

# Thermo

SCIENTIFIC



Nanodrop 2023/2023C 分光光度计  
V1.0 用户手册

## 基因仪器应用技术支持

亲爱的用户，您好！

格外感谢您选购我公司代理的仪器。我们将竭诚为您供给优质的售后效劳及免费的专业应用培训。

为了更好地进展仪器的应用培训，我们依据您所选购的仪器特点，将需要您协作预备的工作敬告如下：

1. 应用培训内容：仪器操作培训和软件应用培训。仪器操作培训包括：仪器的操作、维护和仪器使用留意事项。软件应用培训包括：用户本次所购置的同仪器配套的全部软件的软件应用培训。
2. 培训时间：仪器正式安装调试后，由安装工程师现场培训仪器操作。
3. 应用培训中所需预备的试剂、耗材和仪器均需由用户供给，并在系统培训开头前预备好。
4. 用户签收售后效劳工作报告后，基因公司正式的系统培训内容即完成。您以后在使用的过程中有任何疑问都可以向我们询问，我们格外情愿为您们解决应用上遇到的问题。
5. 在仪器的使用过程中，无论遇到您认为多么微小或繁琐的问题，请您准时和我们联系，一个准时的通知能节约您的时间，也能帮助我们更好的了解仪器和软件。
6. 联系我们时请您供给：仪器型号、软件名称，版本、错误代码、试验目的、操作系统（98/2k/xp/NT）、修理历史等相关资料。

本守则提的信息仅供参考，本守则包含的全部信息应当是正确和完整的。假设对本守则中的描述有疑问，请参考厂家的英文操作说明。假设由于您的不正值使用而对仪器造成损坏或者导致仪器的性能损伤，本公司将不会对此负责。

1 · 仪器介绍

仪器描述

Thermo Scientific NanoDrop 2023/2023C 分光光度计可以检测 0.5-2ul 的样本，而且检测是格外高的准确性和重复性。ND2023C 分光光度计不仅供给了NanoDrop 样品保存专利技术的便利性，也可以使用传统的比色皿来进展样本检测。

样本保存系统应用了外表张力来把样本保存在两根检测光纤中间，这使得仪器可以检测较高浓度的样本而不用稀释。应用这个技术，全波长〔190—840nm〕NanoDrop 2023/2023C 分光光度计检测样本的最高浓度是标准比色皿的 200 倍。

仪器规格

NanoDrop 2023/2023C—基座模式

|         |                          |
|---------|--------------------------|
| 仪器类型:   | 分光光度计                    |
| 最小样品量:  | 0.5ul                    |
| 波长:     | 1mm〔可以自动调整到0.05mm〕       |
| 光源:     | 氙闪耀灯                     |
| 检测器类型:  | 2048—象素线型硅CCD阵列          |
| 波长范围:   | 190—840nm                |
| 波长准确性:  | ±1 nm                    |
| 光谱区分率:  | ≤1.8nm〔〕                 |
| 吸取光准确性: | 0.002吸光值〔1mm光程〕          |
| 吸取光准确性: | ±2%〔257nm波长下，0.76个吸光值〕   |
| 吸光值范围:  | 0.02—300〔等同于10mm光程时〕     |
| 检测极限:   | 2ng/ul dsDNA             |
| 最大检测浓度: | 15,000ng/ul〔dsDNA〕       |
| 检测时间:   | <5秒                      |
| 仪器占地面积; | 14cm×20cm                |
| 重量:     | 2kg                      |
| 样本基座材料: | 303不锈钢以及石英光纤             |
| 工作电压;   | 12V                      |
| 工作功率:   | 12—18W〔最大30W〕            |
| 软件兼容性;  | Windows XP 和Vista〔32bit〕 |

NanoDrop 2023C—比色皿模式

|         |                |
|---------|----------------|
| 光束高度:   | 8.5mm          |
| 加热:     | 37±0.5℃        |
| 搅拌:     | 150—850RPM     |
| 光程:     | 10, 5, 2, 1mm  |
| 检测极限:   | 0.4ng/ul dsDNA |
| 最大检测浓度: | 750ng/ul dsDNA |
| 检测时间:   | <3秒            |
| 重量:     | 2.1 kg         |

样品保存基座检测

用移液器加1—2ul样品到检测基座上，对于高浓度的核酸和蛋白A280检测，最少可以使用0.5ul的样本。在

基座上包埋一根光纤（承受光纤），把待检测样本加到检测基座上，其次根光纤（光源光纤）放下来与液体样本接触，在两根光纤末端形成液柱。由一个脉冲氙灯作为光源并且使用一个线性CCD阵列来检测通过液体的光信号。仪器由一个装由Nanodrop软件的电脑掌握，全部试验数据都以workbook（\*.twbk）文件形式保存在电脑中。

**基座检测需要的样本量**

虽然基座检测时样本的量不是特别关键，但是必需保证两根光纤之间形成完整的液柱，这样才能保证两根光纤之间形成样本液桥。

打算液滴外表张力的主要因素是溶液中水分子的氢键结合力。通常状况下，溶液中全部的溶质（包括：蛋白，DNA，RNA，盐离子，去垢剂分子）都会降低外表张力，由于这些分子能够和水分子的氢键产生作用。虽然一般状况下1ul的样本就足可以检测了，但对于那些外表张力比较小的样本最好使用2ul样原来检测。

现场试验的阅历说明以下样本的用量足够得到准确重复性高的检测结果：

核酸水溶液：1ul

纯蛋白：2ul

Bradford，BCA，Lowry或者蛋白Pierce 660nm试验：2ul

微生物细胞悬浮液：2ul

最好使用准确的移液器（0—2ul）和tip头来取样来保证取样的准确。低准确度的移液器（0—10ul或者更大的）很难准确的加1ul样本到检测基座上。假设用户对样本的特征或者移液器准确性不太确认，最好使用2ul样原来做检测。

**基座根本使用**

- 1. 抬起样品臂，把样品加到检测基座上。



- 2. 放下样品臂，使用电脑上的软件开头吸光值检测。在上下两个光纤之间会自动拉出一个样品柱，然后进展检测。
- 3. 当检测完成后，抬起样品臂，并用干净的无尘纸把上下基座上的样品擦干净。这样擦拭样品就可以避开样品在基座上的残留。



### 比色皿检测

Nanodrop 2023C可以检测最高48mm的10mm光程的比色皿。当使用微量，半微量或者超微量的比色皿时，我们建议使用周边不透亮的比色皿，不透亮的比色皿保证了光穿过样本后全部到达检测器。而透亮的比色皿会让那些没有透过样本的光也到达检测器，这样会导致检测特别是低浓度样品的检测不准确。



