



NanoDrop Micro-UV/Vis 分光光度計

NanoDrop One

ユーザー ガイド

269-309101 改訂版 B 2016 年 7 月

Thermo
SCIENTIFIC

©2015- 2016 Thermo Fisher Scientific Inc. 無断複写・転載を禁じます。

DYMO および LabelWriter は、Newell Rubbermaid の米国およびその他の国における商標または登録商標です。Wi-Fi は Wi-Fi Alliance の米国およびその他の国における商標または登録商標です。Bluetooth は Bluetooth Special Interest Group の商標または登録商標です。Windows は Microsoft Corporation の米国およびその他の国における商標または登録商標です。その他のすべての商標は、Thermo Fisher Scientific inc. およびその子会社が所有しています。

技術的なサポートについては、以下にお問い合わせください。

Unity Lab Services
Part of Thermo Fisher Scientific
5225 Verona Road
Madison WI 53711-4495 U.S.A.
電話 :1 800 532 4752
電子メール : us.techsupport.analyze@thermofisher.com

国際サポートについては、以下にお問い合わせください。

Thermo Fisher Scientific
電話番号 :+1 608 273 5017
電子メール :
support.madison@thermofisher.com

本書は、Thermo Fisher Scientific Inc. 製品をご購入頂いたお客様が製品の操作に使用することを目的としています。本書は著作権法で保護されており、Thermo Fisher Scientific Inc. の書面による承諾なしにその全部もしくは一部を複製することは固く禁じられています。

本書の内容は、予告なく変更されることがあります。本書のすべての技術情報は、参考を目的としてのみ使用してください。本書に記載されているシステム構成や仕様は、ご購入者がこれまでに入手したすべての情報より優先されます。

本書は、Thermo Fisher Scientific Inc. と購入者との間における売買契約の一部をなすものではありません。本書に基づいて売買条件が決定または変更されることは一切ないものとし、2つの文書の間で矛盾する情報についてはすべての場合において売買条件が優先されるものとします。

研究目的での使用限定。本装置またはアクセサリは医療機器ではありません。また、病気の予防、診断、治療、回復のための使用を目的としていません。



警告 爆発または火災に注意してください。本装置または付属品は爆発性環境内での使用向けではありません。

目次

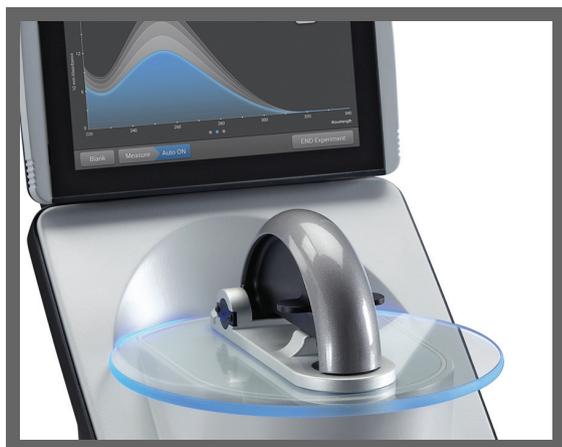
第 1 章	NanoDrop One 分光光度計について	1
	機器モデルおよび機能	2
	オプションのアクセサリ	5
	機器の登録	7
	更新ソフトウェア	8
第 2 章	アプリケーション	11
	すべてのアプリケーションの検出限界	11
	dsDNA、ssDNA、または RNA の測定	15
	dsDNA、ssDNA、または RNA の測定	15
	核酸測定結果	20
	核酸測定設定	22
	核酸測定の計算	22
	マイクロアレイ測定	27
	マイクロアレイサンプルの測定	27
	マイクロアレイ測定結果	30
	マイクロアレイ測定の設定	32
	マイクロアレイ測定の計算	37
	カスタム係数を使用した測定	41
	カスタム係数を使用した核酸測定	41
	カスタム係数測定結果	44
	カスタム係数を使用した核酸測定の設定	46
	カスタム係数を使用した核酸測定の検出限界	46
	オリゴ DNA またはオリゴ RNA の測定	49
	オリゴ DNA またはオリゴ RNA の測定	49
	オリゴヌクレオチド測定結果	53
	オリゴ DNA およびオリゴ RNA 測定の設定	55
	オリゴ DNA およびオリゴ RNA 測定の検出限界	56
	オリゴ DNA およびオリゴ RNA 測定の計算	57
	タンパク質 A280 測定	61
	A280 でのタンパク質濃度の測定	61
	タンパク質 A280 測定結果	66
	タンパク質 A280 測定の設定	68
	タンパク質 A280 測定の検出限界	72
	タンパク質 A280 測定値からの算出	73

タンパク質とラベル測定	77
ラベル付けされたタンパク質サンプルの測定	77
タンパク質ラベル測定結果	80
タンパク質ラベル測定設定	83
タンパク質とラベル測定の検出限界	85
タンパク質とラベル測定の計算	86
タンパク質 A205 測定	89
タンパク質 A205 濃度測定	89
タンパク質 A205 測定結果	93
タンパク質 A205 測定の設定	94
タンパク質 A205 測定の計算	95
タンパク質 BCA 法測定	97
総タンパク質濃度の測定	97
タンパク質 BCA 法測定結果	105
タンパク質 BCA 法測定の設定	109
タンパク質 Bradford 法測定	111
総タンパク質濃度の測定	111
タンパク質 Bradford 法測定結果	115
タンパク質 Bradford 法測定の設定	119
タンパク質 Lowry 法測定	121
総タンパク質濃度の測定	121
タンパク質 Lowry 法測定結果	124
タンパク質 Lowry 法測定の設定	128
タンパク質 Pierce 660 法測定	129
総タンパク質濃度の測定	129
タンパク質 Pierce 660 法測定結果	133
タンパク質 Pierce 660 法測定設定	137
OD600 測定	139
OD600 測定	139
OD600 測定結果	144
OD600 測定の設定	146
OD600 測定の算出	147
カスタム測定	149
カスタムメソッド測定	149
カスタムメソッド削除	153
カスタムメソッド測定結果	154
UV-Vis 測定	157
UV-Vis 測定	157
UV-Vis 報告結果	160
UV-Vis 測定の設定	162

	カイネティクス測定	165
	カイネティクス測定	165
	カイネティクスメソッドの作成	169
	カイネティクスメソッド編集	171
	カイネティクス測定結果	171
	カイネティック測定の設定	177
第 3 章	ラーニングセンター	181
	マイクロボリュームサンプリング — 仕組み	182
	機器セットアップ	184
	マイクロボリュームサンプルの測定	198
	キュベットを使用したサンプルの測定	205
	サンプルとブランクの準備	209
	基本操作	215
	NanoDrop One ホーム画面	216
	NanoDrop One 測定画面	220
	NanoDrop One データビューアー	228
	NanoDrop One 一般操作	236
	機器設定	244
	Acclaro サンプルインテリジェンス	248
	NanoDrop One ビューアーソフトウェア	256
	ビューアー：ホーム画面	257
	Experiment と関連データの管理	259
	PC 上での ID の管理	269
	カスタムメソッドの管理	274
	マルチメディア	288
第 4 章	機器のメンテナンス	291
	メンテナンススケジュール	292
	タッチスクリーンのクリーニング	293
	台座のメンテナンス	294
	台座のクリーニング	295
	台座のリコンディショニング	297
	装置の汚染除去	300
	キュベットサンプリングシステムのメンテナンス	302
	機器診断	303
	インテンシティチェック	303
	パフォーマンス検証	305
	台座イメージチェック	310
第 5 章	安全性と操作に関する注意	313
	操作に関する注意	314
	安全性情報	317

第 6 章	本ヘルプシステムについて	325
第 7 章	テクニカルサポートへの問い合わせ	327

NanoDrop One 分光光度計について



Thermo Scientific™ NanoDrop™ One は、コンパクトなスタンドアロン型超微量紫外可視分光光度計で、精製済み核酸およびさまざまなタンパク質の超微量測定のために開発されました。特許取得済みの**サンプル保持システム**は、希釈を必要とせずに、高濃度サンプルの測定を可能にします。

NanoDrop One システムは、内蔵ソフトウェアとタッチスクリーンディスプレイを搭載しています。装置にオプションの USB ラベルプリンターを直接接続できます。

通知 NanoDrop One を操作する前に、**安全性と操作に関する注意**を読み、機器の使用時には**推奨事項**に従ってください。



機器モデルおよび機能

NanoDrop One 分光光度計に利用可能なモデルは 2 つあります。



オプションのアクセサリ

NanoDrop One は、さまざまなアクセサリをご利用いただけます。



機器の登録

ソフトウェアなどに関する更新情報を電子メールで受け取るために、機器を登録します。



ソフトウェアアップデート

最新の NanoDrop One ソフトウェアを素早く容易にダウンロードできます。

機器モデルおよび機能

NanoDrop One 分光光度計のモデルは、NanoDrop One と NanoDrop One^C の 2 種類あります。どちらのモデルも特許取得済みのマイクロボリュームサンプル保持システムと基本機能を備えています。

NanoDrop One^C モデルには、一般的な分光光度計用キュベットを使用して希釈サンプルなどを測定するためのキュベットホルダーがあります。

どちらのモデルにも、使いやすい制御ソフトウェアが内蔵されており、7 インチ Android 高解像度タッチスクリーンが一体化しています。NanoDrop One ソフトウェアには、日々のワークフローを考慮して、作業を簡略化するための機能が組み込まれています。



¹ 装置は、サンプルの蒸発を最小限に抑えるために、エアコンやファンから離して設置します。

タッチスクリーン

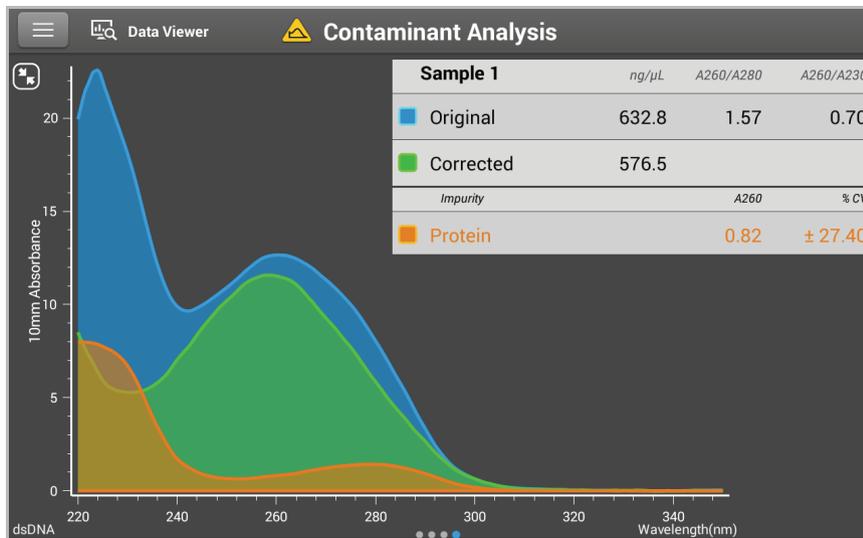


タッチスクリーンは、個人の好みに合わせて左右にスライドしたり、視認性を最適にするために前後のチルト調整ができます。



¹ 機器背面パネルにさらに2つのUSB-Aポートがあります。

Acclaro サンプルインテリジェンステクノロジーを搭載した NanoDrop One ソフトウェア



NanoDrop One に内蔵された Acclaro™ サンプルインテリジェンステクノロジーは、サンプルのあらゆる状態を評価するのに役立つ以下のような専用機能を提供します。

- ダウンストリームアプリケーションで使用する前に、サンプルを適した状態にするために役立つコンタミネーション解析
- 異常な測定値や信頼性の低い測定値に対するオンデマンドテクニカルサポート
- 不適切な結果に関する警告 (測定結果の信頼性を低下させる気泡や反射粒子を検出する液柱センサーモニター)

NanoDrop One^C モデルのキュベット機能



NanoDrop One^C モデルには、より薄いサンプルの測定、比色分析、細胞培養、およびカイネティクス測定のためのキュベットホルダーが付属しています。キュベットシステムには以下の追加機能があります。

- 検出下限の拡張
- 温度に敏感なサンプルやカイネティクス測定用の 37°C ヒーターオプション
- サンプルを均質にして、カイネティクス測定をサポートするためのマイクロスターラー機能

詳細については、「[キュベットを使用したサンプルの測定](#)」を参照してください。

オプションのアクセサリー

NanoDrop One は、さまざまなアクセサリーをご利用いただけます。アクセサリーを注文するには、お近くの販売代理店にお問い合わせいただくか、[弊社の Web サイト](#)をご覧ください。

DYMO™ LabelWriter™ 450 USB ラベルプリンター

サンプルデータをラボノートやボードに記録するための、5/16 インチ x 4 インチのラベルシールを印刷します。ソフトウェアで、各サンプルや保存したサンプルグループからの[データ印刷](#)が可能です。

プリンターは、USB ケーブル (付属) で装置 (前面または背面) に接続します。

PR-1 台座リコンディショニングキット



特別に調整されたリコンディショニングコンパウンドを使って、台座の疎水性を復元することができます（正確なサンプル測定には十分な表面張力が必要です）。このキットには、リコンディショニングコンパウンドとアプリケータが含まれています。詳細については、「[台座のリコンディショニング](#)」を参照してください。

PV-1 標準液 (性能確認ソリューション)

キャリブレーション溶液を使用して機器のパフォーマンスを確認します。詳細については、「[パフォーマンス検証](#)」を参照してください。

機器の登録



NanoDrop One のソフトウェアとアクセサリーに関する更新情報を電子メールで受け取るために、機器を登録します。登録には、インターネット接続が必要です。

❖ 機器の登録

1. 次のうちのいずれかを行います：
 - インターネットに接続されているパソコン (PC) で **NanoDrop One ビューア**ソフトウェアを開き、ヘルプメニューから、[**NanoDrop One Website** (NanoDrop One Web サイト)] を選択します。
 - インターネットに接続されている任意の PC から、Web ブラウザーを使用して弊社の [Web サイト](#) に移動します。
2. Web サイト上で、[NanoDrop One Registration (NanoDrop One 登録)] を探し、機器の登録手順に従います。

更新ソフトウェア



Web サイトから最新の NanoDrop One ソフトウェアとリリースノート
を素早く容易にダウンロードおよびインストールできます。機器ソフト
ウェアの更新やアップグレード、またはパソコン (PC) 上の
NanoDrop One ビューアーソフトウェアをインストールする場合は、次
の手順に従ってください。ソフトウェアをダウンロードするには、イン
ターネット接続が必要です。

NanoDrop One ビューアー ソフトウェアのインストー ルまたは更新方法

1. 次のうちのいずれかを行います：
 - このビューアーソフトウェアを初めてコンピューターにイン
ストールする場合は、Web ブラウザーを開き、NanoDrop の Web サ
イトに移動します。
 - ビューアーソフトウェアを更新またはアップグレードする場
合は、ビューアーのホーム画面からヘルプメニューを開き、
[NanoDrop One Web サイト] を選択して Web サイトを開きます。
2. NanoDrop の Web サイトで、ソフトウェアダウンロードのページに
移動します。
3. NanoDrop One (PC) ビューアーソフトウェア (英語バージョン) のダ
ウンロードを選択し、指示に従ってインストーラをダウンロードし
て実行します (インストール完了後にコンピューターの再起動が必要
です)。
4. 言語 (ソフトウェアおよびヘルプシステムを含む) を追加するには、
言語パックインストーラ (最初に英語をインストールします) をダ
ウンロードして実行します (インストール完了後にコンピューター
の再起動は必要ありません)。

NanoDrop One 機器ソフトウェアの更新またはアップグレード方法

1. 次のうちのいずれかを行います：
 - NanoDrop One ビューアーソフトウェアから、ヘルプメニューを開き、[NanoDrop One Website (NanoDrop One Web サイト)] を選択して Web サイトを開きます。
 - インターネットに接続されている任意のパソコンから、NanoDrop の Web サイトに移動します。
2. メモリスティックなどの USB デバイスをコンピューターの USB ポートに挿入します。
3. NanoDrop の Web サイトで、ソフトウェアダウンロードページを探し、NanoDrop One オペレーティングソフトウェア (英語バージョン) の更新またはアップグレードを選択し、指示に従ってインストーラを USB デバイスにダウンロードします。
4. 言語 (ソフトウェアおよびヘルプシステムを含む) を追加するには、言語パックインストーラを USB デバイスにダウンロードします。
5. USB デバイスを NanoDrop One 機器の **USB ポート** に挿入します。
6. 装置のホーム画面から、 (設定) > [システム] > [更新ソフトウェア] をタップします。

USB デバイスにインストーラのバージョンが 2 つ以上含まれている場合、メッセージが表示されます。インストールするバージョン (英語のインストーラを最初に実行します) を選択し、[更新] をタップします (英語のインストール完了後に機器の再起動が必要です)。

インストールの完了時に、以下のようなメッセージが [更新ソフトウェア] ボタンの横に表示されます。

バージョン :1.2.0 (現在インストールされている機器のオペレーティングソフトウェアのバージョン)

データベースバージョン :1 (この機器上の NanoDrop One データベースのバージョン)

7. 言語 (ソフトウェアおよびヘルプシステムを含む) を追加するには、[更新ソフトウェア] をもう一度タップし、インストールする言語およびバージョンを選択したうえで [更新] をタップします (インストール完了後に機器の再起動は必要ありません)。

注: 言語を変更するには、[言語] をタップし、インストール済みの言語を選択したうえで [OK] をタップします (言語を変更した後に装置の再起動が必要です)。

アプリケーション

すべてのアプリケーションの検出限界



注記 以下の表に示されている検出限界は概算値で、マイクロボリューム測定の際の数値です。装置の吸光度範囲は 0 - 550 A (100 mm キュベット換算) です。キュベット測定で 10 mm 光路長キュベットを使用した場合の、吸光度範囲は 0 - 1.5 A です。

スタンダードアプリケーションの検出限界

サンプルタイプ	検出下限値	検出上限値	標準的な再現性 ^a
dsDNA	2.0 ng/μL (台座)	27,500 ng/μL (台座)	2.0 ~ 100 ng/μL のサンプルのサンプル濃度に対して ±2.0 ng/μL、 サンプル > 100 ng/μL に対して ±2%
	0.20 ng/μL (キュベット)	75 ng/μL (キュベット)	
ssDNA	1.3 ng/μL (台座)	18,150 ng/μL (台座)	2.0 ~ 100 ng/μL のサンプルのサンプル濃度に対して ±2.0 ng/μL、 サンプル > 100 ng/μL に対して ±2%
	0.13 ng/μL (キュベット)	49.5 ng/μL (キュベット)	
RNA	1.6 ng/μL (台座)	22,000 ng/μL (台座)	2.0 ~ 100 ng/μL のサンプルのサンプル濃度に対して ±2.0 ng/μL、 サンプル > 100 ng/μL に対して ±2%
	0.16 ng/μL (キュベット)	60 ng/μL (キュベット)	

2 アプリケーション

すべてのアプリケーションの検出限界

サンプルタイプ	検出下限値	検出上限値	標準的な再現性 ^a
DNA マイクロアレイ (ssDNA)	1.3 ng/μL (台座) 0.13 ng/μL (キュベット)	495 ng/μL (台座) 49.5 ng/μL (キュベット)	2.0 ~ 100 ng/μL のサンプルのサンプル濃度に対して ±2.0 ng/μL、 サンプル > 100 ng/μL に対して ±2%
[タンパク質 A280] による精製済み BSA	0.06 mg/mL (台座) 0.006 mg/mL (キュベット)	825 mg/mL (台座) 402 mg/mL (台座)	(0.10 ~ 10 mg/mL サンプルに対して) ±0.10 mg/mL、 サンプル > 10 mg/mL に対して ±2%
[タンパク質 A280] による IgG	0.03 mg/mL (台座) 0.003 mg/mL (キュベット)		
[タンパク質とラベル] による精製済み BSA	0.06 mg/mL (台座) 0.006 mg/mL (キュベット)	19 mg/mL (台座)	0.10 ~ 10 mg/mL サンプルに対して ±0.10 mg/mL
タンパク質 BCA 法	0.2 mg/mL (20:1 試薬 / サンプル量) 0.01 mg/mL (1:1 試薬 / サンプル量)	8.0 mg/mL (台座) 0.20 mg/mL (キュベット)	全範囲に対して 2% 全範囲に対して 0.01 mg/mL
タンパク質 Lowry 法	0.2 mg/mL (台座)	4.0 mg/mL (台座)	全範囲に対して 2%
タンパク質 Bradford 法	100 μg/mL (50:1 試薬 / サンプル量) 15 μg/mL (1:1 試薬 / サンプル量)	8000 μg/mL 100 μg/μL	100 ~ 500 μg/mL サンプルに対して ±25 μg/mL 500 ~ 8000 μg/mL サンプルに対して ±5% 15 ~ 50 μg/mL サンプルに対して ±4 μg/mL 50 ~ 125 μg/mL サンプルに対して ±5%
タンパク質 Pierce 660 法	50 μg/mL (15:1 試薬 / サンプル量) 25 μg/mL (7.5:1 試薬 / サンプル量)	2000 μg/mL 1000 μg/mL	50 ~ 125 μg/mL サンプルに対して ±3 μg/mL サンプル > 125 μg/mL に対して ±2% 25 ~ 125 μg/mL サンプルに対して ±3 μg/mL サンプル > 125 μg/mL に対して ±2%

^a 5つのレプリケートに基づく (SD=ng/μL、CV=%)

注記 高濃度サンプルでのエラーを最小限に抑えるために、測定が以下の吸光度範囲内で行われるように調整します。

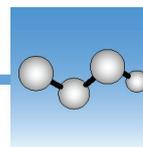
- マイクロボリューム測定の場合、260 nm (核酸) または 280 nm (タンパク質) での最大吸光度は、62.5 A 未満にする必要があります。
- 10 mm 光路長キュベットによる測定の場合、260 nm (タンパク質の場合、280 nm) での最大吸光度は、1.5 A 未満にする必要があります。これは約 75 ng/μL dsDNA です。

プリプログラム色素の検出限界

サンプルタイプ	検出下限値	検出上限値 ^a	標準的な再現性 ^b
Cy3、Cy3.5、Alexa Fluor 555、Alexa Fluor 660	0.2 pmol/μL (台座)	100 pmol/μL (台座)	0.20 ~ 4.0 pmol/μL のサンプル濃度に対して ±0.20 pmol/μL、 サンプル > 4.0 pmol/μL に対して ±2%
Cy5、Cy5.5、Alexa Fluor 647	0.12 pmol/μL (台座)	60 pmol/μL (台座)	0.12 ~ 2.4 pmol/μL のサンプル濃度に対して ±0.12 pmol/μL、 サンプル > 2.4 pmol/μL に対して ±2%
Alexa Fluor 488、Alexa Fluor 594	0.4 pmol/μL (台座)	215 pmol/μL (台座)	0.40 ~ 8.0 pmol/μL のサンプル濃度に対して ±0.40 pmol/μL、 サンプル > 8.0 pmol/μL に対して ±2%
Alexa Fluor 546	0.3 pmol/μL (台座)	145 pmol/μL (台座)	0.30 ~ 6.0 pmol/μL のサンプル濃度に対して ±0.30 pmol/μL、 サンプル > 6.0 pmol/μL に対して ±2%

^a 値は概算値です

^b 5 つのレプリケートに基づく (SD=ng/μL、CV=%)



dsDNA、ssDNA、または RNA の測定

260 nm で吸収する精製済み dsDNA、ssDNA、または RNA サンプルの濃度を測定します。

dsDNA、ssDNA、または RNA の測定

測定結果

設定

検出限界

計算



dsDNA、ssDNA、または RNA の測定

dsDNA、ssDNA、RNA アプリケーションを使用して、精製済み二本鎖 (ds) または単鎖 (ss) DNA または RNA サンプルを定量化します。これらのアプリケーションは、核酸濃度と 2 つの吸光度比 (A_{260}/A_{280} および A_{260}/A_{230}) をレポートします。シングルポイントベースライン補正も使用できます。

dsDNA、ssDNA、または RNA サンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷を引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ 核酸の測定方法

1. ホーム画面から、[核酸] タブを選択し、測定されるサンプルに応じて [dsDNA]、[ssDNA]、または [RNA] をタップします。
2. 必要に応じてベースライン補正を指定します。
3. ブランキング溶液 1～2 μL をピペットで取り、下側の台座に滴下し、アームを下げるか、またはブランキングキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路とキュベット光路を合せてください。

