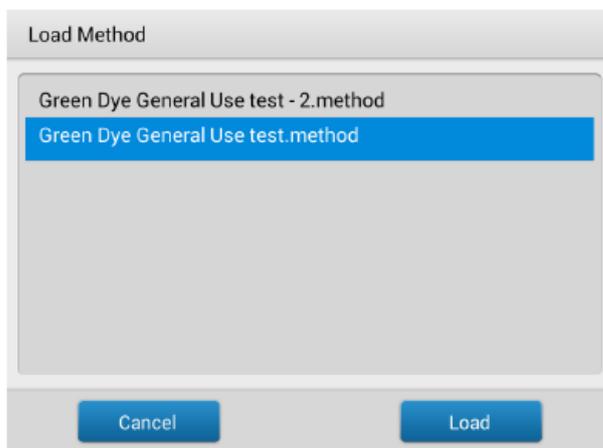
**注** 从 NanoDrop One 网站下载的用户自定义方法具有 .zip 文件扩展名，并且必须使用第三方文件解压缩程序将其提取，然后软件才能将它们识别为用户自定义方法。

2. 将 U 盘连接至仪器上的其中一个 [USB 端口](#)。
3. 在“主页”屏幕上，选择 [用户自定义](#) 选项卡并点击 [用户自定义方法](#)。
4. 使用位于屏幕顶部的列表框来显示所使用的 [USB 端口](#)。



5. 点击**加载方法**。

一个消息框显示在选择的 U 盘上可用的 NanoDrop One 检测方法。



6. 在“加载方法”框中点击一个或多个方法名称来选择加载的检测方法。

7. 点击**加载**。

## 使用用户自定义方法检测

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

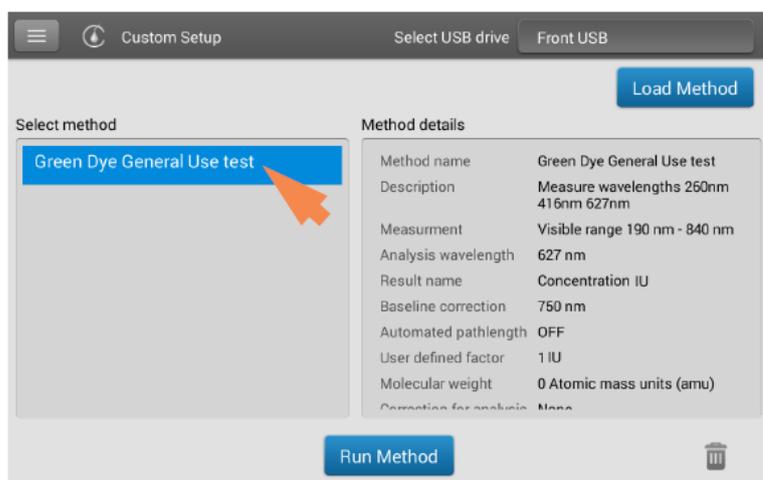
### 开始之前...

开始使用 NanoDrop One 仪器进行基座检测之前，抬起仪器检测臂然后清洁上下基座。至少需使用新的实验室无尘纸擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

### 若要利用本地仪器界面使用用户自定义方法检测样品

1. 确保该方法存在于 NanoDrop One 仪器上（有关详细信息，请参阅[加载用户自定义方法](#)）。
2. 在“主页”屏幕上，选择用户自定义选项卡并点击用户自定义方法。

3. 在“选择方法”框中，点击以选择要运行的方法。



有关所选方法的信息显示在“方法详情”框中。

4. 点击运行方法。
5. 按照屏幕上的指示检测样品。

若要利用 PC 软件使用用户自定义方法检测样品

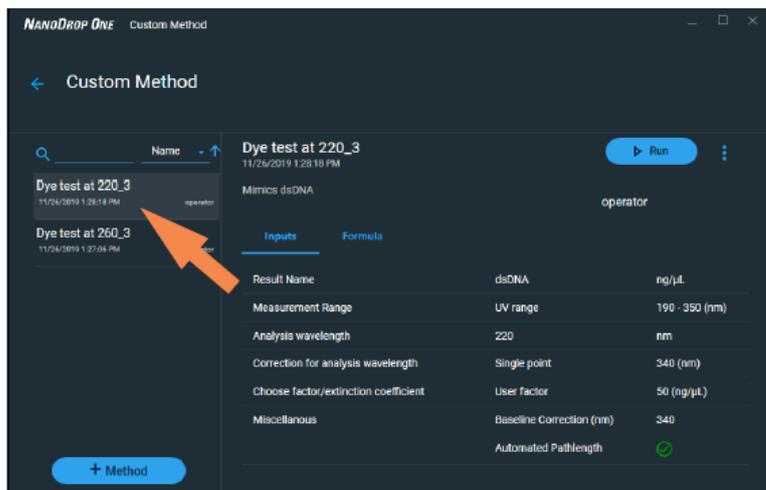
1. 在“主页”屏幕上，选择用户自定义选项卡，然后点击用户自定义方法。

用户自定义选项卡

用户自定义方法图标



2. 在“方法选择”栏中，点击以选择要运行的方法。



有关所选方法的信息显示在“方法详情”栏中。

3. 点击 。
4. 按照屏幕上的指示检测样品。

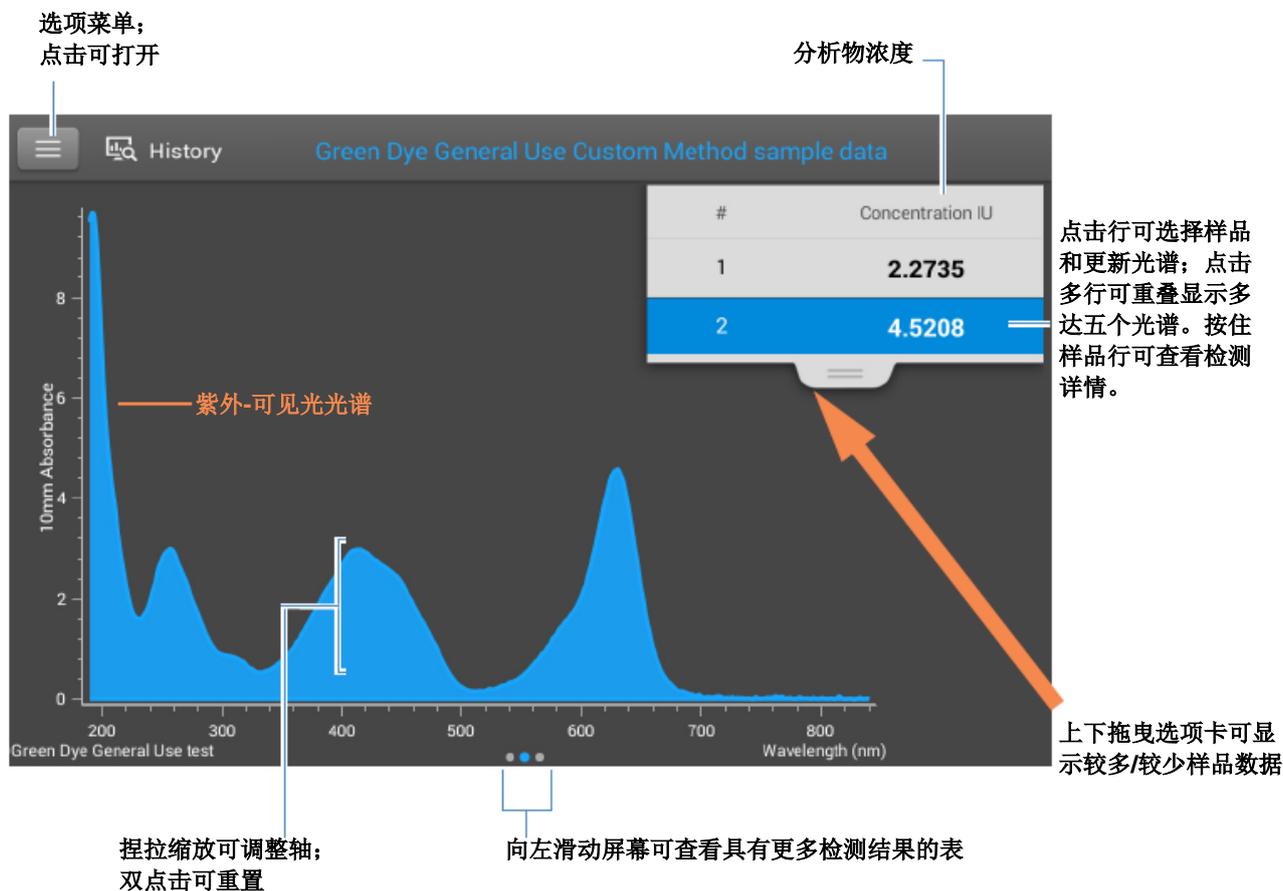
## 删除用户自定义方法

- 在“主页”屏幕上，选择用户自定义选项卡，然后点击用户自定义方法。
- 在“选择方法”框中，点击以选择要删除的方法
- 点击 

## 用户自定义方法报告结果

### 用户自定义方法检测屏幕（在“历史记录”中显示）

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。此处为示例：



注 微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。

## 用户自定义方法报告值

每次检测后出现的初始屏幕（请参阅前面的图像）显示报告值的摘要。若要查看所有的报告值，可按住样品行。此处为示例：

7 用户自定义应用  
检测用户自定义

方法名称      采样方法      样品名称; 点击可编辑

Field	Value
Sample Name	Sample 2
Created on	9/22/2015 6:41:24 PM
Concentration	4.5208 IU
Analysis wavelength	627 nm
Factor	1 IU
Baseline correction	750 nm 0.00 absorbance
Formula results	A627 4.521 OD A260 2.927 OD A416 2.977 OD D <sub>1000</sub> (200/1000) 0.017

检测日期/时间

分析物浓度

方法详情

OK

## 管理用户自定义方法

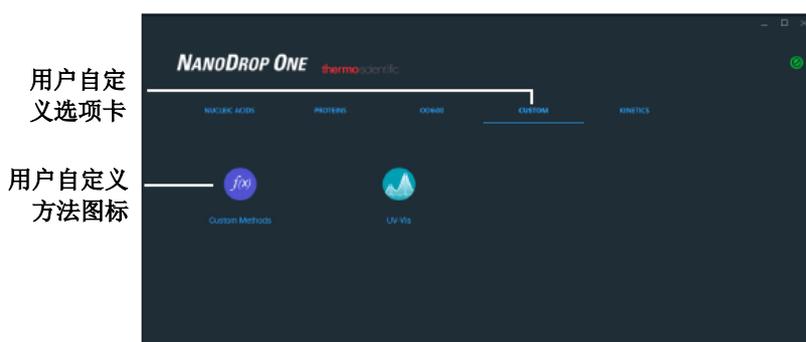
NanoDrop One PC 控制软件是可以帮助您创建和管理用户自定义方法的工具，其中包含可用于通过仪器采集数据的用户自定义设置。自定义方法可采用或者不采用标准品进行。

### 创建用户自定义方法

创建用于使用用户定义设置进行样品检测的方法。

#### 创建新的用户自定义方法

- 在 NanoDrop “主页” 屏幕上，选择用户自定义选项卡并点击用户自定义方法

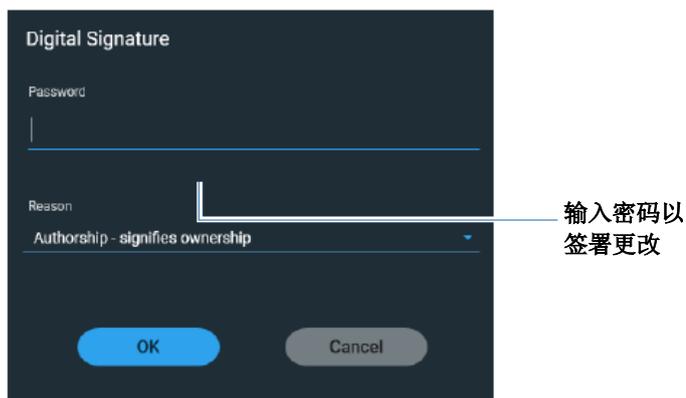


- 在“管理用户自定义方法”屏幕中，点击 **+ NEW METHOD** 并选择以下选项之一：
  - **分子式**（若您的方法将不含标准品）：
  - **标准曲线**（若您的方法将含有标准品）：
- 在设置窗口中，输入**方法名称**（此名称将会在传输该方法后显示在仪器的**用户自定义设置**框中）
- 如果需要，可输入方法的**详细说明**
- 指定如何计算和报告方法结果：
  - 若该方法没有标准品，指定**分析物系数或消光系数**（输入“1”，仅报告吸光度检测）
  - 若该方法有标准品，输入**每个标准品的名称和浓度**，并选择**曲线拟合类型**

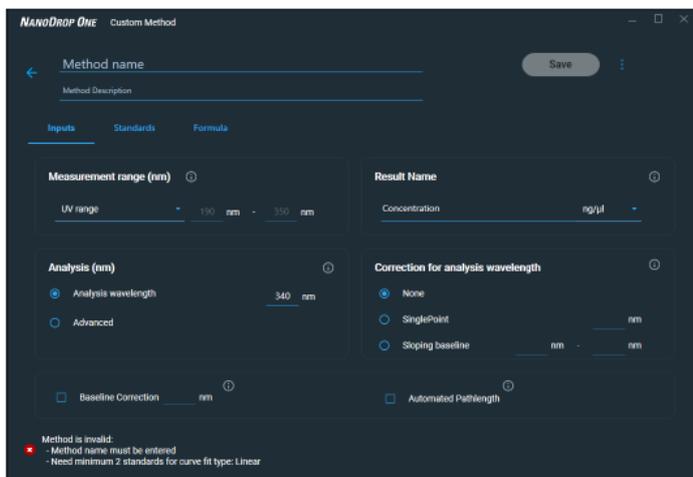
- 按需输入或选择其余的**用户自定义设置**
- 点击**保存**

**注** 如果此图标  显示在屏幕的左下方，而不是绿色勾选标记图标，即表示该方法因包含错误而无效。

- 如有提示，请输入密码以签署更改。



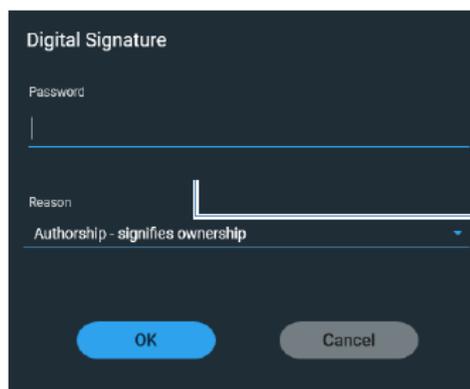
若方法在底部有绿色勾选标记图标，点击**关闭**以退出方法设置



### 查看或编辑用户自定义方法

- 选择**用户自定义方法**（现有方法在“选择方法”框中随其类型（分子式和标准品）和描述一起列出）
- 在“用户自定义方法管理”屏幕中，从加载方法列表中选择您想要编辑的方法。

- 从下拉菜单  中选择**编辑**
- 根据需要，查看和调整方法设置
- 点击**保存**
- 如有提示，请输入密码以签署更改。



输入密码以  
签署更改

## 用户自定义方法设置

以下设置可用于创建用户自定义方法。

设置	可用选项
结果名称	输入计算浓度结果的描述性名称（例如，“MTT 分析”），然后使用旁边的下拉列表选择适当的单位。结果名称将显示为报告浓度值的列标题。
检测范围	选择方法将采集数据的光谱范围。 可用选项： <ul style="list-style-type: none"> <li>• 仅紫外光 (190 nm - 350 nm)</li> <li>• 仅可见光 (350 nm - 850 nm)</li> <li>• 紫外和可见光 (190 nm - 850 nm)</li> <li>• 用户自定义（指定以纳米为单位的起点和终点）</li> </ul> <b>注：</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 如果使用<b>基线校正</b>和/或<b>分析波长校正</b>，确保选择的光谱范围包括您指定的基线校正和/或分析校正波长。</li> <li>• 对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。</li> </ul>

设置	可用选项
分析波长校正	<p>使用此选项可以仅指定分析波长处的吸光度校正。可用选项：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>无</b>。在分析波长处未校正。</li><li>• <b>单点</b>。输入分析校正的波长。（指定分析校正波长处的吸光度值将从分析波长处的吸光度值减去。校正的值将用于计算样品浓度。）</li><li>• <b>斜率基线</b>。输入用于定义分析校正斜率基线的两个波长。（分析波长处的斜率基线吸光度值将从分析波长处的吸光度值减去。校正的值将用于计算样品浓度。）</li></ul>
1 cm 光程处的系数或消光系数（仅限分子式方法）	<p>指定是否要使用系数或消光系数来计算浓度结果：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>用户定义系数</b>。输入 1 cm 光程的<b>系数</b>，然后使用旁边的下拉列表选择适当的<b>单位</b>。下面的等式显示如何使用系数来计算样品浓度： <math display="block">c = (A * f) / b</math><p>其中： c = 分析物浓度 A = 吸光度，以吸光度单位 (A) 表示 f = 系数（通常为 1/ε，其中 ε = 波长相关的摩尔吸光系数，或消光系数） b = 光程，单位为 cm（在检测时确定，然后归一化为 10 mm (1 cm) 光程当量）</p></li><li>• <b>消光系数和分子量</b>。输入 1 cm 光程的<b>消光系数</b>，然后使用旁边的下拉列表选择适当的<b>单位</b>。下面的等式显示如何使用消光系数来计算样品浓度： <math display="block">c = A / (\epsilon * b)</math><p>其中： c = 分析物浓度 A = 吸光度，以吸光度单位 (A) 表示 ε = 波长相关的摩尔吸光系数（或消光系数） b = 光程，单位为 cm（在检测时确定，然后归一化为 10 mm (1 cm) 光程当量）</p></li></ul>

## 设置

### 可用选项

#### 注:

- 有关特定材料的系数和消光系数的信息，请参阅产品文献。
- 若要设置仅报告吸光度检测的方法，可选择将系数或消光系数设为“1”的系数或消光系数。
- 如果系数或消光系数的指定单位基于质量（如 mg/mL），而计算结果的指定单位基于摩尔（如 pmol/μL），反之亦然，则输入**分子量**，然后使用旁边的下拉列表选择适当的**单位**。

### 标准品（仅限标准曲线方法）

#### 定义标准:

- 输入每种标准品或参考品的名称和分析物浓度，若需要：
  - 根据曲线类型设置，可使用两个或更多标准品生成标准曲线。（该软件**允许一个参考品和最多 7 个标准品**。）
  - **全部参考品和标准品溶液**应该是用于再悬浮样品以及在样品中加入相同体积试剂的相同缓冲液。
  - **首个标准品**可作为参考品检测。参考品溶液不应含有目标分析物。（参考品检测与空白检测不同。）
  - **标准品的浓度值**可以以任何顺序输入，但标准品必须以其输入的顺序检测，然而，最佳实践决定从标准分析物原液的最低浓度到最高浓度对标准品进行检测。
  - **标准品的浓度范围**必须覆盖未知样品的动态检测范围和预期范围。推算的样品分析物浓度不能超过最高标准的浓度。

设置	可用选项
	<ul style="list-style-type: none"><li>• 选择曲线拟合类型。</li></ul> <p>指定用于从标准品浓度值创建标准曲线的等式类型。可用选项：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- 线性：通过所有检测的标准品，绘制线性最小二乘线（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- 插值：绘制一系列直线，连接所有检测的标准品（需要参考品检测和至少一个标准品）</li><li>- 2 阶多项式：使用所有检测的标准品，绘制 2 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少两个标准品）</li><li>- 3 阶多项式：使用所有检测的标准品，绘制 3 阶最小二乘多项式（需要参考品检测和至少三个标准品）</li></ul>
分析波长（仅限标准曲线方法）	<p>监测指定波长处的吸光度（输入波长，以纳米为单位）。</p> <p><b>注：</b>指定波长必须位于选定的<a href="#">检测范围</a>内。</p> <p>检测结果或浓度将使用指定波长处的吸光度值、应用选定的方法类型（系数或标准曲线）进行自动计算。</p>
基线矫正	<p>选择此选项可通过减去指定基线点的吸光度值，矫正光散射粒子导致的偏移。然后，指定基线矫正的波长。</p> <p><b>注：</b>软件会从样品光谱中所有波长处的吸光度值减去指定基线矫正波长处的吸光度值。因此，在指定基线矫正波长处的样品光谱吸光度为零。</p>

设置	可用选项
自动化光程	<p>仅影响微体积检测。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• 若选择“自动化光程”，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。例如，当分析波长处的样品吸光度值小于或等于 12.5（10 mm 光程当量），将使用最佳的较长光程。当样品吸光度值大于 12.5，将使用最佳的较短光程。建议用于在分析波长处具有高吸光度的样品。（当样品光谱具有不在分析波长处的大吸光度谱峰时，此选项可能会导致灵敏度降低。）</li></ul> <p><b>注：</b>若分析波长处于 190 nm 和 219 nm 之间，当样品吸光度值小于或等于 10（10 mm 光程当量），将使用最佳的较长光程；当样品吸光度值大于 10，将使用最佳的较短光程。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• 若取消选择“自动化光程”，不论样品吸光度如何，软件将使用 1 mm 光程。这将导致高吸光样品（例如，10 mm 光程当量处约 15 A）出现检测器饱和（产生锯齿状谱峰）。</li></ul>

设置	可用选项
分子式表（可选）	<p>使用分子式表可指定额外的报告结果，如每个样品的纯度比。</p> <p>可用选项：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>预定义</b>。从预定义分子式列表中选择，可立即使用或进行编辑，并选择<b>添加</b>。预定义分子式在分子式表中列出。</li><li>• <b>添加</b>。创建当前方法的分子式。可用选项：<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>分子式名称</b>。输入分子式的名称。检测后，该名称将显示在“数据表”和“样品详情”屏幕中。</li><li>• <b>分子式</b>。输入有效的分子式（请参阅下面的规则和示例）。检测后，检测或计算的值将显示在“数据表”和“样品详情”屏幕中。</li><li>• <b>单位</b>。输入报告结果的单位。检测后，该单位将显示在“数据表”和“样品详情”屏幕中。</li></ul></li><li>• <b>编辑</b>。编辑当前方法的选定分子式。</li><li>• <b>删除</b>。删除当前方法的选定分子式。</li></ul>
分子式规则	<p>用户自定义分子式可包括以下运算符和函数：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Path()</b>。返回以厘米为单位的样品光程。</li><li>• <b>A(nm)</b>。返回指定波长处的样品吸光度值（例如，输入 <b>A(650)</b> 可将 650 nm 处检测的吸光度添加至您的等式）。</li><li>• <b>运算符</b>：+（加）、-（减）、*（乘）、/（除）。</li><li>• <b>函数</b>：Log(x)、Pow(x,y)。</li></ul> <p><b>注</b>：遵守所有语言的以下额外规则：</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• 在浮点和双浮点数中使用句点“.”小数点分隔符。</li><li>• 使用逗号“,”列表分隔符（例如，“<b>POW(2,8)</b>”）</li><li>• 不要在大数字中使用逗号“,”组分隔符（例如，输入 <b>1000</b> 而不是 <b>1,000</b>）。</li></ul>

## 复制用户自定义方法

若要创建类似于现有方法的用户自定义方法，打开现有方法，进行更改，然后选择**另存为**并输入新名称。

### 复制用户自定义方法

- 在“用户自定义方法”屏幕中，选择用户自定义方法
- 从下拉菜单  中选择**编辑**
- 输入新方法名称和描述
- 选择**另存为**
- 输入该方法的文件名并点击**保存**

这时，您可以选择保存的方法并编辑**描述**和设置。

## 运行用户自定义方法

如果您希望运行用户自定义方法，并在仪器上存储检测结果，该方法必须也存在于该仪器上（有关详细信息，请参阅[加载用户自定义方法](#)）。

## 导出用户自定义方法

导出用户自定义方法，以便在 NanoDrop One 仪器上运行该方法，并存储检测结果。

- 在“用户自定义方法”屏幕中，选择用户自定义方法
- 从下拉菜单  中选择**导出**（如果方法无效，将会显示错误消息；必须先修复错误才能导出方法）
- 点击**保存**（方法将以专有格式导出至方法文件（\*.method 文件扩展名））

要将该方法传输到 NanoDrop One 仪器中，将该方法文件复制到 USB 存储设备中，然后加载该方法（有关详细信息，请参阅[加载用户自定义方法](#)）

## 导入用户自定义方法

将用户自定义方法导入到运行 NanoDrop One 软件的计算机中，以编辑该方法设置。

- 在“用户自定义方法”屏幕中，选择**导入**
- 查找并选择“.method”文件
- 选择**打开**（导入的方法将添加到“选择方法”列表

的末端)

## 编辑用户自定义方法

编辑用户自定义方法以便更改方法设置。

- 在“用户自定义方法”屏幕中，从可用方法列表选择一个用户自定义方法
- 从下拉菜单  中选择**编辑**
- 根据需要，编辑方法设置
- 点击**保存**

## 删除用户自定义方法

- 在“用户自定义方法”屏幕中，从可用方法列表选择一个用户自定义方法
- 从下拉菜单  中选择**删除**
- 出现确认消息后，点击**是**

# 检测动力学

使用比色皿架进行基于时间的检测（仅限 NanoDrop One<sup>C</sup> 型仪器）。

[检测动力学](#)

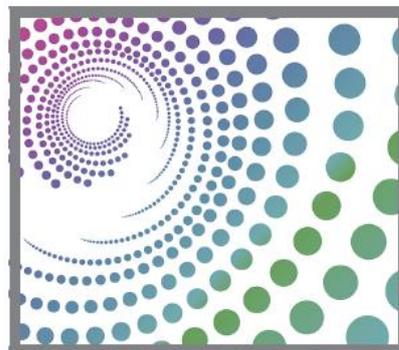
[创建动力学方法](#)

[编辑动力学方法](#)

[报告结果](#)

[设置](#)

[检测限](#)



## 检测动力学

NanoDrop One<sup>C</sup> 型仪器可用于对比色皿中的样品进行基于时间的动力学检测。190 nm 和 850 nm 之间的最多 3 个波长可被指定用于以用户定义的间隔以最多 5 个阶段进行连续吸光度监测。比色皿检测提供扩展的[检测限](#)下限，以及可选的 37 °C 加热器和微型磁力搅拌器。

**注** 比色皿检测期间，仪器检测臂可抬起，以便在需要时向样品溶液中加入试剂。

## 若要进行动力学检测

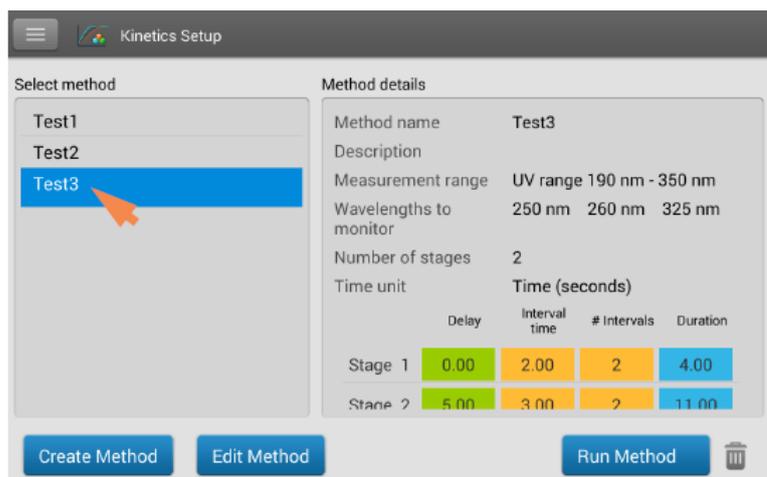
### 注意

- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器远离仪器。
- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。