当检测的波长为紫外区域时（ $<340\text{nm}$ ），要使用石英白色皿，这样才能透过紫外光。虽然有一些制造商供给紫外透过的一次性塑料比色皿，但是即使质量最好的塑料比色皿也不能让低于 $220\text{nm}$ 以下波长的紫外光透过，而大局部玻璃和塑料比色皿是完全紫外非透过性的。

一般单光束的分光光度计都会推举相配的比色皿，而很多比色皿生产厂家都有严格的质控来保证比色皿的性能而不用在换比色皿时需要校准，这些比色皿都可以用在Nanodrop 2023C上。

### 比色皿检测样品量

在样品检测时必需保证比色皿中的样品量足够，能够让光线完整穿过样品。 $2\text{mm}$ 的光速从比色皿底部以上 $8.5\text{mm}$ 的位置穿过，请参考比色皿生产厂家的建议来确定需要的样品体积。

### 比色皿检测根本操作

1. 把样品加到比色皿中，要保证参加的样品量足够，要盖过光束。
2. 抬器样品臂，把比色皿查入到仪器中，插入比色皿时要留意仪器上面的光路的指向的方向。



3. 在做比色皿检测时样品臂必需放下来。
4. 使用电脑上的软件对仪器进展初始话。
5. 当检测完成后，移出比色皿，倒出样品，清洗干净比色皿。

### 空白比照和吸取光计算

当Nanodrop 2023/2023C分光光度计做好空白比照后，仪器会自动记录空白参照液的光谱结果并保存起来作为波长的光强度参比值。当进展样品检测时，透过样品的光强度将被记录下来。样品的透过光强度和空白比照的透过光强度按以下公式来计算样品吸光值：

$$Absorbance = -\log\left[\frac{Intensity_{sample}}{Intensity_{blank}}\right]$$

这样，可以通过样本和空白比照的透过光强度来计算特定波长下的吸光值。

通过Beer—Lamber定律来确定样品浓度和吸光值之间的关系：

$$A = \epsilon * b * c$$

A=吸光值（A） $\epsilon$

=波长依靠的摩尔消光系数（单位 L/mol\*cm）

b=光程（单位 cm）

c=样品浓度（单位 mol/L）

参比溶液，或者空白溶液，通常是那些融解靶向分子的溶剂，这个溶剂要和样品溶液具有一样的pH值和离子强度。

基座检测空白循环

我们建议把空白比照当成样品来检测，这样可以确认仪器性能完好并且基座上没有样品残留，按以下操作来运行空白循环：

- 1. 软件中翻开将进展的操作模式，把空白比照加到基座上，并把样品臂放下。
  - 2. 点击Blank来进展空白比照检测并保存参比图谱。
  - 3. 重加空白比照到基座上，把它当成样品一样来检测，点击Measure来进展检测，结果应当是差不多为一水平线，吸光值变化应不超过0.04A（10mm光程）
  - 4. 擦去上下基座上的液体，重生进展上面的操作，直到检测光谱图的变化不超过0.04A（10mm光程）。
- 虽然不需要在每个样品之间进展空白校准，但我们建议在检测多个样品时，最好每30min进展一次空白校准。30min后，最终一次做空白检测的时间将显示在软件下面的状态栏上。

荧光染料

在进展Micro Array 和Protein & Labels检测时，软件使用Beer—Lambert定律来进展荧光染料计算。用户可以使用Dye/Chrom来编写的的染料。下表是软件中保存的染料的参数：

| Dye list |                                                                                                                         |                 |                                                                                       |                       |                                |                     |                     |
|----------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------|---------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|--------------------------------|---------------------|---------------------|
|          | Show                                                                                                                    | Dye             | Unit                                                                                  | Coeff.<br>(l/mole-cm) | Analysis<br>Wavelength<br>(nm) | 260nm<br>Correction | 280nm<br>Correction |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | None            |                                                                                       | 0                     | 0                              | 0                   | 0                   |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Cy3             | μM                                                                                    | 1.5E+5                | 550                            | 0.04                | 0.05                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Cy5             | μM                                                                                    | 2.5E+5                | 650                            | 0.00                | 0.05                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Alexa Fluor 488 | μM                                                                                    | 7.1E+4                | 495                            | 0.30                | 0.11                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Alexa Fluor 546 | μM                                                                                    | 1.04E+5               | 556                            | 0.21                | 0.12                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Alexa Fluor 555 | μM                                                                                    | 1.5E+5                | 555                            | 0.04                | 0.08                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Alexa Fluor 594 | μM                                                                                    | 7.3E+4                | 590                            | 0.43                | 0.56                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Alexa Fluor 647 | μM                                                                                    | 2.39E+5               | 650                            | 0.00                | 0.03                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Alexa Fluor 660 | μM                                                                                    | 1.32E+5               | 663                            | 0.00                | 0.10                |
|          |  <input checked="" type="checkbox"/> | Cy3.5           | μM                                                                                    | 1.5E+5                | 581                            | 0.08                | 0.24                |
| ▶        |  <input checked="" type="checkbox"/> | Cy5.5           | μM                                                                                    | 2.5E+5                | 675                            | 0.05                | 0.18                |
| * +      | <input type="checkbox"/>                                                                                                |                 |  |                       |                                |                     |                     |