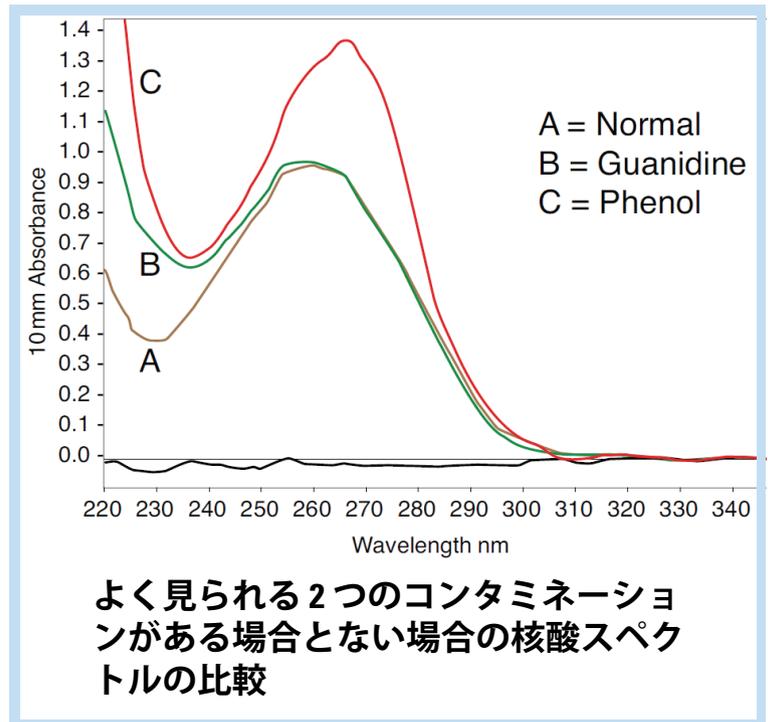
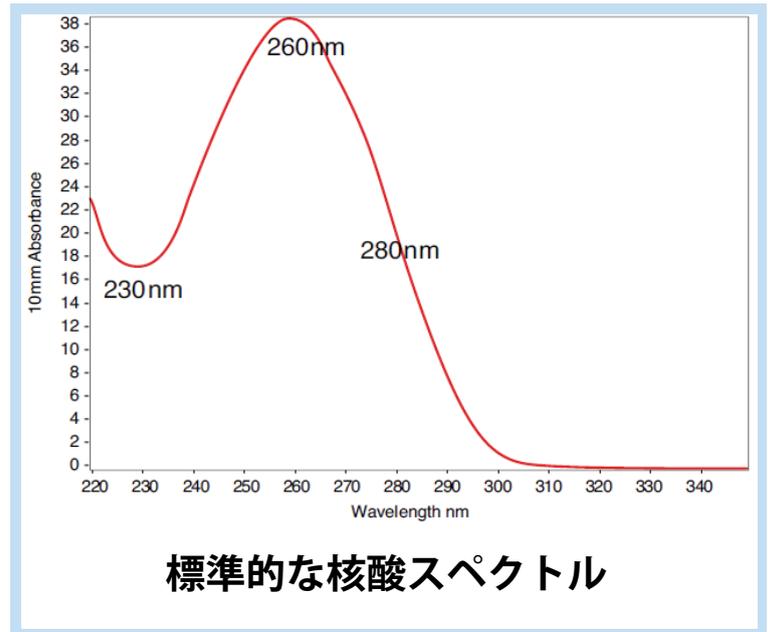
4. [ブランク] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント: 自動ブランクがオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 1～2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座: 自動測定をオンにし、アームを下げて、自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[測定] をタップします。
 - キュベット: [測定] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[実験終了] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。



核酸測定 of 適切な方法

- 不純物を取り除くために、測定前に核酸サンプルを分離し、精製します。サンプルによっては、不純物に DNA、RNA、遊離ヌクレオチド、タンパク質、一部の緩衝液成分、および色素が含まれている場合があります。詳細については、「[サンプルの準備](#)」を参照してください。

注記 グアニジン、フェノール、EDTA などの抽出試薬は、230 nm ~ 280 nm の範囲の吸光度に影響し、サンプル中に存在する場合は (残留分でも) 測定結果に影響します。

- サンプル吸光度が装置の[吸光度検出限界範囲](#)内に収まるように調整します
- 目的のサンプルを懸濁するために使用したのと同じ緩衝液をブランクにします。ブランク溶液は、サンプルと同じ pH およびイオン強度にする必要があります。
- [ブランクサイクル](#)を実行して、緩衝液の吸光度を測定します。分析波長 (通常、260 nm) またはそれに近い波長で緩衝液が強い吸光度を示す場合、異なる緩衝液またはアプリケーションの選択が必要になる場合があります。詳細については、「[ブランクの選択と測定](#)」を参照してください。
- マイクロボリューム測定の場合：
 - 台座表面が適切に[クリーニング](#)され、[表面張力が確保](#)されていることを確認します。
 - 可能であれば、測定する前に、ゲノムまたはラムダ DNA などの高濃度または大きな分子サンプルを 63 °C (145 °F) まで加熱し、静かに (ただし十分に) ボルテックスします。混合およびピペット操作時は気泡の混入に気をつけてください。
 - 「[マイクロボリューム測定の適切な方法](#)」に従ってください。
 - 1 ~ 2 μ L のサンプル量を使用します。詳細については、「[推奨されるサンプル量](#)」を参照してください。
- キュベット測定 (NanoDrop One^C のみ) の場合、使用可能なキュベットを使用し、「[キュベット測定の適切な方法](#)」に従ってください。

関連トピック

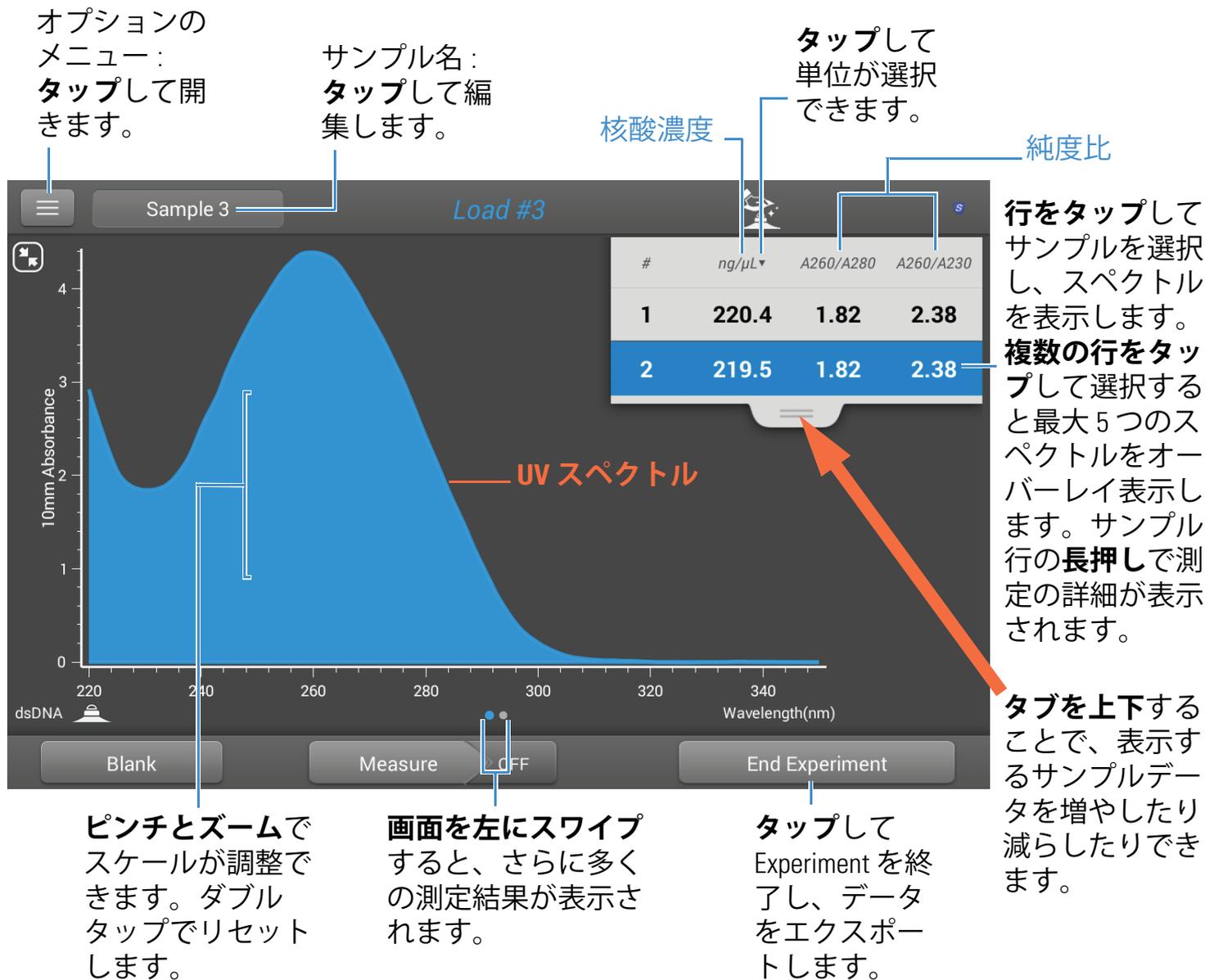
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [マイクロボリューム測定の適切な方法](#)
- [キュベット測定の適切な方法](#)

- サンプルとブランクの準備
 - 基本操作
-

核酸測定結果

dsDNA 測定画面

dsDNA、ssDNA、および RNA アプリケーションの測定結果は、UV 吸収スペクトルと結果の概要が表示されます。次に例を示します。



注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

dsDNA、ssDNA、および RNA 結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面 (前の図を参照) には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

- サンプルについて (アプリケーションおよび測定方法。例えば、台座またはキュベット)
- サンプル名
- 作成日 (サンプルの測定が行われた日付)
- 核酸濃度
 - A260/A280
 - A260/A230
 - A260
 - A280
- 係数
- ベースライン補正

関連トピック

- 基本操作
- 核酸算出

核酸測定設定

dsDNA、ssDNA、または RNA 設定を表示するには、dsDNA、ssDNA、または RNA 測定画面から、 > [核酸設定] をタップします。

設定	利用可能なオプション	説明
ベースライン補正	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します	指定されたベースライン補正波長を、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0 (ゼロ) になります。

関連トピック

- [機器設定](#)

核酸測定の計算

核酸アプリケーションは、[ランベルト・ベール方程式](#)を使用して、吸光度と濃度を関連付けます。濃度に関してベールの法則を解くことにより、右に示されている方程式が得られます。

ランベルト・ベールの方程式 (濃度の値が求められます)

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

意味:

A = 吸光度単位 (AU) の UV 吸光度

ϵ = L/mol-cm 単位の波長依存のモル吸収係数 (または吸光係数)

b = cm 単位の光路長

c = モル/リットルまたはモル濃度 (M) 単位の分析物濃度

注: サンプル溶液の測定された吸光度を、モル吸光係数で割ると、サンプルのモル濃度が得られます。モルおよび質量濃度値の詳細については、「[公開されている吸光係数](#)」を参照してください。

核酸アプリケーションは、改良されたランベルト・ベールの方程式 (右に示されている) を使用して、吸光係数と光路長が組み合わされて「係数」と呼ばれるサンプル濃度を計算します。

dsDNA、ssDNA、および RNA アプリケーションの場合、核酸に関する標準的な係数をベールの法則と併用して、サンプル濃度を算出します。カスタム係数アプリケーションの場合、ユーザー指定の係数が使用されます。

吸光係数と係数

ランベルト・ベールの方程式の項を使用して、係数 (f) は以下のように定義されます。

$$\text{係数 (f)} = 1/(\epsilon * b)$$

意味:

ϵ = 波長依存のモル吸光係数 (ng-cm/ μ L 単位)

b = サンプル光路長 (cm 単位)

その結果、被分析物濃度 (c) が以下のように計算されます。

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

または

$$c = A * f$$

意味:

c = ng/ μ L 単位の被分析物濃度

A = 吸光度単位 (A) の吸光度

f = ng-cm/ μ L 単位の係数 (以下を参照)

使用される係数

- **dsDNA** (係数 = 50 ng-cm/ μ L)
- **ssDNA** (係数 = 33 ng-cm/ μ L)
- **RNA** (係数 = 40 ng-cm/ μ L)
- **カスタム係数** (15 ng-cm/ μ L ~ 150 ng-cm/ μ L の間のユーザーが入力した係数)

算出される核酸濃度は、260 nm での吸光度値、使用される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイントベースライン補正 (または分析補正) も適用できます。

濃度は、質量単位として報告されます。計算器はインターネット上で利用可能で、サンプル配列に基づいて濃度を質量単位からモル単位に変換します。

260 nm と 280 nm、場合によって 230 nm での吸光度値が、測定された核酸サンプルの純度比を算出するために使用されます。純度比は、サンプルの精製時に通常使用される残留溶剤および試薬など、サンプル中の不純物の存在に影響を受けます。

測定値

注: マイクロボリューム吸光度測定値および非標準 (10 mm 以外の) キュベットで測定した値の場合、スペクトルは 10 mm 光路長相当に正規化されます。

A260 吸光度

- 核酸吸光度値は、ノーマライズされたスペクトルを使用して 260 nm で測定されます。ベースライン補正が選択されていない場合の A260 値です。
- ベースライン補正**が選択された場合、補正波長での吸光度値は、260 nm での吸光度から差し引かれます。260 nm で補正される吸光度は、レポートされ、核酸濃度を計算するために使用されます。

A230 および A280 吸光度

- 230 nm および 280 nm でノーマライズされ、(選択されている場合) ベースライン補正された吸光度値は、A260/A230 および A260/A280 比を計算するために使用されます。

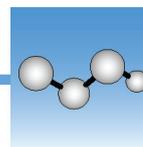
サンプル光路長

- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

結果画面

- **核酸濃度。** 選択した単位 (ng/μL、μg/μL、または μg/mL) で報告されます。計算は、補正された核酸吸光度値を使用する、変形されたベールの法則に基づきます。
- **A260/A280 純度比。** 280 nm で補正された吸光度に対する、260 nm で補正される吸光度の比率。1.8 以下の A260/A280 純度比は、DNA に対して「純粋」と一般に認められています (RNA の場合は 2.0 以下)。酸性溶液では、0.2 ~ 0.3 までの報告された値が過小評価されます。基本溶液についてはその逆も言えます。
- **A260/A230 純度比。** 230 nm で補正された吸光度に対する、260 nm で補正される吸光度の比率。1.8 ~ 2.2 の間の A260/A230 純度比は、DNA と RNA に対して「pure (純粋)」と一般に認められています。

注: 純度比はサンプル品質の重要な指標ですが、最高品質の指標は、関心下流アプリケーションの機能です (リアルタイム PCR など)。



マイクロアレイ測定

ダウンストリームマイクロアレイアプリケーションで使用するために、最大2つの蛍光色素でラベル付けされた精製済み核酸の濃度を測定します。

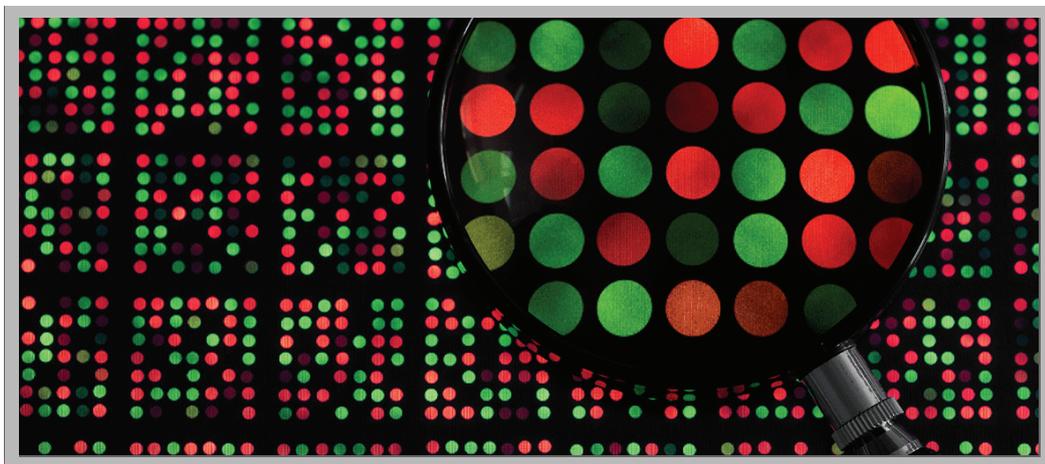
マイクロアレイサンプルの測定

測定結果

設定

検出限界

計算



マイクロアレイサンプルの測定

マイクロアレイサンプルを使用して、最大2つの蛍光色素によりラベル付けされた核酸を定量化します。アプリケーションは、核酸濃度、A260/A280比、および色素の濃度と測定された吸光度値をレポートします。これにより、0.2 pmol/uL (ピコモル/マイクロリットル) 以下の色素濃度の検出が可能になります。

マイクロアレイサンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ マイクロアレイサンプルの測定方法

1. ホーム画面から[核酸]タブを選択し、[マイクロアレイ]をタップします。
2. 使用するサンプルタイプと係数および色素のタイプを指定します。

ヒント: プリプログラムからの色素を選択するか、または「色素/クロモフォア編集」を使用してカスタム色素を追加します。

3. ブランキング溶液 1~2 μL をピペットで取り、下側の台座に滴下し、アームを下げるか、またはブランキングキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路とキュベット光路を合せてください。

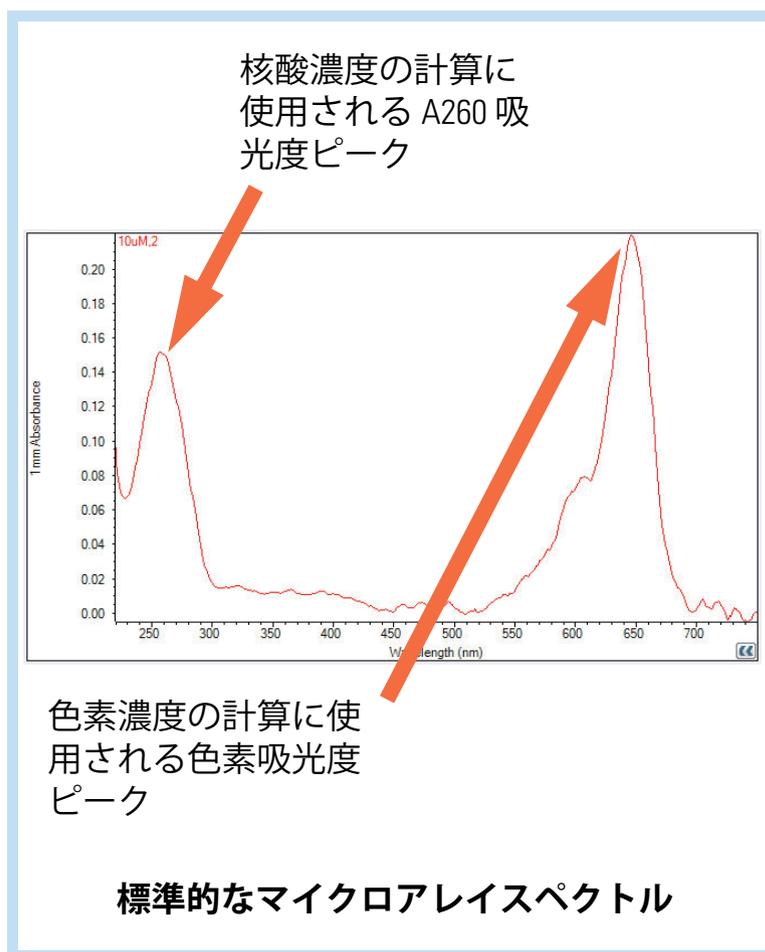
4. [ブランク]をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント: 自動ブランクがオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します(このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 1~2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座: 自動測定をオンにし、アームを下げて、自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[測定]をタップします。
 - キュベット: [測定]をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます(次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[実験終了]をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。



関連トピック

- [核酸測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [マイクロボリューム測定の適切な方法](#)
- [キュベット測定の適切な方法](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

マイクロアレイ測定結果

マイクロアレイ測定画面

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

サンプル名：
タップして編集します。

核酸濃度

タップして単位が選択できます。

色素濃度

UV-Vis スペクトル

10mm Absorbance

Wavelength(nm)

Microarray Factor: 50.00

Blank Measure ON End Experiment

行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

ピンチとズームでスケールが調整できます。ダブルタップでリセットします。

画面を左にスワイプすると、さらに多くの測定結果が表示されます。

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

注記

- ベースライン補正は 750 nm で実行されます (750 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

マイクロアレイ結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

- サンプル詳細（使用されるアプリケーションおよび台座またはキュベット）
- サンプル名
- 作成日（サンプルの測定が行われた日付）
- 核酸濃度
- A260
- A260/A280
- 色素 1/ 色素 2 濃度
- サンプルタイプ
- 分析補正
- 係数

関連トピック

- 基本操作
- マイクロアレイ濃度

マイクロアレイ測定の設定

マイクロアレイ設定

ホーム画面で、[核酸] タブからマイクロアレイアプリケーションを選択すると、[マイクロアレイ設定] 画面が表示されます。マイクロアレイ設定を表示するには、マイクロアレイ測定画面から  > [マイクロアレイ設定] をタップします。

設定	利用可能なオプション	説明
サンプルタイプ と係数	dsDNA (50 ng-cm/ μ L のデフォルト係数)	dsDNA の広く受け入れられている値
	ssDNA (33 ng-cm/ μ L のデフォルト係数)	ssDNA の広く受け入れられている値
	RNA (40 ng-cm/ μ L のデフォルト係数)	RNA の広く受け入れられている値
	デフォルト係数により算出されたオリゴ DNA (ng-cm/ μ L 単位)	ユーザー定義の DNA 塩基配列から算出された係数。選択すると、利用可能な DNA 塩基単位 (G、A、T、C など) がキーとして表示されます。適切なキーをタップして配列を定義します。係数は、各塩基単位の広く受け入れられている値に基づいて自動的に算出されます。
	デフォルト係数により算出されたオリゴ RNA (ng-cm/ μ L 単位)	ユーザー定義の RNA 塩基配列から算出された係数。選択すると、利用可能な RNA 塩基単位 (G、A、U、C など) がキーとして表示されます。適切なキーをタップして配列を定義します。係数は、各塩基単位の広く受け入れられている値に基づいて自動的に算出されます。
	カスタム (ng-cm/ μ L 単位のユーザー設定の吸光係数)	15 ng-cm/ μ L ~ 150 ng-cm/ μ L の間で吸光係数を入力できます。
色素 1/ 色素 2 タイプ ^a	Cy3、5、3.5、または 5.5、Alexa Fluor 488、546、555、594、647、または 660	サンプル物質にラベル付けするためにプリプログラムされた色素、または [色素 / クロモフォア編集] を使用して追加された色素を選択します。
色素 1/ 色素 2 ユニット	ピコモル / マイクロリットル (pmol/ μ L)、ミクロモル (uM)、またはミリモル (mM)	色素濃度レポートのためにユニットを選択します。
分析補正 ^b	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します。	指定された分析補正波長を、分析波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットのサンプル吸光度測定を補正します。補正された値は、サンプル濃度の算出に使用されます。 ヒント : サンプルに 340 nm で光を吸収する変形がある場合、別の補正波長を選択するか、[分析補正] をオフにします。

^a カスタム色素を追加するか、利用可能な色素のリストを編集するには、「色素 / クロモフォア編集」を使用します。

^b 分析補正は、核酸濃度のみの計算に影響します。

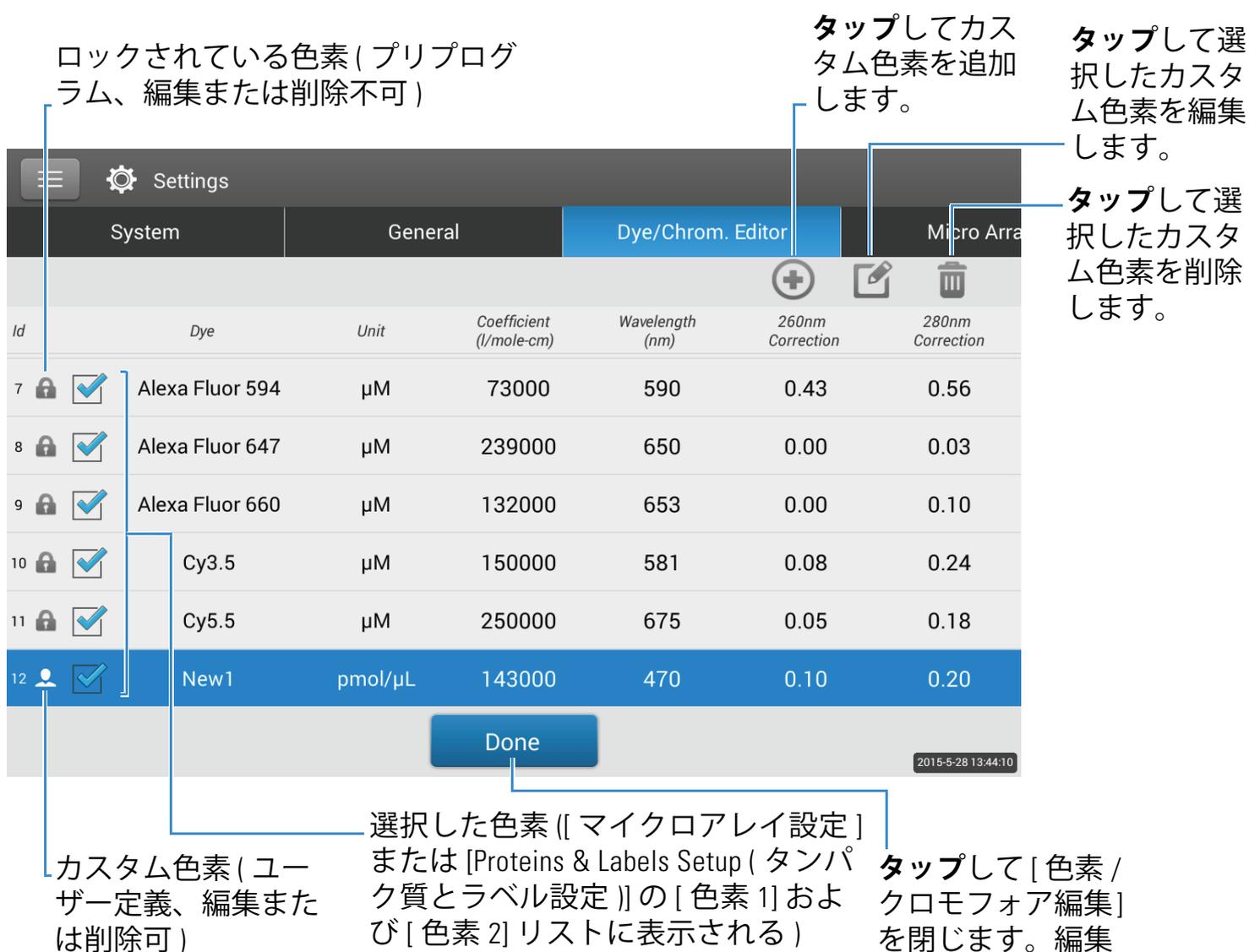
色素/クロモフォア編集

「色素/クロモフォア編集」を使用して、[マイクロアレイ設定] または [Proteins & Labels Setup (タンパク質とラベル設定)] の、利用可能な色素のリストにカスタム色素を追加します。さらに、そのリストで利用可能な色素を指定できます。

