



NanoDrop 微紫外 / 可见光分光光度计

NanoDrop One

用户手册

269-309101 Revision B 2016 年 7 月

Thermo
SCIENTIFIC

©2015- 2016 Thermo Fisher Scientific Inc. 保留所有权利。

DYMO 和 LabelWriter 是 Newell Rubbermaid 在美国和 / 或其他国家（地区）的商标或注册商标。Wi-Fi 是 Wi-Fi Alliance 在美国和 / 或其他国家（地区）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（地区）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：

Unity Lab Services
Part of Thermo Fisher Scientific
5225 Verona Road
Madison WI 53711-4495 U.S.A.
电话：1 800 532 4752
电子邮件：us.techsupport.analyze@thermofisher.com

若要获得国际支持，请联系：

Thermo Fisher Scientific
电话：+1 608 273 5017
电子邮件：support.madison@thermofisher.com

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。

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

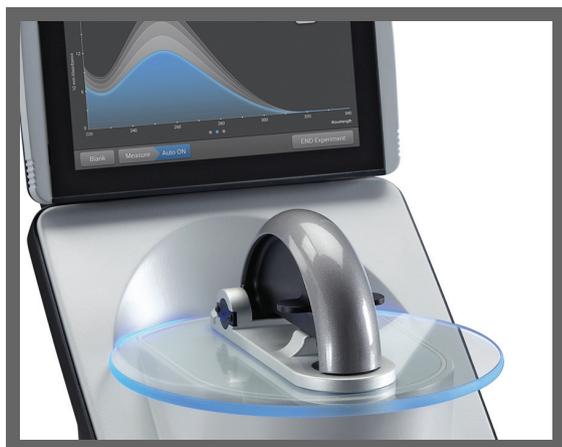
第 1 章	NanoDrop One 分光光度计简介	1
	仪器型号与功能	2
	可选配件	5
	注册您的仪器	6
	更新软件	7
第 2 章	应用	9
	适用于全部应用的检测限	9
	检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA	13
	检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA	13
	核酸报告结果	16
	核酸检测设置	17
	核酸检测计算	18
	检测基因芯片	21
	检测基因芯片样品	21
	基因芯片报告结果	24
	基因芯片检测设置	26
	基因芯片检测计算	29
	使用用户自定义系数进行检测	33
	使用用户自定义系数检测核酸	33
	用户自定义系数报告结果	35
	使用用户自定义系数检测核酸的设置	36
	使用用户自定义系数检测核酸的检测限	36
	检测寡核苷酸 DNA 或 寡核苷酸 RNA.....	39
	检测寡核苷酸 DNA 或 寡核苷酸 RNA.....	39
	寡核苷酸报告结果	42
	用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的设置.....	44
	用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的检测限.....	45
	用于寡核苷酸 DNA 和寡核苷酸 RNA 检测的计算.....	46
	检测蛋白质 A280.....	49
	检测 A280 处的蛋白质浓度.....	49
	蛋白质 A280 报告结果	53
	用于蛋白质 A280 检测的设置	54
	用于蛋白质 A280 检测的检测限	59
	用于蛋白质 A280 检测的计算.....	60

检测蛋白芯片	65
检测标记蛋白样品	65
蛋白芯片报告结果	68
适用于蛋白芯片检测的设置	70
适用于蛋白芯片检测的检测限	71
适用于蛋白芯片检测的计算	72
检测蛋白质 A205	75
检测 A205 处的蛋白质浓度	75
蛋白质 A205 报告结果	77
用于蛋白质 A205 检测的设置	79
用于蛋白质 A205 检测的计算	79
检测蛋白质 BCA 法	81
检测总蛋白浓度	81
蛋白质 BCA 法报告结果	90
用于蛋白质 BCA 法检测的设置	93
检测蛋白质 Bradford 法	95
检测总蛋白浓度	95
蛋白质 Bradford 法报告结果	100
用于蛋白质 Bradford 法检测的设置	103
检测蛋白质 Lowry 法	105
检测总蛋白浓度	105
蛋白质 Lowry 法报告结果	109
用于蛋白质 Lowry 法检测的设置	112
检测蛋白质 Pierce 660	113
检测总蛋白浓度	113
蛋白质 Pierce 660 法报告结果	118
用于蛋白质 Pierce 660 法检测的设置	121
检测 OD600	123
检测 OD600	123
OD600 报告结果	127
OD600 检测设置	129
OD600 检测计算	130
检测用户自定义	131
使用用户自定义方法进行检测	131
删除用户自定义方法	135
用户自定义方法报告结果	136
检测紫外 - 可见光	139
检测紫外 - 可见光	139
紫外 - 可见光报告结果	142
紫外 - 可见光检测设置	144

	检测动力学	145
	检测动力学	145
	创建动力学方法	148
	编辑动力学方法	150
	动力学报告结果	151
	动力学检测设置	156
第 3 章	学习中心	159
	微体积采样 - 工作原理	160
	设置仪器	162
	检测微体积样品	175
	使用比色皿检测样品	182
	制备样品和空白检测	186
	基本仪器操作	192
	NanoDrop One 主页屏幕	193
	NanoDrop One 仪器屏幕	197
	NanoDrop One 数据浏览器	204
	NanoDrop One 通用操作	211
	仪器设置	218
	Acclaro 样品智能检测技术	222
	NanoDrop One 浏览器软件	229
	浏览器主页屏幕	230
	管理实验和相关数据	232
	管理计算机上的标识符	240
	管理自定义方法	245
	多媒体	256
第 4 章	维护您的仪器	259
	维护计划	260
	清洁触摸屏	261
	维护基座	262
	清洁基座	262
	修复基座	264
	仪器去污处理	267
	维护比色皿取样系统	269
	仪器诊断	270
	强度检查	270
	性能验证	272
	基座图像检查	277
第 5 章	安全和操作防范措施	279
	操作防范措施	280
	安全注意事项	281

第 6 章	关于本帮助系统.....	289
第 7 章	联系技术支持中心	291

NanoDrop One 分光光度计简介



Thermo Scientific™ NanoDrop™ One 是紧凑型的独立式紫外可见光 分光光度计，专用于对提纯后的核酸和多种蛋白质进行微体积分析。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。可将该仪器连接至选配的 USB 标签打印机。

通知 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。



仪器型号与功能

我们推出了两种型号的 NanoDrop One 分光光度计 ...



可选配件

我们为 NanoDrop One 仪器提供了多种可选配件 ...



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 ...



更新软件

快速轻松下载最新版的 NanoDrop One 软件 ...

仪器型号与功能

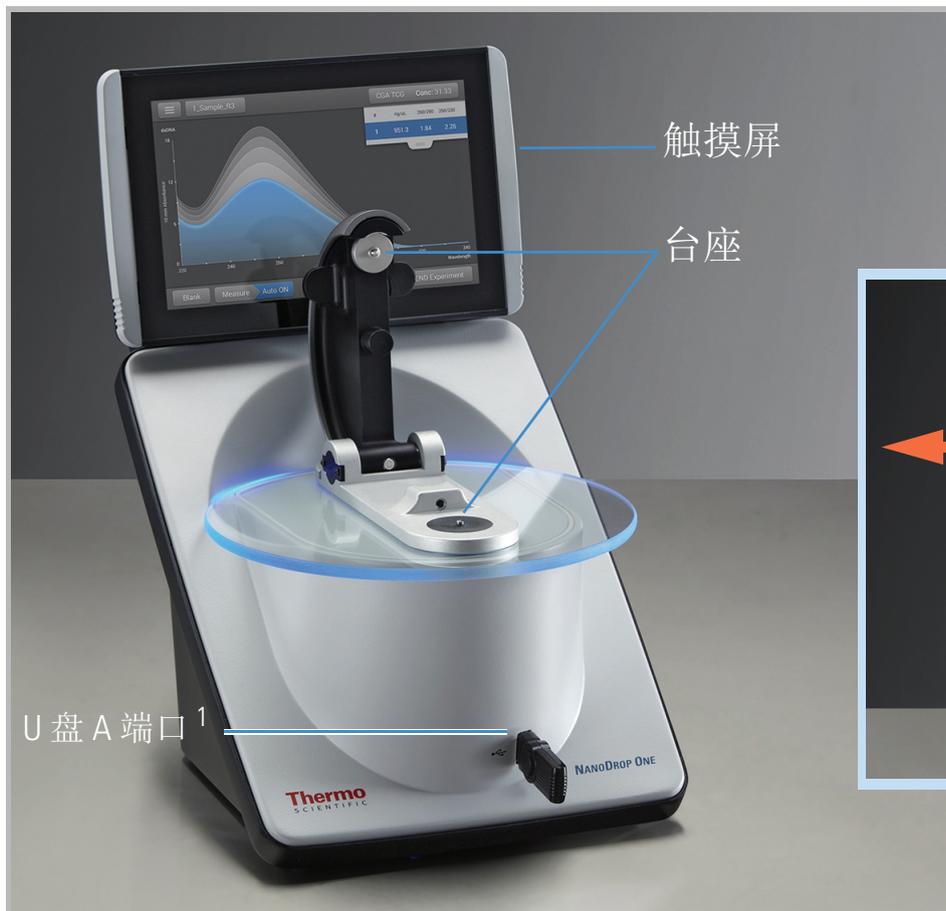
我们推出了两种型号的 NanoDrop One 分光光度计 — NanoDrop One 和 NanoDrop One^C。这两种型号均配备获得专利的**微体积样品滞留系统**并具备常规功能。NanoDrop One^C 型号还配备一个**比色皿架**，以便使用标准紫外可见光比色皿对稀释样品进行分析。

这两种类型的仪器均配备内置的 7 英寸 Android 高清触摸屏，其中预装了简便易用的仪器控制软件。预装的 NanoDrop One 软件能够与您的日常工作流程相结合，从而使工作流程更加简化。



¹ 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

触摸屏

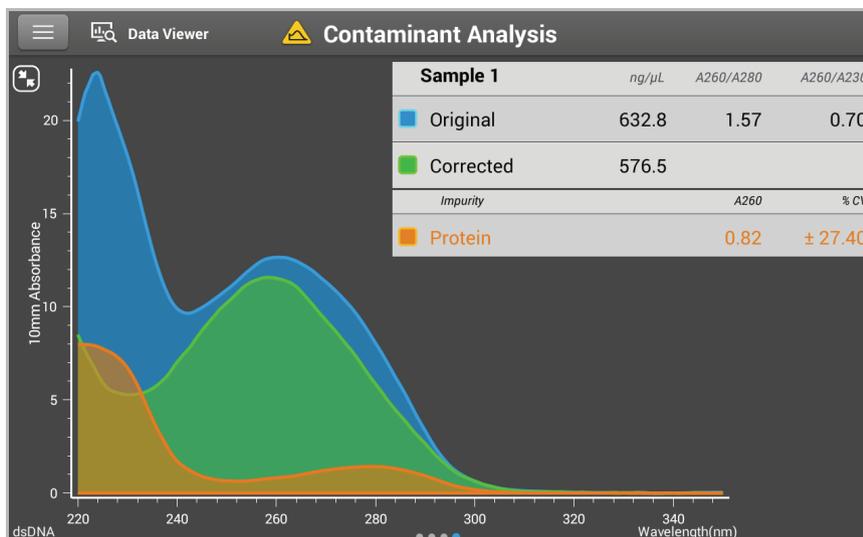


可根据个人喜好将触摸屏滑向左侧或右侧，也可前后倾斜以获得最佳视觉效果。



¹ 在仪器的后面板上还有两个 U 盘 A 端口

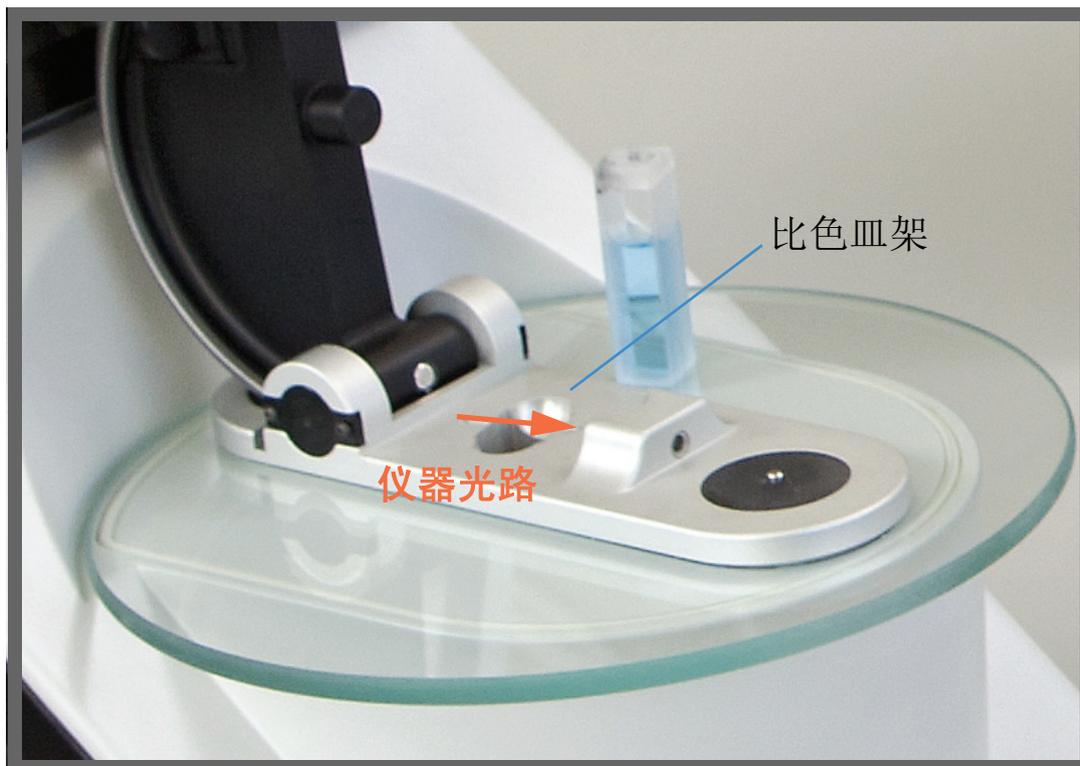
采用 Acclaro 样品智能检测技术的 NanoDrop One 软件



NanoDrop One 仪器中内置的 **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典型或很低的浓度
- 无效结果警告（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）

NanoDrop One^C 附加功能



NanoDrop One^C 型号配备一个比色皿架，可用于检测稀释样品、进行比色测定、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](#)。

可选配件

我们为 NanoDrop One 仪器提供了多种可选配件。要订购配件，请联系您当地的经销商或访问[我们的网站](#)。

DYMO™ LabelWriter™ 450 USB 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）与仪器相连。

PR-1 平台调整复合剂盒



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[重调台座状态](#)。

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](#)。

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：
 - 在运行于联网计算机 (PC) 上的 **NanoDrop One 浏览器软件** 中，打开“帮助”菜单，然后选择 **NanoDrop One 网站**。
 - 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](#)。
2. 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 浏览器软件。要下载软件，需具备互联网连接。

安装或更新 NanoDrop One 浏览器软件

1. 执行下列操作之一：
 - 首次在计算机上安装浏览器软件时，打开任意网络浏览器，找到 NanoDrop 网站。
 - 要更新或升级浏览器软件，在“浏览器主页”屏幕中，打开“帮助”菜单并选择 **NanoDrop One 网站**，以打开我们的网站。
2. 在 NanoDrop 网站上，找到该软件的下载页面。
3. 选择下载 NanoDrop One (PC) 浏览器软件（英文版），按照说明下载并运行安装程序。（安装程序完成后需重启计算机。）
4. 要添加语言，包括软件和帮助系统，下载并运行语言包安装程序（必须首先安装英文）。（语言安装程序完成后无需重启计算机。）

更新或升级 NanoDrop One 仪器软件

1. 执行下列操作之一：
 - 在 **NanoDrop One 浏览器软件** 中，打开“帮助”菜单，然后选择 **NanoDropOne 网站** 打开我们的网站。
 - 在连接到互联网的任何个人计算机上，导航至 NanoDrop 网站。
2. 将一个 USB 设备（例如，记忆棒）插入计算机上的 USB 端口。
3. 在 NanoDrop 网站上，找到该软件下载页面，选择更新或升级 NanoDrop One 操作软件（英文版），然后根据说明将安装程序下载到 USB 设备中。
4. 要添加语言，包括软件和帮助系统，将语言包安装程序下载到 USB 设备中。
5. 将该 USB 设备插入 NanoDrop One 仪器上的任意 **USB 端口**。
6. 在仪器“主页”屏幕上，点击 （设置）> **系统** > **更新软件**。

如果该 USB 设备中包含多个安装程序版本，则会显示一条消息。选择要安装的版本（必须首先运行英文安装程序），然后点击**更新**。（英文安装程序完成后需重启仪器。）

完成安装后，在“更新软件”按钮旁会显示一条与以下示例类似的消息：

版本：1.2.0（当前安装的仪器操作软件版本）

数据库版本：1（此仪器上的 NanoDrop One 数据库版本）

7. 要添加语言，包括软件和帮助系统，再次点击**更新软件**，选择要安装的语言和版本，然后点击**更新**。（语言安装程序完成后无需重启仪器。）

注释：要更改语言，点击**语言**，选择已安装的语言并点击**确定**。（更改语言后需重启仪器。）

应用

适用于全部应用的检测限



注释 下表提供的检测范围为近似值并仅适用于微体积检测；这些范围基于仪器的 0–550 A 吸光度范围（10 mm 等量）。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范围

样品类型	检测下限	检测上限	典型重复性 ^a
双链 DNA	2.0 ng/μL（基座）	27,500 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%
	0.20 ng/μL（比色皿）	75 ng/μL（比色皿）	
单链 DNA	1.3 ng/μL（基座）	18,150 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）	
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）	

2 应用

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 ^a
通过蛋白质 A280 法的纯化 BSA	0.06 mg/mL (基座) 0.006 mg/mL (比色皿)	825 mg/mL (基座)	±0.10 mg/mL (0.10–10 mg/mL 样品) ; > 10 mg/mL 样品为 ±2%
通过蛋白质 A280 法的 IgG	0.03 mg/mL (基座) 0.003 mg/mL (比色皿)	402 mg/mL (基座)	
通过蛋白芯片的纯化 BSA	0.06 mg/mL (基座) 0.006 mg/mL (比色皿)	19 mg/mL (基座)	0.10–10 mg/mL 样品为 ±0.10 mg/mL
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%
	0.01 mg/mL (1:1 试剂 / 样品体积)	0.20 mg/mL (比色皿)	整个范围的 0.01 mg/mL
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 样品为 ±25 µg/mL 500–8000 µg/mL 样品为 ±5%
	15 µg/mL (1:1 试剂 / 样品体积)	100 µg/µL	15–50 µg/mL 样品为 ±4 µg/mL 50–125 µg/mL 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 样品为 ±3 µg/mL > 125 µg/mL 样品为 ±2%
	25 µg/mL (7.5:1 试剂 / 样品体积)	1000 µg/mL	25–125 µg/mL 样品为 ±3 µg/mL > 125 µg/mL 样品为 ±2%

^a 基于五次重复 (SD=ng/µL; CV=%)

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

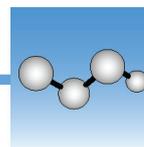
- 对于微体积检测，260 nm 处（核酸）或 280 nm 处（蛋白质）的最大吸光度应小于 62.5 A。
- 对于使用 10 mm 光程比色皿的检测，260 nm（或对于蛋白质的 280 nm）处的最大吸光度应小于 1.5 A，约为 75 ng/µL 双链 DNA。

适用于预定义染料的检测范围

样品类型	检测下限	检测上限 ^a	典型重复性 ^b
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%

^a 近似值

^b 基于五次重复 (SD=ng/μL; CV=%)



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})。也可使用一个单点基线校正。

检测双链 DNA、单链 DNA 或 RNA 样品

通知

- 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抹布擦拭基座。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 μL 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。

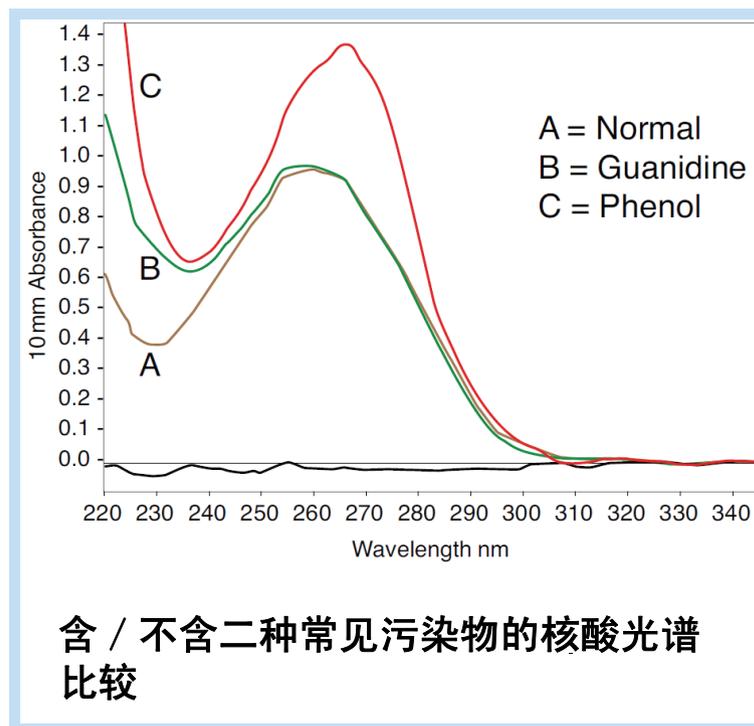
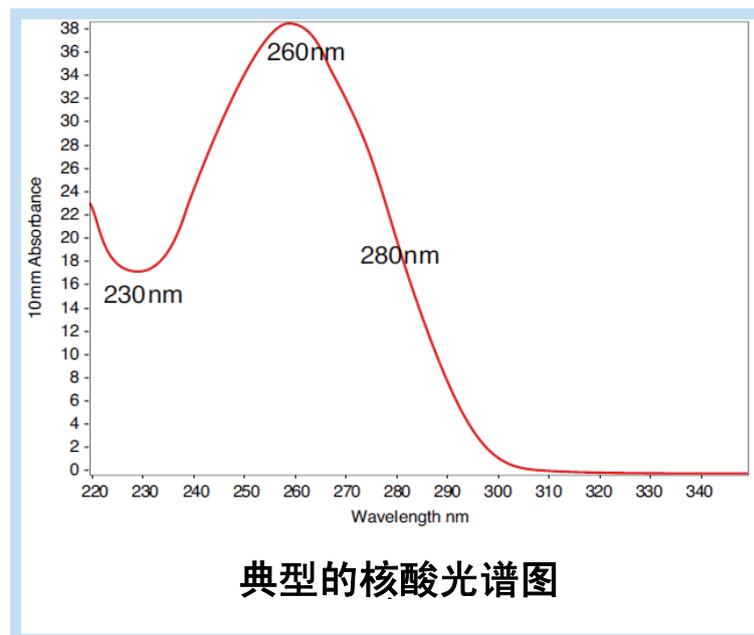
4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 1-2 μL 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，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



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](#)。

注释 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 会增加处于 230 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[吸光度检测范围](#)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的。
- 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](#)。
- 用于微体积检测：
 - 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 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^C 仪器），请使用相容比色皿然后按照[比色皿检测的最佳实践](#)。

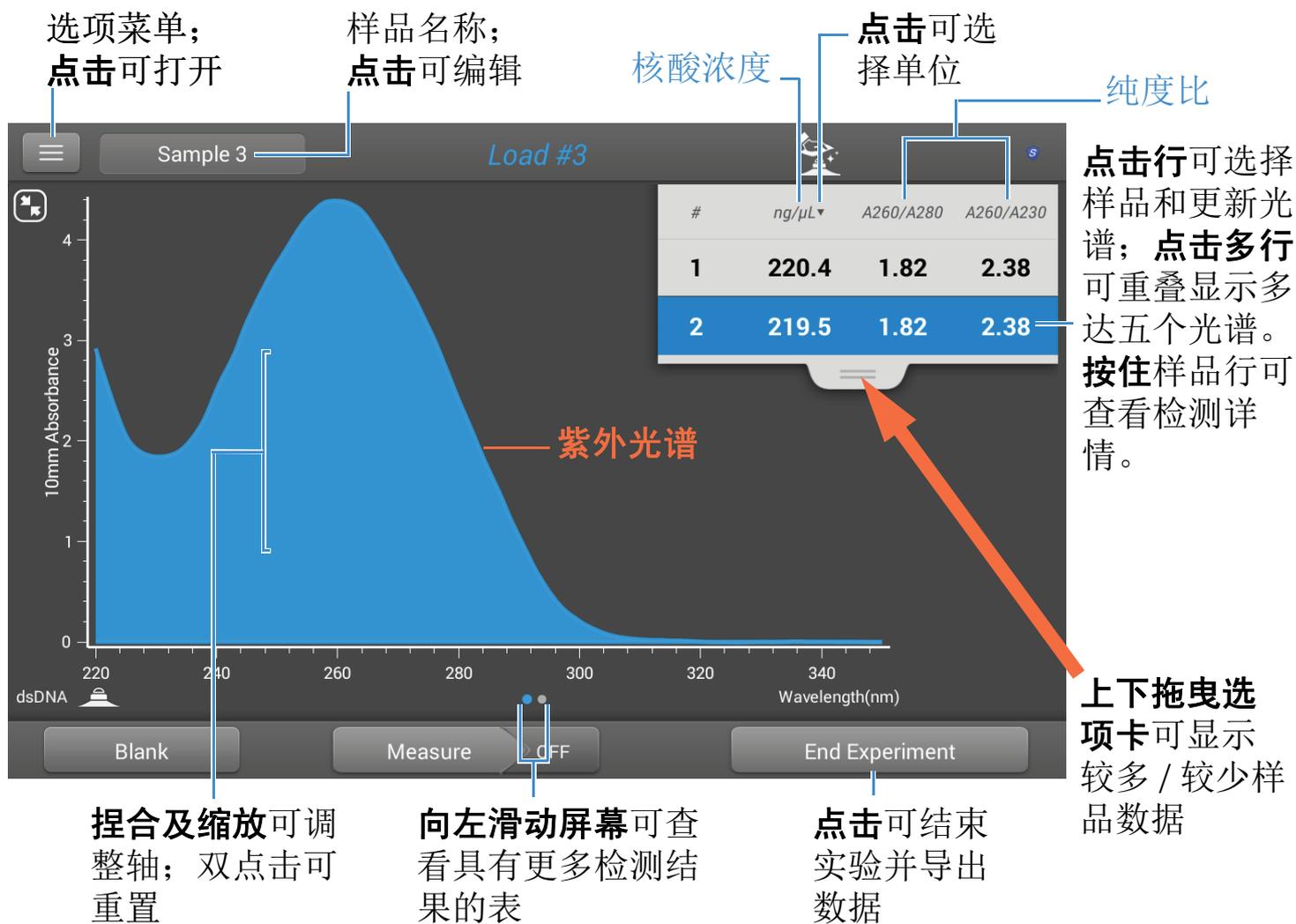
相关主题

- [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](#)
- [制备样品和空白检测](#)
- [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。示例：



注释 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 当量。

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。示例：

- 样品详情（使用的应用和取样方法，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

相关主题

- 基本仪器操作
- 核酸计算

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值。 软件会从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去指定基线校正波长处的吸光值，矫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值为零。

相关主题

- [仪器设置](#)

核酸检测计算

核酸应用使用 [Beer-Lambert 等式](#) 关联吸光度和浓度。用于浓度的解决 Beer 定律产生的方程位于右边。

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)

ϵ = 波长相关的摩尔吸光系数（或消光系数），单位为升 / 摩尔 - 厘米

b = 光程，单位为厘米

c = 分析物浓度，单位为摩尔 / 升或摩尔单位 (M)

注释： 将检测的样品溶液吸光值，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](#)。

核酸应用使用修饰的 Beer-Lambert 等式（如右图所示）计算样品浓度，其中消光系数和光程相结合，被称为“系数”。

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。

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：

$$\text{系数 (f)} = 1/(\epsilon * b)$$

其中：

ϵ = 波长相关的摩尔消光系数，单位为 ng-cm/ μ L

b = 样品光程，单位为厘米

作为结果，分析物浓度 (c) 的计算为：

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

或者

$$c = A * f$$

其中：

c = 分析物浓度，单位为 ng/ μ L

A = 以吸光度单位 (A) 表示的吸光度

f = 系数，单位为 ng-cm/ μ L（如下所示）

使用的系数

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

计算的核酸浓度基于 260 nm 处的吸光值、使用的系数和样品光程。也会应用单点基线校正（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

注释：对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 处检测。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 处吸光度。将报告 260 nm 时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 和 280 nm 处标准化和基线已校正（如选择）吸光度值用于计算 A260/A230 和 A260/A280 比率。

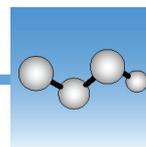
样品光程

- 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 ng/μL、μg/uL 或 μg/mL）报告。使用校正的核酸吸光值，基于修改的 Beer 定律等式计算。
- **A260/A280 纯度比。**260 nm 处已校正吸光度比可用于 280 nm 处已校正吸光度。~1.8 的 A260/A280 纯度比通常可接受为“纯”DNA（RNA 为 ~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 处已校正吸光度比可用于 230 nm 处已校正吸光度。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。

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



检测基因芯片

检测已被标注为在下游基因芯片应用中使用最多 2 个荧光染料的纯化核酸浓度。

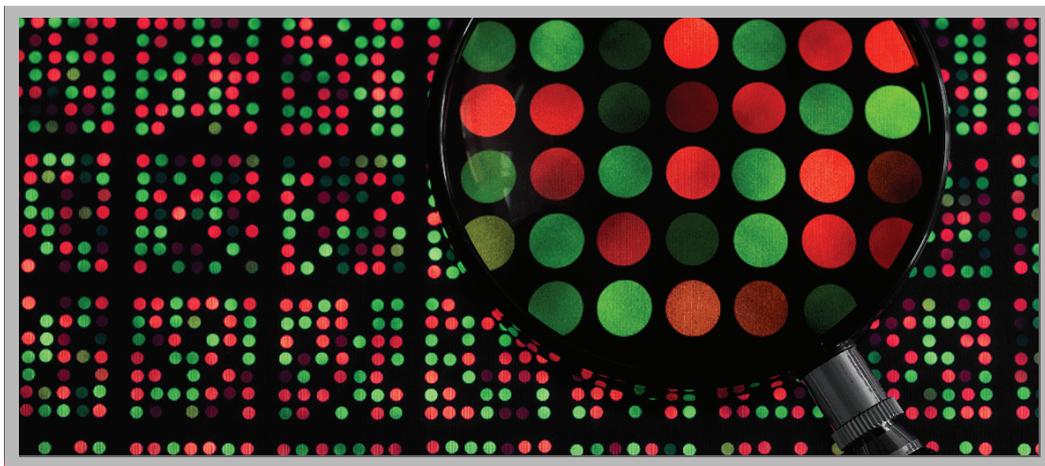
检测基因芯片样品

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。

检测基因芯片样品

通知

- 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抹布擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

❖ 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 μL 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。

6. 将 1-2 μL 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**。

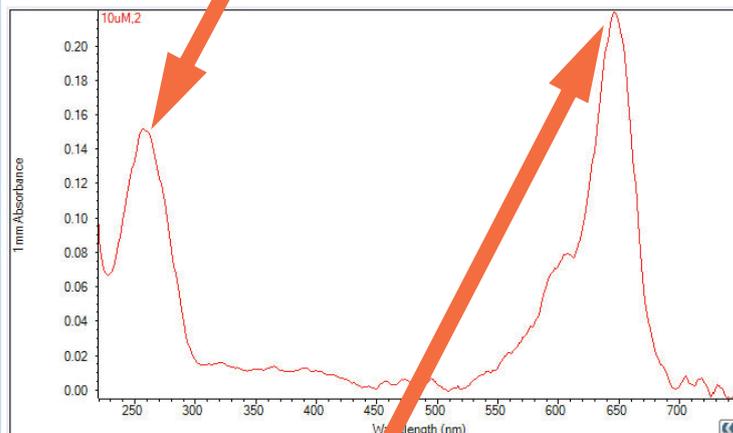
– 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

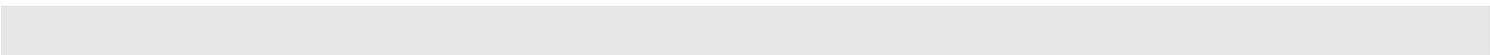
A260 吸光度谱峰用于计算核酸浓度。



染料吸光度谱峰用于计算染料浓度。

典型的基因芯片光谱图

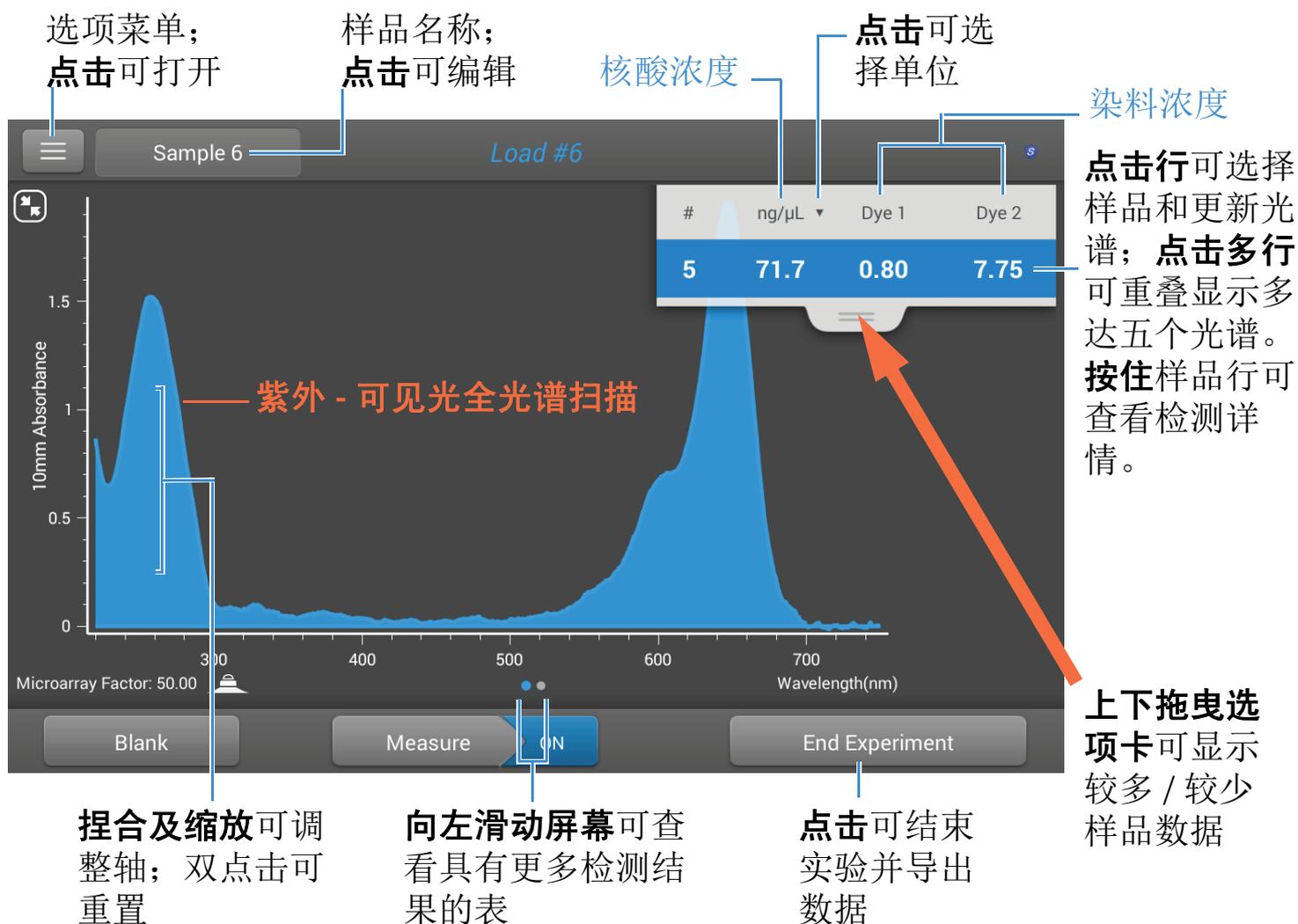
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [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。示例：



注释

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 750 nm 处的吸光值）。
- 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 当量。

基因芯片值

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。若要查看所有报告值，可按住样品行。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
- 分析校正
- 系数

相关主题

- 基本仪器操作
- 微阵列计算

基因芯片检测设置

基因芯片检测设置

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“基因芯片检测设置”屏幕。要在“基因芯片检测”屏幕中显示基因芯片检测设置，点击  > **基因芯片检测设置**。

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/ μ 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/ μ L）	单链 DNA 的广泛接受值
	RNA（使用不可编辑的系数 40 ng-cm/ μ 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/ μ 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。
	寡核苷酸 RNA 使用不可编辑的计算系数，单位为 ng-cm/ μ L	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、U、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/ μ L）	输入介于 15 ng-cm/ μ L 和 150 ng-cm/ μ L 之间的 系数
染料 1/ 染料 2 类型 ^a	Cy3、5、3.5 或 5.5、Alexa Fluor 488、546、555、594、647 或 660	选择用于标识样品材料的预定义染料，或已经使用染料 / 色谱图添加的染料。编辑器。
染料 1/ 染料 2 单位	皮摩尔 / 微升 (pmol/ μ L), 微摩尔 (uM), 或毫摩尔 (mM)	选择用于报告染料浓度的单位
分析校正 ^b	打开或关闭	从分析波长处的吸光值，减去指定分析校正波长处的吸光值，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。 提示： 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。
	输入分析校正波长，单位为 nm 或使用默认值 (340 nm)	

^a 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。

^b 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，添加到基因芯片检测设置或蛋白芯片检测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 / 色谱图。编辑器
- 在“基因芯片”或“蛋白芯片检测”屏幕上，点击  >  设置 > 染料 / 色谱图。编辑器

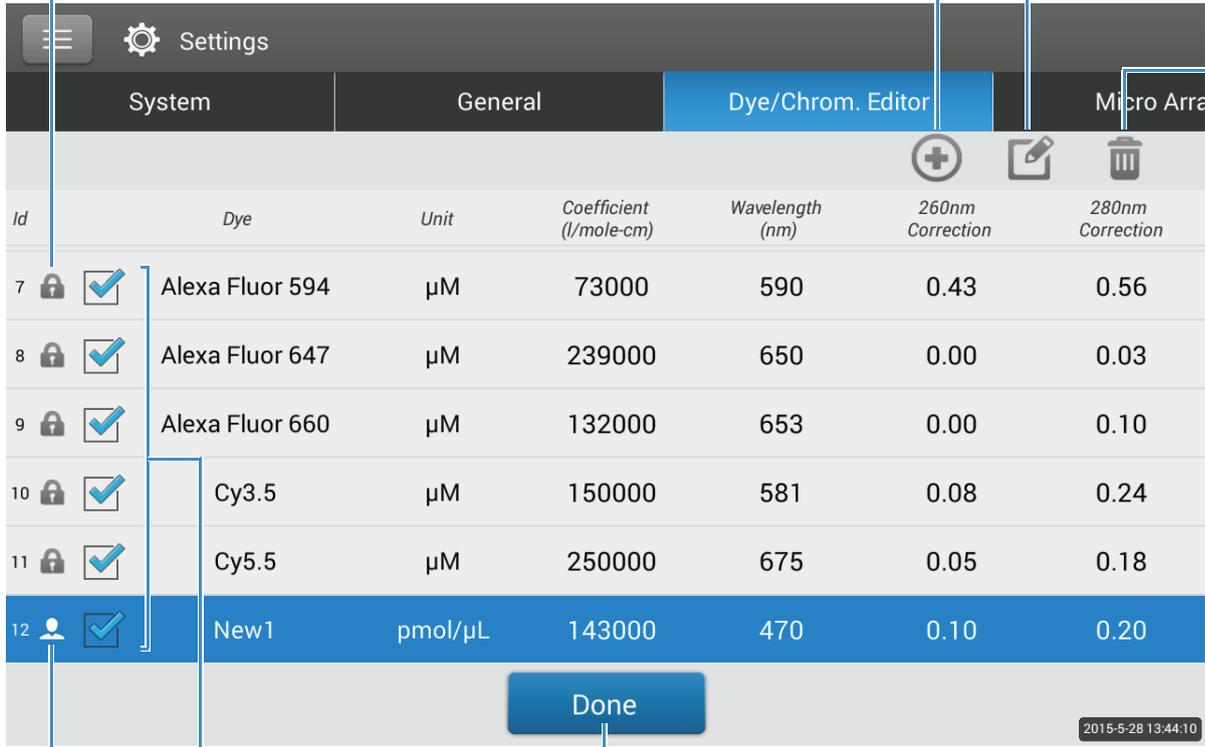
染料 / 色谱图编辑器

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
7	Alexa Fluor 594	μM	73000	590	0.43	0.56
8	Alexa Fluor 647	μM	239000	650	0.00	0.03
9	Alexa Fluor 660	μM	132000	653	0.00	0.10
10	Cy3.5	μM	150000	581	0.08	0.24
11	Cy5.5	μM	250000	675	0.05	0.18
12	New1	pmol/μL	143000	470	0.10	0.20

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

用户自定义染料（用户定义；不能编辑或删除）

点击可关闭染料 / 色谱图编辑器

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检测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

2		<input checked="" type="checkbox"/>	Cy3	μM	150000	550	0.04
---	---	-------------------------------------	-----	----	--------	-----	------

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
- 指定染料的矫正值，在 260 nm 和 280 nm 时
- 点击**添加染料**

注释 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 和用于染料分析波长时的吸光度（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 

通知 删除用户自定义染料将永久性删除该软件的染料和所有相关信息。

相关主题

- [仪器设置](#)

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 [修饰的 Beer-Lambert 等式](#) 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（如右图所示），用于为每个检测的样品选择一个合适的系数来配合 Beer 定律使用以计算样品浓度。

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 ng-cm/ μ L。否则，选择与样品溶液最佳匹配的选项。

提示：理想情况下，应以使用相同缓冲液的已知浓度的研究核酸溶液实证确定系数或消光系数。

系数的可用选项

- **双链 DNA** （系数 = 50 ng-cm/ μ L）
- **单链 DNA** （系数 = 33 ng-cm/ μ L）
- **RNA** （系数 = 40 ng-cm/ μ 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 ng-cm/ μ L 和 150 ng-cm/ μ L 之间的系数）

注释：有关详细信息，请参阅 [样品类型](#)。

计算的核酸浓度基于 260 nm 处的吸光值、使用的系数和样品光程。也会应用单点基线校正（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。

染料浓度从染料分析波长处的吸光值、染料的消光系数和样品光程计算。也可使用染料斜率线校正。

检测值

A260 吸光度

注释：750 nm 处的吸光值，从光谱中所有波长处的吸光值减出。因此，所显示光谱中 750 nm 处的吸光值为零。此外，对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 使用 750- 已校正和标准化光谱图进行检测。
- 如果选择了**分析校正**，校正波长的吸光度值将减去在 260 nm 时的吸光度。
- 如果选择一个或多个染料，在 260 nm 时的**染料校正值**也将减去在 260 nm 时的吸光度。
- 将报告在 260 nm 时的最终已校正吸光度并可用于计算样品浓度。

A280 吸光度

- 在 280 nm（减去 A280 染料校正）时的 750- 已校正和标准化吸光度值可用于计算 A260/A280 比率。

染料吸光度

- 染料吸光度在特定波长处检测。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值，减去斜率基线的吸光值。将显示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 的已知校正值。有关使用的校正值信息，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**和将从用于计算 **A260/A280 纯度比**的吸光度值减去。

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。

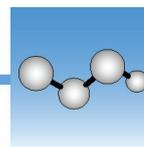
报告值

- **核酸浓度**。以选中的单位（即 ng/μL、μg/uL 或 μg/mL）报告。使用矫正的核酸吸光值，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。~1.8 的 A260/A280 纯度比通常可接受为“纯”DNA（RNA 为 ~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 pmol/μL 单位报告。使用（斜率）基线矫正染料吸光值基于 Beer 定律计算。

注释：虽然纯度比是样品质量的重要指标，DNA 或 RNA 质量的最佳指标是下游应用的功能（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进行检测

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）。也可使用一个单点基线矫正。

使用用户自定义系数检测核酸样品

通知

- 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抹布擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

❖ 使用用户自定义系数进行检测

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

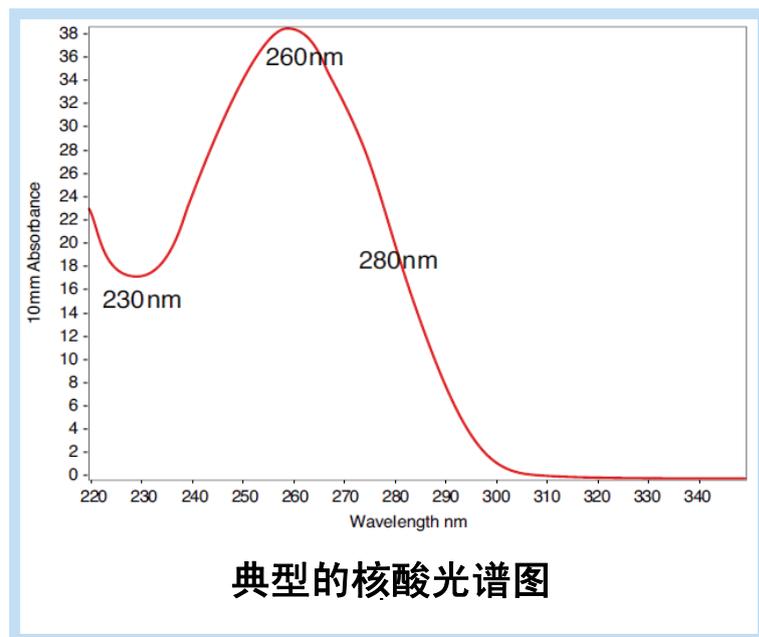
4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 1-2 μL 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，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