2 · 软件

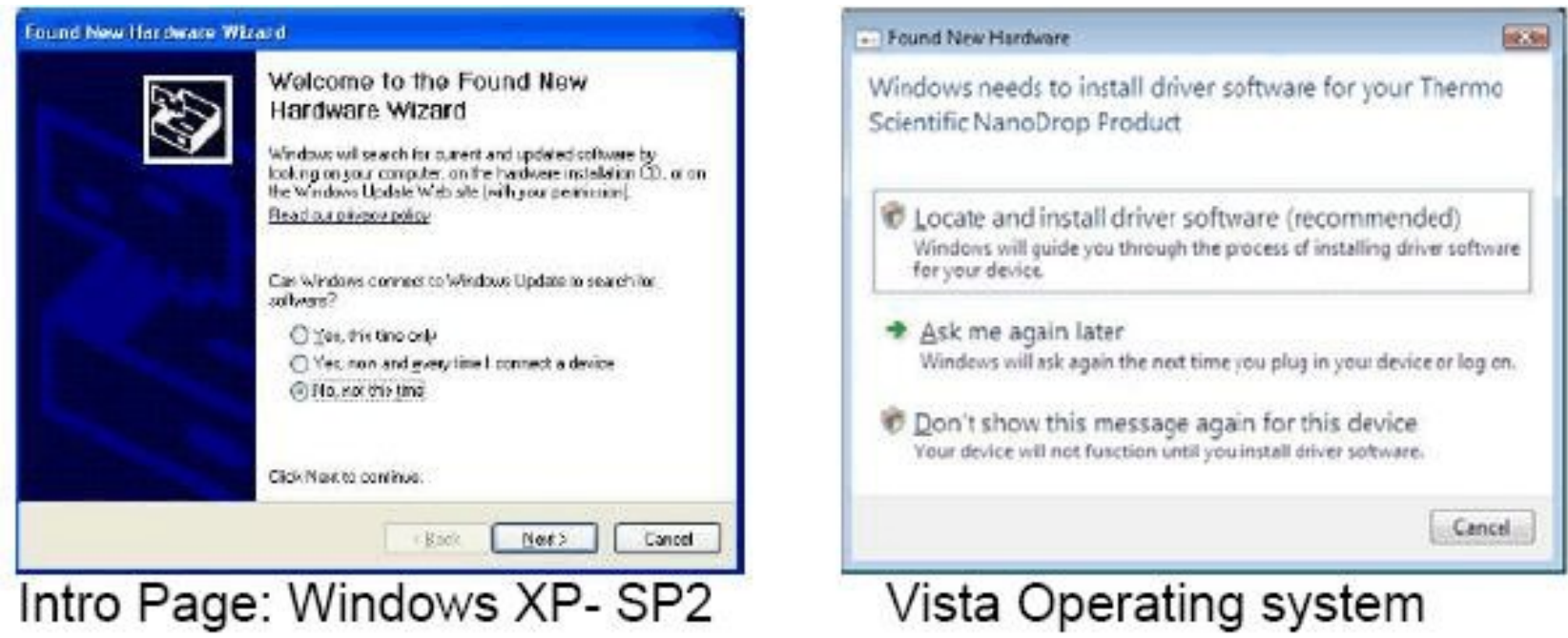
电脑配置

- Microsoft Windows XP或者Vista（32bit）操作系统
- 1.5GHz或者更高速的处理器
- CD ROM光驱
- 1GB或者更高的内存（Vista系统需要2GB）
- 40MB硬盘空间
- 具有USB端口（仪器通过USB与电脑连接）

软件安装

系统软件必需在仪器连接到电脑上之前安装好，安装软件时必需使用治理员用户进入电脑。按以下步骤来正确的安装软件：

1. 关闭全部程序，并把USB线拔出。
2. 把软件光盘插入到驱动器中，软件的安装menu会自动显示，假设安装不能自动开头，点击Start并选择Run。 在Run对话框，输入 x:\Set-up，这里的“x”代表电脑的光驱，点击OK。
3. 依据屏幕提示来进展操作来安装软件，然后连接USB线。假设消灭“觉察硬件提示”，Windows XP SP2操作系统将询问是否需要通过Internet来查找适宜的软件，选择—No, not this time，然后自动进展软件安装。



这时NanoDrop 2023/2023c分光光度计就可以使用了。假设软件不能翻开，参考“Diagnostics and Troubleshooting”来查找解决方法。

可以在NanoDrop公司的网站上准时下载软件更。

Thermo软件安装资质

Thermo软件的安装资质程序执行NanoDrop 2023/2023c软件的安装资质。安装资质检验安装的是否是正确的软件，并可用来检验这些文件在安装时是否被修改，删除或者掩盖。

运行Thermo软件安装资质程序：

1. 选择桌面Start翻开Start menu。
2. 选择All programs>Thermo>Thermo Software IQ。
3. 依据操作提示来认证您系统软件的安装。
4. 使用Help菜单进入 Thermo IQ User Guide PDF.

线连接

在使用仪器进展样品检测前，需要使用USB连接线把仪器和电脑相连，把12V的电源线接到仪器反面的插口上，并连接电源。

当仪器不使用时，电源不用拔下，当仪器处于“待命”状态时，其功率为5W，这时闪耀氙灯处于关闭状态。在仪器

反面的电源线插口上面有一个LED灯指示仪器正连接上12V电源。

注册您的仪器

请准时注册您的仪器，我们会在网上升级软件并且免费增加的特性。我们会准时更我们的用户名单，这样我们可以准时通知您这些软件的更。全部供给的信息都市完全可信的，请在网上注册您的仪器。

软件特征

NanoDrop 2023/2023c软件被分为左右两块，状态栏和工作按键在左侧，而右侧显示主菜单和数据窗口。在 NanoDrop 2023的用户守则中有一个“附件”中包括一页软件特征总则。

软件左侧局部

任务栏

任务栏选项包括以下几个选项：

- **Home**—显示特定用户群所能够操作的的应用的主菜单，默认的用户群为Classic。
- **My Date**—治理数据的存档和恢复。样品数据保存在用户指定的文件夹中，请参考“数据和帐户治理”来查看具体内容。
- **Options**—包括4个掌握键，请参考“数据和帐户治理”来查看具体内容。

任务工具栏选项可以翻开特定的应用，包括：

- **Measure**（指定应用）—显示最近选择的应用。
- **Reports**—包括以下三个功能键：
  - ◆ **Report**—显示累积的样品数据结果表格，并显示选择样品的吸光图谱。
  - ◆ **Configuration**—选择一个报告栏显示，并选择报告栏显示的挨次。
  - ◆ **Print**—选择需要打印的相关信息，设定打印页面格式和报告中打印图标格式。
- **Oligo Calc**（仅应用于核酸和Micro Array）—计算特定核酸分子的分子量，激发效率，浓度因子和熔点。请参考“核酸”和“Micro Array”中的“Oligo Calc”来猎取具体信息。
- **Dye/Chrom.Editor**（仅应用于Miro Array和Protein & Labels）—让用户进入并编写的染料参数，参考MiroArray和Protein & Labels中的Dye/Chrom.Editor来猎取具体信息。
- **Editor Options**〔方法编辑栏内〕—微编辑方法设定可用的选择。

功能键

当应用被翻开时，以下的四个功能键被显示在左侧栏的顶部：

**Measure**

- 一开头进展样品检测，这个功能键在刚进入一个应用时是灰色的，当做好空白比照后才能使用。
- **Print**
- **Screen**—在默认打印机上打印样品的数据和相应的光谱图。
- **Blank**—使用溶解样品的缓冲液来做空白比照。
- 在进展样品检测前必需先做空白比照。
- **Re-Blank**—使用溶解样品的缓冲液来再做个空白比照。Re-Blank功能会对最近的一个样品浓度重计算，并在屏幕上显示修正后的光谱图。

中选择**Method Editor**或者**Kinetic Editor**时，会显示以下四个功能键：

- **New**—开头建立一个的客户定制型方法。
- **Save**—
- 在当前选择的组中保存编写的方法。
- **Measure**—翻开
- 编写好的方法。
- **Delete**—删除一个方法。