「色素/クロモフォア編集」にアクセスする方法：

- ホーム画面から、 > [色素/クロモフォア編集] をタップします。編集
- [マイクロアレイ] または [タンパク質とラベル] 測定画面から、 >  [設定] > [色素/クロモフォア編集] をタップします。編集

色素/クロモフォア編集



ロックされている色素(プリプログラム、編集または削除不可)

タップしてカスタム色素を追加します。

タップして選択したカスタム色素を編集します。

タップして選択したカスタム色素を削除します。

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

カスタム色素(ユーザー定義、編集または削除可)

選択した色素([マイクロアレイ設定] または [Proteins & Labels Setup (タンパク質とラベル設定)] の[色素 1]および[色素 2] リストに表示される)

タップして[色素/クロモフォア編集] を閉じます。編集

これらの操作は「色素/クロモフォア編集」から行うことができます。

色素の追加または削除

[[マイクロアレイ設定](#)] または [[Proteins & Labels Setup](#) (タンパク質とラベル設定)] の、[色素 1] または [色素 2] ドロップダウンリストでの色素の追加または削除を行う方法:

- 対応するチェックボックスを選択または選択解除します。

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

カスタム色素の追加

- をタップして [新しい色素] ボックスを表示します。
- 新しい色素の独自の**名前**を入力します (キーボードを表示するには入力フィールドをタップし、キーボードを閉じるには [完了] キーをタップします)。
- 色素濃度を表示するために使用されるデフォルトの**単位**を選択します。
- 色素の**吸光係数** (またはモル吸光定数) を L/mole-cm 単位で入力します (色素の適切な補正ファクターは色素メーカーにお問い合わせください)。
- 色素の吸光度を測定するために使用される、**波長**を nm 単位で指定します (450 nm ~ 700 nm の範囲)。
- 260 nm および 280 nm での色素の補正値を指定します。
- [**色素を追加**] をタップします。

注記 色素補正値の測定方法 (色素メーカーから入手できない場合):

- 機器を使用して純粋な色素を測定し、色素の 260 nm、280 nm、および分析波長での吸光度を書き留めます (以下を参照してください)。
- $A_{260}/A_{\text{色素波長}}$ の比率を算出し、260 nm 補正用にその値を入力します。
- $A_{280}/A_{\text{色素波長}}$ の比率を算出し、280 nm 補正用にその値を入力します。

測定前にカスタム色素が選択されている場合、色素の吸光度および濃度の値がレポートされ、測定されたサンプル吸光度値、およびその結果生じるサンプル濃度と純度比に補正が適用されます。

カスタム色素の編集

ヒント ソフトウェアにプリプログラムの色素は編集できません。

- タップしてカスタム色素を選択します。
-  をタップします。
- 入力内容または設定を編集します。
- **[色素を保存]** をタップします。

カスタム色素の削除

ヒント ソフトウェアにプリプログラムの色素は削除できません。

- タップしてカスタム色素を選択します。
-  をタップします。

通知 カスタム色素を完全に削除すると、色素とその関連情報のすべてがソフトウェアから削除されます。

関連トピック

- [機器設定](#)

マイクロアレイ測定の計算

その他の核酸アプリケーションと同様に、マイクロアレイアプリケーションは **改良したランベルト・ベールの方程式** を使用して、吸光係数と光路長が組み合わされて「係数」と呼ばれるサンプル濃度を計算します。マイクロアレイアプリケーションには6つのオプションがあり(右に示されています)、測定された各サンプルに適切な係数を選択することができます。係数はサンプル濃度を算出するためにベールの法則と併用されます。

係数が分かっている場合、[カスタム係数] オプションを選択し、係数を ng-cm/ μ L 単位で入力します。係数が分からない場合は、サンプル溶液に最適なオプションを選択します。

ヒント : 理想的には、吸光係数は同じ緩衝液を使用した既知濃度の試験核酸溶液を使用して実験的に決定される必要があります。

算出される核酸濃度は、260 nm での吸光度値、使用される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイントベースライン補正(または分析補正)も適用できます。

濃度は、質量単位として報告されます。計算器はインターネット上で利用可能で、サンプル配列に基づいて濃度を質量単位からモル単位に変換します。

260 nm と 280 nm、場合によって 230 nm での吸光度値が、測定された核酸サンプルの純度比を算出するために使用されます。純度比は、サンプルの精製時に通常使用される残留溶剤および試薬など、サンプル中の不純物の存在に影響を受けます。

係数に利用可能なオプション

- **dsDNA** (係数 = 50 ng-cm/ μ L)
- **ssDNA** (係数 = 33 ng-cm/ μ L)
- **RNA** (係数 = 40 ng-cm/ μ L)
- **オリゴ DNA** (ユーザーが入力した DNA ヌクレオチド配列から算出)
- **オリゴ RNA** (ユーザーが入力した RNA ヌクレオチド配列から算出)
- **カスタム係数** (15 ng-cm/ μ L ~ 150 ng-cm/ μ L の間のユーザーが入力した係数)

注 : 詳細については、「**サンプルタイプ**」を参照してください。

測定値

A260 吸光度

注 : 750 nm での吸光度値は、スペクトル内のすべての波長から差し引かれます。その結果、750 nm での吸光度は、表示されるスペクトル内で 0 (ゼロ) になります。また、マイクロボリューム吸光度測定値および非標準 (10 mm 以外の) キュベットで取られた測定値の場合、スペクトルは 10 mm 光路長相当に正規化されます。

- すべてのマイクロアレイ **サンプルタイプ** の核酸吸光度値は、750 補正およびノーマライズされたスペクトルを使用して、260 nm で測定されます。
- **分析補正** が選択された場合、補正波長での吸光度値は、260 nm での吸光度から差し引かれます。
- 1 つ以上の色素が選択された場合、260 nm での **色素補正值** も 260 nm での吸光度から差し引かれます。
- 260 nm での最終補正吸光度は、レポートされ、サンプル濃度を計算するために使用されます。

A280 吸光度

- 280 nm で 750 補正およびノーマライズされた吸光度値 (A280 色素補正を引いた) は、A260/A280 比で計算するために使用されます。

色素濃度は、色素の分析波長、色素の吸光係数、およびサンプルの光路長での吸光度値から算出されます。スロープ色素補正も使用できます。

色素吸光度

- 色素吸光度値は特定の波長で測定されます。使用される分析波長については、「[色素 /Chrom. 編集](#)」を参照してください。
- [スロープ色素補正] が選択されている場合、線形ベースラインは 400 nm ~ 750 nm の範囲内になります。各色素のスロープベースラインの吸光度は、各色素の分析波長での吸光度値から差し引かれます。ベースライン補正された色素吸光度値は、報告され、色素濃度を算出するために使用されます。

色素補正

- 事前定義された色素には、A260 および A280 の既知の補正値があります。使用される補正値については、「[色素 /Chrom. 編集](#)」を参照してください。
- A260 色素補正は、核酸濃度を算出するために使用される [A260 吸光度値](#)、および [A260/A280 純度比](#)を算出するために使用される A260 吸光度値から差し引かれます。

サンプル光路長

- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

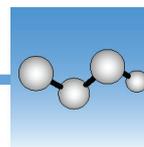
結果画面

- **核酸濃度**。選択した単位 (ng/μL、μg/μL、または μg/mL) で報告されます。計算は、補正された核酸吸光度値を使用する、変形されたベールの法則に基づきます。
- **A260/A280 純度比**。280 nm で補正された吸光度に対する、260 nm で補正される吸光度の比率。1.8 以下の A260/A280 純度比は、DNA に対して「純粋」と一般に認められています (RNA の場合は 2.0 以下)。酸性溶液では、0.2 ~ 0.3 までの報告された値が過小評価されます。基本溶液についてはその逆も言えます。
- **色素 1/ 色素 2 濃度** .pmol/μL 単位で報告されます。計算は、ベースライン補正された色素吸光度値を使用するベールの方程式に基づきます。

注: 純度比はダウンストリームアプリケーションに機能的に影響を与える DNA や RNA の純度を示す重要なサンプル品質の指標です (マイクロアレイなど)。

関連トピック

- [核酸測定の計算](#)



カスタム係数を使用した測定

算出のためカスタム係数を使用して精製された核酸の濃度を測定します。

カスタム係数を使用した測定

測定結果

設定

検出限界

計算



カスタム係数を使用した核酸測定

カスタム係数アプリケーションを使用して、260 nm で吸収する精製済み DNA または RNA サンプルをユーザー定義の吸光係数または係数によって定量します。このアプリケーションは、核酸濃度と 2 つの吸光度比 (A_{260}/A_{280} および A_{260}/A_{230}) を表示します。シングルポイントベースライン補正も使用できます。

カスタム係数を使用した核酸サンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英光ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ **カスタム係数を使用した測定方法**

1. ホーム画面から [**核酸**] タブを選択し、 [**カスタム係数**] をタップします。
2. 計算に使用される **係数** を入力し、必要に応じて **ベースライン補正** を指定します。
3. ブランキング溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、下側の台座に滴下し、アームを下げるか、またはブランキングキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント : キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と **キュベット光路** を合せてください。

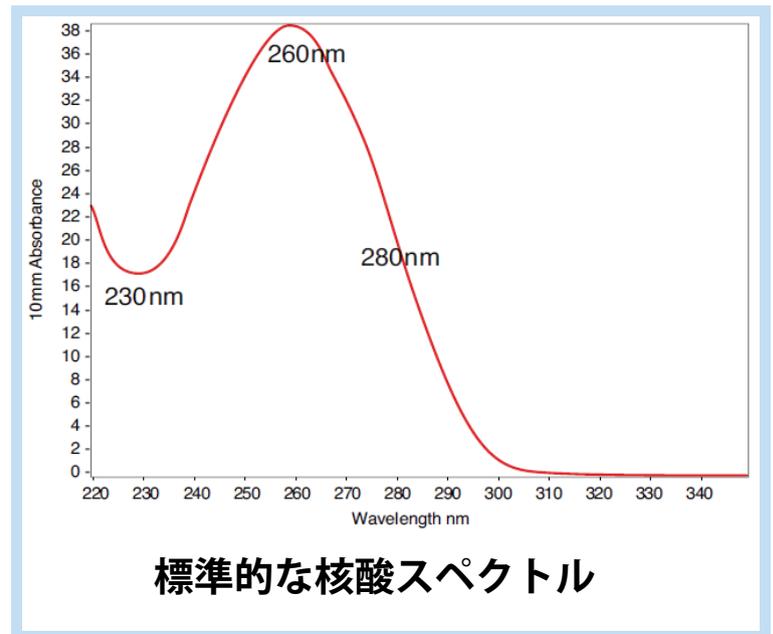
4. [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント : **自動ブランク** がオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座 : **自動測定** をオンにし、アームを下げて、自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、 [**測定**] をタップします。
 - キュベット : [**測定**] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、 [**実験終了**] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。



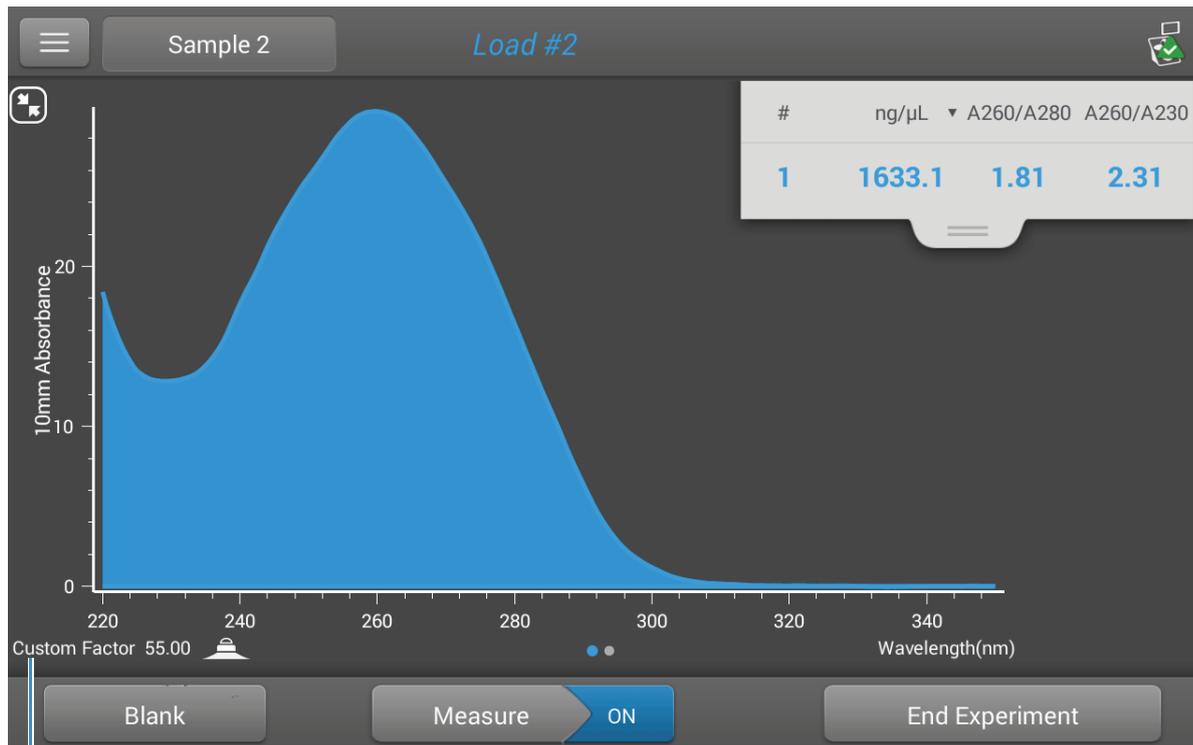
関連トピック

- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [マイクロボリューム測定の適切な方法](#)
- [キュベット測定の適切な方法](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

カスタム係数測定結果

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。

注記 カスタム係数測定画面は、左下隅にカスタム係数がレポートされることを除いて(以下の図を参照)、[その他の核酸アプリケーションの測定画面](#)と同じです。



核酸濃度の計算に使用
されるカスタム係数

関連トピック

- [基本操作](#)
- [核酸測定結果](#)
- [核酸算出](#)

カスタム係数を使用した核酸測定の設定

カスタム係数の設定を表示するには、 > [**カスタム係数設定**] をタップします。

設定	利用可能なオプション	説明
カスタム係数	15 ng-cm/ μ L ~ 150 ng-cm/ μ L の間の 整数値を入力します。	<p>改良されたベールの法則式で核酸濃度を計算するために使用される定数。吸光係数と光路長に基づきます。</p> $f = 1/(\mathcal{E}_{260} * b)$ <p>意味： f= 係数 \mathcal{E} = ng-cm/μL における 260 nm でのモル吸光係数 b = cm (NanoDrop One 機器で測定される核酸の 1 cm) 単位のサンプル光路長</p>
ベースライン補正	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します	<p>指定されたベースライン補正波長を、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0 (ゼロ) になります。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)

カスタム係数を使用した核酸測定の検出限界

核酸の検出下限値および再現性の仕様は、[ここに](#)記載されています。検出上限値は、装置の[吸光度上限値](#)とユーザー定義の吸光係数によって決まります。

核酸サンプルの検出上限値の計算方法

検出上限値を ng/μL 単位で計算するには、以下の方程式を使用します。

$$\left(\text{検出上限値}_{\text{機器}} * \text{吸光係数}_{\text{サンプル}} \right)$$

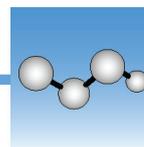
たとえば、55 という吸光係数を使用したサンプル測定の場合、方程式は以下のようになります。

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

注記 10 mm 光路長キュベットによる測定の場合、検出上限値は 1.5 AU です。これは dsDNA の約 75 ng/μL です。

関連トピック

- [すべてのアプリケーションの検出限界](#)



オリゴ DNA またはオリゴ RNA の測定

260 nm で吸収する精製済み ssDNA または RNA オリゴヌクレオチドの濃度を測定します。

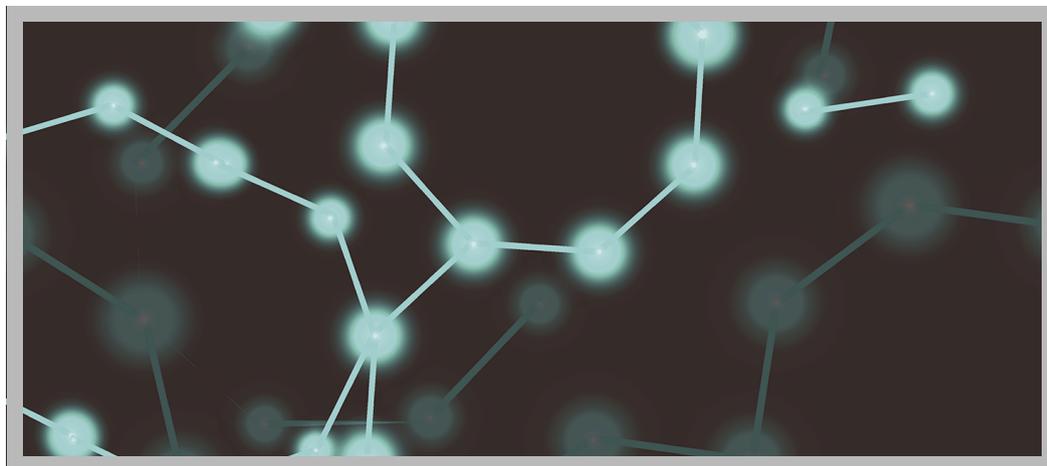
オリゴ DNA または RNA の測定

測定結果

設定

検出限界

計算



オリゴ DNA またはオリゴ RNA の測定

260 nm で吸収するオリゴヌクレオチドを定量化するためにオリゴ DNA およびオリゴ RNA アプリケーションを利用します。モル吸光係数は、サンプルのユーザー定義塩基配列に基づいて自動的に計算されます。これらのアプリケーションは、核酸濃度と2つの吸光度比 (A_{260}/A_{280} および A_{260}/A_{230}) をレポートします。シングルポイントベースライン補正も使用できます。

注記 オリゴヌクレオチドがフルオロフォア色素などで修飾されている場合、その修飾が 260 nm での吸光度に影響するかどうかについてを、オリゴメーカーにお問い合わせください。影響する場合は、[マイクロレイアプリケーション](#)で核酸濃度を定量することをお勧めします。マイクロレイアプリケーションには、オリゴ定量結果からの色素による影響を取り除くための補正が含まれます。

オリゴ DNA またはオリゴ RNA サンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ オリゴヌクレオチドサンプルの測定方法

1. ホーム画面から、[核酸] タブを選択し、必要に応じて [オリゴ DNA] または [オリゴ RNA] のいずれかをタップします。
2. 必要に応じて、**オリゴ塩基配列** および **ベースライン補正** を指定します。
3. ブランキング溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、下側の台座に滴下し、アームを下げるか、またはブランキングキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

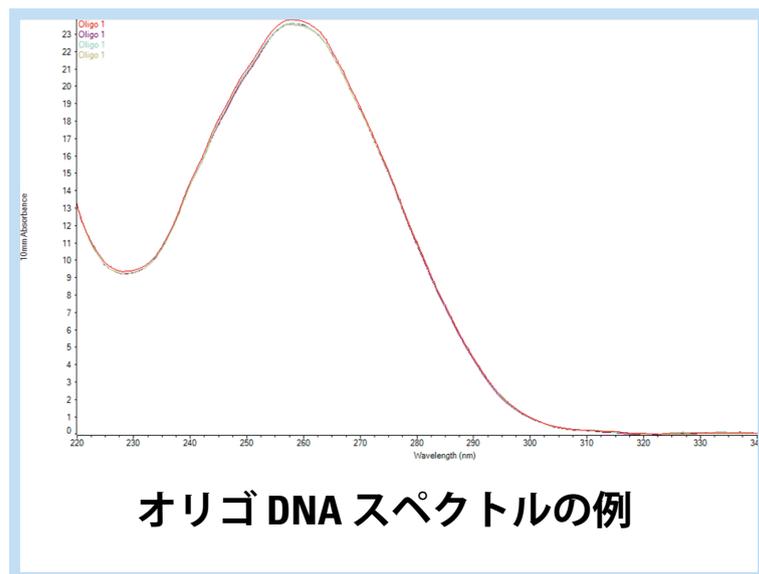
4. [空白] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント: **自動空白** がオンになっている場合、アームを下げた後自動的に空白測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座: **自動測定** をオンにし、アームを下げて、自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[測定] をタップします。
 - キュベット: [測定] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[実験終了] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。



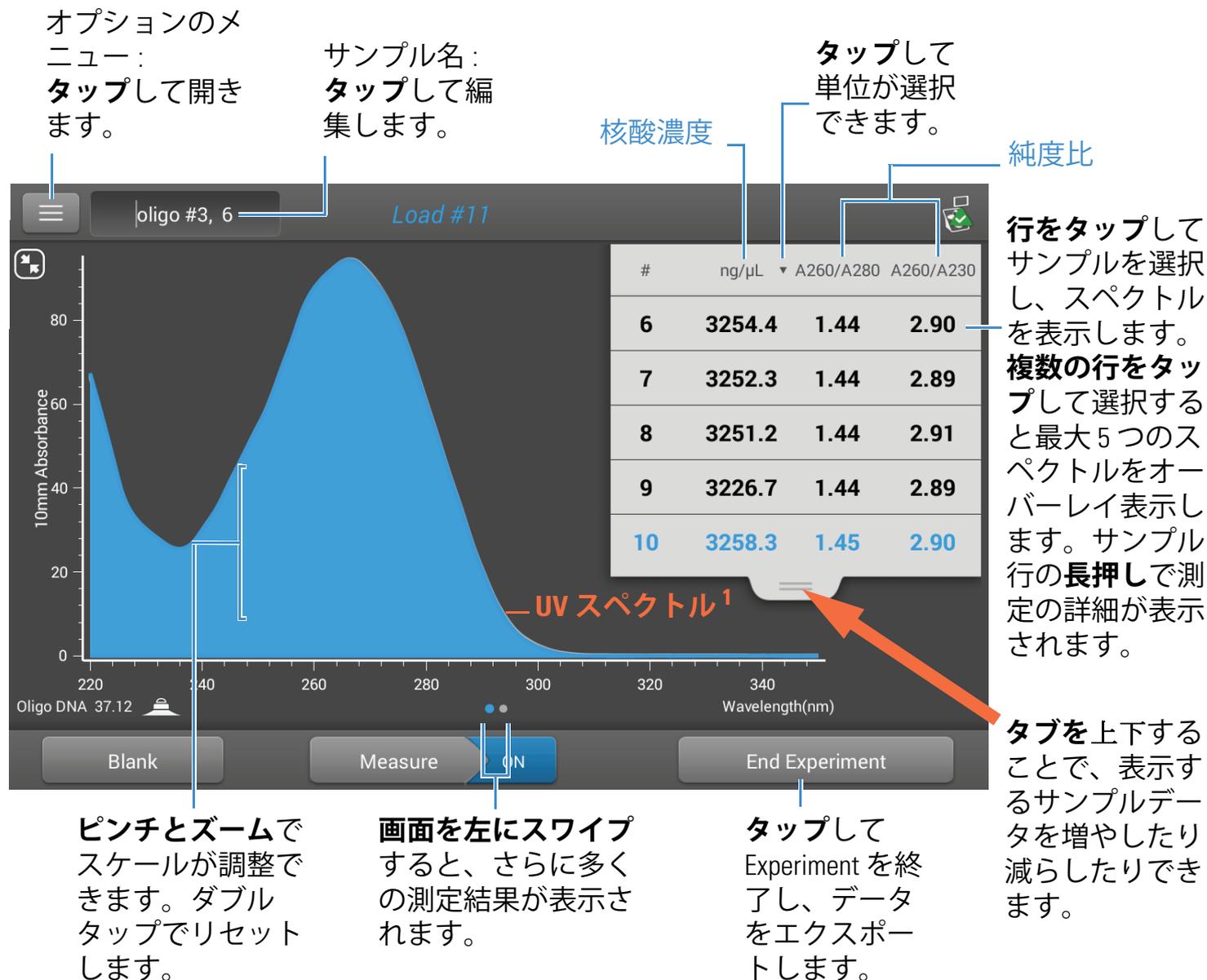
関連トピック

- [核酸測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [マイクロボリューム測定の適切な方法](#)
- [キュベット測定の適切な方法](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

オリゴヌクレオチド測定結果

オリゴ DNA 測定画面

オリゴ DNA およびオリゴ RNA アプリケーションによって測定されたサンプルは、UV 吸収スペクトルと結果の概要が表示されます。次に例を示します。



¹ 測定されたオリゴ :TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT

注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

オリゴ DNA およびオリゴ RNA 結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面 (前の図を参照) には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

- サンプル詳細 (使用されるアプリケーションおよびサンプリング方法。例えば、台座またはキュベット)
- サンプル名
- 作成日 (サンプルの測定が行われた日付)
- 核酸濃度
- A260/A280
- A260/A230
- A260
- A280
- 係数
- オリゴ配列
- ベースライン補正
- スターラーステータス