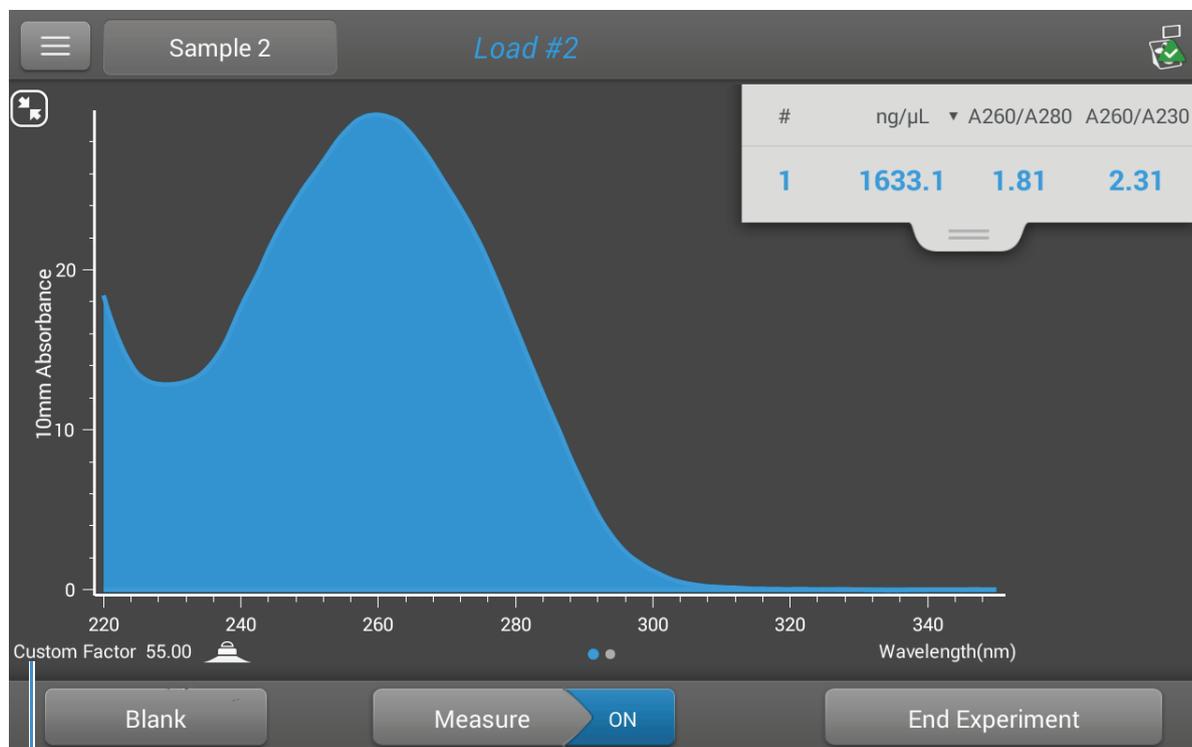
相关主题

- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品
- 微体积检测的最佳实践
- 比色皿检测的最佳实践
- 制备样品和空白检测
- 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。示例：

注释 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。

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，点击  > [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/ μ L 和 150 ng-cm/ μ L 之间的整数值	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： f = 系数 ϵ = 摩尔消光系数，在 260 nm 时单位为 ng-cm/ μ L b = 样品光程，单位为厘米（使用 NanoDrop One 仪器检测核酸时为 1 厘米）
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)	可选用户自定义基线矫正值。软件会从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去指定基线矫正波长处的吸光值，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值为零。

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:

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

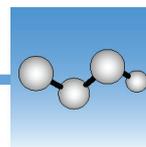
例如，使用消光系数 55 的样品检测，等式如下所示:

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

注释 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](#)



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。

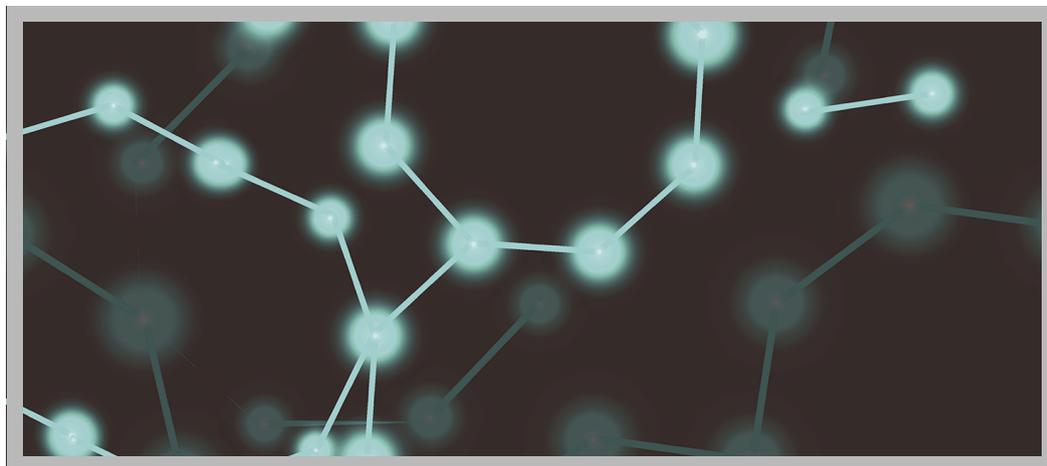
检测寡核苷酸 DNA 或 RNA

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})。也可使用一个单点基线校正。

注释 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

通知

- 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抹布擦拭基座。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 μL 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。

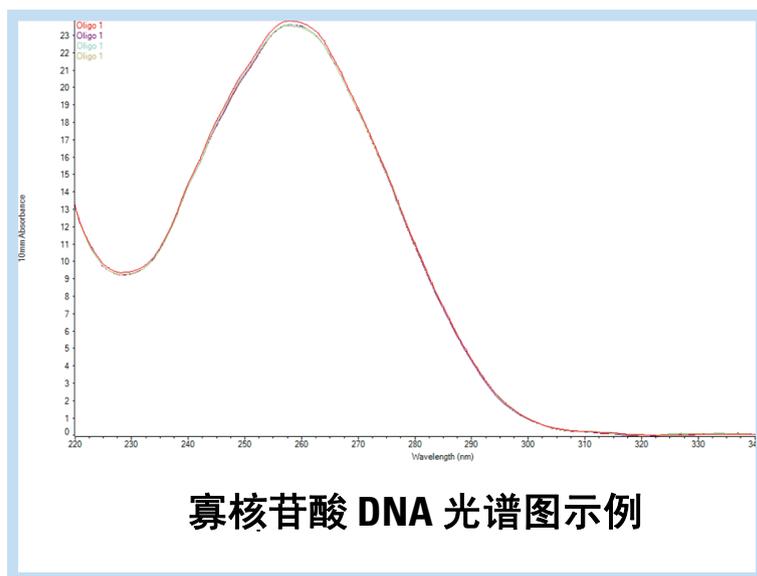
4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

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。）

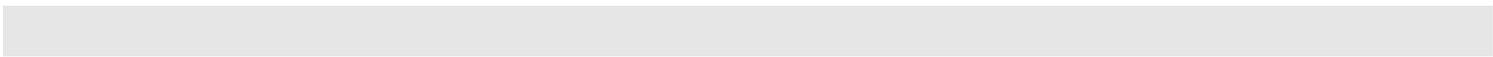
5. 抬起检测臂，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 1-2 μL 样品溶液移取到基座上，然后降下检测臂，或将样品比色皿插入比色皿架。
7. 开始样品检测：
 - 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。
 - 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



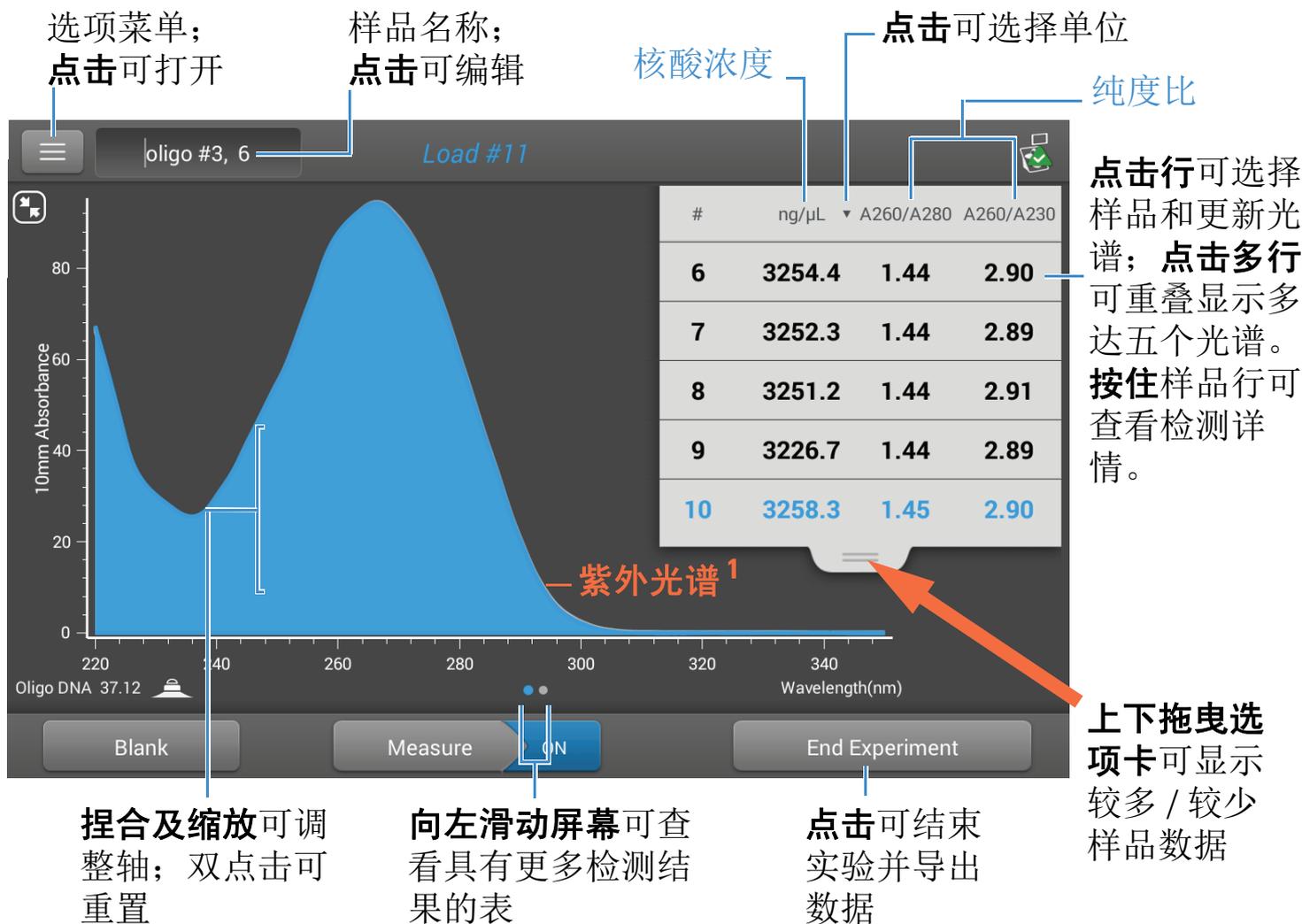
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [基本仪器操作](#)
- 

寡核苷酸报告结果

寡核苷酸 DNA 检测屏幕

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。示例：



¹ 检测寡核苷酸：TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT

注释 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 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。示例：

- 样品详情（使用的应用和取样方法，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
- 基线校正
- 磁力搅拌器状态

注释 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。

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。若要显示“寡核苷酸 DNA”或“寡核苷酸 RNA”检测屏幕上的寡核苷酸设置，点击  >  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	适用于 DNA：使用 G、A、T 和 C 键指定 DNA 碱基序列 适用于 RNA：使用 G、A、U 和 C 键指定 RNA 碱基序列	通过点击对应的键指定您的 DNA 或 RNA 碱基序列： 

每次将一个碱基添加至序列时，软件将计算如下：

- **系数** . 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：

$$f = 1/(\epsilon_{260} * b)$$

其中：

f = 系数

ϵ = 摩尔消光系数，在 260 nm 时单位为 ng-cm/ μ L

b = 样品光程，单位为厘米（使用 NanoDrop One 仪器检测核酸时为 0.1 厘米）

设置	可用选项	描述
		<ul style="list-style-type: none"> • 分子量是用户定义碱基序列计算的寡核苷酸。 • 输入的碱基数量。 • 摩尔消光系数 (260 nm)。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/μL）。 • %GC。输入的碱基总数中鸟嘌呤和胞嘧啶残留的百分比。
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值，减去指定基线校正波长处的吸光值，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值为零。

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**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/ μ L:

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

例如，使用消光系数 55 的样品检测，等式如下所示：

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

注释 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/ μ L。

相关主题

- [适用于全部应用的检测限](#)

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 等式关联基于样品的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 (ϵ) 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 ϵ_{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，该软件在右侧使用等式计算消光系数。

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

计算的核酸浓度基于 260 nm 处的吸光值、使用的系数和样品光程。也会应用单点基线校正（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。

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：

ϵ = 摩尔消光系数，单位为 L/mole-cm

ϵ_1 = ϵ 最近邻

ϵ_2 = ϵ 单个碱基

ϵ_3 = ϵ 修饰，如荧光染料

检测值

A260 吸光度

注释：对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 处检测。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 时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。

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。

注释： 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。

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。

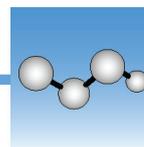
报告值

- **核酸浓度。** 以选中的单位（即 ng/μL、μg/uL 或 μg/mL）报告。使用矫正的核酸吸光值，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。

注释： 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](#)



检测蛋白质 A280

检测 280 nm 处吸收的纯化蛋白质群体的浓度。

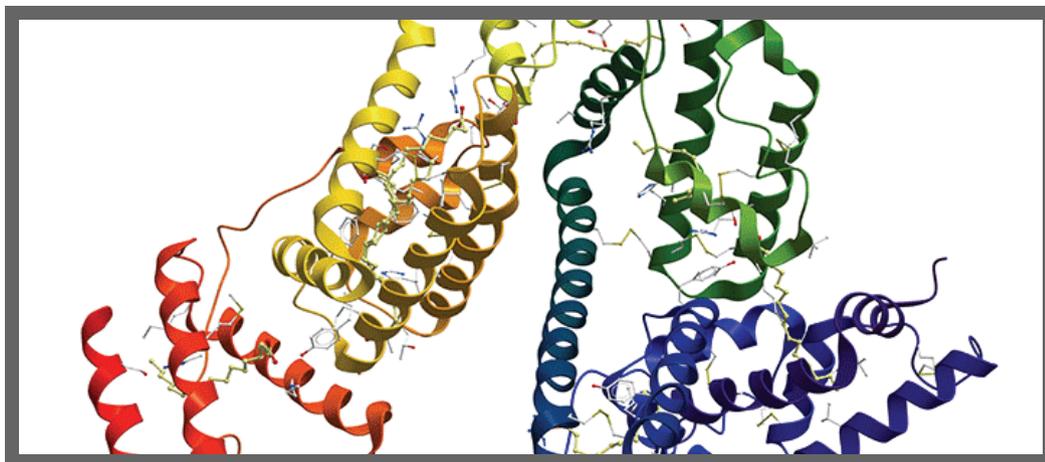
检测 A280 蛋白

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（如色氨酸和酪氨酸，或半胱氨酸 - 半胱氨酸的二硫键）的纯化蛋白质群体，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)。也可使用一个单点基线校正。此应用不需要标准曲线。

注释 如果您的样品中含有主要的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

通知

- 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抹布擦拭基座。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**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 μL 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。

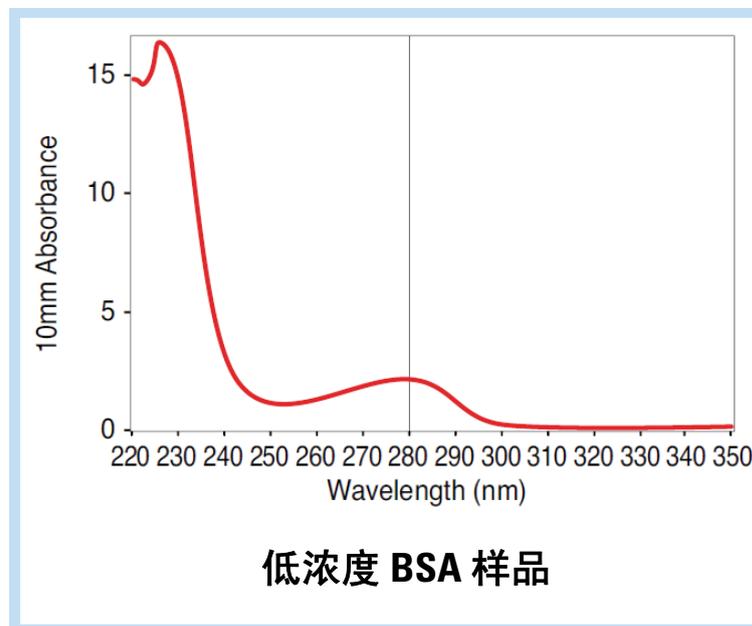
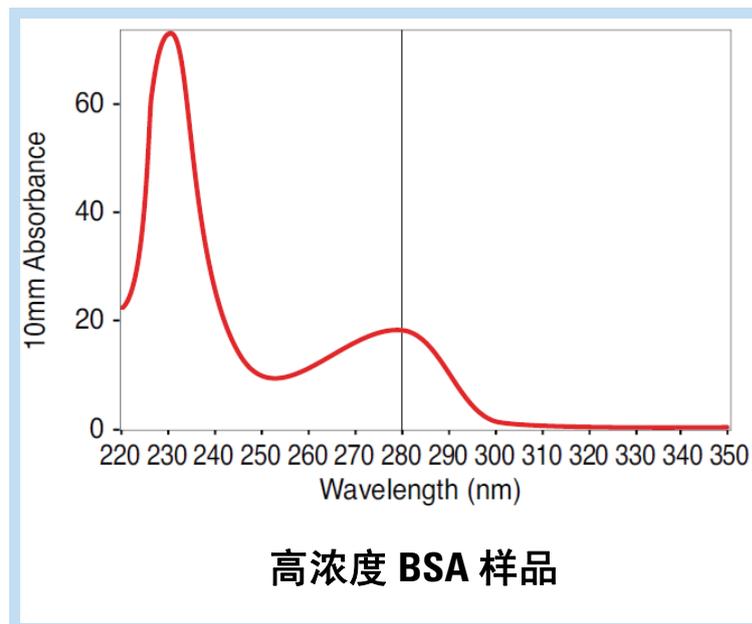
4. 点击**空白检测**并等待检测完成。

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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 2 μL 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，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



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](#)。

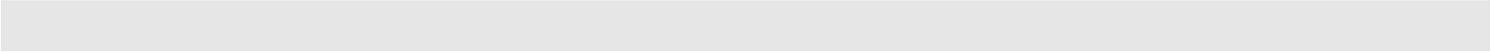
注释 如果样品中存在抽提试剂（即使是残留量）会增加处于 200 nm 和 280 nm 之间的吸光度，将会影响检测结果。

- 确保样品吸光度处于仪器的[吸光度检测范围](#)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的。
 - 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 H₂O) 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蛋白标准品制备）。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](#)。

注释 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。

- 用于微体积检测：
 - 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 μ 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^C 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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [基本仪器操作](#)
- 

蛋白质 A280 报告结果

蛋白质 A280 检测屏幕

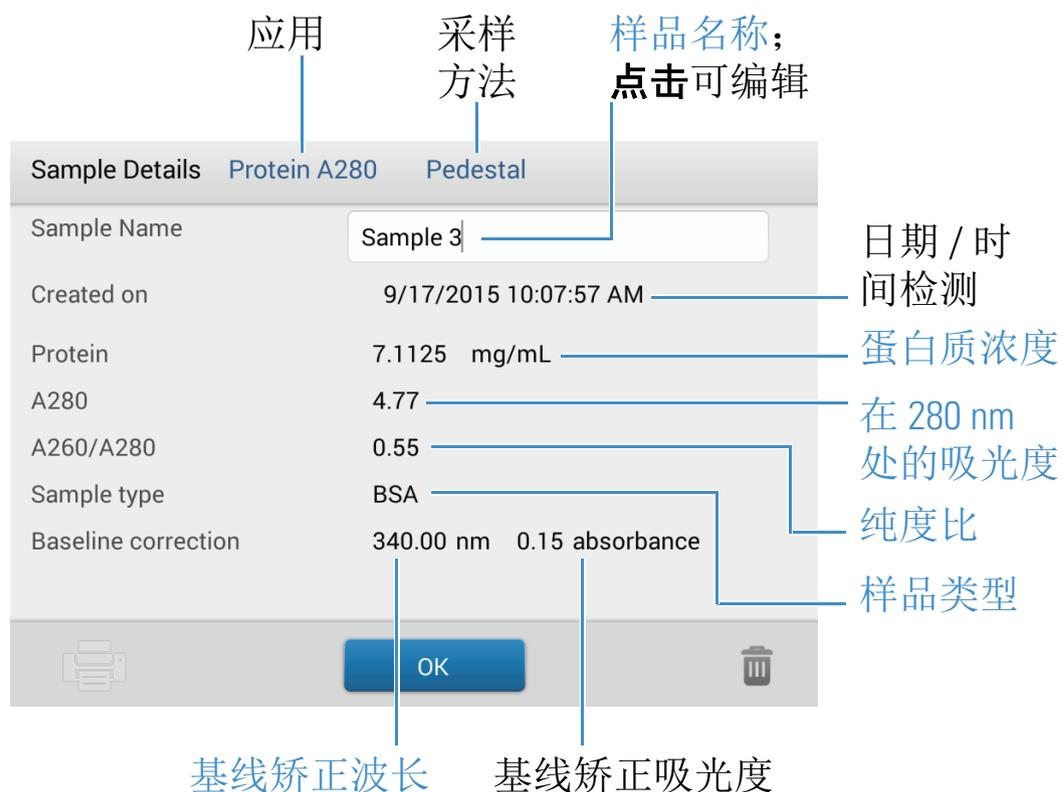
对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。示例：



注释 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 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。若要查看所有报告值，可按住样品行。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

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。

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未知，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。如果您需要蛋白浓度的粗略估计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 ^a	1 Abs = 1 mg/mL	常规参考品	建议当消光系数是未知的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	6.67	计算 BSA（牛血清蛋白）蛋白质浓度使用质量消光系数 (ϵ)，280 nm 处吸光值为 6.67 L/gm-cm 等于 1%（即 10 mg/mL）BSA 溶液。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 $43,824 M^{-1}cm^{-1}$ 。
	IgG	13.7	适用于大多数哺乳动物的抗体（即，免疫球蛋白或 IgG）。计算蛋白质浓度使用质量消光系数 (ϵ)，280 nm 处吸光值为 13.7 L/gm-cm 等于 1%（即 10 mg/mL）IgG 溶液。假设 MW 为 150,000 Da，280 nm 处用于 IgG 的摩尔消光系数大约为 $210,000 M^{-1}cm^{-1}$ 。
	溶菌酶	26.4	计算溶菌酶蛋白质浓度使用质量消光系数 (ϵ)，280 nm 处吸光值为 26.4 L/gm-cm 等于 1%（即 10 mg/mL）溶菌酶溶液。假定蛋白溶菌酶范围的摩尔消光系数介于 $36,000 M^{-1}cm^{-1}$ 和 $39,000 M^{-1}cm^{-1}$ 之间。
	其他蛋白质 ($\epsilon + MW$)	用户输入摩尔消光系数和分子量	假设蛋白质具有已知摩尔消光系数 (ϵ) 和分子量 (MW)，其中： $(\epsilon_{\text{molar}}) * 10 = (\epsilon_{\text{percent}}) * (MW_{\text{protein}})$ 输入单位为千道尔顿 (kDa) 的 MW 和摩尔消光系数 (ϵ)，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。

设置	可用选项	质量消光系数 (L/gm-cm)	描述
	其他蛋白质 (E1%)	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 (E)。输入用于 10 mg/mL (E1%) 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	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值，减去指定基线校正波长处的吸光值，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值为零。

^a 若要添加或编辑用户自定义蛋白质，使用蛋白质编辑器。

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“主页”屏幕上，点击  > 蛋白质编辑器。
- 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。

蛋白质编辑器



The screenshot shows the Protein Editor interface with a table of user-defined proteins. The table has columns for Other Protein, Type, $\epsilon/1000$, MW (kDA), Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm, and Description. Two proteins are listed: Protein AA and Protein BB. Callouts indicate that the plus icon adds a protein, the edit icon edits a protein, the trash icon deletes a protein, and the Done button closes the editor.

Other Protein	Type	$\epsilon/1000$	MW (kDA)	Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm	Description
Protein AA	Mass Extincti...			44.77	unknown
Protein BB	Molar Extincti...	210.00	66.00		unknown

用户自定义蛋白质（将出现在“蛋白质 A280 法设置”和“蛋白芯片设置”中的“样品类型”列表中）

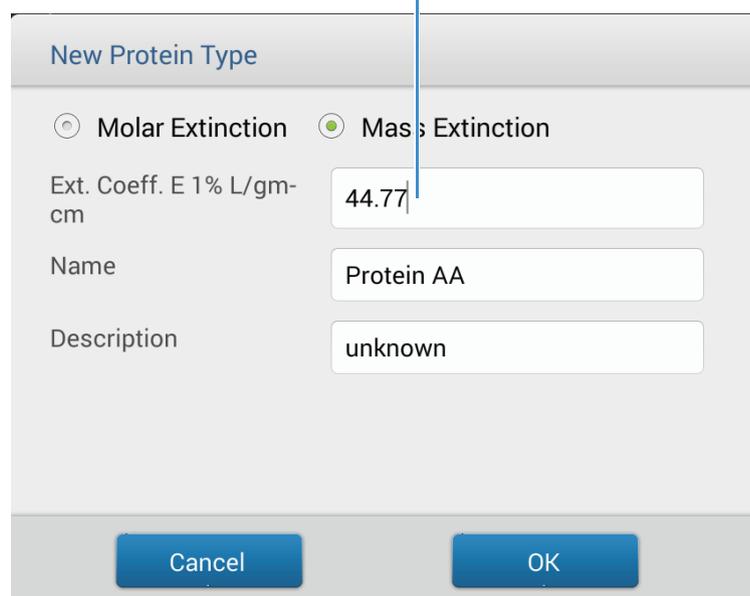
Done

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，点击以显示  “新蛋白质类型”
- 为新蛋白质输入唯一的**名称**（点击字段可显示键盘，点击**完成**键可关闭键盘）
- 为新蛋白质输入**描述** for new protein
- 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 (**E**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 (**E**)，单位为 $M^{-1}cm^{-1}$ 除以 1000（即 **E**/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)。
- 点击**确定**关闭“新蛋白质类型”框

在您选择“确定”后，新的用户自定义蛋白质会在“蛋白质 A280 法设置”和“蛋白芯片设置”中的“类型列表”中显示。

编辑用户自定义蛋白质

- 在蛋白质编辑器中，点击以选择用户自定义蛋白质
- 点击  关闭“编辑蛋白质类型”框
- 编辑任何条目或设置
- 点击**确定**

删除用户自定义蛋白质

- 在蛋白质编辑器中，点击以选择用户自定义蛋白质
- 点击 

注释 删除用户自定义蛋白质将永久性删除该软件的蛋白质和所有相关信息。

相关主题

- [仪器设置](#)

用于蛋白质 A280 检测的检测限

此处提供用于纯化 BSA 蛋白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。

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 ng/μL:

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

例如，若样品在 280 nm 处的质量消光系数为 1% (10 mg/mL) 溶液的 6.67，等式如下所示：

$$(550 / 6.67) * 10 = 824.6 \text{ (或 } \sim 825)$$

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。用于浓度的解决 Beer 定律产生的方程位于右边。

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，并会受到缓冲类型、离子强度和 pH 值的影响。

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)

ϵ = 波长相关的摩尔吸光系数（或消光系数），单位为升 / 摩尔 - 厘米

b = 光程，单位为厘米

c = 分析物浓度，单位为摩尔 / 升或摩尔单位 (M)

注释：将检测的样品溶液吸光值，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](#)。

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：

ϵ = 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

此应用提供六个选项（如右侧所示），可选择每个检测样品的适当消光系数，联合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果样品的消光系数未知，可选择 ϵ + MW（摩尔）或 ϵ 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 处检测磷酸盐或其他生理缓冲液。这些值为蛋白质浓度常规评估提供了足够的精度。

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

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（or ext. coefficient is unknown）（产生粗略估计的蛋白浓度）
- **BSA**（牛血清蛋白，6.67 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 (ϵ + MW)**，用户指定的摩尔消光系数
- **其他蛋白质 (ϵ 1%)**，用户指定的质量消光系数

注释：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 (ϵ)，单位为 $\text{M}^{-1}\text{cm}^{-1}$
- 百分比溶液消光系数 (ϵ 1%)，单位为 $(\text{g}/100 \text{ mL})^{-1}\text{cm}^{-1}$ （即 1% 或 1 g/100 mL 溶液，检测量为 1 cm 比色皿）
- 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。

在 ϵ_{molar} 和 ϵ 1% 之间进行转换

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

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 (ϵ 1%)，重新安排和解决上述等式，如下所示：

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

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

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

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。

提示： NanoDrop One 软件包括在报告蛋白质浓度的转换系数。

计算的蛋白质浓度基于 280 nm 处的吸光值、选择（或输入）的消光系数和样品光程。可能会应用单点基线矫正（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。

在 g/100 mL 和 mg/mL 之间进行转换

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

示例：如果在 280 nm 处检测参考品为 5.8 A 的蛋白质样品吸光度，蛋白质浓度可以计算为：

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

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

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

检测值

A280 吸光度

注释： 对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 处检测。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值。
- 如果选择**基线矫正**，将报告 280 nm 处的标准化和基线矫正吸光度值并用于计算蛋白质浓度。

A260 吸光度

- 也会报告 260 nm 处的标准化和基线矫正（如有选择）吸光度值。

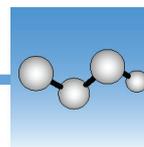
样品光程

- 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**）。
- 显示的光谱和吸光值归一化为 10 mm 光程当量。

报告值

- **蛋白浓度。**以选中的单位（mg/mL 或 $\mu\text{g/mL}$ ）报告。使用蛋白吸光值基于 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。~0.57 的 A260/A280 纯度比通常可接受为“纯”蛋白质。

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



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浓度进行检测。

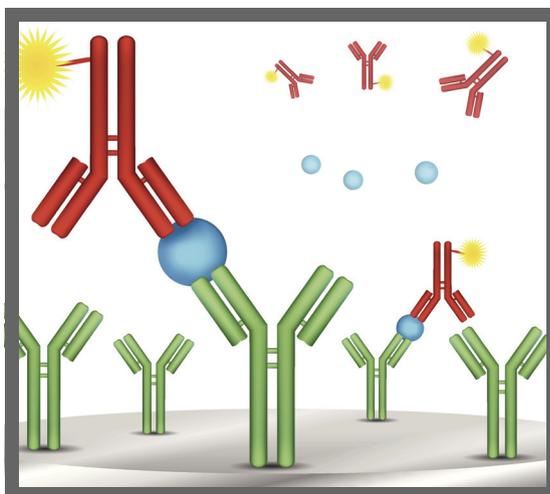
检测标记蛋白

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、A269/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

通知

- 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抹布擦拭基座。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**选项卡然后点击**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 μL 的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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。

6. 将 2 μL 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：

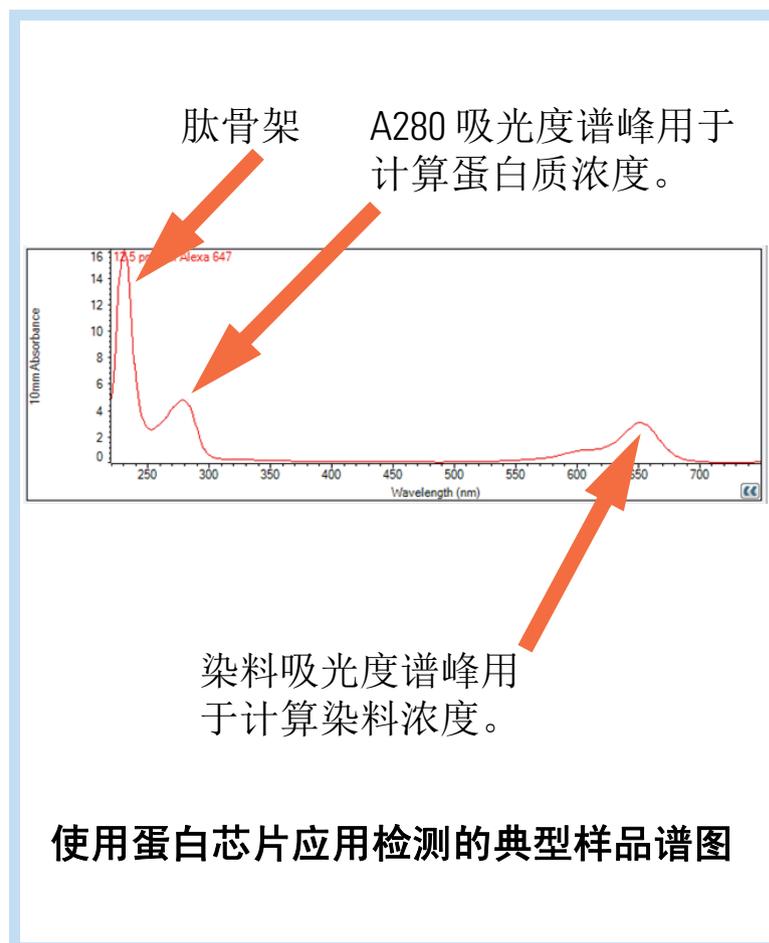
– 基座：如果**自动检测**设为“开启”，降下检测臂；如果“自动检测”设为“关闭”，降下检测臂并点击**检测**。

– 比色皿：点击**检测**。

样品检测完成后，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。



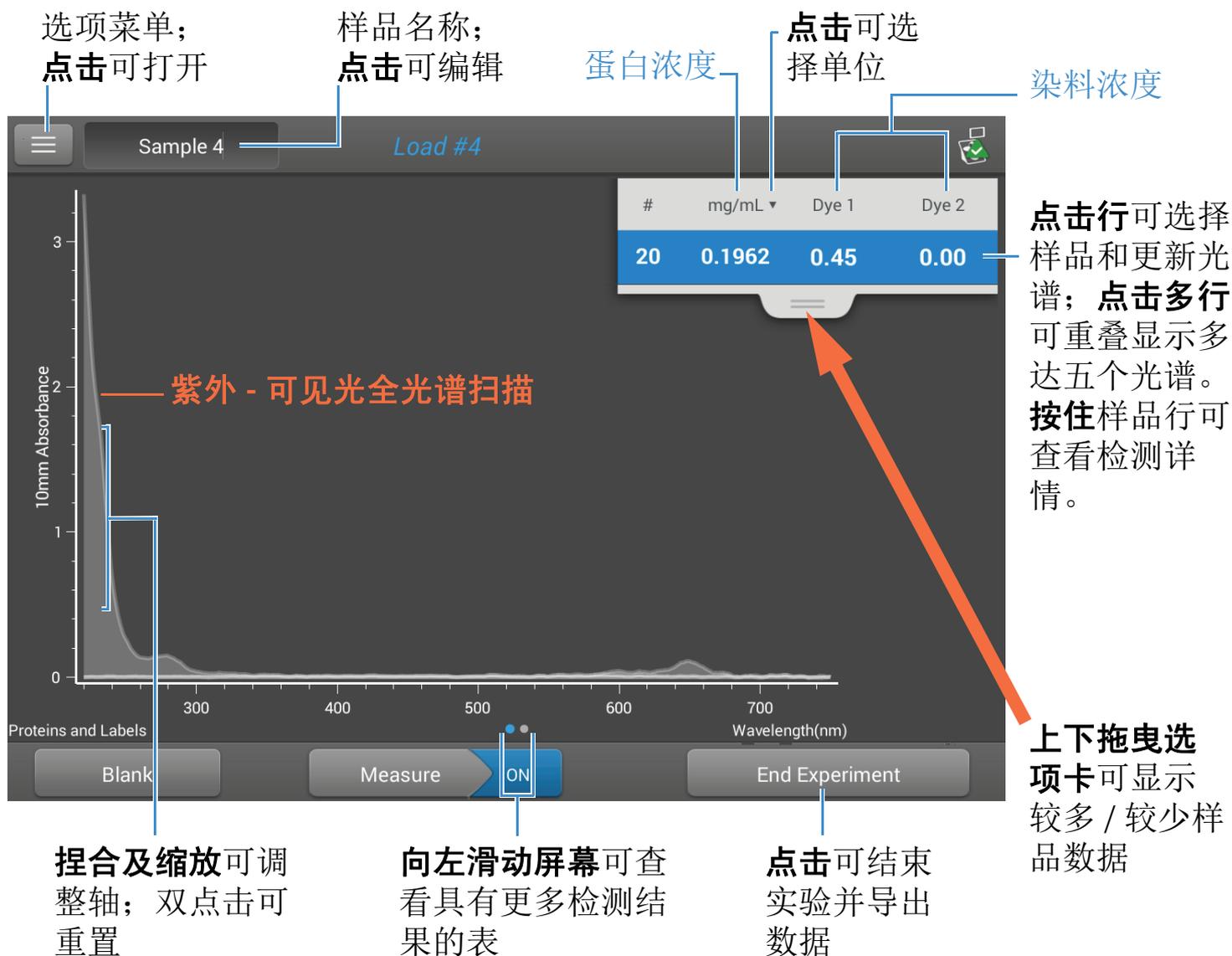
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [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。示例：



注释

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 750 nm 处的吸光值）。
- 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 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。示例：

适用于蛋白芯片应用的报告值

- 样品详情（使用的应用和取样方法，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

适用于蛋白芯片检测的设置

若要在“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 ^a	1 Abs = 1 mg/mL	常规参考品	有关每个可用设置的详细说明， 请点击此处 。
	BSA	6.67	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未知，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。如果您需要蛋白浓度的粗略估计并且样品消光系数未知，则选择 1 Abs=1 mg/mL 样品类型选项。
	IgG	13.7	
	溶菌酶	26.4	
	其他蛋白质 (ε + MW)	用户输入摩尔消光系数 / 分子量	
其他蛋白质 (ε1%)	用户输入质量消光系数		
分析校正 ^b	打开或关闭	不适用	从分析波长处的吸光值，减去指定分析校正波长处的吸光值，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。 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。
	输入分析校正波长，单位为 nm 或使用默认值 (340 nm)		
染料 1/ 染料 2 类型 ^c	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 染料 / 色谱图编辑器 。	选择用于标识样品材料的预定义染料，或已经使用染料 / 色谱图添加的染料。编辑器。
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。
染料斜率校正 ^d	打开或关闭		校正染料吸光度检测中，因为减去在染料分析波长处吸光度值从 400 nm 至 750 nm 处斜率基线的吸光度值由光散射粒子导致的任何偏移。

^a 若要添加或编辑用户自定义蛋白质，使用[蛋白质编辑器](#)。

^b 分析校正仅影响蛋白质浓度的计算。

^c 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](#)。

^d 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](#)

适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。

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 ng/μL:

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

例如，若样品在 280 nm 处的质量消光系数为 1% (10 mg/mL) 溶液的 6.67，等式如下所示：

$$(550 / 6.67) * 10 = 824.6 \text{ (或 } \sim 825 \text{)}$$

相关主题

- [适用于全部应用的检测限](#)

适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](#) 关联基于样品的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），可选择每个检测样品的适当消光系数，联合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果样品的消光系数未知，可选择 **ϵ + MW**（摩尔）或 **ϵ 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 280 nm 处的吸光值、选择（或输入）的消光系数和样品光程。可能会应用单点基线矫正（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。

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（or ext. coefficient is unknown（产生粗略估计的蛋白浓度）
- **BSA**（牛血清蛋白，6.67 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 (ϵ + MW)**，用户指定的摩尔消光系数
- **其他蛋白质 (ϵ 1%)**，用户指定的质量消光系数

注释：有关详细信息，请参阅[样品类型](#)。

检测值

A280 吸光度

注释：750 nm 处的吸光值，从光谱中所有波长处的吸光值减出。因此，所显示光谱中 750 nm 处的吸光值为零。此外，对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 处检测。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值。
- 如果选择[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。

染料浓度从染料分析波长处的吸光值、染料的消光系数和样品光程计算。也可使用染料斜率线矫正。

染料吸光度

- 染料吸光度在特定波长处检测。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值，减去斜率基线的吸光值。将显示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

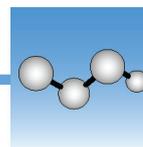
- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光值归一化为 10 mm 光程当量。

报告值

- **蛋白浓度**。以选中的单位（mg/mL 或 $\mu\text{g/mL}$ ）报告。使用蛋白吸光值基于 Beer-Lambert 等式计算。
- **染料 1 / 染料 2 浓度**。以 pmol/ μL 单位报告。使用（斜率）基线矫正染料吸光值基于 Beer 定律计算。

相关主题

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



检测蛋白质 A205

检测 205 nm 处吸收的纯化蛋白质群体的浓度。

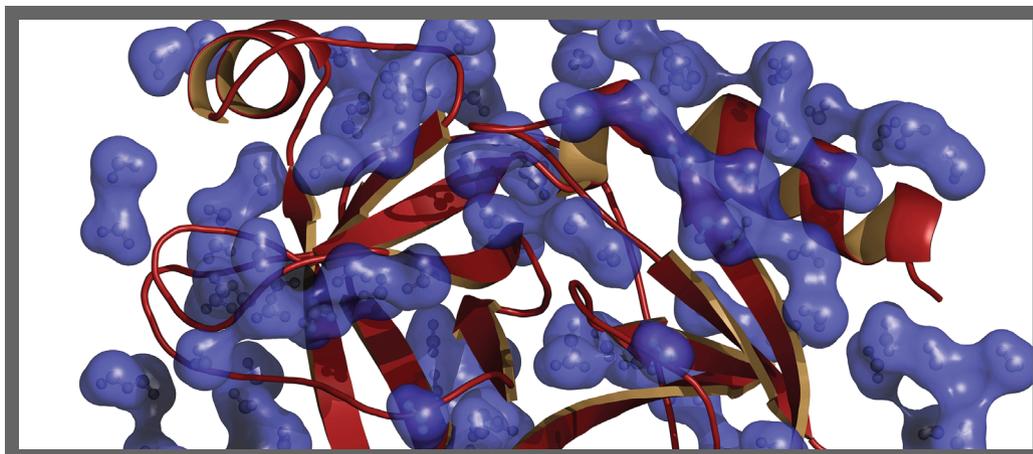
[检测 A205 蛋白](#)

[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，其中 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）。也可使用一个单点基线矫正。此应用不需要标准曲线。

注释 如果样品中包含主要氨基酸，如色氨酸和酪氨酸，或半胱氨酸 - 半胱氨酸的二硫键，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

通知

- 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抹布擦拭基座。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](#)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 μL 的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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 2 μL 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，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

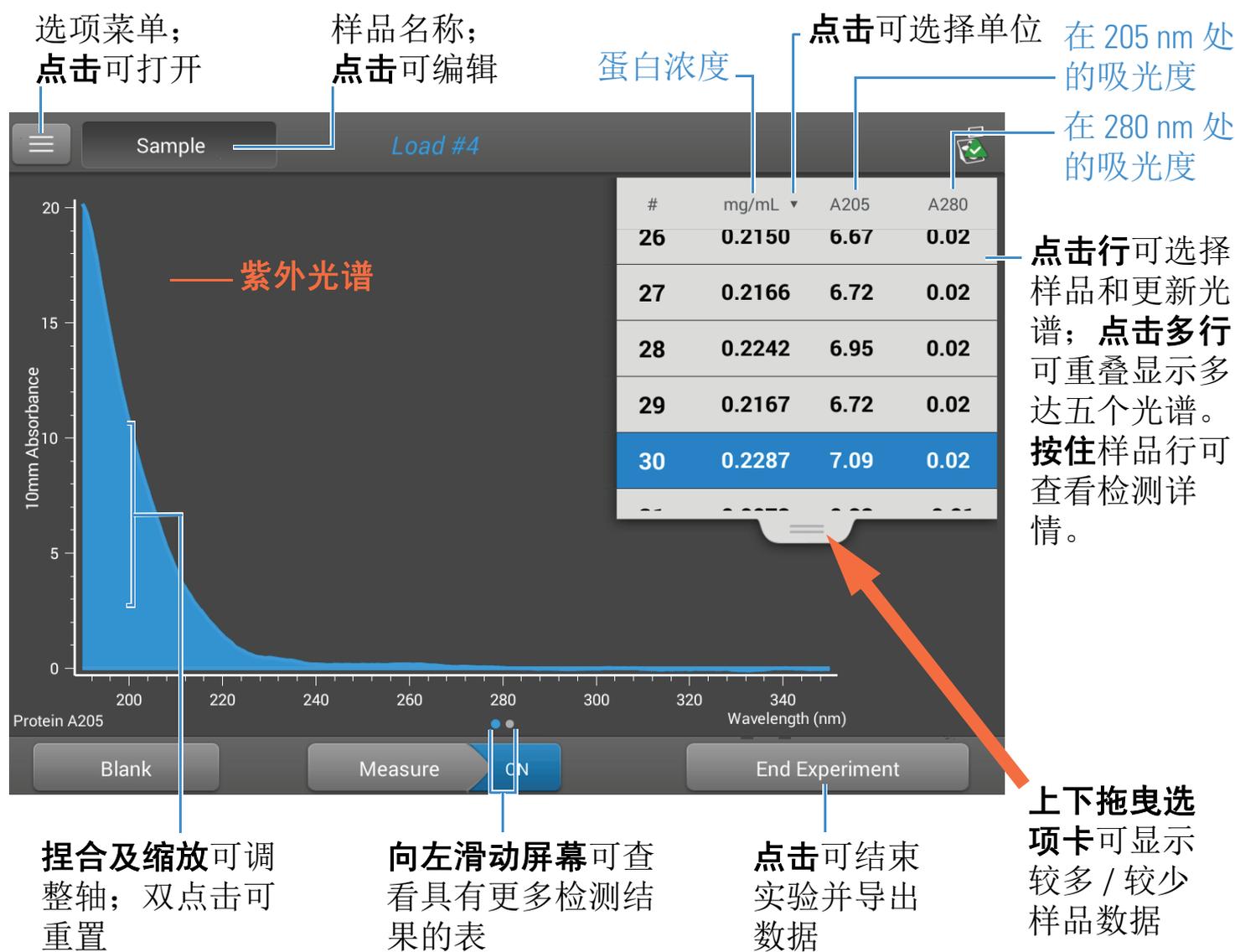
相关主题

- [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](#)
- [制备样品和空白检测](#)
- [基本仪器操作](#)