左侧栏的其他特征选择

主工具栏选择

- **File**—主工具栏下拉菜单中包括以下选项：
  - ◆ **New Workbook**—翻开一个的工作本，而当前使用的工作本将被保存并自动关闭。
  - ◆ **Close Workbook and go Home**—关闭当前的工作本并回到主页面，当工作本被关闭时全部的数据都会自动保存。
  - ◆ **Close All Workbook and go Home**—关闭全部工作本（全部运用和方法）并回到主页面。
  - ◆ **Print Report**—在默认打印机上打印当前报告。
  - ◆ **Use current setting as default**—当一个的应用工作本被翻开时，把当前的应用参数如：样品类型，单位，基线校准波长和比色皿类型设定为默认。设定好后，当前报告格式也会被设定为默认。这个功能在每个应用和方法中设定特定用户选择时格外有用。
  - ◆ **E-mail current workbook**—把当前的工作本粘贴到一个的Email中。当要把这些数据发到NanoDrop残缺技术支持那里时，请使用My Date 任务栏来定位适宜的自动保存文件。使用软件翻开文件并发送给技术支持。

留意：虽然在翻开自动保存的文件时全部报告内容不能显示，但是全部内容可以被技术支持恢复。

- **Help**—在任何界面下都有可以运用[Ctrl]-m，[Ctrl]-h或者F1键来进入帮助文件。

在帮助菜单下的上诉选项都市针对当前的软件版本和仪器型号的。

#### 左栏仪器设定

- **Add to Report**—显示哪些样品数据被添加到当前的报告中。虽然全部数据被备份到自动保存工作本中并可以以后恢复。在日常使用中最好 把Add to Report选择上，这样使数据恢复更简洁。在样品检测前选择添加到报告中来把结果保存到报告和工作本中。
- **Overlay spectra**—显示独个光谱图，一个穿插指针被显示并和最近检测的样品相关联。当掩盖光谱被选择，点击一个光谱来关联穿插指针。
  - 掩盖的样品编号显示在左侧突变的顶部，最终一个检测的样品显示在图的最上面并被标记为红色。在不同的图谱上点击可以把这个图谱显示为红色。
  - 在进展样品检测时，去选择Overlay Spectra将清空全部光谱。
- **Small sample volume**—（仅仅适用于核酸和蛋白A280运用）—当样品在10mm光程的吸光值在3.0或者以上时，可以只使用0.5ul样品进展检测。
- **Use Cuvette**（仅仅适用于NanoDrop 2023c）—激活比色皿检测，客户使用比色皿检测时可进展的选择包括：
  - **Pathlength**—包括10， 5， 2， 和1mm
  - **Stir Speed**—速度设定范围是1—10，默认设定为关闭。
  - **Heat to 37°C**—把比色皿槽参加到37±5°C。选择上后，当前的温度将被显示在软件屏幕的底部。加热需要大约1—10min才能到达37°C。把样品加热到37°C需要的时间依靠于样品温度，在默认状况下，加热模块是关闭的。

留意：假设更改一个不同的应用，参加模块将被关闭。然而假设使用一样的运用但使用基座检测，加热模块将连续运行。

#### 右侧栏

右侧栏包括以下主菜单：

- **Group drop-down box**—选择首选菜单显示和相应的应用，默认的选择是Classic NanoDrop。
- **Predefined application buttons**—额外的主菜单项选择择。
- **User-Defined list**—在用户定义方法或者动力学前是空的，当客户定义了方法或者动力学，定量方法左边有一个量标签，而动力学方法左边有一个时钟标签。

当一个应用被翻开时，右边栏显示样品的光谱图以及相关运用的数据。在用户守则文件图标上部有基座检测或者比色皿检测的标签。

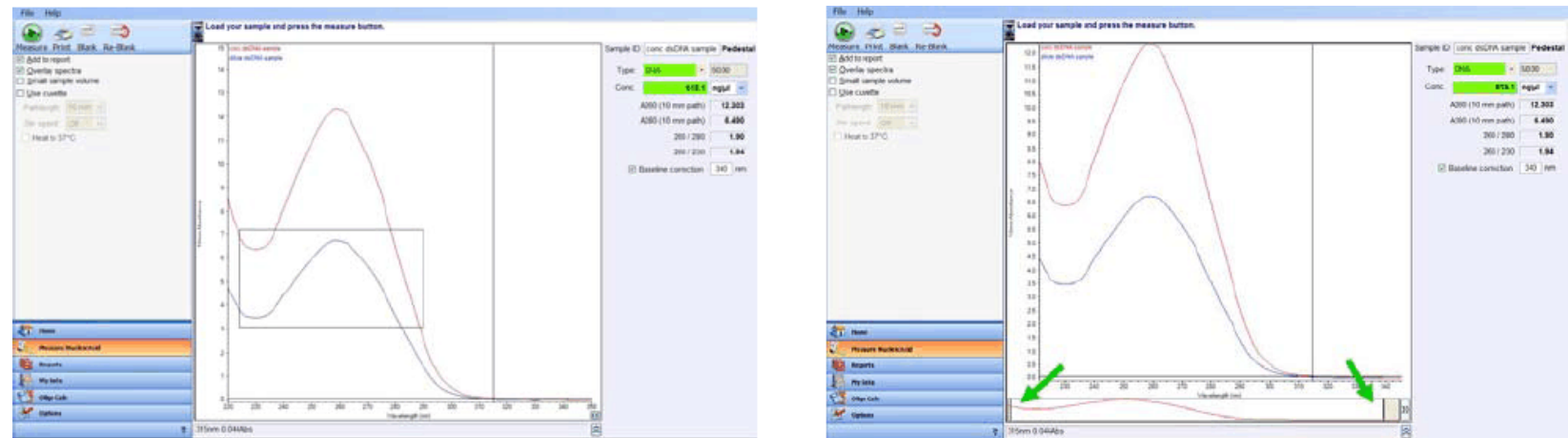
图像显示

图像面板显示最检测的样品光谱图。中选择了附件图片的功能，就可以显示多个样品的数据结果。样品名称号显示在左侧栏的顶部。最近检测的样品显示在结果栏的最上面，其光谱图显示为红色。