## 若要使用动力学应用检测样品

1. 在仪器“主页”屏幕上，选择**动力学**选项卡并点击**动力学**图标。

将会显示“动力学设置”屏幕。若当前所选数据存储位置有一个或多个动力学方法，它们将在“选择方法”框中列出。有关所选方法的描述显示在“方法详情”框中。



## 2. 选择一个方法：

- 在“选择方法”框中点击**方法名称**，以选择现有方法
- 通过点击**创建方法**、指定**方法设置**并选择**保存方法**来**创建新方法**
- 通过点击**方法名称**并选择**编辑方法**来**编辑现有方法**

3. 通过点击  > **设置** 来指定任何比色皿选项，如加热或搅拌（有关详细信息，参见**常规设置**）。

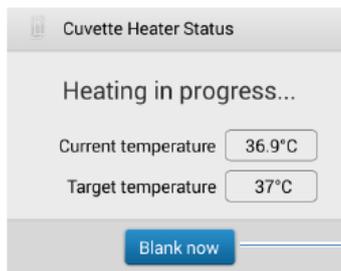
**注：**若比色皿光程不是 10 mm，在“常规设置”中指定正确的光程。

4. 点击**运行方法**。

## 5. 进行空白检测：

- 在清洁、干燥的比色皿中装入足够的空白检测溶液，以覆盖**仪器光程**
- 抬起仪器检测臂并将空白检测比色皿插入比色皿架，确保将比色皿的光路对准仪器的光路
- 点击**空白检测**

若在**常规设置**中选中**将比色皿加热至 37 °C**，将出现消息告诉您当前温度，并在开始检测前等待加热器达到目标温度：



要操控等待并立即启动空白检测，点击“立即空白检测”。

- 等待空白检测完成，然后取出比色皿

**注：**加热器目标温度不可调。

#### 6. 检测样品：

- 在清洁、干燥的比色皿中装入足够的样品溶液，以覆盖**光程**
- 将样品比色皿插入比色皿架，确保对准光路
- 点击**检测**

若在**常规设置**中选中**将比色皿加热至 37 °C**，将出现消息告诉您当前温度，并在开始检测前等待加热器达到目标温度：

**注：**您可以在检测期间任何时间向样品溶液中添加试剂

使用检测屏幕底部的**暂停**按钮可暂停实验（如需提前结束实验，点击**停止**）



- 等待所有检测阶段完成
- 取出比色皿，按照制造商规范进行清洁

每次间隔的每次检测结果都实时显示。所有阶段完成后，将显示整个实验的**光谱图和报告值**。

7. 完成数据检查后，点击**结束实验**。每次保存的实验包含一整套基于所选方法的动力学检测。

## 相关主题

- 使用比色皿检测样品
- 比色皿检测的最佳实践
- 制备样品和空白溶液
- 基本仪器操作

## 创建动力学方法

若要创建新的动力学方法：

- 从“主页”屏幕中，点击**动力学**选项卡 > **动力学应用**
- 点击**创建方法**（方法设置以选定的**名称和范围**选项卡显示）

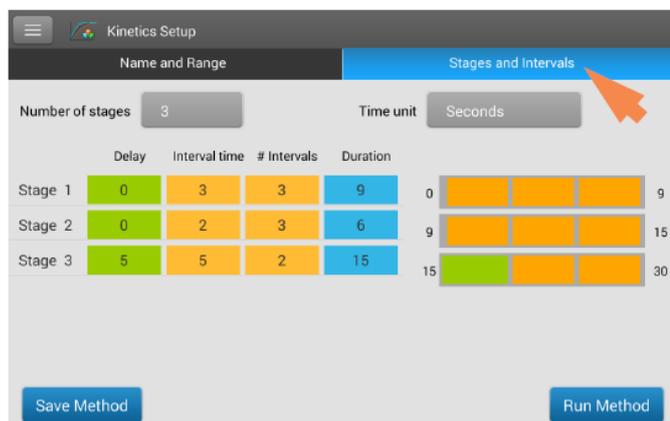
The screenshot shows the 'Kinetics Setup' interface with the 'Name and Range' tab selected. The 'Method name' field is filled with 'Test'. The 'Description' field is empty. Under 'Measurement range', the 'UV range (190 nm - 350 nm)' option is selected. The 'Wavelengths to monitor' table is as follows:

Item	Wavelength (nm)
1	250
2	260
3	325

Buttons for 'Save Method' and 'Run Method' are located at the bottom of the form.

- 输入**方法名称**和**描述**（若需要），选择**检测范围**，指定最多三个**要监测的波长**

- 点击**阶段和间隔**选项卡（显示阶段和间隔设置）



- 选择**阶段数**和**时间单位**（分钟或秒数）
- 为每个阶段指定**间隔数**、**间隔时间**和阶段之间的任何**延迟**

右侧的彩色行和框清晰表示特定阶段。彩色的行表示每个阶段的开始和结束时间；彩色的框对应每个阶段的特定延迟和间隔数。

- 点击**保存方法**，保存方法并返回至“动力学”菜单
- 点击**运行方法**，以运行该方法

## 编辑动力学方法

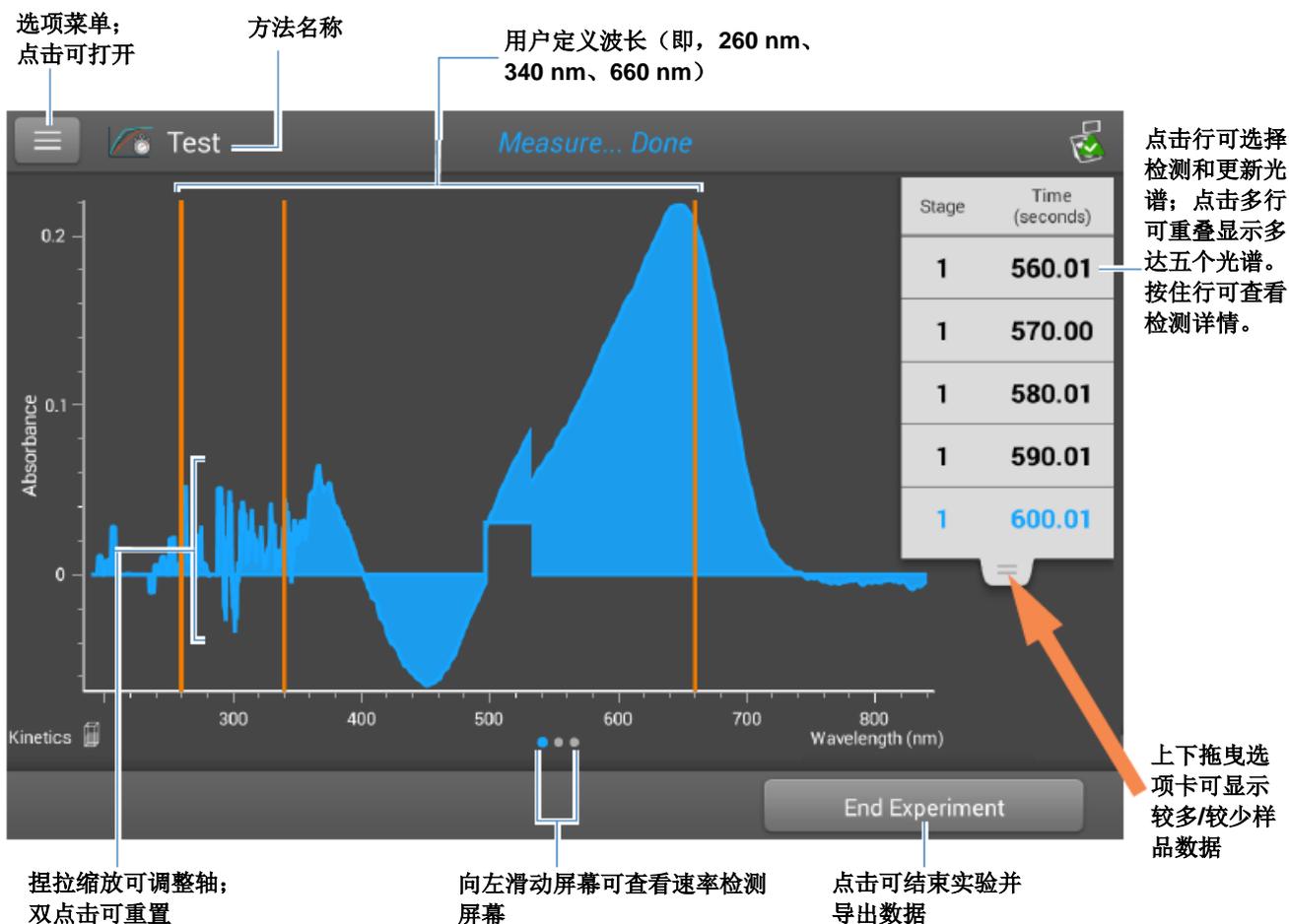
只能在 NanoDrop One 仪器上编辑动力学方法。若要编辑现有的动力学方法：

- 从“主页”屏幕中，点击**动力学**选项卡 > **动力学应用**
- 在“选择方法”框中点击方法名称，以选择方法
- 点击**编辑方法**
- 根据需要，编辑**方法设置**
- 点击**保存方法**，以保存更改
- 点击**运行方法**，以运行更新的方法

## 动力学报告结果

### 吸光度检测屏幕

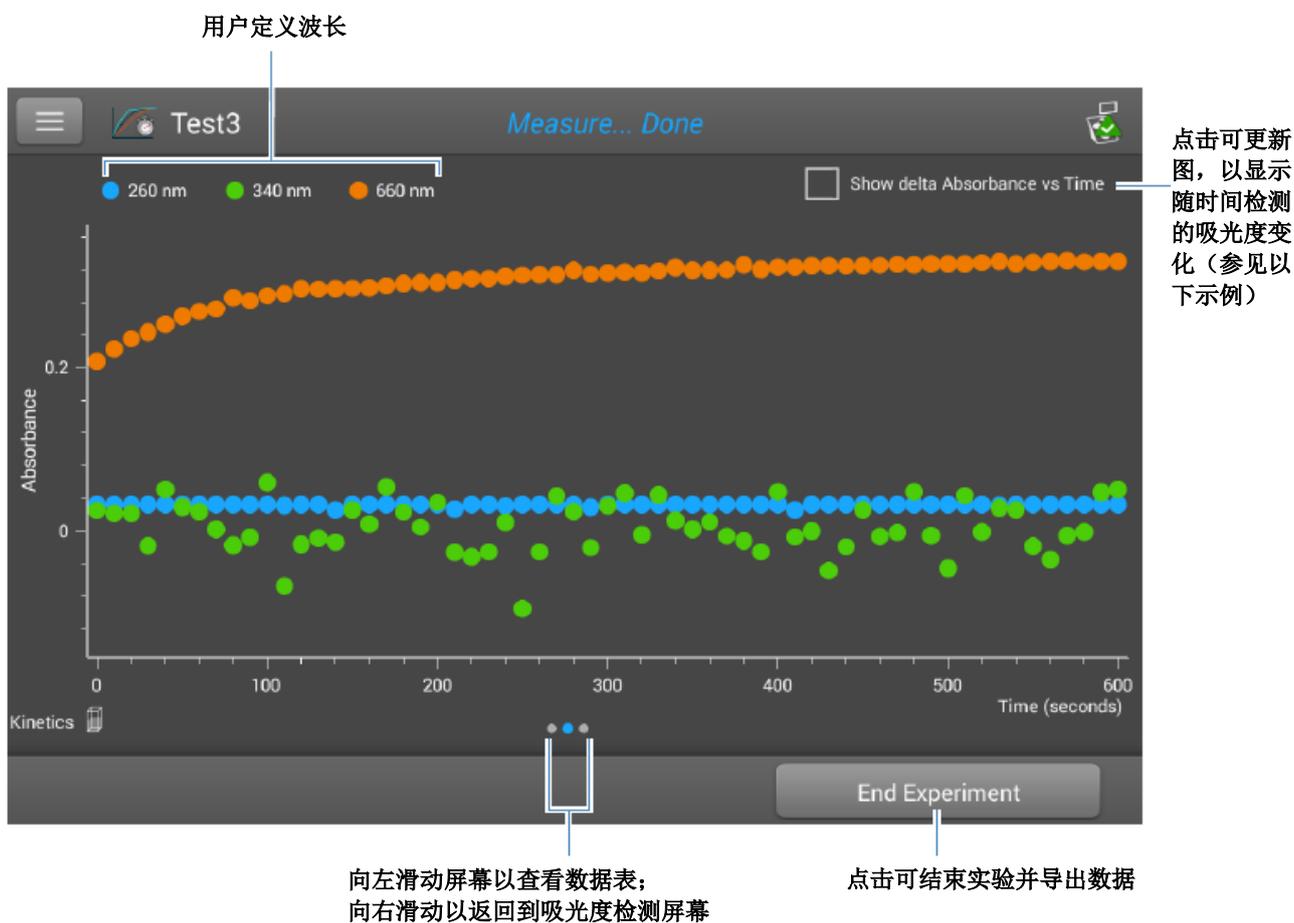
在动力学实验中点击“检测”后，将立即显示吸光度检测屏幕。该屏幕显示每次检测的吸光度光谱，并以 X 轴表示波长、Y 轴表示吸光度。垂直线表示要监测的指定波长。右侧列表显示在每个指定阶段每次检测的时间（向下拖动选项卡，可查看更多条目）。右侧列表中的每个项目都在左侧有对应的吸光度光谱。下图突出显示了可用的功能。



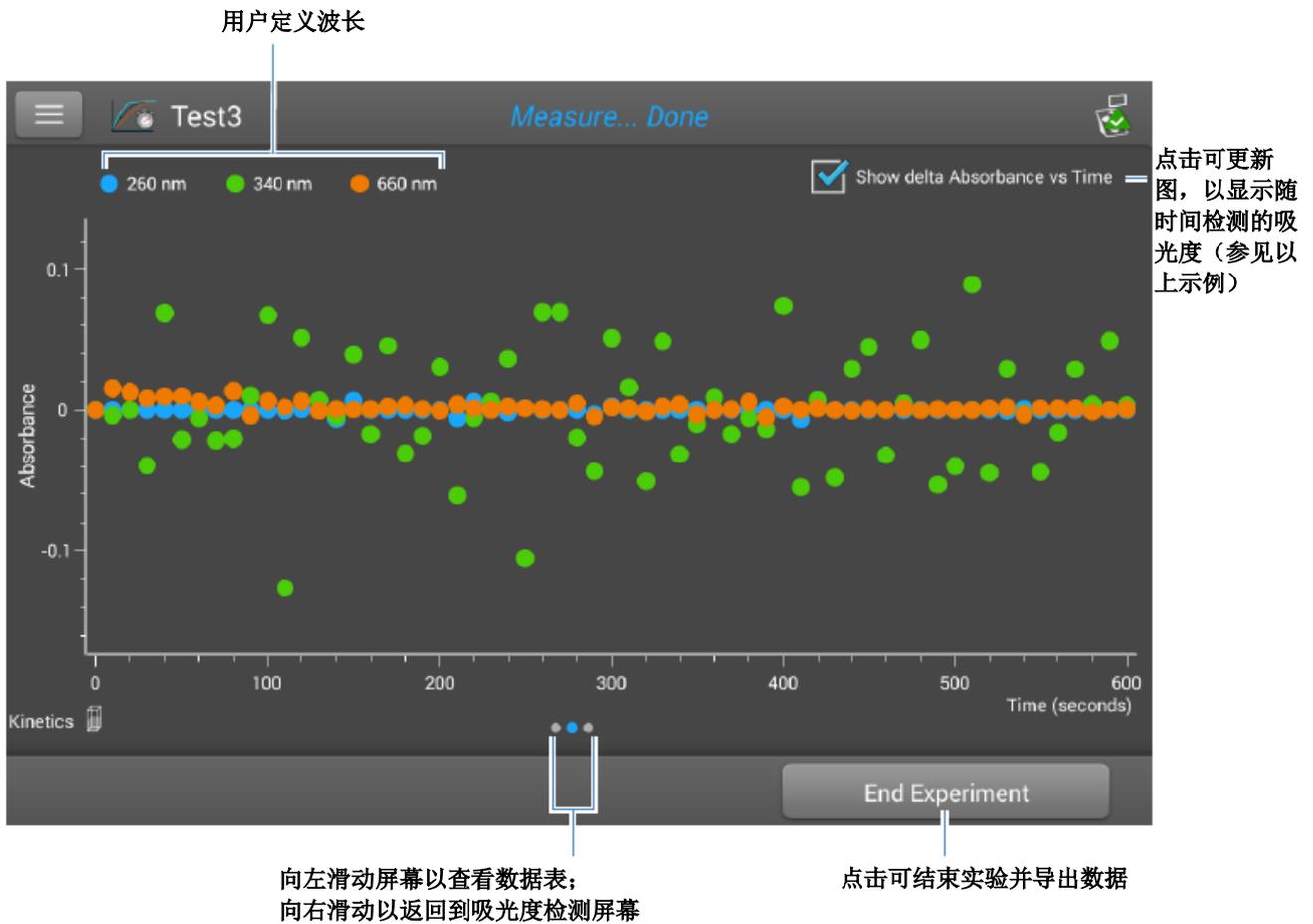
**注** 对于使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。

## 速率检测屏幕

要查看速率检测屏幕，向左滑动吸光度检测屏幕（请参阅上图）。速率检测屏幕显示每个用户定义波长下随时间检测的样品吸光度，时间以 X 轴表示，吸光度以 Y 轴表示。每个指定波长下进行的检测以唯一颜色表示。显示监测到的波长及其分配颜色的键显示在屏幕左上角。显示监测到的波长及其分配颜色的键显示在屏幕左上角。



点击**显示吸光度差与时间**，以显示随时间检测的吸光度，其中每个数据点是吸光度与之前检测的差。



## 数据表

要查看数据表，向左滑动速率检测屏幕（请参阅上图）。表中每行显示给定阶段和时间在所有用户定义波长下的吸光度值。向下滚动，以查看超出视图的检测信息。下图突出显示了可用的功能。

检测数量      阶段      检测时间  
(点击以指定单位)

每个用户定义波长的吸光度值

#	Stage	Time (seconds)	A260	A340	A660
10	1	90.01	0.032	-0.008	0.282
11	1	100.01	0.032	0.059	0.288
12	1	110.01	0.031	-0.067	0.290
13	1	120.01	0.032	-0.016	0.297
14	1	130.00	0.032	-0.009	0.296
15	1	140.00	0.026	-0.014	0.297
16	1	150.01	0.032	0.026	0.297

按住行可查看检测详情

Kinetics

End Experiment

向右滑动屏幕可返回至速率检测屏幕

点击可结束实验并导出数据

## 检测详情

要查看检测详情，在吸光度检测屏幕或数据表中按住检测行。此处为示例：

Measurement Details	使用的应用	采样方法	检测数量
Measurement #	Kinetics	Cuvette	#1
Created on	1/11/2016 7:37:17 PM		
Stage	1		
Time (seconds)	0.00		
A260	0.0323		
A340	0.0263		
A660	0.2073		
Cuvette pathlength	10 mm		

打印该屏幕  
 用户定义波长  
 方法详情（向上滚动以查看更...）  
 返回至之前的屏幕  
 检测日期/时间  
 检测阶段  
 检测时间  
 在 260 nm 处的吸光度  
 在 340 nm 处的吸光度  
 在 660 nm 处的吸光度  
 删除该检测

## 相关主题

- [基本仪器操作](#)

## 动力学检测设置

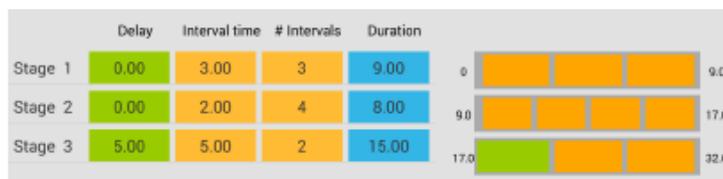
要显示动力学设置，在仪器主屏幕上点击**动力学**（选项卡）> **动力学**（方法），并点击**创建方法**或选择方法并点击**编辑方法**。您可以通过点击  > **动力学设置**从任何动力学检测屏幕中显示设置。

设置显示在两个选项卡上：“名称和范围”和“阶段和间隔”。有关详细信息，请参阅下表。

选项卡	设置	描述
名称和范围	方法名称	为该方法 <b>输入名称</b> （方法保存后，此名称出现在 <b>动力学设置</b> 框中）。
	描述	若需要，为该方法输入详细的 <b>描述</b> ，如样品类型、添加的试剂等。
	检测范围	选择该方法将采集数据的 <b>光谱范围</b> 。可用选项： <ul style="list-style-type: none"> <li>• 仅紫外光 (190 nm - 350 nm)</li> <li>• 仅可见光 (350 nm - 850 nm)</li> <li>• 紫外和可见光 (190 nm - 850 nm)</li> <li>• 用户自定义（指定以纳米为单位的起点和终点）</li> </ul> <b>注：</b> 对于使用非标准（10 mm 除外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。
阶段和间隔	监测波长	输入运行时待检测和报告的 <b>最多 3 个波长</b> 。 <b>注：</b> 所有指定波长必须位于选定的 <b>检测范围</b> 内。
	阶段数	为动力学检测 <b>指定最多 5 个阶段</b> 。每个阶段可以有唯一的延迟、间隔时间和间隔数设置。 <b>注：</b> 许多动力学检测仅包括一个阶段。其他阶段仅当在需要改变阶段间隔或持续时间时有必要。
	时间单位	为基于时间的检测选择 <b>单位</b> （秒数或分钟）。

选项卡	设置	描述
	阶段 1、2 等	<p>为每个阶段指定可用设置：</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>延迟</b>。指定阶段开始前的延迟。</li> <li>• <b>间隔时间</b>。指定此阶段进行的检测之间的时间长度（至少 2 秒）。阶段开始时进行第一次检测（或者若指定延迟，则在延迟完成后）。</li> </ul> <p><b>注：</b>若指定两个或更多阶段时延迟设置为零，则同时进行两次检测（新阶段初始检测直接覆盖上一阶段结束时的检测）。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>间隔数</b>。指定此阶段进行的吸光度检测数。</li> </ul> <p><b>注：</b>由于在阶段开始时进行第一次检测，每个阶段报告的检测数量将是<b>间隔数</b>设置加 1。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>持续时间</b>。读数表示此阶段所需的总时间，包括任何延迟和所有指定间隔。</li> </ul>

右侧彩色的行（请参阅下图）表示每个阶段的开始和结束时间；右侧彩色的框对应每个阶段的特定延迟和间隔数。



若未指定延迟，在每个阶段开始和结束、以及每个指定间隔后进行吸光度检测。若已指定延迟，如上述阶段 3，在第一个间隔开始时进行第一次检测。若单位在上述示例中是秒数，在随后 32 秒时间内总共进行 11 次检测。

选项卡	设置	描述
		<ul style="list-style-type: none"><li>阶段 1: 0、3、6 和 9 秒</li><li>阶段 2: 9、11、13、15 和 17 秒</li><li>阶段 3: 22、27 和 32 秒</li></ul> <p>注: 动力学实验限制为 1000 次检测。这意味着, 所有阶段中所有间隔的检测数量必须小于 1000。考虑长期实验的可用仪器或计算机磁盘空间。</p>

### 相关主题

- [仪器设置](#)

# 学习中心

## 目录

- 微体积采样 - 工作原理 188
- 设置仪器 190
- 操作指标 199
- 检测微体积样品 200
- 使用比色皿检测样品 205
- 制备样品和空白溶液 208
- 基本仪器操作 213
- Acclaro 样品智能检测技术 241
- 仪器设置 249
- PC 控制软件 257

## 微体积采样 - 工作原理

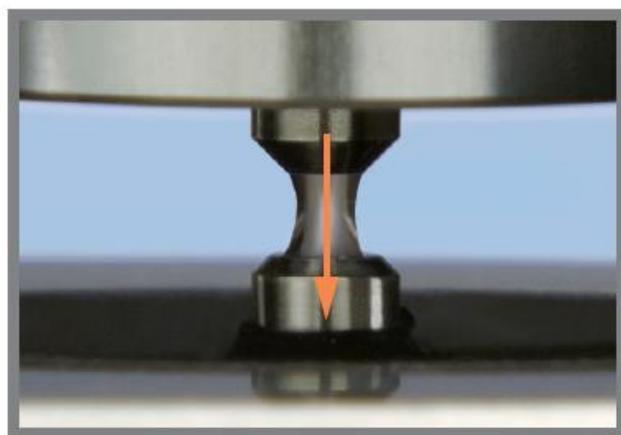
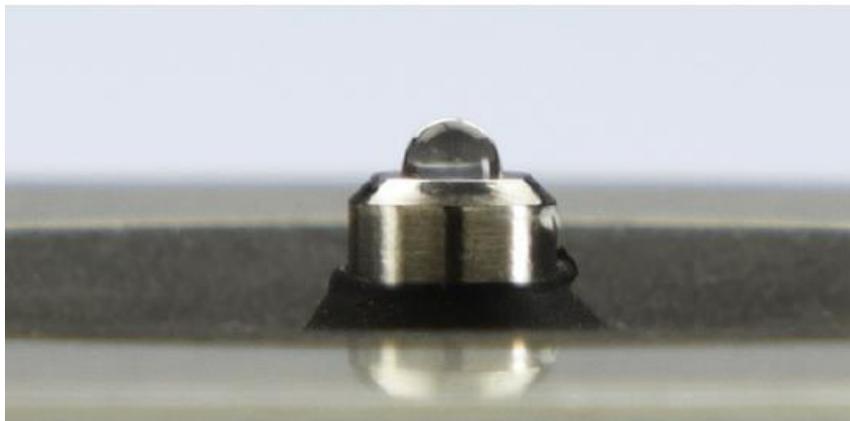
表面张力

吸光度光谱

样品吸收度

样品浓度

基线校正



### 表面张力

NanoDrop One<sup>C</sup> 分光光度计利用表面张力将小量样品保持在两个基座之间。利用获得专利的样品滞留系统，可对高浓度样品进行检测，无需事先进行稀释。

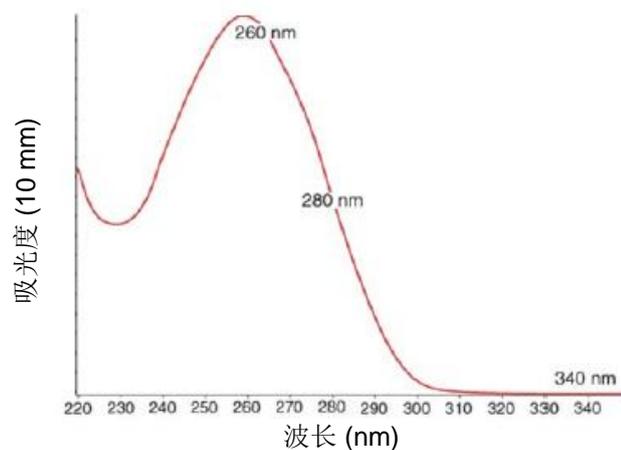
嵌入上基座内的光纤电缆用于连接氙灯光源。嵌入下基座内的第二条电缆用于连接检测器。当仪器检测臂降下时，样品将形成一个液柱，基本弥合两根光纤电缆之间的空隙。

### 吸光度光谱

光通过液柱到达检测器，生成吸光度与波长对比的光谱。光谱显示样品的分子在每个检测波长吸收的光。

**注：**要防止蒸发，以免影响检测精度，在完成加载样品或空白溶液后，快速关闭检测臂。

左边的例子显示从核酸样品采集的典型吸光度光谱。光谱检测范围从 190 nm 至 850 nm。显示的范围可能会根据各个应用而有所不同。



$$\text{吸光度} = -\log \left[ \frac{\text{强度}_{\text{样品}}}{\text{强度}_{\text{空白溶液}}} \right]$$