蛋白质 A205 报告结果

蛋白质 A205 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。示例：



注释 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 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。若要查看所有报告值，可按住样品行。示例：

Field	Value
Sample Name	200, 5
Created on	8/24/2015 2:59:24 PM
Protein	0.2287 mg/mL
A205	7.09
A280	0.02
Method	31
Baseline correction	340.00 nm, 0.06 absorbance

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

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。

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 ϵ 0.1% (1 mg/mL) at 205 nm = 31
	范围	$27 + 120 * (A280/A205)$	假设 ϵ 0.1% (1 mg/mL) at 205 nm = $27 + 120 * (A280/A205)$
	其他蛋白质 (ϵ 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 (ϵ)。输入用于 1 mg/mL (ϵ 0.1%) 蛋白质溶液的质量消光系数，单位为 L/gm-cm。
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	可选用户自定义基线矫正值。软件会从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去指定基线矫正波长处的吸光值，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值为零。

相关主题

- [仪器设置](#)

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 等式关联基于样品的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），可选择每个检测样品的适当消光系数，联合 Beer 定律用于计算样品浓度。

如果样品的消光系数未知，可选择 ϵ 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

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

注释：有关详细信息，请参阅[样品类型](#)。

计算的蛋白质浓度基于 205 nm 处的吸光值、选择（或输入）的消光系数和样品光程。也可应用一个单点基线校正。

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。

检测值

A205 吸光度

注释：对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 处检测。如果没有选择基线校正，这是报告的 A205 值和用于计算蛋白质浓度值。
- 如果选择[基线校正](#)，将报告 205 nm 处的标准化和基线校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 处的标准化和基线校正（如有选择）吸光度值。

样品光程

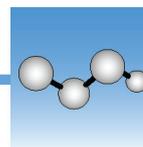
- 对于微体积检测，软件将根据分析波长处的样品吸光度，选择最佳光程（介于 1.0 mm 和 0.03 mm 之间）。
- 对于比色皿检测，光程由软件中的比色皿光程设置决定（请参阅[常规设置](#)）。
- 显示的光谱和吸光值归一化为 10 mm 光程当量。

报告值

- **蛋白浓度。**以选中的单位（mg/mL 或 $\mu\text{g/mL}$ ）报告。使用蛋白吸光值基于 Beer-Lambert 等式计算。

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。这个应用对于检测组件在 200 nm 和 280 nm 之间显著增加吸光度的稀释蛋白溶液或蛋白非常有用，它排除了在 280 nm 或 205 nm 处直接蛋白检测的规则。这个应用检测 562 nm 处的吸光度和使用标准曲线来计算蛋白质浓度。可应用一个单点基线矫正。

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 Cu^{+1} 的检测试剂，它在 Cu^{+2} 于碱性环境中减少某些蛋白质时形成。紫色的反应产物是由两个 BCA 分子与一个亚铜离子螯合作用形成的 (Cu^{+1})。蛋白质中产生的 Cu-BCA 螯合作用在 562 nm 处检测，并在 750 nm 处使用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 BCA 试剂和 CuSO_4 试剂盒。

蛋白质检测试剂盒和方案

有关 NanoDrop One 仪器的最新试剂盒及协议的信息，请参阅 NanoDrop 网站。遵循测定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测定过程中符合相同的定时和温度。

试剂盒制造商也提供了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测定范围和预期范围。

使用标准曲线

比色法蛋白分析需要使用标准曲线。

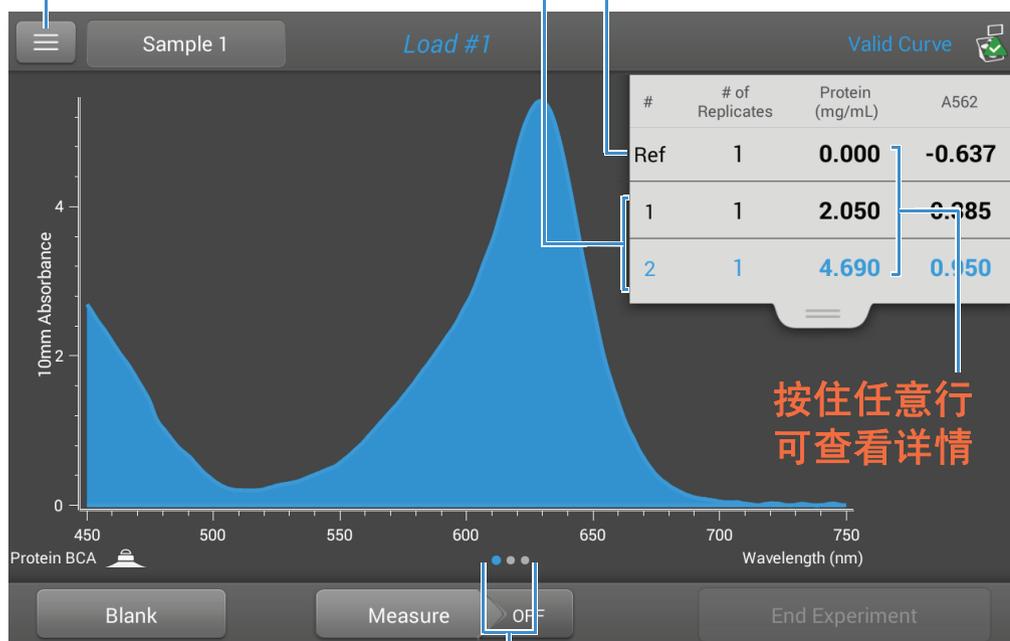
- 每个实验需要使用新的标准曲线。
- 用相同的方法制备标准品和未知样品。请参阅试剂盒制造商的指导原则和建议。
 - **全部参考品和标准品溶液**应该是用于再悬浮样品以及在样品中加入相同体积试剂的相同缓冲液。
 - **首个标准品**是参考品检测。参考品溶液不应含有目标分析物。（参考品检测与空白检测不同。此应用需要两者。）
 - **标准品的浓度范围**必须覆盖分析的动态范围和未知样品的预期范围。样品分析物浓度不能超过最高标准的浓度的推算。
- 使用应用设置屏幕输入用于标准品的浓度值，并指定如何检测标准品和样品（重复次数等）。
 - 根据 **曲线类型** 设置，可使用两个或更多标准品生成标准曲线。
 - 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，最佳实践决定标准品的检测从蛋白标准品制备的最低浓度到最高。
- 对于所有的比色法分析，除了蛋白质 Pierce 660 法之外，**让仪器进行空白检测**，使用 DI H₂O（去离子水）。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）。
- 在开始分析样本之前，**检测参考品和全部的标准品**。 before you start analyzing samples.（在检测第一个样品后，不允许对标准曲线作出任何更改。）

当您检测标准品时，将会显示检测屏幕，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

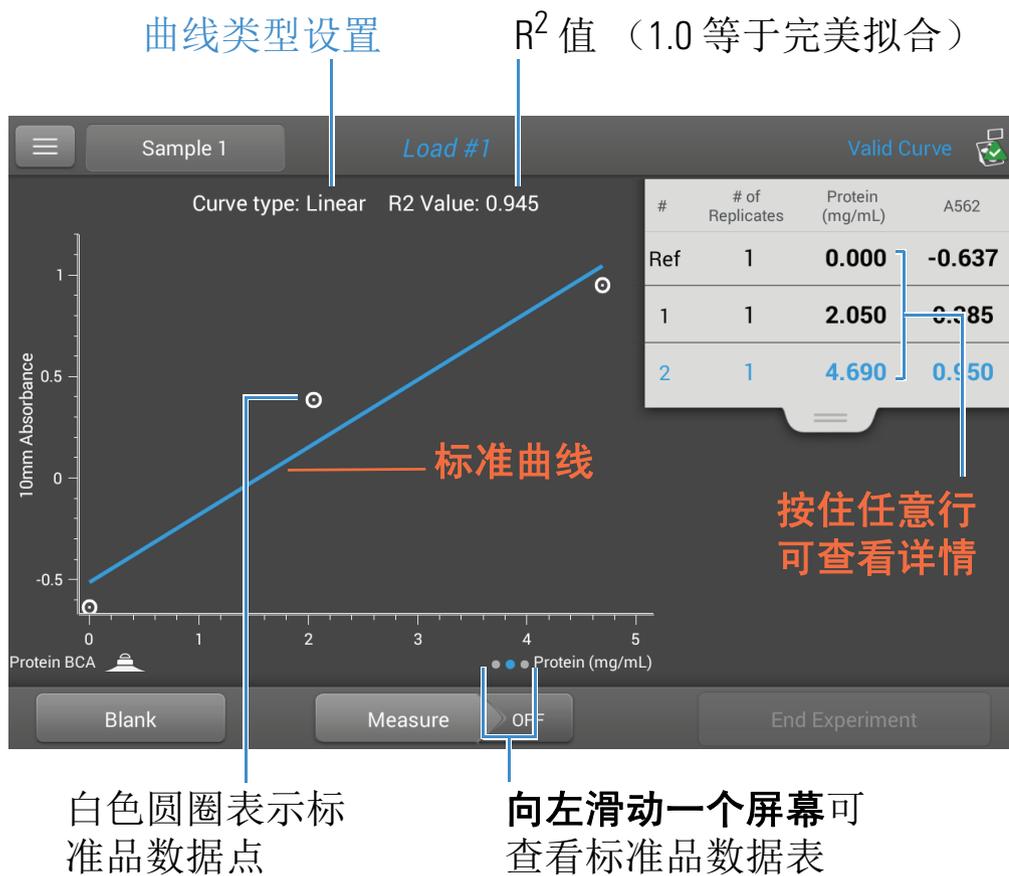
参考品浓度
和吸光度值



**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您创建标准曲线时查看它。示例：



R² 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；所有的点恰好处于曲线上)。

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独的标准品。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

在选定曲线类型的最小标准品检测数之后，将会显示类似于以下的消息：

Protein BCA

Standards Complete!

Load more standards

Run samples

Done

设置更多标准品：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：继续到采样检测屏幕后，即不能再对标准品进行编辑。

- 在检测第一个样品之前，您可以随时添加、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，按住一个行可显示“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。

注释 您可以使用此检测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

通知

- 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抹布擦拭基座。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

1. 在“主页”屏幕上，选择**蛋白**选项卡并点击**蛋白质 BCA 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，我们建议设置**设置**为“线性”。

3. 进行空白检测：
 - 将 2 μL DI H₂O 移取至下基座，然后降下检测臂，或将 DI H₂O 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下比色皿。

4. 检测参考品标准品：

- 将 2 μ L 样品溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有蛋白标准品制备，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，用新的抹布擦拭上下基座，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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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（检测指定的标准品和重复样品数量后，将显示消息询问是否要放置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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

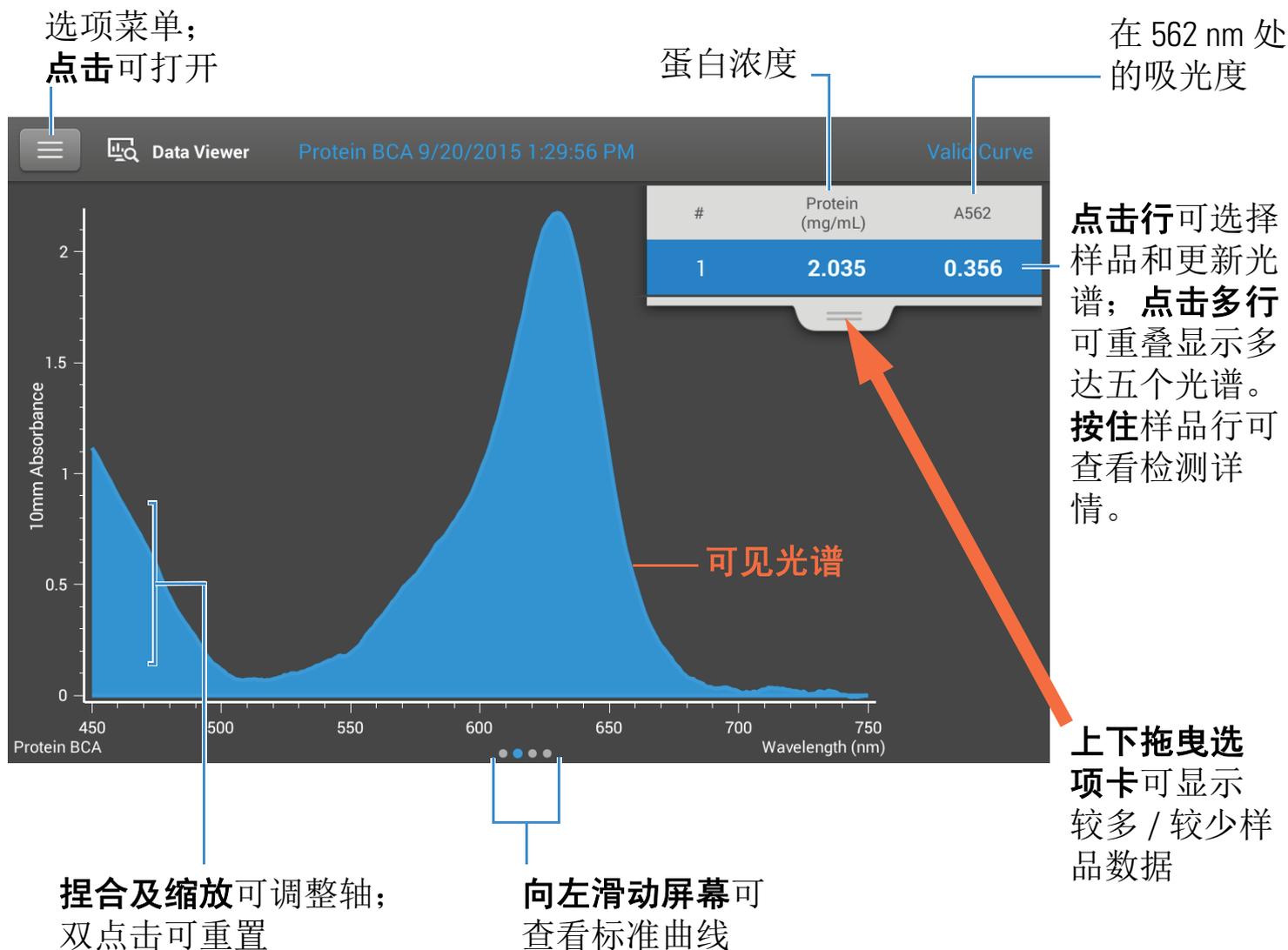
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [基本仪器操作](#)
-

蛋白质 BCA 法报告结果

蛋白质 BCA 法检测屏幕（在数据浏览器中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示可见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（或在数据浏览器中滑动，如下图所示）。



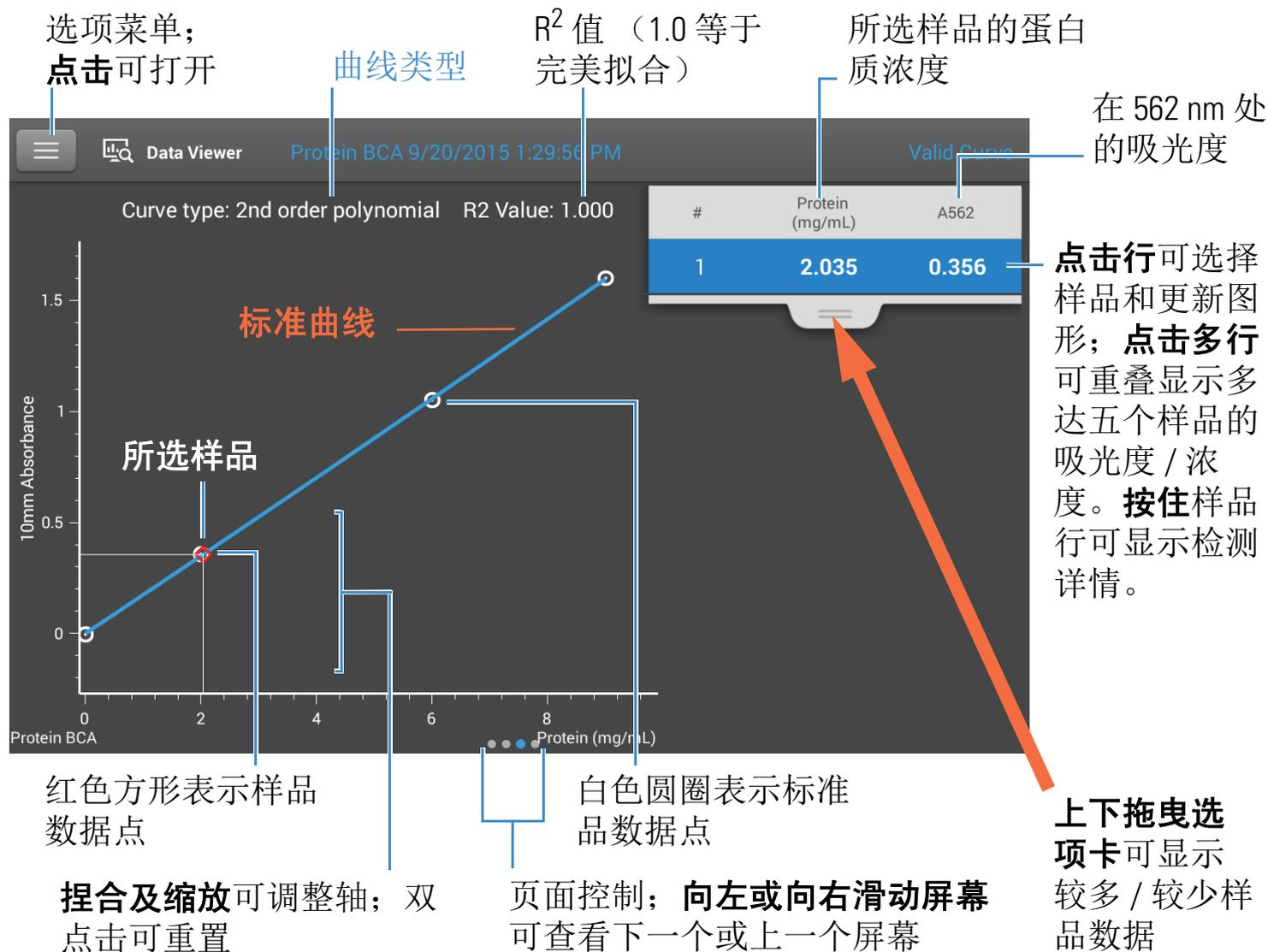
注释

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 750 nm 处的吸光值）。
- 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 当量。

蛋白质 BCA 法标准曲线屏幕

标准曲线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 轴上的样品吸光值连接到标准曲线。一条垂直线将该点连接到 X 轴上的样品吸光值。

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，所有的点恰好处于曲线上）。



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。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

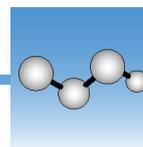
若要在“蛋白质 BCA 法检测”屏幕中显示蛋白质 BCA 法设置，点击  > **蛋白质 BCA 法设置**。

注释 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"> • 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）。 • 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）。 • 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）。 • 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）。
重复	<p>输入参考品或相同标准品或进行平均的样品的检测次数，产生与其相关的浓度值。</p> <p>注释： 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>注释： 可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入顺序进行检测。</p>

相关主题

- [仪器设置](#)



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。这个应用对于检测组件在 200 nm 和 280 nm 之间显著增加吸光度的要求较低检测灵敏度的稀释蛋白溶液或蛋白非常有用，它排除了在 280 nm 或 205 nm 处直接蛋白检测的规则。这个应用检测 595 nm 处的吸光度和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](#)。可应用一个单点基线矫正。

蛋白质 Bradford 法分析理论

蛋白质 Bradford 法分析采用蛋白诱导吸光度变化考马斯亮蓝染料来确定总蛋白浓度。结合蛋白染料复合物在 595 nm 处检测和使用 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试剂盒，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。

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，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（蛋白染料）信号由于基座的 1.0 mm 光程、考马斯亮蓝染料浓度和酸性 pH 值，被限制至 ~0.0150A。

注释 如果您拥有 NanoDrop One^C 型号仪器，使用比色皿选项将获得更高的吸光度。

蛋白质检测试剂盒和方案

有关 NanoDrop One 仪器的最新试剂盒及协议的信息，请参阅 NanoDrop 网站。遵循测定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测定过程中符合相同的定时和温度。

试剂盒制造商也提供了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测定范围和预期范围。

若要检测蛋白质 Bradford 法的标准品和样品

通知

- 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抹布擦拭基座。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**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，设置**曲线类型**为“2 阶多项式”并将**重复**设置为 3。

3. 进行空白检测：
 - 将 2 μL DI H_2O 移取至下基座，然后降下检测臂，或将 DI H_2O 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下比色皿。

4. 检测参考品标准品：

- 将 2 μ L 样品溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有蛋白标准品制备，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，用新的抹布擦拭上下基座，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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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（检测指定的标准品和重复样品数量后，将显示消息询问是否要放置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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

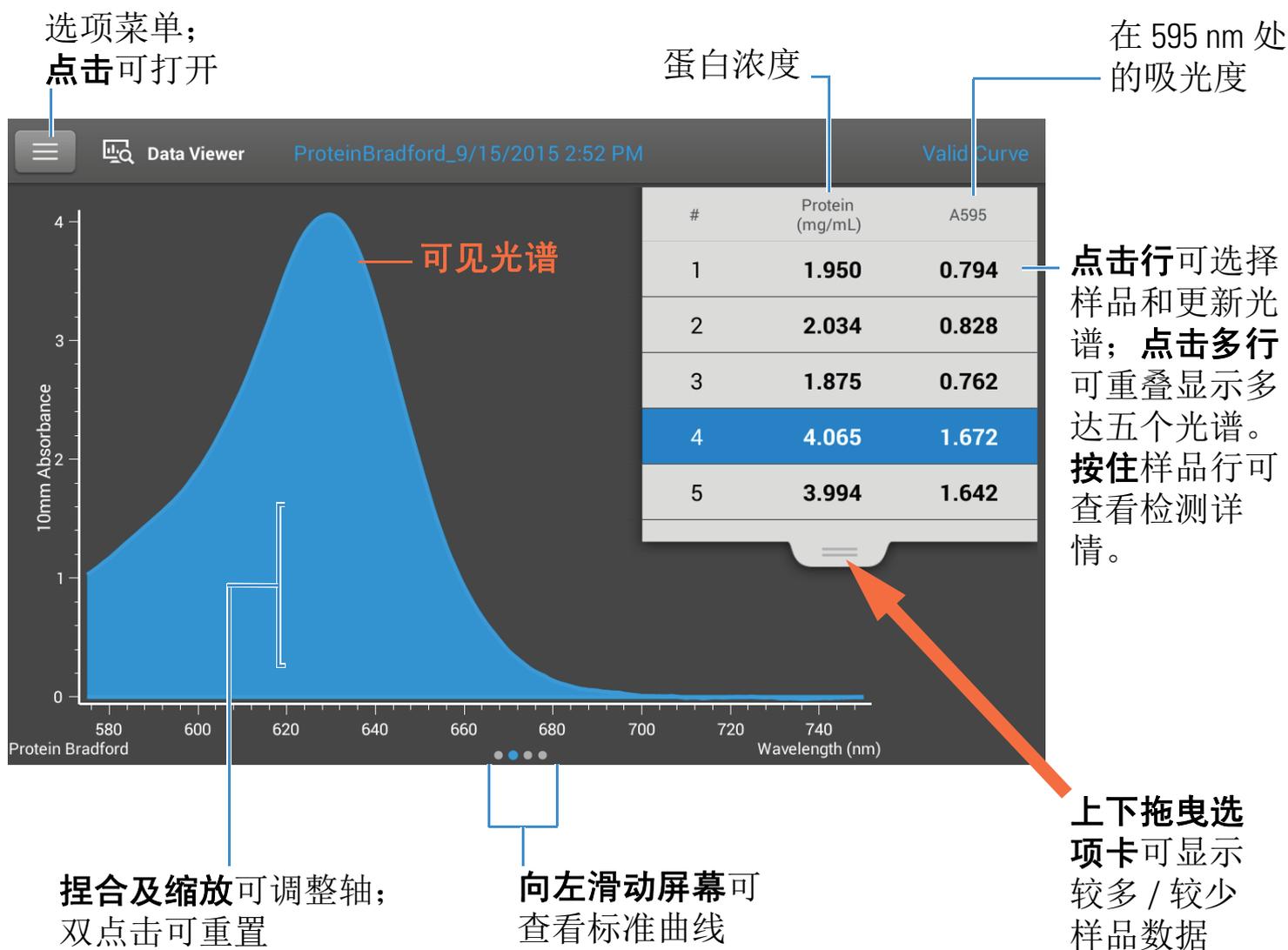
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [基本仪器操作](#)
- 

蛋白质 Bradford 法报告结果

蛋白质 Bradford 法检测屏幕（在数据浏览器中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示可见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（或在数据浏览器中滑动，如下图所示）。



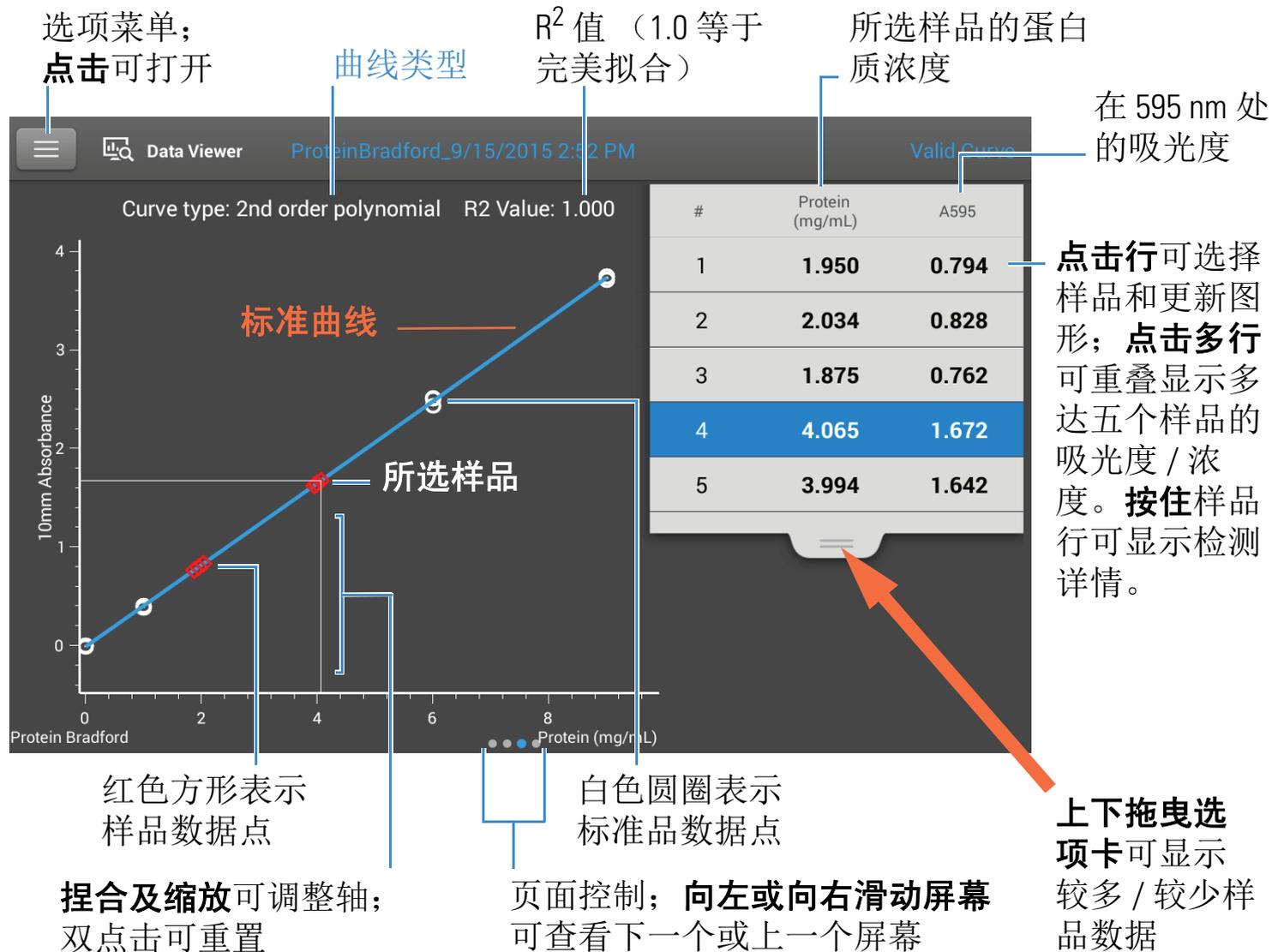
注释

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 750 nm 处的吸光值）。
- 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 当量。

蛋白质 Bradford 法标准曲线屏幕

标准曲线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 轴上的样品吸光值连接到标准曲线。一条垂直线将该点连接到 X 轴上的样品吸光值。

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，所有的点恰好处于曲线上）。



注释

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 750 nm 处的吸光值）。
- 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 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。示例：

Field	Value
Sample Name	Custom 2, 1
Created on	9/15/2015 2:52:08 PM
Protein (mg/mL):	4.065
A595:	1.672
Baseline correction	750.00 nm 0.01 absorbance

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

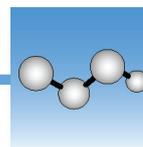
若要在“蛋白质 Bradford 法检测”屏幕中显示蛋白质 Bradford 法设置，点击  > **蛋白质 Bradford 法设置**。

注释 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"> • 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）。 • 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）。 • 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）。 • 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）。
重复	<p>输入参考品或相同标准品或进行平均的样品的检测次数，产生与其相关的浓度值。</p> <p>注释：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>注释：可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入顺序进行检测。</p>

相关主题

- [仪器设置](#)



检测蛋白质 Lowry 法

使用酚试剂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 法分析采用酚试剂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。这个应用是另一种比色法应用的替代品，用于检测组件在 200 nm 和 280 nm 之间显著增加吸光度的稀释蛋白溶液或蛋白。这个应用检测 650 nm 处的吸光度和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](#)。可应用一个单点基线校正。

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，导致铜蛋白复合物的形成。酚试剂有效地降低螯合铜配合物的比例。水溶性蓝反应产物在 650 nm 处检测和使用 405 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酚试剂和 CuSO_4 试剂盒。

蛋白质检测试剂盒和方案

遵循测定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测定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

通知

- 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抹布擦拭基座。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**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，我们建议设置**曲线类型**为“2 阶多项式”。

3. 进行空白检测：
 - 将 2 μL DI H_2O 移取至下基座，然后降下检测臂，或将 DI H_2O 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下比色皿。

4. 检测参考品标准品：

- 将 2 μ L 样品溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有蛋白标准品制备，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，用新的抹布擦拭上下基座，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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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（检测指定的标准品和重复样品数量后，将显示消息询问是否要放置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）。

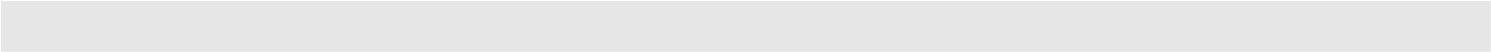
6. 检测样品：

- 将 2 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

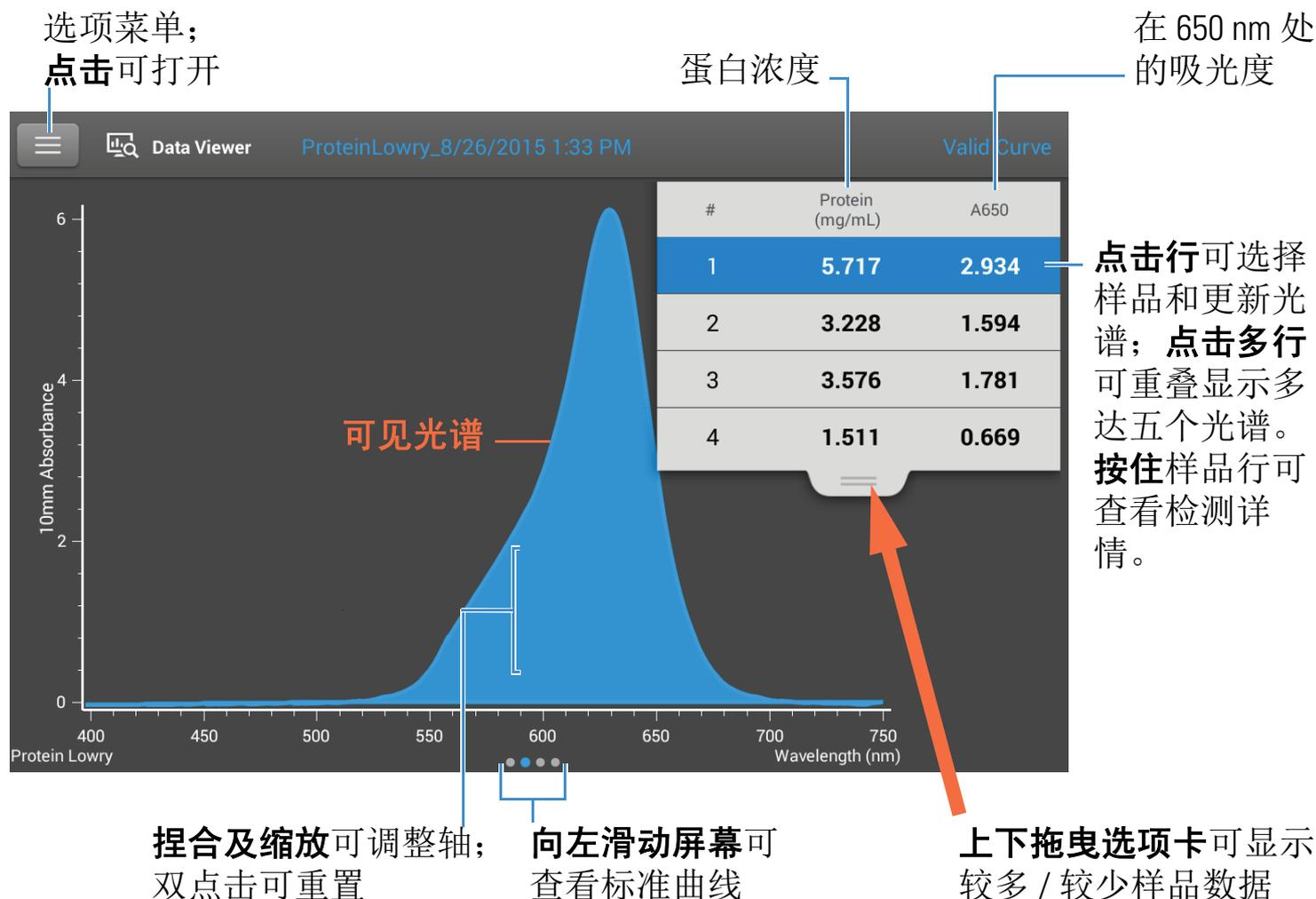
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [基本仪器操作](#)
- 

蛋白质 Lowry 法报告结果

蛋白质 Lowry 法检测屏幕（在数据浏览器中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示可见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（或在数据浏览器中滑动，如下图所示）。



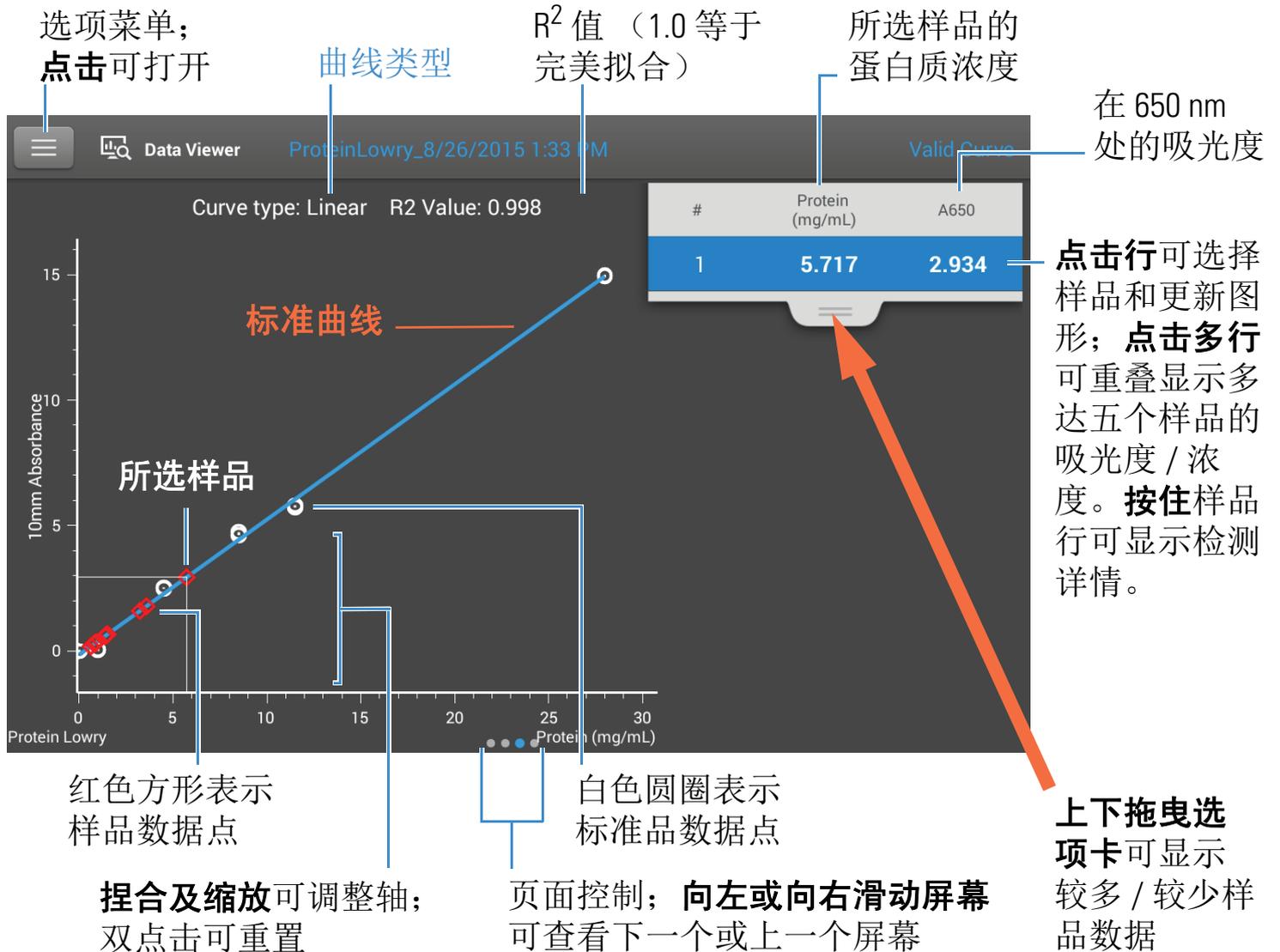
注释

- 在 405 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 405 nm 处的吸光值）。
- 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 当量。

蛋白质 Lowry 法标准曲线屏幕

标准曲线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 轴上的样品吸光值连接到标准曲线。一条垂直线将该点连接到 X 轴上的样品吸光值。

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，所有的点恰好处于曲线上）。



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。示例：

Field	Value
Sample Name	Sample 1
Created on	8/26/2015 1:19:36 PM
Protein (mg/mL):	5.717
A650:	2.934
Baseline correction	405.00 nm 0.02 absorbance

采样方法

样品名称; 点击可编辑

日期 / 时间检测

蛋白质浓度

在 650 nm 处的吸光度

基线校正波长

基线校正吸光度

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

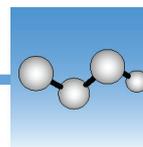
若要在“蛋白质 Lowry 法检测”屏幕中显示蛋白质 Lowry 法设置，点击  > **蛋白质 Lowry 法设置**。

注释 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"> • 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）。 • 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）。 • 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）。 • 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）。
重复	<p>输入参考品或相同标准品或进行平均的样品的检测次数，产生与其相关的浓度值。</p> <p>注释： 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>注释： 可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入顺序进行检测。</p>

相关主题

- [仪器设置](#)



检测蛋白质 Pierce 660

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，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](#)）。可应用一个单点基线校正。

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络合物与蛋白在酸性条件下结合，在 660 nm 处检测使染料的最大吸收转移。染料金属络合物是红棕色，在蛋白结合后变绿色。颜色更改是由于在低 pH 值通过与蛋白质中带正电荷氨基酸基团相互作用通过质子化产生的。染料主要与蛋白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 处检测和使用 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增加的蛋白质浓度的比例增加。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 仪器的最新试剂盒及协议的信息，请参阅 NanoDrop 网站。遵循测定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测定过程中符合相同的定时和温度。

试剂盒制造商也提供了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测定范围和预期范围。

若要检测蛋白质 Pierce 660 法的标准品和样品

通知

- 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抹布擦拭基座。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](#)选项卡然后点击[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，我们建议设置[设置](#)为“线性”。

3. 进行空白检测：
 - 将 2 μ L 参考品溶液移取到下基座并降下检测臂，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蛋白标准品制备；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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下比色皿。

4. 检测参考品标准品：

- 将 2 μ L 样品溶液移取到基座上，或插入参考品比色皿（参考品溶液不应含有蛋白标准品制备，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，用新的抹布擦拭上下基座，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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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（检测指定的标准品和重复样品数量后，将显示消息询问是否要放置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 μ 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，用新的抹布擦拭上下基座，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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

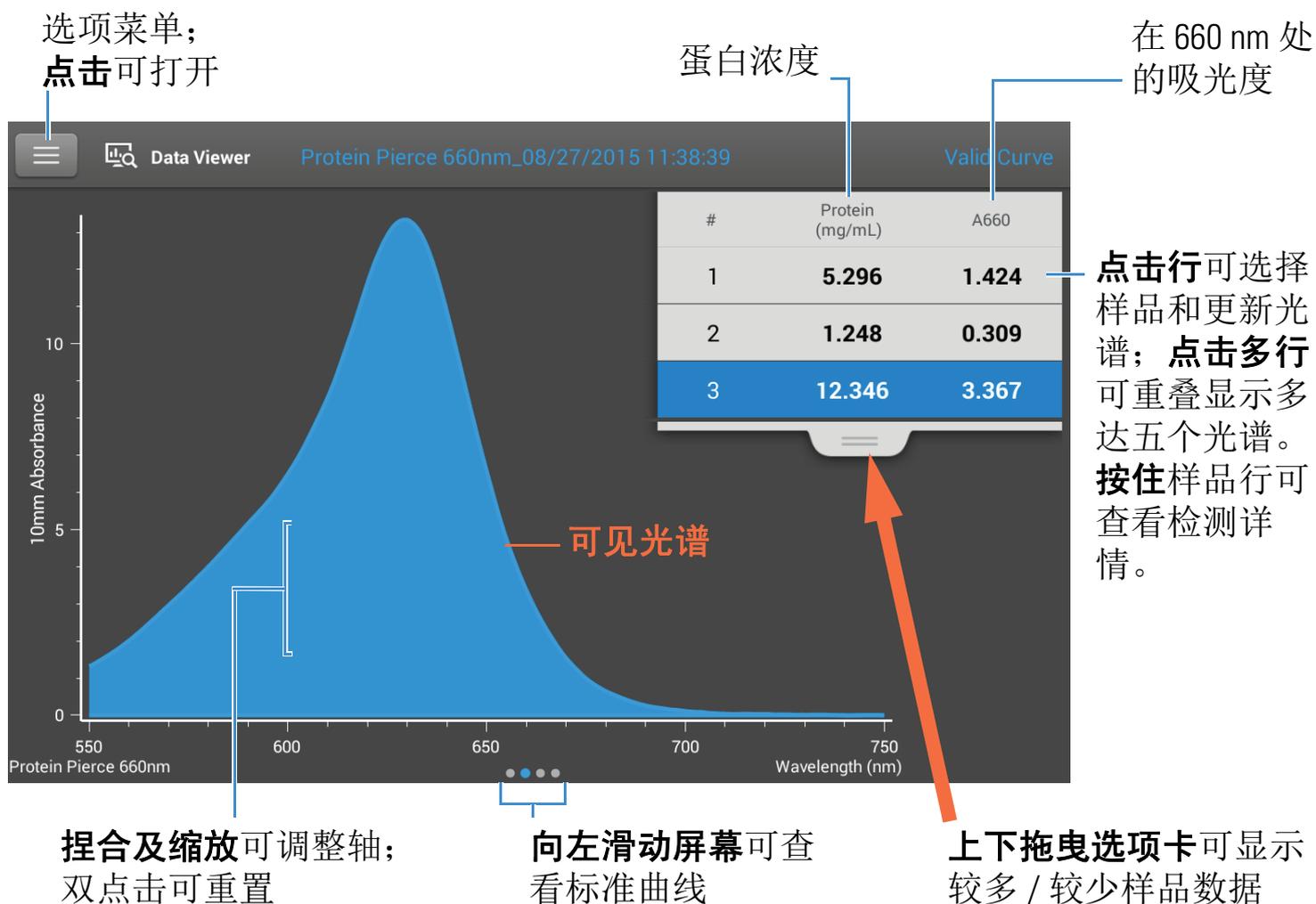
相关主题

- [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](#)
 - [制备样品和空白检测](#)
 - [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（在数据浏览器中显示）

对于每个检测的样品和标准品，此应用显示可见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（或在数据浏览器中滑动，如下图所示）。



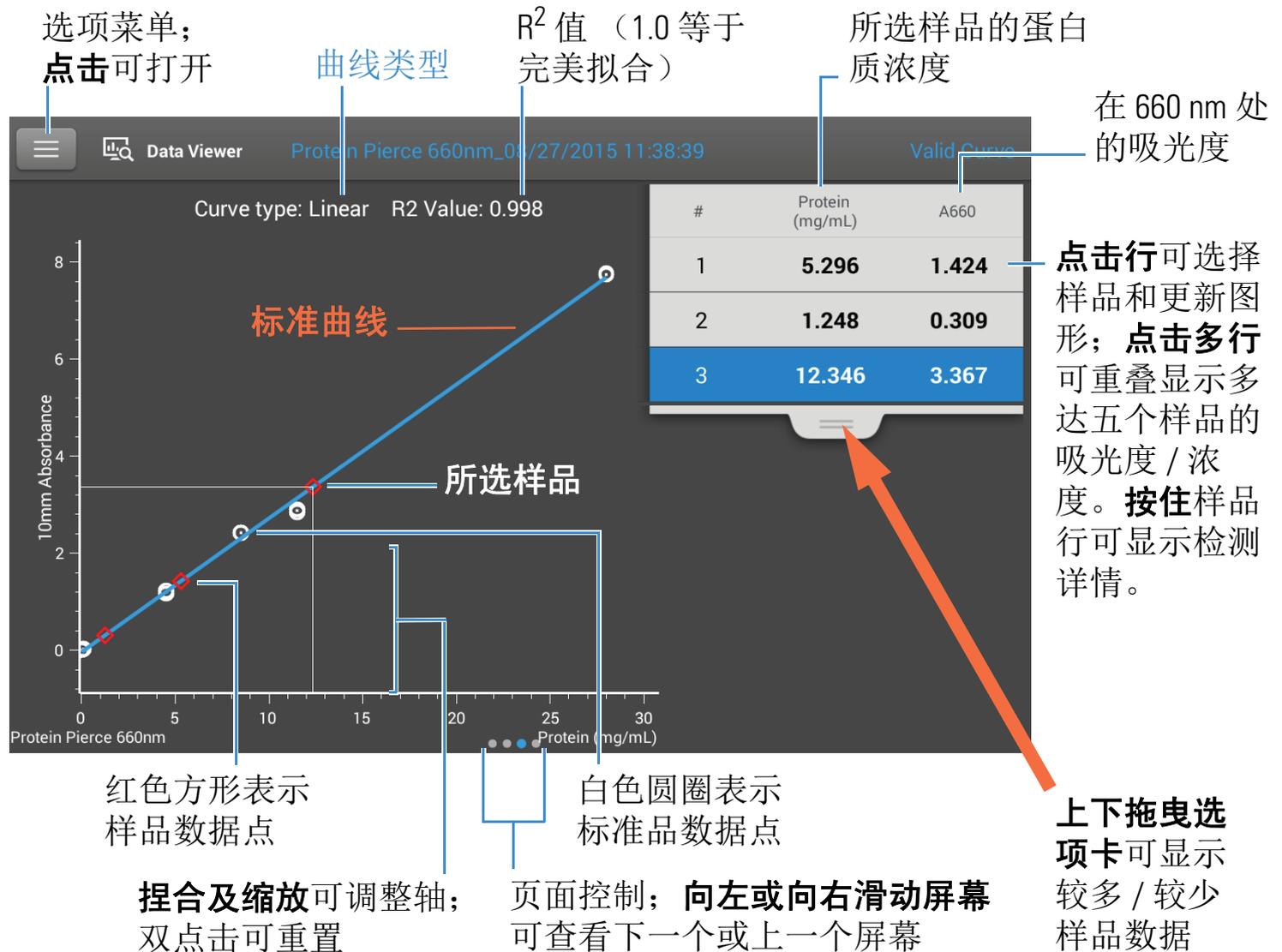
注释

- 在 750 nm 处执行基线校正（从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去 750 nm 处的吸光值）。
- 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 当量。

蛋白质 Pierce 660 法标准曲线屏幕

标准曲线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 轴上的样品吸光值连接到标准曲线。一条垂直线将该点连接到 X 轴上的样品吸光值。

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，所有的点恰好处于曲线上）。



蛋白质 Pierce 660 法报告结果

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。示例：

The screenshot shows a report screen titled "Sample Details" with a sub-header "Pedestal". The report contains the following data:

Sample Name	Sample 3
Created on	8/27/2015 11:38:45 AM
Protein (mg/mL):	12.346
A660:	3.367
Baseline correction	750.00 nm 0.01 absorbance

Annotations in Chinese:

- 采样方法 (Sampling Method) points to "Pedestal".
- 样品名称; 点击可编辑 (Sample Name; Click to edit) points to "Sample 3".
- 日期 / 时间检测 (Date / Time detection) points to "8/27/2015 11:38:45 AM".
- 蛋白质浓度 (Protein concentration) points to "12.346".
- 在 660 nm 处的吸光度 (Absorbance at 660 nm) points to "3.367".
- 基线校正波长 (Baseline correction wavelength) points to "750.00 nm".
- 基线校正吸光度 (Baseline correction absorbance) points to "0.01 absorbance".