留意： 点击较早检测的样品名可以翻开结果并让其图谱显示为红色。

虽然样品光谱图显示的数量没有限度，软件在全屏状态下只能在左边最多显示**28**个样品的名称。当到达显示最大数量时，样品列表就会消灭一个下拉框。

光谱图上的区域可以被放大，点击鼠标左键，在想放大的区域拉一个框，然后再点击一下框。



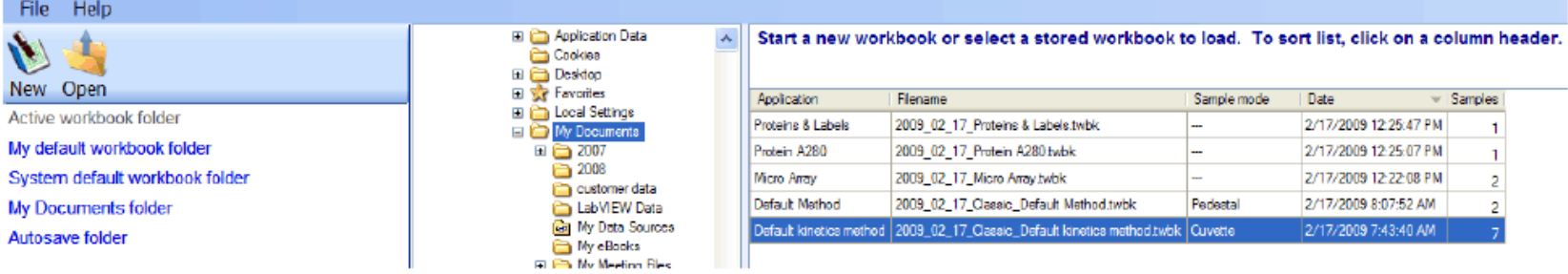
要把放大的区域缩小回去，鼠标右击显示多项选择择菜单：

- **Autoscale all sample**—为高浓度样品设定较高的Y-轴上限，为低浓度样品设定较低的上限，来保证样品吸取光图谱完整显示。
- **Full Display all samples**—为全部样品重设定X和Y轴值来显示全部光谱图。
- **Set Scale**—手动设定Y轴最大和最小值。
- **Sample labels**〔仅适用于UV-Vis〕—为最近的样品选择一个特定的吸取光波长，显示在光谱图中。
- **Sample legend**—确定是否要显示样品的名称

数据和帐户治理

我的数据

样品检测的结果被记录在工作簿中并保存在客户指定的文件夹。通过左侧栏我的数据任务栏来保存工作簿。使用查询框来找到保存的感兴趣的工作簿。



当我的数据任务栏被选择时在左边栏有两个有效的工具。选择**New** 翻开一个的工作簿在右侧突出其应用。选择**Open**翻开选择的工作簿并开头相关的应用。额外的检测结果可以添加到翻开的工作簿中。

在建和翻开按键下有五个快速链接可以进入存档的工作簿，然后显示在右侧栏中。双击一个工作簿翻开文件，并可以让其他的检测结果附加到工作簿中。

留意： 假设要把一个样品的检测结果加到一个工作簿中，在进展样品检测前必需把“添加到报告”键选上。

Report

报告是用户定制型的显示样品结果的表格。一旦翻开一个应用或者用户方法，就可以看到报告任务栏，可以通过点击任务栏来翻开报告。

中选择了报告任务栏后，在右栏中显示以下三个设定：

**Report**—在一个翻开的工作簿中显示保存的样品数据。在页面底部的报告栏中可以显示选择的样品光谱图。

假设没有选择样品，则报告栏显示表格中第一个样品的光谱图。可以通过选择报告表格中的多个样品数据来显示多个光谱图。

- **Configuration**—选择报告栏显示的内容和挨次。只有那些选择的栏目的信息才会消灭在导出的报告文件中。参考以下的导出报告内容猎取 更多信息。
- **Print**—为报告添加标题和副标题。检测的方法信息和光谱图可以随报告表格一起打印。

留意：可以通过点击应用或者检测方法显示图下面的波浪图标签来显示一个仅仅查看的报告文件。

中选择了报告任务栏，在左侧栏的顶部可以显示三个图标：

- **Preview**—在打印报告前预览报告。应用选择工具栏或者打印图标来显示选择的页眉和页脚信息。参考“Date and Account Management”中的“Options”来猎取具体信息。
- **Print**—开头打印一个报告。
- 把报告导出为.xml，.tsv，或者.tebk格式文件，特定的选项包括：
  - **Report, Excel XML Spreadsheet (\*.xml)**—把报告保存为可以使用Excel表格翻开的文件。这个保存格式只能把报告保存为表格。在保存报告前必需配置报告显示内容。
  - **Report · Tab Separated Values (\*.xml)**—把报告保存为可以用记事本或者Excel文件翻开的格式。这个保存格式只能把报告保存为表格。在保存报告前必需配置报告显示内容。
  - **Spectrum · Excel XML Spreadsheet (\*.xml)**—保存选择样品的每个波长下的吸光值，可以在Excel表格中翻开结果。假设选择了多个样品，则可以在Excel的多个工作表中保存每个波长下相应的吸光值。
  - **Spectrum · Tab Separated Value (\*.tsv)**—保存选择样品的每个波长下的吸光值，可以在Excel表格或者记事本中翻开结果。多个样品的结果可以分别保存在一个工作栏中。
  - **Spectra · New Workbook (\*.twbk)**—把选择的样品数据保存为一个的工作簿，可以在NanoDrop 2023/2023c软件中再翻开。
  - **ND Legacy (\*.tsv)**—保存相应波长下的每个吸光值，并在报告中保存调整好的特定区域。这个功能可以在一个工作簿中保存多个样品数据并可以使用记事本或者Excel翻开。在导出前必需配置报告显示内容。

留意：Spectra, New Workbook (\*.twbk) 和ND Legacy (\*.tsv) 在动力学检测时不能使用。

假设电脑不能识别.xml文件为Excel，可以通过Excel翻开这些文件。

### 向以前的工作簿中添加数据

假设在一个工作簿翻开时关闭软件，会消灭一个信息为你是否想把数据添加到工作簿中，这样下次翻开这个应用时就可以显示这些信息。通过我的数据工具栏来翻开工作簿，这样可以在软件关闭前把数据添加到关闭的工作簿中。

## Question

The workbook: 2009\_02\_13\_Protein BCA  
uses a standard curve.

Would you like to:

- ☒ Start a new workbook
- ☐ Start a new workbook using the concentration values from this workbook
- ☐ Start a new workbook using the standard curve from this workbook
- ☐ Append new measurements to this workbook

OK

在做蛋白定量试验时，建议在添加结果到工作簿之前，依据操作说明建立一个标准曲线。

### 重处理

在某些应用模式下，在左侧栏的顶部有重处理工具。这个工具可以基于不同的基线校准波长，浓度单位或者样品类型对样品重进展浓度计算。这个功能不能用于重命名的样品。重处理栏可以在报告内容配置栏上选取。

留意：重处理的样品数据将作为一个的数据消灭在当前报告中，重处理数据不会备份到自动保存的工作簿中。

### 重命名一个样品

任何时间都可以在报告中修改样品的名称。

留意：样品名称的修改不会反响到自动保存的文件中。

### 自动保存文件

除动力学检测结果，其他全部结果都自动存档为Autosave file (\*.twbk)，存档位置依靠于电脑的操作系统。

Vista: C:\Users\Public\Public Documents\Thermo\Autosave\ (Software Application)

XP: C:\Documents and Settings\All Users\Shared Documents\Thermo\NanoDrop2023 \Autosave\ (Software Application)