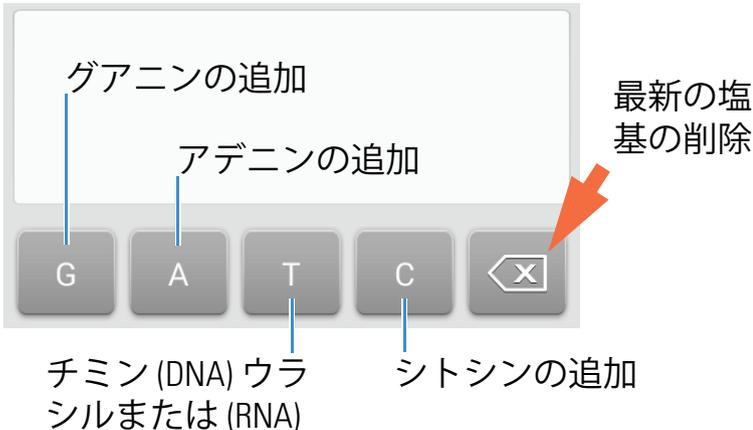
注記 DNA と RNA を構成する 5 つのヌクレオチドは多種多様な A260/A280 比を示します。詳細については、「[オリゴ純度比](#)」を参照してください。

関連トピック

- [基本操作](#)
- [オリゴヌクレオチド算出](#)

オリゴ DNA およびオリゴ RNA 測定の設定

ホーム画面で、[核酸] タブからオリゴ DNA またはオリゴ RNA アプリケーションを選択すると、オリゴ設定画面が表示されます。オリゴ DNA またはオリゴ RNA 測定画面からオリゴ設定を表示するには、☰ > [c] [Oligo DNA Setup (オリゴ DNA 設定)] (または [c] [Oligo RNA Setup (オリゴ RNA 設定)]) をタップします。

設定	利用可能なオプション	説明
オリゴヌクレオチド塩基配列	<p>DNA の場合 :G、A、T、および C キーを使用して DNA 塩基配列を指定します。</p> <p>RNA の場合 :G、A、U、および C キーを使用して RNA 塩基配列を指定します。</p>	<p>対応するキーをタップして、DNA または RNA 塩基配列を指定します。</p> 

塩基が配列に追加されるたびに、ソフトウェアは以下の計算を行います。

- **係数**。改良されたベールの方程式でオリゴヌクレオチド濃度を計算するために使用される定数。吸光係数と光路長に基づきます。

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

意味：

f= 係数

ϵ = ng-cm/ μ L における 260 nm でのモル吸光係数

b = cm (NanoDrop One 機器で測定される核酸の 0.1 cm) 単位のサンプル光路長

設定	利用可能なオプション	説明
		<ul style="list-style-type: none"> ユーザー定義の塩基配列から計算されるオリゴの分子量。 入力された塩基数。 モル吸光係数 (260 nm)。(ng-cm/μL における) 入力された塩基配列から計算される 260 nm でのオリゴのモル吸光係数。 %GC。入力された塩基の総数におけるグアニンおよびシトシン残留物の割合。
ベースライン補正	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します	指定されたベースライン補正波長を、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0 (ゼロ) になります。

関連トピック

- [機器設定](#)

オリゴ DNA およびオリゴ RNA 測定の検出限界

オリゴヌクレオチドサンプルタイプ (ssDNA と RNA) の検出下限値および再現性仕様は、[ここに](#)記載されています。検出上限値は、機器の[吸光度上限値](#)とユーザー定義の[塩基配列](#)の吸光係数によって決まります。

核酸サンプルの検出上限値の計算方法

検出上限値を ng/μL 単位で計算するには、以下の方程式を使用します。

$$(\text{検出上限値}_{\text{機器}} * \text{吸光係数}_{\text{サンプル}})$$

たとえば、55 という吸光係数を使用したサンプル測定の場合、方程式は以下のようになります。

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

注記 10 mm 光路長キュベットによる測定の場合、検出上限値は 1.5 AU です。これは dsDNA の約 75 ng/μL です。

関連トピック

- すべてのアプリケーションの検出限界

オリゴ DNA およびオリゴ RNA 測定の計算

他の核酸アプリケーションと同様に、オリゴアプリケーションは [ランベルト・ベールの方程式](#) を使用して、サンプルの吸光係数と光路長に基づいて吸光度を濃度に関連付けます。オリゴヌクレオチドは短い単鎖の分子（または繰り返し配列のより長い分子）、スペクトル、および吸光係数 (ϵ) は、塩基組成および配列に厳密に依存しています。

(単鎖 DNA および RNA の一般に受け入れられている吸光係数および係数は、そのまま本質的に無作為化された配列の合理的推定値を提供しますが、短い合成オリゴ配列ではありません。) 最も正確な結果を得るために、 ϵ_{260} の厳密な値を使用してオリゴヌクレオチド濃度を計算します。

NanoDrop ソフトウェアでは、測定される前にオリゴヌクレオチドの塩基配列を指定できます。入力された塩基配列について、ソフトウェアでは吸光係数の計算に適した方程式を使用します。

ヒント: 吸光係数は、各オリゴヌクレオチドに固有の波長であり、緩衝液タイプ、イオン強度、および pH の影響を受ける可能性があります。

オリゴヌクレオチドの吸光係数

ソフトウェアは、最近隣法と以下の数式を使用して、特定のオリゴヌクレオチド塩基配列のモル吸光係数を計算します。

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

意味:

ϵ = L/mole-cm 単位のモル吸光係数

ϵ_1 = ϵ 最近隣

ϵ_2 = ϵ 個々の配列

ϵ_3 = ϵ 変性 (蛍光色素など)

算出される核酸濃度は、260 nm での吸光度値、使用される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイントベースライン補正 (または分析補正) も適用できます。

濃度は、質量単位として報告されます。計算器はインターネット上で利用可能で、サンプル配列に基づいて濃度を質量単位からモル単位に変換します。

260 nm と 280 nm、場合によって 230 nm での吸光度値が、測定された核酸サンプルの純度比を算出するために使用されます。純度比は、サンプルの精製時に通常使用される残留溶剤および試薬など、サンプル中の不純物の存在に影響を受けます。

測定値

A260 吸光度

注: マイクロボリューム吸光度測定値および非標準 (10 mm 以外の) キュベットで測定した値の場合、スペクトルは 10 mm 光路長相当に正規化されます。

- 核酸吸光度値は、ノーマライズされたスペクトルを使用して 260 nm で測定されます。ベースライン補正が選択されていない場合の A260 値です。
- **ベースライン補正**が選択された場合、補正波長での吸光度値は、260 nm でのサンプル吸光度から差し引かれます。260 nm で補正される吸光度は、レポートされ、核酸濃度を計算するために使用されます。

A230、A280 吸光度

- 230 nm、260 nm、および 280 nm でノーマライズされた吸光度値は、 $A260/A230$ および $A260/A280$ 比を計算するために使用されます。

サンプル光路長

- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

DNA と RNA を構成する 5 つのヌクレオチドは多種多様な A260/A280 比を示します。個々に測定されたヌクレオチドの推定される A260/A280 比を以下に示します。

グアニン :1.15
 アデニン :4.50
 シトシン :1.51
 ウラシル :4.00
 チミン :1.47

特定の核酸配列の A260/A280 比は、存在する 4 つのヌクレオチドの A260/A280 比の加重平均とほぼ等しくなります。

注 :RNA は通常、チミンと比較してウラシルの比率が高いため、260/280 比がより高くなります。

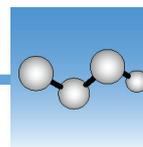
結果画面

- **核酸濃度**。選択した単位 (ng/μL、μg/μL、または μg/mL) で報告されます。計算は、補正された核酸吸光度値を使用する、変形されたベールの法則に基づきます。
- **A260/A280 純度比**。280 nm で補正された吸光度に対する、260 nm で補正される吸光度の比率。
- **A260/A230 純度比**。230 nm で補正された吸光度に対する、260 nm で補正される吸光度の比率。

注 :核酸サンプルでコンタミネーションの指標として使用される、純度比 (A260/A280 および A260/A230) は、オリゴヌクレオチドに適用されません。この理由は、オリゴヌクレオチドのスペクトル形状が塩基組成によって大きく左右されるためです。詳細情報はサイドバーをご覧ください。

関連トピック

- [核酸測定算出](#)



タンパク質 A280 測定

280 nm で吸収する精製済み総タンパク質の濃度を測定します。

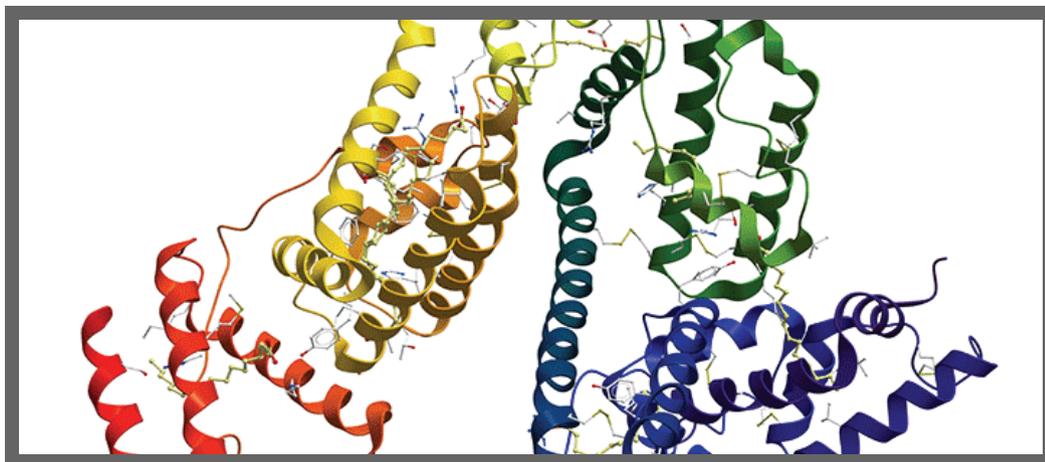
タンパク質 A280 測定

測定結果

設定

検出限界

計算



A280 でのタンパク質濃度の測定

タンパク質 A280 アプリケーションを使用して、280 nm で吸光度を示す、トリプトファンやチロシンなどのアミノ酸、または cys-cys ジスルフィド結合が含まれる精製済み総タンパク質を定量化します。このアプリケーションは、280 nm と 1 つの吸光度比 (A260/A280) で測定されたタンパク質濃度をレポートします。シングルポイントベースライン補正も使用できます。このアプリケーションにはスタンダードカーブは必要ありません。

注記 サンプルに主にペプチド結合が含まれ、アミノ酸がほとんどまたは全く含まれない場合、タンパク質 A280 の代わりに、[タンパク質 A205](#) アプリケーションを使用します。

タンパク質 A280 サンプル測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷を引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ タンパク質 A280 サンプル測定方法

1. ホーム画面から [タンパク質] タブを選択し、[タンパク質 A280] をタップします。
2. 必要に応じて、**サンプルタイプ**と**ベースライン補正**を指定します。
3. ブランク溶液 1～2 μL をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、またはブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

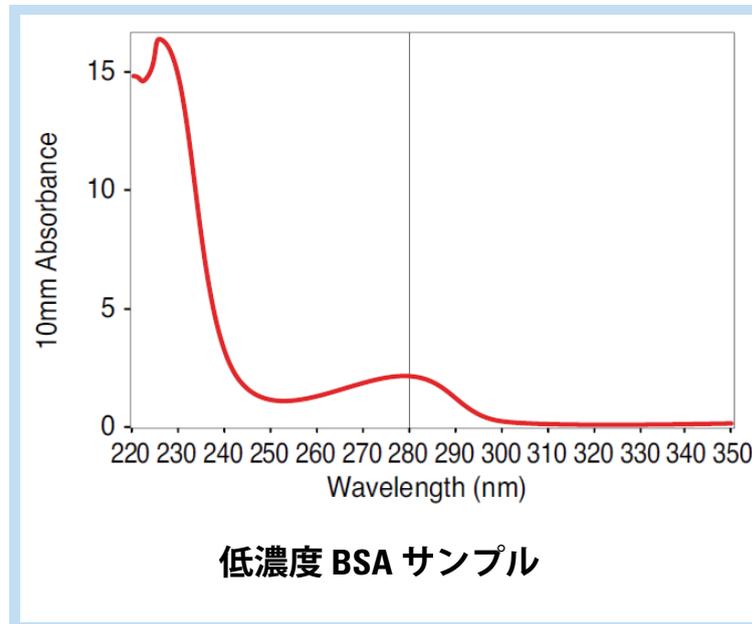
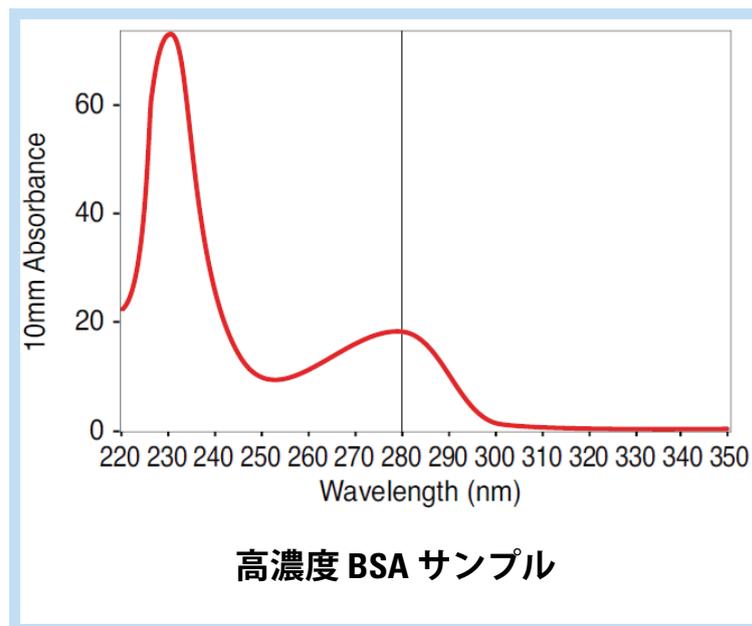
4. [ブランク] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント: **自動ブランク**がオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランクキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座: **自動測定**をオンにし、アームを下げます。自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[測定] をタップします。
 - キュベット: [測定] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[実験終了] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。



タンパク質測定 of 適切な方法

- 不純物を取り除くために、測定前にタンパク質サンプルを分離し、精製します。サンプルによっては、不純物に DNA、RNA、および一部の緩衝液成分が含まれている場合があります。詳細については、「[サンプルの準備](#)」を参照してください。

注記 200 nm ~ 280 nm の範囲の吸光度に影響する抽出試薬は、サンプル中に存在する場合は (残留分でも) 測定結果に影響します。

- サンプル吸光度が機器の吸光度検出限界範囲内に収まるようにします。
- ブランクの選択を行います。
 - タンパク質 A280、タンパク質 A205、およびタンパク質とラベルアプリケーションの場合、目的分析物を懸濁するために使用されるのと同じ緩衝液を使用します。ブランク溶液は、サンプルと同じ pH およびイオン強度にする必要があります。
 - タンパク質 BCA 法、タンパク質 Bradford 法、およびタンパク質 Lowry 法アプリケーションの場合、脱イオン水 (DI H₂O) を使用してブランクにします。
 - タンパク質 Pierce 660 法アプリケーションの場合、スタンダードカーブにするために使用されるリファレンス溶液を使用してブランクにします (リファレンス溶液にはスタンダードタンパク質ストックが全く含まれないようにする必要があります)。詳細については、「[スタンダードカーブの作成](#)」を参照してください。
- **ブランクサイクル** を実行して、緩衝液の吸光度を測定します。分析波長 (通常、280 nm または 205 nm) またはそれに近い波長で緩衝液が強い吸光度を示す場合、比色分析 (BCA 法、Pierce 660 法など) のような、異なる緩衝液またはアプリケーションの選択が必要になる場合があります。詳細については、「[ブランクの選択と測定](#)」を参照してください。

注記 Triton X、RIPA、および NDSB などの緩衝液は、A280 または A205 測定の吸光度に影響を与えるため適しません。

- マイクロボリューム測定の場合：
 - 台座表面が適切に **クリーニング** され、**表面張力が確保** されていることを確認します。(タンパク質は台座表面にこびり付く傾向があります)。
 - サンプルを測定する前に、静かに (ただし十分に) ボルテックスします。混合およびピペット操作時は気泡の混入に気をつけてください。
 - 「[マイクロボリューム測定の適切な方法](#)」に従ってください。
 - 2 μL のサンプル量を使用します。詳細については、「[推奨されるサンプル量](#)」を参照してください。

- キュベット測定 (NanoDrop One^C のみ) の場合、使用可能なキュベットを使用し、「[キュベット測定の適切な方法](#)」に従ってください。

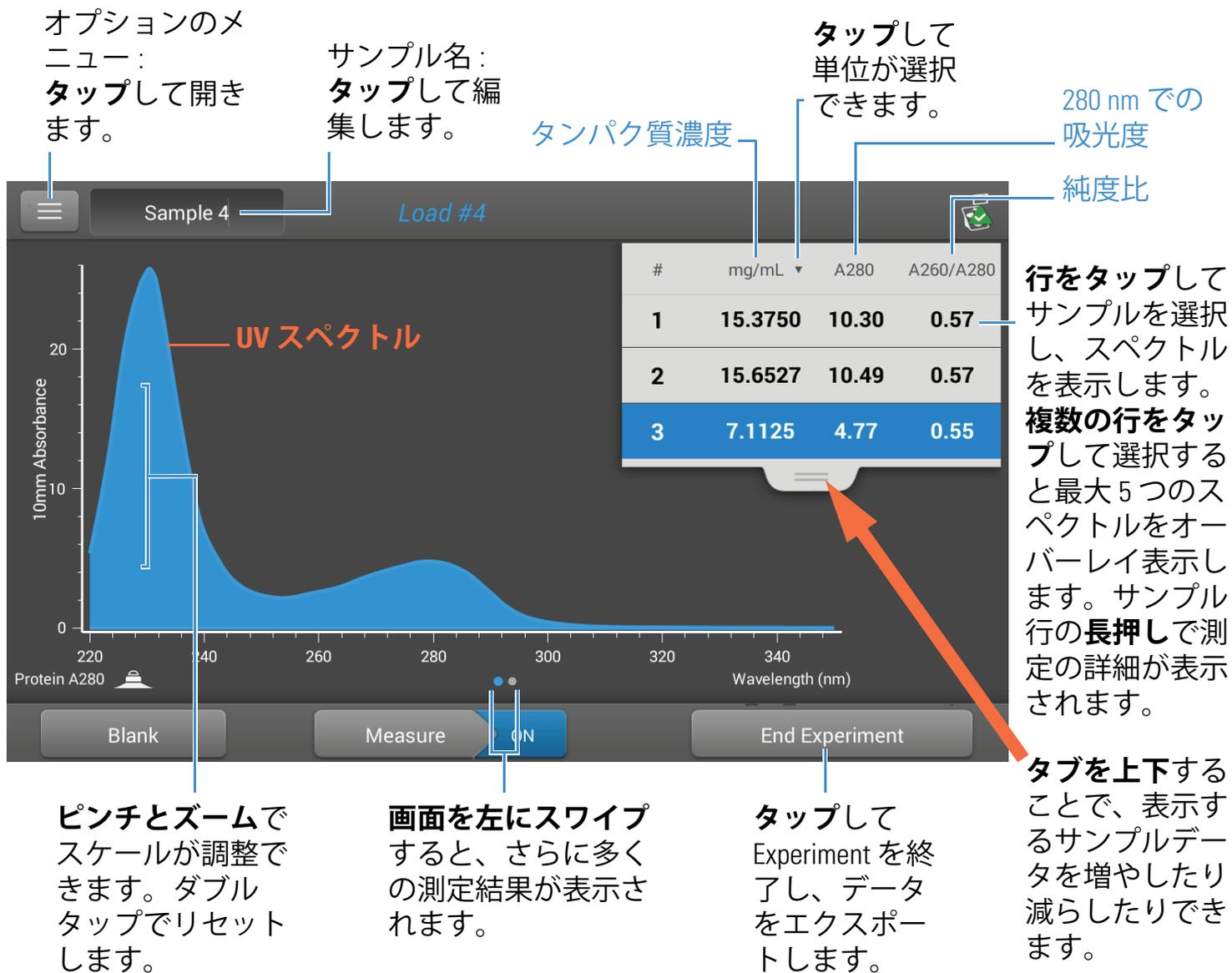
関連トピック

- [タンパク質測定の適切な方法](#)
 - [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
 - [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
 - [サンプルとブランクの準備](#)
 - [基本操作](#)
-

タンパク質 A280 測定結果

タンパク質 A280 測定画面

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。



注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質 A280 結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

アプリケーション サンプルング方法 サンプル名: **タップ**して編集します。

Sample Details	Protein A280	Pedestal
Sample Name	Sample 3	
Created on	9/17/2015 10:07:57 AM	
Protein	7.1125 mg/mL	
A280	4.77	
A260/A280	0.55	
Sample type	BSA	
Baseline correction	340.00 nm	0.15 absorbance

測定された日時
タンパク質濃度
280 nm での吸光度
純度比
サンプルタイプ

ベースライン補正波長 ベースライン補正吸光度

OK

関連トピック

- [基本操作](#)
- [タンパク質 A280 計算](#)

タンパク質 A280 測定の設定

タンパク質 A280 設定を表示するには、タンパク質 A280 測定画面から、 > [タンパク質 A280 設定] をタップします。

タンパク質 A280 設定

タンパク質 A280 アプリケーションは、精製済みタンパク質分析のためのさまざまなサンプルタイプオプションを提供します。

各サンプルタイプは、独自の吸光係数をタンパク質の計算に適用します。サンプルの吸光係数が分かっている場合は、 $\epsilon + MW$ (モル) または $\epsilon 1\%$ (質量) オプションを選択し、値を入力します。係数が分からない場合は、吸光係数を算出するか、またはサンプル溶液に最適なオプションを選択します。タンパク質濃度の概算およびサンプルの吸光係数のみが必要である場合、 $1 \text{ Abs} = 1 \text{ mg/mL}$ サンプルタイプオプションを選択します。

ヒント 理想的には、吸光係数は実験と同じ緩衝液を使用した既知濃度の対象タンパク質溶液で決定される必要があります。

設定	利用可能なオプション	質量吸光係数 (L/gm-cm)	説明
サンプルタイプ ^a	$1 \text{ Abs} = 1 \text{ mg/mL}$	一般リファレンス	吸光係数が分からず、タンパク質濃度の概算が、他に妨害成分がない溶液の許容範囲内である場合に推奨されます。0.1% (1 mg/mL) タンパク質溶液は、280 nm (光路長が 10 mm の場合) で 1.0A を生成する、たとえば $\epsilon 1\% = 10$ と仮定します。
	BSA	6.67	1% (10 mg/mL など) の BSA 溶液に対して、280 nm で 6.67 L/gm-cm の質量吸光係数 (ϵ) を使用して、ウシ血清アルブミン (BSA) タンパク質濃度を計算します。MW が 66,400 Da (ダルトン) であると仮定して、BSA の 280 nm でのモル吸光係数は、約 $43,824 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ になります。
	IgG	13.7	大部分の哺乳類抗体 (免疫グロブリン G または IgG など) に適しています。1% (10 mg/mL など) の IgG 溶液に対して、280 nm で 13.7 L/gm-cm の質量吸光係数 (ϵ) を使用してタンパク質濃度を算出します。MW が 150,000 Da であると仮定して、IgG の 280 nm でのモル吸光係数は、約 $210,000 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ になります。

設定	利用可能なオプション	質量吸光係数 (L/gm-cm)	説明
	リゾチーム	26.4	1% (10 mg/mL など) のリゾチーム溶液に対して、280 nm で 26.4 L/gm-cm の質量吸光係数 (ϵ) を使用してリゾチームタンパク質濃度を算出します。卵白リゾチームのモル吸光係数は $36,000 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ ~ $39,000 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ の範囲であると仮定します。
	その他のタンパク質 (ϵ + MW)	ユーザーが入力したモル吸光係数および分子量	タンパク質に以下のような既知のモル吸光係数 (ϵ) と分子量 (MW) があると仮定します。 $(\epsilon_{\text{モル}}) * 10 = (\epsilon_{\text{パーセント}}) * (\text{MW}_{\text{タンパク質}})$ MW をキロダルトン (kDa) 単位で入力し、モル吸光係数 (ϵ) ($\text{M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ 単位) を 1000 で割ります (たとえば、 $\epsilon/1000$)。たとえば、 $210,000 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$ のモル吸光係数を持つタンパク質の場合、210 を入力します。
	その他のタンパク質 ($\epsilon 1\%$)	ユーザーが入力した質量吸光係数	タンパク質に既知の質量吸光係数 (ϵ) があると仮定します。10 mg/mL ($\epsilon 1\%$) タンパク質溶液の質量吸光係数 (L/gm-cm 単位) を入力します。
ベースライン補正	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します	該当なし	指定されたベースライン補正波長を、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0 (ゼロ) になります。

^a カスタムタンパク質の追加、編集には、Protein Editor を使用します。

Protein Editor

Protein Editor を使用して、[タンパク質 A280 設定] および [Proteins & Labels Setup (タンパク質とラベル設定)] の、利用可能なタンパク質サンプルタイプのリストにカスタムタンパク質を追加します。

Protein Editor にアクセスする方法:

- ホーム画面から、 > [Protein Editor] をタップします。
- [タンパク質 A280] または [タンパク質とラベル] 測定画面から、 >  [設定] > [Protein Editor] をタップします。

Protein Editor

タップしてカスタムタンパク質を追加します。

タップし、選択したカスタムタンパク質を編集します。

タップし、選択したカスタムタンパク質を削除します。

タップして Protein Editor を閉じます。

カスタムタンパク質 ([タンパク質 A280 設定] および [Proteins & Labels Setup (タンパク質とラベル設定)] の [サンプルタイプ] リストに表示される)

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

これらの操作は Protein Editor から行うことができます。

カスタムタンパク質の追加

- Protein Editor で、 をタップして [新しいタンパク質タイプ] ボックスを表示します。
- 新しいタンパク質の独自の**名前**を入力します (キーボードを表示するには入力フィールドをタップし、キーボードを閉じるには [完了] キーをタップします)。
- 新しいタンパク質の [説明] を入力します。
- カスタムタンパク質の**モル吸光**係数または**質量吸光**係数のどちらを入力するのかを指定します。
 - **質量吸光**係数を選択する場合:

- 10 mg/mL (**E**1%) タンパク質溶液の質量吸光係数 (L/gm-cm 単位) を入力します。

入力フィールドを**タップ**して
キーボードを表示する。キー
ボードを閉じるには**[完了]**
キーをタップする

The screenshot shows a dialog box titled "New Protein Type". It has two radio buttons: "Molar Extinction" (unselected) and "Mass Extinction" (selected). Below the radio buttons are three text input fields: "Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm" with the value "44.77", "Name" with the value "Protein AA", and "Description" with the value "unknown". At the bottom of the dialog are two buttons: "Cancel" and "OK". A blue arrow points from the text above to the "Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm" input field.