At the bottom of the screen, there is a printer icon, a blue "OK" button, and a trash icon.

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

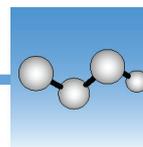
若要在“蛋白质 Pierce 660 法检测”屏幕中显示蛋白质 Pierce 660 法设置，点击  > **蛋白质 Pierce 660 法设置**。

注释 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"> • 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）。 • 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）。 • 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）。 • 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）。
重复	<p>输入参考品或相同标准品或进行平均的样品的检测次数，产生与其相关的浓度值。</p> <p>注释： 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>注释： 可以以任何顺序输入浓度值，但标准品必须按照其输入顺序进行检测。</p> <p>如果您想输入之前标准品检测的吸光度值，请选择此复选框：</p> <div data-bbox="472 1354 1010 1533" style="border: 1px solid #ccc; padding: 5px; background-color: #f9f9f9;"> <p><input checked="" type="checkbox"/> Absorbance data for standards can be either measured or entered manually. Uncheck this box to measure absorbance data. Check the box to manually enter the absorbance values.</p> </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

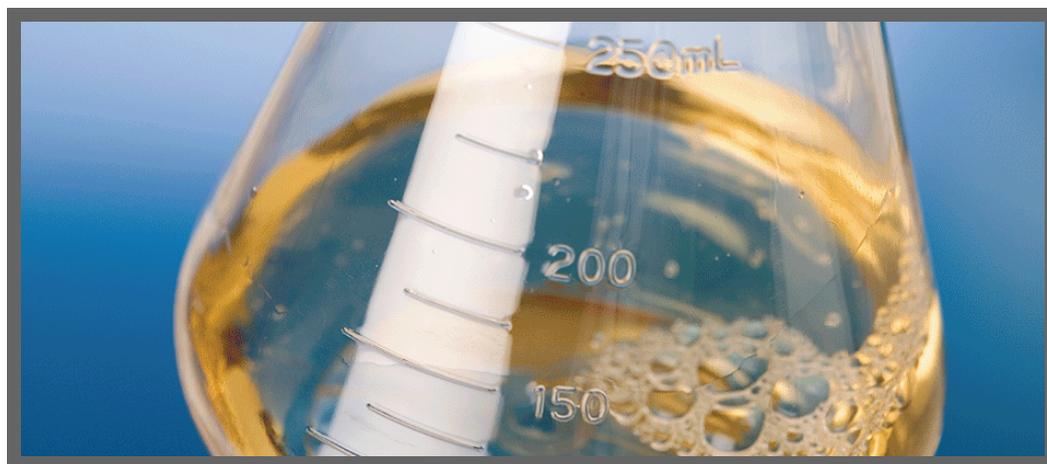
通过检测 600 nm 处散射光，检测溶液中微生物细胞的浓度。

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 可使用一个单点吸光度校正。此应用不需要标准曲线。

注释 由于在本分析中散射光的数量，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，光透射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的细胞的密度，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：

- 细胞，它具有来自周围介质的不同折射率，随机反射和散射入射光路径的光。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](#)。
- 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[吸光度检测范围](#)内。
- 细胞悬浮生长或培养基空白检测。
- 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（~16 小时）检测一系列的稀释样品
- OD600 检测图形与稀释系数

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。

- 在以等分检测之前，立即轻轻且彻底地混合样品。
- 用于微体积检测：
 - 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 μ 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^C 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

通知

- 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抹布擦拭基座。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 μ L 的空白检测溶液（即细胞悬浮培养基）移取至下基座然后降下检测臂，或将空白比色皿放入比色皿架。

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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 2 μ 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，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，或取下样品比色皿。

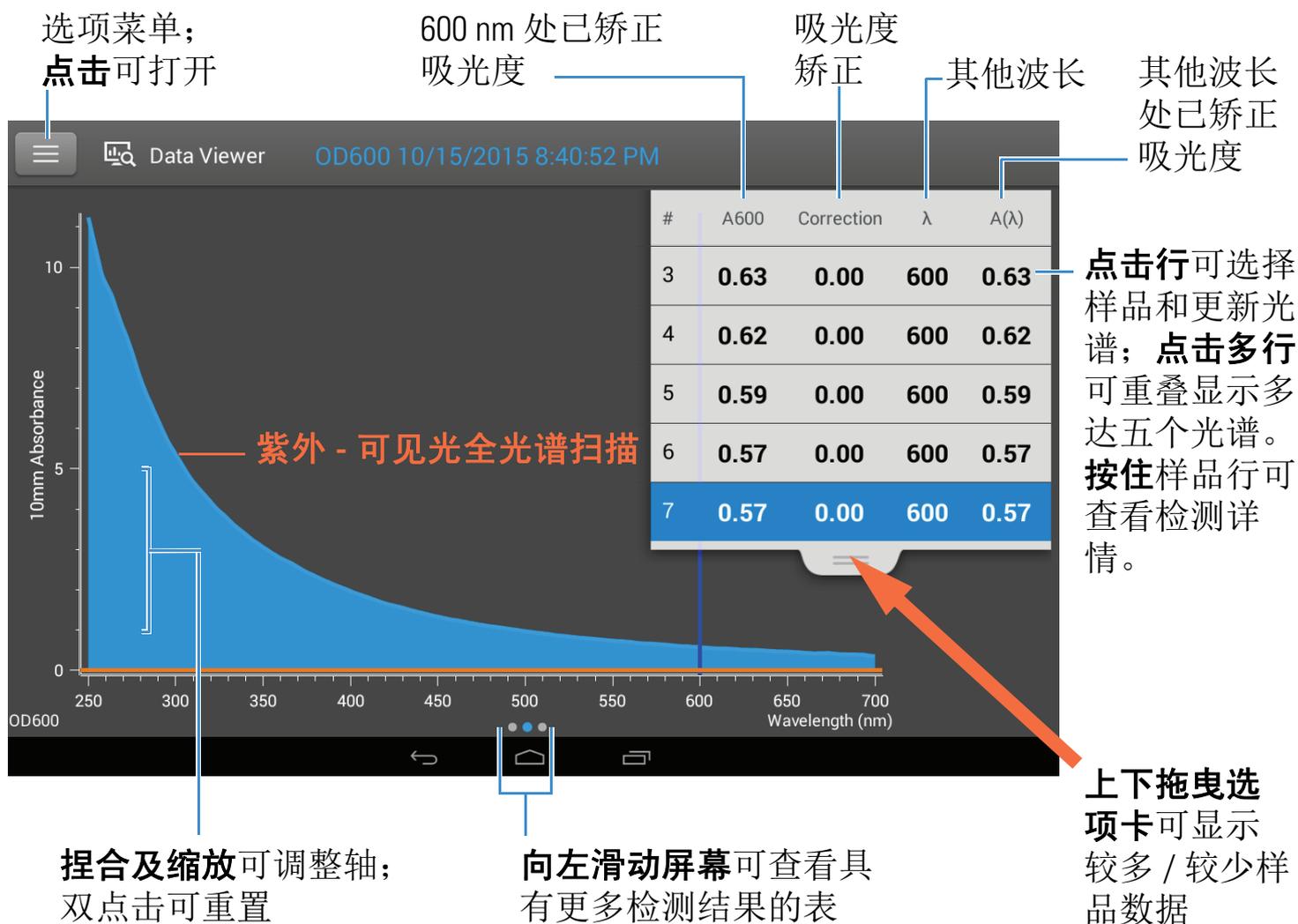
相关主题

- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [制备样品和空白检测](#)
- [基本仪器操作](#)

OD600 报告结果

OD600 检测屏幕（在数据浏览器中显示）

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。示例：



注释 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 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。示例：

应用 OD600 采样方法 样品名称；
点击可编辑

Sample Details	OD600	Pedestal
Sample Name	Sample 7	
Created on	10/15/2015 8:43:59 PM	
A600:	0.57	
Absorbance correction	0.00	
Additional monitored wavelength (λ)	600 nm	
Abs(Wavelength)	0.57	
Factor (10 ⁸)	1.00	
Cells/ml (10 ⁸)	0.57	

日期 / 时间检测

600 nm 处已修正吸光度

吸光度修正

其他波长

其他波长处已修正吸光度

系数

细胞培养浓度 (A600 * 系数)

OK

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	吸光度值在 0 和 300 A 之间	<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，校正因为用于空白仪器的培养基溶液和用于悬浮细胞培养样品的培养基之间差异，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>吸光度校正从样品光谱中所有波长处的吸光值减去。（所有显示的吸光度值均为已校正值。）</p>
其他监测波长 (λ)	然后在 250 nm 和 700 nm 之间的波长	<p>用户定义的波长如果需要，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>c = 分析物浓度，单位为细胞数 /mL</p> <p>$A(\lambda)$ = 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>系数 (λ) = $1/(\epsilon(\lambda) * b)$ 单位为 mL/cell-cm</p> <p>其中：</p> <p>$\epsilon(\lambda)$ = 在指定波长的摩尔吸光系数（或消光系数）</p> <p>b = 光程，单位为厘米（1.0 厘米，适用于 NanoDrop One 仪器）</p>
细胞数转换系数 (10^8)	任何数字	<p>用户自定义系数。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 1×10^8，这是用于大多数细菌细胞悬浮液，如大肠杆菌的公认系数。</p> <p>提示： 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[修饰的 Beer-Lambert 等式](#)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 定律使用计算样品浓度。如果系数已知，请输入系数。否则，使用 1×10^8 ，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 处的吸光值、输入的系数和样品光程。可能会应用单点吸光度校正。

检测值

A600 吸光度

注释：对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）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 处检测。如果没有指定吸光度校正，这是 A600 值和用于计算细胞浓度值的报告。
- 如果指定[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(λ) 吸光度

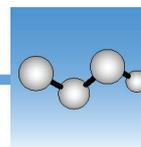
- 也会报告位于任何指定的[其他监测波长 \(\$\lambda\$ \)](#)的标准化和（吸光度）已校正（如已使用）吸光度值。

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。使用已校正 A600 吸光度值基于 Beer-Lambert 等式计算。



检测用户自定义

运行使用 NanoDrop One 浏览器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进行检测

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 浏览器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](#)。

上载用户自定义方法

自定义方法只能在运行 NanoDrop One 浏览器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，该方法必须也位于该仪器上。（如果您的仪器未通过以太网电缆或无线网络连接到计算机，这是运行用户自定义方法的唯一方法。）

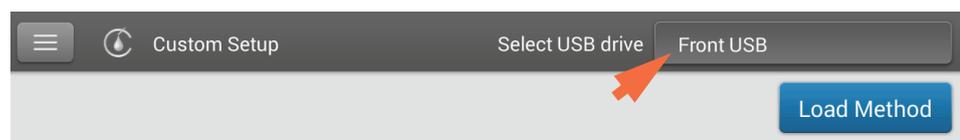
注释 如果计算机通过以太网电缆或无线网络连接到仪器，用户自定义方法可以位于该计算机上，检测结果将存储在该计算机的数据库中。有关详细信息，请参阅[设置仪器](#)中的“设置以太网连接”或“设置 Wi-Fi 连接”。

上载用户自定义方法至仪器上

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。

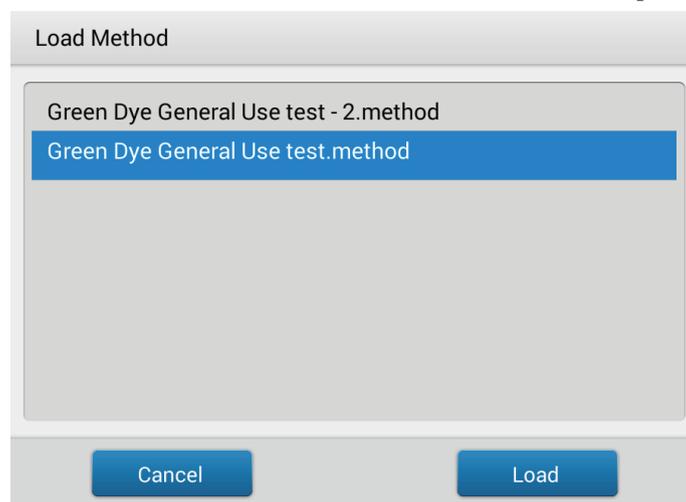
方法文件扩展名为“.method”。

2. 将 U 盘连接至仪器上的其中一个 **U 盘端口**。
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**。
4. 使用位于屏幕顶部的列表框来显示所使用的 U 盘端口。



5. 点击**上载方法**。

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“上载方法”框中点击一个或多个方法名称来选择上载的检测方法。
7. 点击**上载**。

使用用户自定义方法进行检测

通知

- 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。

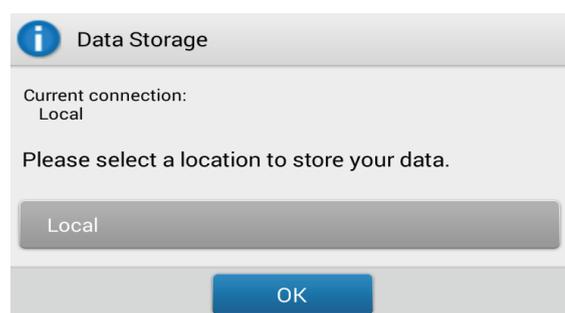
开始之前 ...

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抹布擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

❖ 使用用户自定义方法检测样品

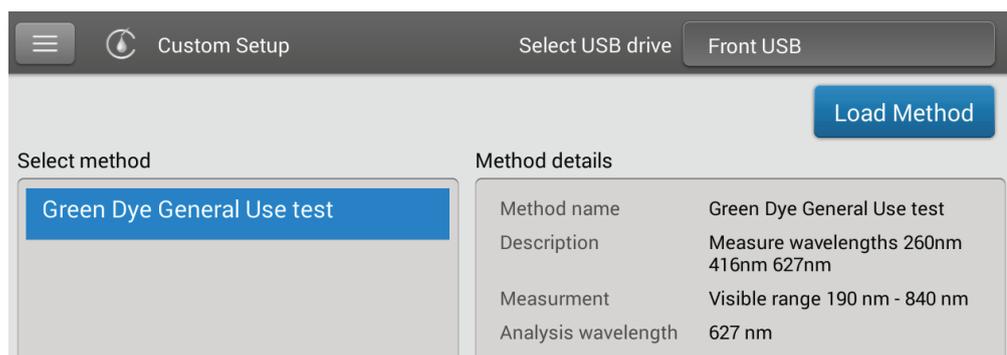
1. 确保该方法位于要存储检测结果的数据库所在的相同位置（有关详细信息，参见[上载用户自定义方法](#)）。
2. 在“主页”屏幕上，选择**用户自定义**选项卡并点击**用户自定义**。

如果仪器有连接到远程个人计算机 (PC) 的工作以太网或无线连接，将出现数据存储消息框。

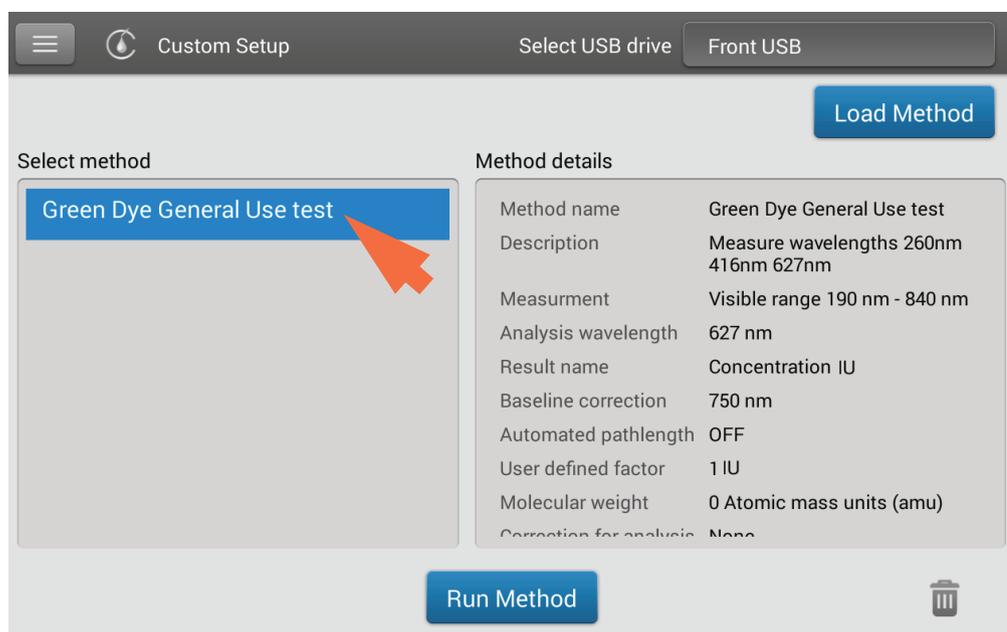


- 要运行仪器上加载的用户自定义方法，并将随后获得的所有检测结果存储在该仪器的数据库上，参见**本地**数据存储（参见上述示例）。
- 要运行通过以太网电缆连接到仪器的个人计算机上的用户自定义方法，并将随后获得的所有结果存储在该计算机的数据库上，将数据存储设置为**直接连接 PC**（有关详细信息，参见[设置仪器](#)中的“设置以太网连接”）。
- 要运行通过无线网络连接到仪器的个人计算机上的用户自定义方法，并将随后获得的所有结果存储在该计算机的数据库上，将数据存储设置为**计算机的指定名称**（有关详细信息，参见[设置仪器](#)中的“设置 Wi-Fi 连接”）。

在您点击**确定**后，将显示自定义设置框（本地或远程）。



- 若数据存储设置为**本地**（参见以前的步骤），自定义设置仅显示位于该仪器上的用户自定义方法（有关详细信息，参见[上载用户自定义方法](#)）。
 - 若数据存储设置为**直接连接 PC**（以太网）或特定**计算机名称**（无线网络），自定义设置仅显示位于该有线（以太网）或特定（无线）计算机上的用户自定义方法（有关详细信息，参见[创建用户自定义方法](#)）。
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。

相关主题

- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [创建用户自定义方法](#)
- [设置仪器](#)
- [导出用户自定义方法](#)

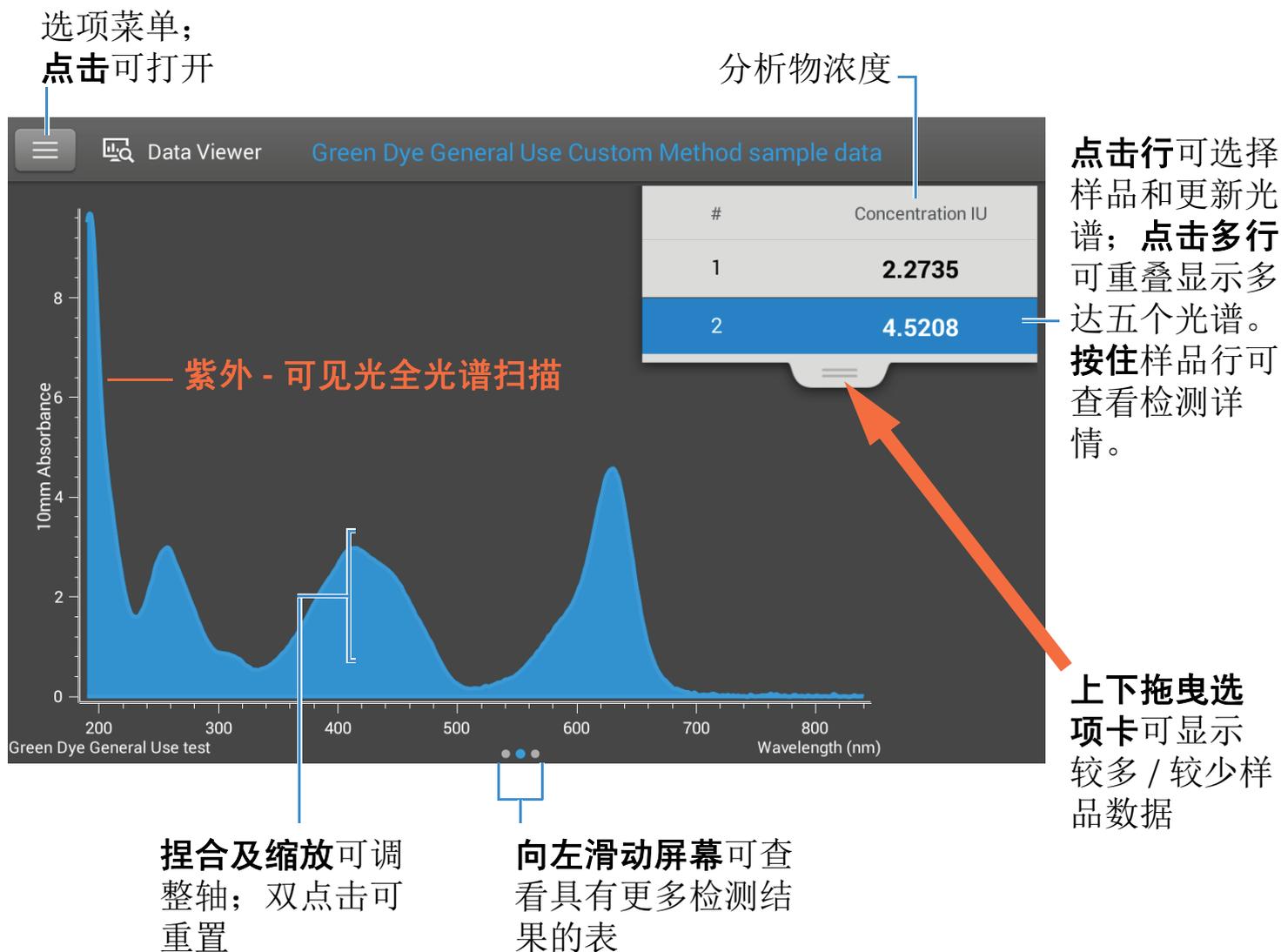
删除用户自定义方法

- 在“主页”屏幕上，选择**用户自定义**选项卡并点击**用户自定义**。
- 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（在数据浏览器中显示）

对于每个检测的样品，此应用显示吸光度光谱和结果摘要。示例：



注释 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 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。示例：

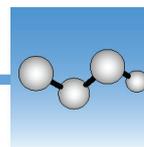
The screenshot shows a 'Sample Details' screen with the following data and annotations:

Sample Details	Green Dye General Use test	Pedestal
Sample Name	Sample 2	样品名称； 点击可编辑
Created on	9/22/2015 6:41:24 PM	日期 / 时 间检测
Concentration	4.5208 IU	分析物浓度
Analysis wavelength	627 nm	方法详情
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 _{260/280} (0.99/0.97) 0.947	

At the bottom of the screen, there is a printer icon, an 'OK' button, and a trash icon.

相关主题

- [基本仪器操作](#)



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，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。

进行紫外 - 可见光检测

通知

- 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抹布擦拭基座。有关详细信息，请参阅[清洁基座](#)。

❖ 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**选项卡并点击**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和基线校正。
3. 将 1-2 μL 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座，或取下空白检测比色皿。
6. 将 1-2 μL 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，将显示光谱和报告的数值（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，用新的抹布擦拭上下基座，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**吸光度检测范围**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的。
- 运行**空白检测周期**评估缓冲溶液增加的吸光度。如果缓冲液在处于或接近分析波长处展现出强大的吸收度，您可能需要选择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](#)。

- 用于微体积检测：
 - 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 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^C 仪器），请使用相容比色皿然后按照[比色皿检测的最佳实践](#)。

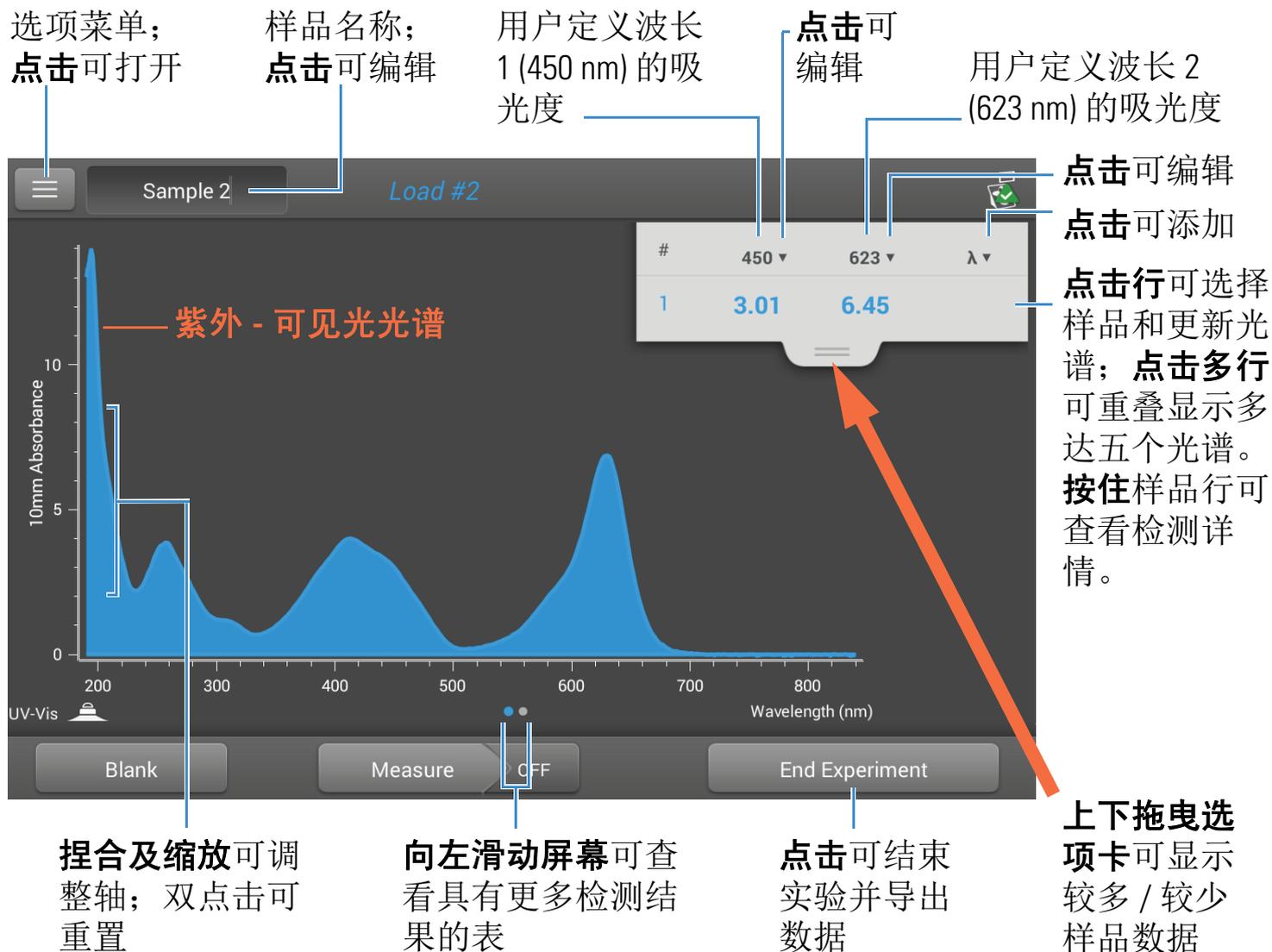
相关主题

- [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](#)
- [制备样品和空白检测](#)
- [基本仪器操作](#)

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。示例：



注释 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 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。若要查看所有报告值，可按住样品行。示例：

应用

采样方法

样品名称：
点击可编辑

Sample Details UV-Vis Pedestal

Sample Name Sample 1

Created on 11/22/2015 7:05:23 PM

Automated pathlength ON

Baseline correction 750 nm 0.00 absorbance

Wavelength #1 450 nm 3.01 absorbance

Wavelength #2 623 nm 6.45 absorbance

Wavelength #3 635 nm 6.49 absorbance

日期 / 时间检测

自动化光程设置

基线校正吸光度

在 450nm 处的吸光度

在 635nm 处的吸光度

在 623nm 处的吸光度

用户定义的波长

基线校正波长

OK

注释 向上滚动，以显示任何其他用户定义波长的吸光值。

相关主题

- [基本仪器操作](#)

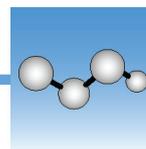
紫外 - 可见光检测设置

若要显示紫外 - 可见光设置，在紫外 - 可见光检测屏幕中点击  > 紫外 - 可见光设置。

设置	可用选项	描述
监测波长	输入最多 40 个 190 nm 和 850 nm 之间的波长	<p>运行时待检测和报告的用户定义波长。前三个输入波长的吸光值显示在检测屏幕中。要查看 8 个监测波长的吸光值，在检测屏幕中向左滑动，以显示数据表。要查看所有监测波长，按住样品行，以显示样品详细信息屏幕（向上滚动可显示任何其他用户定义波长的吸光值）。</p> <p>注释：若选择“基线矫正”，所有显示的吸光值都是经过矫正的值。</p>
自动化光程	开或关 (仅影响基座检测)	<p>可选自动化光程选择。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（查看检测限，以获取详细信息）。</p> <ul style="list-style-type: none"> 选择后，当 220 nm 和 850 nm 之间的任何波长的 10 mm 当量吸光值为 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 当量吸光值为 10 或更高时，将更改更短的光程。 取消选择后，所有波长的基座光程限制为 10 mm。 <p>注释：无论哪种情况下，显示的吸光值归一化为 10 mm 光程当量。</p>
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 (750 nm)	<p>可选用户自定义基线矫正值。软件会从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去指定基线矫正波长处的吸光值，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值为零。</p>

相关主题

- [仪器设置](#)



检测动力学

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

检测动力学

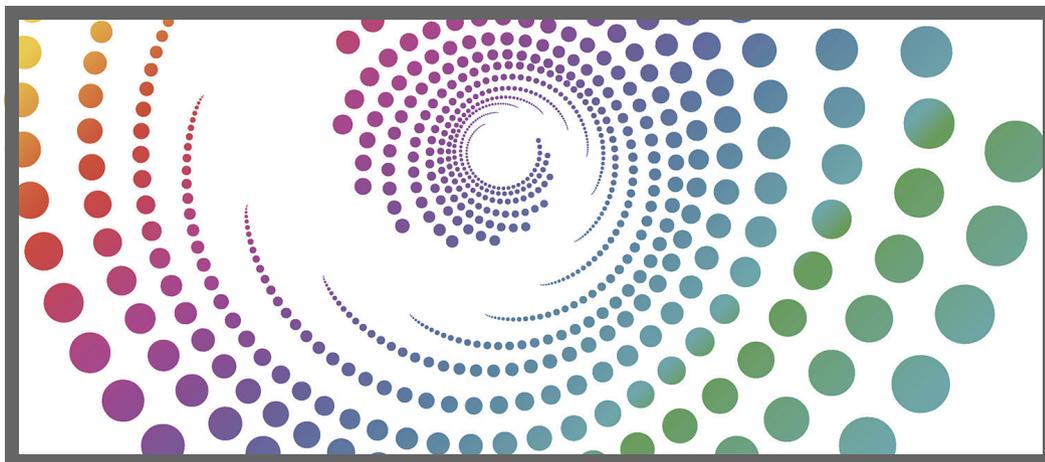
创建动力学方法

编辑动力学方法

报告结果

设置

检测限



检测动力学

NanoDrop One^C 型仪器可用于对比色皿中的样品进行动力学检测。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[检测范围](#)下限，以及可选的 37 °C 加热器和微型磁力搅拌器。

注释 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。

进行动力学检测

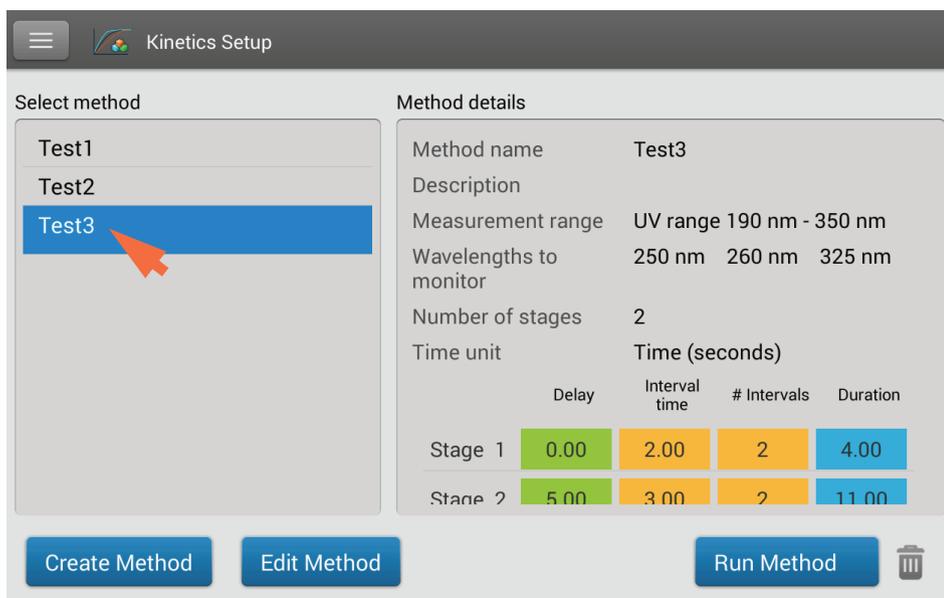
通知

- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器保持远离仪器。
- 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。

❖ 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**。

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。

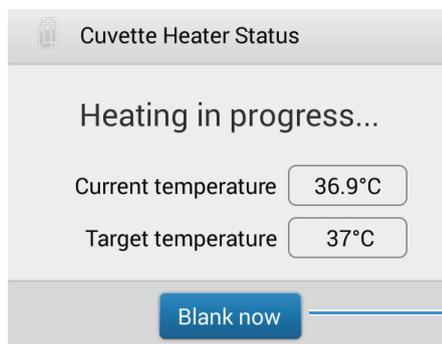


2. 选择一个方法：
 - 在“选择方法”框中点击**方法名称**，以选择现有方法
 - 通过点击**创建方法**、指定**方法设置**并选择**保存方法**来**创建新方法**
 - 通过点击**方法名称**并选择**编辑方法**来**编辑现有方法**
3. 通过点击  > **设置**来指定任何比色皿选项，如加热或搅拌（有关详细信息，参见**常规设置**）。

注释：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，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**

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**。

- 等待空白检测完成，然后取出比色皿

注释： 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检测溶液，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：

注释： 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，按照制造商的规格进行清洁

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
- 制备样品和空白检测
- 基本仪器操作

创建动力学方法

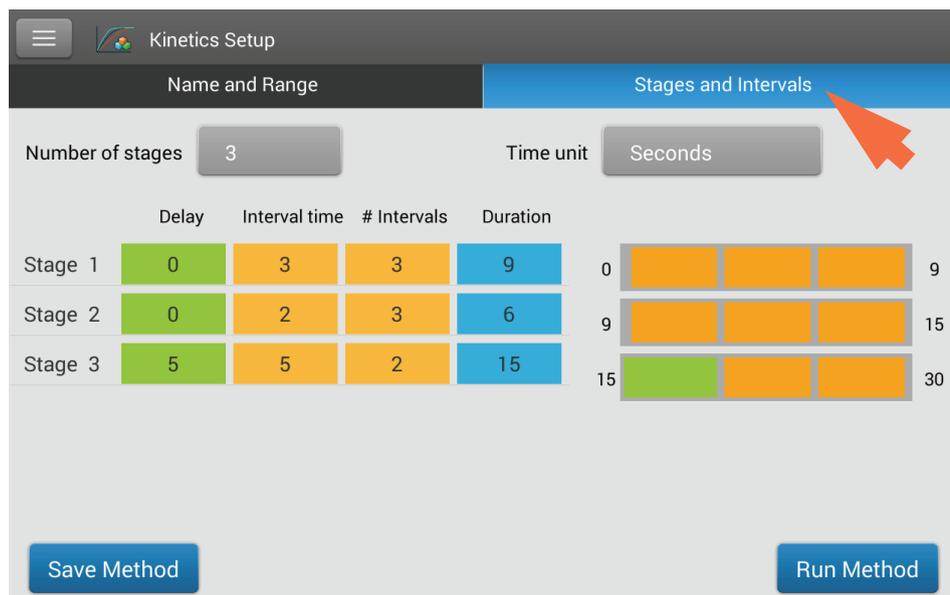
只能在 NanoDrop One 仪器上创建并运行动力学方法。但是，该方法创建后可保存在本地仪器的 NanoDrop One 数据库中，或者保存到已连接 PC 的 NanoDrop 浏览器数据库中。要创建新的动力学方法：

- 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. The 'Name and Range' tab is active, with a red arrow pointing to it. The 'Method name' field is filled with 'Test'. Below it is a 'Description' field. The 'Measurement range' section has four radio button options: 'UV range (190 nm - 350 nm)' (selected), 'Visible range (350 nm - 840 nm)', 'UV-Vis range (190 nm - 840 nm)', and 'Custom range' (with input fields for 190 nm to 350 nm). The 'Wavelengths to monitor' section has a table with three items and their corresponding wavelengths: 250 nm, 260 nm, and 325 nm. At the bottom, there are 'Save Method' and 'Run Method' buttons.