自动保存文件包括了24小时内检测的全部样品数据，这些数据按应用和方法自动分类。自动保存文件并不是用户可以修改的工作簿。由于数据可以附加到用户定制型的工作簿中，用户定制的工作簿通常和自动保存文件不匹配。假设需要恢复用户定制的工作簿中没有保存的数据，使用NanoDrop 2023/2023c软件翻开相关的自动保存文件，选择感兴趣的样品，导出结果为Spectra, New Workbook (\*.twbk)，使用我的数据任务栏来查看的工作簿。假设自动保存的工作簿已经翻开，在的检测之前必需关闭工作簿。

### 选项

在选择任务栏下有丝个工具栏：

- **Application**—添加的用户组和相关的应⽤方法设定。要添加一个的组，输入组名并点击**Add**。可以把一个或者多个应⽤拉到空白键中来定制组的显示内容。

有两个方法可以显示客户定制方法而不是标准方法：

- 把客户定制的方法拉到一个特定的菜单按键中。
- 把方法列表包括到一个主菜单项选择项中。当前的方法不会显示在选项屏幕中，而回显示在对应组的主页中，由于文本框的大小限制，方法列表只能显示最上面的9个菜单按键。

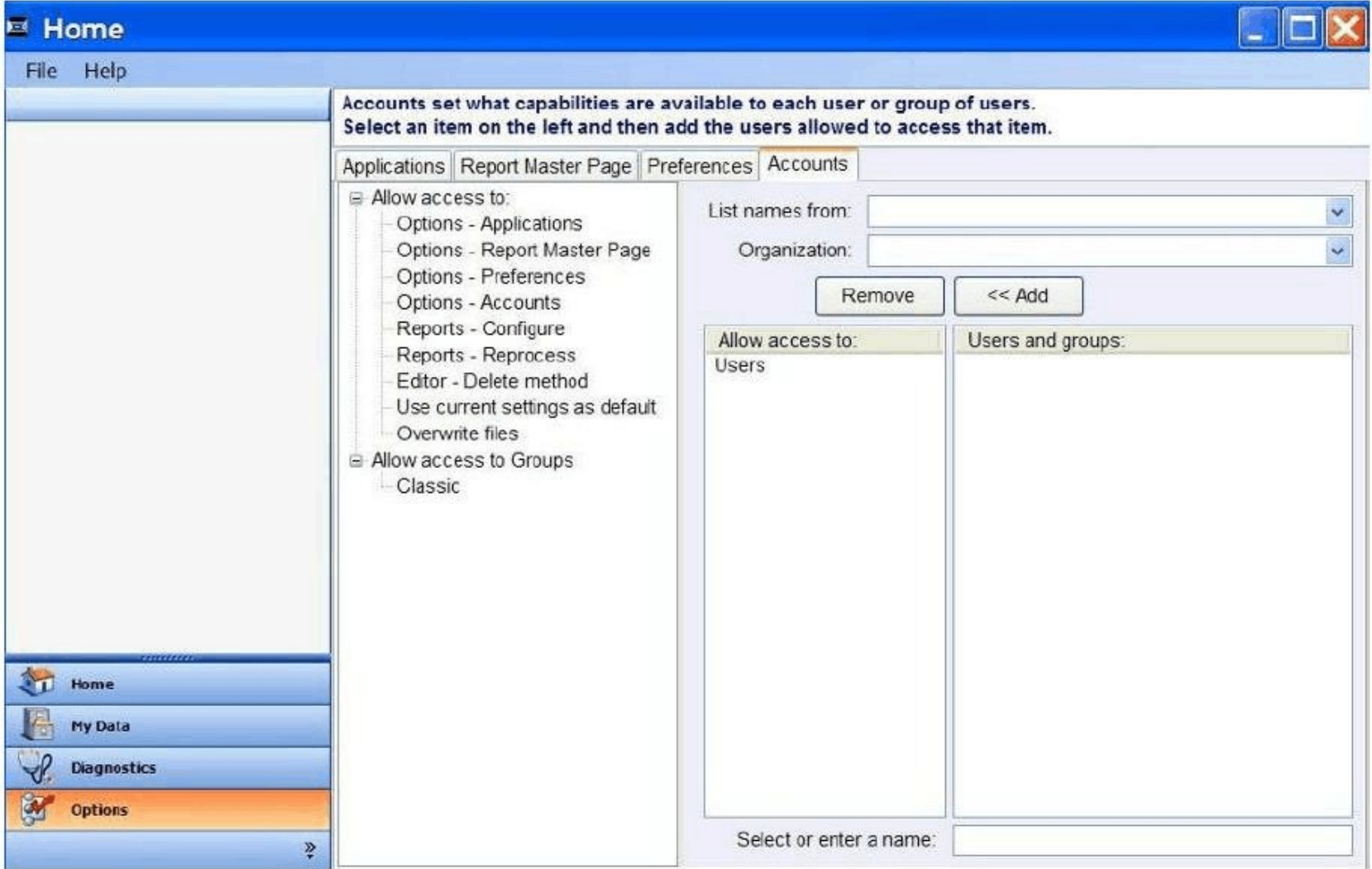
使用**Delete group**按键可以删除整个组，使用页面底部的**Clear App Buttons**来重设定应⽤键。

- **Report Master** 一编写打印报告的页眉和页脚的布局。使用这个功能，可以选择页眉是否包括单位名称，Logo，日期或者时间。页脚选项包括额外文本和页码。这些选项可以用来打印全部应用和用户定制方法的报告。页面设定按键可以显示页面大小和打印边框的窗口。
- **Preferences**一确认这些设定是对特定的用户可用还是对全部用户可用。选择**Support Dymo Label printer**来应用独立的程序来打印报告。在这个标签下，可以选择快捷键，请参考下表的快捷键。

| Command                   | NanoDrop Classic   | Standard     |
|---------------------------|--------------------|--------------|
| Exit                      | [Ctrl]-q           | [Alt]-F4     |
| Help                      | [Ctrl]-m, [Ctrl]-h | F1           |
| Blank                     | F3                 | F3, [Ctrl]-b |
| Measure                   | F1                 | F5, [Ctrl]-m |
| Re-Blank                  | F2                 | F2, [Ctrl]-r |
| Print Screen              | F4                 | F4, [Ctrl]-p |
| Print Report              | F5, [Ctrl]-r       | [Shift]-F4   |
| Show Report               | F7                 | F7           |
| New Workbook              | [Ctrl]-n           | [Ctrl]-n     |
| Reset (Calibration check) | -                  | F11          |
| Home                      | -                  | [Ctrl]-h     |
| Close Workbook            | [Ctrl]-e           | [Ctrl]-e     |
| Close All Workbooks       | -                  | [Ctrl]-q     |
| Configure Report          | [Ctrl]-f           | [Ctrl]-f     |
| Layout Report             | [Ctrl]-l           | [Ctrl]-l     |

在动力学方法中，**Re-Blank**功能键被**Stop**功能键所替代。

- **Account**一治理那些用户或者用户群有权限更改或者调整报告，定义默认设定和修改标准曲线。另外，掩盖文件或者转变文件保存路径也是由Account键掌握。