### Beer-Lambert 等式

$$A = \epsilon \cdot b \cdot c$$

其中：

**A** = 吸光度，以吸光度单位 (A) 表示

**ε** = 波长相关的摩尔吸光系数（或消光系数），单位为 L/mole-cm

**b** = 光程，单位为 cm

**c** = 分析物浓度，单位为摩尔/升或摩尔单位 (M)

### 样品吸收度

当仪器进行空白检测时，将采集空白检测溶液的参考品光谱，并存储在内存中。对于每次样品检测，将按照左边的等式，使用样品强度和空白溶液强度来计算样品的总吸光度。

### 样品浓度

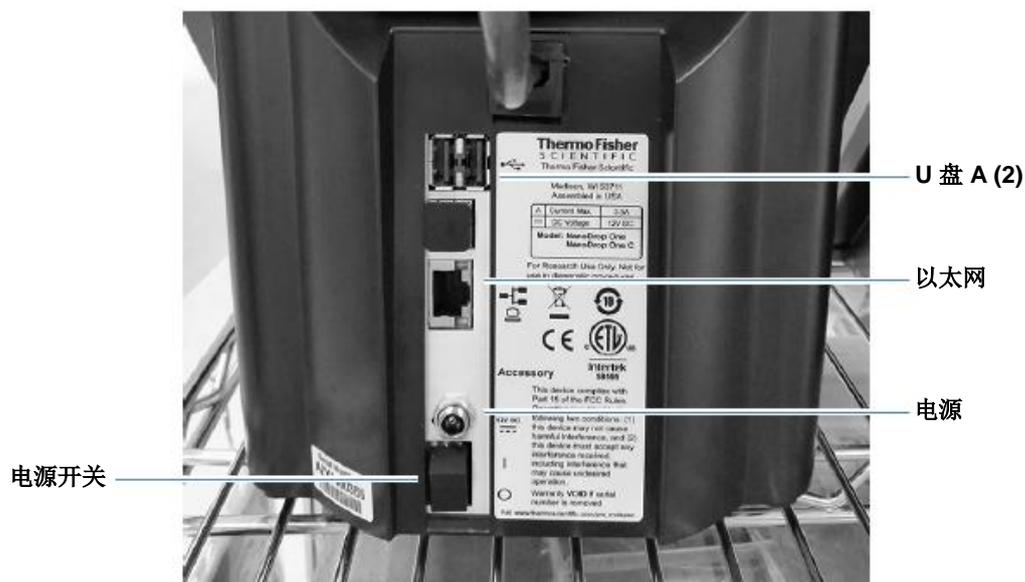
左边显示的 Beer-Lambert 等式（Beer 定律）用于关联样品吸光度和浓度。

光程是两个基座之间的距离，会在每次检测过程中实时变化。该自动测距光程技术可在各种动态范围产生准确的浓度结果。

### 基线矫正

对于某些应用，可将仪器设为对每次检测应用基线矫正，最小化样品光谱中由光散射粒子导致的任何偏移。该矫正从整个光谱各波长的吸光度值减去参考波长处接近零的吸光度值，基本上是将光谱“锚定”在参考波长的零吸光度值单位。

## 设置仪器



### 连接电源



**告诫** 小心触电。使用的每个墙上插座必须配备接地线。接地线必须是与主配电箱中的地线连接且不带电流的线。

将随附的电源线插入接地的壁式插座。有关详细信息，请参阅“[电源线](#)”（第 286 页）。

### 连接附件

若要将兼容打印机或其他兼容附件，如 **USB** 键盘和/或鼠标连接至仪器，可使用仪器上的任何 **USB** 端口（前端、左后或右后）。有关附件与 NanoDrop One 仪器兼容性的信息，请参阅[附件](#)。

### 设置蓝牙连接

使用 **Bluetooth™** 可将仪器连接到一个或多个蓝牙（无线）输入设备，如蓝牙键盘、鼠标或条形码扫描仪。

**注** 确保设备贴有“蓝牙”标签，而不只是“无线”。所有蓝牙设备都是无线设备，但并非所有无线设备都使用蓝牙。

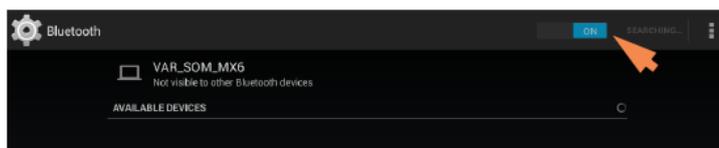
#### 设置仪器的蓝牙连接

- 在仪器“主页”屏幕上，点击 （设置）

- 点击**系统选项卡**
- 点击**蓝牙**（若蓝牙已禁用，右上角的按钮设置为“关闭”，并且没有列出蓝牙输入设备）

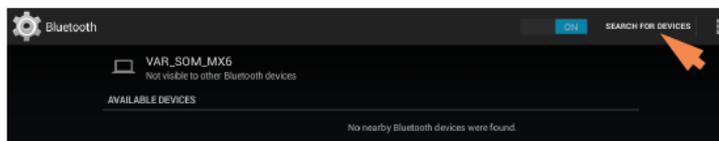


- 点击**关闭按钮**，以启用蓝牙连接（按钮变蓝，改为“开”，软件自动搜索任何可用的蓝牙输入设备）

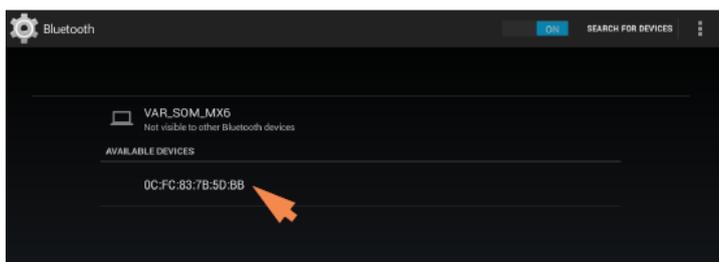


若未找到蓝牙设备，数秒后将显示消息“附近未找到蓝牙设备”

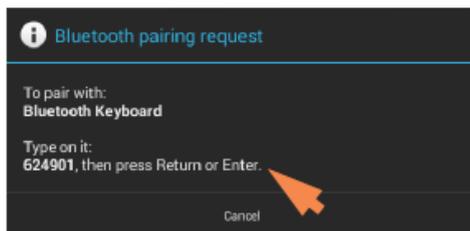
- 要**添加蓝牙设备**，根据厂商说明配对设备（例如，您可能需要按住按钮）并在仪器上点击**搜索设备**



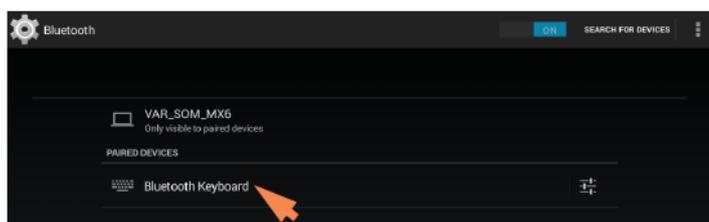
设备名称应当出现在“可用设备”列表中



- 要配对设备，在“可用设备”列表中**点击其名称**（可能显示与以下类似的配对请求）

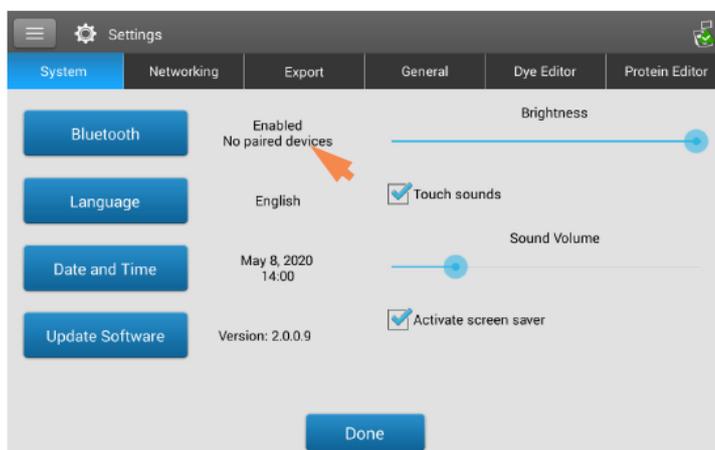


- **完成任何说明**，以配对设备



**注** 若您的蓝牙设备未配对，重启设备，然后重复上述步骤，以将其与仪器配对（您也可尝试关闭再打开蓝牙）。设备一旦配对，仪器重启后也将保持配对。

- 点击**返回**（蓝牙状态显示在蓝牙按钮右侧）

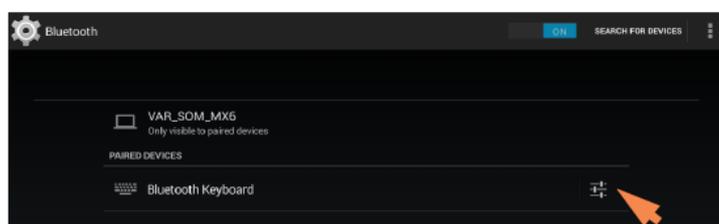


- 重复上述步骤，以添加另一个蓝牙设备，或点击**完成**以关闭设置

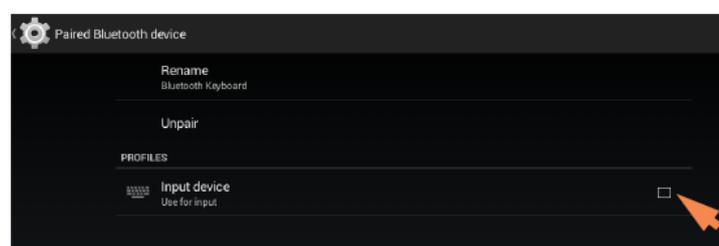
## 取消选择蓝牙输入设备

您可能希望停止使用蓝牙设备输入，但不断开或取消配对。这可允许其他人轻松取消选择，并使用该设备作为输入。例如，若有多个已连接、配对的蓝牙输入设备，如键盘和条形码扫描仪，按照这些步骤选择要使用的设备，或者取消选择不想使用的设备：

- 在仪器“主页”屏幕上，点击 
- 点击**系统**选项卡
- 点击**蓝牙**
- 要取消选择配对的蓝牙设备，如输入键盘，点击其**配置文件按钮** 



- 清空其相关复选框，以取消选择**用作输入**



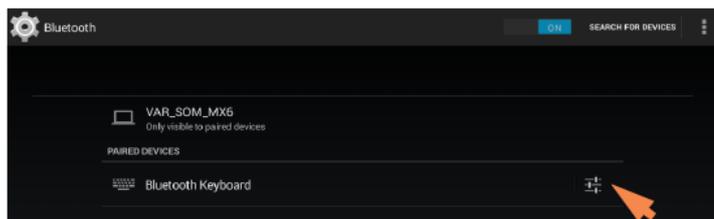
- 点击左上角的**已配对蓝牙设备**，以返回到上一个屏幕
- 点击**返回**，以返回到系统设置
- 点击**完成**以关闭设置

### 注

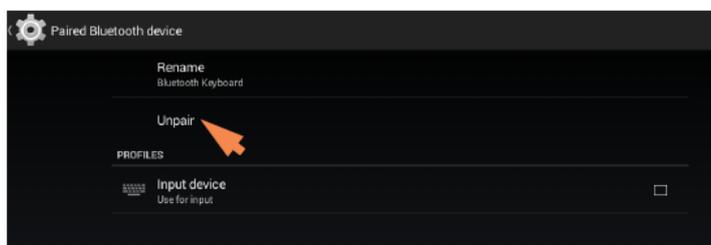
- 如果未选择用于输入的蓝牙设备，仪器将使用集成触摸屏键盘输入数据。
- 要再次选择设备，按照上述步骤选择该设备的“用作输入”复选框。

## 断开蓝牙设备

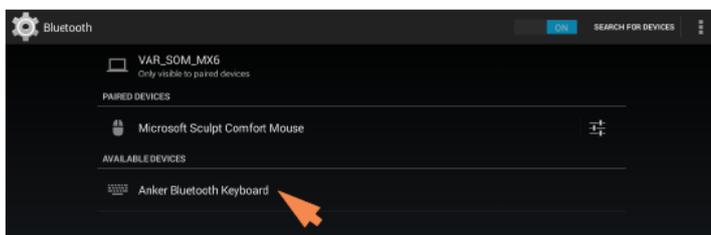
- 在仪器“主页”屏幕上，点击 
- 点击**系统**选项卡
- 点击**蓝牙**
- 要断开已配对蓝牙设备的连接，点击其“配置文件”按钮 



- 点击**取消配对**



设备将不再出现在“已配对设备”列表中，但仍在“可用设备”列表中



- 点击**返回**，以返回到系统设置
- 点击**完成**以关闭设置

## 设置以太网连接

仪器的以太网端口可用于设置仪器和个人计算机 (PC) 或有源墙壁网络插口之间的有线连接。

如果仪器连接至墙壁网络插口，则可以将数据文件导出到网络位置，例如，为了将数据文件传输到另一台计算机。您可以定义多个网络路径，操作员可以在导出数据时选择这些路径。有关详细信息，请参阅[导出设置](#)。

需要的工具：

- 标准（直通）以太网电缆（推荐使用 CAT5e 或更新版本）

**注** 若计算机是更早的型号，您可能需要交叉以太网线。大多数更新型号的计算机设计为可自动检测并兼容这两种电缆类型。但是，直通电缆性能更佳。

### 设置以太网连接

- 在仪器“主页”屏幕上，点击 
- 点击**联网**选项卡
- 点击**以太网**
- 选择以太网选项并点击**确定**。
  - **直接连接 PC**。选择是否打算在 NanoDrop One 仪器和个人计算机之间连接一根以太网电缆。
  - **连接至网络插口**。选择是否打算在 NanoDrop One 仪器和墙壁网络插口之间连接一根以太网电缆。
- 将以太网电缆的一端连接至仪器背板上的以太网端口



以太网端口

- 将以太网电缆的另一端连接到计算机的以太网端口或有源墙壁网络插口。

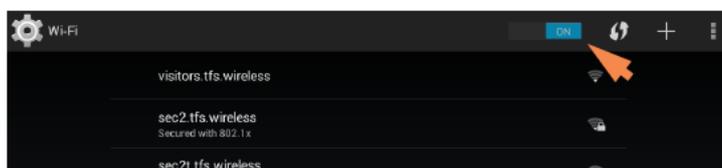
## 设置无线连接

### 选择仪器上的 Wi-Fi 网络

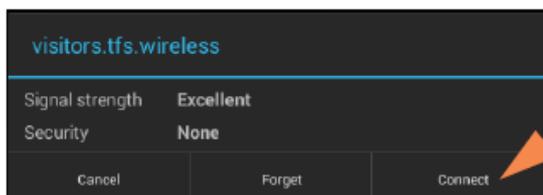
- 在仪器“主页”屏幕上，点击 （设置）
- 点击**联网**选项卡
- 点击 **Wi-Fi**（若 Wi-Fi 已禁用，右上角的按钮设置为“关闭”，并且没有列出无线网络）



- 点击按钮以启用 Wi-Fi，显示可用的 Wi-Fi 网络

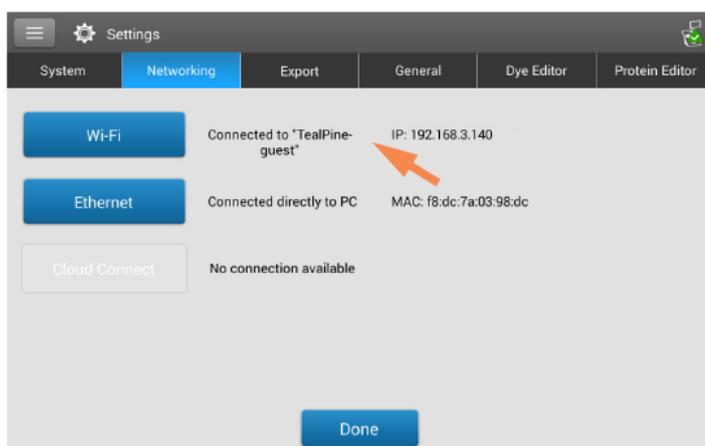


- 选择远程计算机的 Wi-Fi 网络主机，并点击**连接**（示例）



- 点击**返回**可退出 Wi-Fi 设置（若连接成功，该仪器分配有 IP（互联网协议）地址，它将显示在 Wi-Fi 按钮的右侧，示例如下）

**注** 有的 Wi-Fi 网络在连接时可能需要身份、密码或其他信息，或者它们可能是匿名的（即，您需要通过其名称进行搜索）。有关更多信息，请咨询您工作所在地的系统管理员。

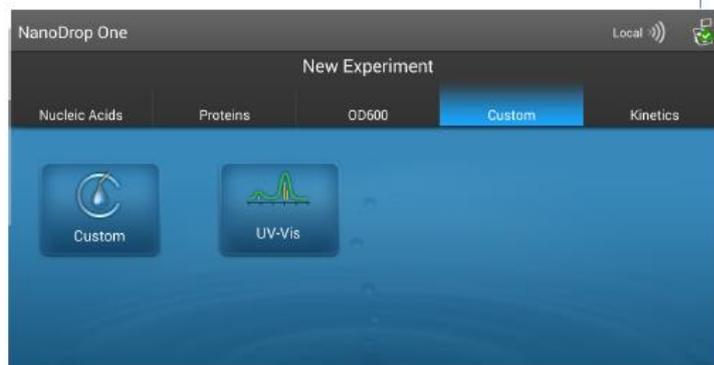


- 点击**完成**以退出设置

## 评估仪器连接

使用仪器“主页”屏幕右上角的“系统状态”图标，快速评估该仪器的连接状态，包括蓝牙、以太网和 Wi-Fi:

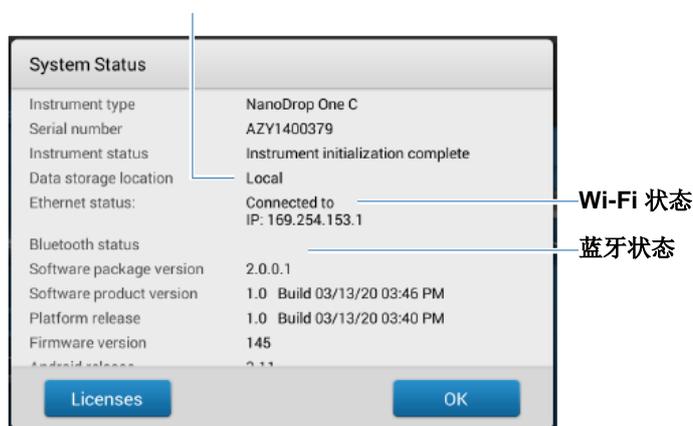
点击可显示连接状态



### 显示连接状态

- 点击仪器“主页”屏幕上的 ，以打开“系统状态”框

仪器当前存储数据的数据库位置



- 点击**确定**，以退出系统状态

## 操作指标

当室内环境达到这些指标时，该仪器可靠运行：

- 运行温度：5 °C - 35 °C (41 °F - 95 °F)
- 相对湿度（非冷凝）：20-80%

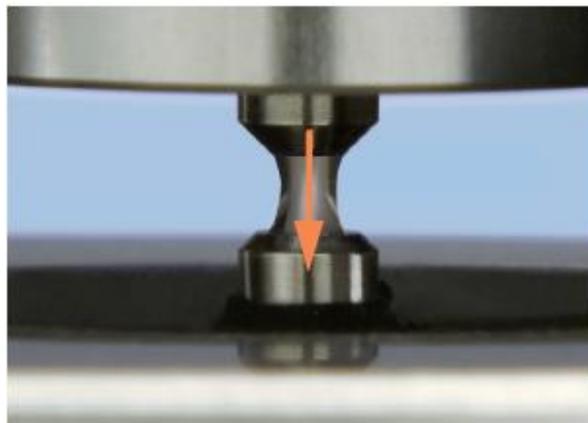
将该仪器置于远离通风口和排气风扇的位置以最小化蒸发。

**注** 若在建议湿度范围的下限使用仪器，使用充分的样品量，以免蒸发。

仪器安装后，可以让它保持接通状态。

## 检测微体积样品

NanoDrop One 分光光度计利用表面张力将小量样品保持在两个基座之间。利用获得专利的样品滞留系统，可对高浓度样品进行检测，无需事先进行稀释。有关详细信息，请[点击此处](#)。



### 需要使用的耗材

- NanoDrop One 或 NanoDrop One<sup>C</sup> 分光光度计
- 无绒实验室无尘纸
- 标定精度移液器 (0–2 µL)
- 在适当缓冲溶液中再悬浮的样品材料（请参阅[制备样品](#)）
- 用于仪器空白检测的纯缓冲溶液（请参阅[选择和进行空白检测](#)或观看[什么是空白检测？](#)多媒体培训视频）

## 微体积检测的最佳实践

### 清洁基座准备日常操作

- 进行首次检测前，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。
- 运行空白检测周期确认基座清洁。
- 每次检测后，用新的无尘纸擦拭上下基座防止残留物。
- 完成每组检测后，用 DI H<sub>2</sub>O 清洁基座（请参阅[轮换用户时清洁基座](#)）。
- 定期[修复基座](#)保持其疏水性。



### 转移样品

- 使用[建议样品体积](#)确保正确的液柱形成。
- 使用具有良好接合、低滞留精度吸头的标定精度移液器（0–2  $\mu\text{L}$  体积范围），将样品材料转移到仪器上进行检测。

如果使用低精度 (0-10  $\mu\text{L}$ ) 移液器，则使用 2  $\mu\text{L}$  样品体积。

- 使用新的吸头对每种空白溶液和样品进行等分。
- 在每次检测中使用新的等分样品。
- 如果使用溶剂，请确保该溶剂与基座相容。（请参阅[危险物质](#)中的“相容溶剂”）。



## 建议样品体积

应用	样品体积
核酸（含水溶液）	1 $\mu\text{L}$ <sup>a</sup>
纯化蛋白质	2 $\mu\text{L}$
其他蛋白质应用，如 Bradford 或 BCA	2 $\mu\text{L}$
微生物细胞悬浮	2 $\mu\text{L}$

<sup>a</sup> 如果样品含有可能会降低表面张力的物质（如表面活性剂），则使用 2  $\mu\text{L}$ 。

## 检测微体积样品

### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。



1. 在仪器“主页”屏幕上，从其中一个应用类别中选择一个应用，如紫外-可见光或用户自定义方法。



2. 抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。



点击可结束实验

### 3. 进行空白检测：

- 将 1-2  $\mu\text{L}$  空白检测溶液移取至下基座，然后快速降下检测臂
- 点击**空白检测**并等待检测完成

**提示：**如果**自动空白检测**设为“开启”，空白检测将会在您降下检测臂时自动开始。

- 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座

### 4. 检测首个样品：

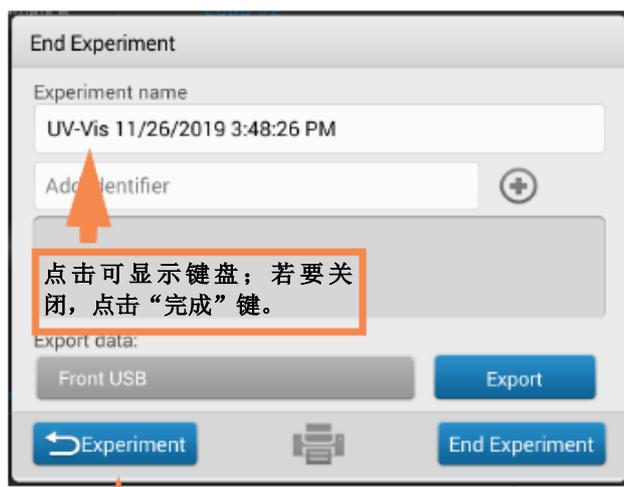
- 将 1-2  $\mu\text{L}$  样品溶液移取到基座上，然后快速降下检测臂（有关详细信息，请参阅**建议样品体积**）

- 开始样品检测：
- 如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂
- 如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**
- 样品检测完成后，将显示光谱和报告值。

### 5. 若要检测另一个样品：

- 抬起检测臂
- 用新的无尘纸擦拭上下基座
- 放置下一个样品，然后快速降下检测臂
- 开始样品检测
- 等待检测完成

新的光谱图将取代光谱显示屏所显示的上一个光谱图，新的报告值将出现在表中上一个数值的下方。（向下拖曳选项卡可显示两组数据。）



点击可检测  
更多样品

点击可结束  
和保存实验

#### 6. 完成检测样品后：

- 点击“结束实验”
- 输入实验名称（点击**实验名称**框显示键盘），或保留默认实验名称
- 点击 **End Experiment**
- 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座

仪器完成当日的检测后，用 DI H<sub>2</sub>O 清洁基座（请参阅[轮换用户时清洁基座](#)）

采集的数据将自动保存在具有所输入名称的实验中。在默认配置中，实验将按照采集日期、实验名称、[使用的应用](#)和任何分配的标记存储在本地仪器的数据库中（请参阅[管理仪器上的标识符](#)）。

## 使用比色皿检测样品

NanoDrop One<sup>C</sup> 分光光度计配备一个比色皿架，可用于检测稀释样品、进行比色分析、细胞培养以及动力学研究。比色皿系统提供扩展的**检测限**下限，以及可选的 37 °C 加热器和微型磁力搅拌器。

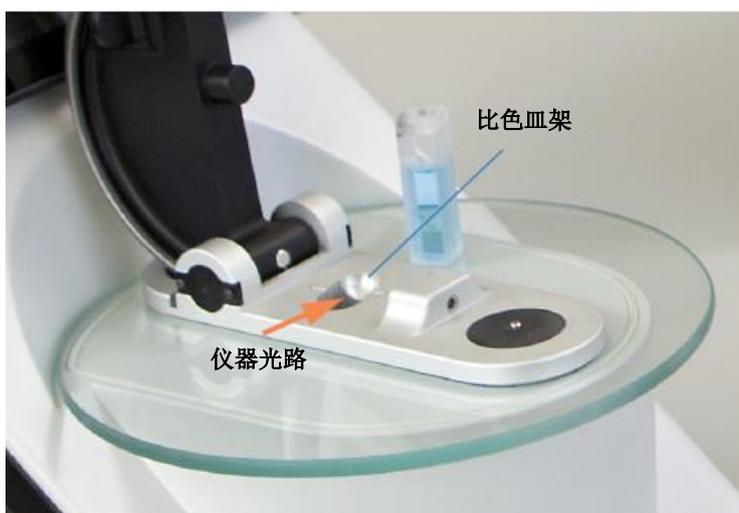
### 需要使用的耗材

- NanoDrop One<sup>C</sup> 分光光度计
- 无绒实验室无尘纸
- 两个**相容比色皿**
- 在适当缓冲溶液中再悬浮的样品材料（请参阅**制备样品**）
- 用于仪器空白检测的纯缓冲溶液（请参阅**选择和进行空白检测**或观看**什么是空白检测？**多媒体培训视频）



## 比色皿检测的最佳实践

- 可上下移动仪器检测臂以进行比色皿检测。
- 使用 10 mm、5 mm、2 mm 或 1 mm 比色皿。
- 每次检测后，清洁并干燥比色皿。
- 使用没有刮痕的比色皿，并避免可能会影响结果的指纹。
- 若要检测具有分析波长为 UV 范围 (<340 nm) 的样品，可使用石英比色皿或 UV 级塑料比色皿。
- 使用微型、半微量和超微型比色皿时应该遮蔽。
- 在比色皿中装入足够的空白检测或样品溶液，覆盖仪器的光程（2 mm 样品光束为比色皿底部以上的 8.5 mm）。
- 抬起仪器检测臂，确保比色皿架没有碎片。
- 插入石英或遮蔽的塑料比色皿时，将比色皿光路对准仪器光路。