- 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**（分钟和秒数）
- 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

注释 方法保存在当前选定的数据存储位置（本地仪器或连接的 PC）

- 点击**运行方法**，以运行该方法

相关主题

- [编辑动力学方法](#)

编辑动力学方法

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

- 若仪器连接到 PC（以太网或 Wi-Fi），确保为您要编辑的动力学方法设置正确的数据存储位置
- 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

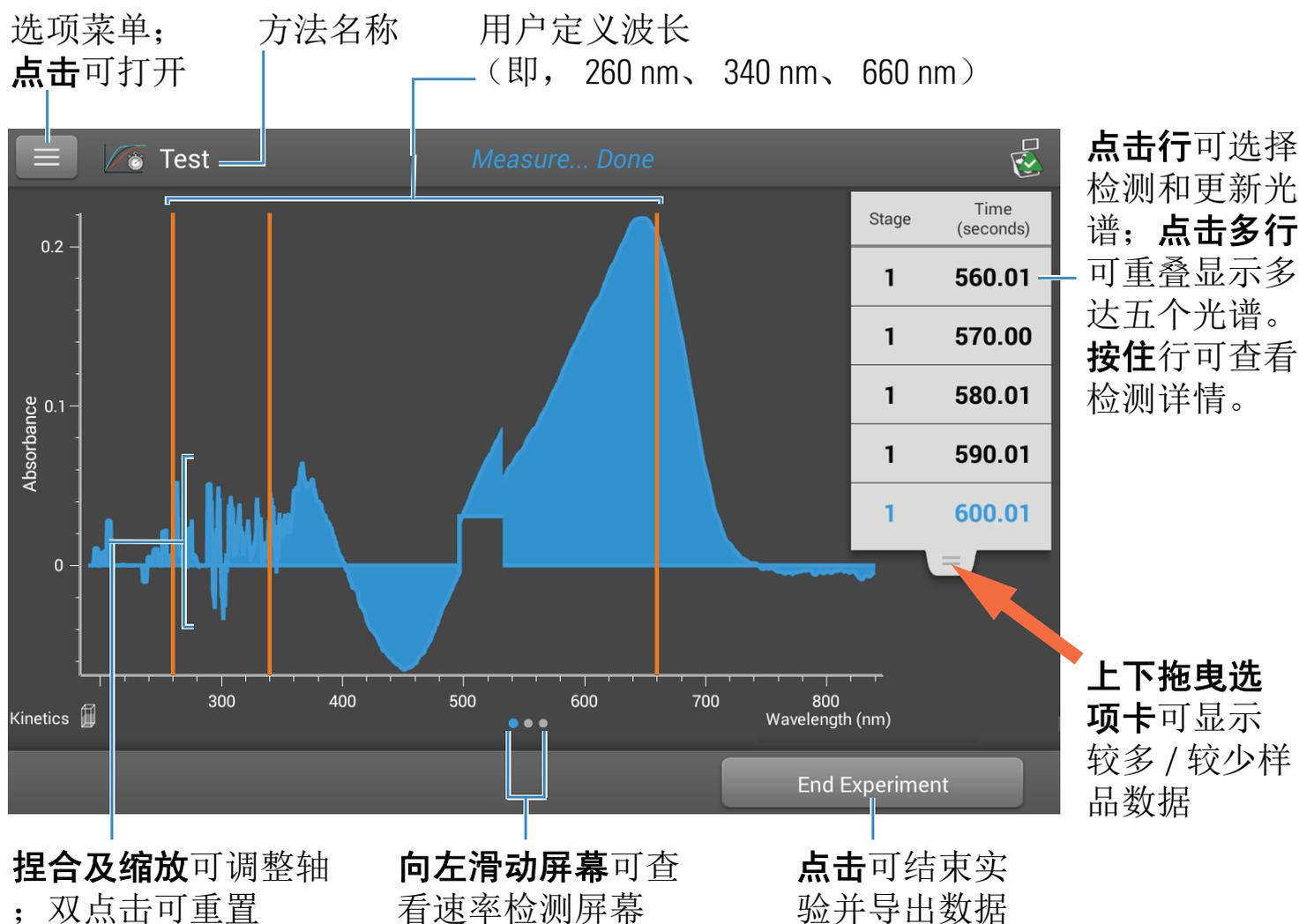
相关主题

- [创建动力学方法](#)

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图，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）。右表中的每个项目都在左侧有对应的吸光度光谱图。下图突出显示了可用的功能。



注释 对使用非标准（10 mm 以外）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（请参阅上文）。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。

用户定义的波长



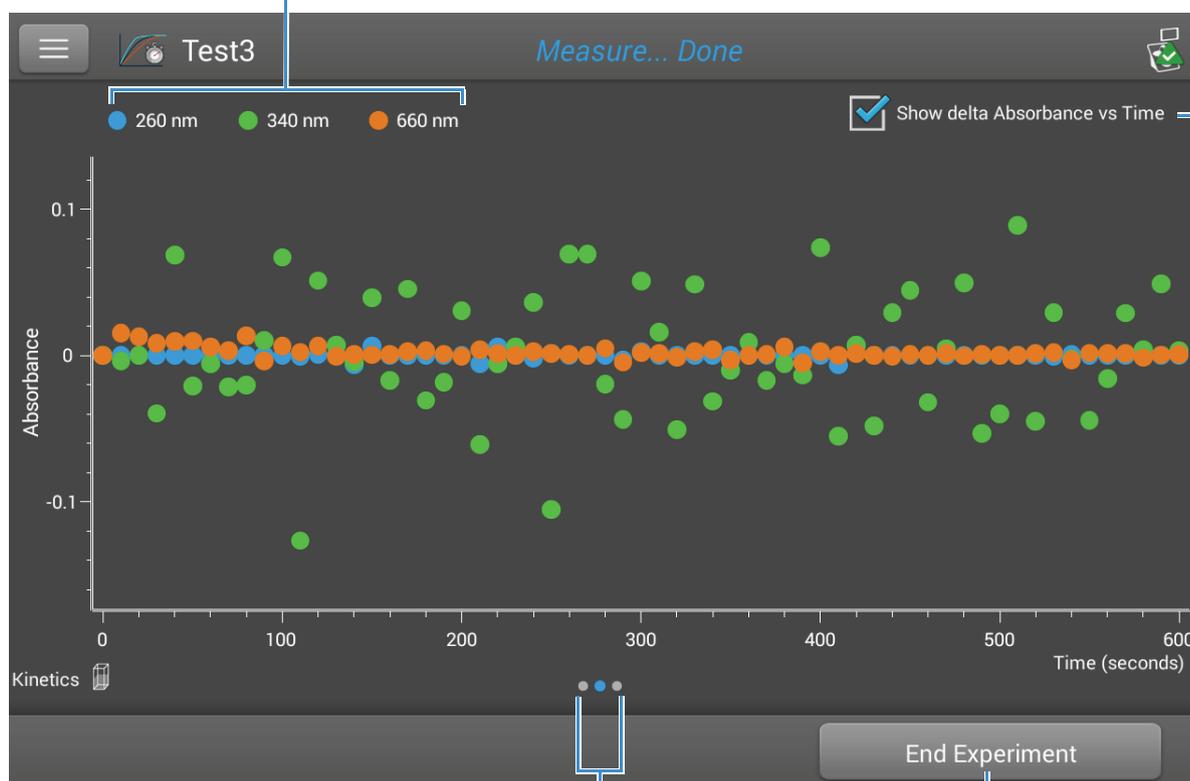
点击可更新图，以显示随时间检测的吸光度变化（参见以下示例）

向左滑动屏幕以查看数据表；
向右滑动以返回到吸光度检测屏幕

点击可结束实验并导出数据

点击**显示 delta 吸光度与时间**，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。

用户定义的波长



点击可更新图，以显示随时间检测的吸光度（参见以上示例）

向左滑动屏幕以查看数据表；
向右滑动以返回到吸光度检测屏幕

点击可结束实验并导出数据

数据表

要查看数据表，向左滑动速率检测屏幕（请参阅上文）。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 载物台 检测时间（单击以指定单位） 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

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。示例：

Measurement #	Created on	Stage	Time (seconds)	A260	A340	A660	Cuvette pathlength
#1	1/11/2016 7:37:17 PM	1	0.00	0.0323	0.0263	0.2073	10 mm

使用的应用: Kinetics
 采样方法: Cuvette
 检测数量: #1
 日期 / 时间检测: 1/11/2016 7:37:17 PM
 检测阶段: 1
 检测时间: 0.00
 在 260nm 处的吸光度: 0.0323
 在 340nm 处的吸光度: 0.0263
 在 660nm 处的吸光度: 0.2073
 Cuvette pathlength: 10 mm
 打印该屏幕
 返回至之前的屏幕
 删除该检测

用户定义的波长
方法详情（向上滚动以查看更多）

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**。您也可以通过点击  > **动力学设置** 从任何动力学检测屏幕中显示设置。

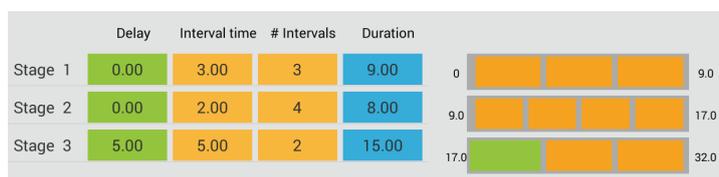
注释 若仪器连接到 PC（以太网或 Wi-Fi），动力学方法也可位于本地仪器的 NanoDrop One 数据库上，或者位于已连接 PC 的 NanoDrop 浏览器数据库中。用“数据库存储”框选择活动的数据库，然后按步骤显示存储在该位置的动力学方法及其相关设置。

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，参见下表。

选项卡	设置	描述
名称和范围	方法名称	为该方法 输入名称 （方法保存后，此名称出现在 动力学设置 框中）。
	描述	若需要，为该方法输入详细的 描述 ，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 光谱范围 。可用选项： <ul style="list-style-type: none"> • 仅紫外 (190 nm - 350 nm) • 仅可见光 (350 nm - 850 nm) • 紫外和可见光 (190 nm - 850 nm) • 用户自定义（指定以纳米为单位的起点和终点） 注释： 对使用非标准（10 mm 以外）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最多 3 个波长。 注释： 所有指定波长必须位于选定的 检测范围 内。
	阶段数	为动力学检测 指定最多 5 个阶段 。每个阶段可以有唯一的延迟、间隔时间和 间隔数设置。 注释： 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 单位 （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"> • 延迟。指定阶段开始前的延迟。 • 间隔时间。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）。 <p>注释： 若两个或更多阶段指定时延迟设置为零，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"> • 间隔数。指定此阶段进行的吸光度检测数。 <p>注释： 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 间隔数 设置加 1。</p> <ul style="list-style-type: none"> • 持续时间。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。

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。

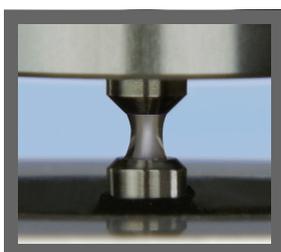
- 阶段 1：0、3、6 和 9 秒
- 阶段 2：9、11、13、15 和 17 秒
- 阶段 3：22、27 和 32 秒

注释： 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。

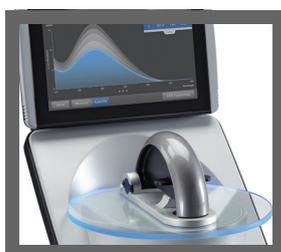
相关主题

- [仪器设置](#)
-

学习中心



仪器工作原理



设置仪器



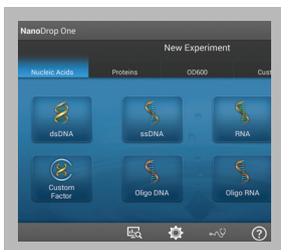
检测微体积样品



使用比色皿检测



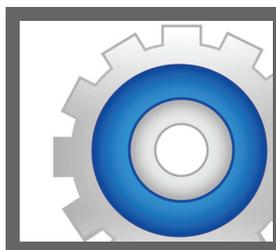
制备样品和空白检测



基本仪器操作



Acclaro 样品智能检测技术



仪器设置



NanoDrop One 浏览器



多媒体

微体积采样 - 工作原理

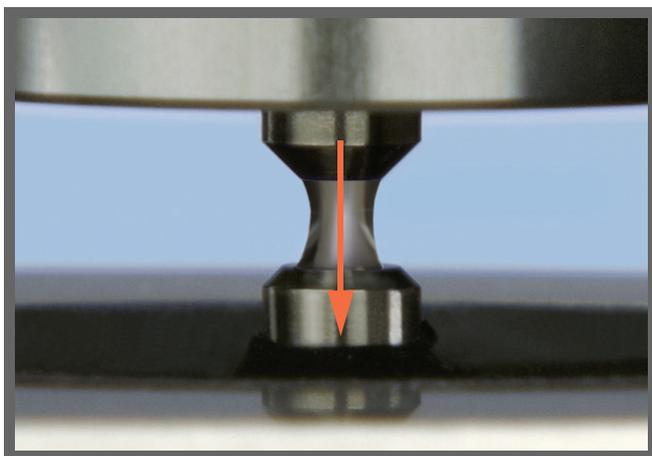
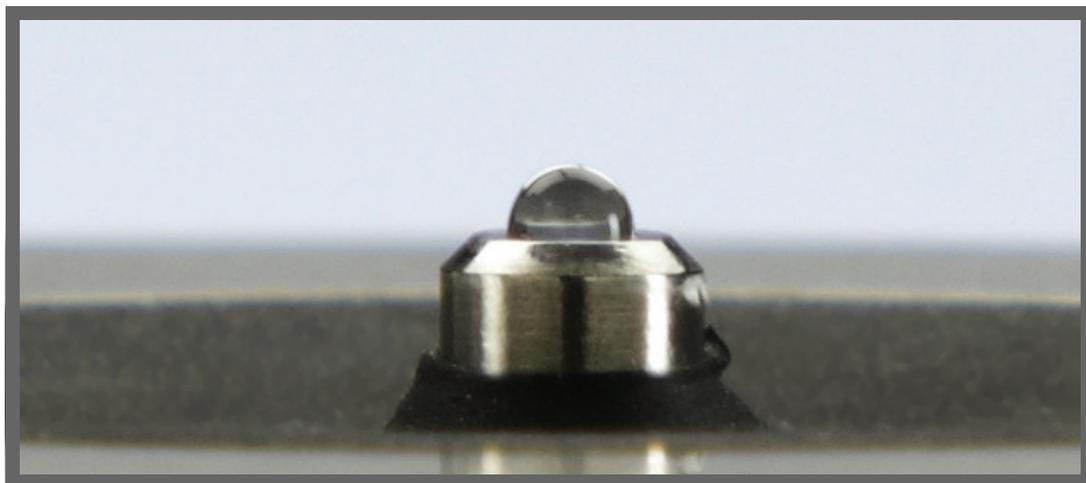
表面张力

吸光度光谱图

样品吸收度

样品浓度

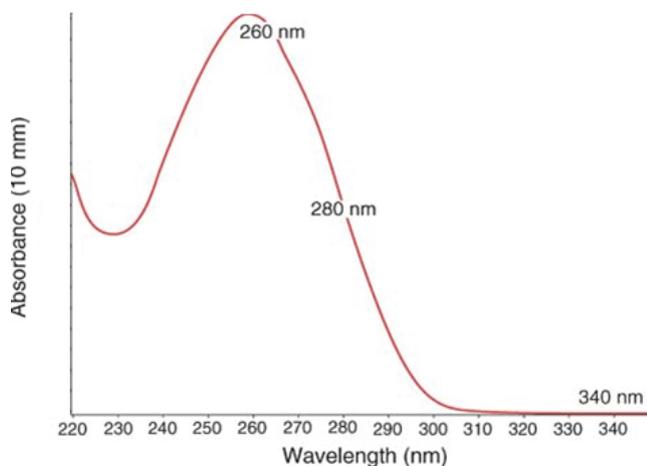
基线校正



表面张力

NanoDrop One 分光光度计利用表面张力将少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，弥合两根光纤电缆之间的空隙。



吸光度光谱图

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。

注释：要防止蒸发，以免影响检测精度，在完成加样或空白样后，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。

$$\text{Absorbance} = -\log \left[\frac{\text{intensity}_{\text{sample}}}{\text{intensity}_{\text{blank}}} \right]$$

Beer-Lambert 等式

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

其中：

A = 吸光度，以吸光度单位表示 (A)

ε = 波长相关的摩尔吸光系数（或消光系数），单位为升 / 摩尔 · 厘米

b = 光程，单位为厘米

c = 分析物浓度，单位为摩尔 / 升或摩尔单位 (M)

样品吸光度

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检测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。

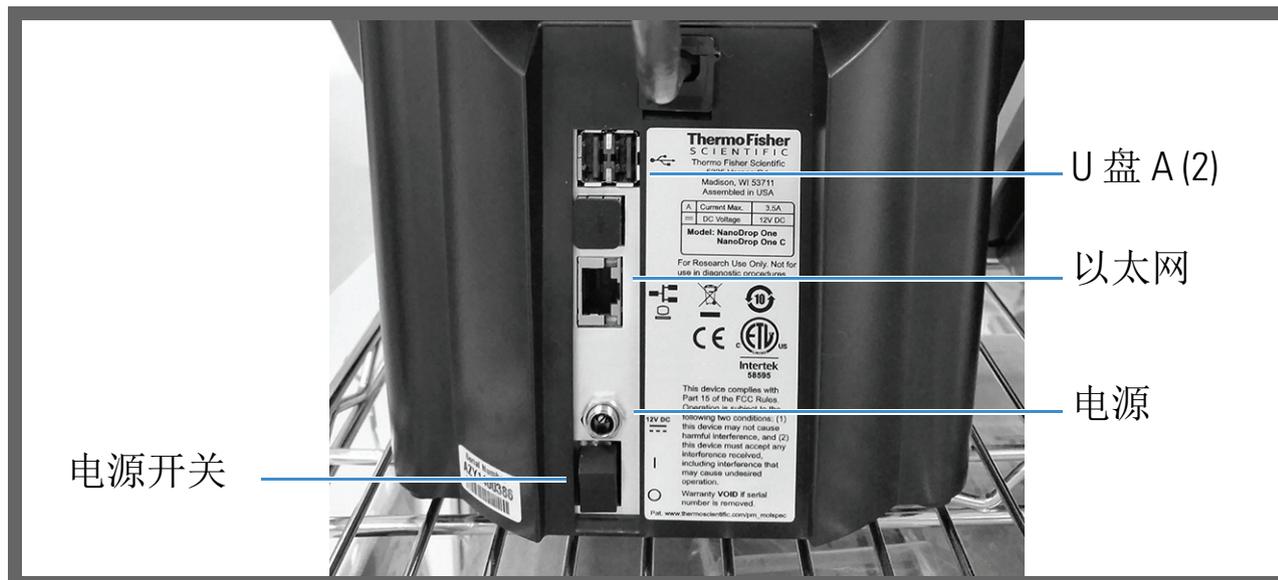
基线矫正

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值减去参考波长的接近零吸光值，基本上是将光谱“锚定”在参考波长的零吸光值单位。

相关主题

- [仪器型号与功能](#)
- [检测微体积样品](#)
- [核酸检测计算](#)
- [用于蛋白质 A280 检测的计算](#)

设置仪器



连接电源



注意事项 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，[请点击此处](#)。

连接附件

若要将兼容打印机或其他兼容附件，如 USB 键盘和 / 或鼠标连接到仪器，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](#)。

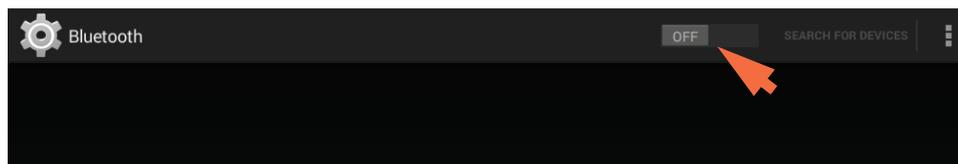
设置蓝牙连接

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。

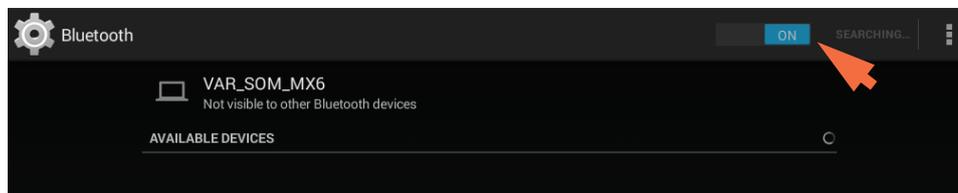
注释 确保设备贴有“蓝牙”标签，而不只是“无线”。所有蓝牙设备都是无线设备，但并非所有无线设备都使用蓝牙。

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，右上侧的按钮设置为“关闭”，并且没有列出蓝牙输入设备）

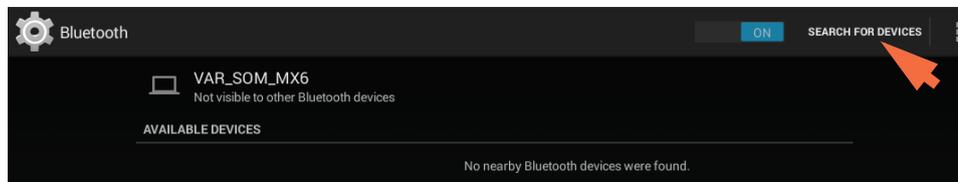


- 点击**关闭**按钮，以启用蓝牙连接（按钮变蓝，改为“开”，软件自动搜索任何可用的蓝牙输入设备）

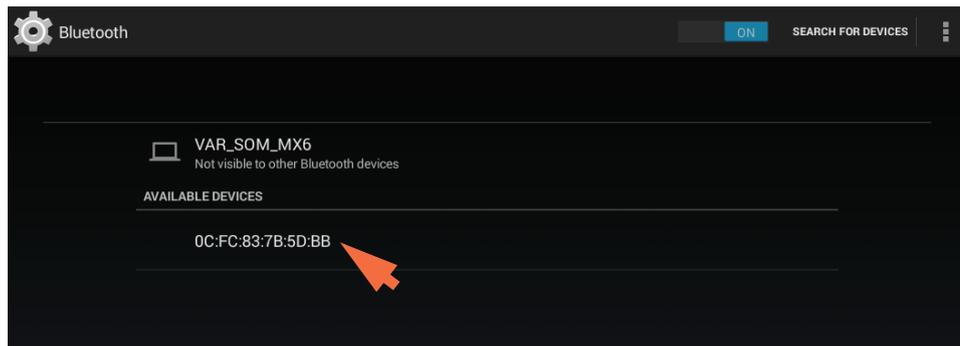


若未找到蓝牙设备，数秒后将显示消息“附近未找到蓝牙设备”

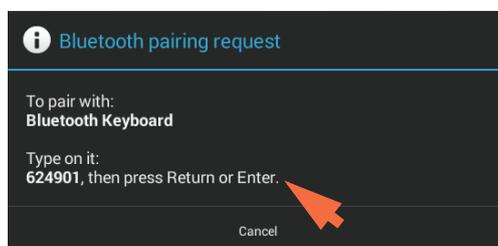
- 要**添加蓝牙设备**，根据厂商说明配对设备（例如，您可能需要按住按钮）并在仪器上点击**搜索设备**



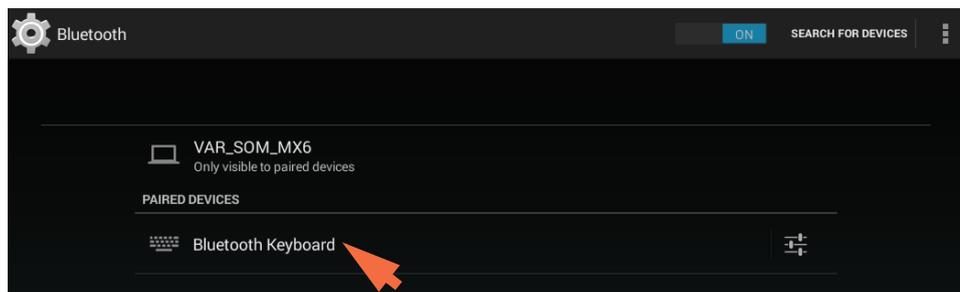
设备名称应当出现在“可用设备”列表中



- 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）

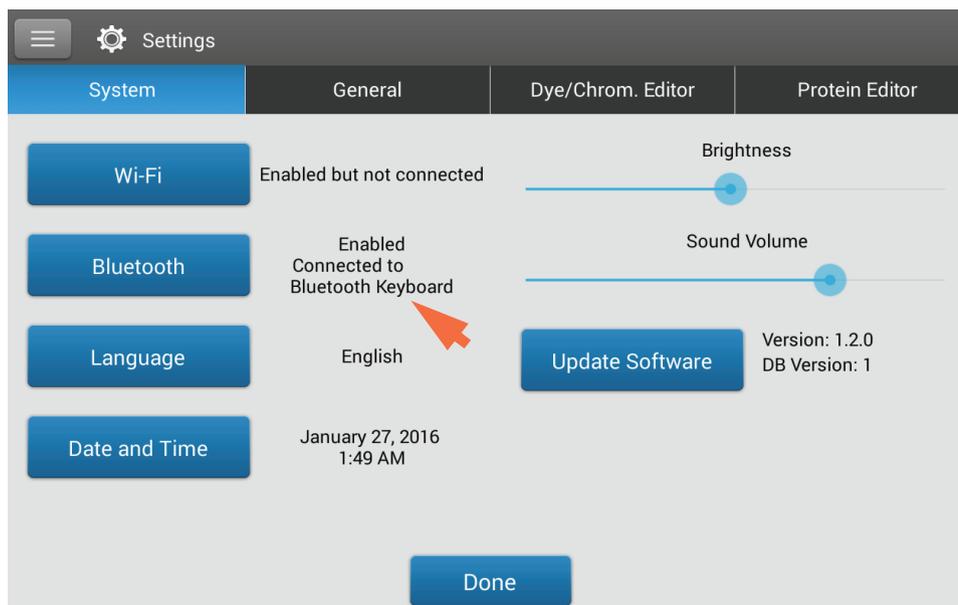


- **完成任何说明**，以配对设备



注释 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）

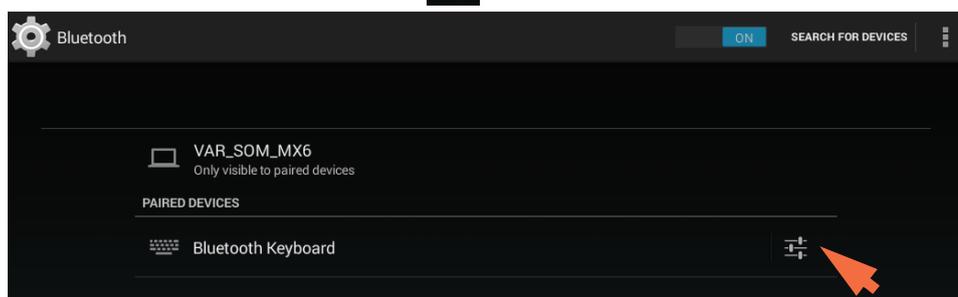


- 重复上述步骤，以添加另一个蓝牙设备，或点击**完成**以关闭设置

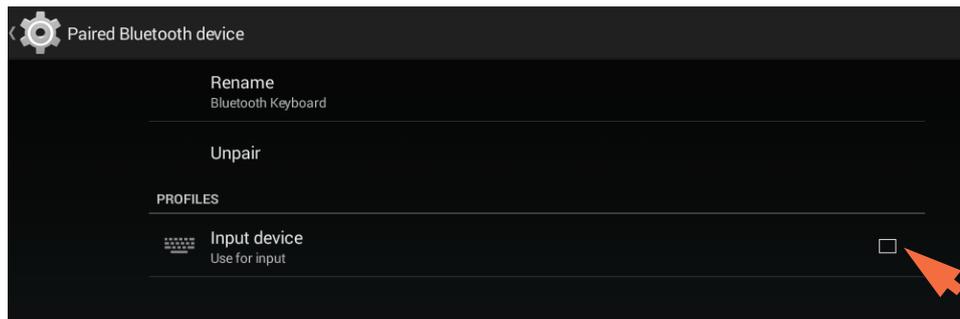
取消选择蓝牙输入设备

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**



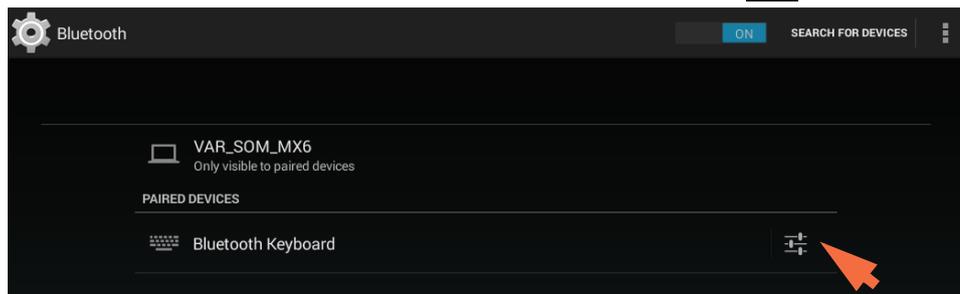
- 点击左上侧的**已配对蓝牙设备**，以返回到上一个屏幕
- 点击**后退**，以返回到系统设置
- 点击**完成**以关闭设置

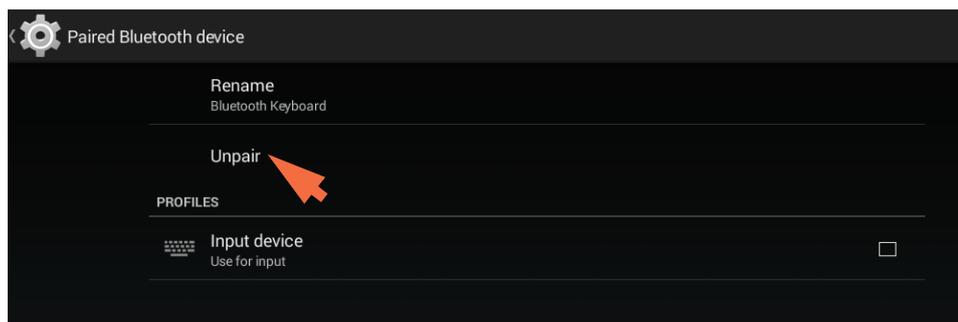
注释

- 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。

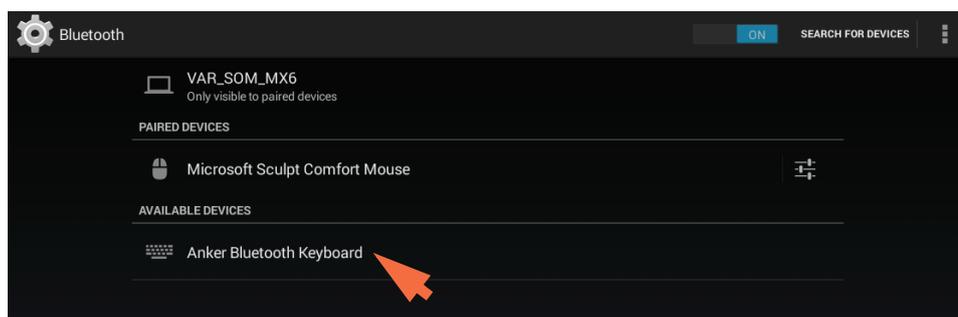
断开蓝牙设备

- 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**后退**，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（或 PC）之间的有线连接。然后，已连接计算机可用于存储或查看使用 NanoDrop One 仪器采集的数据。（计算机上必须安装 [NanoDrop One 浏览器 软件](#)。）

需要的工具：

- 标准（直通）以太网电缆（推荐使用 CAT5e 或更新版本）

注释 若计算机是更早的型号，您可能需要交叉以太网线。nala 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

- 使用以太网电缆，将仪器背面的以太网端口（见上图）连接到计算机的以太网端口

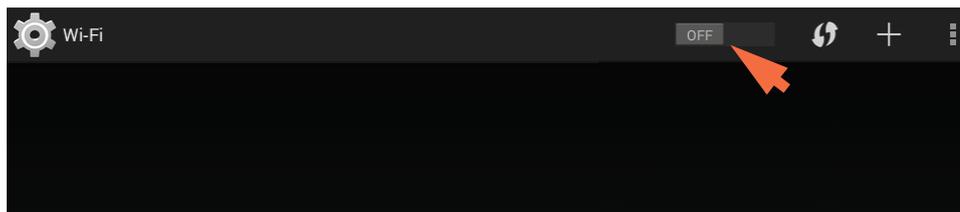
设置无线连接

使用 WiFi™，可通过无线局域网 (WLAN) 将仪器连接到远程计算机。然后，远程计算机可用于存储或查看使用 NanoDrop One 仪器采集的数据。

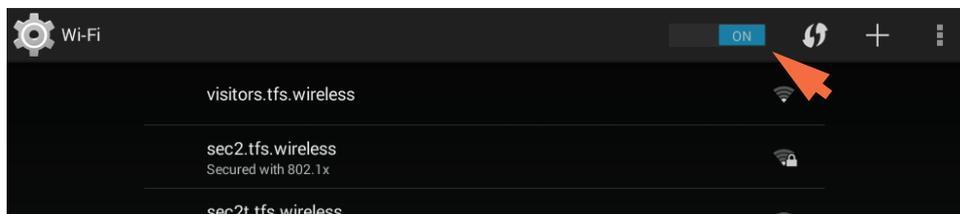
注释 要使用 W-Fi 在已连接计算机上存储或查看采集的数据，NanoDrop One Viewer 软件必须安装在远程计算机上，并且该计算机必须进行 Wi-Fi 数据存储配置。该仪器必须也连接到远程计算机的网络主机，并且已启用 Wi-Fi。

选择仪器上的 Wi-Fi 网络

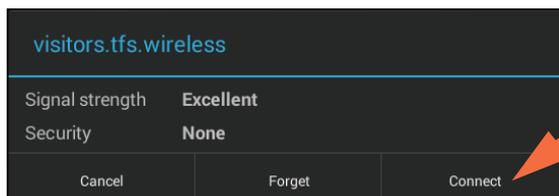
- 在仪器“主页”屏幕上，点击  (设置)
- 点击 **系统** 选项卡
- 点击 **Wi-Fi** (若 Wi-Fi 已禁用，右上侧的按钮设置为“关闭”，并且没有列出无线网络)



- 点击按钮以启用 Wi-Fi，显示可用的 Wi-Fi 网络

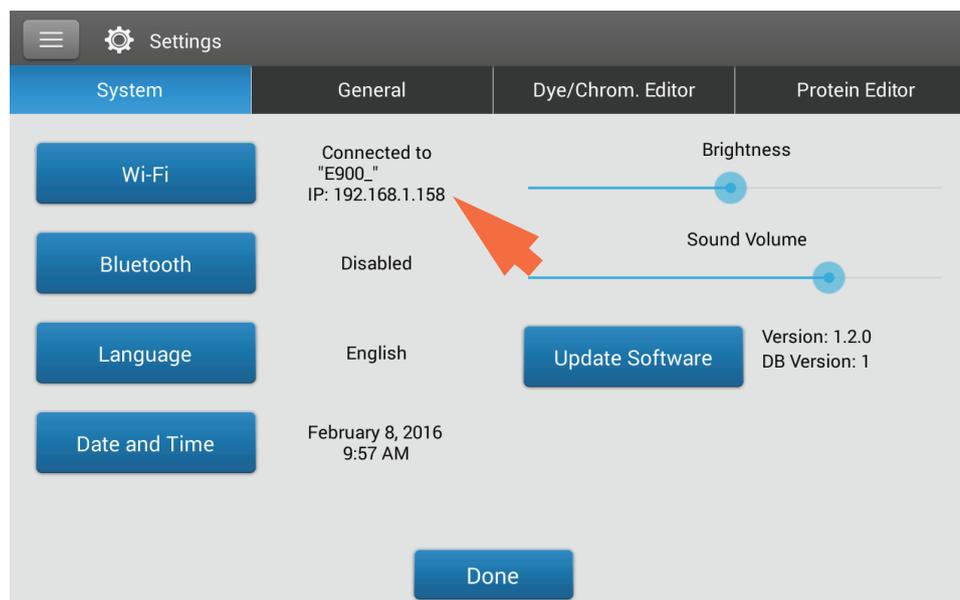


- 选择远程计算机的 Wi-Fi 网络主机，并点击 **连接** (示例)



- 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)

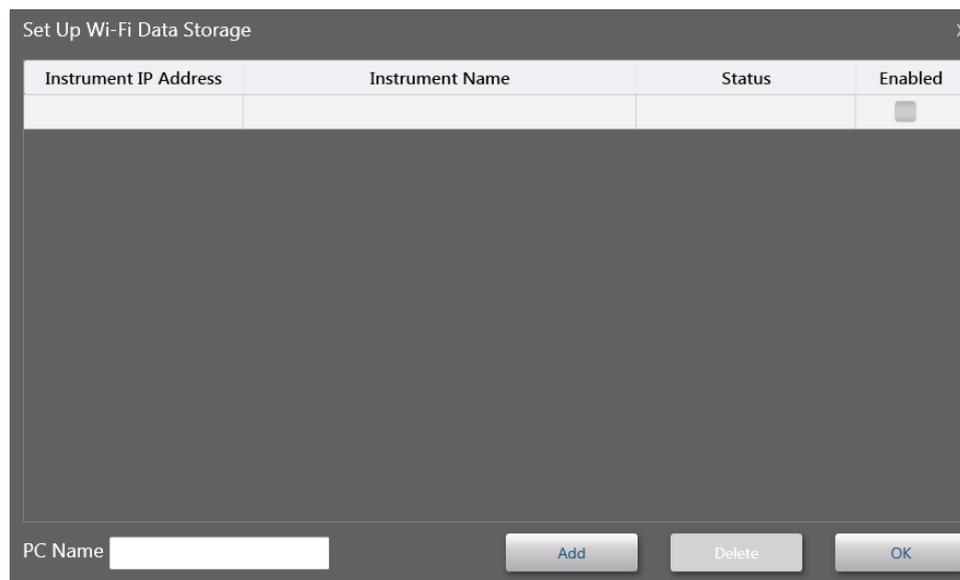
注释 有的 Wi-Fi 网络在连接时可能需要身份、密码或其他信息，或者它们可能是匿名的 (即，您需要通过其名称进行搜索)。有关更多信息，请咨询您工作所在地的系统管理员。



- 记录 IP 地址（在下一章节，您将需要在远程计算机上输入该地址）
- 点击**完成**以退出设置

配置远程计算机上的 Wi-Fi 数据存储

- 在远程计算机上，打开 **NanoDrop One 浏览器** 软件
- 选择**文件**（菜单）> **设置 Wi-Fi 数据存储**（显示以下屏幕）



- 输入以下信息：
 - **仪器 IP 地址**（显示在**设置 > 系统**中，请参阅前一章节；若 IP 地址有效，**状态**栏显示“有效 IP 地址”）

- 输入唯一**仪器名称**（同一网络的相同实验室中有多个仪器的情况）
- 确保该仪器的**已启用**按钮被选中（请参阅以下示例）
- 输入**PC 名称**，如计算机的分配名称或发明名称（您输入的名称将显示在该仪表的“选择数据存储位置”列表框中（请参阅下一章节））



添加 Wi-Fi 连接
（使用新仪器）

删除已选 Wi-Fi
连接

- 要设置另一个仪器，点击**新建**，然后重复上述步骤

通知 您可以向该列表添加多个 Wi-Fi 地址，以便轻松切换计算机。但是，数据采集期间，仅可启用一个 Wi-Fi 连接，以确保数据完整性。

- 要从该列表移除项目，点击以选择该行，然后点击**删除**
- 完成时选择**确定**，以关闭 Wi-Fi 数据存储设置

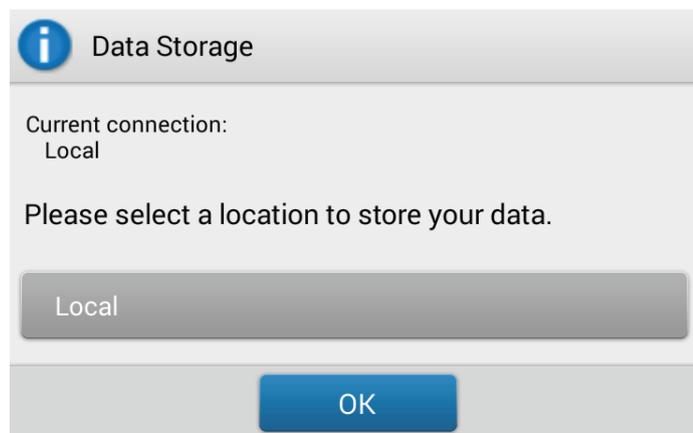
选择用于保存已采集数据的位置

- 在仪器“主页”屏幕中，点击**连接状态**图标 

注释 仅当仪器通过**以太网电缆**或正确配置的无线网络连接到个人计算机 (PC) 时，连接状态图标是活动的，即，蓝色，示例如下。



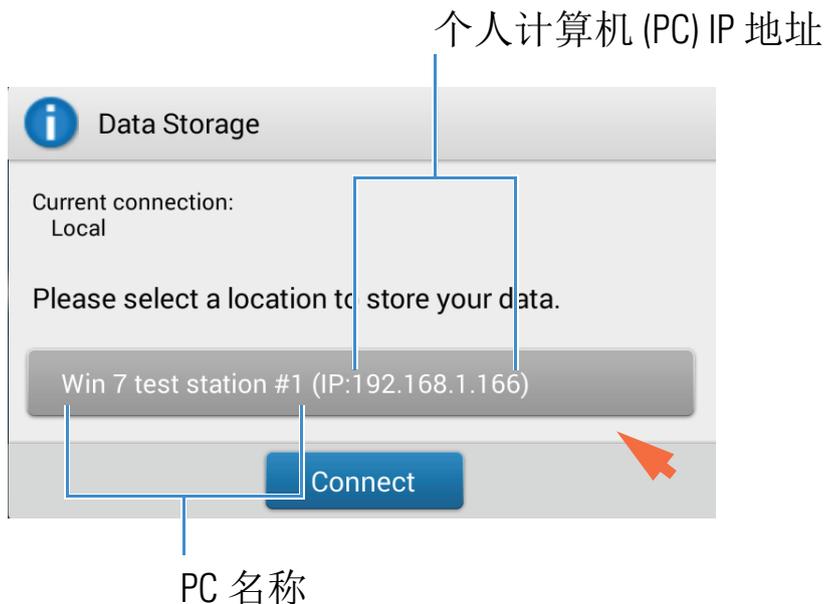
“数据存储”消息框的显示示例如下



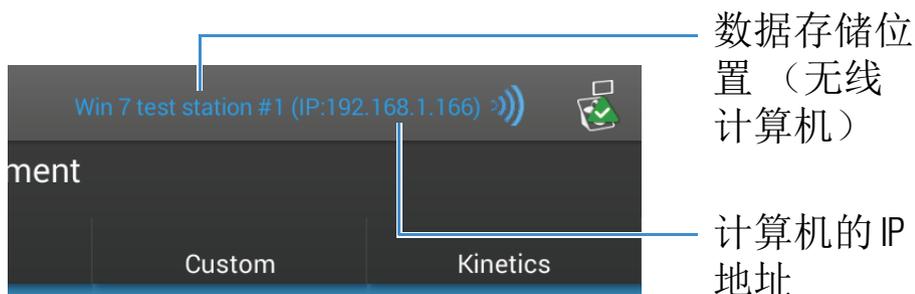
- 选择以下可用选项：
 - 要将所有后续采集的检测结果仅保存在该仪表的 NanoDrop One 数据库中，将“数据存储”设置为**本地**（请参阅以上示例）。
 - 要在通过以太网电缆连接到该仪器的计算机上的 NanoDrop One 浏览器数据库中存储所有后续采集的检测结果，将“数据存储”设置为**直接连接 PC***（有关详细信息，请参阅[设置以太网连接](#)）。
 - 要在通过无线网络连接到该仪器的计算机上的 NanoDrop One 浏览器数据库中存储所有后续采集的检测结果，将“数据存储”设置为**计算机的分配名称***（有关详细信息，请参阅[设置 Wi-Fi 连接](#)）。

* 上述以太网和无线选项还将数据存储在该仪器上作为备份。

这里是选定用于数据存储的无线配置目标计算机的示例



- 点击**连接**（或者，若已建立连接，则点击**确定**），以关闭消息框（新数据存储位置出现在“连接状态”图标附近）



所有后续采集的检测结果都保存在选定计算机的 NanoDrop 浏览器数据库中，以及该本地仪器的 NanoDrop One 数据库中。

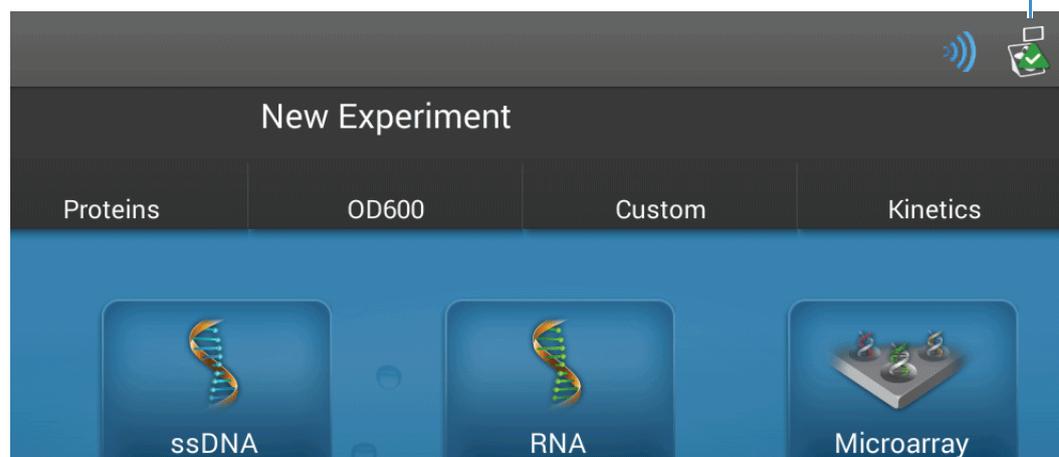
注释

- 无需运行 NanoDrop One 浏览器软件即可将数据保存到远程计算机。
- 若无线或以太网连接在检测期间中断，数据存储切换回本地仪器，并且没有数据丢失。
- 当数据配置为远程存储时，**用户自定义方法**和**动力学方法**必须位于连接的计算机上。
- 当仪器通过以太网电缆或无线网络连接到计算机时，仪器“主页”屏幕上的“数据浏览器”图标不可用。（您不能使用该仪器查看已连接计算机上的 NanoDrop One 数据库，）

评估仪器连接

使用仪器“主页”屏幕右上的“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（本地（仪器）或已连接的 PC）的数据库位置

System Status	
Instrument type	NanoDrop One C
Serial number	AZY1400392
Instrument status	Instrument initialization complete
Data storage location	Local
Wi-Fi status	Connected to "E900_" IP: 192.168.1.158
Bluetooth status	Enabled No paired devices
Software product version	1.2.0.358 Build 01/28/16 09:53 AM
Platform release	1.2.0.194 Build 01/28/16 09:26 AM
Firmware version	145
Android release	3.6

Wi-Fi 状态

蓝牙状态

Licenses OK

- 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。

注释 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，可以让它保持开启状态。

相关主题

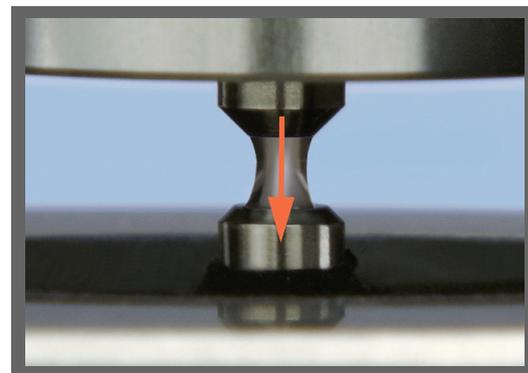
- [安全和操作防范措施](#)
- [仪器型号与功能](#)
- [可选配件](#)
- [仪器设置](#)

检测微体积样品

NanoDrop One 分光光度计利用表面张力将少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^C 分光光度计
- 无绒实验室抹布
- 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存溶液（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

- 进行首个检测前，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
- 运行空白检测周期确认基座清洁。
- 每次检测后，用新的抹布擦拭上下基座防止残留物。
- 完成每组检测后，用 DI H₂O 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 μL 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 μL) 移液器，则使用 2 μL 样品体积。

- 使用新的吸头进行各个空白检测和等分试样。
- 在每次检测中使用新的等分试样。
- 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

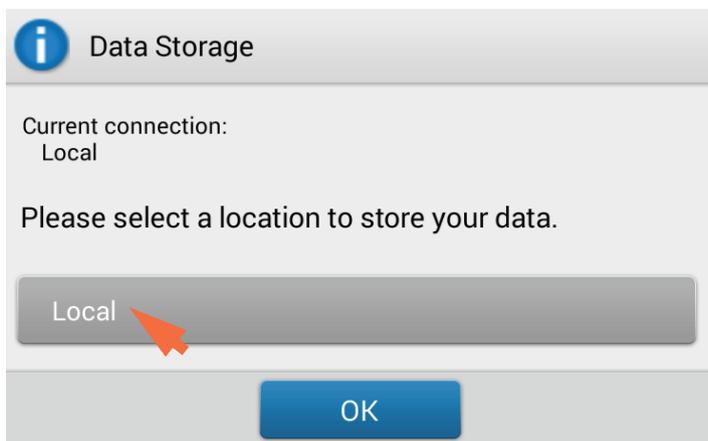
应用	样品体积
核酸（含水溶液）	1 μL ^a
纯化蛋白质	2 μL
其他蛋白质应用，如 Bradford 或 BCA	2 μL
微生物细胞悬浮	2 μL