- **モル吸光係数**を選択する場合：
 - 1000 で割ったモル吸光係数 (**E**) を $M^{-1}cm^{-1}$ 単位で入力します (たとえば、**E**/1000)。たとえば、 $210,000 M^{-1}cm^{-1}$ のモル吸光係数を持つタンパク質の場合、210 を入力します。
 - 分子量 (MW) を kDa (キロダルトン) 単位で入力します。
- **[OK]** をタップして [新しいタンパク質タイプ] ボックスを閉じます。

[OK] を選択すると、新しいカスタムタンパク質が [タンパク質 A280 設定] および [Proteins & Labels Setup (タンパク質とラベル設定)] の [タイプ] リストに表示されます。

カスタムタンパク質の編集

- Protein Editor で、カスタムタンパク質をタップして選択します。
-  をタップして [タンパク質タイプの編集] ボックスを表示します。
- 入力内容または設定を編集します。
- **[OK]** をタップします。

カスタムタンパク質の削除

- Protein Editor で、カスタムタンパク質をタップして選択します。
-  をタップします。

注記 カスタムタンパク質を完全に削除すると、タンパク質とその関連情報のすべてがソフトウェアから削除されます。

関連トピック

- [機器設定](#)

タンパク質 A280 測定の検出限界

精製済み BSA タンパク質の検出限界および再現性仕様は、[ここに記載](#)されています。BSA の検出下限値および再現性値は、タンパク質サンプルタイプに適用します。検出上限値は、機器の[吸光度上限値](#)とサンプルの吸光係数によって決まります。

その他 (BSA 以外) のタンパク質サンプルタイプの検出上限値の計算方法

タンパク質の検出上限値を ng/ μ L 単位で計算するには、以下の方程式を使用します。

$$\left(\text{検出上限値}_{\text{機器}} / \text{質量吸光係数}_{\text{サンプル}} \right) * 10$$

たとえば、280 nm でのサンプルの質量吸光係数が、1% (10 mg/mL) 溶液に対して 6.67 である場合、方程式は以下ようになります。

$$(550 / 6.67) * 10 = 824.6 \text{ (または 825 以下)}$$

関連トピック

- [すべてのアプリケーションの検出限界](#)

タンパク質 A280 測定値からの算出

タンパク質 A280 アプリケーションは、[ランベルト・ベールの方程式](#)を使用して、吸光度と濃度を関連付けます。濃度に関してベールの法則を解くことにより、右に示されている方程式が得られます。

ペプチドまたはタンパク質の吸光係数は、そのトリプトファン (W)、チロシン (Y)、およびシステイン (C) アミノ酸組成に関連していません。

ヒント: 吸光係数は、各タンパク質に固有の波長であり、緩衝液タイプ、イオン強度、および pH の影響を受ける可能性があります。

ランベルト・ベールの方程式 (濃度の値が求められます)

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

意味:

A = 吸光度単位 (AU) の UV 吸光度

ϵ = L/mol-cm 単位の波長依存のモル吸収係数 (または吸光係数)

b = cm 単位の光路長

c = モル/リットルまたはモル濃度 (M) 単位の分析物濃度

注: サンプル溶液の測定された吸光度を、モル吸光係数で割ると、サンプルのモル濃度が得られます。モルおよび質量濃度値の詳細については、「[公開されている吸光係数](#)」を参照してください。

タンパク質の吸光係数

280 nm の吸光係数は、以下の式で示したように、3 つの構成アミノ酸の 280 nm モル吸光係数の加重和で近似されます。

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

意味:

ϵ = モル吸光係数

n = 各アミノ酸残留物の数

5500、1490、および 125 = 280 nm でのアミノ酸モル吸光係数

このアプリケーションには6つのオプションがあり(右に示されています)、測定された各サンプルに適切な吸光係数を選択することができます。吸光係数はサンプル濃度を算出するためにベールの法則と併用されます。

サンプルの吸光係数が分かっている場合は、 $\epsilon + MW$ (モル) または $\epsilon 1\%$ (質量) オプションを選択し、値を入力します。係数が分からない場合は、吸光係数を算出するか、またはサンプル溶液に最適なオプションを選択します。

ヒント: 理想的には、吸光係数は同じ緩衝液を使用して、既知の濃度で研究対象タンパク質の溶液を使用して実験的に決定される必要があります。

ほとんどのソースが、リン酸塩または生理学的緩衝液中で 280 nm 付近の波長で測定されたタンパク質のための吸光係数をレポートします。これらの値は、タンパク質濃度のルーチン評価に十分な精度を持ちます。

右に示されている方程式は、モル吸光係数 ($\epsilon_{\text{モル}}$) とパーセント吸光係数 ($\epsilon 1\%$) の関係を示しています。

吸光係数に利用可能なオプション

- **1 Abs = 1 mg/mL**。サンプルタイプおよび/または吸光係数が分かっている場合(タンパク質濃度の概算が生成されます)
- **BSA** (ウシ血清アルブミン、6.67 L/gm-cm)
- **IgG** (哺乳類抗体、13.7 L/gm-cm)
- **リゾチーム** (卵白リゾチーム、26.4 L/gm-cm)
- **その他のタンパク質 ($\epsilon + MW$)**、ユーザー指定のモル吸光係数
- **その他のタンパク質 ($\epsilon 1\%$)**、ユーザー指定の質量吸光係数

注: 詳細については、「[サンプルタイプ](#)」を参照してください。

公開されている吸光係数

タンパク質の公開されている吸光係数は、以下のようにレポートされます。

- $M^{-1}cm^{-1}$ 単位の波長依存のモル吸収(または吸光)係数 (ϵ)
- $(g/100 mL)^{-1}cm^{-1}$ (たとえば、1 cm キュベット内で測定された 1% または 1 g/100 mL 溶液) 単位の、パーセント溶液吸光係数 ($\epsilon 1\%$)
- 0.1% (たとえば、1 mg/mL) 溶液のタンパク質吸光度値

ヒント: 公開されている値は、測定単位が正しく適用されていることを慎重に評価します。

$\epsilon_{\text{モル}}$ と $\epsilon 1\%$ の間の変換

$$(\epsilon_{\text{モル}}) * 10 = (\epsilon 1\%) * (MW_{\text{タンパク質}})$$

例: モル吸光係数が $43,824 M^{-1}cm^{-1}$ で、分子量 (MW) が 66,400 Da であるタンパク質のパーセント溶液吸光係数 ($\epsilon 1\%$) を確認するために、上述の方程式を以下のように置き換えて、解きます。

$$\epsilon 1\% = (\epsilon_{\text{モル}} * 10) / (MW_{\text{タンパク質}})$$

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

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

mg/mL 単位のサンプルの濃度 (c) を測定するために、右に示されている方程式および 10 という変換係数を使用します。

ヒント : NanoDrop One ソフトウェアには、タンパク質濃度をレポートする際の変換係数が含まれます。

算出されるタンパク質濃度は、280 nm での吸光度値、選択 (または入力) される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイントベースライン補正 (または分析補正) を適用できます。

濃度は、質量単位として報告されます。計算器はインターネット上で利用可能で、サンプル配列に基づいて濃度を質量単位からモル単位に変換します。

260 nm および 280 nm での吸光度値は、測定されたタンパク質サンプルの純度比を算出するために使用されます。

純度比は、サンプルの精製時に通常使用される残留溶剤および試薬など、サンプル中のコンタミネーションの存在に影響を受けます。

g/100 mL と mg/mL の間の変換

$$\text{mg/mL 単位の } C_{\text{タンパク質}} = (A / \epsilon 1\%) * 10$$

例: リファレンスに対して、280 nm で測定されたタンパク質サンプルの吸光度が 5.8 A である場合、タンパク質濃度は以下のように算出されます。

$$C_{\text{タンパク質}} = (A / \epsilon 1\%) * 10$$

$$C_{\text{タンパク質}} = (5.8/6.6 \text{ g/100 mL}) * 10$$

$$C_{\text{タンパク質}} = 8.79 \text{ mg/mL}$$

測定値

A280 吸光度

注: マイクロボリューム吸光度測定値および非標準 (10 mm 以外の) キュベットで測定した値の場合、スペクトルは 10 mm 光路長相当に正規化されます。

- タンパク質吸光度値は、ノーマライズされたスペクトルを使用して 280 nm で測定されます。ベースライン補正が選択されていない場合、これは A280 値およびタンパク質濃度を算出するために使用される値になります。
- ベースライン補正が選択されている場合、280 nm でノーマライズされ、ベースライン補正された吸光度値がレポートされ、タンパク質濃度を算出するために使用されます。

A260 吸光度

- 260 nm でノーマライズされ、(選択されている場合) ベースライン補正された吸光度値もレポートされます。

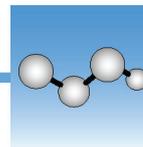
サンプル光路長

- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

結果画面

- **タンパク質濃度**。選択した単位 (mg/mL または $\mu\text{g/mL}$) で報告されます。計算は、補正されたタンパク質吸光度値を使用するランベルト・ベールの方程式に基づきます。
- **A260/A280 純度比**。280 nm で補正された吸光度に対する、260 nm で補正される吸光度の比率。0.57 以下の A260/A280 純度比は、タンパク質に対して「純粋」と一般に認められています。

注: 純度比はサンプル品質の重要な指標ですが、タンパク質品質の最良の指標は、関心下流アプリケーションの機能です (リアルタイム PCR など)。



タンパク質とラベル測定

最大 2 つの蛍光色素でラベル付けされた精製済みタンパク質の濃度を測定します。

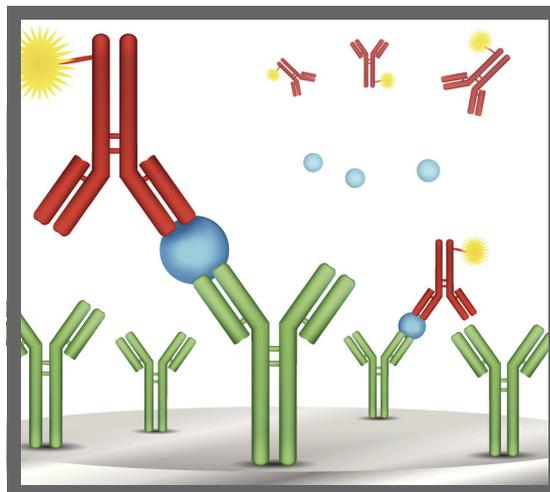
ラベル付けされたタンパク質の測定

測定結果

設定

検出限界

計算



ラベル付けされたタンパク質サンプルの測定

タンパク質とラベルアプリケーションを使用して、波長比を使用して、タンパク質とタンパク質配列複合体の蛍光色素、およびヘモグロビンなどの金属タンパク質を定量化します。このアプリケーションは、280 nm で測定されたタンパク質濃度、A260/A280 吸光度比、および色素の濃度と測定された吸光度値をレポートします。これにより、0.2 pmol/uL (ピコモル/マイクロリットル) 以下の色素濃度の検出が可能になります。この情報は、ダウンストリームアプリケーションで使用するために、タンパク質/色素コンジュゲーション(ラベリングの度合い)を評価するために役立ちます。

ラベル付けされたタンパク質サンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ ラベル付けされたタンパク質サンプルの測定方法

1. ホーム画面から「**タンパク質**」タブを選択し、「**タンパク質とラベル**」をタップします。
2. 使用する**サンプルタイプ**および**色素のタイプ**を指定します。

ヒント：プリプログラムのリストから色素を選択するか、または「**色素 / クロモフォア編集**」を使用してカスタム色素を追加します。

3. ブランク溶液 1～2 μL をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、またはブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント：キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

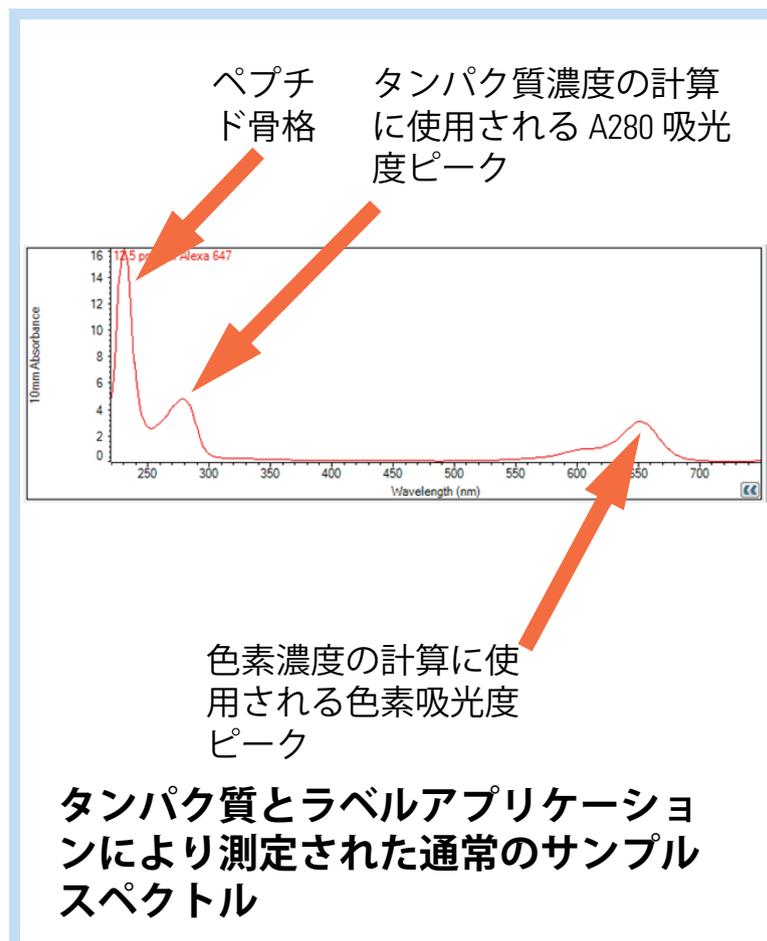
4. 「**ブランク**」をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント：**自動ブランク**がオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します（このオプションはキュベット測定には利用できません）。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランピングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座：**自動測定**をオンにし、アームを下げて、自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、「**測定**」をタップします。
 - キュベット：「**測定**」をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます（次のセクションを参照してください）。

8. サンプルの測定を終えたら、「**実験終了**」をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。



関連トピック

- [タンパク質測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

タンパク質ラベル測定結果

タンパク質ラベル測定画面

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

サンプル名：
タップして編集します。

タンパク質濃度

タップして単位が選択できます。

色素濃度

UV-Vis スペクトル

#	mg/mL	Dye 1	Dye 2
20	0.1962	0.45	0.00

行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

ピンチとズームでスケールが調整できます。ダブルタップでリセットします。

画面を左にスワイプすると、さらに多くの測定結果が表示されます。

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

注記

- ベースライン補正は 750 nm で実行されます (750 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質ラベル結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

タンパク質ラベルアプリケーション結果画面

- サンプル詳細（使用されるアプリケーションおよびサンプリング方法。例えば、台座またはキュベット）
- サンプル名
- 作成日
- タンパク質
- A280
- サンプルタイプ
- 色素 1/ 色素 2
- スロープ色素補正
- 分析補正

関連トピック

- 基本操作
- タンパク質ラベル算出

タンパク質ラベル測定設定

タンパク質とラベル設定を表示するには、[タンパク質とラベル] 測定画面から、 > [タンパク質とラベル設定] をタップします。

設定	利用可能なオプション	質量吸光係数 (L/gm-cm)	説明
サンプルタイプ ^a	1 Abs = 1 mg/mL	一般リファレンス	各利用可能な設定の詳細については、 ここをタップ してください。
	BSA	6.67	
	IgG	13.7	各サンプルタイプは、独自の吸光係数をタンパク質の計算に適用します。サンプルの吸光係数が分かっている場合は、 $\epsilon + MW$ (モル) または $\epsilon 1\%$ (質量) オプションを選択し、値を入力します。係数が分からない場合は、吸光係数を算出するか、またはサンプル溶液に最適なオプションを選択します。タンパク質濃度の概算およびサンプルの吸光係数のみが必要である場合、1 Abs = 1 mg/mL サンプルタイプオプションを選択します。
	リゾチーム	26.4	
	その他のタンパク質 ($\epsilon + MW$)	ユーザーが入力したモル吸光係数 / 分子量	
その他のタンパク質 ($\epsilon 1\%$)	ユーザーが入力した質量吸光係数	ヒント: 理想的には、吸光係数は実験と同じ緩衝液を使用した既知濃度の対象タンパク質溶液で決定される必要があります。	
分析補正 ^b	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します。	該当なし	指定された分析補正波長を、分析波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットのサンプル吸光度測定を補正します。補正された値は、サンプル濃度の算出に使用されません。 ヒント: サンプルに 340 nm で光を吸収する変形がある場合、別の補正波長を選択するか、[分析補正] をオフにします。
色素 1/色素 2 タイプ ^c	Cy3、5、3.5、または 5.5、Alexa Fluor 488、546、555、594、647、または 660	各色素の特定の値については、「 色素 / クロモフォア編集 」を参照してください。	サンプルラベルに使用する色素を、プリプログラム内の色素、または [色素 / クロモフォア編集] を使用して追加した色素から選択します。

設定	利用可能なオプション	質量吸光係数 (L/gm-cm)	説明
色素 1/色素 2 ユニット	ピコモル / マイクロ リットル (pmol/uL)、 ミクロモル (uM)、ま たはミリモル (mM)	適用外	色素濃度をレポートするためにユニットを選択し ます。
スロープ色素 補正 ^d	On または Off		色素の分析波長での吸光度値から、400 nm ~ 750 nm までのスロープベースラインの吸光度値を 差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフ セットに対して色素吸光度測定値を補正します。

^a カスタムタンパク質を追加したり編集したりするには、[Protein Editor](#) を使用します。

^b 分析補正は、タンパク質濃度のみの計算に影響します。

^c カスタム色素を追加するか、利用可能な色素のリストを編集するには、「[色素 / クロモフォア編集](#)」を使用します。

^d スロープ色素補正は、色素濃度のみの計算に影響します。

関連トピック

- [機器設定](#)
- [Protein Editor](#)
- [色素 / クロモフォア編集](#)

タンパク質とラベル測定の検出限界

ソフトウェアにプリプログラムされている精製済み BSA タンパク質および色素の検出限界および再現性仕様は、[ここに](#)記載されています。BSA の検出下限値および再現性値は、タンパク質サンプルタイプに適用します。検出上限値は、機器の[吸光度上限値](#)とサンプルの吸光係数によって決まります。

その他 (BSA 以外) のタンパク質サンプルタイプの検出上限値の計算方法

タンパク質の検出上限値を ng/μL 単位で計算するには、以下の方程式を使用します。

$$\left(\text{検出上限値}_{\text{機器}} / \text{質量吸光係数}_{\text{サンプル}} \right) * 10$$

たとえば、280 nm でのサンプルの質量吸光係数が、1% (10 mg/mL) 溶液に対して 6.67 である場合、方程式は以下のようになります。

$$(550 / 6.67) * 10 = 824.6 \text{ (または 825 以下)}$$

関連トピック

- [すべてのアプリケーションの検出限界](#)

タンパク質とラベル測定の計算

他のタンパク質アプリケーションと同様に、タンパク質とラベルでは [ランベルト・ベールの方程式](#) を使用して、サンプルの吸光係数と光路長に基づいて吸光度を濃度に関連付けます。

このアプリケーションには6つのオプションがあり(右に示されています)、測定された各サンプルに適切な吸光係数を選択することができます。吸光係数はサンプル濃度を算出するためにベールの法則と併用されます。

サンプルの吸光係数が分かっている場合は、 **ϵ +MW** (モル) または **ϵ 1%** (質量) オプションを選択し、値を入力します。係数が分からない場合は、吸光係数を算出するか、またはサンプル溶液に最適なオプションを選択します。

ヒント: 理想的には、吸光係数は実験と同じ緩衝液を使用した既知濃度の対象タンパク質溶液で決定される必要があります。

算出されるタンパク質濃度は、280 nm での吸光度値、選択(または入力)される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイントベースライン補正(または分析補正)を適用できます。

濃度は、質量単位として報告されます。計算器はインターネット上で利用可能で、サンプル配列に基づいて濃度を質量単位からモル単位に変換します。

吸光係数に利用可能なオプション

- **1 Abs = 1 mg/mL**。サンプルタイプおよび/または吸光係数が分かっている場合(タンパク質濃度の概算が生成されます)
- **BSA** (ウシ血清アルブミン、6.67 L/gm-cm)
- **IgG** (哺乳類抗体、13.7 L/gm-cm)
- **リゾチーム** (卵白リゾチーム、26.4 L/gm-cm)
- **その他のタンパク質 (ϵ + MW)**、ユーザー指定のモル吸光係数
- **その他のタンパク質 (ϵ 1%)**、ユーザー指定の質量吸光係数

注: 詳細については、「[サンプルタイプ](#)」を参照してください。

測定値

A280 吸光度

注: 750 nm での吸光度値は、スペクトル内のすべての波長から差し引かれます。その結果、750 nm での吸光度は、表示されるスペクトル内で0(ゼロ)になります。また、マイクロボリューム吸光度測定値および非標準(10 mm 以外の)キュベットで取られた測定値の場合、スペクトルは10 mm 光路長相当に正規化されます。

- タンパク質吸光度値は、750 nm でノーマライズされたスペクトルを使用して280 nm で測定されます。分析補正および色素補正が選択されていない場合、これはレポートされるA280 値およびタンパク質濃度を算出するために使用される値になります。
- **分析補正**が選択されている場合、750 でノーマライズし、分析補正された280 nm の吸光度値がタンパク質濃度を算出するために使用されます。
- 色素を使用する場合は、750 でノーマライズし、**色素の補正**ファクターで分析補正された280 nm の吸光度値がタンパク質濃度を算出するために使用されます。

色素濃度は、色素の分析波長、色素の吸光係数、およびサンプルの光路長での吸光度値から算出されます。スロープ色素補正も使用できます。

色素吸光度

- 色素吸光度値は特定の波長で測定されます。使用される分析波長については、「[色素 /Chrom. 編集](#)」を参照してください。
- [スロープ色素補正] が選択されている場合、線形ベースラインは 400 nm ~ 750 nm の範囲内になります。各色素のスロープベースラインの吸光度は、各色素の分析波長での吸光度値から差し引かれます。ベースライン補正された色素吸光度値は、報告され、色素濃度を算出するために使用されます。

色素補正

- 事前定義された色素には、A260 および A280 の既知の補正值があります。使用される補正值については、「[色素 /Chrom. 編集](#)」を参照してください。
- A280 色素濃度は、タンパク質濃度を算出するために使用される [A280 吸光度値](#) から差し引かれます。

サンプル光路長

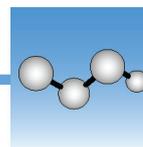
- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

結果画面

- **タンパク質濃度**。選択した単位 (mg/mL または $\mu\text{g/mL}$) で報告されます。計算は、補正されたタンパク質吸光度値を使用するランベルト・ベールの方程式に基づきます。
- **色素 1 / 色素 2 濃度** .pmol/ μL 単位で報告されます。計算は、ベースライン補正された色素吸光度値を使用するベールの方程式に基づきます。

関連トピック

- [ランベルト・ベールの方程式](#)
 - [タンパク質 A280 計算](#)
-



タンパク質 A205 測定

205 nm で吸収する精製済み総タンパク質の濃度を測定します。

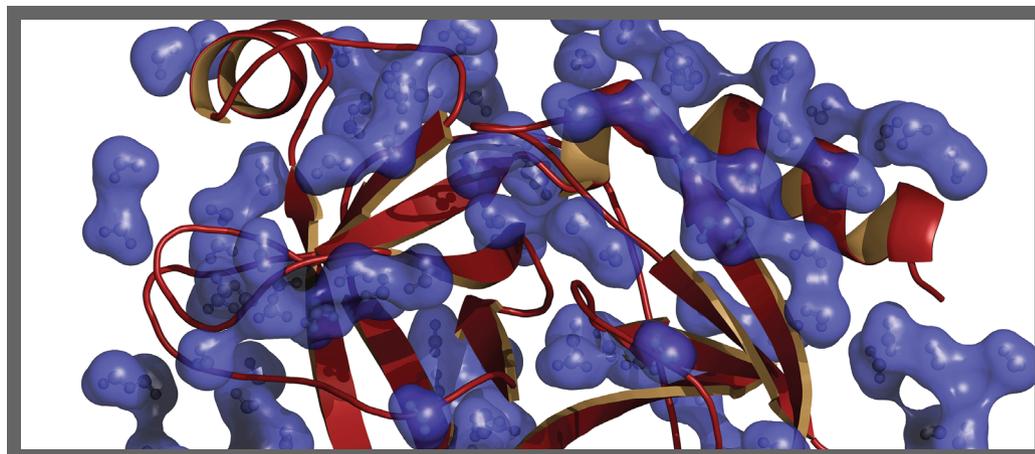
A205 タンパク質測定

測定結果

設定

検出限界

計算



タンパク質 A205 濃度測定

タンパク質 A205 アプリケーションを使用して、205 nm で吸光度を示す、精製済みペプチドおよびペプチド結合を含む他のタンパク質を定量化します。このアプリケーションは、タンパク質濃度と2つの吸光度値 (A205 および A280) をレポートします。シングルポイントベースライン補正も使用できます。このアプリケーションにはスタンダードカーブは必要ありません。