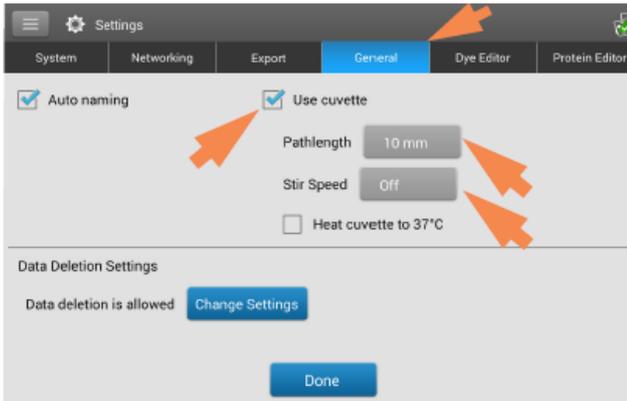
### 使用比色皿检测样品

#### 注意

- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器远离仪器。
- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。



1. 在“主页”屏幕上，点击 （设置）



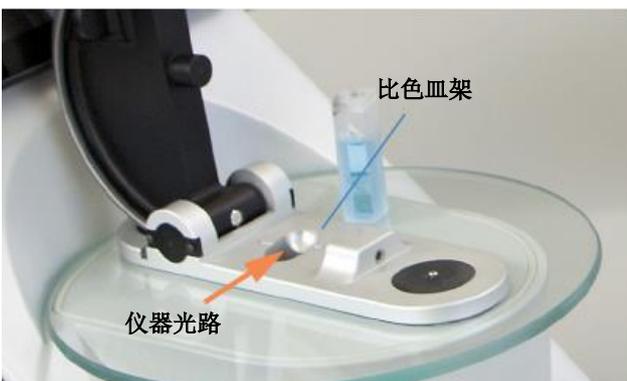
2. 指定比色皿选项：

- 选择**常规**
- 选择**使用比色皿**
- 将**光程**设为比色皿的光程（宽度）  
（有关规格的信息，请参阅比色皿制造商的文档）
- 如果需要，可设置磁力搅拌器和加热器
- 选择**完成**

有关详细信息，请参阅**常规设置**。

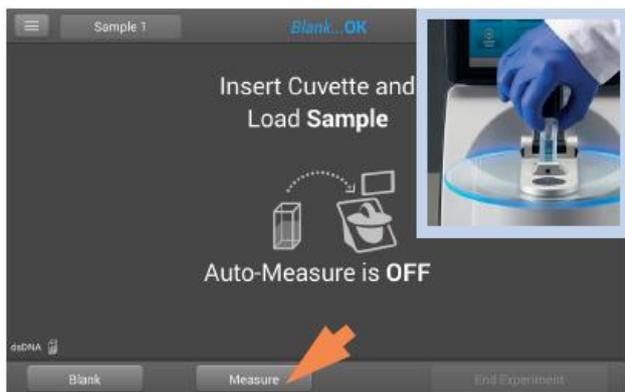


3. 在“主页”屏幕上，点击一个应用



4. 进行空白检测：

- 在清洁、干燥的比色皿中装入足够的空白检测溶液，以覆盖**仪器光程**
- 抬起仪器检测臂并将空白检测比色皿插入比色皿架，确保将比色皿的光路对准仪器的光路
- 点击**空白检测**并等待检测完成



## 5. 检测样品：

- 在干净的比色皿中装入相同高度的样品溶液
- 用样品比色皿替换空白检测比色皿，确保对准光路
- 点击**检测**
- 等待检测完成
- 取出比色皿
- 按照制造商规范清洁比色皿

## 制备样品和空白溶液

### 制备样品

- 使用仪器检测样品之前，将其隔离和纯化。商用样品隔离试剂盒可用于这些目的，或使用内部协议。纯化后，目标分析物通常会溶解在含水缓冲溶液中，然后再进行检测。

**提示：** 在分析波长处吸收光的任何分子将会增加用于计算样品浓度的总吸光度值。

- 确保最终分析物浓度处于仪器的**吸光度检测限**内。
- 对于微体积检测，在进行检测之前，轻轻（但彻底）混匀每个样品。

混合和转移样品时，避免引入气泡。有关详细信息，请观看[样品中气泡的影响](#)多媒体培训视频。

**注** 溶解在极易挥发溶剂（如己烷）中的样品使用**比色皿采样选项**可获得最佳结果（仅适用于 NanoDrop One<sup>C</sup> 仪器）。

## 选择和进行空白检测

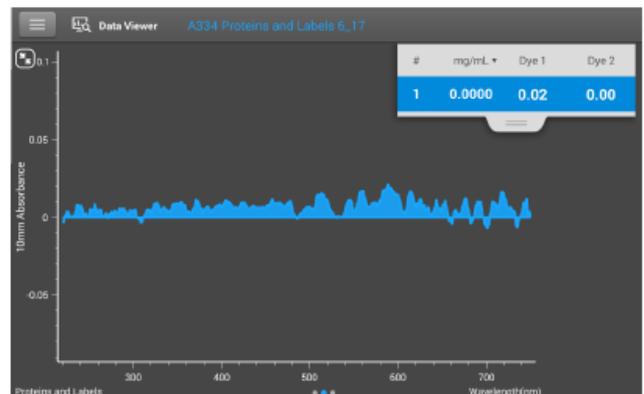
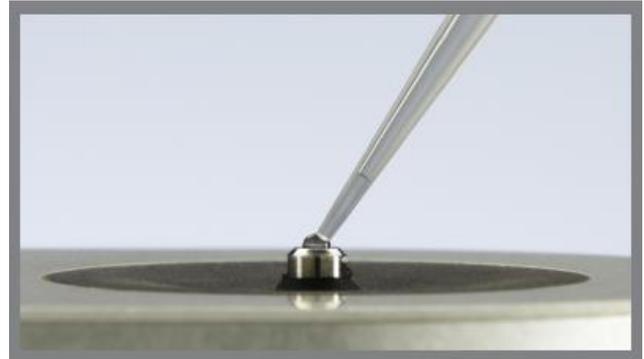
用于再悬浮样品分析物的缓冲液会增加吸光度。空白检测可最小化样品检测时缓冲液成分导致的任何吸光度增加。产生的样品谱图仅显示目标分析物的吸光度。有关详细信息，请观看[什么是空白检测？](#)多媒体培训视频。

### 为获得最佳结果：

- 对于大多数应用，使用用于再悬浮目标分析物的相同缓冲溶液进行空白检测。空白检测溶液的 pH 值和离子强度应类似于分析物溶液。有关详细信息，请参阅所使用应用中的“检测样品”。
- 检测每组样品之前，进行一次新的空白检测。除非样品溶解在不同的缓冲溶液中，否则，不需要在检测每个样品之前进行仪器空白检测。
- 每 30 分钟进行一次新的空白检测。
- 使用空白检测溶液执行样品检测之前，运行空白检测周期评估其适用性。若要获得快速演示，请观看[评估空白检测溶液的适用性](#)多媒体培训视频。

所产生光谱的整个光谱变化应不超过 0.04 A（10 mm 当量），特别是在右边示例中的分析波长。

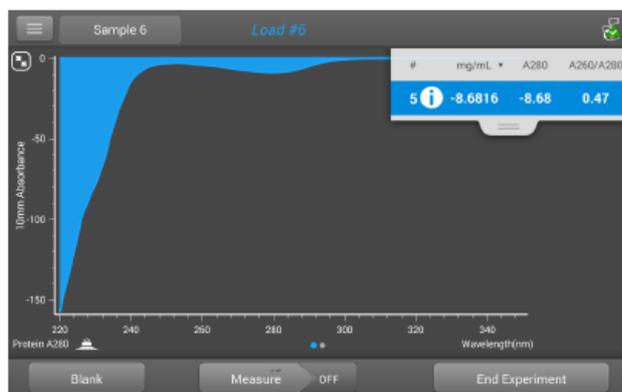
如果所产生光谱在分析波长周围大于 0.04 A，该缓冲溶液可能会干扰样品分析，特别是低浓度样品。有关详细信息，请参阅下文。



良好的空白检测缓冲液（检测吸光度 < 0.04）

## 与空白检测有关的问题

- 执行空白检测之前，残余样品留在基座上或比色皿中。（产生的样品光谱可能会展现负吸光度值，表示在该光谱区域中，空白溶液的吸光度高于样品的吸光度。）
- 空白检测在分析波长处展现的吸光度高于未知样品。（如果用于空白检测的缓冲液成分和用于再悬浮样品的不同，检测结果将不正确。）
- 样品意外用于仪器空白检测。（产生的样品光谱可能会展现负吸光度值，或者，类似于典型纯核酸或蛋白质光谱的镜像，如右边的例子所示。）



用于仪器空白检测的蛋白质样品溶液产生“镜像”光谱

## 空白检测问题的解决方案

- 彻底清洁和/或修复上下基座，然后：
  - 重新运行空白检测周期，或
  - 使用新的等分适当缓冲溶液进行新的空白检测，然后检测新的等分未知样品
- 对于大多数应用，使用用于再悬浮目标分析物的相同缓冲溶液进行空白检测。空白检测溶液的 pH 值和离子强度应类似于分析物溶液。有关详细信息，请参阅所使用应用中的“检测样品”。

## 运行空白检测周期

运行空白检测周期可确认以下各项：

- 仪器正常操作（平坦基线）
- 基座干净（即，基座上没有任何干涸的样品材料）
- 您计划用于样品分析的缓冲溶液可增加吸光度

### 需要使用的耗材

- 无尘实验室无尘纸
- 标定精度移液器 (0–2  $\mu\text{L}$ )
- 用于评估的缓冲溶液

### 运行空白检测周期

若要获得快速演示，请观看[评估空白检测溶液的适用性](#)多媒体培训视频。

#### 注意

- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

## 9 学习中心

### 制备样品和空白溶液

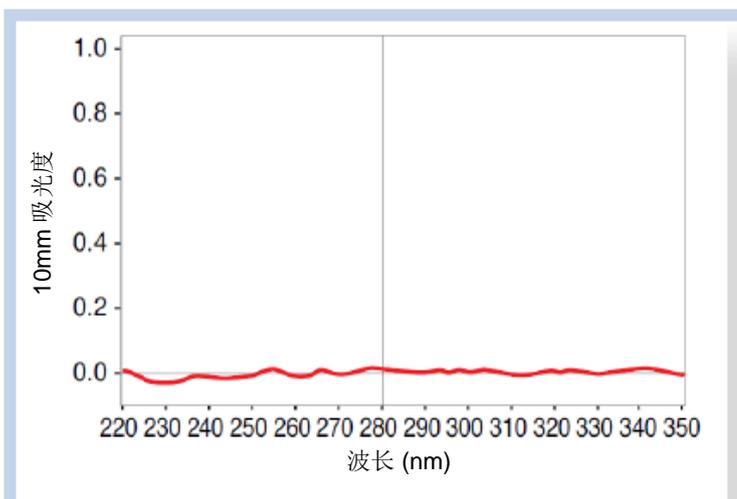
1. 在“主页”屏幕上，点击一个应用名称。
2. 抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。
3. 进行水空白检测：
  - 将 1  $\mu\text{L}$  去离子水 ( $\text{DI H}_2\text{O}$ ) 移取至下基座，然后降下检测臂。
  - 点击**空白检测**并等待检测完成。
  - 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。
4. 检测缓冲溶液：
  - 将 1–2  $\mu\text{L}$  缓冲溶液移取至基座，然后降下检测臂。
  - 开始样品检测：
    - 如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂
    - 如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**
  - 等待检测完成。

所产生光谱在分析波长处的基线变化应不超过 0.04 A。

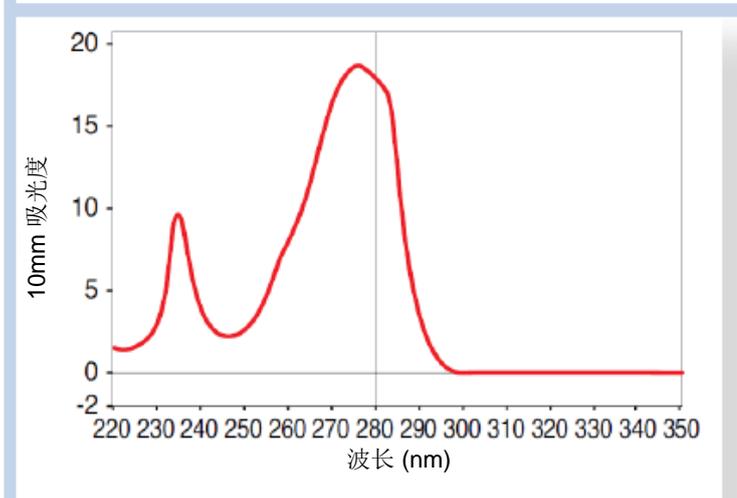
如果您的光谱不符合这些标准，重复步骤 2-4。

如果光谱仍处于规格范围外，请参阅**空白检测问题的解决方案**。

5. 完成空白检测周期后，点击**结束实验**。
6. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座。



适用于蛋白质 A280 量化的缓冲液光谱示例



不适用于蛋白质 A280 量化的缓冲液光谱示例

## 基本仪器操作

- [NanoDrop One 主页屏幕](#)
- [NanoDrop One 检测屏幕](#)
- [查看历史记录](#)
- [NanoDrop One 常规操作](#)

### NanoDrop One 主页屏幕

NanoDrop One 主页屏幕提供了以下操作。

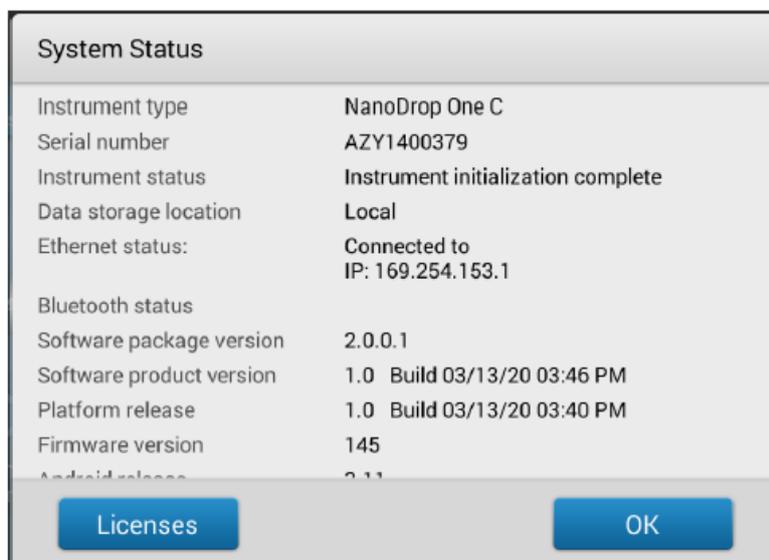


## 应用

NanoDrop One 软件提供各种可配置的应用，可以让用户完全控制检测。有关每个可用应用的详细信息，请参阅“[用户自定义应用](#)”（第 149 页）。

## 系统状态

点击仪器“主页”屏幕上的 ，以打开“系统状态”框。



下面说明了可用的信息。

仪器类型	仪器型号 (NanoDrop One <sup>®</sup> )
序列号	仪器序列号
仪器状态	仪器的当前状态
数据存储位置	指示仪器当前存储数据时设置的数据库位置。
Wi-Fi 状态	仪器的 <a href="#">WiFi 连接</a> 状态（“连接至...”、“已启用但未连接”或“已禁用”）
蓝牙状态	仪器的 <a href="#">蓝牙状态</a> 状态（“连接至...”、“已启用-[任何已配对设备列表]”或“已禁用”）
软件包版本	安装的仪器操作软件版本
平台发布	安装的仪器平台软件版本
固件版本	安装的仪器固件版本
Android 发布	安装的用户自定义 Android 操作系统软件版本
Android 版本	安装的 Android 操作系统软件版本

## 历史记录

在“主页”屏幕上点击  可查看当天早些时候、上周、上个月、过去半年、过去一年或指定日期范围内所采集的任何数据。有关仪器上“历史记录”功能的详细信息，请参阅“[参看历史记录](#)”（第 224 页）。

## 仪器设置

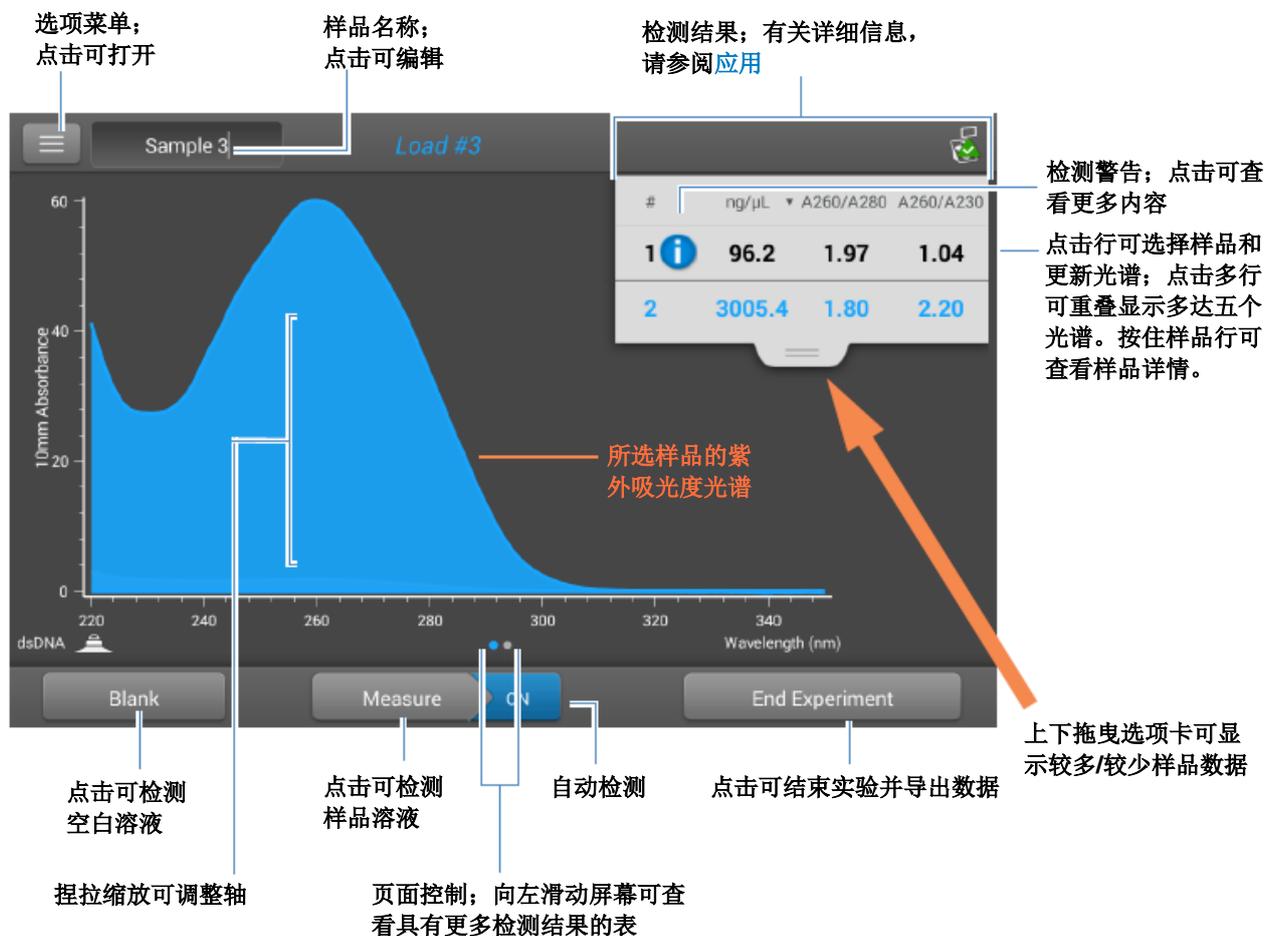
在“主页”屏幕上点击  可访问仪器的设置，如软件更新、比色皿采样、联网等。有关所有可用仪器设置的详细信息，请参阅“[仪器设置](#)”（第 249 页）。

## 仪器诊断

在“主页”屏幕上点击  可验证仪器操作。应按照建议的[维护计划](#)定期运行仪器诊断。有关如何运行可用仪器诊断的信息，请参阅“[仪器诊断](#)”（第 272 页）。

## NanoDrop One 检测屏幕

应用中的任何检测屏幕均提供以下操作。



## 菜单

在任何检测屏幕上点击 可查看可用的菜单选项。

主页 返回 NanoDrop One 主页屏幕

[应用]设置 查看或更改所选应用的设置

设置 查看或更改仪器设置

**注：**只有从 NanoDrop One “主页” 屏幕或从与该功能兼容的应用打开 “设置” 选项卡时，“染料/色谱图编辑器” 和 “蛋白质编辑器” 选项卡才会在出现 “设置” 中。

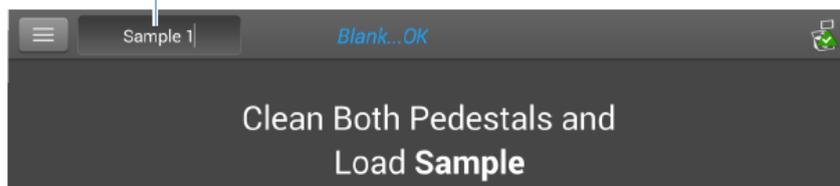
打印 打印选中的检测结果

## 样品名称

在任何检测屏幕上点击“样品名称”字段可编辑样品名称。

若将“自动命名”设为“开启”（请参阅[常规设置](#)），将自动使用默认基本名称后面加上一个以“1”开始的唯一数字为每个样品分配一个名称。在每次实验中，此情况首次出现在执行首个空白检测之后和首个样品检测之前，如下所示。

默认样品名称；点击可编辑



在此示例中，首个样品将命名为“Sample 1”，然后是“Sample 2”等。您可以编辑默认基本名称和替换任何样品名称。

**注** 选择“自动命名”功能时，如果您在实验过程中编辑样品基本名称，分配的样品 ID 号将重新开始。

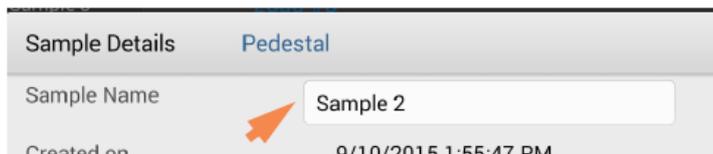
### 编辑默认样品基本名称

在您进行空白检测之后和检测首个样品之前：

- 点击**样品名称**字段显示键盘
- 输入新基本名称
- 点击**完成**键

### 编辑样品名称

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 选择实验
- **向左滑动**显示数据表
- 按住**样品名称**显示“样品详情”框
- 点击**样品名称**字段显示键盘



- 输入新样品名称
- 点击**完成**键以关闭键盘
- 点击**确认**关闭“样品详情”框

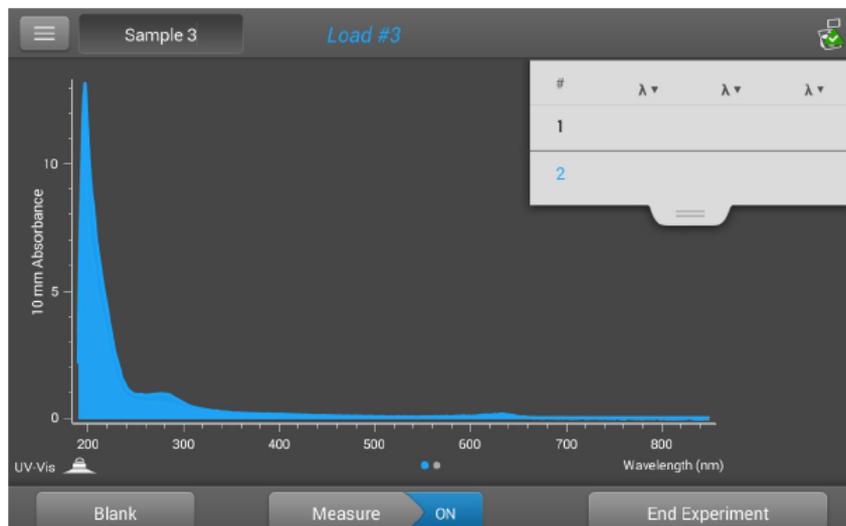
## 检测结果

检测屏幕上显示的结果类型，取决于选中的应用。有关详细信息，请参阅本手册中该应用的报告结果部分：

应用 > [应用组] > 检测 [应用名称] > 报告结果

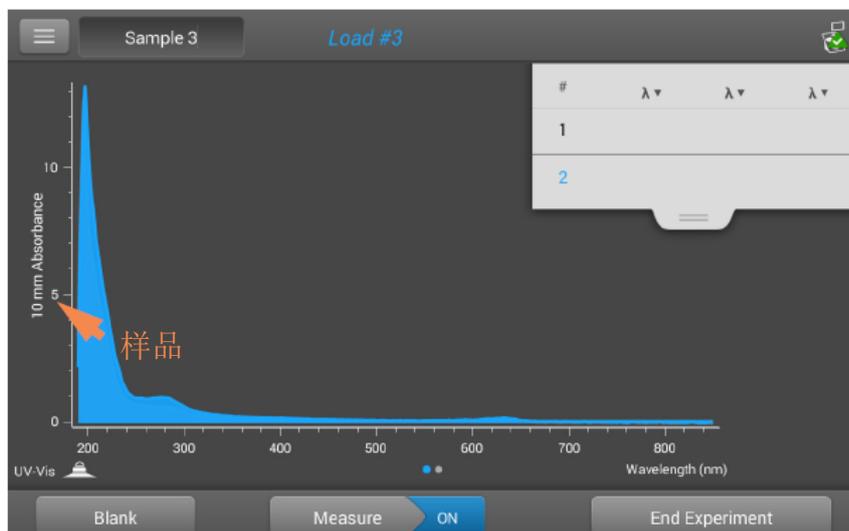
## 吸光度光谱

对于每个检测的样品，每个应用将显示紫外或紫外-可见光吸光度光谱和结果摘要。纵轴显示以吸光度单位 (**A**) 表示的吸光度。横轴显示以 **nm** 为单位的波长。此处为紫外-可见光方法的示例。



## 样品光程

所有的应用将沿着光谱的纵轴显示样品光程。微体积吸光度检测和使用非标准比色皿进行的检测，归一化为 10.0 mm 光程当量。此处为示例。



## 检测警告

NanoDrop One 仪器中内置的 **Acclaro 样品智能检测技术** 提供了重要功能，帮助您评估样品的完整性。点击软件中的“样品智能检测技术”图标可查看其相关信息。



提供的**污染物分析**有助于确保样品在投入下游应用之前符合相应的质量要求



提供的**请求式技术支持**可检测非典型或极低浓度



无效结果警报

## 空白检测按钮

点击**空白检测**可进行所选实验的空白检测。

检测每组类似样品之前，必须进行一次空白检测。空白溶液通常为用于再悬浮样品的纯缓冲液。有关详细信息，请参阅[选择和进行空白检测](#)。

## 检测按钮

点击**检测**可检测所选实验的样品。

样品必须正确隔离和制备后，才能使用仪器进行检测，并且浓度必须处于仪器的吸光度检测范围内。有关详细信息，请参阅[制备样品](#)和[检测微体积样品](#)或[检测比色皿样品](#)以及[吸光度检测限](#)。

**注** 检测按钮在完成有效的空白检测后启用。

## “自动检测”和“自动空白检测”选项

利用 NanoDrop One 的“自动检测”和“自动空白检测”功能可加速样品分析，这些功能可以使仪器在您降下检测臂后立即开始检测。进行大批次样品检测时利用这些选项，不需要重复“检测”或“空白检测”操作。

**注** “自动检测”和“自动空白检测”仅适用于微体积检测。

### 自动检测

若要选择或取消选择“自动检测”，可在任何样品检测屏幕上，点击“检测”按钮右侧的**开启**或**关闭**按钮。



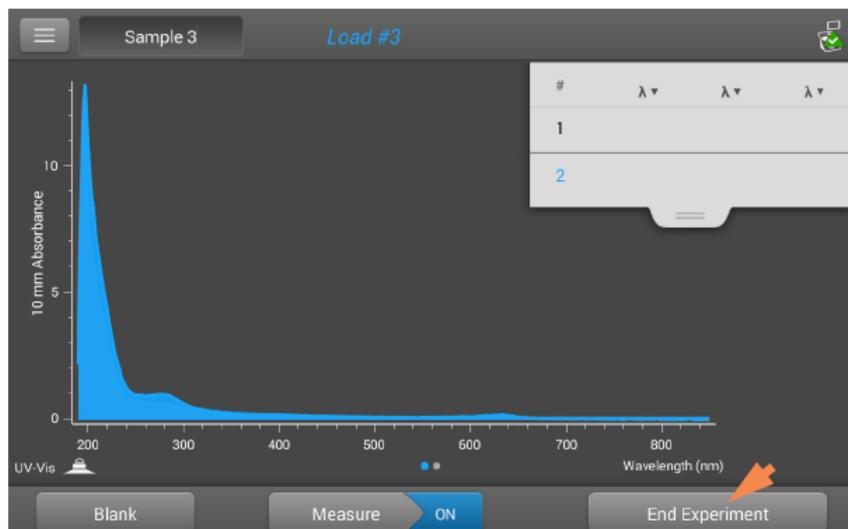
### 自动空白检测

若要选择或取消选择“自动空白检测”，可在任何空白检测屏幕上，点击“空白检测”按钮右侧的**开启**或**关闭**按钮。



## 结束实验按钮

准备好命名和保存您的实验后，点击**结束实验**，可添加标记来帮助您稍后查找该实验，或导出数据。根据管理设置，可能会在实验结束时提示您对该实验进行签字。



**注** 结束实验按钮在完成首个样品检测后启用。

点击“结束实验”后，将显示“结束实验”框：

The 'End Experiment' dialog box is shown. It has a title bar 'End Experiment'. Inside, there is a text field for 'Experiment name' containing 'UV-Vis 11/26/2019 3:48:26 PM'. Below it is a text field for 'Add identifier' with a plus icon to its right. Underneath is a large empty text area. The 'Export data:' section has a dropdown menu set to 'Front USB' and an 'Export' button. At the bottom, there are three buttons: 'Experiment' with a circular arrow icon, a printer icon, and 'End Experiment'.