^a 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 μL 。

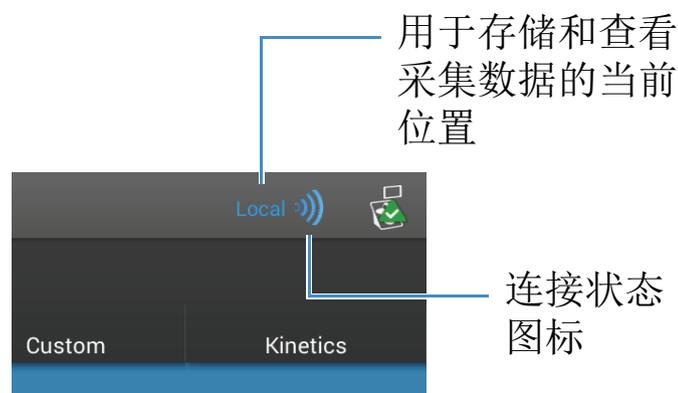
检测微体积样品

通知

- 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。

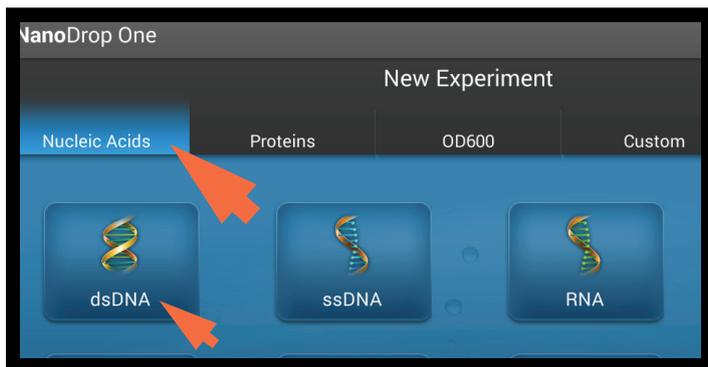


1. 若仪器通过工作以太网或无线网络连接到个人计算机 (PC)，“连接状态”图标是蓝色，表示当前选择用于存储和查看该仪器采集数据的位置。



若“连接状态”图标是蓝色，**点击该图标**，将数据存储设置为“本地”，如左侧所示。

2. 在仪器“主页”屏幕上，选择一个应用选项卡，如“核酸”，然后点击应用名称，如双链 DNA 或 RNA。





3. 抬起仪器检测臂，用新的实验室抹布擦拭上下基座。



4. 进行空白检测：

- 将 1–2 μL 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座。

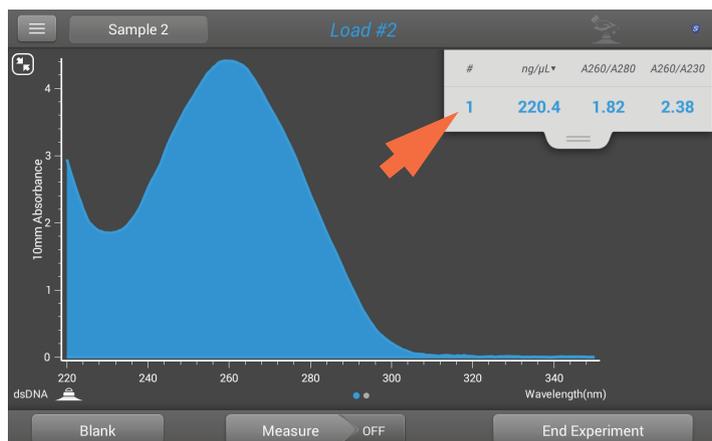


5. 检测首个样品：

- 将 1–2 μL 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**。
- 样本检测完成后，将显示光谱和报告值。

3 学习中心

检测微体积样品



如果有其中一个符号出现在样品 ID 的旁边，点击该符号可获得有关检测的任何警告或附加信息：



提供污染物信息



提供请求式技术支持



无效的结果



点击可结束实验

6. 检测另一个样品：

- 抬起检测臂。
- 用新的抹布擦拭上下基座。
- 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。）



7. 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，使用显示的键盘键入名称，点击**完成**键），或保留默认实验名称。
- 点击 **End Experiment**
- 抬起检测臂，用新的抹布擦拭上下基座。

完成当日的检测后，用 DI H₂O 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](#)）。

相关主题

- [微体积采样 - 工作原理](#)
- [吸光度检测范围](#)
- [制备样品和空白检测](#)
- [自动检测和自动空白检测](#)
- [Acclaro 样品智能检测技术](#)
- [清洁基座](#)
- [搜索实验数据库](#)
- [导出数据](#)
- [使用比色皿检测样品](#)

使用比色皿检测样品

NanoDrop One^C 分光光度计配备一个比色皿架，可用于检测稀释样品、进行比色测定、细胞培养以及动力学研究。比色皿系统提供扩展的[检测范围](#)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^C 分光光度计
- 无绒实验室抹布
- 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存溶液（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

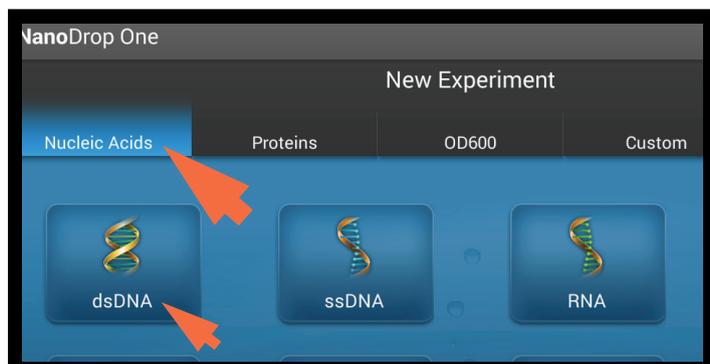
- 可上下移动仪器检测臂以进行比色皿检测。
- 使用 10 mm、5 mm、2 mm 或 1 mm 高达 48 mm 的比色皿。
- 每次检测后，清洁并干燥比色皿。
- 使用没有刮痕的比色皿，并避免可能会影响结果的指纹。
- 若要检测具有分析波长为 UV 范围 (<340 nm) 的样品，可使用石英比色皿或 UV 级塑料比色皿。
- 使用微型、半微量和超微型比色皿时应该屏蔽。
- 在比色皿中装入足够的空白检测或样品溶液，覆盖仪器的光程（2 mm 样品光束为比色皿底部以上的 8.5 mm）。
- 抬起仪器检测臂，确保比色皿架没有碎片。
- 插入石英或屏蔽的塑料比色皿时，将比色皿光路对准仪器光路。



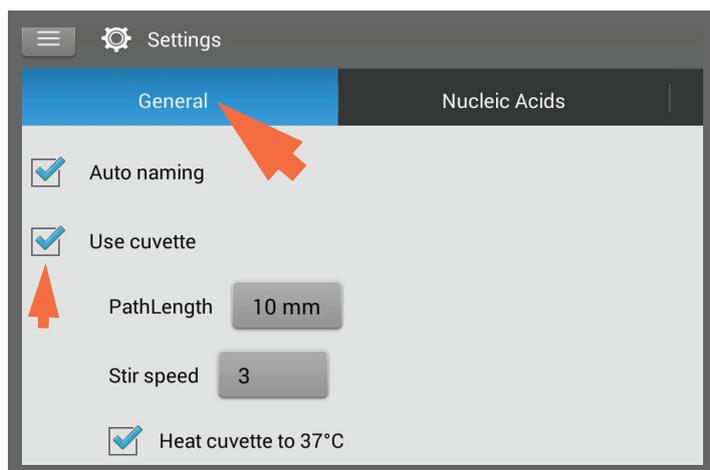
使用比色皿检测样品

通知

- 为了防止溢漏导致的损坏，将液体容器保持远离仪器。
- 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。



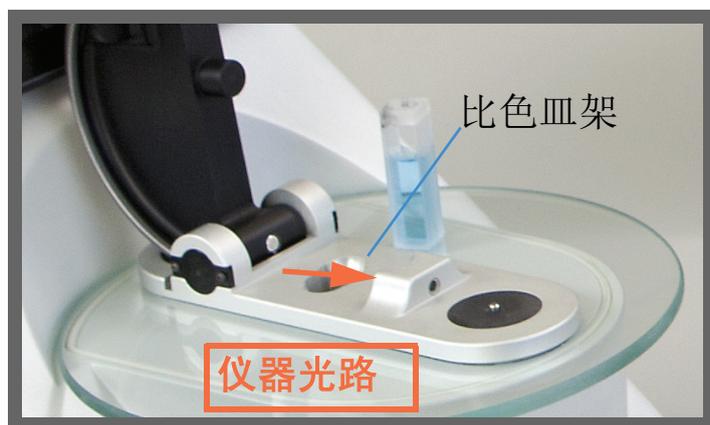
1. 在“主页”屏幕上，选择一个应用选项卡，如“核酸”，然后点击应用名称，如双链 DNA 或 RNA。



2. 指定比色皿选项：

- 在“主页”屏幕上，点击 （设置）。
- 点击**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。
- 点击**完成**。

有关详细信息，请参阅[常规设置](#)。



3. 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，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。



4. 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。
- 按照制造商的规格清洁比色皿。

相关主题

- 仪器型号与功能
- 吸光度检测范围
- 制备样品和空白检测
- Acclaro 样品智能检测技术
- 仪器设置
- 搜索实验数据库
- 导出数据
- 检测微体积样品

制备样品和空白检测

制备样品

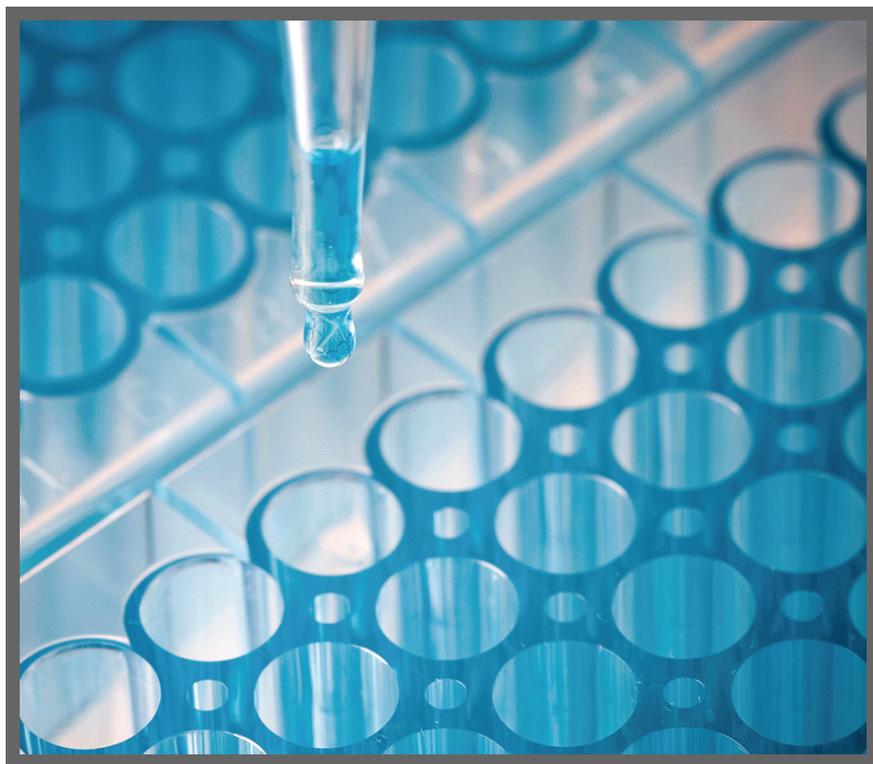
- 使用仪器检测样品之前，将其隔离和纯化。商用样品隔离试剂盒可用于这些目的，或使用内部协议。纯化后，目标分析物通常会溶解在含水缓冲溶液中然后再进行检测。

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**吸光度检测范围**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。

提示： 如果是高浓度或大分子核酸样品，如基因组或噬菌体 DNA，在混匀之前，应将这类样品加热到 63 °C (145 °F)。

- 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。



注释 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^C 仪器）。

选择和进行空白检测

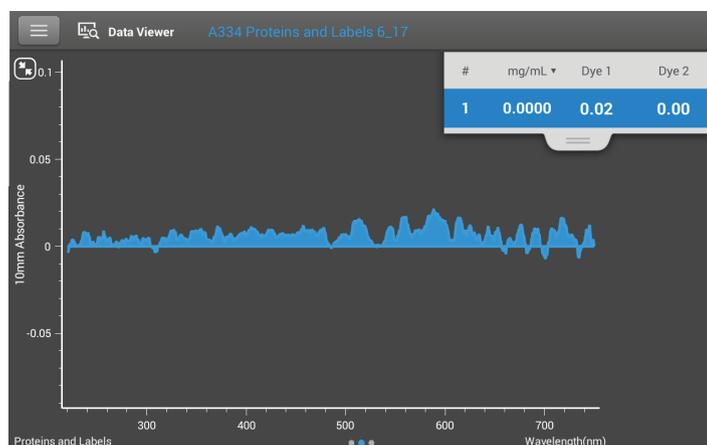
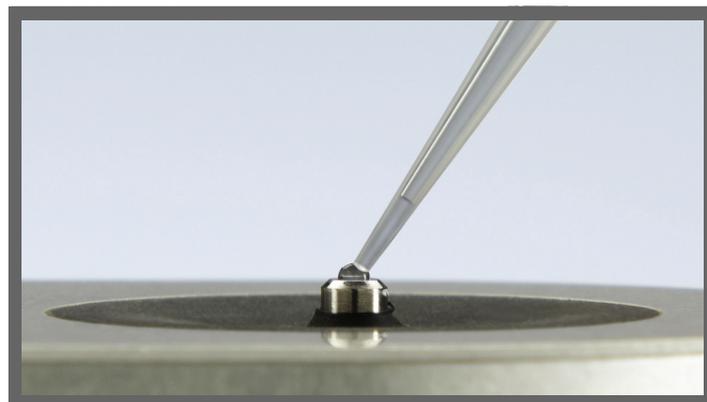
用于再悬浮样品分析物的缓冲液会增加吸光度。空白检测可最小化样品检测时缓冲液成分导致的任何吸光度增加。产生的样品谱图仅显示目标分析物的吸光度。有关详细信息，请观看 [什么是空白检测？](#) 多媒体培训视频。

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的。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小于 0.04 A（10 mm 当量），特别是在右边示例中的分析波长。

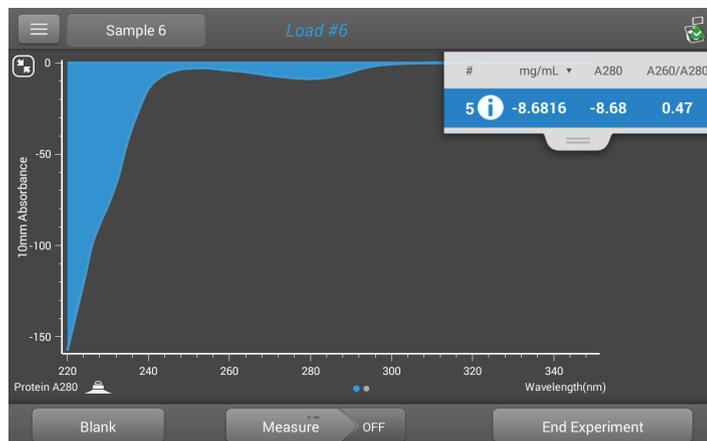
如果所产生光谱在分析波长周围大于 0.04 A，该缓冲溶液可能会干扰样品分析，特别是低浓度样品。有关详细信息，请参阅下文。



良好的空白检测缓冲液（检测的 abs < 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值，表示在该光谱区域中，空白检测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值，或者，类似于典型纯核酸或蛋白光谱的镜像，如右边的例子所示。）



用于仪器空白检测的蛋白样品溶液产生“镜像”结果

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的。有关详细信息，请参阅所使用应用中的“检测样品”。
- 如果空白检测问题仍然存在，则使用更合适的应用，如使用 NanoDrop 3300 进行荧光测定，或检测蛋白时使用比色法测定。

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

- 无绒实验室抹布
- 标定精度移液器 (0–2 μL)
- 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。

通知

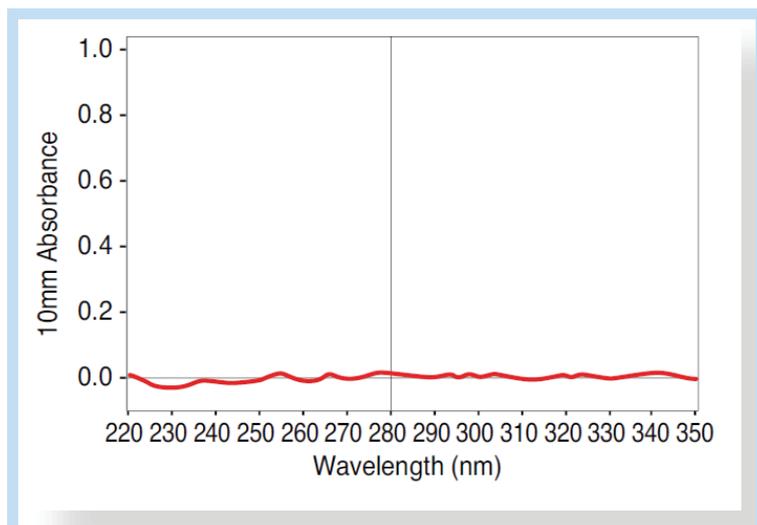
- 不要在仪器附近使用喷射器或喷雾瓶，因为液体会流入仪器并可能导致永久性损坏。
- 不要在基座上使用氢氟酸 (HF)。氟离子会永久损坏石英光纤电缆。

1. 在“主页”屏幕上，选择一个应用选项卡，如“核酸”，然后点击应用名称，如双链 DNA 或 RNA。
2. 抬起仪器检测臂，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
3. 进行水空白检测：
 - 将 1 μL 去离子水 (DI H_2O) 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
4. 检测缓冲溶液：
 - 将 1-2 μL 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。

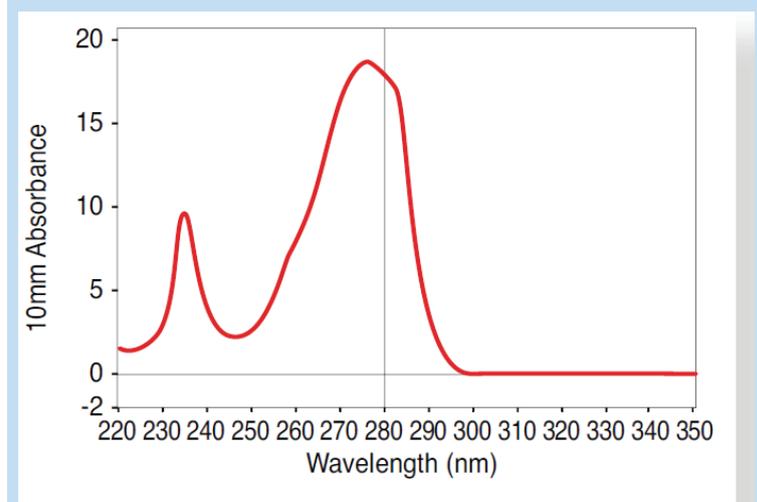
所产生光谱在分析波长处的基线变化应小于 0.04 A（核酸为 260 nm；蛋白质为 280 nm）。

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，用新的抹布擦拭上下基座。



适用于蛋白质 A280 量化的缓冲液光谱示例

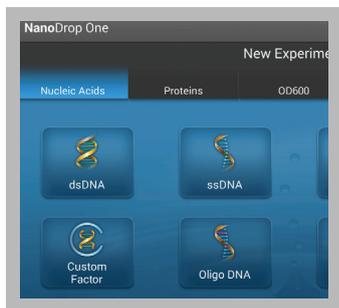


不适用于蛋白质 A280 量化的缓冲液光谱示例

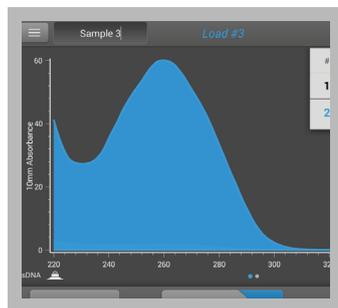
相关主题

- [吸光度检测范围](#)
 - [样品中气泡的影响](#)
 - [什么是空白检测？](#)
 - [评估空白检测溶液的适用性](#)
 - [维护基座](#)
 - [检测微体积样品](#)
 - [使用比色皿检测样品](#)
-

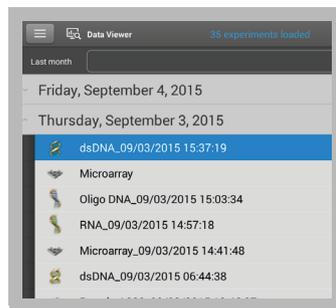
基本仪器操作



主页屏幕



检测屏幕



数据浏览器



常规操作

NanoDrop One 主页屏幕

NanoDrop One 主页屏幕提供了以下操作。



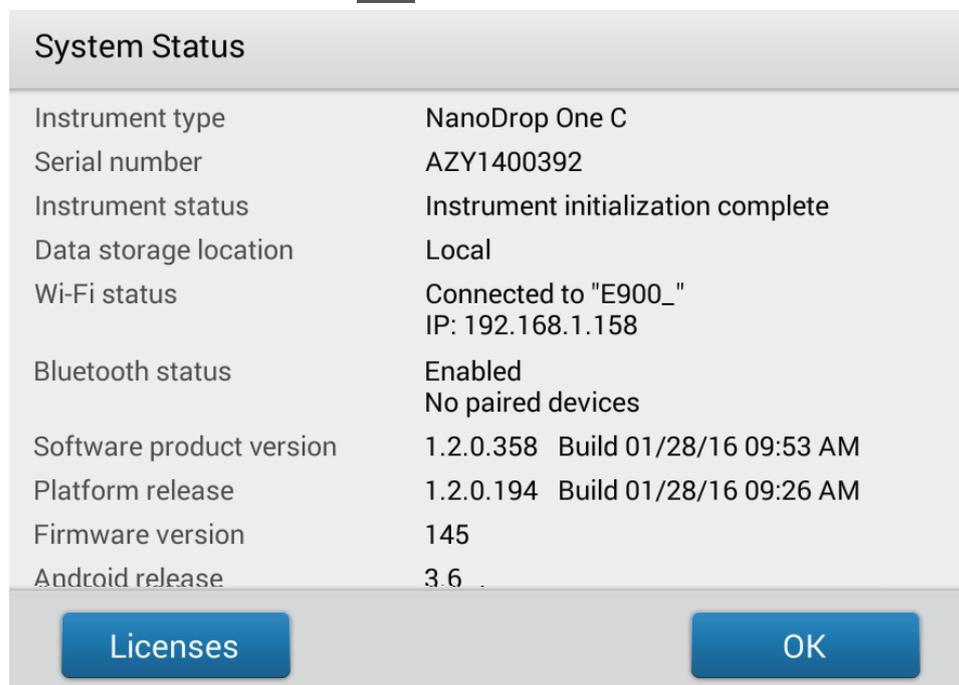
应用

NanoDrop One 提供各种应用，可用于在仪器上检测样品。若要选择应用，可点击**应用选项卡**，如“核酸”，然后点击**应用名称**，如“双链 DNA”。

有关每个可用应用的详细信息，[请点击此处](#)。

系统状态

点击仪器“主页”屏幕上的 ，以打开系统状态框。示例：



下面说明了可用的信息。

仪器类型	仪器型号（NanoDrop One 或 NanoDrop One ^C ）
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的数据库位置。可用的选项包括： <ul style="list-style-type: none">• 本地（仪器）• 已连接 PC*（通过以太网电缆或无线网络连接的个人计算机） <p>* 上述以太网和无线选项还将数据存储在该仪器上作为备份。</p>
Wi-Fi 状态	仪器的 WiFi 连接状态（“连接至...”、“已启用但未连接”或“已禁用”）
蓝牙状态	仪器的蓝牙连接状态（“连接至...”、“已启用-[任何已配对设备列表]”或“已禁用”）
软件产品版本	安装的 NanoDrop One 软件版本
平台发布	支持 NanoDrop One 仪器的平台发布
固件版本	安装的仪器固件版本

Android 发布	用户自定义版本的 Android 发布
Android 版本	安装的 Android 操作系统软件版本

数据浏览器

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。[点击此处](#)，以获取更多关于该仪器上数据浏览器的信息。

注释 仪器仅允许您在本地 NanoDrop One 数据库中查看数据。当仪器通过以太网电缆或无线网络连接到计算机时，仪器“主页”屏幕上的“数据浏览器”图标不可用。

仪器设置

在“主页”屏幕上点击  可访问仪器的常规设置，如 WiFi 和使用比色皿。有关所有可用仪器设置的详细信息，[请点击此处](#)。

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[维护时间表](#)定期运行仪器诊断。有关如何运行可用仪器诊断的信息，[请点击此处](#)。

培训和帮助

在“主页”屏幕上点击  可访问此“帮助”系统。NanoDrop One 软件附带全面的嵌入式培训和支持。有关如何导航可用信息的说明，[请点击此处](#)。

相关主题

- [应用](#)
- [设置仪器](#)
- [NanoDrop One 数据浏览器](#)
- [仪器设置](#)
- [仪器诊断](#)
- [关于本帮助系统](#)
- [检测微体积样品](#)
- [使用比色皿检测样品](#)

NanoDrop One 仪器屏幕

应用中的任何检测屏幕均提供以下操作。

选项菜单；
点击可打开

样品名称；
点击可编辑

检测结果；有关详细
信息，请参阅应用。

检测警告；点
击可查看更多
内容

点击行可选择
样品和更新光
谱；点击多行
可重叠显示多
达五个光谱。
按住样品行可
显示检测详
情。

上下拖曳选
项卡可显示
较多 / 较少
样品数据

样品光程

10mm Absorbance

Wavelength (nm)

所选样品的紫外
吸光度光谱

dsDNA

Blank

Measure

自动
检测

End Experiment

点击可检测
空白溶液

点击可检测
样品溶液

点击可结束实
验并导出数据

#	ng/ul	A260/A280	A260/A230
1	96.2	1.97	1.04
2	3005.4	1.80	2.20

选中的
应用

捏合及缩放
可调整轴

页面控制；向左滑动屏幕可查看具
有更多检测结果的表

菜单

在任何检测屏幕上点击 可查看可用的菜单选项。

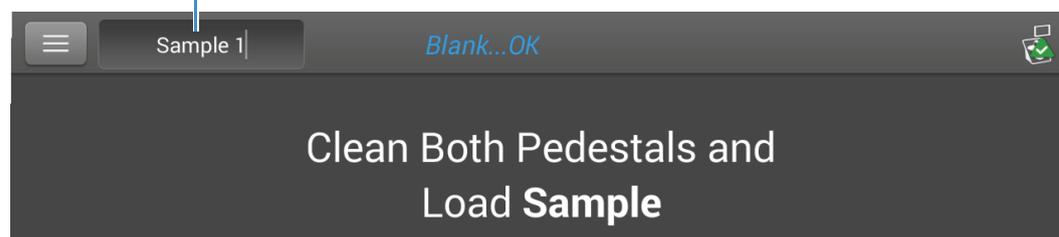
主页	返回 NanoDrop One 主页屏幕
[应用] 设置	查看或更改所选应用的设置
设置	查看或更改仪器设置
打印	打印选中的检测结果

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。

注释 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。

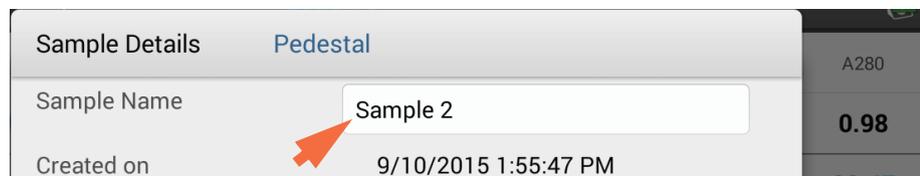
编辑默认样品基本名称

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  打开数据浏览器。
- 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

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：

应用 > [应用组] > 检测 [应用名称] > 报告结果

以下是[双链 DNA](#) 的示例。

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。

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 当量。

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。有关详细信息，请点击下面的一个链接。



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](#)可测量很低的浓度



无效结果警报

Blank（空白样）

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。空白检测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

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](#)和[吸光度检测范围](#)。

注释 **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

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。

注释 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。



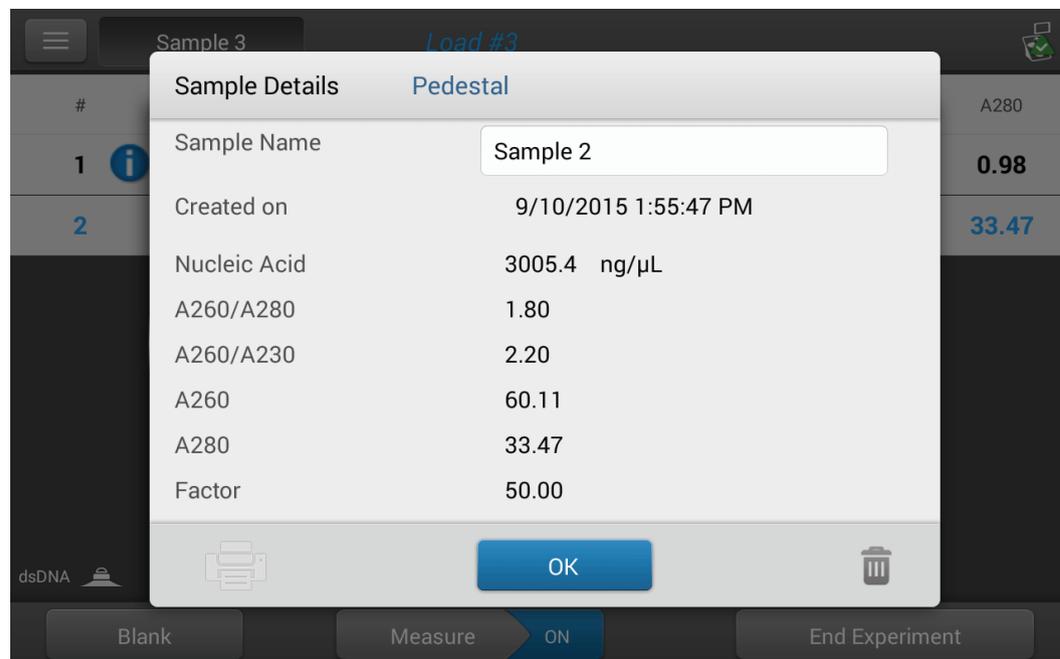
结束实验

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（请参阅[管理仪器上的标识符](#)），或[导出数据](#)。

注释 **结束实验**按钮在完成首个样品检测后启用。

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。示例：



注释 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/μL	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**: Points to the hamburger menu icon in the top left.
- 样品名称; 点击可编辑**: Points to the 'Sample 3' header.
- 检测结果; 有关详细信息, 请参阅应用。**: Points to the 'Load #3' header.
- 检测警告; 点击可查看更多内容**: Points to a green checkmark icon in the top right.
- 点击行可选择样品; 按住行可显示样品详情**: Points to the first row of the data table.
- 使用的应用**: Points to the 'dsDNA' label and the 'Blank', 'Measure', and 'End Experiment' buttons at the bottom.
- 页面控制; 向右滑动屏幕可返回检测屏幕**: Points to the 'ON' button at the bottom.

相关主题

- 检测核酸
- 检测蛋白质
- 仪器设置
- 打印数据
- Acclaro 样品智能检测技术
- 制备样品和空白检测

- 搜索实验数据库
- 导出数据
- 检测微体积样品
- 使用比色皿检测样品

NanoDrop One 数据浏览器

数据浏览器可打开数据库，该数据库存储了在仪器上检测的样品数据。实验按照采集日期、实验名称、[使用的应用](#)和任何分配的标记存储（请参阅[管理标识符](#)）。

从数据浏览器，您可以查找和选择任何实验查看它所包含的检测数据，或将选中的实验[导出](#)到不同的位置和格式。

数据浏览器提供了以下操作。

The screenshot shows the NanoDrop One Data Viewer interface. At the top, there is a header bar with a menu icon (three horizontal lines), a search icon, and the text "Data Viewer". To the right of the header, it says "18 experiments found". There are two buttons: "Search" and "Select". Below the header, there is a section labeled "Last week" with a dropdown arrow. The main content is a list of dates from Tuesday, September 8, 2015, to Wednesday, September 2, 2015. Each date row has a checkmark on the left and the number of experiments found on the right. Annotations with blue lines point to various parts of the interface:

- "选项菜单；点击可打开" points to the menu icon.
- "当前时间范围检索条件" points to the "Last week" dropdown.
- "搜索实验或更改时间范围检索条件" points to the "Search" button.
- "选择要导出或删除的实验" points to the "Select" button.
- "点击行可查看在该日期采集的实验；点击实验可将它打开" points to the date rows in the list.

日期	实验数量
Tuesday, September 8, 2015	4 experiments found
Monday, September 7, 2015	1 experiment found
Sunday, September 6, 2015	1 experiment found
Saturday, September 5, 2015	3 experiments found
Friday, September 4, 2015	1 experiment found
Thursday, September 3, 2015	2 experiments found
Wednesday, September 2, 2015	6 experiments found

打开数据浏览器

不论您是采集一个样品或一行多个样品，选择“结束实验”后，采集的数据将自动保存在具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。

使用数据浏览器可随时打开本地仪器数据库，以便从任何实验查看采集的光谱和相关数据。

打开检测结果的仪器数据库

- 要打开仪器 NanoDrop One 数据库，点击  仪器“主页”屏幕上的（数据浏览器）

注释 当仪器通过以太网电缆或无线网络连接到计算机（有关详细信息，请参阅[设置仪器](#)）时，仪器“主页”屏幕上的“数据浏览器”图标不可用。

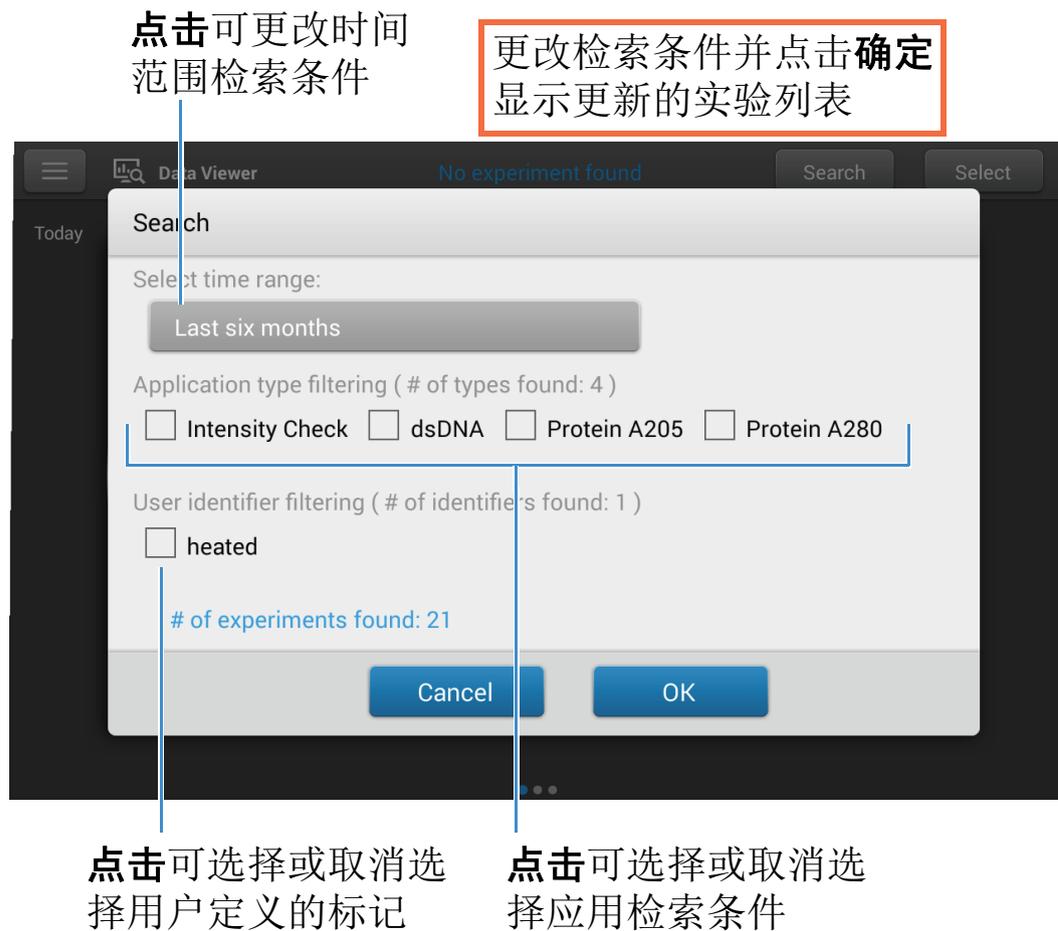
菜单

在数据浏览器中点击  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 仪器设置
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“数据浏览器”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**）。示例：



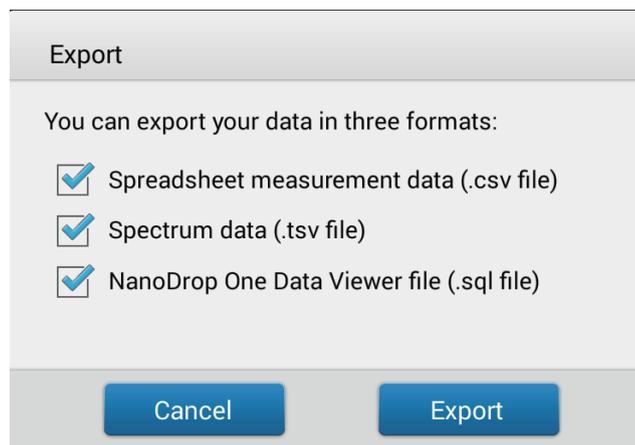
导出选中的实验

在数据浏览器中使用**选择**可选择要导出的实验。

导出选中的实验

- 在数据浏览器中点击**行**可列出在该日期采集的实验，或使用**搜索**功能查找实验。
- 将 U 盘插入仪器上可用的 USB 端口中（前端、左后或右后）。
- 点击**选择**

- 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）
- 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“导出数据”。）



- 点击**导出**
- 显示“导出成功”消息后，点击**确定**。

删除选中的实验

在数据浏览器中使用**选择**可选择要删除的实验。

删除选中的实验

- 在数据浏览器中点击**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**

通知 删除的数据不能恢复。

打开实验和查看相关数据

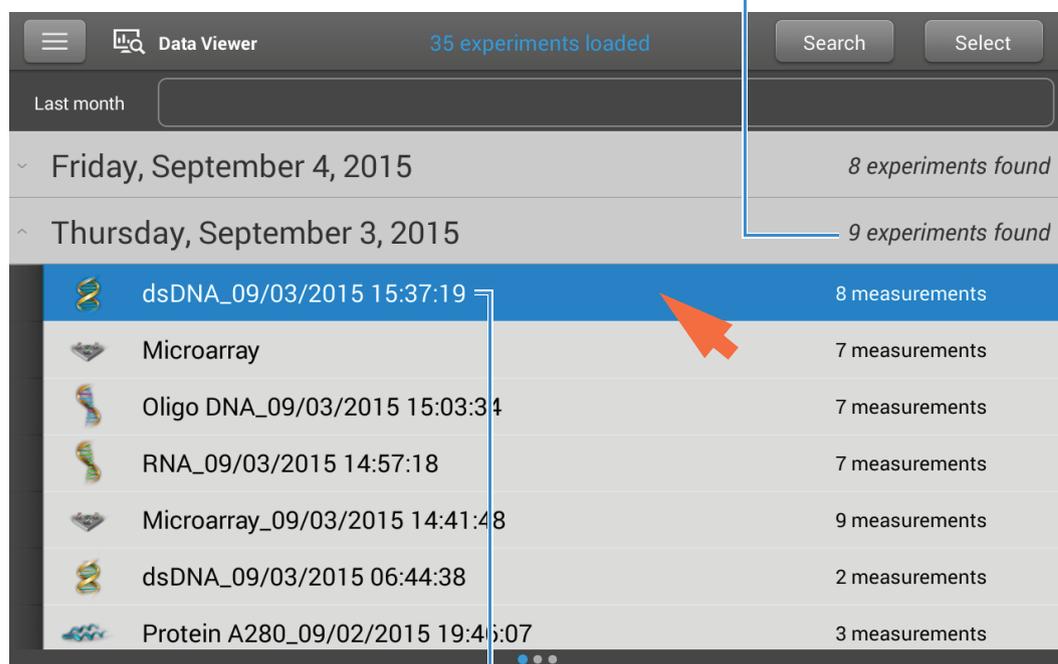
使用数据浏览器，可以查找和打开任何实验查看它所包含的检测数据。

打开实验

- 在数据浏览器中点击**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

示例：

此日期检测了九个实验



点击可打开此实验；**按住**可查看实验详情，包括任何分配的标记

数据浏览器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**。

注释 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**。

数据表 —

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。

The screenshot shows the 'Data Viewer' interface with a table of 8 samples. Annotations point to various UI elements:

- 选项菜单; 点击可打开**: Points to the hamburger menu icon in the top left.
- 选中的实验**: Points to the selected sample 'Sample 3' in the table.
- 点击可选择单位**: Points to the unit dropdown 'ng/μL' in the table header.
- 检测结果; 有关详细信息, 请参阅应用。**: Points to the numerical values in the table.
- 检测警告; 点击可查看更多内容**: Points to the information icon (i) in the first row.
- 点击行可选择样品; 按住行可显示样品详情。**: Points to the first row of the table.
- 使用的应用**: Points to the 'dsDNA' label at the bottom left.
- 页面控制; 向右滑动屏幕可查看上一个屏幕 (2)**: Points to the page control dots at the bottom center.