注記 サンプルに主にトリプトファンやチロシンなどのアミノ酸、または cys-cys ジスルフィド結合が含まれている場合、タンパク質 A205 ではなく、[タンパク質 A280 アプリケーション](#)を使用します。

タンパク質 A205 サンプル測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷を引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ タンパク質 A205 サンプル測定方法

1. ホーム画面から [**タンパク質**] タブを選択し、[**タンパク質 A205**] をタップします。
2. 必要に応じて、**サンプルタイプ**と**ベースライン補正**を指定します。
3. ブランク溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、またはブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント : キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を**合**せてください。

4. [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント : **自動ブランク**がオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

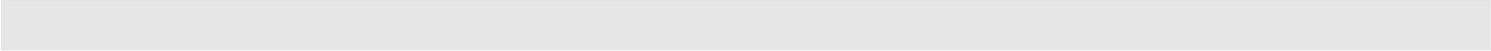
5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。
 - 台座 : **自動測定**をオンにし、アームを下げます。自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[**測定**] をタップします。
 - キュベット : [**測定**] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[**実験終了**] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

関連トピック

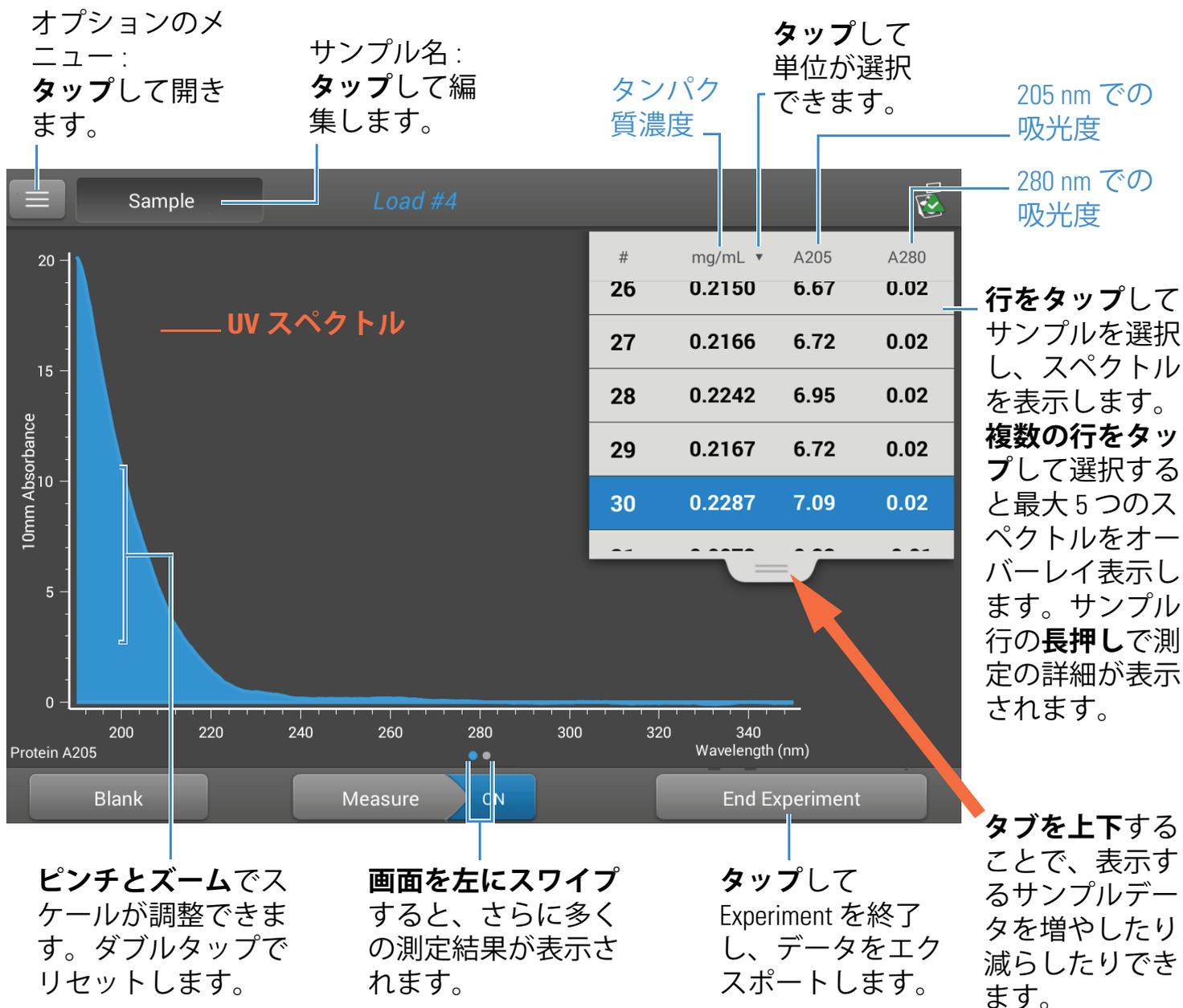
- [タンパク質測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)

- サンプルとブランクの準備
 - 基本操作
- 

タンパク質 A205 測定結果

タンパク質 A205 測定画面

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。



注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質 A205 結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

アプリケーション サンプル名: **タップ**
 サンプリ して編集します。
 ング方法

Sample Details	Protein A205	Pedestal
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	

測定され
た日時
タンパク質
濃度
205 nm での
吸光度
280 nm での
吸光度
サンプル
タイプ

ベースライン
補正波長 ベースライン
補正吸光度

関連トピック

- 基本操作
- タンパク質 A205 算出

タンパク質 A205 測定の設定

タンパク質 A205 設定を表示するには、タンパク質 A205 測定画面から、☰ > [タンパク質 A205 設定] をタップします。

設定	利用可能なオプション	質量吸光係数 (L/gm-cm)	説明
サンプルタイプ	31	31	205 nm で $\epsilon 0.1\%$ (1 mg/mL) = 31 と仮定します。
	範囲	$27 + 120 * (A280/A205)$	205 nm で $\epsilon 0.1\%$ (1 mg/mL) = $27 + 120 * (A280/A205)$ と仮定します。
	その他のタンパク質 ($\epsilon 1\%$)	ユーザーが入力した質量吸光係数	タンパク質に既知の質量吸光係数 (ϵ) があると仮定します。1 mg/mL ($\epsilon 0.1\%$) タンパク質溶液の質量吸光係数 (L/gm-cm 単位) を入力します。
ベースライン補正	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (340 nm) を使用します	該当なし	指定されたベースライン補正波長を、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0 (ゼロ) になります。

関連トピック

- [機器設定](#)

タンパク質 A205 測定の計算

他のタンパク質アプリケーションと同様に、タンパク質 A205 は [ランベルト・ベールの方程式](#) を使用して、サンプルの吸光係数と光路長に基づいて吸光度を濃度に変換します。

このアプリケーションには3つのオプションがあり (右に示されています)、測定された各サンプルに適切な吸光係数を選択することができます。吸光係数はサンプル濃度を算出するためにベールの法則と併用されます。

サンプルの吸光係数が分かっている場合は、 $\epsilon 1\%$ (質量) オプションを選択し、値を入力します。係数が分からない場合は、吸光係数を算出するか、またはサンプル溶液に最適なオプションを選択します。

ヒント: 理想的には、吸光係数は実験と同じ緩衝液を使用した既知濃度の対象タンパク質溶液で決定される必要があります。

吸光係数に利用可能なオプション

- **31**。205 nm で $\epsilon 0.1\%$ (1 mg/mL) = 31 と仮定します。
- **範囲**。205 nm で $\epsilon 0.1\%$ (1 mg/mL) = $27 + 120 * (A280/A205)$ と仮定します。
- **その他のタンパク質**。1 mg/mL ($\epsilon 0.1\%$) タンパク質溶液の質量吸光係数 (L/gm-cm 単位) を入力します。

注: 詳細については、「[サンプルタイプ](#)」を参照してください。

算出されるタンパク質濃度は、205 nm での吸光度値、選択 (または入力) される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイントベースライン補正も適用できます。

濃度は、質量単位としてレポートされます。計算器はインターネット上で利用可能で、サンプル配列に基づいて濃度を質量単位からモル単位に変換します。

測定値

A205 吸光度

注: マイクロボリューム吸光度測定値および非標準 (10 mm 以外の) キュベットで測定した値の場合、スペクトルは 10 mm 光路長相当に正規化されます。

- タンパク質吸光度値は、ノーマライズされたスペクトルを使用して 205 nm で測定されます。ベースライン補正が選択されていない場合、これはレポートされる A205 値およびタンパク質濃度を算出するために使用される値になります。
- ベースライン補正が選択されている場合、205 nm でノーマライズされ、ベースライン補正された吸光度値がレポートされ、タンパク質濃度を算出するために使用されます。

A280 吸光度

- 280 nm でノーマライズされ、(選択されている場合) ベースライン補正された吸光度値もレポートされます。

サンプル光路長

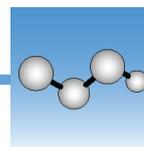
- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

結果画面

- タンパク質濃度。** 選択した単位 (mg/mL または $\mu\text{g/mL}$) で報告されます。計算は、補正されたタンパク質吸光度値を使用するランベルト・ベールの方程式に基づきます。

関連トピック

- [ランベルト・ベールの方程式](#)
- [タンパク質 A280 計算](#)



タンパク質 BCA 法測定

ビスニコニン酸比色検出試薬を使用して、未精製のタンパク質サンプルの総タンパク質濃度を測定します。

総タンパク質測定

測定結果

設定

検出限界



総タンパク質濃度の測定

タンパク質 BCA 法アッセイは、未精製のタンパク質サンプル中の総タンパク質濃度を測定するために、比色検出試薬としてビスニコニン酸を使用します。このアプリケーションは、希釈タンパク質溶液や 200 nm ~ 280 nm 付近に吸光度の高い物質が有り、280 nm や 205 nm で直接測定値が不向きなタンパク質サンプルの測定に有効です。このアプリケーションは、562 nm で吸光度を測定し、スタンダードカーブを使用してタンパク質濃度を算出します。シングルポイントベースライン補正が適用されます。

タンパク質 BCA 法アッセイ理論

タンパク質 BCA 法アッセイでは、アルカリ性環境で Cu^{+2} が特定のタンパク質により減少し、その時に形成された Cu^{+1} の検出試薬としてビスニコニン酸 (BCA) を使用します。紫色反応生成物は、銅イオンの 1 つ (Cu^{+1}) と BCA の 2 つの分子がキレート化することにより形成されます。タンパク質の存在下で形成される Cu-BCA キレートは、562 nm で測定され、750 nm でベースライン補正されます。予め調整された BCA 試薬および CuSO_4 のキットは弊社で販売しており、販売代理店を通じてご購入いただけます。

タンパク質アッセイキットとプロトコル

NanoDrop One 機器の最新のキットおよびプロトコルについては、NanoDrop Web サイトを参照してください。すべてのスタンダードおよびサンプル (未知) については、アッセイキットメーカーの推奨事項に従ってください。それぞれの反応時間や温度はアッセイ全体を通じて同じ条件にしてください。

スタンダードカーブを作成するためのタンパク質 (BSA) スタンダードも、各メーカーから提供されています。NanoDrop One は、従来のキュベットベースの分光光度計よりも高いタンパク質濃度を測定できるため、市販のスタンダードよりも高い濃度で、独自のタンパク質スタンダードを準備することが必要になる可能性があります。たとえば、追加のスタンダードは、必ずスタンダードカーブがアッセイのダイナミックレンジおよび未知サンプルの予想される濃度に対応するようにする必要があります。

スタンダードカーブの作成

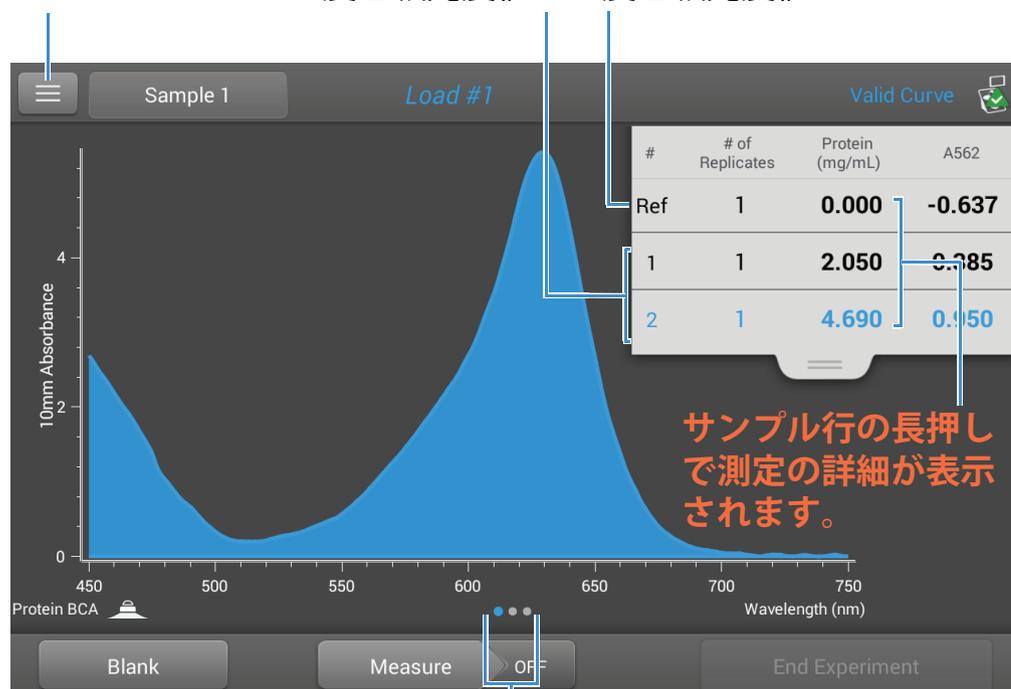
スタンダードカーブは、比色タンパク質アッセイに必要です。

- Experiment ごとに新しいスタンダードカーブが必要になります。
- スタンダードおよび未知のサンプルを同様に準備します。キットメーカーのガイドラインおよび推奨事項を参照してください。
 - **すべてのリファレンス溶液とスタンダード溶液**は、サンプルを再懸濁するために使用されるのと同じ緩衝液、およびサンプルに追加されるのと同じ試薬量にする必要があります。
 - **最初のスタンダード**はリファレンス測定です。リファレンス溶液には目的分析物が全く含まれないようにする必要があります (リファレンス測定は、ブランク測定と同じではありません。このアプリケーションには両方が必要です)。
 - **スタンダードの濃度範囲**は、アッセイのダイナミックレンジおよび未知サンプルの予想される濃度内にしなければなりません。サンプル分析物は、最も濃いスタンダード濃度を超えると測定できません。
- アプリケーション設定画面で、スタンダードの濃度値を入力し、スタンダードとサンプルの設定 (レプリケートの数など) を指定します。
 - スタンダードカーブは [カーブタイプ] 設定に応じて、2 つ以上のスタンダードを使用して作成できます。
 - ソフトウェアは **1 つのリファレンスと、最大 7 つまでのスタンダード**が設定が可能です。
 - **スタンダードの濃度値**は任意の順序で入力できますが、スタンダードは入力された順序で測定されなければなりません。ただし、スタンダード測定の適切な方法は、最も低い濃度から最も高い濃度へと測定されるよう定めています。

- タンパク質 Pierce 660 法アッセイを除く、すべての比色アッセイは、脱イオン水 (DI H₂O) を**ブランクに使用します**。タンパク質 Pierce 660 法アッセイの場合、リファレンス溶液を使用してブランクにします (以下を参照してください)。
- サンプル測定を始める前に、**リファレンスとすべてのスタンダードを測定します** (最初のサンプルの測定をしてからは、スタンダードカーブに対する変更はできません)。

スタンダードを測定する際には、サンプルの測定画面に似た測定画面が表示されます。

メニュー：**タップ** スタンダード濃度と吸光度値 リファレンス濃度と吸光度値
して開きます。

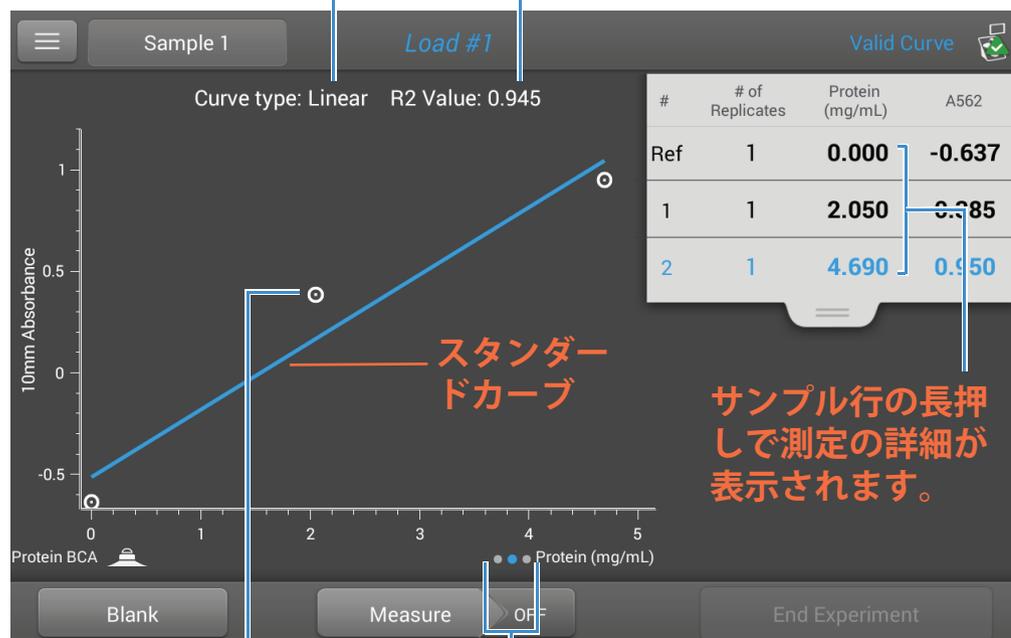


画面を左にスワイプし、スタンダードカーブを表示します。

画面を左にスワイプし、作成したスタンダードカーブを確認します。以下に例を示します。

カーブタイプ設定

R² 値 (1.0 は完全適合に相当する)



スタンダードカーブ

サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

スタンダードのデータポイントは白丸で示されます。

画面を左にスワイプすると、スタンダードのデータ表が表示できます。

R² 値は、スタンダードカーブがスタンダードデータポイントにどの程度よく適合しているのかを示します (1.0 は完全適合であり、全ての点がちょうどカーブ上にあります)。

画面を左にスワイプし、スタンダードのデータ表を確認します。以下に例を示します。

#	# 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

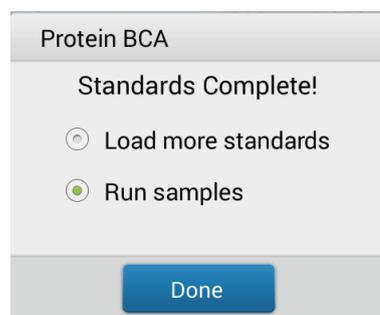
サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

前のいずれかの画面で行を長押しし、個々のスタンダードに関する詳細を表示します。以下に例を示します。

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

タップしてこの測定を削除する

選択したカーブタイプについて最小限のスタンダードが測定されたら、以下のようなメッセージが表示されます。



[**さらに多くのスタンダードをロード**]: スタンダードの濃度値を追加または編集できる設定画面に戻り、スタンダードを測定します。

[**サンプルを測定**]: サンプル測定画面に進みます。測定画面では、スタンダードを編集することはできません。

- 最初のサンプル測定の前であれば、いつでもスタンダードを追加、編集、または削除できます。

スタンダードの追加

- スタンダード測定画面から、 > [[**アプリケーション名**] **設定**] をタップします。
- 次の空の [濃度] 入力フィールドをタップし、新しいスタンダードの濃度値を入力します。
- [**完了**] をタップします。

スタンダードの編集

- スタンダード測定画面から、 > [[**アプリケーション名**] **設定**] をタップします。
- [濃度] 入力フィールドをタップし、濃度値を編集します。
- [**完了**] をタップします。

スタンダードの削除

- スタンダード測定画面、スタンダードカーブ画面、またはスタンダードデータ表から、行を長押しして [スタンダードの詳細] ボックスを表示します。
-  をタップします。

そのスタンダードは、測定画面上の表に表示されなくなり、その濃度値は設定画面上に表示されなくなります。

注記 この方法を使って、リファレンス測定を削除できます。ただし、その後直ちに、新しいリファレンスが測定されなければなりません。

- 選択したカーブタイプについて最小限のスタンダードが測定された後で、[無効なカーブ]というメッセージが[有効なカーブ]に変わります(追加のスタンダードが定義されているのに、測定されていない場合にもこの状態になります)。入力したすべてのスタンダードが測定された後に、[無効なカーブ]メッセージが引き続き表示される場合は、以下のことを試します。
 - 別のカーブタイプの選択
 - 正しいスタンダード物質を使用したスタンダードの測定

有効なカーブ指標:これは、選択したカーブタイプに対して必要な最小限のポイントが定められたことの指標でしかありません。カーブの完全性を確認するものではありません。たとえば、予想されるアッセイ濃度範囲を含めるために、追加のスタンダードが必要とされる場合があります。

タンパク質 BCA 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ タンパク質 BCA 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

1. ホーム画面から [タンパク質] タブを選択し、[タンパク質 BCA 法] をタップします。
2. [カーブタイプ](#) および [各スタンダードのレプリケートの数](#) を指定し、[各スタンダードの濃度](#) を入力します。

ヒント: このアッセイでは、[カーブタイプ] を [線形] に設定することをお奨めします。

3. ブランクを測定します。
 - 2 μ L の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、または脱イオン水の入ったブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

- [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。
 - アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
4. リファレンススタンダードの測定:
- リファレンス溶液 2 μ L をピペットで取り、台座に滴下するか、またはリファレンスキュベットを挿入します (リファレンス溶液にはスタンダードタンパク質ストックが全く含まれないようにする必要があります。詳細については、「**スタンダードカーブとの連携**」を参照してください)。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
5. 残りのスタンダードを測定します。
- 2 μ L のスタンダード 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはスタンダード 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
 - 各追加のスタンダードについて上述のサブステップを繰り返します (指定した数のスタンダードとレプリケートが測定されたとき、より多くのスタンダードをロードするか、またはサンプルの測定を開始するかを尋ねるメッセージが表示されます)。
 - スタンダードの測定を終えたら、[**完了**] をタップします (スタンダードカーブを表示するには、左にスワイプします)。
6. サンプルを測定します。
- 2 μ L のサンプル 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはサンプル 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
7. サンプルの測定を終えたら、[**実験終了**] をタップします。
8. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

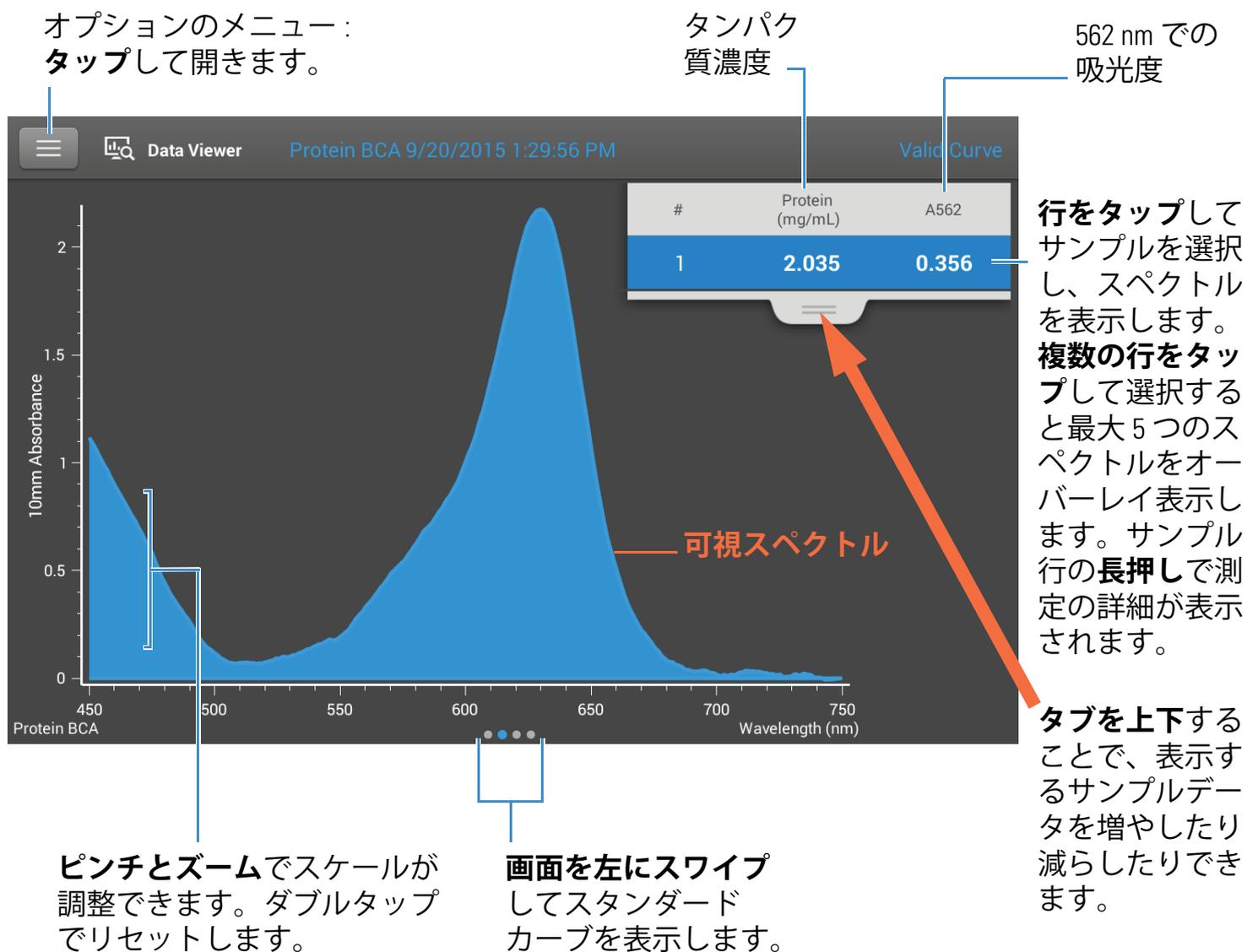
関連トピック

- [タンパク質測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

タンパク質 BCA 法測定結果

タンパク質 BCA 法測定画面 (データビューアーから表示)