可用选项:

实验名称

输入这组检测的名称。使用输入的实验名称将检测结果保存在选定的数据库位置。

添加标识符

输入一个描述性标签，以帮助您在以后找到这个实验或将其与另一个实验关联起来（有关详细信息，请参阅[管理仪器上的标识符](#)。

点击**添加标识符**框，显示键盘以输入标签文本。

点击**添加标识符按钮**  添加标签；点击**完成**键关闭键盘。

导出数据

选择一个可用位置来导出此实验中的检测结果。可将实验导出到连接至本地仪器上任何 **USB** 端口（前端、左后或右后）的 **U** 盘，或导出至[网络位置](#)。

导出按钮



您可以选择一种文件格式，导出此实验中的检测结果，然后将数据导出至 **USB** 设备或网络。可用的导出文件格式：

- 逗号分隔值电子表格 (.csv) 文件
- 制表符分隔值电子表格 (.tsv) 文件（仅光谱数据）
- **NanoDrop** (.sql) 文件

文件名为输入的实验名称（请参阅上文）。文件存储在名为“**NanodropOne**”、后面带有仪器序列号的文件夹中。（使用[系统状态](#)可查看仪器序列号。）

返回实验按钮



关闭“结束实验”框，显示最新检测的结果。您可以在此处将检测结果添加到当前实验中，并稍后保存。

打印按钮

**打印**当前实验的检测结果

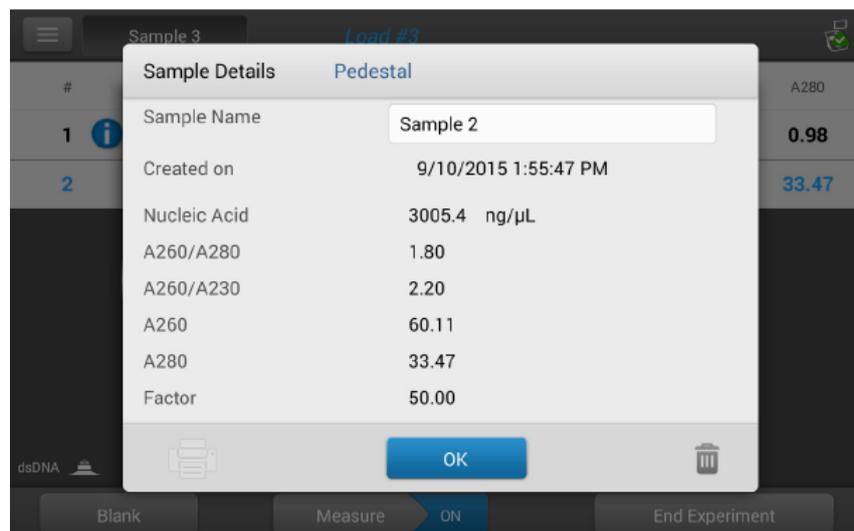
结束实验按钮



结束实验并使用输入的实验名称保存检测结果。该实验将保存在选定的数据库位置。

## 样品详情

在任何检测屏幕或数据表上按住一个样品行可显示样品详情，包括所有可用的检测结果和所选样品的相关详情。此处为示例：



“帮助”系统提供有“样品详情”中显示的检测值信息，该系统位于用于采集数据的应用中。

**注** 您也可以从“样品详情”框编辑样品名称。

## 数据表

在任何检测屏幕上向左滑动可查看当前实验的数据表。数据表包含实验中所有样品的检测结果。下图突出显示了可用的功能。

The screenshot shows a data table with the following structure:

#	Sample Name	ng/ $\mu$ L	A260/A280	A260/A230	A260	A280
1	Sample 1	96.2	1.97	1.04	1.92	0.98
2	Sample 2	3005.4	1.80	2.20	60.11	33.47

Callouts and their descriptions:

- 选项菜单; 点击可打开 (Options menu; click to open)
- 样品名称; 点击可编辑 (Sample name; click to edit)
- 检测结果; 有关详细信息, 请参阅“应用” (Detection results; for more details, see “Application”)
- 检测警告; 点击可查看更多内容 (Detection warning; click to view more content)
- 点击行可选择样品; 按住行可显示样品详情 (Click row to select sample; press row to show sample details)
- 使用的应用 (Application used)
- 页面控制; 向右滑动屏幕可返回检测屏幕 (Page control; slide screen right to return to detection screen)

## 查看历史记录

无论您是采集一个样品还是连续采集多个样品，在您选择“结束实验”后，采集到的数据会自动保存在一个带有实验名称的实验中。在默认配置中，实验将按照采集日期、实验名称、使用的应用和任何分配的标记存储在本地仪器的 NanoDrop One 数据库中。

使用“历史记录”功能打开本地仪器上的数据库，以便随时查看任何实验的采集光谱和相关数据。

### 打开仪器上的测量结果数据库

- 若打开仪器上的 NanoDrop One 数据库，点击仪器“主页”屏幕上的 （历史记录）。

## 菜单

在“历史记录”中点击  可查看可用的菜单选项。

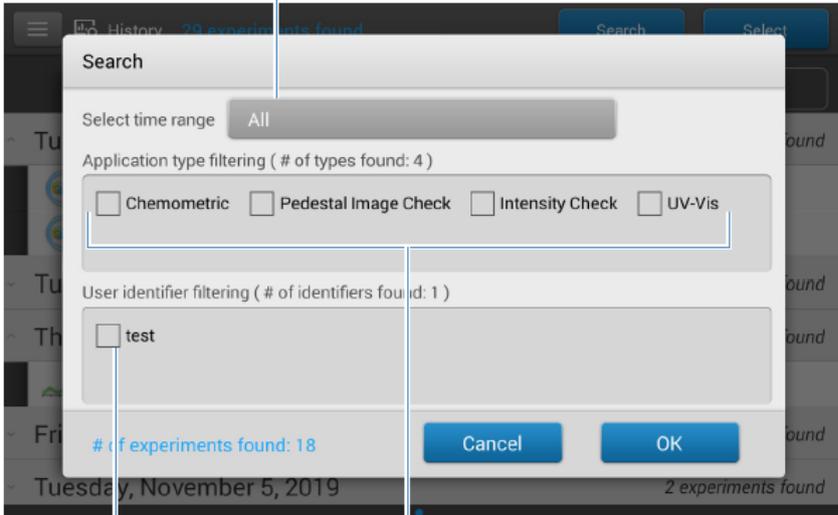
主页	返回 NanoDrop One 主页屏幕
设置	查看或更改 <a href="#">仪器设置</a>
导入	从 <b>USB</b> 盘导入数据
磁盘状态	查看仪器上可用于存储检测数据的剩余空间。

## 搜索实验数据库

在“历史记录”中点击 **搜索**，可搜索 [选定数据库](#) 查找某个实验，或者更改时间范围或其他搜索的检索条件。系统将使用“搜索”框中的当前设置来检索数据库。检索条件包括时间范围、应用类型以及用户定义的任何标记（有关添加和删除标记的信息，请参阅 [管理标识符](#)）。此处为示例：

点击可更改时间范围检索条件

更改检索条件并点击“确定”显示更新的实验列表



点击可选择或取消选择用户定义的标记

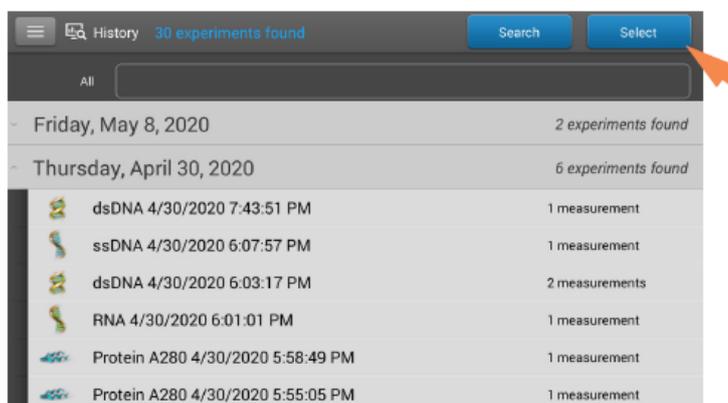
点击可选择或取消选择应用检索条件

## 导出选中的实验

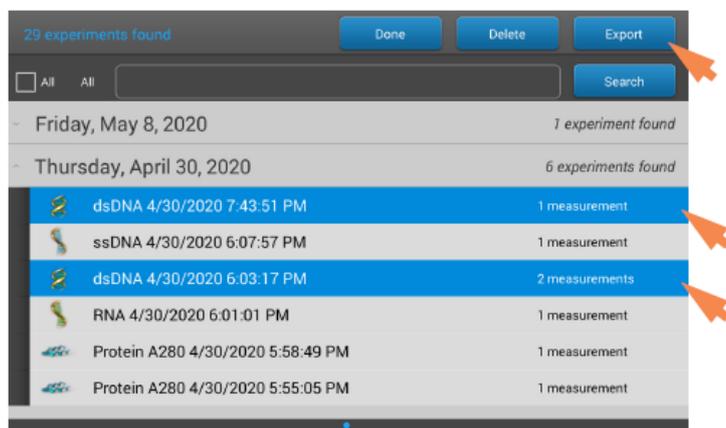
在“历史记录”中使用**选择**可选择要导出的实验。

### 导出选中的实验

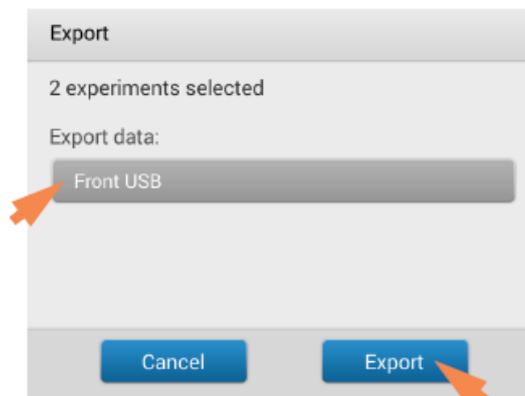
- 打开“历史记录”并点击**选择**



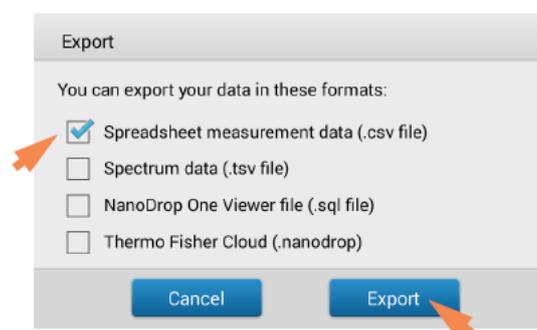
- 点击行可列出在该日期采集的实验，或使用**搜索**功能查找实验
- 点击可选择要导出的一个或多个实验（再次点击可取消选择实验；要选择数据库中的所有实验，选择**全部**）
- 点击**导出**



- 将**导出数据**设置为可用导出位置（前端、左后或右后 USB 端口，或一个**网络位置**）并点击**导出**



- 选择要导出的一个或多个格式（有关详细信息，请参阅**通用操作**中的“**导出选中的实验**”）并点击**导出**



- 显示“导出成功”消息后，点击**确定**

## 删除选中的实验

在“ 历史记录”中使用**选择**可选择要删除的实验。

### 删除选中的实验

- 在“历史记录”中点击行可列出在该日期采集的实验，或使用**搜索**功能查找所需的实验
- 点击**选择**
- 点击可选择要删除的一个或多个实验（再次点击可取消选择实验）
- 点击**删除**和**确定**

**注** 删除的数据不能恢复。

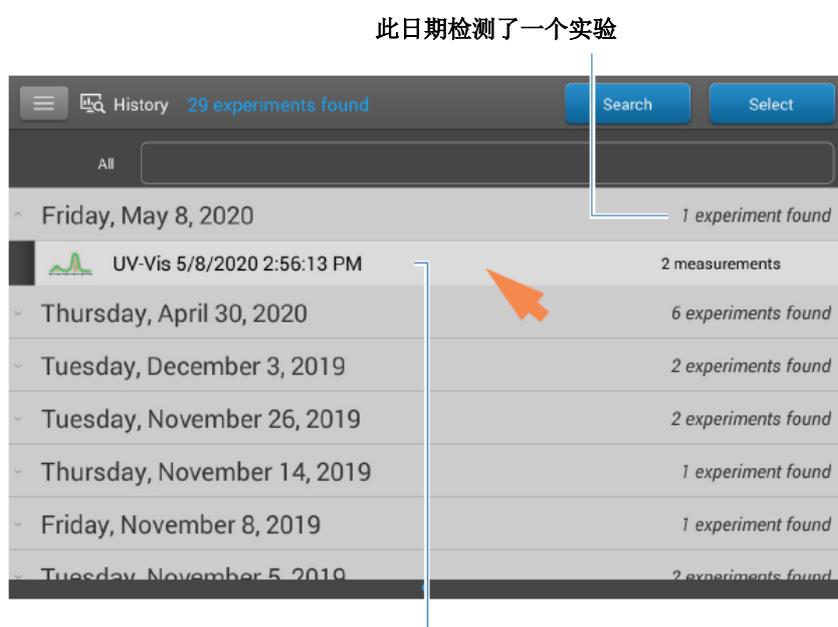
## 打开实验和查看相关数据

使用“ 历史记录”，可以查找和打开任何实验，查看它所包含的检测数据。

### 打开实验

- 在“历史记录”中点击行可列出在该日期采集的实验，或使用[搜索](#)功能查找所需的实验
- 点击**实验名称**打开实验

此处为示例：



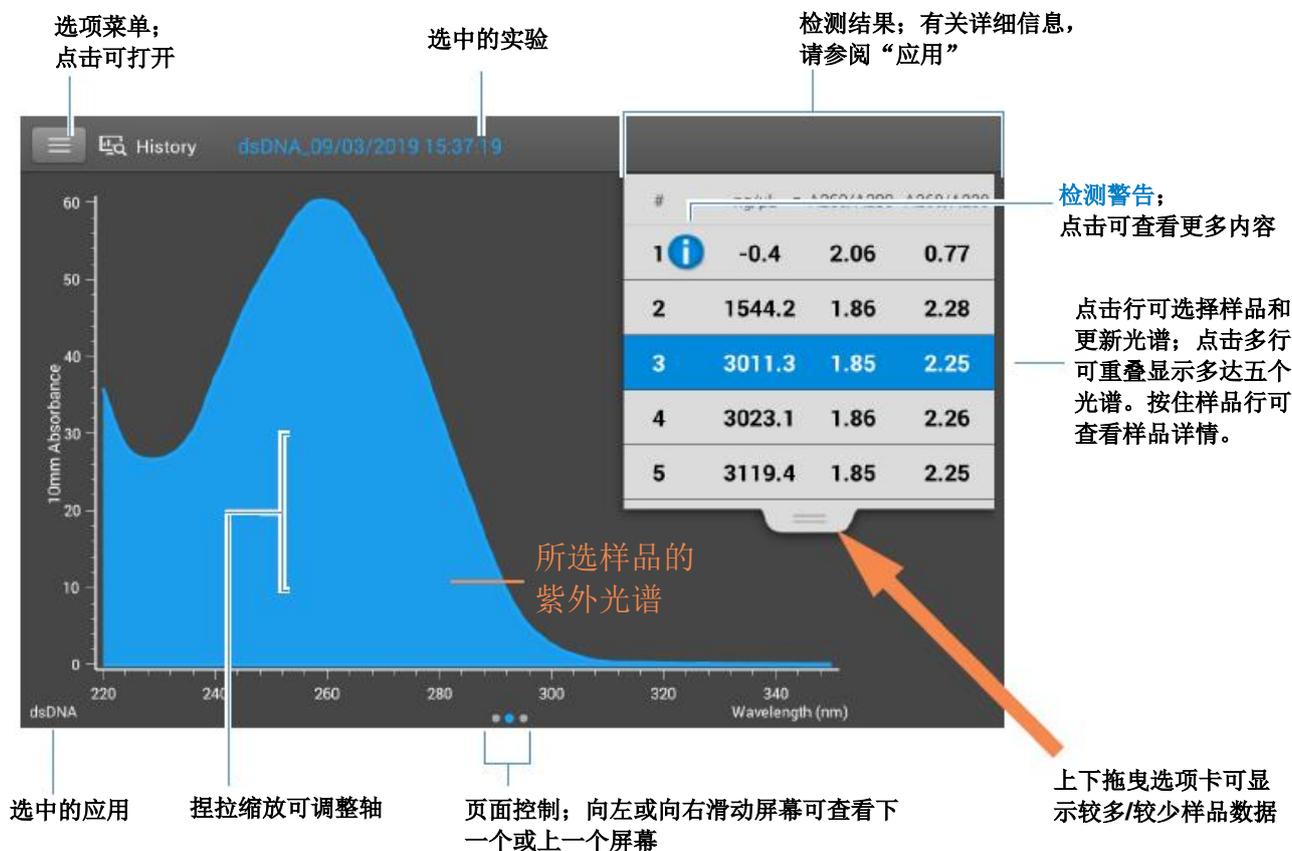
点击可打开此实验；按住可查看或编辑实验详情，如实验名称

“历史记录”提供的检测数据类似于您完成检测后看到的光谱数据和数据表。

**注** 显示的数据取决于用于检测样品的应用（在这些示例中为核酸）。有关详细信息，请参阅[应用](#)详情。

### 光谱数据一

打开实验后，软件将显示紫外或紫外-可见光吸光度光谱，以及首个样品检测的相关数据摘要，就像在实验过程中所显示的一样。下图说明了可用的功能。



### 数据表一

在“光谱数据”屏幕中向左滑动可查看当前实验的数据表。数据表包含实验中所有样品的检测结果。下图说明了可用的功能。

选项菜单; 点击可打开

选中的实验

检测结果; 有关详细信息, 请参阅“应用”

#	Sample Name	ng/µL	A260/A280	A260/A230	A260	A280
1	Sample 1	-0.4	2.06	0.77	-0.01	0.00
2	Sample 2	1544.2	1.86	2.28	30.88	16.60
3	Sample 3	3011.3	1.85	2.25	60.23	32.51
4	Sample 4	3023.1	1.86	2.26	60.46	32.46
5	Sample 5	3119.4	1.85	2.25	62.39	33.64
6	Sample 6	3030.9	1.86	2.26	60.62	32.61
7	Sample 7	0.2	0.38	1.73	0.00	0.01
8	Sample 8	-0.2	0.43	-5.09	0.00	-0.01

点击可选择单位

点击行可选择样品; 按住行可显示样品详情

检测警告; 点击可查看更多内容

使用的应用

页面控制; 向右滑动屏幕可查看上一个屏幕

### 菜单

在任何“光谱数据”或“数据表”屏幕上点击  可查看可用的菜单选项。

主页	返回 NanoDrop One 主页屏幕
管理标识符	添加或删除所选实验的标记以便更轻松查找 (请参阅 <a href="#">管理仪器上的标识符</a> )
导出	<a href="#">导出选中的实验</a>
打印	<a href="#">打印</a> 所选检测结果的图表或数据表; 如果未选择结果, 打印数据表中的所有结果
设置	查看或更改 <a href="#">仪器设置</a>
磁盘状态	查看仪器上可用于存储检测数据的剩余空间。

## NanoDrop One 常规操作

任何检测屏幕或[历史记录](#)均提供以下操作。

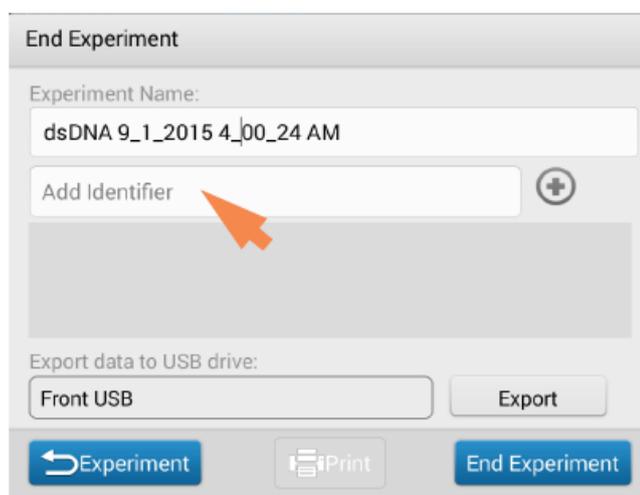
### 管理仪器上的标识符

您可以将一个或多个“标识符”（即标记或元数据标签）添加到实验中，以便更轻松查找该实验。可以从仪器上运行的 NanoDrop One 软件，或从个人计算机上安装的 NanoDrop One 控制软件添加标记（请参阅[管理计算机上的标识符](#)）。

使用“历史记录”可将标记添加到实验、分配现有标记、查看分配的标记和移除或删除仪器上的标记。您可以根据用户定义的一个或多个标记，检索“历史记录”中的实验列表。

### 保存新实验时进行标记

- 检测最后一个样品后，点击 
- 在“结束实验”框中，点击**添加标识符**字段



- 使用显示的键盘输入标记并点击 
- 点击**完成**键
- 点击**结束实验**

### 标记“历史记录”中的实验

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 点击打开实验
- 点击  并选择**管理标识符**
- 在“管理标识符”框中，点击**添加标识符**字段

- 使用显示的键盘输入标记并点击 
- 点击**完成**键
- 点击**确定**

### 查看分配给实验的标记

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 按住所选实验查看“实验详情”

### 查找标记的实验

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 点击**搜索**
- 在“搜索”框中，选择数据范围，选择应用（仅显示具有相关数据的应用），从滚动列表选择一个或多个标识符并点击**确定**

### 移除标记

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 点击打开实验
- 点击  并选择**管理标识符**
- 在“管理标识符”框中，选择标记并点击 。
- 点击**确定**

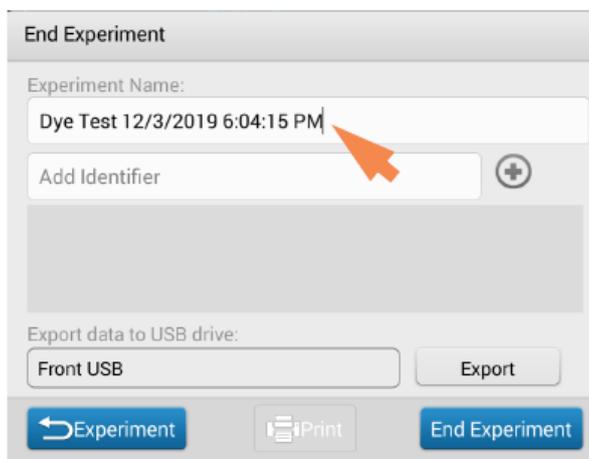
### 编辑实验名称

保存实验时，您可以编辑实验名称，或之后从[历史记录](#)导出。

### 在实验结束时编辑实验名称

- 完成检测样品后，点击 

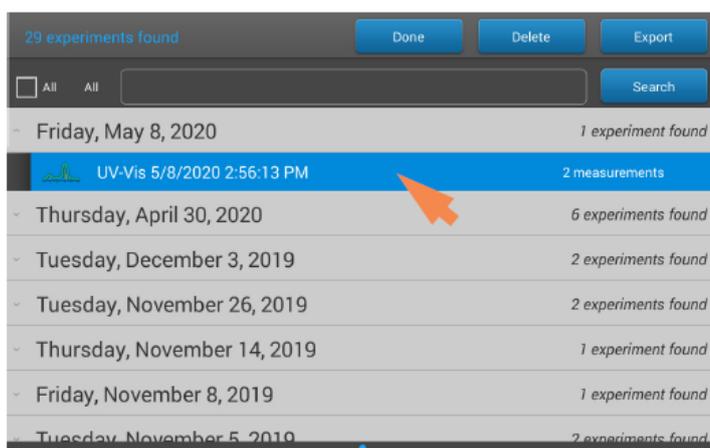
- 在“实验名称”框中输入这组检测的名称



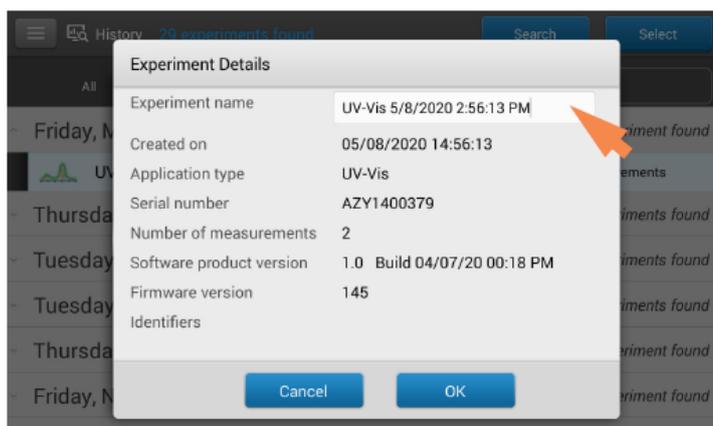
- 点击**结束实验**

### 在“历史记录”中编辑实验名称

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 点击行可列出在该日期采集的实验，或使用 [搜索](#) 功能查找实验
- 按住实验名称打开“实验详情”框