#	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

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 (请参阅管理仪器上的标识符)
导出	将所选实验导出到 U 盘
打印	打印所选检测结果 (“打印”选项仅在“数据表”中选择一个或多个检测结果后显示)

设置	查看或更改仪器设置
磁盘状态	查看仪器上可用于存储检测数据的剩余空间。

相关主题

- [仪器设置](#)
- [搜索实验数据库](#)
- [导出数据](#)
- [打印数据](#)

NanoDrop One 通用操作

任何检测屏幕和[数据浏览器](#)均提供以下操作。

管理标识符（仪器上的）

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，或从计算机上安装的 NanoDrop One 浏览器软件添加标记（请参阅[管理计算机上的标识符](#)）。

使用数据浏览器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，检索数据浏览器中的实验列表。

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**

标记数据浏览器中的实验

- 在“主页”屏幕上，点击  打开数据浏览器。
- 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  打开数据浏览器。
- 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  打开数据浏览器。
- 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），从滚动列表中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  打开数据浏览器。
- 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**

导出选中的检测

保存实验时，您可以从一个或多个实验导出检测数据，或之后从[数据浏览器](#)导出。

注释 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](#)）。

可使用三种格式导出仪器数据：

- 逗号分隔值 (.csv) 文件，包含检测结果和详情
- 制表符分隔值 (.tsv) 文件，包含每个光谱数据点的 x、y 坐标
- NanoDrop One Viewer (.sql) 文件，包含可导入在个人计算机上运行的 [NanoDrop One 浏览器软件](#) 的光谱和检测结果

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。（使用[系统状态](#)可查看仪器序列号。）

如果您选择以 CSV 和 TSV 格式导出多个实验，每个导出的实验将具有相应的 CSV 和 TSV 文件。如果同时选择了 SQL 选项，导出的 SQL 文件将包含选中的所有实验。

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

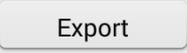
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Date	Sample Name	Nucleic Acid	A260/A280	A260/A230	A260	A280	Nucleic Acid Factor	Baseline (nm)	
2	4/21/2015 15:37	Sample 1	0.3	0.7	0.56	0.01	0.01	33	340	
3	4/21/2015 15:42	Sample 2	0.37	0.94	0.86	0.01	0.01	33	340	
4	4/21/2015 15:44	Sample 3	0.43	0.98	0.74	0.01	0.01	33	340	
5	4/21/2015 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										

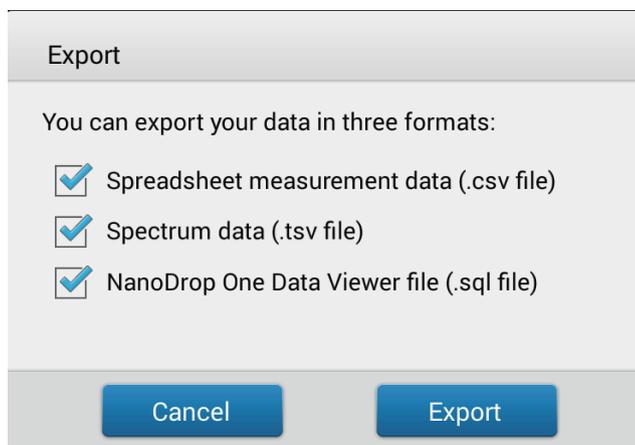
注释 导出的数据类型取决于用于检测样品的应用（在该示例中为核酸）。有关详细信息，请参阅[应用](#)详情。

SQL 文件仅可使用我们的 NanoDrop One 浏览器软件打开，并且仅可在导入文件后打开。

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，然后传输到安装了电子表格或文书处理应用程序（用于 CSV 和 TSV 文件）或 NanoDrop One 浏览器应用程序（用于 SQL 文件）的任何计算机。

在实验结束时导出数据

- 将 U 盘插入仪器上可用的 USB 端口中（前端、左后或右后）。
- 完成检测样品后，点击 
- 在“结束实验”框中，点击 
- 选择要导出的一个或多个格式（有关详细信息，请参阅上文。）

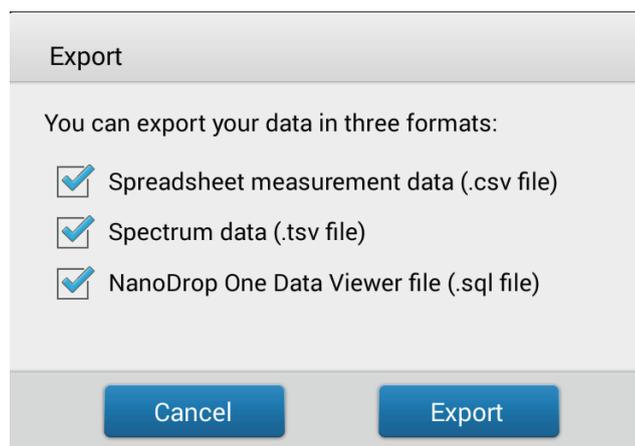


- 点击**导出**
- 显示“导出成功”消息后，点击**确定**。
- 取出 U 盘
- 点击**结束实验**

从数据浏览器导出数据

- 在“主页”屏幕上，点击  打开数据浏览器。
- 在数据浏览器中点击**行**可列出在该日期采集的实验，或使用**搜索**功能查找实验。
- 将 U 盘插入仪器上可用的 USB 端口中（前端、左后或右后）。
- 点击**选择**
- 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）
- 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。）



- 点击**导出**
- 显示“导出成功”消息后，点击**确定**。

删除选中的检测

您可以从任何实验中删除样品检测。

通知 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 

从数据浏览器删除数据

- 在“主页”屏幕上，点击  打开数据浏览器。
- 在数据浏览器中点击**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。
- 按住样品行打开“样品详情”框
- 点击 

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，包括光谱数据和样品详情，以便将这些数据包含在实验记录簿中或张贴到公告板上。

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，如光谱数据或数据表（请参阅 [NanoDrop One 检测屏幕](#)）。
- 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）
- 点击  并选择  打印
- 在“打印信息”框中，选择**确定**。

将打印每个所选检测的一个标记。

从数据浏览器打印数据

- 在“主页”屏幕上，点击  打开数据浏览器。
- 在数据浏览器中点击**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
- 在任何检测屏幕上的**光谱数据**或**数据表**中，或从**数据浏览器**，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）。
- 点击  并选择  打印
- 在“打印信息”框中，选择**确定**。

将打印每个所选检测的一个标记。

打印样品详情

- 在任何检测屏幕上的光谱数据或数据表中，或从数据浏览器，按住样品行打开“样品详情”框。

Sample Details	Pedestal
Sample Name	<input type="text" value="Sample 3"/>
Created on	9/3/2015 3:34:32 PM
Nucleic Acid	3011.3 ng/ μ L
A260/A280	1.85
A260/A230	2.25
A260	60.23
A280	32.51
Factor	50.00

- 点击 
- 在“打印信息”框中，选择**确定**。

将打印该检测的一个标记。

相关主题

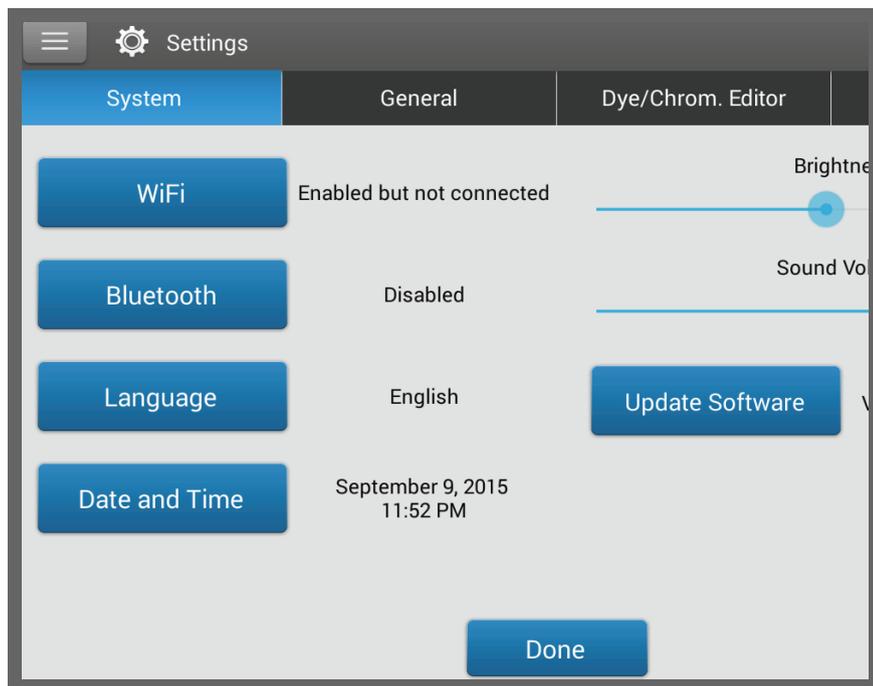
- [仪器设置](#)
- [NanoDrop One 数据浏览器](#)
- [搜索实验数据库](#)
- [选择要导出或删除的实验](#)
- [开放性实验](#)

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数据浏览器，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：

Wi-Fi	设置仪器的无线局域网 (WLAN) 连接
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。
日期和时间	自动日期和时间： 将仪器的日期和时间与可用网络同步 自动时区： 将仪器的时区与可用网络同步 设置日期： 手动设置仪器日期（此选项在选择“自动日期和时间”时禁用） 设置时间： 手动设置仪器时间（此选项在选择“自动日期和时间”时禁用） 选择时区： 手动选择仪器时区（此选项在选择“自动时区”时禁用） 使用 24-小时格式： 使用 24-小时时间格式 选择日期格式： 选择可用的日期格式
亮度	调整仪器触摸屏的亮度
音量	调整仪器触摸屏的音量
更新软件	通过连接到仪器的 USB 设备更新 NanoDrop One 软件；如果相连的 USB 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 更新软件 ）。 版本： 当前安装在仪器上的 NanoDrop One 仪器操作软件 数据库版本： 仪器上的 NanoDrop One 数据库版本

常规设置

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（仅适用于 NanoDrop One^C 仪器型号）。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）。

搅拌转速范围：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范围（级别 1 到 6 相应于 10 RPM 到 850 RPM 速度范围，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。

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[基因芯片检测设置](#)或[蛋白芯片检测设置](#)中的可用染料列表上。您还可以指定该列表中可用的染料。

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](#) 应用中的可用蛋白质列表上。

相关主题

- [设置仪器](#)
- [更新软件](#)
- [使用比色皿检测样品](#)
- [设置以太网连接](#)
- [染料 / 色谱图编辑器](#)
- [蛋白质编辑器](#)

Acclaro 样品智能检测技术

NanoDrop One 仪器中内置的 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典型或很低的浓度



无效结果警告（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）



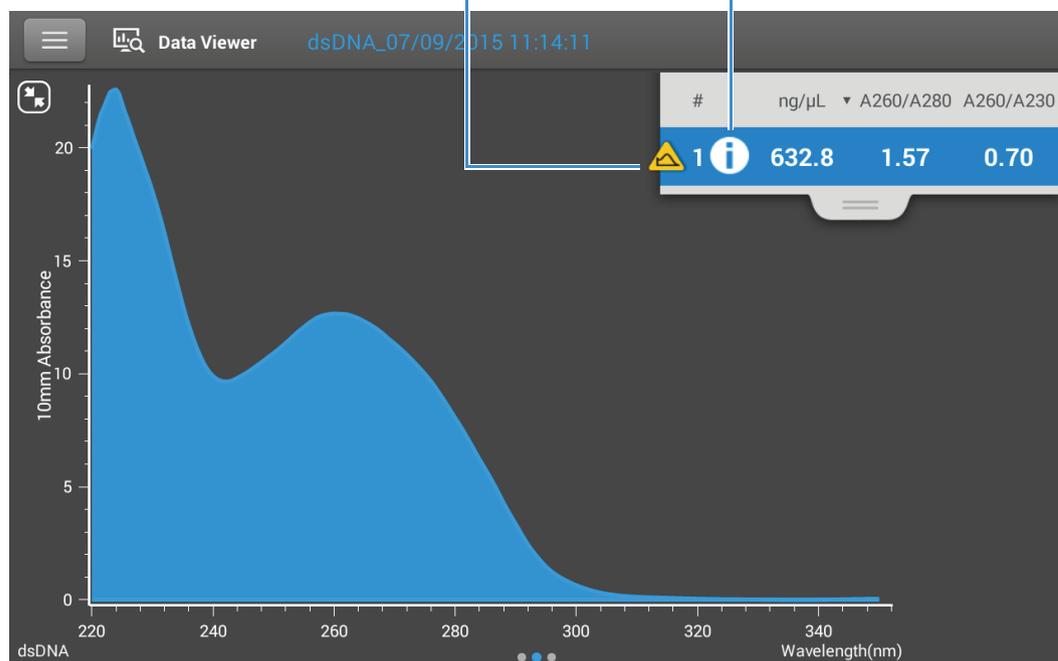
使用这些嵌入式资源，能快速排除可能出现的检测问题，并明智地决定是否使用、重新纯化或对非典型样品结果采取其他措施。“样品智能检测技术”也可作为进一步研究的资源，以及新用户的学习工具。

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。

污染物分析可用于此检测

技术信息可用于此检测



该图标显示在检测结果旁边（请参阅上图），和数据表以及数据浏览器中（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

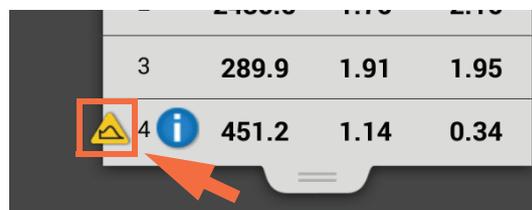
该图标在所有的这三个位置激活；信息将永久保留在数据中，即使已经导出。

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
 - 也会监测是否存在盐酸胍和异硫氰酸胍
- 对于蛋白质检测：
 - 在分析区域中：核酸和苯酚

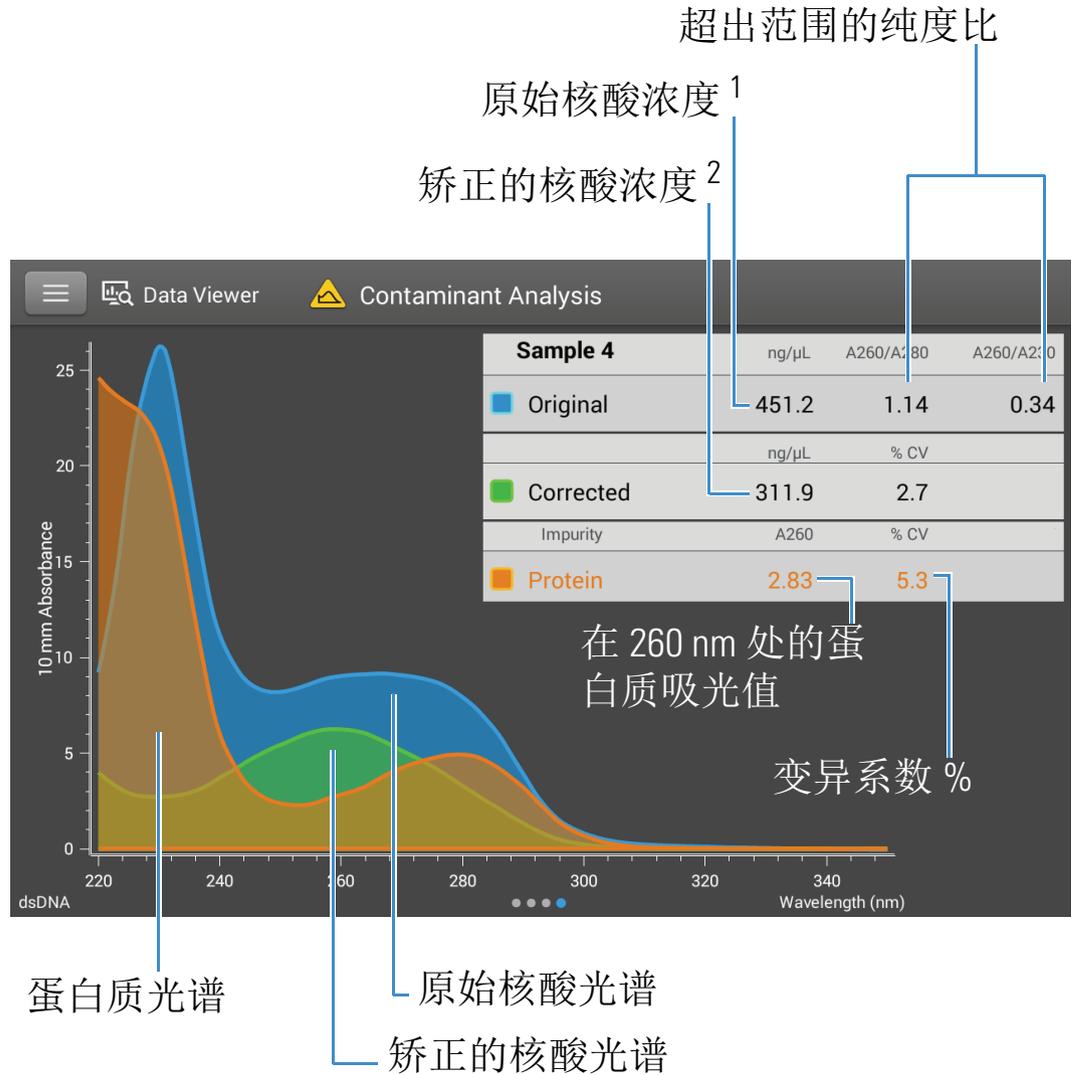
如果鉴定了样品中的污染物，“污染物分析”图标  将显示在检测结果的左边。



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。



¹ 基于样品总吸光度（样品加上污染物）

² 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，并导致报告核酸污染物高于实际值。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制，或者有干扰元件）
- 基于分析波长处总基线校正吸光度（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)

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。该分析基于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值的和。

这种方法目前面临的挑战是，提取过程中使用的一些材料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，以及更定性地分析污染程度。

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。整个光谱将进行分析，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，它们是用于核酸纯化的常用试剂。

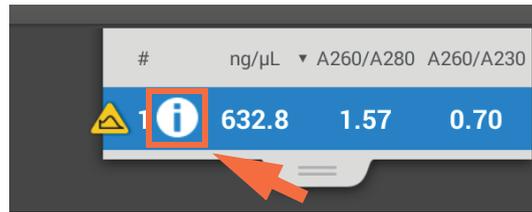
注释 实现一致、高质量的污染物分析结果，依赖于检测的样品光谱质量，这取决于仪器的维护状态。有关详细信息，请参阅[维护时间表](#)。

请求式技术支持

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

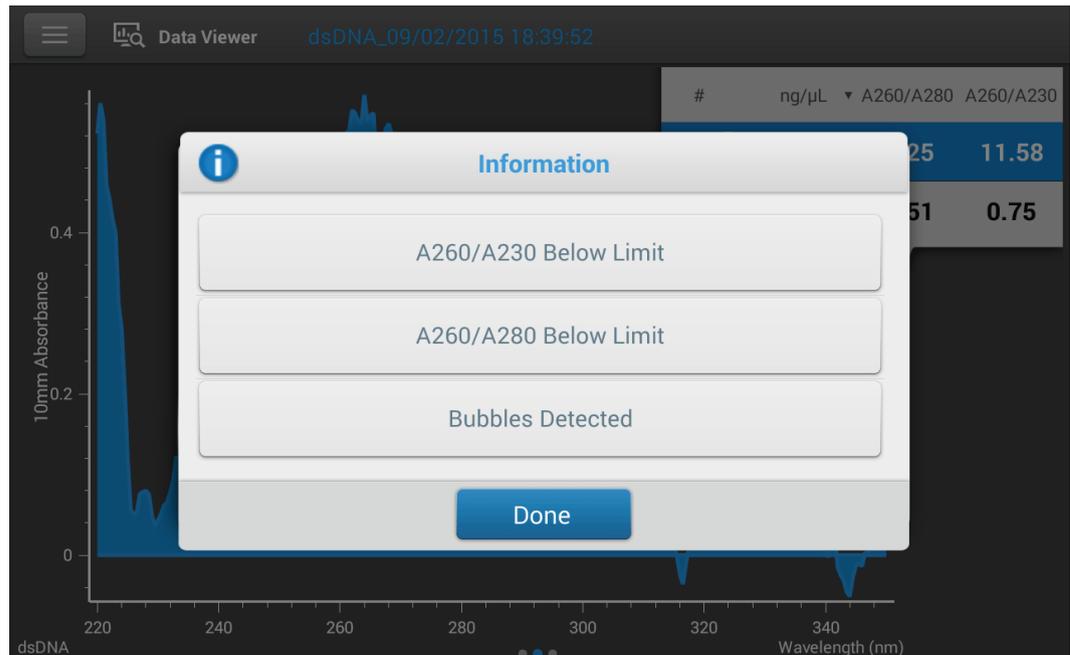
- 吸光度比，表示存在可能会干扰样品检测的化合物（也称为“纯度比”）。有关详细信息，请观看 [什么是纯度比？](#) 多媒体培训视频。
- 气泡检查，查看样品或空白检测中是否有气泡或其他反射性物质。有关详细信息，请观看 [样品中气泡的影响](#) 多媒体培训视频。

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：

Acclaro Sample Intelligence

Bubbles Detected

[Learn more](#)

These measurement results may be invalid.

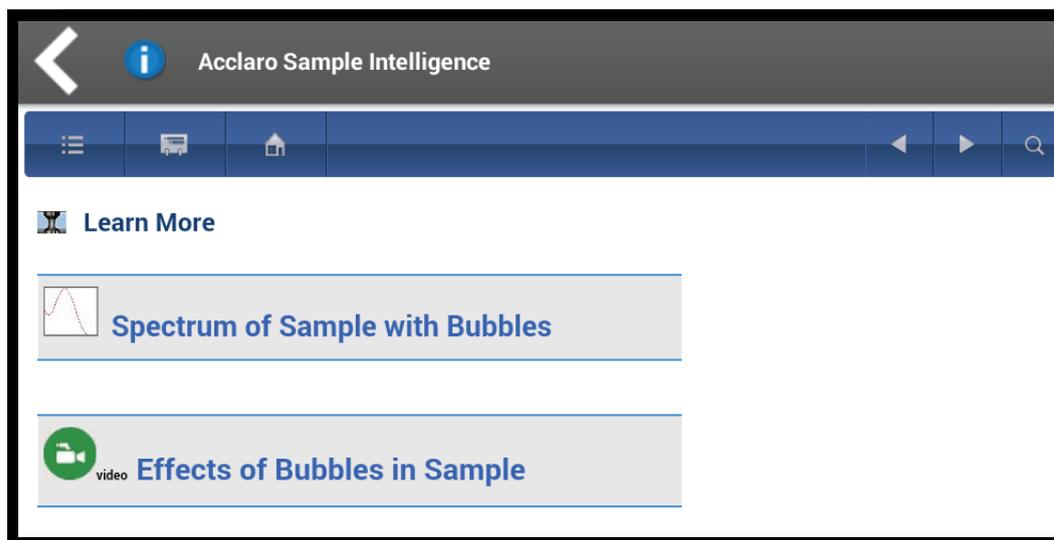
Possible causes:

- Bubbles in sample or blank, which can cause poor liquid column formation and diffract UV light. Both issues will impact reproducibility.
- Particulates in sample or blank, which can diffract UV light and affect reproducibility.

Possible solutions:

- To remove bubbles, briefly centrifuge sample and/or blank at low speed.

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视所有的检测，查看是否可能会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](#)。

相关主题

- [NanoDrop One 检测屏幕](#)
- [NanoDrop One 数据浏览器](#)
- [维护计划](#)
- [维护基座](#)
- [故障排除](#)

NanoDrop One 浏览器软件

NanoDrop One 浏览器软件让您能够在自己的地点，方便和灵活地处理使用 NanoDrop One 仪器采集的数据。使用浏览器软件，可以：

- 在任何计算机上查看或打印使用 NanoDrop One 仪器采集的数据
- 创建、编辑、导入和删除用户自定义的检测方法
- 轻松搜索 NanoDrop One 帮助系统获得信息

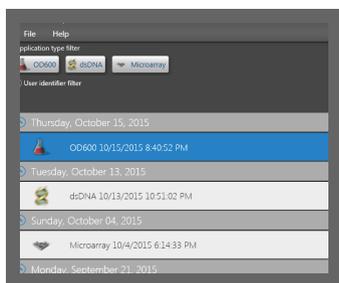
任何时候，可从仪器导入数据（请参阅下面的[从仪器导入数据](#)），或在完成每次检测后将数据直接保存到连接的计算机上（有关详细信息，请参阅[设置仪器](#)中的“设置以太网连接”或“设置 Wi-Fi 连接”）。

安装浏览器软件

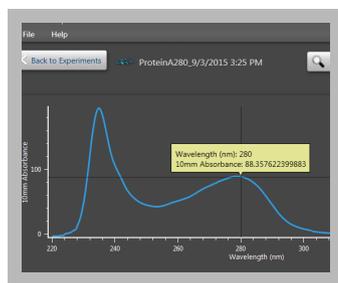
浏览器软件可安装在运行 Windows™ 操作系统软件的任何计算机上。有关兼容的 Windows 软件版本，[请参阅我们的网站](#)。

❖ 下载和安装浏览器软件

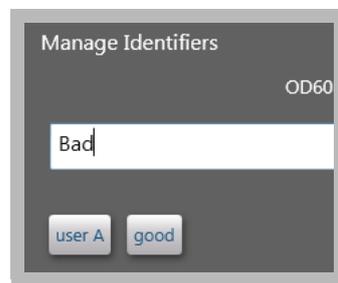
1. 在连接到互联网的兼容计算机上，使用任何网络浏览器导航至我们的网站。
2. 在我们的网站上，找到 NanoDrop One 软件下载位置，选择下载 NanoDrop One 浏览器软件，然后按照说明下载并运行安装程序。



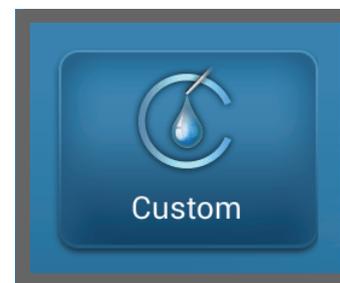
主页屏幕



管理数据



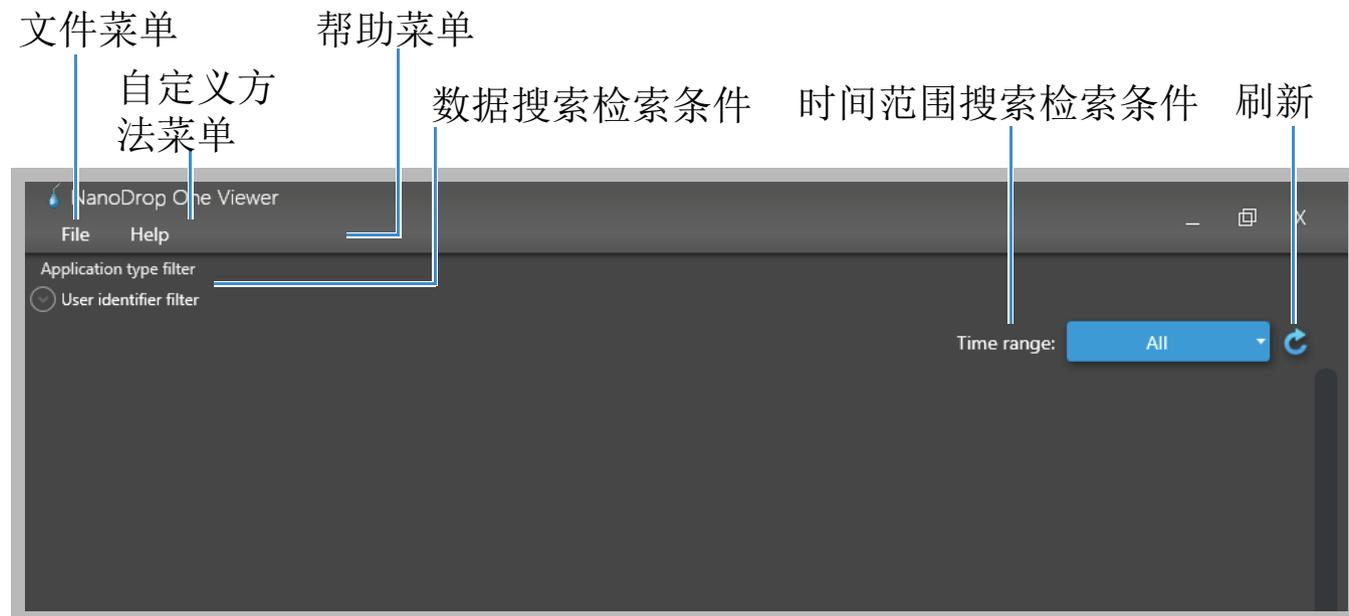
管理标识符



管理用户自定义方法

浏览器主页屏幕

安装浏览器软件后，如果没有用户自定义方法或保存或导入的数据在其数据库内，该软件将打开并显示空白屏幕。浏览器主页屏幕提供了以下操作。



文件菜单

文件菜单选项：

导入数据	用于从仪器 导入实验
设置 Wi-Fi 数据存储	将此计算机设置为仪器检测样品的潜在数据存储位置（更多信息，请参阅 设置仪器 中的“设置 Wi-Fi 连接”）
退出	关闭浏览器软件

自定义方法菜单

自定义方法菜单选项：

管理用户自定义方法	用于创建、导入、编辑和删除自定义方法，这些方法可使用可用的自定义设置通过仪器采集数据
---------------------------	--

帮助菜单

帮助菜单选项：

NanoDrop One 网站	打开本地网络浏览器（如有），导航至 NanoDrop One 网站。
帮助	显示完整的 NanoDrop One 帮助系统，包括关于仪器、NanoDrop One 软件和浏览器软件的详细信息。
关于	显示 NanoDrop One 浏览器软件的版本号。

数据搜索检索条件

根据使用的应用或用户分配的任何标识符，用于在此计算机上搜索浏览器数据库的检索条件。若要关闭数据搜索的检索条件，确保未选择任何按钮。有关详细信息，请参阅[搜索浏览器数据库](#)。

时间范围搜索检索条件

用于按实验采集日期（例如，过去半年或指定日期范围）搜索浏览器数据库的检索条件。若要关闭时间范围检索条件，可将它设为**全部**。有关详细信息，请参阅[搜索浏览器数据库](#)。

刷新

在新数据**导入**后，在浏览器软件中更新实验列表和检测结果。

右击菜单

右击实验可显示以下附加菜单选项：

导出实验	以多种格式导出所选检测的光谱和结果
管理标识符	将用户定义的标记添加到实验，查看分配的标记，以及移除或删除标记。
实验详情	显示关于所打开实验的信息，包括应用类型、检测日期和时间、检测次数、仪器序列号、软件和固件版本号、和任何分配的标记
删除实验	删除选中的实验

注意： 删除的数据不能恢复。

管理实验和相关数据

使用浏览器软件打开并查看存储的光谱图、以及从仪器导出、然后导入到 PC 中、或者在检测后立即直接保存在 PC 中的任何实验的相关数据。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计算机的数据库中。

导入实验

您可以将使用 NanoDrop One 仪器采集的数据，导入安装在计算机上的 NanoDrop One 浏览器软件中，以便在您的地点方便地查看或打印该数据。

注释

- 必须首先以数据库 (SQL) 格式将数据导出到便携式 U 盘（有关详细信息，请参阅[常规操作](#)中的“导出数据”）。
- 要了解如何在每次检测完成后直接将数据保存到个人计算机上，请参阅[设置仪器](#)中的“设置以太网连接”或“设置 Wi-Fi 连接”。

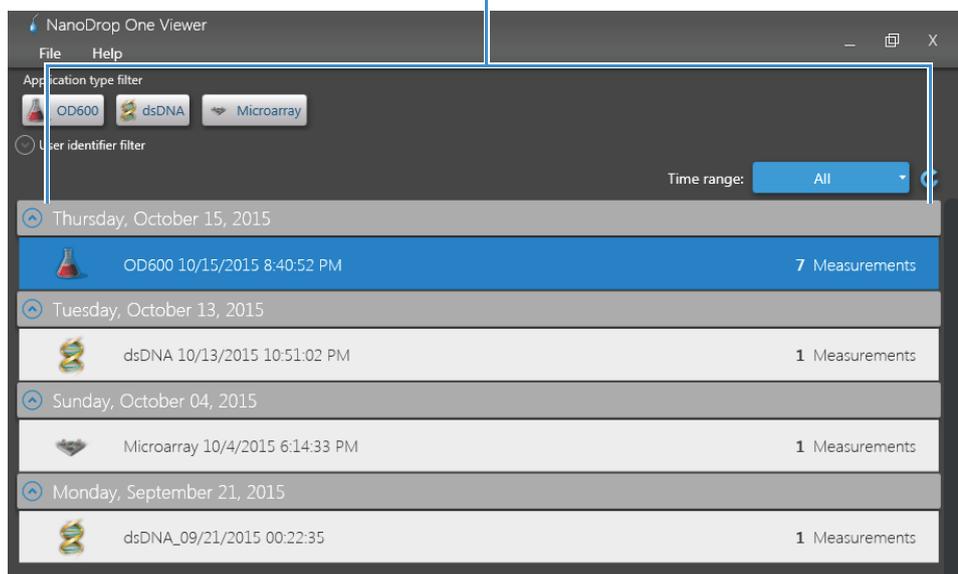
将实验导入浏览器软件

- 将具有导出 SQL 文件的便携式 U 盘，连接到安装 NanoDrop One 浏览器软件的计算机。
- 在浏览器软件中，选择**文件 > 导入数据**。
- 导航至便携式 U 盘，选择导出的 SQL 文件并选择**打开**。

注释 默认情况下，导出的 SQL 文件将存储在 U 盘上名为“NanodropOne”后面带有仪器序列号的文件夹中。

- 存储在 SQL 文件中的 NanoDrop One 实验将添加到浏览器主页屏幕上。示例：

导入的实验



搜索浏览器数据库

匹配当前检索条件设置的实验列表将显示在浏览器主页屏幕上。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[管理计算机上的标识符](#)）。

搜索实验列表

若要搜索实验列表，可更改浏览器主页屏幕上的检索条件设置。列表将自动更新。可用的检索条件包括：

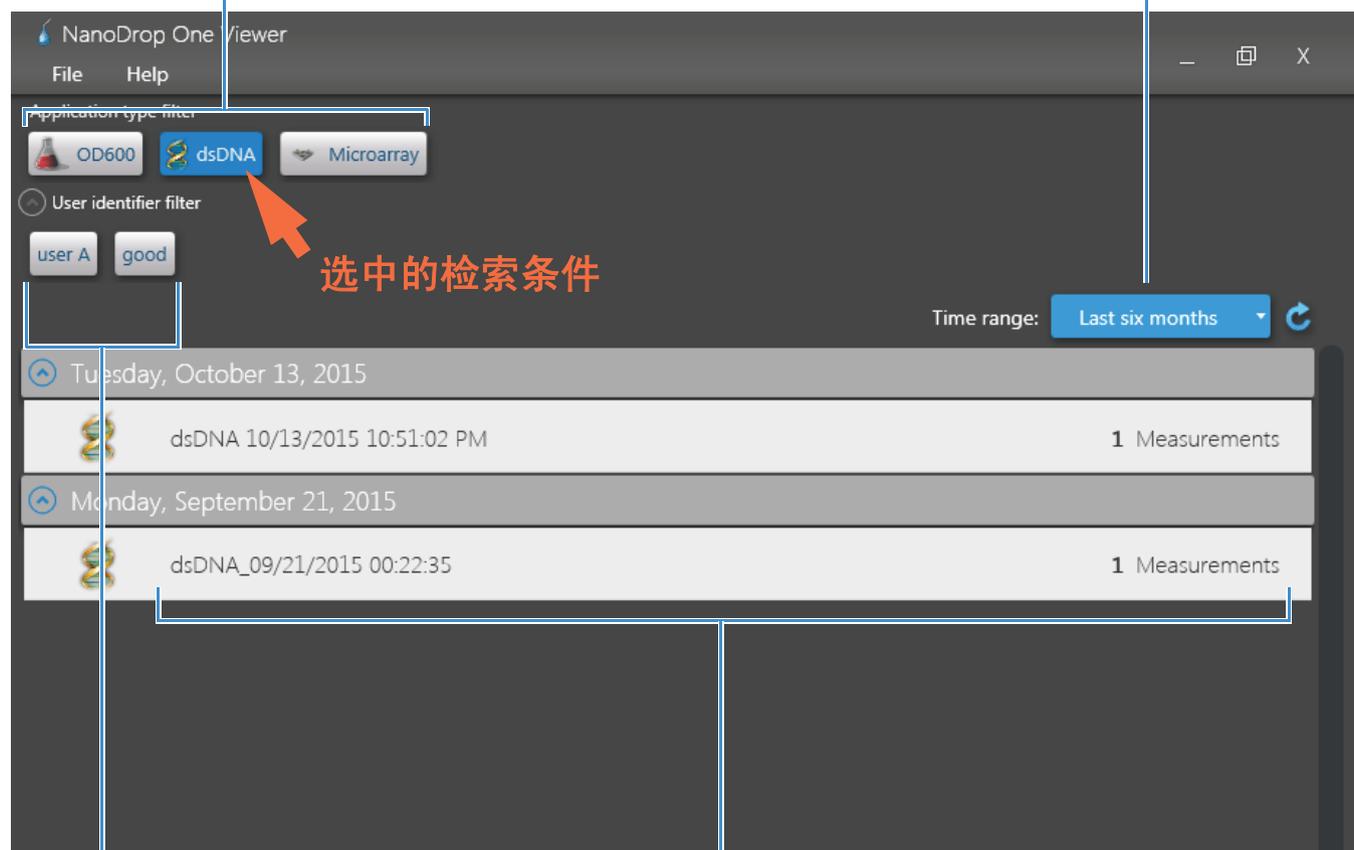
- **应用类型**。仅可使用具有浏览器数据库中相关实验的应用。若要仅列出使用 OD600 应用采集的实验，可在“应用类型”检索条件下选择 **OD600**（选中的检索条件按钮显示为蓝色）。若要关闭应用类型检索条件，确保未选择任何按钮。
- **用户标识符**。仅可使用分配给浏览器数据库中实验的标记。例如，若要仅列出包含“良好”标记的实验，可在“用户标识符”检索条件下选择 **良好**（选中的检索条件按钮显示为蓝色）。若要关闭用户标识符检索条件，确保未选择任何按钮。
- **时间范围**。若要仅列出在特定日期范围（例如，过去半年内）采集的实验，可从下拉列表中选择日期范围。若要关闭时间范围检索条件，可将它设为**全部**。

以下是数据库检索示例：

点击可选择或取消选择应用检索条件

更改检索条件可显示更新的实验列表

点击可打开并选择时间范围检索条件



选中的检索条件

点击可选择或取消选择用户定义的标记检索条件

检索的实验列表

打开实验和查看相关数据

使用浏览器软件可打开存储在浏览器数据库中的实验，以便查看、打印或导出光谱和相关数据。浏览器主页屏幕显示匹配当前检索条件设置的实验列表。

打开实验

- 使用可用的检索条件查找实验（有关详细信息，请参阅[搜索浏览器数据库](#)）。

- 在检索的实验列表中双击实验名称（该实验将打开，软件将显示检测屏幕）。

浏览器检测屏幕提供了以下选项。

返回浏览器
主页屏幕

光谱
窗格

实验
名称

打印

管理标识符

实验详情
导出

Overlay Mode

右击可显示
全光谱图

点击并按住一个
点可显示吸光值

点击可编辑样品名称

点击可更改
显示的单位

使用鼠标滚轮可扩大或
缩小光谱图；双击可重
置

检测详情（有关详细信息，
请参阅个别应用。）

	Date	Sample Name	Protein mg/mL	A280	A260/A280
37	9/3/2015 9:58:48 AM	137, 2	133.050	89.14	0.58
38	9/3/2015 9:59:08 AM	137, 3	132.550	88.81	0.58
39	9/3/2015 9:59:28 AM	137, 4	131.880	88.36	0.58
40	9/3/2015 9:59:48 AM	137, 5	132.350	88.67	0.58

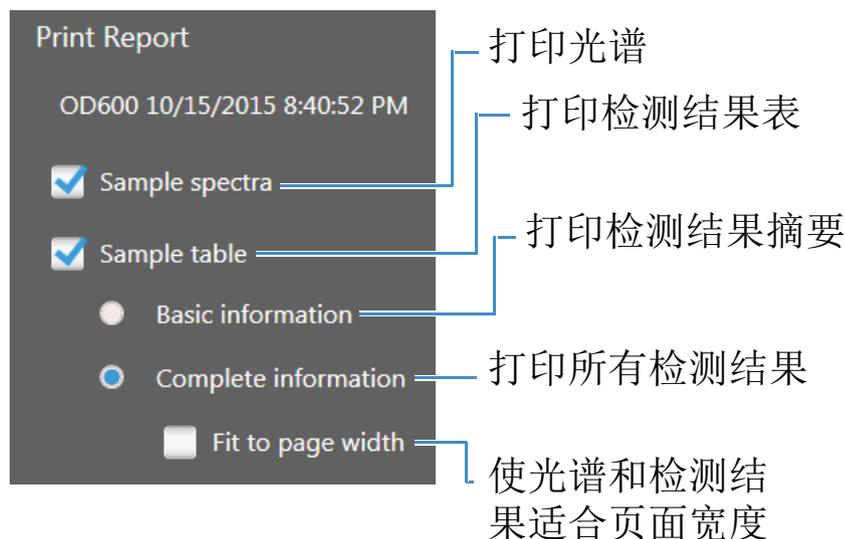
打印数据

您可以使用标准 Windows 打印工具，打印所打开实验中选定的检测。

打印选中的检测

- 打开实验
- 点击选择要打印的检测（使用 Shift+ 点击，或点击并拖曳，可选择连续检测；使用 Ctrl+ 点击可选择非连续检测）
- 点击 

将显示“打印报告”窗口和首页预览，以及下列选项：



也可使用以下标准 Windows 打印选项：

- 页面设置（可选择纸张尺寸以及调整边距和页面方向）
- 打印预览（允许预览所有页面）
- 点击**打印**
- 选择打印机
- 点击**打印**

导出数据

您能够以下列格式导出所选检测的光谱和结果：

- 仅将检测结果导出到逗号分隔值电子表格 (.csv) 文件
- 仅将光谱数据（每个波长处的吸光值）导出到制表符分隔值电子表格 (.tsv) 文件
- 将光谱数据导出到 tsv 文件，并将检测结果导出到 csv 文件。
- NanoDrop One database (.sql) 文件，含光谱图和检测结果，这些检测结果可通过仪器或 NanoDrop One 浏览器软件打开
- 将光谱数据导出到 xml 电子表格 (.xml) 文件

文件名和**实验名称**相同。可使用任何电子表格或文书处理应用程序打开 CSV、TSV 或 XML 文件。SQL 文件仅可使用我们的 NanoDrop One 浏览器软件打开，并且仅可在导入文件后打开。XML 文件也可使用 XML 读取器应用程序打开。

导出选中的检测

- 打开实验
- 点击选择要导出的检测（使用 Shift+ 点击可选择连续检测；使用 Ctrl+ 点击可选择非连续检测）
- 点击 
- 在“导出实验”框中：
 - 导航至保存所导出数据的位置
 - 将**另存为类型**设为所需格式（有关可用选项的说明，请参阅上文。）
- 选择**保存**。

注释 当计算机通过以太网电缆连接到仪器时，NanoDrop One 浏览器中的“导出数据”功能不可用。

删除数据

您可以从浏览器数据库中删除实验。

删除选中的实验

- 使用可用的检索条件查找实验（有关详细信息，请参阅[搜索浏览器数据库](#)）。
- 在检索的实验列表中双击实验名称
- 选择**删除实验**

通知 删除的数据不能恢复。

查找光谱上的吸光值

您可以轻松查看相应于所显示光谱中任何波长的吸光值。

查找光谱上的吸光值

- 打开实验
- 选择检测
- 点击并按住所显示光谱上的点

波长和相应的值将显示在弹出框中：



注释 您也可以沿着光谱的 X 轴拖曳以连续显示吸光值。

全光谱图

如果您想要在光谱窗格中，层叠各个光谱的顶部显示所有检测的光谱，可打开实验，右击光谱窗格并选择**全光谱图**。光谱将以各种不同的颜色显示。



注释 若要层叠各个光谱的顶部显示多个选中的光谱而不使用“重叠”模式，只需在打开的实验中选择检测。

扩大或缩小显示的光谱图

打开实验后，可使用**鼠标上的滚轮**扩大或缩小显示的光谱图或沿着 X 轴和 Y 轴的光谱。

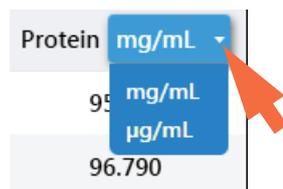
若要重置两个轴，双击光谱窗格。

更改浓度单位

许多应用提供了浓度单位的选择。

更改选中实验的浓度单位

- 打开实验
- 使用下拉菜单（如有），在检测表中更改显示的单位。



更改单位后，将会重新计算所有报告浓度结果以符合新的单位。

查看实验详情

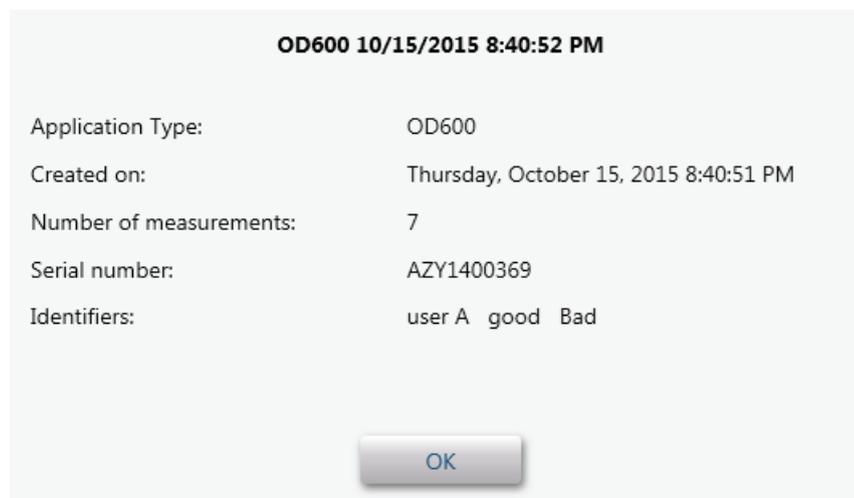
您可以显示关于所打开实验的信息，包括应用类型、检测日期和时间、检测次数、仪器序列号和任何分配的标记。

查看实验详情

- 打开实验

- 点击 

示例：



管理计算机上的标识符

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（请参阅 [管理仪器上的标识符](#)），或从计算机上安装的 NanoDropOne 浏览器软件添加标记。

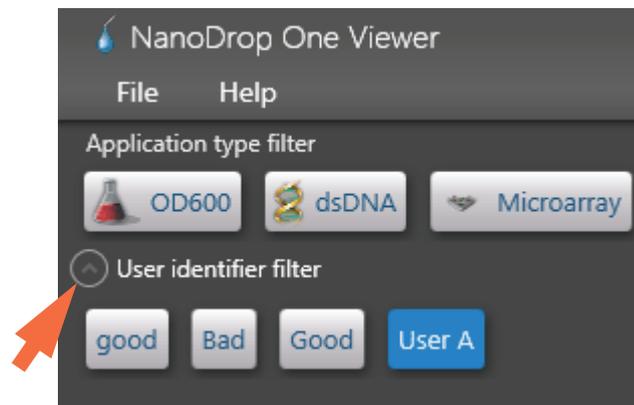
使用浏览器软件可将标记添加到实验、分配现有标记、查看分配的标记和移除或删除计算机上的标记。您可以根据用户定义的一个或多个标记，检索实验列表。

显示或隐藏用户标识符检索条件按钮

可以显示或隐藏用户标识符检索条件（若您有很多该检索条件），让实验列表具有更多空间容纳其他数据。

显示用户标识符检索条件按钮

- 点击旁边的箭头使它朝上



隐藏用户标识符检索条件按钮

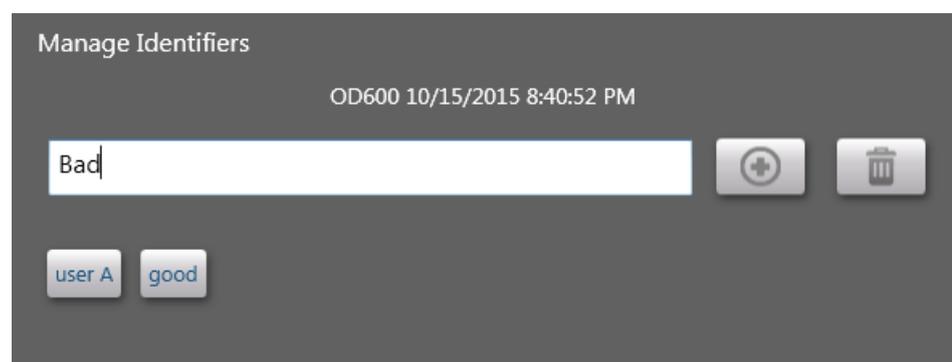
- 点击旁边的箭头使它朝下

标记浏览器中的实验

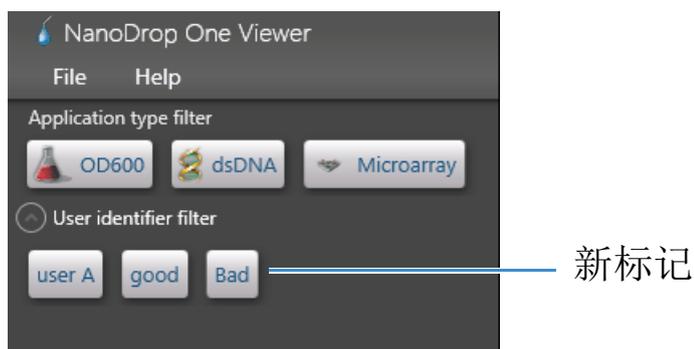
您可以使用浏览器软件将用户定义的标记添加到实验中。然后，即可使用这些标记检索实验列表（有关详细信息，请参阅[查找标记的实验](#)）。

将新的标记添加到实验中

- 在浏览器“主页”屏幕上，右击实验列表中的实验并选择**管理标识符**。
- 在“管理标识符”框中，输入标记并点击  或按 Enter 键（新的标记将显示在输入框下方）。

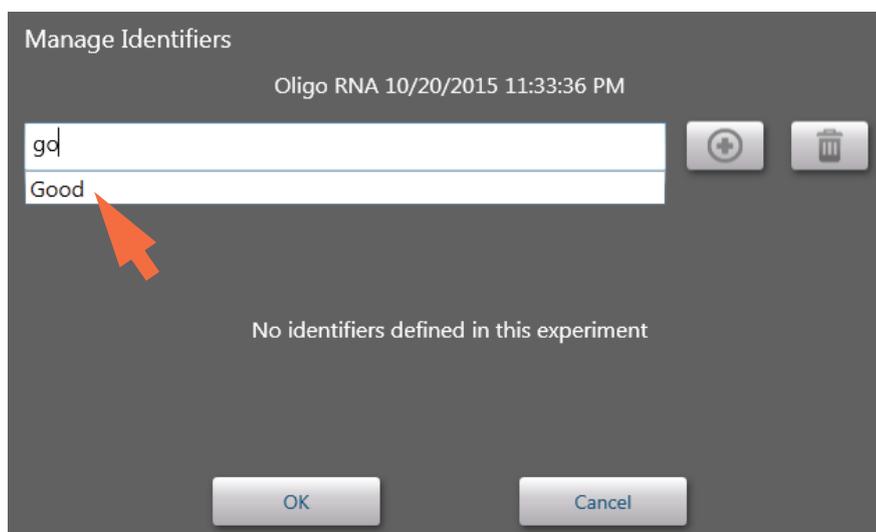


- 选择**确定**（新的标记将显示在浏览器“主页”屏幕上“用户标识符检索条件”组内）



将现有标记添加到实验中

- 在浏览器“主页”屏幕上，右击实验列表中的实验并选择**管理标识符**。
- 在“管理标识符”框中，开始键入现有标记名称（现有标记的实际名称将显示在输入框下方）。