測定された各サンプルおよびスタンダードについて、このアプリケーションは可視吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。測定画面から左にスワイプすることにより (または、以下に示されている [データビューアー](#) で)、スタンダードカーブを利用することもできます。



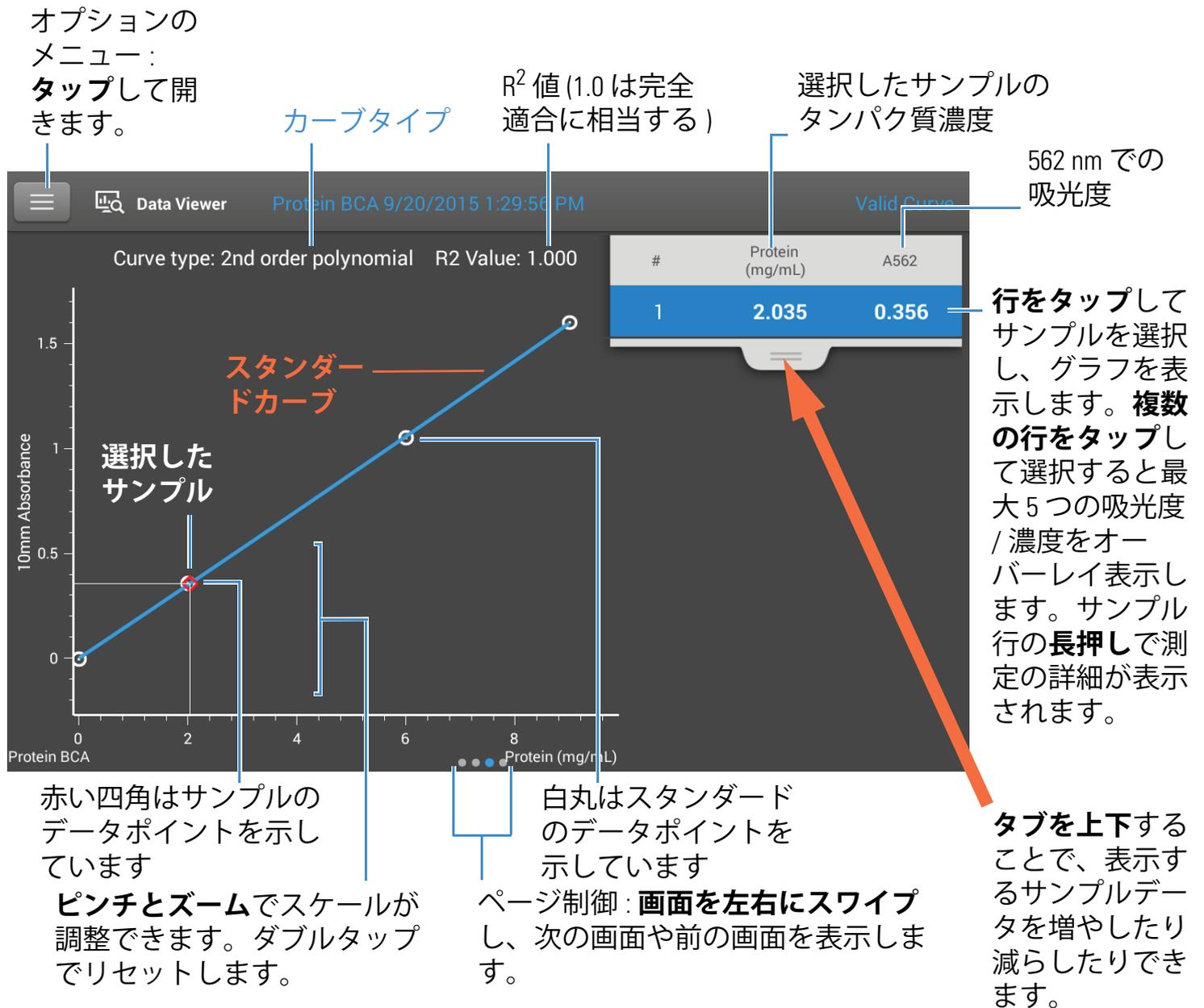
注記

- ベースライン補正は 750 nm で実行されます (750 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質 BCA 法スタンダードカーブ画面

スタンダードカーブ画面では、選択したサンプルの測定されたスタンダード、算出されたスタンダードカーブ、および測定された吸光度と算出された濃度の関係が図示されます。横線は、Y 軸上のサンプル吸光度値をスタンダードカーブにつなげます。縦線は、その点を X 軸上のサンプル濃度値につなげます。

R^2 値は、スタンダードカーブがスタンダードデータポイントにどの程度よく適合しているのかを示します (1.0 は完全適合です。つまり、全ての点がちょうどカーブ上にあります)。



タンパク質 BCA 法結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面およびスタンダード画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

サンプリング方法

サンプル名: **タップ**して編集します。

Field	Value
Sample Name	Sample 1
Created on	9/20/2015 6:29:56 PM
Protein (mg/mL):	2.035
A562:	0.356
Baseline correction	750.00 nm 0.04 absorbance

測定された日時

タンパク質濃度

562 nm での吸光度

ベースライン補正波長

ベースライン補正吸光度

OK

関連トピック

- [基本操作](#)
- [タンパク質 A280 計算](#)

タンパク質 BCA 法測定の設定

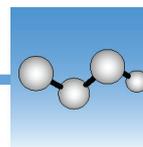
タンパク質 BCA 法設定を表示するには、タンパク質 BCA 法測定画面から、 > [**タンパク質 BCA 法設定**] をタップします。

注記 アプリケーション測定画面の上部にあるリストボックスを変更することにより、スタンダードを測定する際にカーブタイプ設定を編集できます。アプリケーション設定画面からスタンダードの濃度値を編集できます。最初のサンプルの測定後は、これらの設定を変更できません。

設定	説明
カーブタイプ	<p>スタンダード濃度値からスタンダードカーブを作成するために使用される方程式のタイプを指定します。利用可能なオプション：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 線形（一次式）：すべての測定されたスタンダードにわたって線形最小二乗線を引きます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。 • 補間：一連の直線を引いてすべての測定されたスタンダードをつなげます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。 • 二次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して二次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも2つのスタンダードが必要です）。 • 三次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して三次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも3つのスタンダードが必要です）。
レプリケート	<p>関連付けられている濃度値を生成するためにまとめて平均値を求められる、リファレンスまたは同じスタンダードあるいはサンプルの測定数を入力します。</p> <p>注：最初のスタンダードの測定後には、レプリケート設定を変更できません。</p>
スタンダード	<p>各スタンダードの実際の濃度値を入力します。</p> <p>注：濃度値は任意の順序で入力できますが、スタンダードは、入力された順序で測定されなければなりません。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)



タンパク質 Bradford 法測定

Coomassie ブルー色素比色検出試薬を使用して、未精製のタンパク質サンプルの総タンパク質濃度を測定します。

総タンパク質の測定

測定結果

設定

検出限界



総タンパク質濃度の測定

タンパク質 Bradford 法アッセイは、未精製のタンパク質サンプル中の総タンパク質濃度を測定するために、比色検出試薬として Coomassie ブルー色素を使用します。このアプリケーションは、280 nm または 205 nm で直接のタンパク質測定値を除外する、200 nm ~ 280 nm の範囲の有意な吸光度を示す成分の存在下で、より低い検出感度またはタンパク質を必要とする希釈タンパク質溶液を測定するために役立ちます。このアプリケーションは、595 nm で吸光度を測定し、スタンダードカーブを使用してタンパク質濃度を算出します。詳細については、「[スタンダードカーブの作成](#)」を参照してください。シングルポイントベースライン補正が適用されます。

タンパク質 Bradford 法アッセイ理論

タンパク質 Bradford 法アッセイは、Coomassie ブルー色素のタンパク質誘導吸光度シフトを利用して、総タンパク質濃度を測定します。結合タンパク質色素複合体は、595 nm で測定され、750 nm で吸光度値を使用してベースライン補正されます。Coomassie ブルー色素、アルコール、界面活性剤を含む安定化試薬混合物のキットは、販売代理店から入手できます。

タンパク質 Bradford 法アッセイにより信頼性を最大限にする方法

- **素早く作業を行い、準備したスタンダードまたはサンプルを必要以上に長い間置いておかないでください。** Coomassie 色素 - 色素および Coomassie 色素 - タンパク質アグリゲートは、成長時間の増加につれて粒子を形成する場合があります。これは吸光度測定値の大きな変動の原因になります。
- **測定ごとに新しく調製したスタンダードとサンプルを 3 回繰り返し測定します。** 台座測定の場合、595 nm での全体の被分析物 (タンパク質 - 色素) 信号は、台座の 1.0 mm 光路長、Coomassie 色素濃度、および酸 pH が原因で、 $-0 \sim 0.150A$ に限定されます。

注記 NanoDrop One^c モデル機器をお使いの場合、キュベットオプションを使用すると、より高い吸光度信号が得られます。

タンパク質アッセイキットとプロトコル

NanoDrop One 機器の最新のキットおよびプロトコルについては、NanoDrop Web サイトを参照してください。すべてのスタンダードおよびサンプル (未知) については、アッセイキット製造業者の推奨事項に従ってください。それぞれがアッセイ全体を通じて同じタイミングと温度になるようにします。

スタンダードカーブを発生させるためのタンパク質スタンダードも、キット製造業者により提供される場合があります。NanoDrop One 台座は、従来のキュベットベースの分光光度計よりも高いタンパク質濃度を測定できるため、製造業者により提供されたものよりも高い濃度で、独自のタンパク質スタンダードを提供することが必要になる可能性があります。たとえば、追加のスタンダードは、必ずスタンダードカーブがアッセイのダイナミックレンジおよび未知のサンプルの予想される範囲に対応するようにする必要があります。

タンパク質 Bradford 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ タンパク質 Bradford 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

1. ホーム画面から [タンパク質] タブを選択し、[タンパク質 Bradford 法] をタップします。
2. [カーブタイプ](#) および [各スタンダードのレプリケート](#) の数を指定し、[各スタンダードの濃度](#) を入力します。

ヒント: このアッセイでは、[カーブタイプ] を [二次多項式] に設定し、[レプリケート] を [3] に設定します。

3. ブランクを測定します。
 - 2 μ L の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、または脱イオン水の入ったブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

- [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。
 - アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
4. リファレンススタンダードの測定:
- リファレンス溶液 2 μ L をピペットで取り、台座に滴下するか、またはリファレンスキュベットを挿入します (リファレンス溶液にはスタンダードタンパク質ストックが全く含まれないようにする必要があります。詳細については、「**スタンダードカーブとの連携**」を参照してください)。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
5. 残りのスタンダードを測定します。
- 2 μ L のスタンダード 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはスタンダード 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
 - 各追加のスタンダードについて上述のサブステップを繰り返します (指定した数のスタンダードとレプリケートが測定されたとき、より多くのスタンダードをロードするか、またはサンプルの測定を開始するかを尋ねるメッセージが表示されます)。
 - スタンダードの測定を終えたら、[**完了**] をタップします (スタンダードカーブを表示するには、左にスワイプします)。
6. サンプルを測定します。
- 2 μ L のサンプル 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはサンプル 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
7. サンプルの測定を終えたら、[**実験終了**] をタップします。
8. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

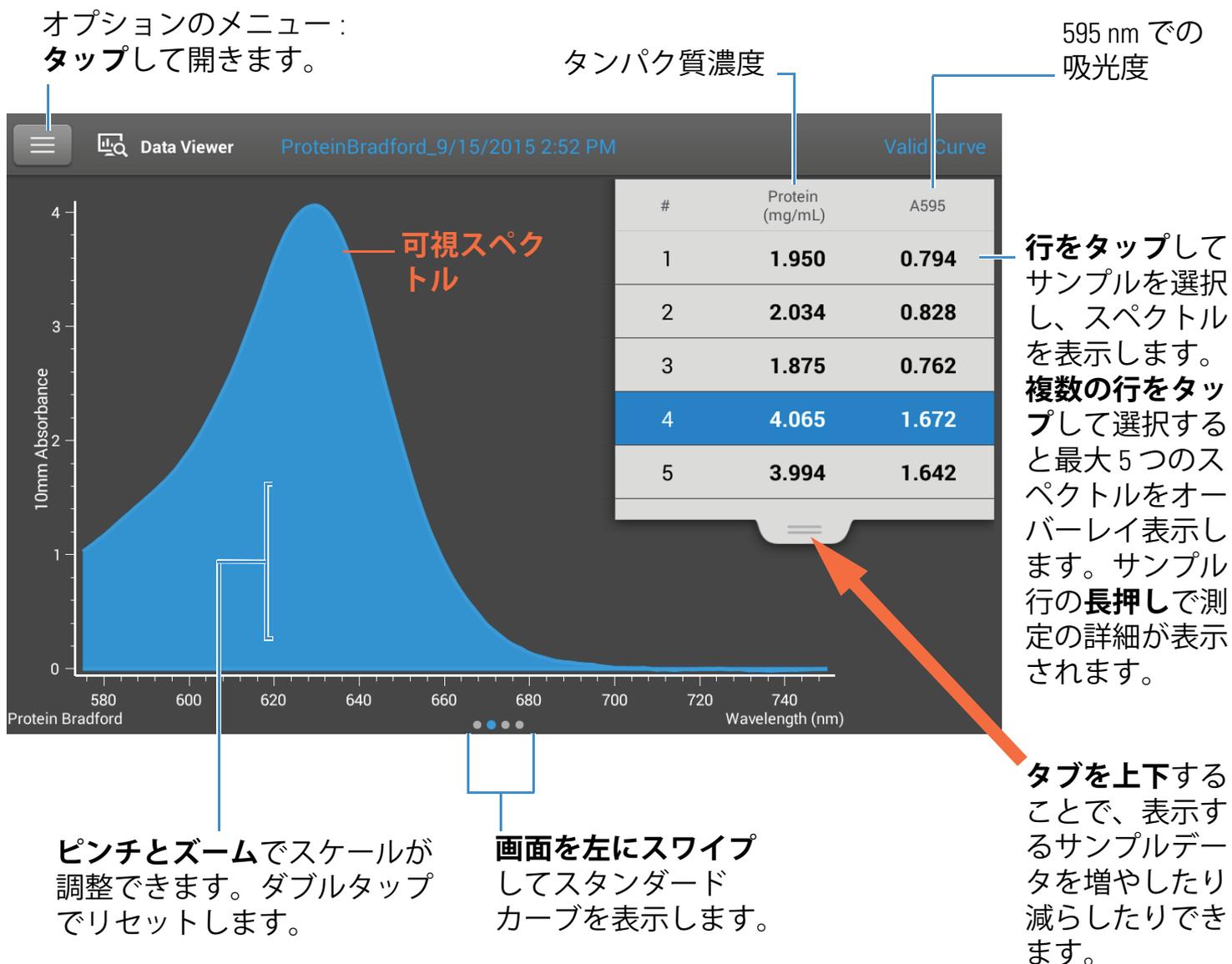
関連トピック

- [スタンダードカーブの作成](#)
- [タンパク質測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

タンパク質 Bradford 法測定結果

タンパク質 Bradford 法測定画面 (データビューアーから表示)

測定された各サンプルおよびスタンダードについて、このアプリケーションは可視吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。測定画面から左にスワイプすることにより (または、以下に示されている [データビューアー](#) で)、スタンダードカーブを利用することもできます。



注記

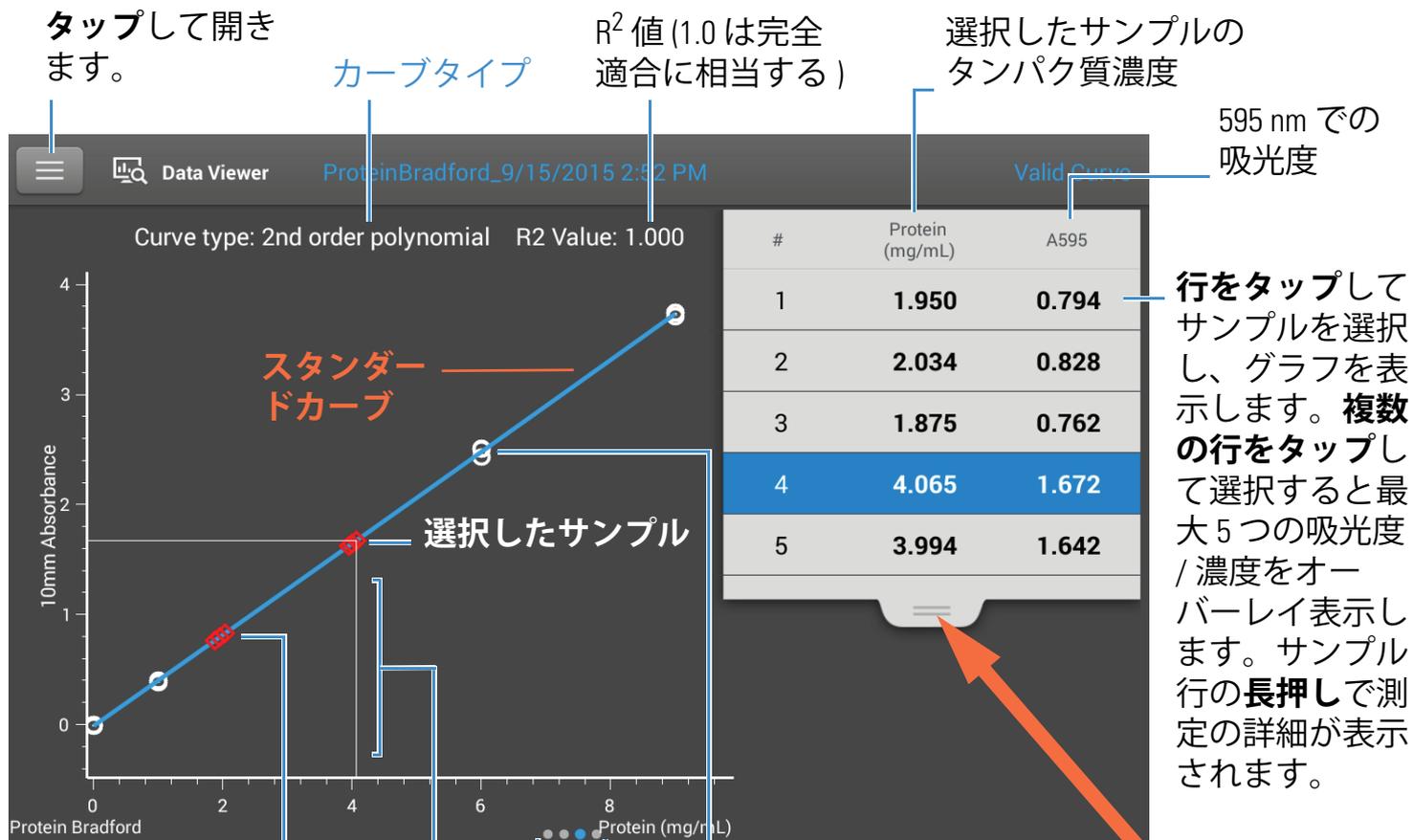
- ベースライン補正は 750 nm で実行されます (750 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質 Bradford 法スタンダードカーブ画面

スタンダードカーブ画面では、選択したサンプルの測定されたスタンダード、算出されたスタンダードカーブ、および測定された吸光度と算出された濃度の関係が図示されます。横線は、Y 軸上のサンプル吸光度値をスタンダードカーブにつなげます。縦線は、その点を X 軸上のサンプル濃度値につなげます。

R^2 値は、スタンダードカーブがスタンダードデータ点にどの程度よく適合しているのかを示します (1.0 は完全適合です。つまり、全ての点がちょうどカーブ上にあります)。

オプションのメニュー：
タップして開きます。



赤い四角はサンプルのデータポイントを示しています

ピンチとズームでスケールが調整できます。ダブルタップでリセットします。

白丸はスタンダードのデータポイントを示しています

ページ制御：画面を左右にスワイプし、次の画面や前の画面を表示します。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

行をタップしてサンプルを選択し、グラフを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つの吸光度 / 濃度をオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

注記

- ベースライン補正は 750 nm で実行されます (750 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質 Bradford 法結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面およびスタンダード画面 (前の図を参照) には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

サンプリング方法: Pedestal

サンプル名: **タップ**して編集します。

Sample Name	Custom 2, 1	測定された日時
Created on	9/15/2015 2:52:08 PM	タンパク質濃度
Protein (mg/mL):	4.065	595 nm での吸光度
A595:	1.672	
Baseline correction	750.00 nm 0.01 absorbance	

ベースライン補正波長: 750.00 nm

ベースライン補正吸光度: 0.01 absorbance

関連トピック

- [スタンダードカーブ例](#)
- [基本操作](#)
- [タンパク質 A280 計算](#)

タンパク質 Bradford 法測定の設定

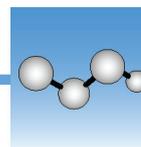
タンパク質 Bradford 法設定を表示するには、タンパク質 Bradford 法測定画面から、 > [**タンパク質 Bradford 法設定**] をタップします。

注記 アプリケーション測定画面の上部にあるリストボックスを変更することにより、スタンダードを測定する際にカーブタイプ設定を編集できます。アプリケーション設定画面からスタンダードの濃度値を編集できます。最初のサンプルの測定後は、これらの設定を変更できません。

設定	説明
カーブタイプ	<p>スタンダード濃度値からスタンダードカーブを作成するために使用される方程式のタイプを指定します。利用可能なオプション：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 線形（一次式）：すべての測定されたスタンダードにわたって線形最小二乗線を引きます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。 • 補間：一連の直線を引いてすべての測定されたスタンダードをつなげます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。 • 二次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して二次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも2つのスタンダードが必要です）。 • 三次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して三次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも3つのスタンダードが必要です）。
レプリケート	<p>関連付けられている濃度値を生成するためにまとめて平均値を求められる、リファレンスまたは同じスタンダードあるいはサンプルの測定数を入力します。</p> <p>注：最初のスタンダードの測定後には、レプリケート設定を変更できません。</p>
スタンダード	<p>各スタンダードの実際の濃度値を入力します。</p> <p>注：濃度値は任意の順序で入力できますが、スタンダードは、入力された順序で測定されなければなりません。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)



タンパク質 Lowry 法測定

Folin-Ciocalteu 比色検出試薬を使用して、未精製のタンパク質サンプルの総タンパク質濃度を測定します。

総タンパク質の測定

測定結果

設定

検出限界



総タンパク質濃度の測定

タンパク質 Lowry 法アッセイは、未精製のタンパク質サンプル中の総タンパク質濃度を測定するために、比色検出試薬として Folin-Ciocalteu を使用します。このアプリケーションは、200 nm ~ 280 nm の範囲の有意な吸光度を示す成分の存在下で、希釈タンパク質溶液またはタンパク質を測定するための他の比色アプリケーションに代わるものです。このアプリケーションは、650 nm で吸光度を測定し、スタンダードカーブを使用してタンパク質濃度を算出します。詳細については、「[スタンダードカーブの作成](#)」を参照してください。シングルポイントベースライン補正が適用されます。

タンパク質 Lowry 法アッセイの理論

タンパク質 Lowry 法アッセイは、アルカリ性溶液中の硫酸銅とタンパク質の反応により、四座銅 - タンパク質複合体の生成を含みます。Folin-Ciocalteu 試薬は、キレート化された銅複合体に比例して減少します。反応生成物はブルーの水溶液で、650 nm で測定され、405 nm で吸光度値を使用してベースライン補正されます。Folin-Ciocalteu 試薬および CuSO_4 のキットは、販売代理店から入手できます。

タンパク質アッセイキットとプロトコル

すべてのスタンダードおよびサンプル (未知) については、アッセイキットメーカーの推奨事項に従ってください。それぞれの反応時間や温度はアッセイ全体を通じて同じ条件にしてください。

タンパク質 Lowry 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ タンパク質 Lowry 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