- 点击**实验名称**字段显示键盘



- 输入新实验名称
- 点击**完成**键以关闭键盘
- 点击**确认**关闭“实验详情”框

## 导出选中的实验

保存实验时，您可以导出检测数据，或之后从[历史记录](#)导出。

**注** 保存期间导出的数据仍然保存到数据库（本地或远程，取决于“数据存储”设置；有关详细信息，请参阅[选择用于保存或查看已采集数据的位置](#)）。

可使用四种格式导出检测数据：

- 逗号分隔值（.csv）文件，包含每个导出实验的检测结果和详情
- 制表符分隔值 (.tsv) 文件，包含每个导出实验的每个光谱数据点的 x、y 坐标
- NanoDrop (.sql) 文件，包含每个导出实验的光谱和检测结果

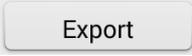
可使用任何电子表格或 word 处理应用程序打开 CSV 或 TSV 文件。此处为 CSV 格式的数个样品检测结果示例：

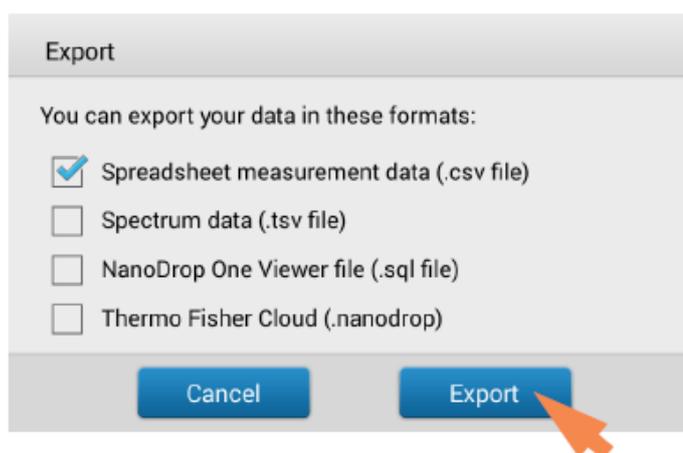
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Date	Sample Name	Nucleic Acid	A260/A280	A260/A230	A260	A290	Nucleic Acid Factor	Baseline (nm)	
2	4/21/2015 15:37	Sample 1	0.3	0.7	0.56	0.01	0.01		33	340
3	4/21/2015 15:42	Sample 2	0.37	0.94	0.86	0.01	0.01		33	340
4	4/21/2015 15:44	Sample 3	0.43	0.98	0.74	0.01	0.01		33	340
5	4/21/2015 15:44	Sample 4	0.18	2.1	0.83	0.01	0		33	340
6	4/21/2015 15:45	Sample 5	0	0.07	0.02	0	0		33	340
7	4/22/2015 8:57	Sample 6	-0.52	2.11	0.66	-0.02	-0		33	340
8										

**注** 导出的数据类型取决于用于检测样品的应用（在此示例中为核酸）。有关详细信息，请参阅[应用](#)详情。

可将数据导出到连接至本地仪器上任何 **USB** 端口（前端、左后或右后）的 **U** 盘，或导出至[网络位置](#)。如果您选择导出多个实验，每个导出的实验将具有相应的文件。文件名和[实验名称](#)相同。文件存储在名为“**NanodropOne**”、后面带有仪器序列号的文件夹中。（使用[系统状态](#)可查看仪器序列号。）

### 在实验结束时导出数据

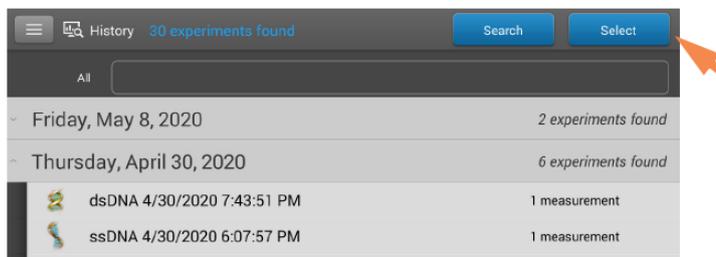
- 完成检测样品后，点击 
- 在“结束实验”框中，将**导出数据**设置为可用导出位置（前端、左后或右后 **USB** 端口，或一个网络位置）
- 点击 
- 在“导出”框中，选择要导出的一个或多个格式（有关详细信息，请参阅上文）并点击**导出**



- 显示“导出成功”消息后，点击**确定**
- 点击**结束实验**

## 从“历史记录”导出数据

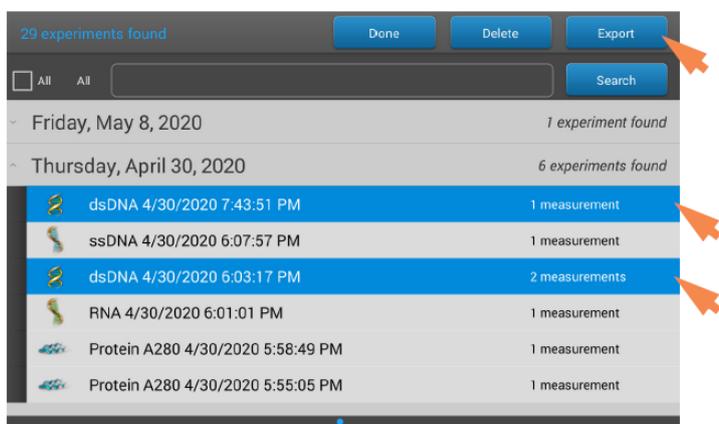
- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 点击**选择**



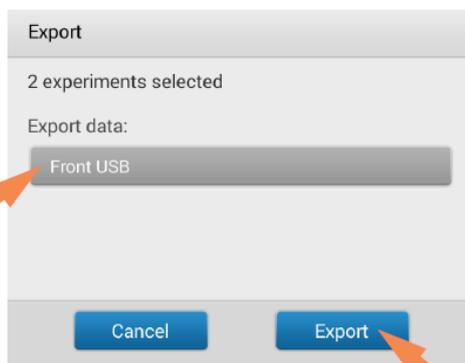
- 点击行可列出在该日期采集的实验，或使用**搜索**功能查找实验
- 点击可选择要导出的一个或多个实验（再次点击可取消选择实验；

要选择数据库中的所有实验，选择**全部**）

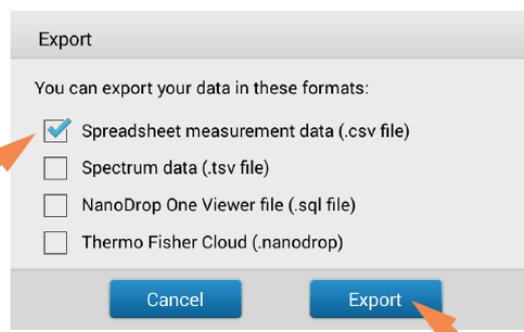
- 点击**导出**



- 将**导出数据**设置为可用导出位置（前端、左后或右后 USB 端口，或一个**网络位置**）并点击**导出**



- 选择要导出的一个或多个格式（有关详细信息，请参阅上文）并点击**导出**



- 显示“导出成功”消息后，点击**确定**

## 删除选中的检测

您可以删除任何实验的样品检测，或删除数据库中的所有检测。

**注** 删除的数据不能恢复。

### 从任何检测屏幕删除数据

- 按住样品行打开“样品详情”框
- 点击 

### 从“历史记录”删除数据

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 点击**选择**

- 在“历史记录”中点击行可列出在该日期采集的实验，或使用[搜索](#)功能查找所需的实验
- 点击可选择要导出的一个或多个实验（再次点击可取消选择实验；  
要选择数据库中的所有实验，选择**全部**）
- 点击**删除**

## 打印选中的检测

将[兼容打印机](#)连接到仪器可快速打印检测结果，包括光谱数据、标准曲线、数据表、样品详情和诊断结果。可将仪器连接至 **USB** 打印机（标记或全方位）或通过以太网连接或无线网络连接至远程打印机进行打印。

### 注

- 要选择打印机，可从“打印预览”窗口选择**打印机选项**并选择可用的打印机。
- 要添加打印机，可从“打印预览”窗口选择**打印机选项 > 管理打印机**。
- 无线打印机或其连接的设备必须与仪器在同一无线网络中可用。无线打印机还必须启用其无线功能。
- 如果连接了标记打印机，则无法使用全方位打印机选项。请断开标记打印机的连接，以访问全方位打印机选项。

## 从任何检测屏幕打印数据

- 检测样品后，显示要打印的检测结果，如光谱数据、[标准曲线](#)、数据表或样品详情（请参阅[NanoDrop One 检测屏幕](#)）
- 如果打印光谱数据或数据表，点击以选择要打印的一个或多个样品行（再次点击可取消选择样品行）；如果未选择数据表中的结果，将打印所有结果
- 点击  并选择  **打印**
- 选择**确定**以确认
- 在“打印预览”窗口中，确保选择了正确的打印机，并根据需要设置其它打印选项，如纸张大小和纸张方向（建议使用“自动”设置）、页边距和对齐方式来调整预览窗口中的图像。

**注** 每次打印时，软件都会保存打印设置。

### – 点击打印

如果将标记打印机连接到仪器上，软件将为每个选中的检测打印一个标记。如果连接了一台全方位打印机，则为每个选中的检测打印选中的检测屏幕。

### 从“历史记录”打印数据

- 在“主页”屏幕上，点击  打开“历史记录”
- 在“历史记录”中点击行可列出在该日期采集的实验，或使用 [搜索](#) 功能查找所需的实验
- 点击 [实验名称](#) 打开实验
- 向左或向右滑动屏幕以选择要打印的数据类型（[光谱数据](#)、[标准曲线](#)或[数据表](#)）
- 点击以选择要打印的一个或多个样品行（再次点击可取消选择样品行）；如果未选择数据表中的结果，将打印所有结果
- 点击  并选择  打印
- 选择 [确定](#) 以确认
- 在“打印预览”窗口中，确保选择了正确的打印机，并根据需要设置其它打印选项，如纸张大小和纸张方向（建议使用“自动”设置）、页边距和对齐方式来调整预览窗口中的图像。

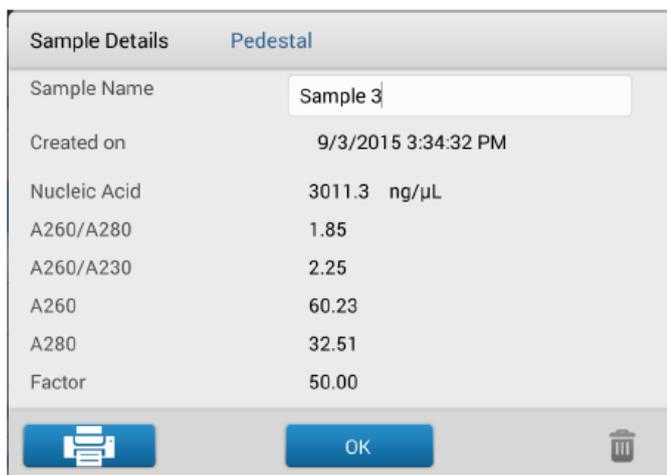
**注** 每次打印时，软件都会保存打印设置。

### – 点击打印

如果将标记打印机连接到仪器上，软件将为每个选中的检测打印一个标记。如果连接了一台全方位打印机，则为每个选中的检测打印选中的检测屏幕。

## 打印样品详情

- 在任何检测屏幕上的[光谱数据](#)或[数据表](#)中，或从[历史记录](#)，按住样品行打开“样品详情”框



- 点击 
- 在“打印预览”窗口中，确保选择了正确的打印机，并根据需要设置其它打印选项，如纸张大小和纸张方向（建议使用“自动”设置）、页边距和对齐方式来调整预览窗口中的图像。

**注** 每次打印时，软件都会保存打印设置。

- 点击**打印**

如果将标记打印机连接到仪器上，软件将为选中的检测打印一个标记。如果连接了一台全方位打印机，则打印选中的样品详情屏幕。

## Acclaro 样品智能检测技术

NanoDrop One 仪器中内置的 Thermo Scientific™ Acclaro™ 样品智能检测技术提供了以下专属功能，帮助您评估样品的完整性：



污染物分析有助于确保样品在投入下游应用之前符合相应的质量要求



请求式技术支持可检测非典型或极低浓度



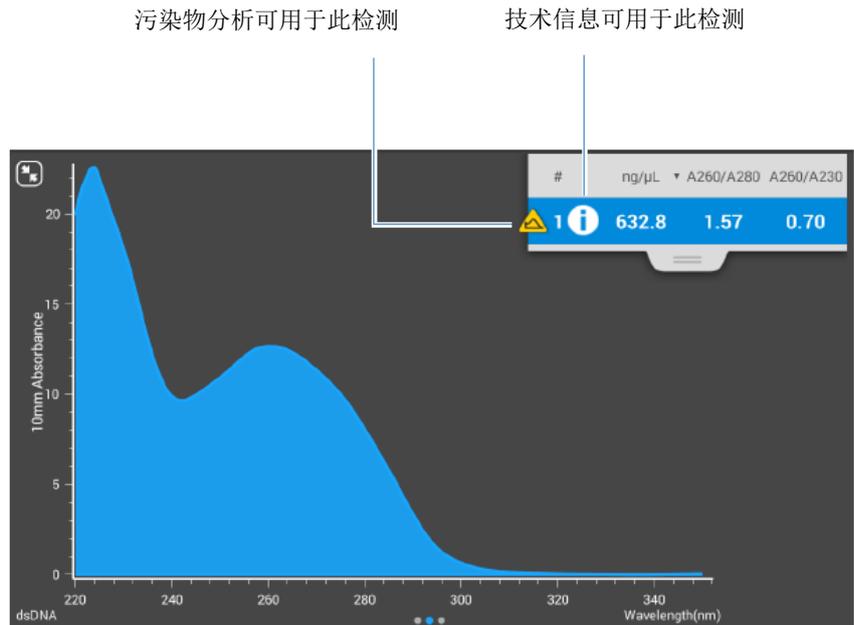
无效结果警报（用于监测是否存在有损检测结果准确性的气泡或反光颗粒的色谱柱传感器）



使用这些嵌入式资源，能快速排除可能出现的检测问题，并明智地决定是否使用、重新纯化或对非典型样品结果采取其他措施。“样品智能检测技术”也可作为进一步研究的资源，以及新用户的学习工具。

### 查看 Acclaro 样品智能检测技术信息

包含污染物分析或技术信息的检测将会自动标识（请参阅以下示例）。点击该图标可检查相关数据或信息。



该图标显示在**检测结果**的旁边（请参阅上图），和**数据表**以及**历史记录**中（请参阅下图）。

#	Sample Name	ng/μL	A260/A280	A260/A230	A260	A280
1	Sample 1	632.8	1.57	0.70	12.66	8.05
2	Sample 2	633.7	1.57	0.70	12.67	8.06
3	Sample 3	518.2	1.56	0.69	10.36	6.63
4	Sample 4	519.3	1.56	0.70	10.39	6.64
5	Sample 5	516.4	1.56	0.69	10.33	6.63
6	Sample 6	876.3	1.80	2.24	17.53	9.71

该图标在所有的这三个位置激活；信息将永久保留在数据中，即使已经导出。

## 污染物分析

对于双链 DNA、RNA 和蛋白质 A280 应用，NanoDrop One 软件将会在检测过程中，自动启动用于许多已知污染物的光谱分析。已知污染物的例子包括：

- 对于双链 DNA 和 RNA 检测：
  - 在分析区域中：蛋白质和苯酚
  - 监测是否存在盐酸胍和异硫氰酸胍
  - 检测 RNA 应用中的物种特异性双链 DNA 污染，以及检测双链 DNA 应用中的物种特异性 RNA 污染。
- 对于蛋白质检测：
  - 在分析区域中：核酸和苯酚

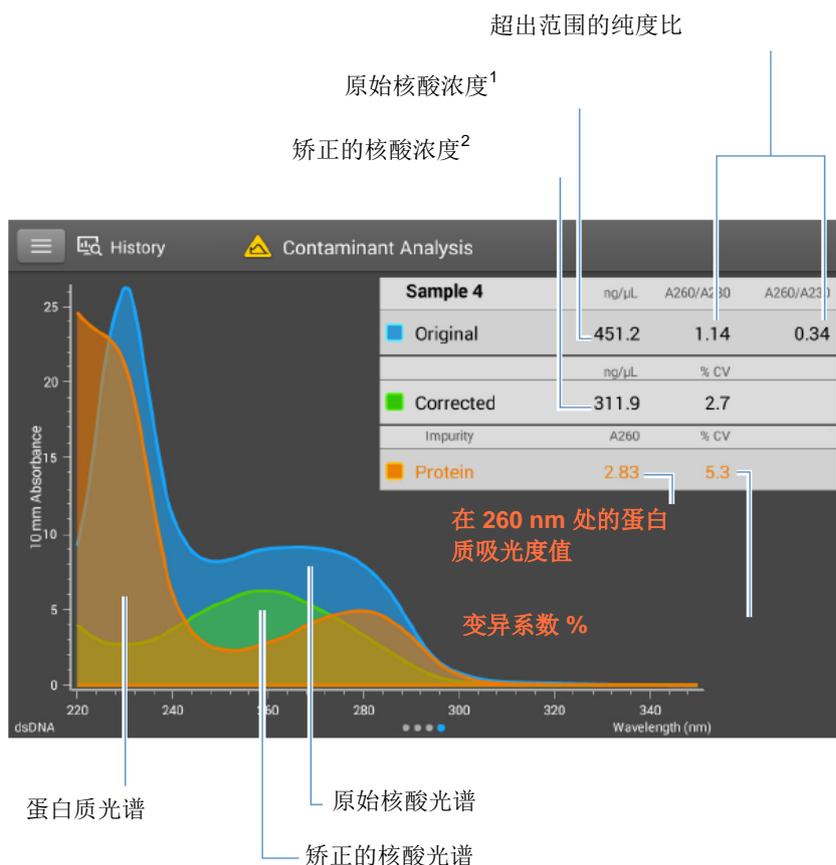
如果鉴定了样品中的污染物，“污染物分析”图标  将显示在检测结果的左边。



3	289.9	1.91	1.95
4	451.2	1.14	0.34

点击该图标可查看污染物分析和相关信息。

以下是来自核酸污染物分析的结果示例，该分析包含足以影响检测结果的蛋白质污染物。



<sup>1</sup>基于样品总吸光度（样品加上污染物）

<sup>2</sup>基于矫正的样品总吸光度（样品减去污染物）

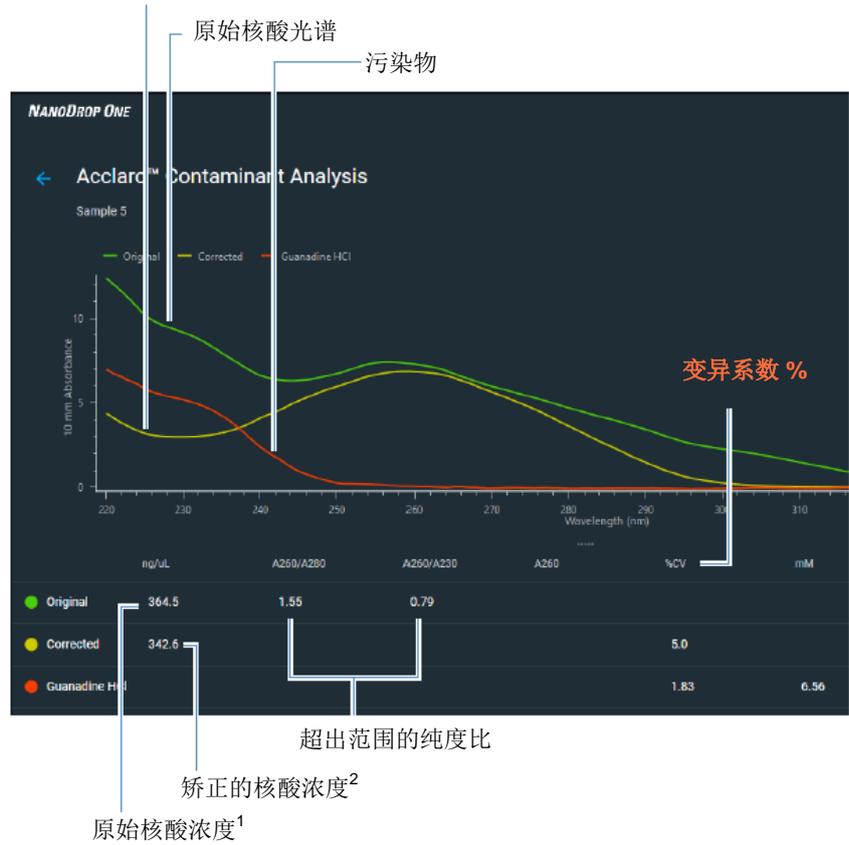
由于蛋白质在核酸的分析波长（230 nm、260 nm 和 280 nm）附近吸收光，上图所示核酸样品中存在的蛋白质使 A260/A280 和 A260/A230 比率超出范围，并导致报告核酸浓度高于实际值。软件将鉴定杂质（蛋白质）并报告下列各项：

- 分析波长 (260 nm) 中由于蛋白质 (2.83) 造成的基线矫正吸光度
- 检测结果变异系数 %（不确定性 x 100/检测结果 = 5.3%；高 %CV 表示检测结果接近仪器检测限，或者有干扰元件）

- 基于分析波长处总基线矫正吸光度（样品加上污染物）的原始核酸浓度 (451.2 ng/μL)
- 基于分析波长处已矫正吸光度（样品减去污染物）的已矫正核酸浓度 (311.9 ng/μL)

以下是来自核酸污染物分析的结果示例，该分析包含足以影响检测结果的盐酸胍污染物，如 PC 控制软件上所示。

矫正的核酸光谱



## 污染物分析原理

紫外和紫外-可见光吸光度检测用于分别定量分析在 260 nm 及 280 nm 处的核酸和蛋白质样品。该分析的依据是：混合物溶液在给定波长处的总吸光度是混合物中每个成分的吸光度值之和。

这种方法目前面临的挑战是，提取过程中使用的一些物质可以在整个光谱中的不同区域吸光。当样品存在这些污染物时，它们会假增加目标波长处的吸光度，导致分析物浓度被高估，从而干扰了分析。

在通常情况下，纯度比用于检测是否存在会影响下游应用的污染物。然而，纯度比不会始终提供可能污染物的完整状况。当纯度比超出预期的范围时，光谱剖面曲线经常会进行定性检查。

我们的 Acclaro 技术对污染物分析采用定量方法。Acclaro 通过复杂的数学算法分析光谱数据以鉴定样品中可能的污染物，并去除样品中污染物对结果造成的任何影响。这将可产生更精确的目标分析物浓度值，以及更定量地分析污染程度。

由于纯化合物的光谱是该化合物独有的，因此，大多数具有一些相互作用的已知材料，可通过数学方式分解成其成分光谱和鉴定的成分。污染物分析算法使用分析波长（核酸为 260 nm，蛋白质为 280 nm）周围的窄光谱区域 (220-285 nm)，确定是否有在该区域吸光的可能已知污染物（蛋白质或核酸，和苯酚）增加的任何吸光度。对整个光谱进行分析，确定是否存在其他可能的污染物，如盐酸胍和/或异硫氰酸胍，它们是由于核酸纯化的常用试剂。

**注** 实现一致、高质量的污染物分析结果，依赖于检测的样品光谱质量，这取决于仪器的维护状态。有关详细信息，请参阅[维护计划](#)。

## 请求式技术支持

对于双链 DNA 和蛋白质 A280 应用，NanoDrop One 软件将监测所有的样品检测，查看是否存在可能会影响检测的污染物或其他异常情况。监测的特性例子包括：

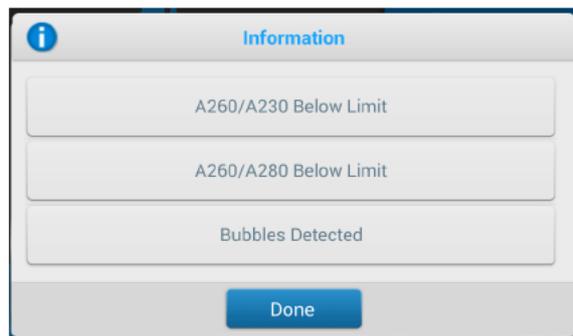
- 吸光度比，表示存在可能会干扰样品检测的化合物（也称为“纯度比”）。有关详细信息，请观看[什么是纯度比？](#)多媒体培训视频。
- 气泡检查，查看样品或空白溶液中是否有气泡或其他反射性物质。有关详细信息，请观看[样品中气泡的影响](#)多媒体培训视频。

如果技术信息可用，“信息”图标  将显示在检测结果的左边。

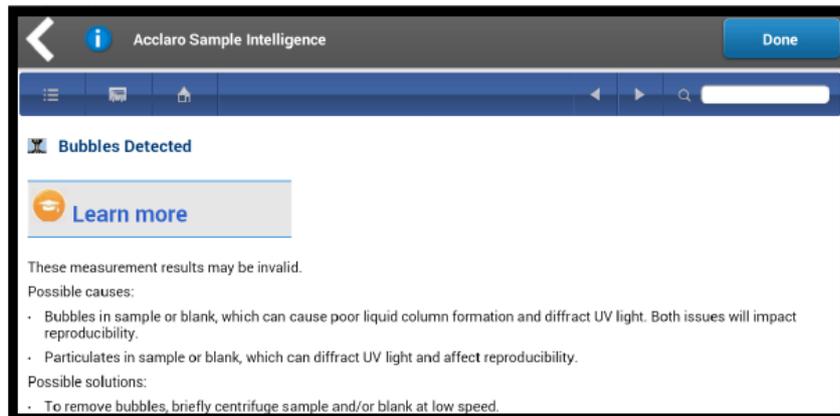


点击该图标可查看信息。

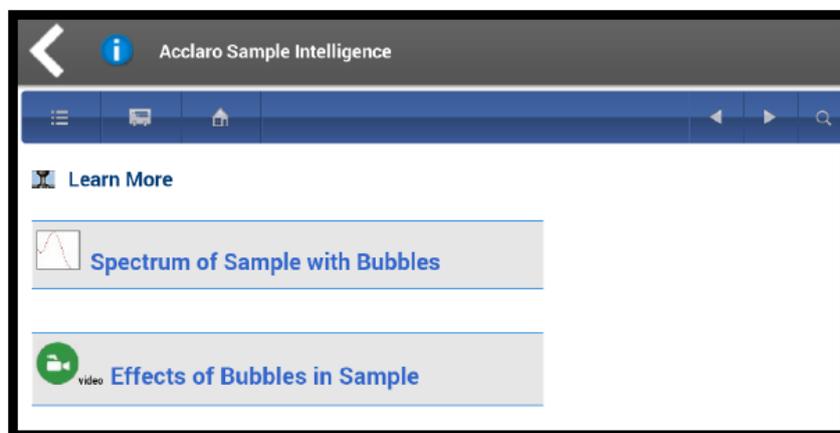
以下是来自核酸分析的结果，其中有两个检测的纯度比低于预期值，并且样品包含足以可能影响检测结果的气泡。



有关详细信息，请点击信息按钮。以下是为气泡错误提供的信息：



点击**更多内容**显示下一个级别的信息，在这个示例中，包括多媒体培训视频的链接。



## 无效结果警报

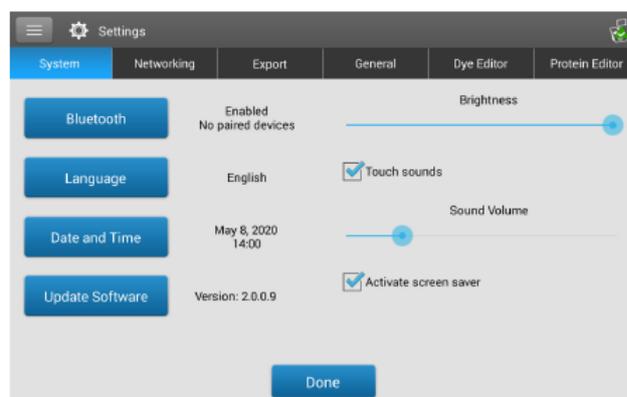
NanoDrop One 软件使用嵌入式图像传感器监测所有的检测，查看是否有可能使检测结果无效的状况（如断裂的液柱）。