帐户页的左侧显示一系列掌握类别的路径。每个掌握类别包括特定用户或者用户组的软件特征够可以进入。可以进入的类别包括：

- **Allow access to:**
  - **Options**一让用户或者组能够进入：应用，报告治理页面，参数选择和帐户。

- **Reports**—能够让客户或者组能够在报告屏幕下可以进入配置标签和再生键。
- **Editor**—让用户或组能够删除用户编写的方法，保存动力学方法。
- **Use Current Settings as default**—把当前的应用参数设定卫为默认值。
- **Overwrite files**—在已存的工作簿名下保存一个的工作簿。
- **Allow access to Groups:**
  - 用户可以进入，添加，删除，修改组。

要进入上面描述的特定的路径：

1. 在左侧突出显示感兴趣的特征，对每个小类的路径都必需分别授权。
2. 使用**List names from** 和**Organization**的下拉菜单来选择特定的用户和组。
3. 点击**Add**把用户或者组移动到中间框中。只有那些在中间框中的名称才能进入左边栏的突出的软件特征。在默认状况下，对于每个应用用户组都要添加到允许的路径中。

下拉框和列表框：

- **List name from**—显示可以从中选择的区域列表。
- **Organization**—显示选择区域中的组织列表。（假设本地区域被选择了，就不选择这个列表了）
- **Allow access to**—授权给用户或者组可以使用前面描述的软件参数。
  - 要添加一个用户或组到用户或组列表中，在页面底部的**Select or enter a name**区域输入一个有效的用户名或组名，再点击**Add**键。
  - 名称必需包括区域名，假设一个名称是有效的，就可以消灭再授权列表中。假设假设命名无效，将会出现一个警告信息提示您。
- **User and Groups**—一个选择的区域中的有效的用户列表。

### 3 · 应用

#### 总论

使用NanoDrop 2023/2023c分光光度计可以便利的使用微量样品进展紫外—可见分光检测。NanoDrop 2023/2023c可以应用于如下检测：

- 不用稀释可以检测浓度小于15000ng/ul (dsDNA) 的核酸浓度和纯度
- 一般的紫外—可见分光光度检测
- 纯蛋白浓度检测 (A280)
- Micro array和Protein & Labels应用中的荧光染料基团检测
- 扩展的光谱检测，定量应当标记蛋白，金属蛋白
- BCA蛋白定量分析
- Bradford蛋白定量分析
- Lowry法蛋白定量分析
- Pierce 660nm蛋白定量分析
- 微生物细胞培育检测
- 动力学检测
- 用户自己编辑检测方法

#### 快速启动

1. 双击软件图标，并在右栏中选择感兴趣的软件应用。
  - 在进展检测签选择Add to report来把样品数据保存到一个工作簿中。
2. 使用适宜的缓冲液来建立一个空白比照。
  - 基座模式：取1—2ul空白液加到底部基座上，放下检测臂并点击Bank。
  - 比色皿模式 (仅仅2023c)：选择Use Cuvette，按仪器上指示箭头插入比色皿。检测光束 (2mm) 位置在比色皿底部以上8.5mm，参考比色皿生产厂家的建议来确定需要液体体积。

留意：使用比色皿检测时，也需要把检测臂放下。在使用基座检测时，建议把比色皿拿出以保证基座臂能放到适宜的位置。

3. 使用干净无尘纸把基座上的空白液擦干净，在适宜的位置输入样品名称，取1ul样品进展检测。

留意：每次检测的样品都必需是刚参加的。

#### 检测后：

- 使用干净的无尘纸擦掉上下基座上的样品，即可用于下一个样品检测。
- 当使用比色皿检测时，拿出比色皿，在做下一个样品前清洗干净并凉干。

虽然没有必要在做每个样品之前都做空白比照，但建议在做一种样品检测30min后做一次空白比照。30min后，最终一次做的空白比照的时间会显示在底部状态栏上。

在NanoDrop 2023的用户指南的附件上有一个快速使用指南，其中有空白比照和样品检测的操作说明。建议把这个指南打印出来贴在仪器四周作为参考。

| Sample Type       | Lower Detection Limit                                                               | Approximate Upper Detection Limit                        | Typical Reproducibility<br>(5 replicates, SD = ng/uL; CV = %)                                            |
|-------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Nucleic Acids     | 2 ng/μL (pedestal)<br>0.4 ng/μL (cuvette)                                           | ≤ 15,000 ng/ μL (dsDNA)                                  | 2 - 100 ng/uL: ± 2 ng/uL<br>>100 ng/uL: ± 2%                                                             |
| Microarray        | 2 ng/ μL (pedestal)<br>0.4 ng/ μL (cuvette)                                         | 750 ng/ μL (dsDNA)                                       | 2 - 100 ng/uL: ± 2 ng/uL<br>>100 ng/uL: ± 2%                                                             |
| Protein A280      | 0.10 mg/mL (purified BSA - pedestal)<br>0.010 mg/mL (purified BSA- cuvette )        | 400 mg/mL (purified BSA)                                 | 0.10 - 10 mg/mL: ± 0.10mg/mL >10 mg/mL: ± 2%                                                             |
| Proteins & Labels | 0.10 mg/mL (purified BSA - pedestal)<br>0.010 mg/mL (purified BSA- cuvette )        | 20 mg/mL (purified BSA)                                  | 0.10 - 10mg/mL: ± 0.10mg/mL                                                                              |
| BCA               | 0.2 mg/mL (20:1 reagent.sample volume)<br>.01 mg/mL (1:1 reagent.sample volume)     | 8.0 mg/mL<br>0.20 mg/mL                                  | 2% over entire range<br>0.01 mg/mL over entire range                                                     |
| Modified Lowry    | 0.2 mg/mL                                                                           | 4.0 mg/mL                                                | 2% over entire range                                                                                     |
| Bradford          | 100 ug/mL (50:1 reagent.sample volume)<br><br>15 ug/mL (1:1 reagent.sample volume)  | 8000 ug/mL<br><br>100 ug/uL                              | 100-500 ug/mL: ± 25ug/mL<br>500-8000 ug/mL: ± 5%<br><br>15 - 50 ug/mL: ± 4 ug/mL<br>50 - 125 ug/mL: ± 5% |
| Pierce 660 nm     | 50 ug/ml (15:1 reagent.sample volume)<br><br>25 ug/ml (7.5:1 reagent.sample volume) | 50-125 ug/ml > 125 ug/ml<br><br>25-125 ug/ml > 125 ug/ml | 50-125 ug/mL: ± 3 ug/ml >125 ug/mL: 2%<br><br>25-125 ug/mL: ± 3 ug/ml >125 ug/mL: 2%                     |

|                                                 |      |     |                                                                                     |
|-------------------------------------------------|------|-----|-------------------------------------------------------------------------------------|
| Cy3, Cy3.5, Alexa Fluor 555 and Alexa Fluor 660 | 0.2  | 100 | sample range 0.20-4.0 pmol/ul:<br>± 0.20 pmol/ul<br>sample range >4.0 pmol/ul: ± 2% |
| Cy5, Cy5.5 and Alexa Fluor 647                  | 0.12 | 60  | sample range 0.12-2.4 pmol/ul:<br>± 0.12 pmol/ul<br>sample range >2.4 pmol/ul: ± 2% |
| Alexa Fluor 488 and Alexa Fluor 594             | 0.4  | 215 | sample range 0.40-8.0 pmol/ul:<br>± 0.40 pmol/ul<br>sample range >8.0 pmol/ul: ± 2% |
| Alexa Fluor 546                                 | 0.3  | 145 | sample range 0.30-6.0 pmol/ul:<br>± 0.30 pmol/ul<br>sample range >6.0 pmol/ul: ± 2% |