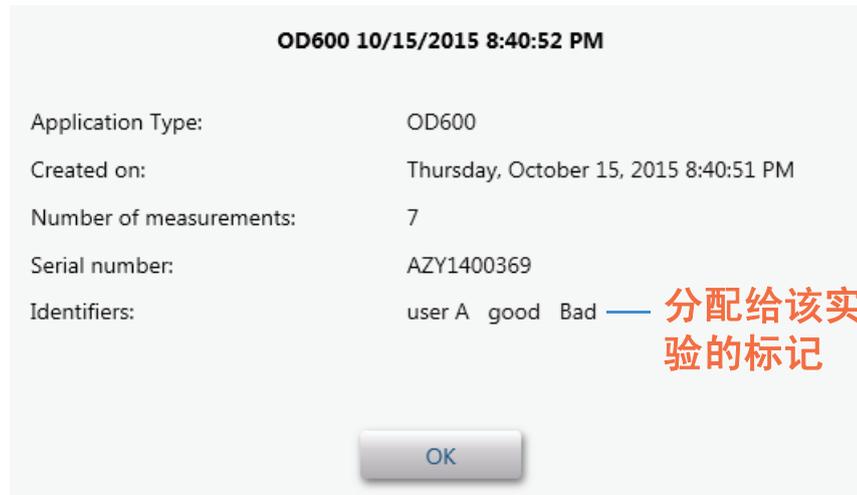
- 选择自动填入现有标记并选择**确定**（现有标记将添加到选定的实验中）

查看分配给实验的标记

您可以使用浏览器软件查看分配给实验的所有用户定义标记。

查看分配的标记

- 在浏览器“主页”屏幕上，右击实验列表中的实验并选择**实验详情**。



- 选择**确定**

查找标记的实验

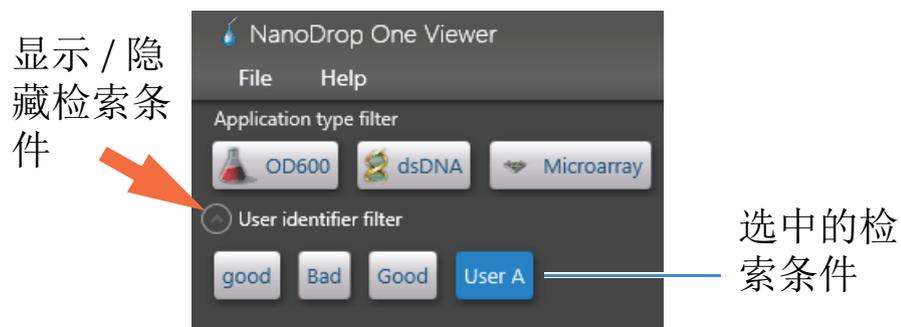
您可以使用浏览器软件查找具有分配用户定义标记的实验。系统将自动使用当前的检索条件设置来检索数据库。

查找具有特定用户定义标记的实验

在浏览器“主页”屏幕上，设置搜索检索条件：

- 如果需要，可取消选择任何**应用类型检索条件**，使实验采集列出的所有应用。
- 如果需要，可设置时间范围检索条件（仅列出在选中范围内采集的实验）。
- 点击每个**用户标识符检索条件**按钮将它选定（选中的检索条件按钮将显示为蓝色）

（如果按钮被隐藏，点击旁边的箭头可显示该按钮。）



系统将自动检索和更新实验列表，从而仅列出匹配所选检索条件的实验。

移除标记

您可以使用浏览器软件从实验中轻松移除用户定义的标记。如果移除的标记仍分配给其他实验，该标记将保留在“用户标识符检索条件”列表中。

移除标记

- 在浏览器“主页”屏幕上，右击实验列表中的实验并选择**管理标识符**。
- 在“管理标识符”框中，选择一个或多个标记按钮（选中的标记按钮将显示为蓝色）。
- 点击 （选中的标记不再显示在输入框下方）
- 选择**确定**

注释 若要从软件中删除用户定义的标记，您必须从分配了该标记的所有实验将它移除。

管理自定义方法

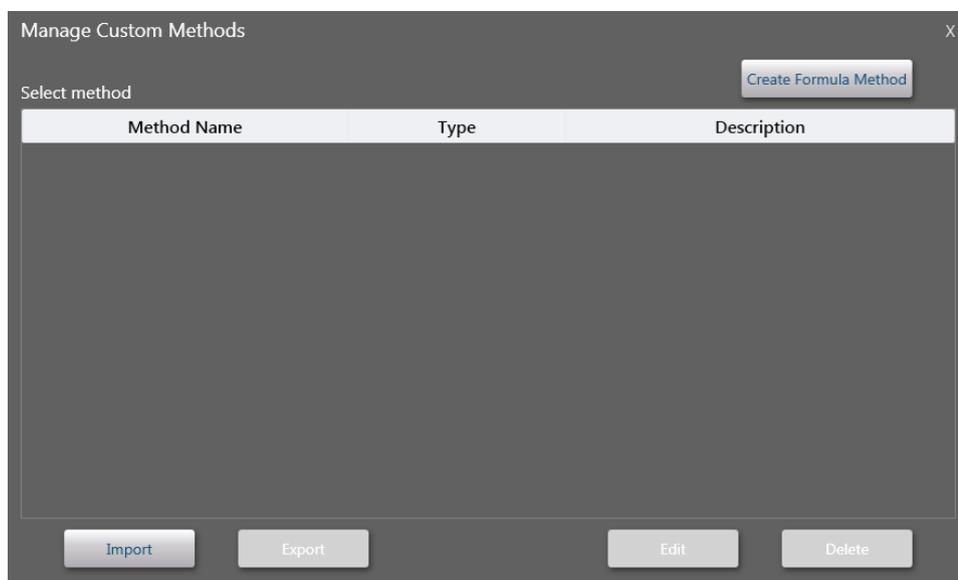
浏览器软件是让您创建和管理自定义方法的工具，其中包含可用于通过仪器采集数据的用户定义设置。自定义方法可采用或者不采用标准品进行。

创建自定义方法

创建用于使用用户定义设置进行样品实验的方法。

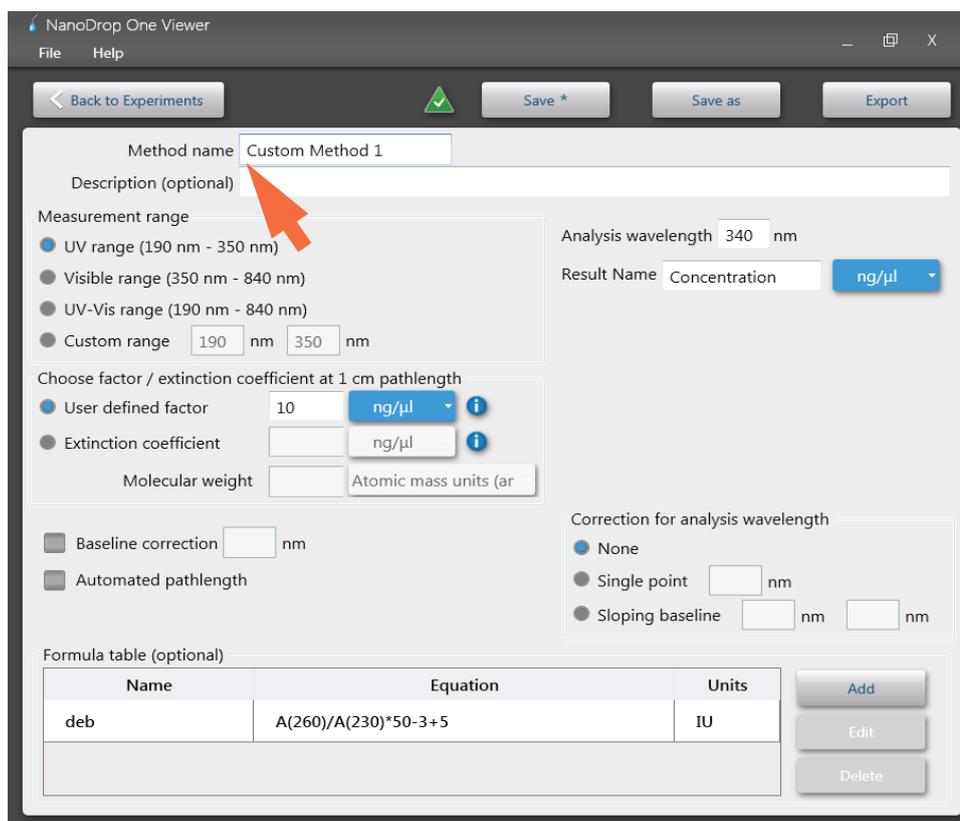
创建新用户自定义方法

- 在浏览器“主页”屏幕上，选择**用户自定义方法**（菜单）>**管理用户自定义方法**



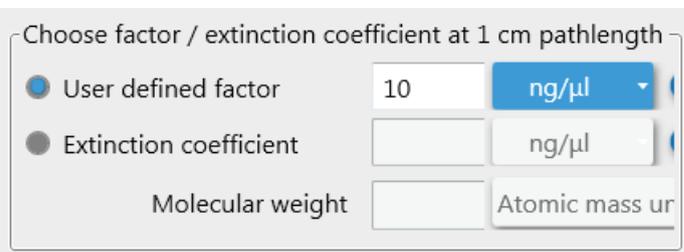
- 在“管理自定义方法”框中，选择以下选项之一：
 - **创建分子式方法**（若您的方法将不含标准品）
 - **创建标准曲线方法**（若您的方法将含有标准品）

- 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）



“创建分子式方法”选择的用户自定义方法设置

- 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

Standard ID	Concentration (ng/μl)
Reference	0.00
Standard 1	
Standard 2	
Standard 3	
Standard 4	
Standard 5	

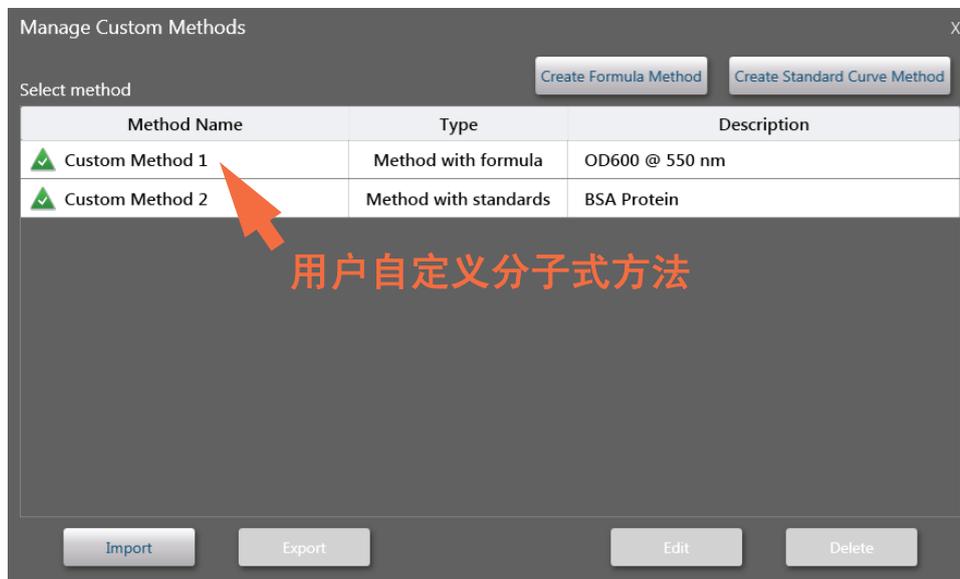
- 按需输入或选择其余的用户自定义设置（如下所示）
- 选择**保存**。

注释 如果此图标  显示在“保存”按钮的旁边，而不是绿色勾选标记图标，即表示该方法因为包含错误因此无效。将鼠标停留在该图标上可显示建议的解决方案。

若方法顶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**（菜单）>**管理用户自定义方法**（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



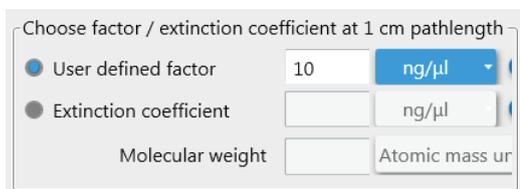
用户自定义方法设置

以下设置可用于创建用户自定义方法。

设置	可用选项
检测范围	<p>选择方法将采集数据的光谱范围。</p> <p>可用选项：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 仅紫外 (190 nm - 350 nm) • 仅可见光 (350 nm - 850 nm) • 紫外和可见光 (190 nm - 850 nm) • 用户自定义（指定以纳米为单位的起点和终点） <p>注释：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 如果使用基线校正和 / 或分析波长校正，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。 • 对于微体积吸光度检测和使用非标准（10 mm 以外）比色皿进行的检测，光谱将归一化为 10 mm 光程当量。
分析波长	<p>监测特定波长的吸光度（输入波长，以纳米为单位）。</p> <p>注释： 指定波长必须位于选定的检测范围内。</p> <p>检测结果或浓度将使用指定波长下的吸光度值、应用选定的方法类型（系数或标准曲线）进行自动计算。</p>
结果名称	<p>输入计算浓度结果的描述性名称（例如，“核酸”），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。</p>

设置 **可用选项**

1 cm 光程处的系数或消光系数（仅限分子式方法） 指定是否要使用系数或消光系数来计算浓度结果：



- **用户定义的系数**。输入 1 cm 光程的**系数**，然后使用旁边的下拉列表选择适当的**单位**。下面的等式显示如何使用系数来计算样品浓度：

$$c = (A * f) / b$$

其中：

c = 分析物浓度

A = 以吸光度单位 (A) 表示的吸光度

f = 系数（通常为 $1/\epsilon$ ，其中 ϵ = 波长相关的摩尔吸光系数，或消光系数）

b = 以厘米为单位的光程（在检测时确定，然后归一化为 10 mm (1 cm) 光程当量）

- **消光系数和分子重量**。输入 1 cm 光程的**消光系数**，然后使用旁边的下拉列表选择适当的**单位**。下面的等式显示如何使用消光系数来计算样品浓度：

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

其中：

c = 分析物浓度

A = 以吸光度单位 (A) 表示的吸光度

ϵ = 波长相关的摩尔吸光系数（或消光系数）

b = 以厘米为单位的光程（在检测时确定，然后归一化为 10 mm (1 cm) 光程当量）

注释：

- 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）和计算的结果基于摩尔（如 pmol/μL）或相反，输入**分子量**然后使用旁边的下拉列表选择适当的**单位**。

设置	可用选项
基线校正	<p>选择此选项可通过减去指定基线点的吸光值，校正光散射粒子导致的偏移。然后，指定基线校正的波长。</p> <p>注释：软件会从样品光谱中所有波长处的吸光值，减去指定基线校正波长处的吸光值。因此，在指定基线校正波长处的样品光谱吸光值为零。</p>
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">• 无。不在分析波长处校正。• 单点。输入分析校正的波长。（指定分析校正波长处的吸光值，将从分析波长处的吸光值减去。校正的值将用于计算样品浓度。）• 斜率基线。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值，将从分析波长处的吸光值减去。校正的值将用于计算样品浓度。）
自动化光程	<p>仅影响微体积检测。</p> <ul style="list-style-type: none">• 若选中“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值小于或等于 12.5（相当于 10 mm 光程），将使用最佳的较长光程。当样品吸光值大于 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。） <p>注释：若分析波长处于 190 nm 和 219 nm 之间，当样品吸光值小于或等于 10（相当于 10 mm 光程），将使用最佳的较长光程；当样品吸光值大于 10，将使用最佳的较短光程。</p> <ul style="list-style-type: none">• 若取消选择“自动化光程”，软件将使用 1 mm 光程，不论样品吸光度如何。这将导致高吸光样品（例如，10 mm 光程当量处的 -15 A）出现检测器饱和（产生锯齿状谱峰）。

设置

可用选项

分子式表（可选）

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。

Formula table (optional)

Name	Equation	Units

Predefined
Add
Edit
Delete

可用选项：

- **预定义。**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**添加**。预定义分子式在分子式表格中列出。
- **添加。**创建当前方法的分子式。可用选项：
 - **分子式名称。**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。
 - **分子式。**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。
 - **单位。**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。
- **编辑。**编辑当前方法的选定分子式。
- **删除。**删除当前方法的选定分子式。

分子式规则

用户自定义分子式可包括以下运算符和函数：

- **Path()**。返回以厘米为单位的样品光程。
- **A(nm)**。返回指定波长处的样品吸光值（例如，输入 A(650) 可将 650 nm 处检测的吸光值添加到您的等式）。
- **运算符：**+（加）、-（减）、*（乘）、/（除）。
- **函数：**Log(x)、Pow(x,y)。

注释：遵守所有语言的以下额外规则：

- 在浮点和双浮点数中使用句点“.”小数点分隔符。
- 使用逗号“,”列表分隔符（例如，“POW(2,8)”）
- 不要在大数字中使用逗号“,”组分分隔符（例如，输入 1000 而不是 1,000）。

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，可使用新的名称保存现有方法，然后编辑该新方法。

复制用户自定义方法

- 在“管理用户自定义方法”框中，选择用户自定义方法。
- 选择**编辑**。
- 选择**另存为**
- 输入新**方法名称**和**描述**（可选）

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，该方法必须也位于该仪器上（有关详细信息，请参阅[加载用户自定义方法](#)）。（如果您的仪器未通过以太网电缆或无线网络连接到计算机，这是运行用户自定义方法的唯一方法。）

注释 如果计算机通过以太网电缆或无线网络连接到仪器，用户自定义方法可以位于该计算机上，检测结果将存储在该计算机的 NanoDrop One 浏览器数据库中。有关详细信息，请参阅[设置仪器](#)中的“设置以太网连接”或“设置 Wi-Fi 连接”。

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“管理用户自定义方法”框中，选择用户自定义方法。

注释 如果此图标  显示在“管理用户自定义方法”框中方法名称的旁边，即表示该方法因为包含错误因此无效。将鼠标停留在该图标上可显示建议的解决方案。

- 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）

- 在“导出用户自定义方法”框中，选择**保存**（方法将以专有格式导出到 method 文件（*.method 文件扩展名）中；默认文件夹为“C:\[user name]\My Documents\Thermo\NanoDrop One”）

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 浏览器软件的计算机中，以编辑该方法设置。

- 在“管理用户自定义方法”框中，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

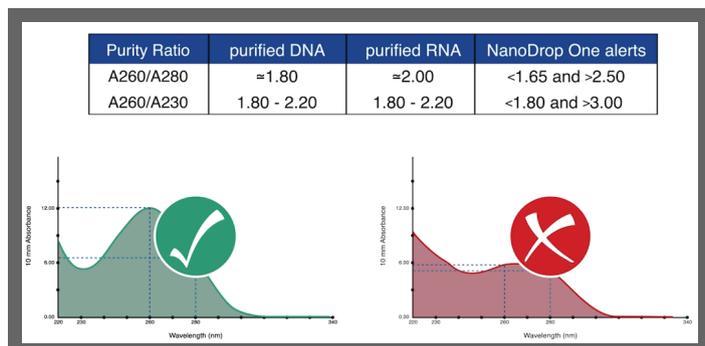
编辑用户自定义方法以便更改方法设置。

- 在“管理用户自定义方法”框中，选择用户自定义方法。
- 选择**编辑**。
- 根据需要，编辑方法设置。
- 选择**保存**。

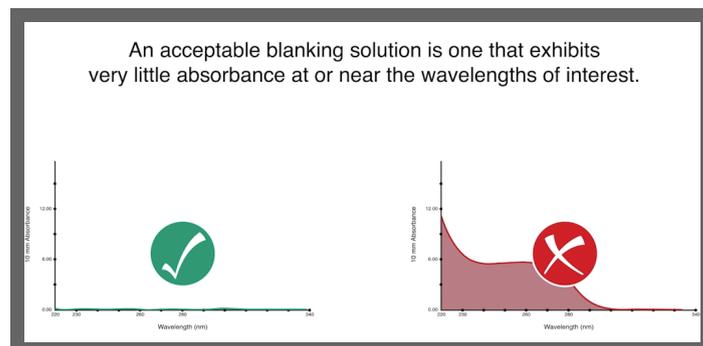
删除用户自定义方法

- 在“管理用户自定义方法”框中，选择用户自定义方法。
- 选择**删除**
- 显示确认消息后，点击**是**。

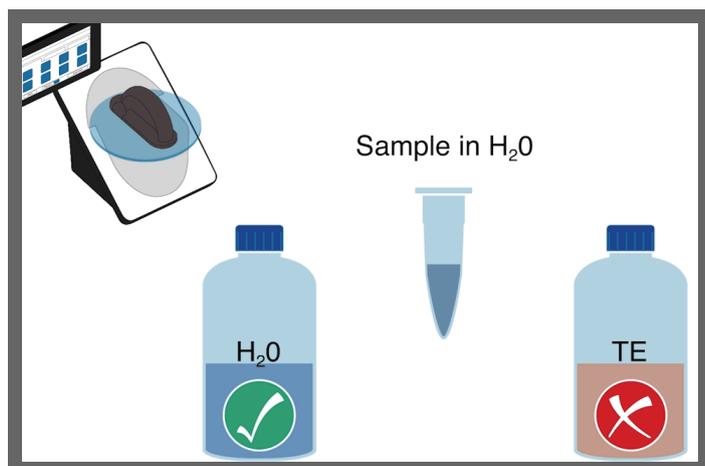
多媒体



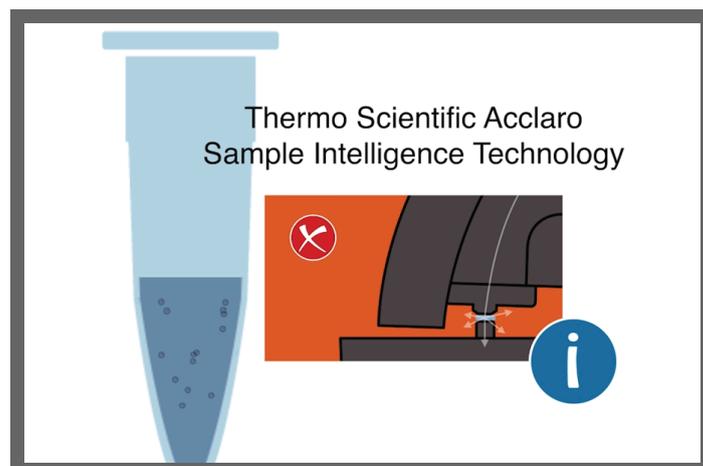
什么是纯度比？



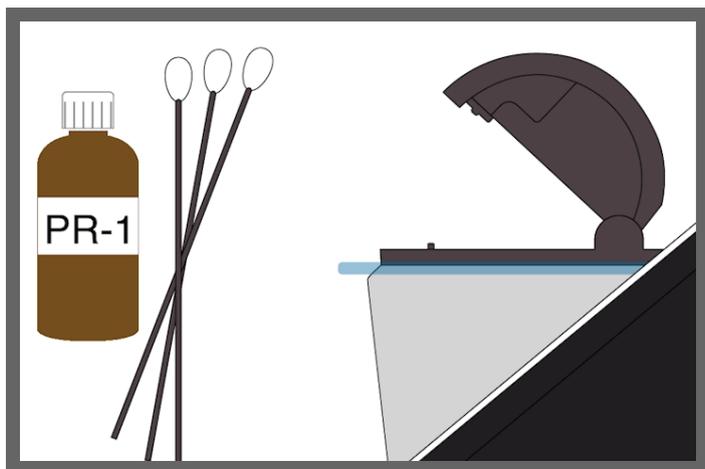
评估空白检测溶液的适用性



什么是空白检测？



样品中气泡的影响



清洁和修复基座

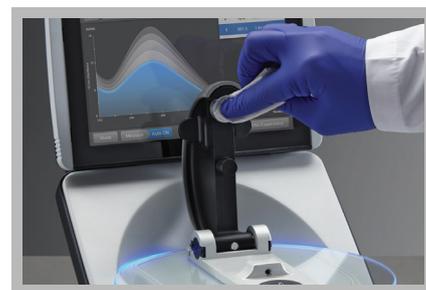
维护您的仪器



维护计划



清洁触摸屏



维护基座



去污处理



比色皿系统



仪器诊断

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

通知 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
- 应用过多压力
- 直接在触摸屏上喷射液体
- 对触摸屏滑动机构应用润滑剂

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 显示器的清洁剂，并按照制造商的建议使用。

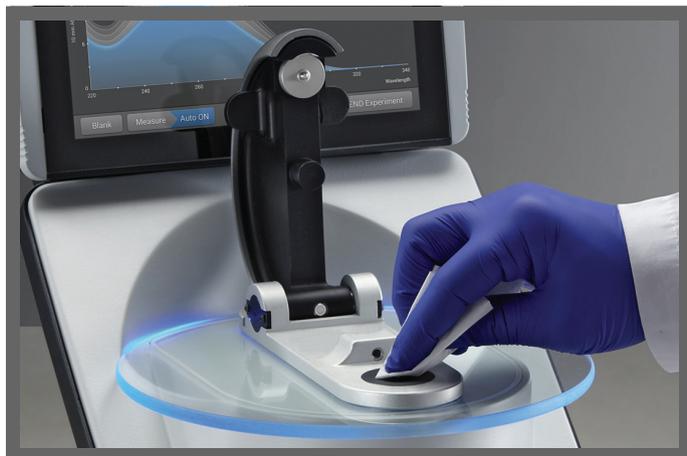
相关主题

- [清洁基座](#)
- [修复基座](#)
- [净化仪器](#)



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



修复基座

清洁基座

为了避免残留和交叉污染，请在第一次空白或样品检测前和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。

通知

- 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，将液体容器保持远离仪器。
- 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、醇、漂白剂、丙酮或其他任何溶剂留在隔膜上超过一分钟，否则，将会导致密封件松动。如果隔膜松动，[请联系我们](#)。

注释 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 μL DI H_2O 。

需要使用的耗材

- 无绒实验室抹布
- 去离子水 (DI H₂O)
- 适用于彻底清洁: [PR-1 工具包](#)或 0.5M HCl

若要在检测之间清洁基座

抬起仪器检测臂, 用新的实验室抹布擦拭上下基座。

若要在用户之间清洁基座

1. 抬起检测臂, 用新的实验室抹布擦拭上下基座。
2. 将 3–5 μL DI H₂O 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, 用新的抹布擦拭上下基座。

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 H₂O 然后使用 3–5 μL DI H₂O。您也可以使用 PR-1 化合物 [修复基座](#)。

相关主题

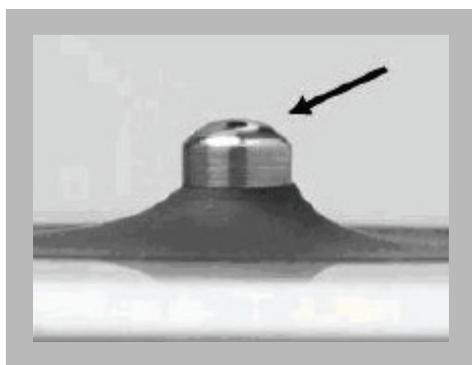
- [修复基座](#)
- [清洁触摸屏](#)
- [净化仪器](#)



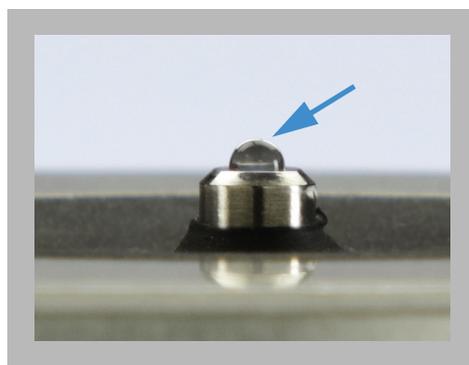
修复基座

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”，会在检测臂降下时防止正确的液柱形成。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

- 无绒实验室抹布
- **PR-1 基座修复套件**（我们或本地经销商均有提供）
- 标定精度移液器 (0–2 μL)
- 罐装空气

若要修复基座



1. 打开 PR-1 化合物的容器或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。

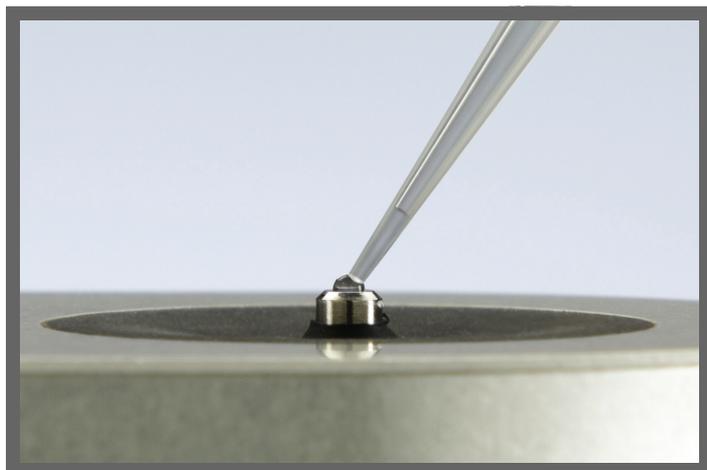


3. 将干净的实验室抹布折叠成四分之一，然后用它大力擦拭每个基座表面。

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。

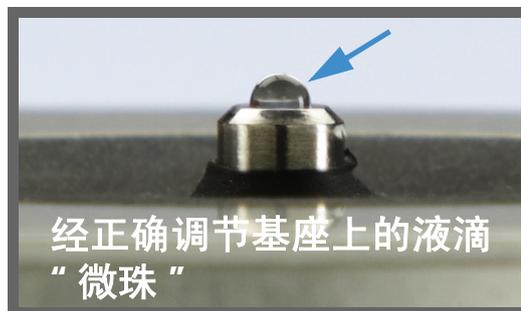
提示：抹布上的黑色残留是正常的。

4. 用新的折叠抹布重复步骤 3，直到所有残留去除和基座擦拭干净为止。
5. 使用罐装空气去除残留在基座上的任何纸屑。



6. 将 1 μL DI H_2O 移取至下基座。

DI H_2O 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的简便方式。如果您没有 PR-1 套件，按照如下步骤进行操作：

1. 抬起仪器检测臂并将 3 μ 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
4. 将 3 μ L DI H₂O 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，用新的抹布擦拭上下基座。

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. 将干净的实验室抹布折叠成四分之一，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。

相关主题

- [PR-1 基座修复套件](#)
- [清洁基座](#)
- [清洁触摸屏](#)
- [净化仪器](#)

仪器去污处理

在检测含有害材料的样品之后以及在返回仪器给我们进行维护或维修之前，请对仪器进行去污处理。

注释 如果您的仪器需要维护或维修，请联系我们或当地经销商。

通知

- 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，将液体容器保持远离仪器。
- 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、醇、漂白剂、丙酮或其他任何溶剂留在隔膜上超过一分钟，否则，将会导致密封件松动。如果隔膜松动，请联系我们。

需要使用的耗材

- 无绒实验室抹布
- 去离子水 (DI H₂O)
- 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，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
2. 将 2–3 μL 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，用新的抹布擦拭上下基座。
5. 将 3–5 μL DI H_2O 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，用新的抹布擦拭上下基座。



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抹布（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_2O 浸湿干净的软布或抹布去除漂白溶液。



相关主题

- [清洁基座](#)
- [修复基座](#)
- [清洁触摸屏](#)

维护比色皿取样系统

比色皿取样系统仅随 NanoDrop One^C 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](#)。

注释 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。

通知 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。

若要维护比色皿取样系统

- 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。
- 用新的实验室抹布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。



相关主题

- [检测比色皿样品](#)
- [比色皿检测的最佳实践](#)

仪器诊断

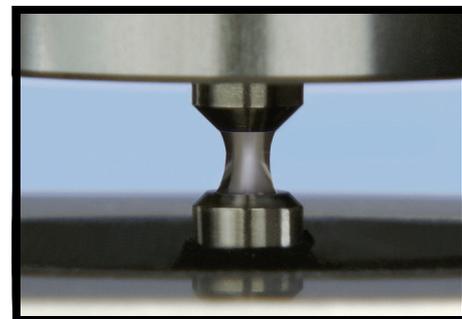
每 6 个月，运行以下性能和质量检查验证仪器操作是否正常



强度检查



性能验证



基座图像检查

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。如果仪器具有比色皿架（仅限 NanoDrop One^C 型号），该测试会自动重复使用比色皿光程。

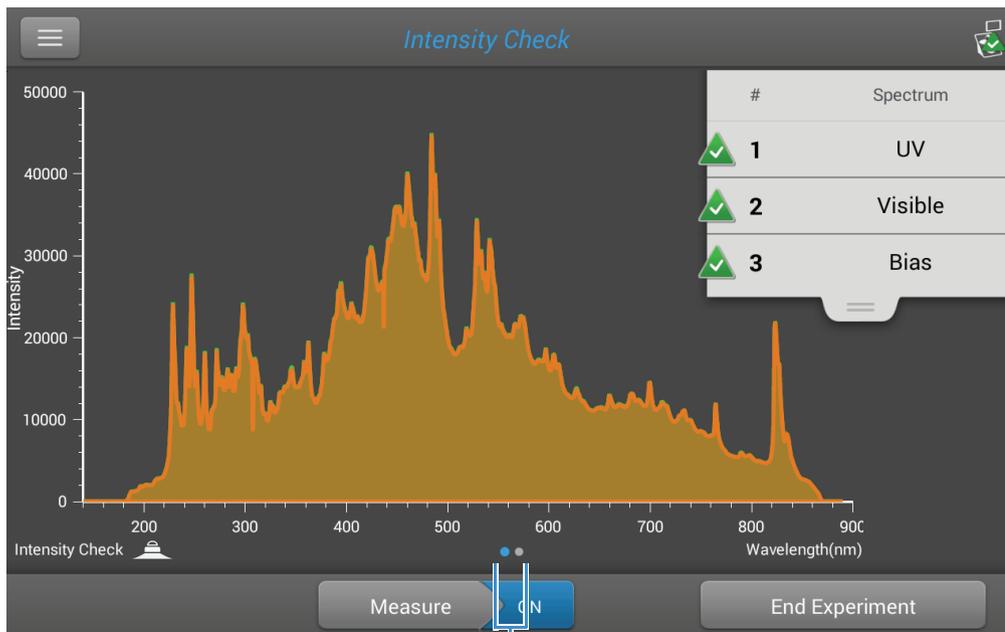
需要使用的耗材

- 无绒实验室抹布

若要运行强度检查

1. 抬起仪器检测臂，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
2. 对于 NanoDrop One^C 型号仪器，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**。
5. 点击**检测**并等待检测完成。

此处显示典型的强度检查结果屏幕的示例。

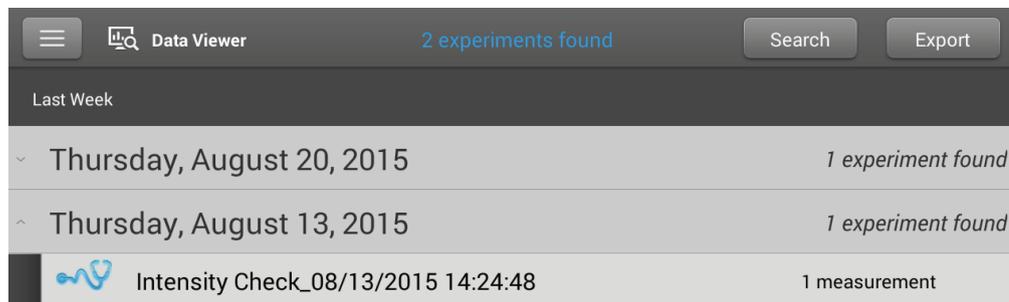


向左滑动屏幕可查看详细的结果

6. 若要返回强度检查，点击**检测**。

7. 完成后，点击**结束实验**。

测试完成后，可从数据浏览器查看结果（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
- 可见
- 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器旁边，请确保室内符合仪器的温度规范。

如果强度检查再次未通过，请[联系我们](#)。

相关主题

- [性能验证](#)
- [基座图像检查](#)

性能验证

每 6 个月运行性能验证确认光程精度符合规范。

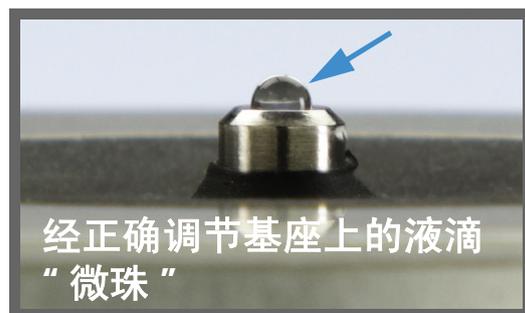
需要使用的耗材

- 无绒实验室抹布
- 去离子水 (DI H₂O)
- 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

注释 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，用新的实验室抹布擦拭基座，然后将 1 μL DI H_2O 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](#)。



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**。

一则消息会询问您目标吸光度值。

2. 输入 PV-1 安瓿标签上相关输入框中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，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
4. 将 1 μL DI H_2O 移取至下基座，降下检测臂然后点击**空白**。

5. 抬起检测臂，用新的抹布擦拭上下基座。

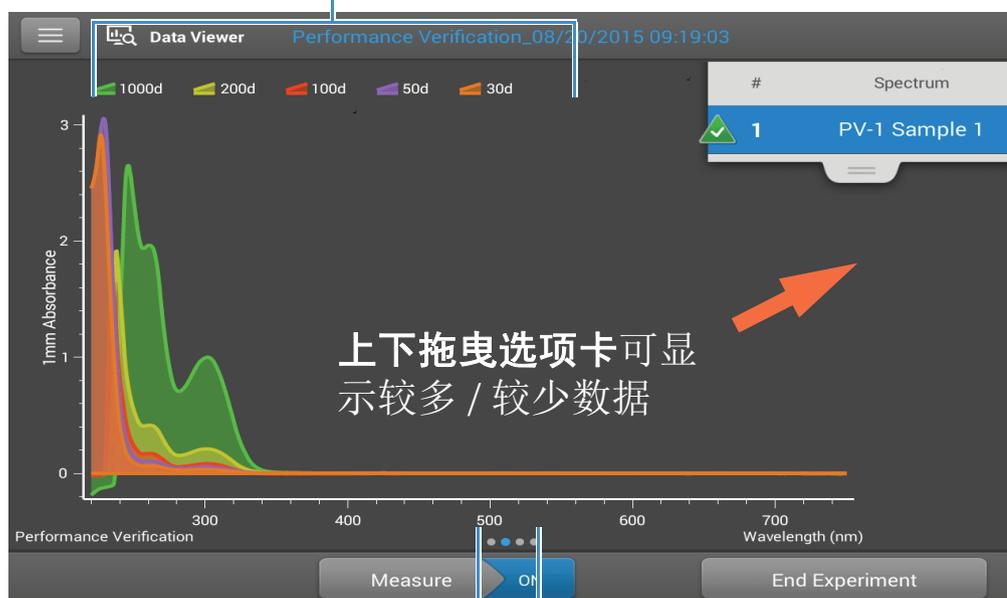
注释 大力摇晃安瓿瓶 PV-1 溶液，让液体聚集在安瓿瓶底部，然后遵循标准惯例打开它。

6. 将 1 μL PV-1 检测溶液移取至下基座，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**。

检测之后，软体会显示该结果。此处显示性能验证结果屏幕的示例。

已检测的光程。



向左滑动屏幕可查看详细的结果

7. 重复步骤 6 检测 PV-1 溶液九次，每次检测请使用新的 1 μL 等量样品，并在每次检测后清理基座。

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。

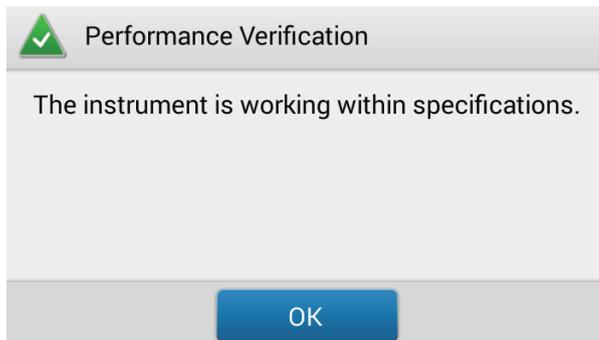


再次向左滑动可查看附加的检测详细信息，以及总检测结果。

	1mm	0.2mm	0.1mm	0.05mm	0.03mm
Target Absorbance	0.96740	0.19348	0.09674	0.09935	0.05961
Current Absorbance	0.959	0.195	0.096	0.102	0.062
Average Absorbance	0.959	0.195	0.093	0.102	0.062
% Error	0.8	1.0	4.0	2.5	4.3
Standard Deviation	0.002	0.001	0.003	0.001	0.001
Measurement Wavelength (nm)	302	302	302	260	260
Correction Wavelength (nm)	600	600	600	600	600
Integration Time (ms)	24	24	24	24	24
Number of Scans	24	24	24	24	24

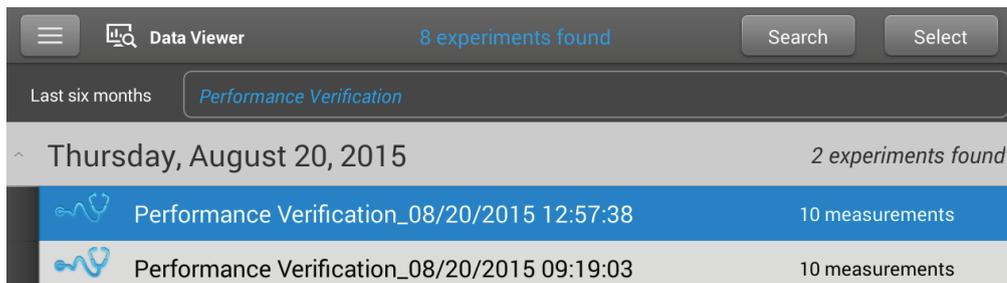
性能检测结果

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 溶液的十个 2 μ L 等量样品，重复步骤 6。
9. 完成后，点击**结束实验**并用 3–5 μ L DI H₂O 清洁基座。

测试完成后，可从数据浏览器查看结果（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 μ L 等量样品重复了十次检测，请[联系我们](#)。

相关主题

- [PV-1 性能验证溶液](#)
- [强度检查](#)
- [基座图像检查](#)

基座图像检查

定期运行基座图像检查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

- 无绒实验室抹布

若要运行基座图像检查

1. 抬起仪器检测臂，用新的实验室抹布擦拭上下基座。
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**。
4. 点击**检测**。

该仪器运行了一系列测试，检查基座位置和图像质量。测量完成后，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报告

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](#)。

相关主题

- [性能验证](#)
- [强度检查](#)

安全和操作防范措施



安全注意事项



操作防范措施



通知 确保操作此系统的所有人员已首先阅读安全手册。

操作防范措施



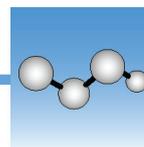
注意事项 请勿卸下仪器护盖。卸下护盖会使操作员接触尖锐边缘和脆弱的光线电缆。卸下护盖将会导致仪器保修失效。

NanoDrop One 分光光度计设计用于符合我们规格的室内环境操作。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 分光光度计的：

- 使用适用于您的供电设备的接地电源线。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，不易损坏。但是，如果板或显示屏破裂或损坏，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，将液体容器保持远离仪器。
- 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、醇、漂白剂、丙酮或其他任何溶剂留在隔膜上超过一分钟，否则，将会导致密封件松动。如果隔膜松动，请[联系我们](#)。





安全注意事项

操作 NanoDrop One 仪器之前，请阅读安全注意事项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将会导致人身伤害。



警告 表示如果未能避免将会导致死亡或严重人身伤害的危险情况。



注意事项 表示如果未能避免将会导致轻度或中度人身伤害的危险情况。

通知 遵循此标签的指示以防止损坏系统硬件或丢失数据。

注释 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	表示
	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将会导致人身伤害。
 	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。请仔细阅读及遵循相关指示。
 	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。请仔细阅读及遵循相关指示。
	避免化学灼伤。 此符号提醒您存在皮肤发炎的可能性。在处理毒性、致癌物质、诱导有机体突变的物质，或者腐蚀性或刺激性化学产品时，请务必戴上手套。使用认可的容器和正确程序来处理废料。
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
	接通电源
○	断开电源

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。



注意事项 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，请与我们联系。任何其它检修工作必须交由受过培训的人员执行。



注意事项 小心触电。请勿取下仪器盖。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。

通知

- 在装运箱内，使用塑料袋将仪器密封以保持本装置干燥。
- 打开塑料袋之前，请让仪器静止 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。
- 注意时刻保持仪器直立。

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。

注释 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，请使用适当的搬运技术。

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。



注意事项 小心触电。

- 仅允许合格人员使用适当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。
- 请勿尝试取下仪器盖。

接地



注意事项 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供电设备的适当接地电源线。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，请与我们联系。

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。如果您对这些要求有任何问题，请联系我们在当地的服务代表。

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

通知 请勿将仪器定位在难以操作电源开关或接触电源供应器或电源线的地方。

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）。
- 切勿阻塞仪器或其电源供应器上的任何通风孔。
- 仅使用我们提供的正确的替换电源供应器。

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



注意事项 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**。

通知 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 HNO₃
- 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 dH₂O 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。请勿尝试取下隔膜或断开密封。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胶粘。如果密封松动，请与我们联系。

通知 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，则不可以将它们处置和退还我们或其它附件制造商。如果您对去除污染的要求有疑问，请与我们联系。

关于本帮助系统

使用的约定

安全防范措施和其他重要信息使用以下格式：



注意事项 表示如果未能避免将会导致轻度或中度人身伤害的危险情况。

通知 遵循此标签的指示以防止损坏系统硬件或丢失数据。

注释 包含有帮助的补充信息。

提示 提供可更轻松执行任务的帮助性信息。

商标信息

DYMO 和 LabelWriter 是 Newell Rubbermaid 在美国和 / 或其他国家（地区）的商标或注册商标。

Wi-Fi 是 Wi-Fi Alliance 在美国和 / 或其他国家（地区）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（地区）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。

© 2015-2016 Thermo Fisher Scientific Inc. 保留所有权利。

联系技术支持中心

若要获得美国 / 加拿大技术支持，请联系：

Thermo Fisher Scientific
3411 Silverside Road
Bancroft 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
网站：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。