无效结果警报后，将显示“无效结果”图标  并停止检测。有关详细信息，请参阅故障排除。

## 仪器设置

### 查看或更改仪器设置

- 在“主页”屏幕上，点击 
- -或者-
- 在任何检测屏幕上或从历史记录，  
点击  并选择  设置



可用的仪器设置包括：

### 系统设置

可用的选项包括：

**蓝牙**

设置仪器无线输入设备的**蓝牙**连接，如无线键盘、鼠标或条形码扫描仪

**语言**

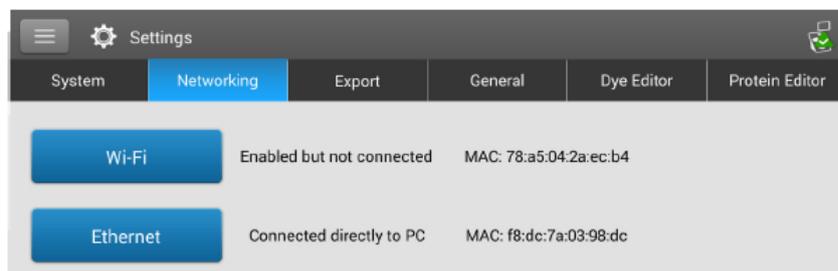
选择用于显示 NanoDrop One 软件和任何相连输入设备（如键盘、鼠标或条形码扫描仪）的语言

**注意：**更改语言需要重新启动软件。

<b>日期和时间</b>	<p><b>自动日期和时间：</b>将仪器的日期和时间与可用网络同步</p> <p><b>自动时区：</b>将仪器的时区与可用网络同步</p> <p><b>设置日期：</b>手动设置仪器日期（此选项在选择“自动日期和时间”时禁用）</p> <p><b>设置时间：</b>手动设置仪器时间（此选项在选择“自动日期和时间”时禁用）</p> <p><b>选择时区：</b>手动选择仪器时区（此选项在选择“自动时区”时禁用）</p> <p><b>使用 24 小时格式：</b>使用 24 小时时间格式</p> <p><b>选择日期格式：</b>选择可用的日期格式</p>
<b>更新软件</b>	<p>通过连接到仪器的 <b>USB</b> 设备更新 NanoDrop One 软件；如果相连的 <b>USB</b> 设备包含多个合格的更新文件，您可以选择要更新的文件（有关详细信息，请参阅<a href="#">更新软件</a>）</p> <p><b>版本：</b>当前安装在此仪器上的 NanoDrop One 操作软件版本</p>
<b>亮度</b>	调整仪器触摸屏的亮度
<b>触摸声音</b>	每次与触摸板互动后提供声音反馈
<b>音量</b>	调整仪器触摸屏的音量
<b>激活屏幕保护程序</b>	当仪器闲置 30 分钟后，启动屏幕保护程序。点击触摸板可重新激活仪器。

## 网络设置

使用此选项卡指定仪器的 Wi-Fi 或以太网连接。



可用的选项包括：

### Wi-Fi

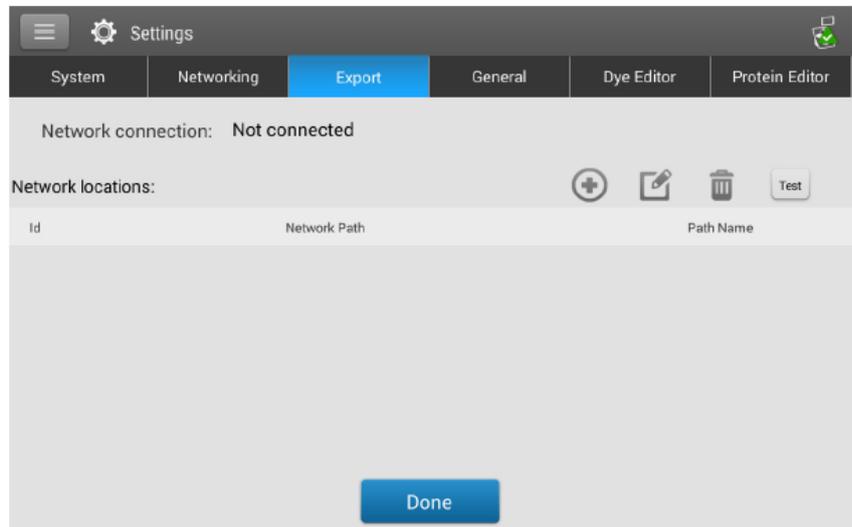
设置仪器的无线局域网 (WLAN) 连接

### 以太网

设置仪器与个人计算机或有源墙壁网络插口之间的以太网（有线）局域网 (LAN) 连接。

## 导出设置

使用此选项卡可指定一个或多个网络路径，以便在仪器连接到网络（连接可以是有线，也可以是无无线）时导出采集的数据。完成测量后从[历史记录](#)和[结束试验](#)框导出数据时，此处定义的网络路径将出现在“导出数据”列表框中。



可用的选项包括：

添加

添加网络位置：

若要添加网络位置

- 输入一个有效的网络路径
- 在**路径名称**框中，为该网络位置输入一个描述性名称。从仪器导出采集的数据时，输入的名称将出现在“导出数据”列表框中。
- 如果网络路径需要用户名和密码，请选择**需要验证**
- 点击**保存位置**

如果输入的网络路径有效，其名称将显示在“导出设置”选项卡上的“网络位置”列表中。

编辑

编辑所选网络位置的网络路径、路径名称或认证设置

删除

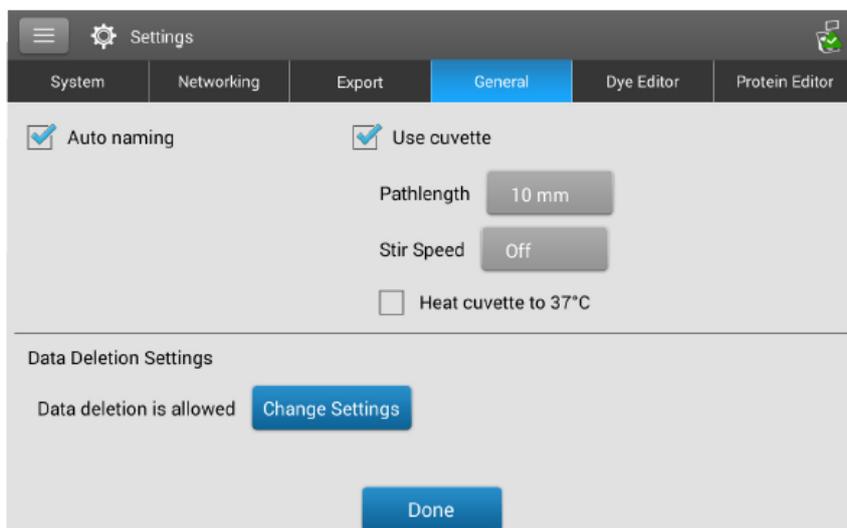
删除选定的网络位置

测试

测试所选网络位置的连接

## 常规设置

当使用以太网电缆将仪器连接到有源墙壁网络插口时，使用此选项卡可指定一个或多个网络路径，以便导出采集的数据。完成测量后从[历史记录](#)和[结束试验](#)框导出数据时，此处定义的网络路径将出现在“导出数据”列表框中。



可用的选项包括：

### 自动命名

自动使用基本名称、后面加上一个以“1”开始的唯一数字分配样品名称。使用默认（“Sample”）或用户指定的基本名称。有关详细信息，请参阅[样品名称](#)。

### 使用比色皿

选择比色皿采样模式。若选择此选项，将提供以下附加选项：

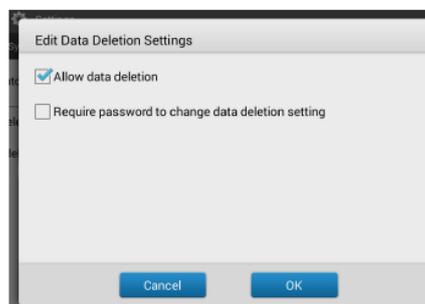
**光程：**使用比色皿进行空白检测或样品检测之前，输入比色皿光程（宽度）（有关比色皿规格的信息，请参阅比色皿制造商的文档）

**搅拌转速：**如果使用自动搅拌，将搅拌微球放入样品比色皿中并设置搅拌转速（1 到 9 档对应于 10 RPM 到 850 RPM 的转速范围，具有从零开始的受控慢加速）

**将比色皿加热至 37 °C：**如果样品比色皿需要加热，可选择此选项。比色皿加热器以 5 °C/ 分钟的速度，从室温增加到 37 °C。

## 数据删除设置

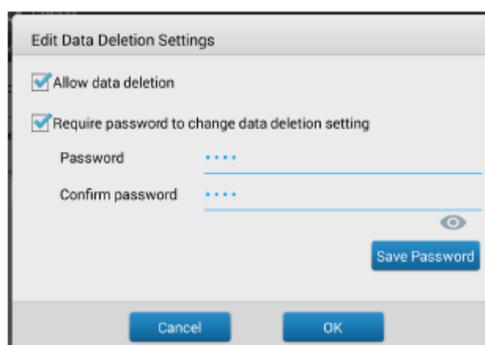
点击**更改设置**可编辑数据删除设置。您可以启用或禁用数据删除并设置密码要求。有关详细信息，请参阅“[数据删除设置](#)”。



## 数据删除设置

选择或取消选择**允许数据删除**复选框，以允许或禁止删除仪器数据以及用户自定义方法和化学计量方法。

您可以选择**需要密码以更改数据删除**，并设置密码以保护删除设置。

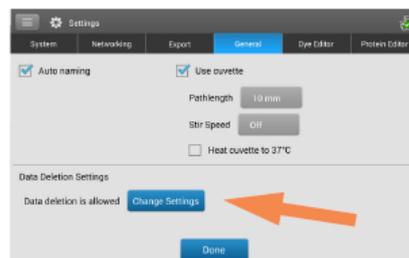


输入所需的密码并选择“保存密码”。

您可以选择将密码重置密钥保存至 U 盘。将密码重置密钥保存至 U 盘，可让您在忘记密码或无法访问密码的情况下重置密码。

## 重置仪器密码

1. 从“常规设置”中，选择更改设置



2. 选择忘记密码

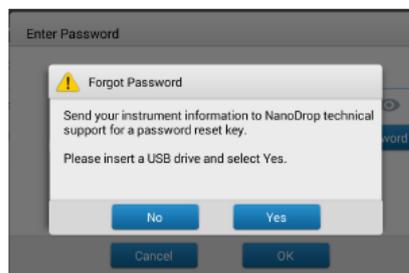


3. 执行密码密钥

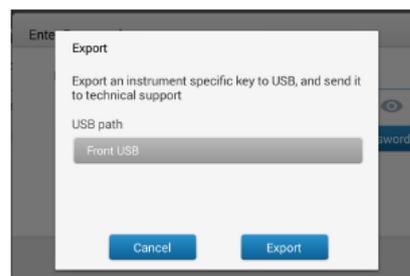
- 如果您有一个带有密码密钥的 U 盘，请将该 U 盘插入仪器并选择“是”密码被重置，这时，您可以输入新的密码。
- 如果您没有密码密钥，请选择否。继续执行步骤 4



4. 将 U 盘插入仪器，选择是。



5. 选择导出。这样会生成一个文件，供您发送到 NanoDrop 支持中心，以便他们可以为您提供一个密码重置密钥。



## PC 控制软件

通过直接连接以太网，利用 PC 控制软件从计算机 (PC) 上控制您的 NanoDrop One。如果您的计算机没有以太网端口，可以使用一个以太网至 USB 的适配器。您可以在计算机上存储或查看用 NanoDrop One 仪器采集的数据，更改仪器设置，创建或编辑用户自定义方法。

### PC 控制“主页”屏幕概览



图 1: PC 控制“主页”屏幕

就像在 NanoDrop One 仪器“主页”屏幕上一样，从分类的图标中选择您的应用。

## 控制选项

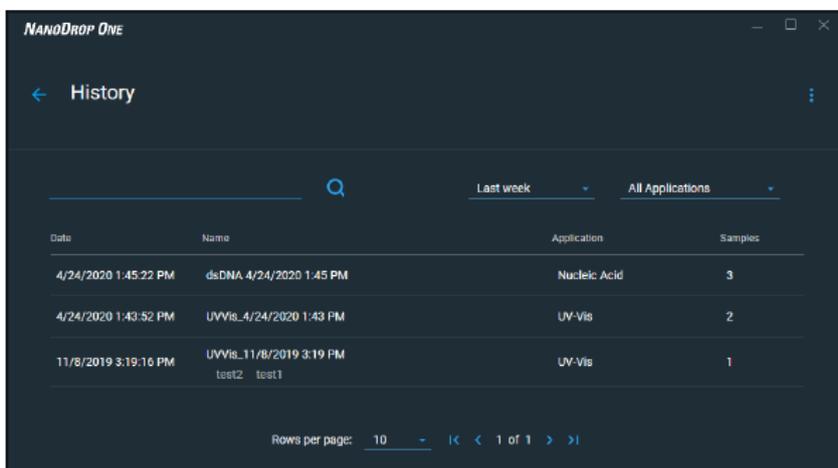


图 2: 控制选项

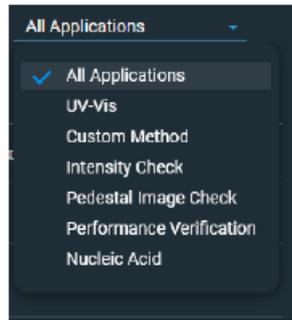
- 历史记录:** 查看本地存储的数据。按日期或应用检索。
- 性能:** 使用 PV-1 溶液执行性能验证过程。请参阅“性能验证”（第 275 页）
- 强度:** 对比色皿或基座运行强度检查。请参阅“强度检查”（第 273 页）。
- 基座图像:** 运行基座图像检查。  
请参阅“基座图像检查”（第 280 页）。
- 设置:** 设置安全服务器的位置和路径（如果需要）。请参阅“用户帐户控制”（第 14 页）
- 帮助:** 查看帮助

## 历史记录

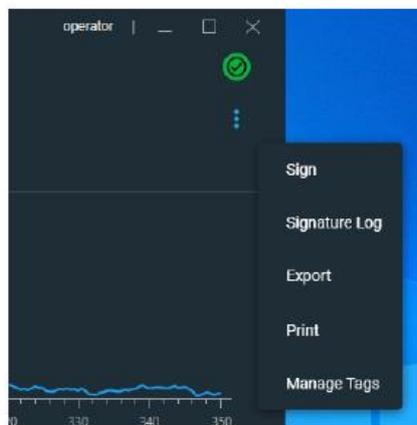
 选项的功能与仪器“历史记录”类似。您可以查看本地 PC 上进行的所有实验。



您还可以按名称搜索历史记录，按日期检索，以及按应用检索。

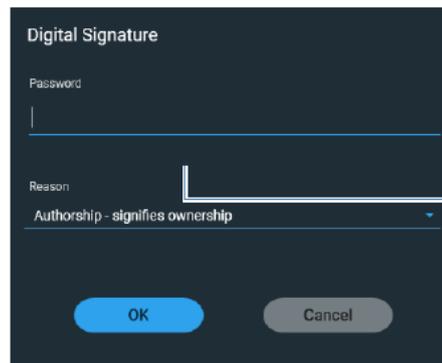


在“历史记录”中查看实验时，可以从下拉菜单中进行签名，查看签名日志，导出、打印或管理标签。



如果您对“历史记录”中的实验进行任何更改，退出时可能会要求您对更改进行签名。

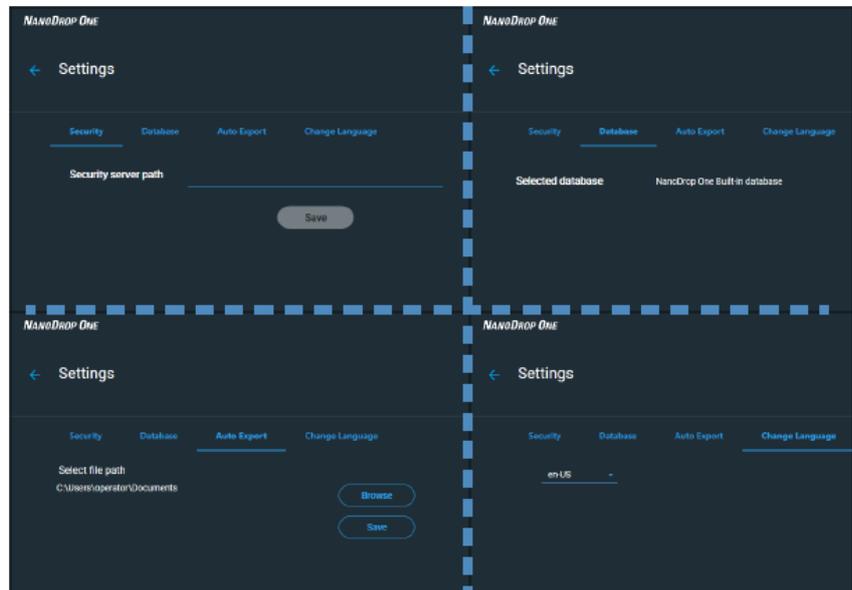
- 如有提示，请输入密码以签署更改。



输入密码以  
签署更改

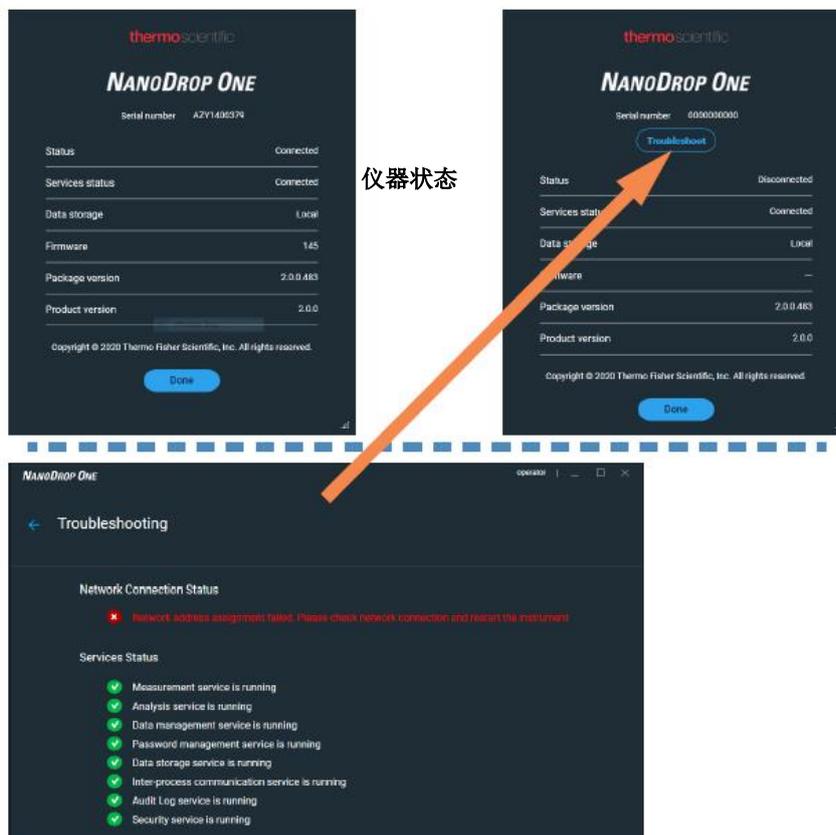
## 设置

使用  修改安全设置、查看所选数据库、选择导出数据的文件路径以及更改界面语言。



## 仪器状态

选择“仪器状态”  按钮可查看状态和仪器配置。如果仪器状态按钮为红色 ，请选择该按钮，然后点击故障排除以了解有关问题的详细信息。



## 检测屏幕显示选项

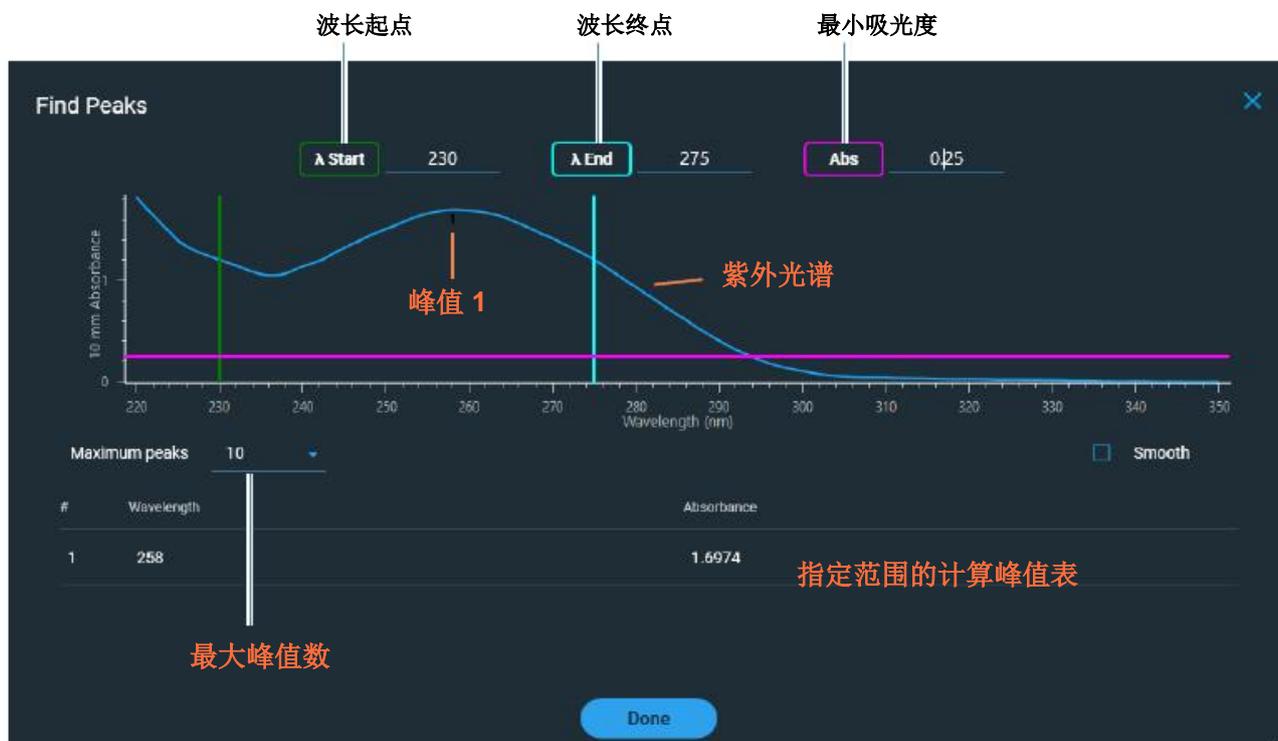
使用 PC 控制软件进行测量时，右键点击检测屏幕上的图形，会出现以下显示选项：

Overlay Mode	重叠显示多个样本。
<input checked="" type="checkbox"/> Show CrossHairs	悬停光谱位置可查看绘图数据
<input checked="" type="checkbox"/> Show Legend	显示图例
Find Peaks	计算指定范围内的峰值
Autoscale	缩放轴以拟合光谱检测
Format X-axis	点击可手动输入 x 轴范围
Format Y-axis	点击可手动输入 y 轴范围

显示选项 - 右键点击图表可查看

## 查找峰值

选择**查找峰值**可查看指定范围的计算峰值。您可以通过拖动颜色编码的限制线来输入范围，或者在光谱顶部的字段中输入数值。在定义的范围找到的峰值会在光谱下面的表格中列出。



## 维护

- [维护计划 264](#)
- [清洁触摸屏 265](#)
- [维护基座 265](#)
- [仪器去污处理 270](#)
- [维护比色皿采样系统 272](#)
- [仪器诊断 272](#)

## 维护计划

### 日常维护

- 使用去离子水清洁基座



### 定期维护

- 清洁触摸屏
- 使用 0.5M HCl 清洁基座
- 修复基座

### 每 6 个月

- 修复基座
- 运行强度检查
- 运行性能验证
- 运行基座图像检查

如果您的系统出现问题，请参阅故障排除信息。如果问题仍存在，请联系我们。如果您是在美国和加拿大以外的地区，请联系当地经销商。

如果您的仪器需要维护或维修，请联系我们或当地经销商。

## 清洁触摸屏

**注** 为了避免造成触摸屏永久性损坏，请不要：

- 用研磨材料（如纸巾）清洁触摸屏
- 施加过多压力
- 直接在触摸屏上喷射液体
- 对触摸屏滑动机构涂抹润滑剂

### 要清洁触摸屏

使用柔软的无绒布（如微纤维）轻轻擦拭触摸屏。

如有必要，可使用设计用于玻璃 LCD 显示屏的清洁剂，并按照制造商的建议使用。



## 维护基座

基座需要定期维护以保持检测的完整性。以下提供清洁和修复基座的时间线和程序。

### 清洁基座

为了避免残留和交叉污染，请在第一次空白检测或样品检测前以及每次检测结束后清洁基座。定期维护可能会要求额外的清洁（如下）或修复。

**注**

- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。
- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器远离仪器。
- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要试图取出下基座周围的隔膜，因为该隔膜永久固定在仪器上。
- 避免让盐酸、酒精、漂白剂、丙酮或其他任何溶剂留在隔膜上超过一分钟，否则可能会导致密封件松动。如果隔膜松动，请[联系我们](#)。
- 

**注** 含洗涤剂或异丙基酒精的溶液可能会使基座变成未调节状态。如果这是样品分析需要的，请随后紧跟使用 3–5  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$ 。

### 需要使用的耗材

- 无尘实验室无尘纸
- 去离子水 (DI H<sub>2</sub>O)
- 适用于彻底清洁：[PR-1 试剂盒](#)或 0.5M HCl

### 在两次检测之间清洁基座

抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。

### 轮换用户时清洁基座

1. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座
2. 将 3–5  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座。
3. 降下检测臂并等待 2–3 分钟。
4. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座。

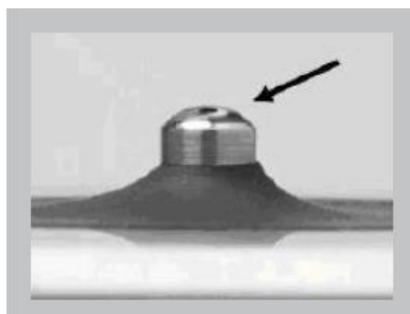
**提示：**当需要进行彻底清洁时（例如，清除遗留在基座上的干燥样品），用 0.5M HCl 替代上述程序中的 DI H<sub>2</sub>O，然后使用 3-5  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O。您也可以使用 [PR-1 化合物](#)修复基座。



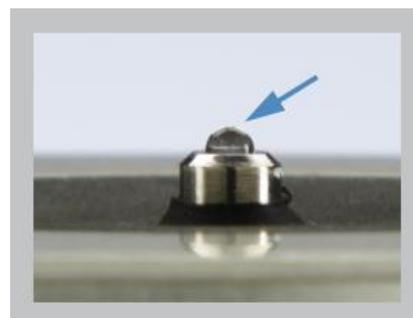
## 修复基座

基座表面可能会随着时间失去其“已调节”的属性，特别是在检测后使用异丙基酒精或含表面活性剂或洗涤剂（如 **Bradford 试剂**）的溶液之后。未调节的基座会导致下基座的液滴“变平”，从而会在检测臂降下时阻碍正确的液柱形成。得到的光谱图看起来可能“粗糙”或呈“锯齿状”。