留意：上面说的染料的检测范围只针对基座检测。

## 核酸

### 总论

使用NanoDrop 2023/2023c可以很便利的检测核酸的浓度和质量。要检测核酸在主页面上选择Nucleic Acid功能。

### 核酸浓度计算

使用Beer—Lambert定律来进展核酸浓度计算：

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

C＝核酸浓度，单位ng/ml A

＝AU的吸光值                   ε＝

消光系数，单位ng-cm/mlb＝

光程，单位cm

通常状况下核酸的消光系数为：

- 双链DNA： 50ng-cm/ul
- 单链DNA： 33ng-cm/ul
- RNA： 40ng-cm/ul

中选择基座模式，NanoDrop 2023/2023c分光光度计使用1.0mm到0.05mm的短光程来进展检测，这样保证不用稀释就可以检测高浓度样品。

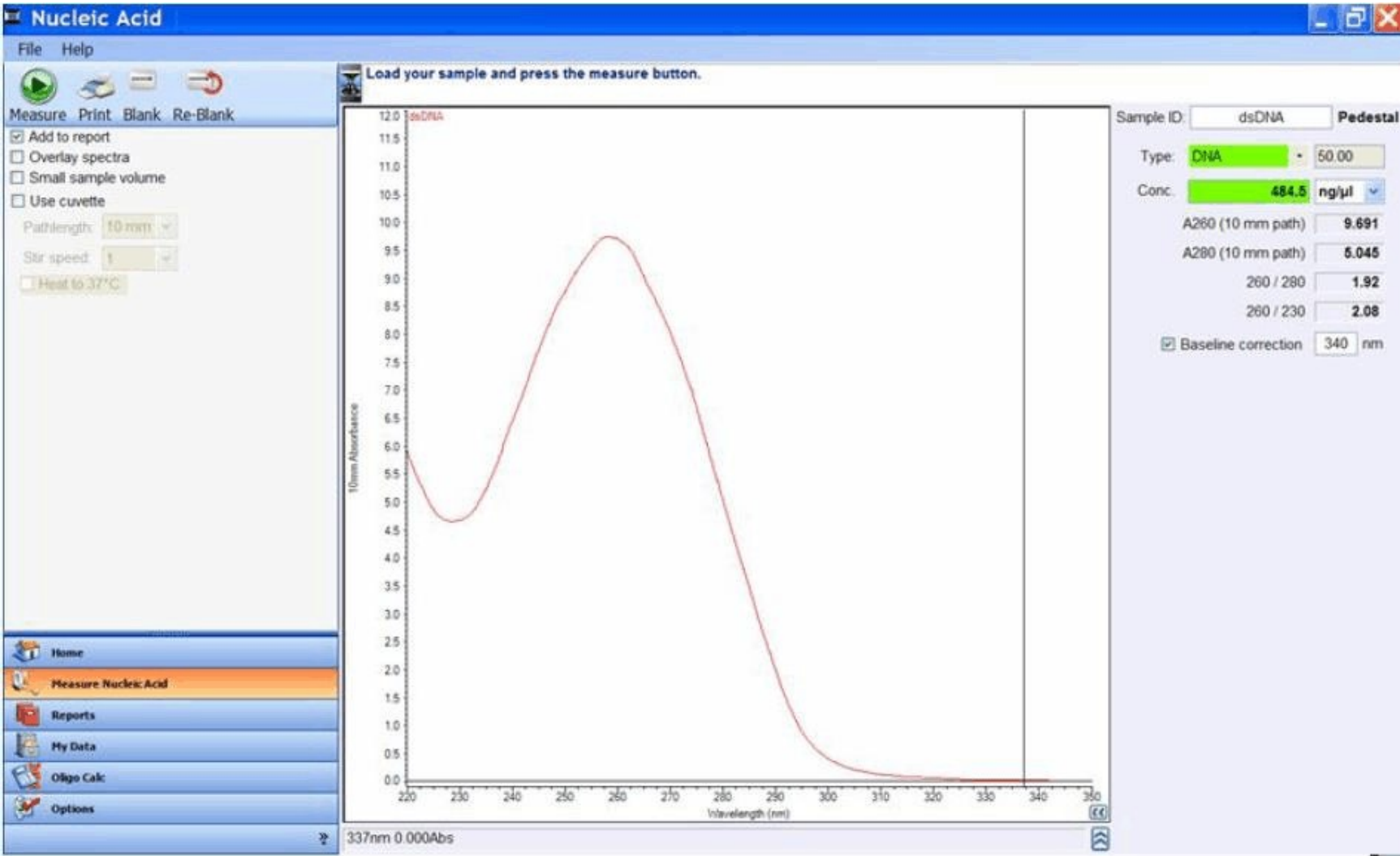
留意：报告中的吸光值可以象软件屏中显示的模式存档。不管基座检测还是比色皿检测，核酸检测的吸光值被全都化为1cm光程下的读数值。

NanoDrop 2023/2023c分光光度计可以准确检测≤15000ng/ul的双链DNA而不用稀释。对每个样品，软件会自动选择最正确的检测光程进展检测。参考“Measurement Ranges”来获得具体信息。

当检测样品的吸光值≥3.0时（1cm光程下），可以使用较少量的样品进展检测。

### 独特的屏幕显示

右侧栏显示核酸检测特定的配置，左侧的任务栏在“Software Overview”中有具体描述



光谱图中显示的数据都是全都化为10mm光程下的读数。

光谱显示的右栏包括以下内容：

- **Sample ID**—输入样品名称，在进展样品检测时应输入样品的名称。
- **Type**—一个以下菜单来选择检测的核酸类型，选择DNA-50做dsDNA检测，RNA-40做RNA检测，ssDNA-33 做单链DNA检测。其他选择包括，DNA寡核苷酸核RNA寡核苷酸，需要输入相应的吸光系数。可以输入的吸光系数范围时15—150。

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：  
<https://d.book118.com/428100142010006107>