如果样品在基座上变平（而不是串成“微珠”或形成圆形液滴）或液柱在检测期间碎裂，请修复基座。



未调节的基座  
(液滴变平)



经正确调节的基座  
(液滴形成微珠)

### 需要使用的耗材

- 无绒实验室无尘纸
- **PR-1 基座修复试剂盒**（我们或本地经销商均有提供）
- 标定精度移液器 (0–2  $\mu\text{L}$ )
- 罐装空气

## 若要修复基座



1. 打开 PR-1 化合物的容器并使用提供的点样棒来去除针头大小的化合物量。
2. 在上下基座表面均匀的涂上薄薄的一层修复化合物。

等待 30 秒使 PR-1 化合物干燥。

3. 将干净的实验室无尘纸折叠成四分之一，然后用它大力擦拭每个基座表面。

**注意：**当您擦拭上基座时，用一只手支撑仪器检测臂以避免损坏检测臂。

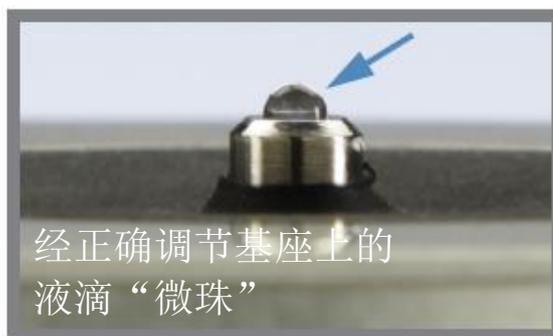
**提示：**无尘纸上的黑色残留是正常的。

4. 用新的折叠无尘纸重复步骤 3，直到所有残留去除且基座擦拭干净为止。

5. 使用罐装空气去除残留在基座上的任何纸屑。

6. 将 1  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$  移取至下基座。

DI  $\text{H}_2\text{O}$  应串成“微珠”或形成一个圆形液滴。



**提示** PR-1 基座修复化合物是修复基座最简单的方法。如果您没有 PR-1 试剂盒，按照如下步骤进行操作：

1. 抬起仪器检测臂并将 3  $\mu\text{L}$  0.5M HCl 移取至下基座。
2. 降下检测臂并等待 2–3 分钟。
3. 抬起检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座
4. 将 3  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座。
5. 降下检测臂并等待 2–3 分钟。
6. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座。

注意：当您擦拭上基座时，用一只手支撑仪器检测臂以避免损坏检测臂。

7. 将干净的实验室无尘纸折叠成四分之一，然后用它大力擦拭每个基座表面至少 50 次。
8. 使用罐装空气去除残留在基座上的任何纸屑。

## 仪器去污处理

在检测含 **危险物质** 的样品之后以及将仪器返回给我们进行维护或维修之前，请对仪器进行去污处理。

**注** 如果您的仪器需要维护或维修，请[联系我们](#)或当地经销商。

### 注

- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。
- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器远离仪器。
- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要试图取出下基座周围的隔膜，因为该隔膜永久固定在仪器上。
- 避免让盐酸、酒精、漂白剂、丙酮或其他任何溶剂留在隔膜上超过一分钟，否则可能会导致密封件松动。如果隔膜松动，请[联系我们](#)。
-

## 需要使用的耗材

- 无尘实验室无尘纸
- 去离子水 (DI H<sub>2</sub>O)
- 0.5% 次氯酸钠溶液（1:10 商业漂白剂稀释，新鲜制备）
- 移液器

### 若要去污处理基座

1. 抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。
2. 将 2–3  $\mu\text{L}$  稀释的漂白溶液（请参阅[需要使用的耗材](#)）移取至下基座。
3. 降下检测臂并等待 2–3 分钟。
4. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座。
5. 将 3–5  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座。
6. 降下检测臂并等待 2–3 分钟。
7. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座。



### 若要去污处理仪器表面

1. 用稀释的漂白溶液浸湿干净的软布或实验室无尘纸（请参阅[需要使用的耗材](#)），然后用它轻轻擦拭仪器的外表面。
2. 用 DI H<sub>2</sub>O 浸湿干净的软布或无尘纸去除漂白溶液。



## 维护比色皿采样系统

比色皿采样系统仅随 NanoDrop One<sup>C</sup> 型号的仪器提供。有关相容比色皿的详情，请参阅[使用比色皿检测样品](#)。

**注** 每次检测后，清洁并干燥比色皿。使用没有刮痕的比色皿，并避免可能会影响结果的指纹。

**注** 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。

### 若要维护比色皿采样系统

- 仪器不在使用时，请关闭仪器检测臂。
- 使用罐装空气去除比色皿架上的任何灰尘。
- 用新的实验室无尘纸清理比色皿架内的任何溢洒。



若要清洁和维护比色皿，请遵循比色皿制造商的建议。

## 仪器诊断

每 6 个月，运行以下性能和质量检查验证仪器操作是否正常。

[强度检查 273](#)

[性能验证 275](#)

[基座图像检查 280](#)

可使用 NanoDrop One 仪器或 PC 控制软件进行诊断。**强度检查**、**性能验证**和**基座图像检查**可通过 PC 控制软件“主页”屏幕访问。



图 3: 控制选项

历史记录:	查看本地存储的数据。按日期或应用检索。
性能:	使用 PV-1 溶液执行性能验证过程
强度:	对比色皿或基座运行强度检查
基座图像:	运行基座图像检查
设置:	设置安全服务器的位置和路径（如果需要）
帮助:	查看帮助

## 强度检查

每 6 个月运行强度检查，验证仪器的内部组件操作。该测试通过仪器检测氙气光源的光强度，验证吞吐量、波长精度和偏移处于规格范围内。使用基座和比色皿光程自动进行测试。

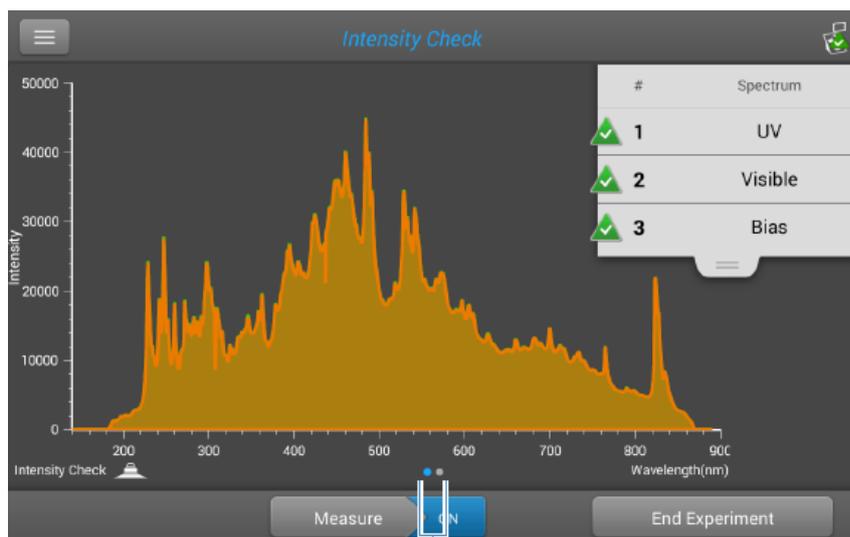
### 需要使用的耗材

- 无绒实验室无尘纸

若要运行强度检查

1. 抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。
2. 取下比色皿架上的任何比色皿。
3. 降下检测臂。
4. 在仪器“主页”屏幕上，点击 （诊断），然后点击**强度检查**。如果使用 PC 控制软件，在“主页”屏幕上选择**强度**。
5. 在仪器上，点击**检测**并等待检测完成。

此处为典型的强度检查结果屏幕的示例。

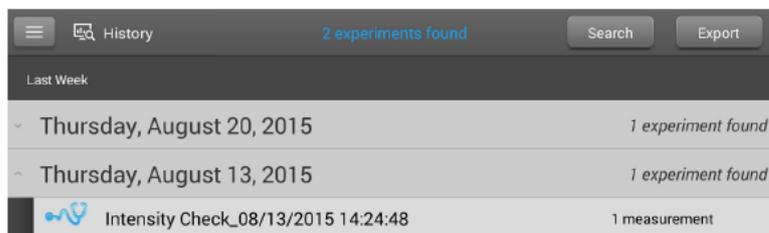


向左滑动屏幕可查看详细结果

如果使用 PC 控制软件，选择运行。

- 若要返回强度检查，点击**检测**。
- 完成后，点击**结束实验**。

测试完成后，可从“历史记录”查看结果（请参阅以下示例）。有关详细信息，请参阅[管理仪器上的标识符](#)。



## 若要解读强度检查报告

如果以下其中一个指示灯：

- 紫外光
- 可见光
- 偏移

有一个相邻的黄色三角形，而不是上面所示的绿色勾选标记，[使用去离子水清洁基座](#)，然后重复强度检查。

如果黄色的三角形出现在偏移指示灯旁边，请确保室内符合仪器的温度要求。

如果强度检查再次未通过，请[联系我们](#)。

## 性能验证

每 6 个月运行性能验证，确认光程精度符合要求。

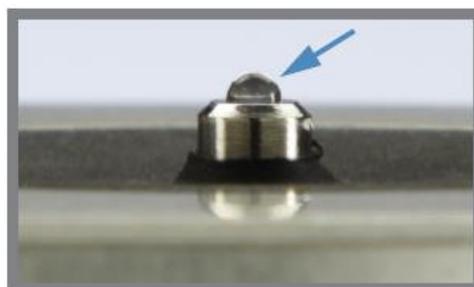
### 需要使用的耗材

- 无绒实验室无尘纸
- 去离子水 (DI H<sub>2</sub>O)
- 标定精度移液器 (0–2 µL)
- [PV-1 性能验证溶液](#)（仅能使用我们或本地经销商提供的液相光度检测标准品）
- 实验室手套

**注** PV-1 溶液采用一次性安瓿提供。打开安瓿之前，用力摇晃使液体聚集在安瓿的底部。打开安瓿后，必须在一小时内使用其内含物。直接从安瓿移取溶液；不要将溶液转移到别处。

## 开始前的准备工作

首先，确保基座已正确调节。若要测试基座调节，用新的实验室无尘纸擦拭基座，然后将 1  $\mu\text{L}$  DI H<sub>2</sub>O 移取至下基座。该液滴应串成“微珠”，如下所示。如果没有，[修复上下基座](#)。



经正确调节基座上的液滴“微珠”

## 若要运行性能验证

1. 在仪器“主页”屏幕上，点击 （诊断），然后点击**性能验证**。如果使用 PC 控制软件，在“主页”屏幕上选择**性能**。

一则消息会询问您目标吸光度值。

Performance Verification Setup

Enter the target absorbance values found on the ampoule label of your PV-1 Performance Verification Solution

Measure your blank using 1.0  $\mu\text{L}$  of DI H<sub>2</sub>O

Using individual 1.0  $\mu\text{L}$  aliquots of the PV-1 solution, measure 10 replicates

**PV-1 Performance Verification Solution**

Target #1 Abs:  Target #2 Abs:

点击一个输入框可显示数字键盘

Done

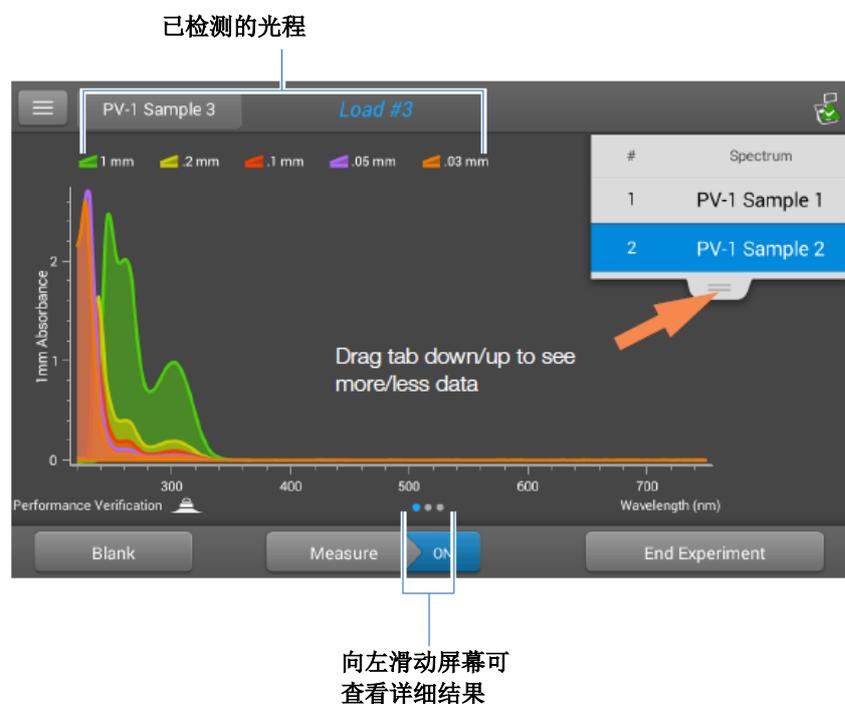
2. 在相关输入框中输入 PV-1 安瓿标签上每个特定批次的目标吸光度值，然后点击**完成**。
3. 抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。

4. 将 1  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$  移取至下基座，降下检测臂，然后点击空白检测。
5. 抬起检测臂，用新的无尘纸擦拭上下基座。

**注** 大力摇晃安瓿瓶 PV-1 溶液，让液体聚集在安瓿瓶底部，然后遵循标准惯例打开它。

6. 将 1  $\mu\text{L}$  PV-1 溶液移取至下基座，然后开始样品检测：
  - 如果自动检测设为“开启”，降下检测臂
  - 如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击检测，或从 PC 控制软选择运行。

检测之后，软体会显示结果。此处为性能验证结果屏幕的示例。



7. 重复步骤 6 检测 PV-1 溶液九次以上，每次检测请使用新的 1  $\mu\text{L}$  等分样品，并在每次检测后清洁上下基座。

每次检测后，新的样品结果将会添加到显示屏。向左滑动屏幕可查看 10 个样品结果的摘要。



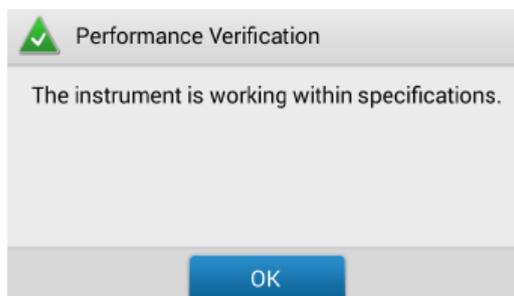
再次向左滑动可查看附加的检测详情，以及总测试结果。

	1 mm	0.2 mm	0.1 mm	0.05 mm	0.03 mm
Target Absorbance	0.96740	0.19348	0.09674	0.09935	0.05961
Current Absorbance	0.983	0.194	0.092	0.113	0.071
Average Absorbance	0.982	0.194	0.092	0.109	0.068
% Error	1.5	0.1	5.3	9.8	13.9
Standard Deviation	0.004	0.002	0.001	0.002	0.002
Measurement Wavelength (nm)	302	302	302	260	260
Correction Wavelength (nm)	600	600	600	600	600
Integration Time (ms)	40	40	40	40	40

Pass: The instrument is working within specifications.

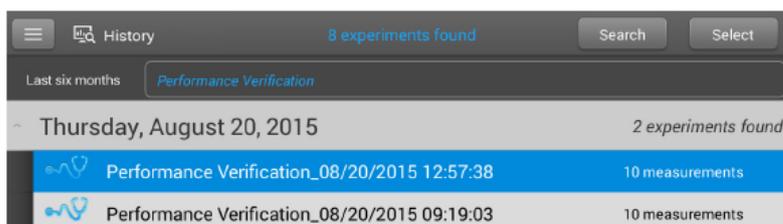
性能检测结果

经过第十次检测，将显示一则消息表示该仪器是否通过或未通过性能验证：



8. 如果仪器未通过，请立即使用 PV-1 溶液的十等分 2  $\mu\text{L}$  样品，重复步骤 6。
9. 完成后，点击**结束实验**并用 3–5  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$  清洁基座。

测试完成后，可从“历史记录”查看结果（请参阅以下示例）。有关详细信息，请参阅[管理仪器上的标识符](#)。



### 若要解读性能验证报告

如果您的仪器未通过性能验证并且您使用 2  $\mu\text{L}$  等分样品重复了十次检测，请[联系我们](#)。

## 基座图像检查

定期运行基座图像检查，以验证仪器的色谱柱传感器，该传感器可以监测样品中的空色谱柱或气泡等可能出现的错误。基座图像检查可用于常规质量控制的目的。如果检测系统组件未通过，它也会提供重要的诊断信息。

### 需要使用的耗材

- 无绒实验室无尘纸

### 若要运行基座图像检查

1. 抬起仪器检测臂，用新的实验室无尘纸擦拭上下基座。
2. 降下检测臂。
3. 在仪器“主页”屏幕上，点击 （诊断），然后点击**基座图像检查**。如果使用 PC 控制软件，在“主页”屏幕上选择**基座图像**。
4. 点击**检测**或选择**运行**。

该仪器运行了一系列测试，以检查基座位置和图像质量。检测完成后，将会显示结果。绿色勾选标记代表仪器通过了基座图像检查。

5. 完成后，点击**结束实验**。

### 若要解读基座图像检查结果

如果基座图像检查显示一个黄色三角形而不是绿色勾选标记，请按照屏幕上的指示来解决任何可能出现的问题。然后重新运行基座图像检查。如果仪器再次未通过，请[联系我们](#)。

# 安全和操作防范措施

## 目录

- 操作防范措施 282
- 安全信息 283



注 确保操作此系统的所有人员先阅读安全手册。

## 操作防范措施



**告诫** 请勿卸下仪器护盖。卸下护盖会使操作员接触尖锐边缘和脆弱的光纤电缆。卸下护盖将会导致仪器保修失效。

**NanoDrop One** 分光光度计专为符合我们要求的室内操作环境而设计。有关详细信息，请参阅仪器的场地准备指南。

使用过程中请遵循以下防范措施，避免损坏您的 **NanoDrop** 分光光度计：

- 使用适用于您的电气设备的接地电源线。如果随附的电源线不兼容或损坏，请[联系我们](#)。
- 请勿卸下仪器护盖。
- 检测臂组件下面的板采用热钢化玻璃制成。液晶显示屏采用经过热处理的化学钢化玻璃制成。两者均坚固耐用，不易断裂。但是，如果板或显示屏开裂或断裂，请联系我们进行更换。
- 使用与仪器相容的溶剂（请参阅[危险物质](#)）
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。
- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器远离仪器。
- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要试图取出下基座周围的隔膜，因为该隔膜永久固定在仪器上。
- 避免让盐酸、酒精、漂白剂、丙酮或其他任何溶剂留在隔膜上超过一分钟，否则可能会导致密封件松动。如果隔膜松动，请[联系我们](#)。

## 安全信息

操作 NanoDrop One 仪器之前，请阅读安全信息并遵循其中的系统建议。

### 安全和特殊注意事项

多数情况下，安全信息均显示在仪器机身上。该符号表示文档中备有附加安全信息，而且如果不遵循安全防范措施可能会导致人身伤害。



**警告** 表示如果未能避免可能会导致死亡或严重人身伤害的危险情况。



**告诫** 表示如果未能避免可能会导致轻度或中度人身伤害的危险情况。

**注意** 遵循此标签的指示以防止损坏系统硬件或丢失数据。

**注** 包含有帮助的补充信息。

下表列出了可能会在用户文档中出现的其中一些安全符号及其含义。

符号	含义
	这是一个强制操作符号。用于表示应采取某项操作来避免危害。
	这是一个禁止符号。此符号中的图形用于警告用户不要执行或应该停止某项操作。
	这是一个常规警告标记。不遵循安全预防措施可能会导致人身伤害。
	小心触电。如果您看到这些符号之一，则表明附近存在触电危险。只有合格人员可执行相关程序。
	避免火灾的发生。请勿测试可燃或易爆样品。请仔细阅读并遵循相关指示。
	避免对眼睛的伤害。如果您看到这些符号，表示存在紫外光照射风险，如果不佩戴护目镜，可能会伤害您的眼睛。
	避免生物危害。此图标通知该区域存在生物危害。请仔细阅读并遵循相关指示。
	避免化学灼伤。此符号提醒您存在皮肤发炎的可能性。在处理有毒、致癌、致突变、腐蚀性或刺激性化学品时，请务必戴上手套。使用认可的容器和正确程序来处置废料。

符号	描述
	交流电
	接地端或接地
	直流电
	保护导体接线端
	机架或底板端子
	保险丝
	电源开
	电源关

## 当系统送达时



**警告** 避免人身伤害。如果不按照随附文档中指定的方式使用本仪器，可能会削弱仪器提供的保护功能。



**告诫** 避免人身伤害。仅执行文档中描述的程序。如果出现其它问题，请联系我们。任何其它检修工作必须由受过培训的人员执行。



**告诫** 小心触电。请勿取下仪器护盖。所有针对仪器的检修必须由受过培训的人员执行。

当系统送达时，检查装运箱的外部是否有损坏痕迹。如果出现损坏，请联系我们或当地经销商，以咨询处理此情况的指示。

- 必须在安装前至少 24 小时将装运箱搬运到安装地点。

### 注

- 在装运箱内，使用塑料袋将仪器密封以确保其干燥。
- 打开塑料袋之前，请让仪器静置 24 小时以达到室温。如果在仪器达到室温之前打开塑料袋，湿气将会在光学组件上冷凝并导致永久性损坏。
- 注意始终保持仪器直立。

保修范围将不涵盖：

- 不正确搬运技术所导致的损坏。
- 在仪器达到室温之前取下密封塑料袋所导致的损坏。

**注** 请务必在仪器送达之前，完成所有的系统辅助设施安装。辅助设施安装必须遵循所有的当地建筑和安全法规。

## 抬起或搬运仪器

为了避免人身伤害，搬运仪器或其它系统组件时，请使用合适的升降技术。

## 电气要求及安全

系统的电源供应必须来自专用的不间断电源。不得有压差、瞬变峰值、频率偏移或其它可能削弱可靠性能的线路干扰。

如果怀疑您所在地点的电力质量有问题，或将在重工业环境中安装系统，我们建议在安装之前进行电力质量核查。有关详细信息，请联系我们或您所在地的电力局。



### 告诫 小心触电。

- 仅允许合格人员使用合适的检测设备检测线路的电压、电流和频率。
- 仅允许经过我们培训和认证的服务代表对带有此符号的部件进行检修。
- 如果某个系统组件的防护盖出现损坏，请关闭系统并将其锁定以避免任何不必要的操作。装运后，请务必检查防护盖以了解运输应力。
- 即使断开此仪器的所有电源，电容仍可能在 30 秒内保持充电的状态，这会导致触电。
- 不要让液体流过或流入任何可能会进入仪器内部的表面。
- 请勿试图取下仪器护盖。

### 接地



**告诫 小心触电。** 使用的每个墙上插座必须配备接地线。接地线必须是与主配电箱中的地线连接且不带电流的线。

## 电源线

确保使用适用于您的电气设备的合适接地电源线。如果收到的电源线不适合您所在地的电力系统，或者电源线受损，请[联系我们](#)。

### 输电线调节附件

在建筑物其它地方出现电源中断的情况下，UPS 可以减少系统关闭的几率。我们还在美国境内提供用于 120 伏操作的输电线调节器（确保您的服务不受电压突降、电涌或其它线路干扰的影响）。适用于 220 伏操作的线路调节器可在当地购买。有关线路调节器和 UPS 的信息，请联系技术支持中心。

## 电力服务规格

下表列出了电力服务的规格。如果您对 these 要求有任何问题，请联系我们在当地的代表。

要求	规格
输入电流	5.0 A (最大)
输入电压	100-240 VAC
线路频率	50-60 Hz
线路干扰	电压突降、电涌或其它线路干扰不得超过输入电压的 10% (即使在半周期以内)。
噪声	< 2 V (通用模式) < 20 V (正常模式)

## 功耗

一般而言，可用的电能应比整个系统（包括附件）通常使用的电能多 50%。光谱仪和附件的最大功耗和散热规格如下所示。提供的数据是近似值。

项目	功耗	最大散热
仪器	60 W	205 Btu/hr

## 火灾安全和灼伤危险

**注** 请勿将仪器置于难以操作电源开关或难以接触电源或电源线的地方。

为避免灼伤及火灾或爆炸的发生：

- 测试可燃或易爆样品时必须格外小心（请参阅“危险物质”章节）。
- 切勿堵塞仪器或其电源上的任何通风孔。
- 仅使用我们提供的正确替换电源

## 光学安全性

此仪器设计有防护盖，可防止用户遭受紫外光照射。



**警告** 避免人身伤害。切勿直视亮起的灯。

## 危险物质

许多标准光谱学方法都以溶剂的使用为基础。其他则涉及处于气态的腐蚀性或经过加压的样品。

### 挥发性溶剂和可燃样品



**告诫** 避免人身伤害。请勿将溶剂或可燃样品置于仪器附近。确保工作区适当通风。

## 相容溶剂

生命科学实验室中通常使用的大多数溶剂，与所有 NanoDrop 分光光度计的光纤基座相容。但是，一些溶剂的高蒸汽压力特性，在使用任何 NanoDrop 仪器上的检测基座进行小体积检测时可能不具传导性。如果您检测的样品具有高蒸汽压力，请使用提供比色皿检测样品功能的仪器。

以下溶剂可相容用于所有 NanoDrop 仪器上的基座。

**注** 若这些溶剂溅溢在除了基座以外的任何其它表面可能会损坏仪器。

- |        |                      |             |
|--------|----------------------|-------------|
| • 甲醇   | • 乙醇                 | • 正丙醇       |
| • 异丙醇  | • 丁醇                 | • 丙酮        |
| • 醚    | • 氯仿                 | • 四氯化碳      |
| • DMSO | • DMF                | • 乙腈        |
| • THF  | • 甲苯                 | • 己烷        |
| • 苯    | • 氢氧化钠               | • 次氯酸钠（漂白剂） |
| • 稀盐酸  | • 稀 HNO <sub>3</sub> | • 稀醋酸       |

建议完成检测后立即擦除基座上的所有腐蚀性溶剂。此外，还建议用户在结束时进行一系列的 dH<sub>2</sub>O 样品检测，确保溶剂未意外留在基座上。

NanoDrop 基座周围的隔膜永久固定到仪器上。请勿试图取下隔膜或破开密封。避免让隔膜长时间暴露在 HCl、酒精、漂白剂、丙酮或其它溶剂中，否则，可能会影响用于固定密封的粘合剂。如果密封松动，请联系我们。

**注** 所有形式的氢氟酸 (HF) 均不相容，因为氟离子会腐蚀光纤电缆。

### 生物危害或放射性物质和传染性物质

生物样品，例如，人类和其它动物的组织、体液、传染性物质和血液，均具有传播传染性疾病的潜能。请穿戴适当的防护设备。操作潜在传染性物质之前，应根据适用法规和机构要求来培训相关人员。操作和/或处理潜在传染性物质时，请务必遵循贵机构的“生物安全计划”方案。



**警告** 减少与潜在传染性样品有关的危险：

- 切勿让样品溅溢在任何仪器组件上。
- 如果发生溅溢，请务必立即按照您的实验室操作程序消毒外部表面。

如果仪器、附件、组件或其它相关材料被生物危害或放射性物质、传染性物质或其它任何可能对员工构成健康或人身伤害危险的物质和/或场合所污染，则不应将其进行废物处置，也不可以退还给我们或其他附件制造商。如果您对去除污染的要求有疑问，请联系我们。