1. ホーム画面から [タンパク質] タブを選択し、[タンパク質 Lowry 法] をタップします。
2. [カーブタイプ](#) および [各スタンダードのレプリケートの数](#) を指定し、[各スタンダードの濃度](#) を入力します。

ヒント: このアッセイでは、[カーブタイプ] を [二次多項式] に設定することをお奨めします。

3. ブランクを測定します。
 - 2 μ L の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、または脱イオン水の入ったブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

- [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。
 - アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
4. リファレンススタンダードの測定 :
- リファレンス溶液 2 μ L をピペットで取り、台座に滴下するか、またはリファレンスキュベットを挿入します (リファレンス溶液にはスタンダードタンパク質ストックが全く含まれないようにする必要があります。詳細については、「**スタンダードカーブとの連携**」を参照してください)。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
5. 残りのスタンダードを測定します。
- 2 μ L のスタンダード 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはスタンダード 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
 - 各追加のスタンダードについて上述のサブステップを繰り返します (指定した数のスタンダードとレプリケートが測定されたとき、より多くのスタンダードをロードするか、またはサンプルの測定を開始するかを尋ねるメッセージが表示されます)。
 - スタンダードの測定を終えたら、[**完了**] をタップします (スタンダードカーブを表示するには、左にスワイプします)。
6. サンプルを測定します。
- 2 μ L のサンプル 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはサンプル 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
7. サンプルの測定を終えたら、[**実験終了**] をタップします。
8. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

関連トピック

- [スタンダードカーブの作成](#)
- [タンパク質測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

タンパク質 Lowry 法測定結果

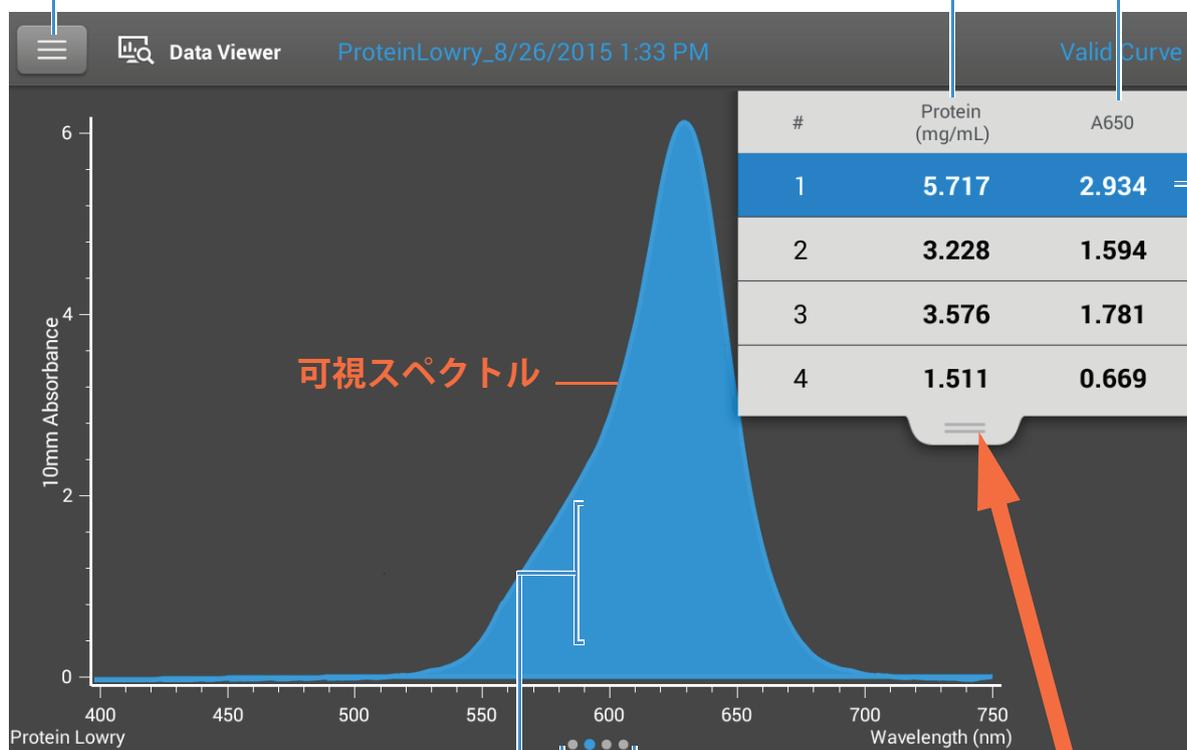
タンパク質 Lowry 法測定画面 (データビューアーから表示)

測定された各サンプルおよびスタンダードについて、このアプリケーションは可視吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。測定画面から左にスワイプすることにより (または、以下に示されている [データビューアー](#) で)、スタンダードカーブを利用することもできます。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

タンパク質濃度

650 nm での
吸光度



可視スペクトル

行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

ピンチとズームでスケールが調整できます。ダブルタップでリセットします。

画面を左にスワイプしてスタンダードカーブを表示します。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

注記

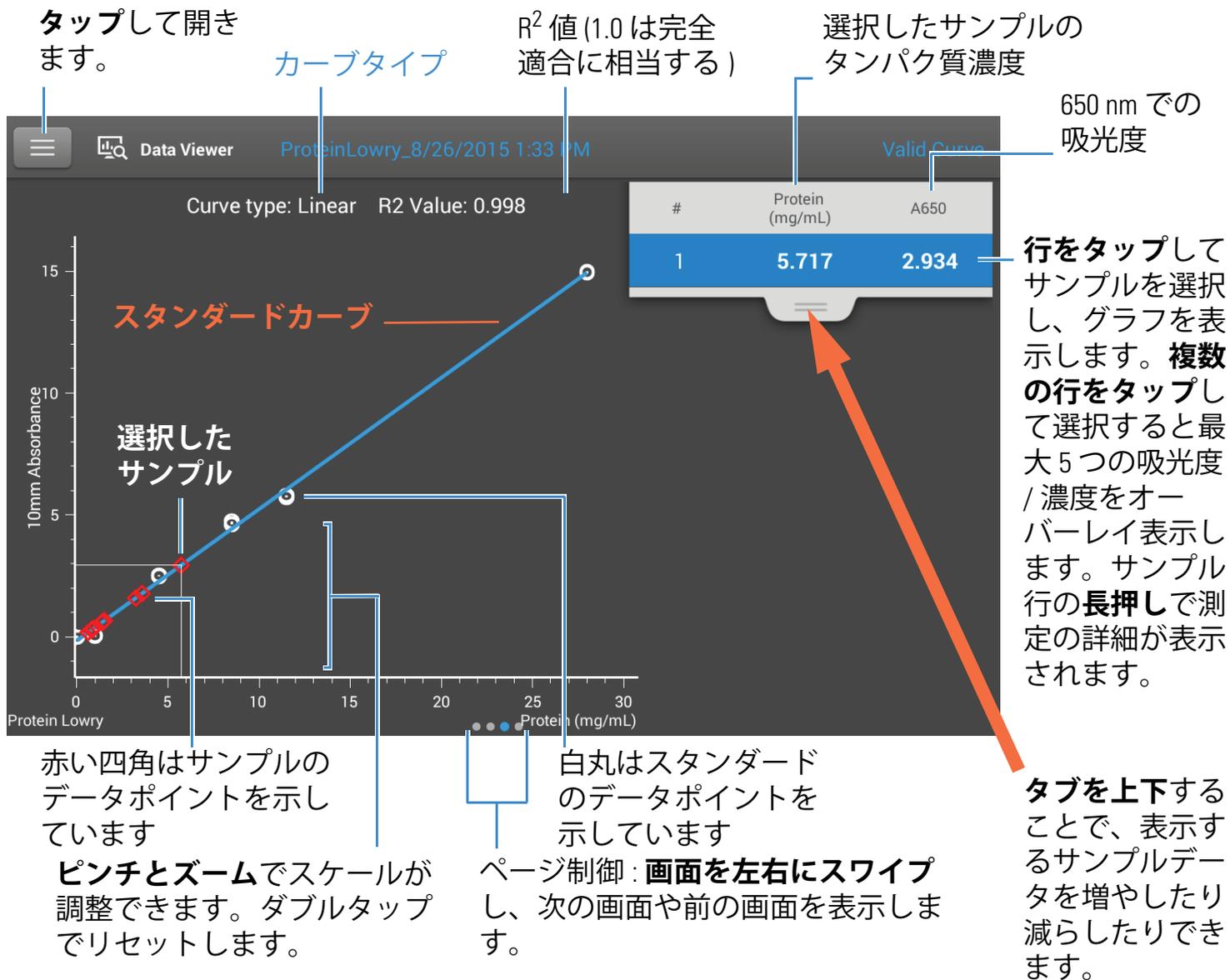
- ベースライン補正は 405 nm で実行されます (405 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および光路長の短い (10mm 以外の) キュベットでの測定値は、10.0mm 光路長相当に換算されます。

タンパク質 Lowry 法スタンダードカーブ画面

スタンダードカーブ画面では、選択したサンプルの測定されたスタンダード、算出されたスタンダードカーブ、および測定された吸光度と算出された濃度の関係が図示されます。横線は、Y 軸上のサンプル吸光度値をスタンダードカーブにつなげます。縦線は、その点を X 軸上のサンプル濃度値につなげます。

R^2 値は、スタンダードカーブがスタンダードデータ点にどの程度よく適合しているのかを示します (1.0 は完全適合です。つまり、全ての点がちょうどカーブ上にあります)。

オプションのメニュー：
タップして開きます。



タンパク質 Lowry 法結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面およびスタンダード画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

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

Field	Value	Annotation
Sample Name	Sample 1	サンプル名: タップして編集します。
Created on	8/26/2015 1:19:36 PM	測定された日時
Protein (mg/mL):	5.717	タンパク質濃度
A650:	2.934	650 nm での吸光度
Baseline correction	405.00 nm 0.02 absorbance	ベースライン補正波長 (405.00 nm) とベースライン補正吸光度 (0.02 absorbance)

Additional annotations on the screen include 'サンプリング方法' pointing to 'Pedestal' and 'OK' button.

関連トピック

- [スタンダードカーブ例](#)
- [基本操作](#)

タンパク質 Lowry 法測定の設定

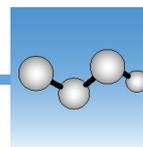
タンパク質 Lowry 法設定を表示するには、タンパク質 Lowry 法測定画面から、 > [タンパク質 Lowry 法設定] をタップします。

注記 アプリケーション測定画面の上部にあるリストボックスを変更することにより、スタンダードを測定する際にカーブタイプ設定を編集できます。アプリケーション設定画面からスタンダードの濃度値を編集できます。最初のサンプルの測定後は、これらの設定を変更できません。

設定	説明
カーブタイプ	<p>スタンダード濃度値からスタンダードカーブを作成するために使用される方程式のタイプを指定します。利用可能なオプション：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 線形（一次式）：すべての測定されたスタンダードにわたって線形最小二乗線を引きます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。 • 補間：一連の直線を引いてすべての測定されたスタンダードをつなげます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。 • 二次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して二次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも2つのスタンダードが必要です）。 • 三次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して三次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも3つのスタンダードが必要です）。
レプリケート	<p>関連付けられている濃度値を生成するためにまとめて平均値を求められる、リファレンスまたは同じスタンダードあるいはサンプルの測定数を入力します。</p> <p>注：最初のスタンダードの測定後には、レプリケート設定を変更できません。</p>
スタンダード	<p>各スタンダードの実際の濃度値を入力します。</p> <p>注：濃度値は任意の順序で入力できますが、スタンダードは、入力された順序で測定されなければなりません。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)



タンパク質 Pierce 660 法測定

特許の比色検出試薬を使用して、未精製タンパク質サンプルの総タンパク質濃度を測定します。

総タンパク質の測定

測定結果

設定

検出限界



総タンパク質濃度の測定

タンパク質 Pierce 660 法アッセイは、未精製のタンパク質サンプル中の総タンパク質濃度を測定するために、比色検出試薬として特許タンパク質結合物質を使用します。このアプリケーションは、高濃度の界面活性剤や還元剤およびその他の試薬の共存下でのタンパク質測定に適しています。Pierce 660 法アプリケーションは、660 nm での吸光度を測定し、タンパク質濃度を算出するためにスタンダードカーブを使用します（詳細については、「[スタンダードカーブの作成](#)」を参照してください）。シングルポイントベースライン補正が適用されます。

タンパク質 Pierce 660 法アッセイの理論

タンパク質 Pierce 660 法アッセイは、660 nm で測定される色素の吸収極大の変化を引き起こす酸性状態における、特許色素 - 金属複合体のタンパク質への結合に基づきます。色素 - 金属複合体は、赤褐色で、タンパク質結合時に緑色に変化します。色の変化は、タンパク質中の正電荷を帯びたアミノ酸基との相互作用により、低い pH での色素の脱プロトン化により生じます。色素は、主にヒスチジ

ン、アルギニン、リジンなどのタンパク質中の塩基性残基、そして度合いは少なくなるものの、チロシン、トリプトファン、フェニルアラニンと相互作用します。反応生成物は、660 nm で測定され、750 nm 吸光度値を使用してベースライン補正されます。

アッセイによる発色は安定で、幅広いレンジでタンパク質濃度の増加に比例して濃くなります。IDCR (Ionic Detergent Compatibility Reagent: イオン性界面活性剤適合性試薬) をアッセイ試薬に追加することで、ブROMOFENOLブルーの Laemmli SDS サンプル緩衝液を含む、高濃度のイオン性界面活性剤との共存下でも測定を可能にします。IDCR は、十分混合することで完全に溶解し、アッセイに影響を及ぼしません。タンパク質結合物質のキットは、弊社またはお近くの販売代理店から入手できます。IDCR の詳細については、キットメーカーにお問い合わせください。

タンパク質アッセイキットとプロトコル

NanoDrop One 機器の最新のキットおよびプロトコルについては、NanoDrop Web サイトを参照してください。すべてのスタンダードおよびサンプル (未知) については、アッセイキット製造業者の推奨事項に従ってください。それぞれがアッセイ全体を通じて同じタイミングと温度になるようにします。

スタンダードカーブを発生させるためのタンパク質スタンダードも、キット製造業者により提供される場合があります。NanoDrop One 台座は、従来のキュベットベースの分光光度計よりも高いタンパク質濃度を測定できるため、製造業者により提供されたものよりも高い濃度で、独自のタンパク質スタンダードを提供することが必要になる可能性があります。たとえば、追加のスタンダードは、必ずスタンダードカーブがアッセイのダイナミックレンジおよび未知のサンプルの予想される範囲に対応するようにする必要があります。

タンパク質 Pierce 660 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ タンパク質 Pierce660 法スタンダードおよびサンプルの測定方法

1. ホーム画面から [**タンパク質**] タブを選択し、 [**タンパク質 Pierce 660 法**] をタップします。
2. **カーブタイプ** および **各スタンダードのレプリケート** の数を指定し、 **各スタンダードの濃度** を入力します。

ヒント: このアッセイでは、 [**カーブタイプ**] を [**線形**] に設定することをお奨めします。

3. ブランクを測定します。
 - リファレンス溶液 2 μL をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、またはリファレンス溶液のブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します (リファレンス溶液にはスタンダードタンパク質ストックが全く含まれないようにする必要があります。詳細については、「[スタンダードカーブの作成](#)」を参照してください)。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

- [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。
 - アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
4. リファレンススタンダードの測定:
- リファレンス溶液 2 μ L をピペットで取り、台座に滴下するか、またはリファレンスキュベットを挿入します (リファレンス溶液にはスタンダードタンパク質ストックが全く含まれないようにする必要があります。詳細については、「**スタンダードカーブとの連携**」を参照してください)。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
5. 残りのスタンダードを測定します。
- 2 μ L のスタンダード 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはスタンダード 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
 - 各追加のスタンダードについて上述のサブステップを繰り返します (指定した数のスタンダードとレプリケートが測定されたとき、より多くのスタンダードをロードするか、またはサンプルの測定を開始するかを尋ねるメッセージが表示されます)。
 - スタンダードの測定を終えたら、[**完了**] をタップします (スタンダードカーブを表示するには、左にスワイプします)。
6. サンプルを測定します。
- 2 μ L のサンプル 1 をピペットで取り、台座に滴下するか、またはサンプル 1 キュベットを挿入します。
 - アームを下げて測定を開始します (または自動測定がオフになっている場合、[**測定**] をタップします)。
 - アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、キュベットを取り外します。
 - レプリケート設定が 1 より大きくなっている場合、測定を繰り返します。
7. サンプルの測定を終えたら、[**実験終了**] をタップします。
8. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

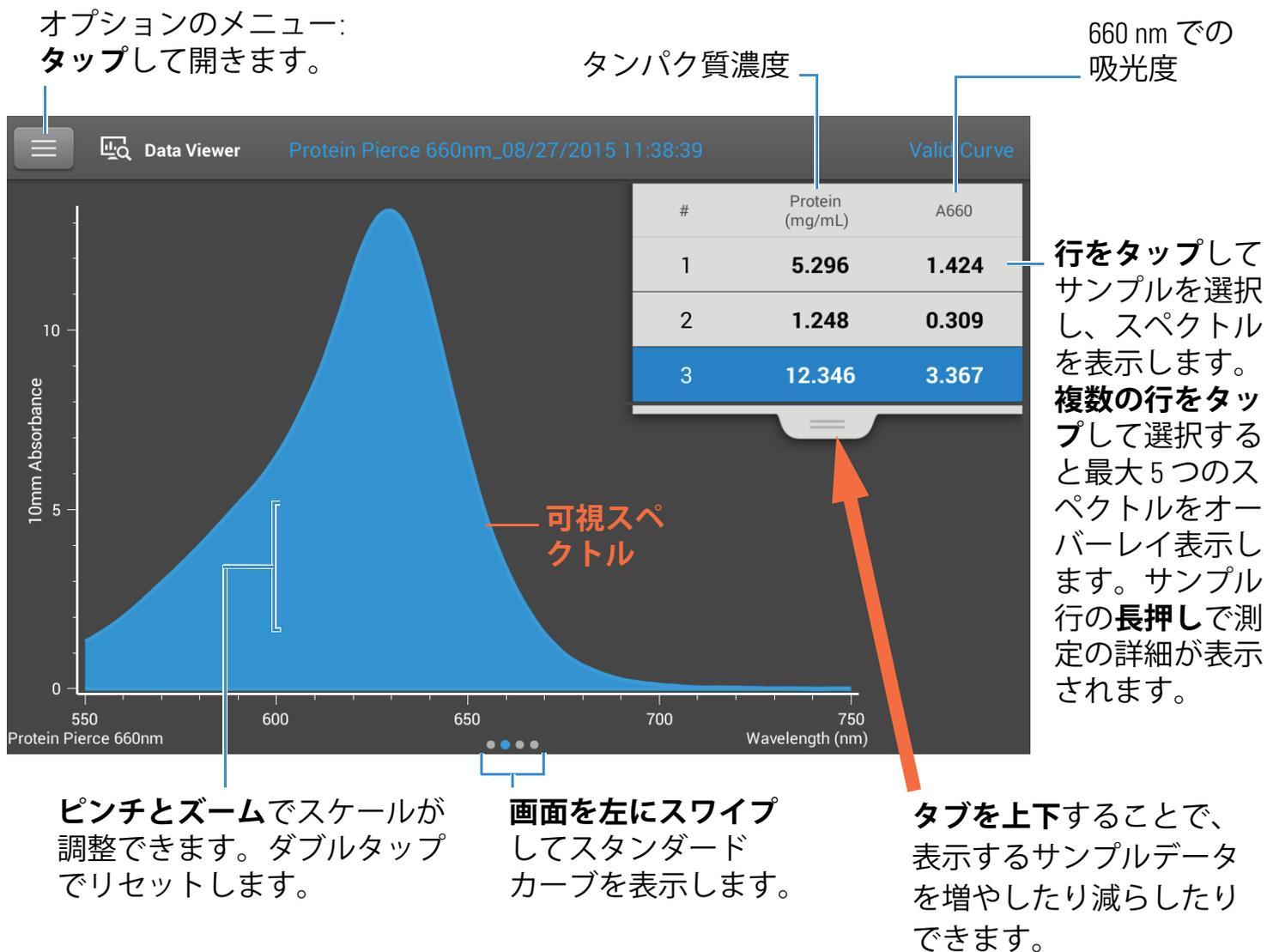
関連トピック

- [スタンダードカーブの作成](#)
- [タンパク質測定の適切な方法](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

タンパク質 Pierce 660 法測定結果

タンパク質 Pierce 660 法測定画面 (データビューアーから表示)

測定された各サンプルおよびスタンダードについて、このアプリケーションは可視吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。測定画面から左にスワイプすることにより (または、以下に示されている[データビューアー](#)で)、スタンダードカーブを利用することもできます。



注記

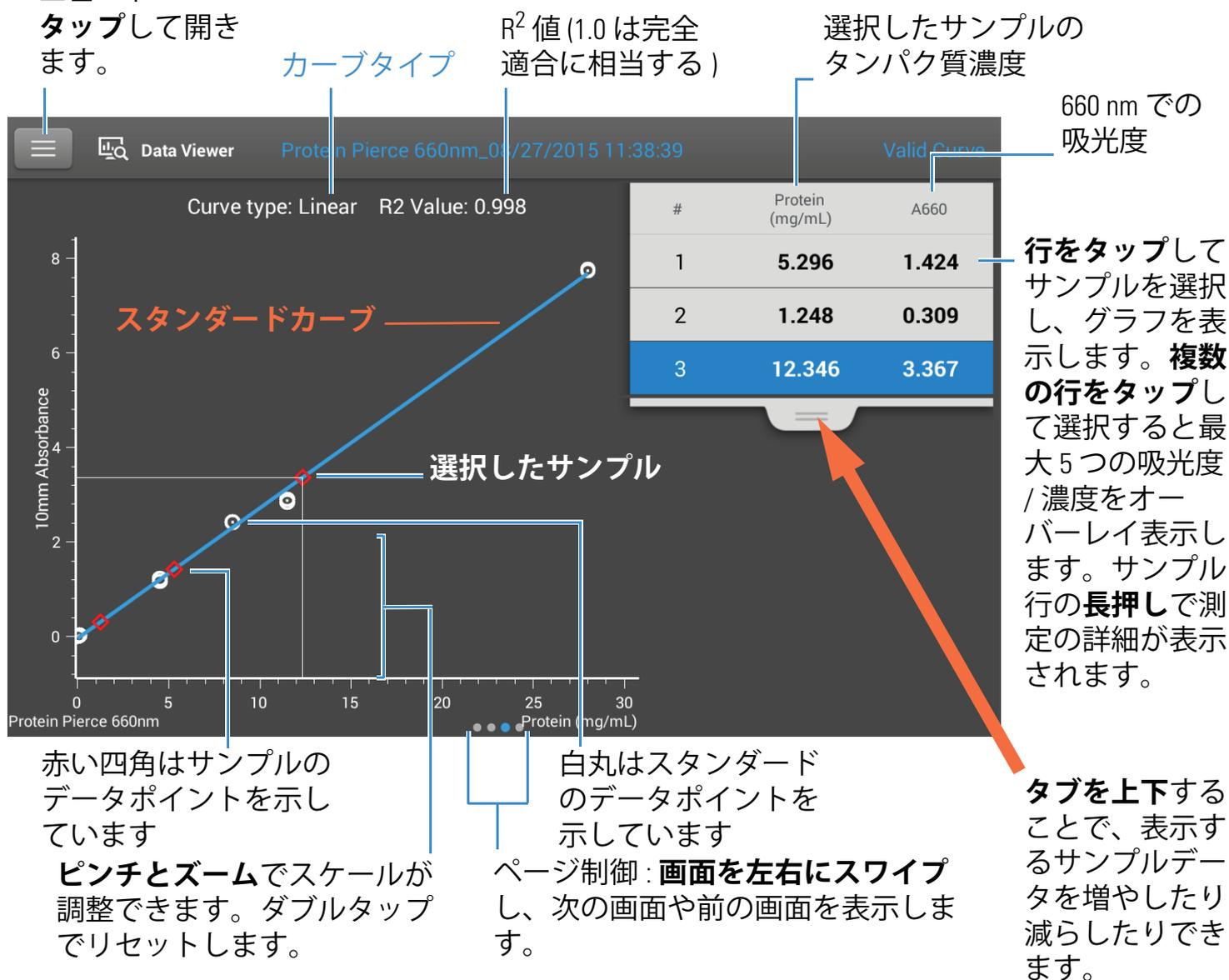
- ベースライン補正は 750 nm で実行されます (750 nm での吸光度値は、サンプルスペクトル内のすべての波長での吸光度値から差し引かれます)。
- マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

タンパク質 Pierce 660 法スタンダードカーブ画面

スタンダードカーブ画面では、選択したサンプルの測定されたスタンダード、算出されたスタンダードカーブ、および測定された吸光度と算出された濃度の関係が図示されます。横線は、Y 軸上のサンプル吸光度値をスタンダードカーブにつなげます。縦線は、その点を X 軸上のサンプル濃度値につなげます。

R^2 値は、スタンダードカーブがスタンダードデータ点にどの程度よく適合しているのかを示します (1.0 は完全適合です。つまり、全ての点がちょうどカーブ上にあります)。

オプションのメニュー：
タップして開きます。



タンパク質 Pierce 660 法結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面およびスタンダード画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

Sampling method: Pedestal

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

Buttons: Print, OK, Delete

Annotations:

- サンプリング方法 (Sampling method)
- サンプル名: タップして編集します。 (Sample name: Tap to edit)
- 測定された日時 (Measurement date and time)
- タンパク質濃度 (Protein concentration)
- 660 nm での吸光度 (Absorbance at 660 nm)
- ベースライン補正波長 (Baseline correction wavelength)
- ベースライン補正吸光度 (Baseline correction absorbance)

関連トピック

- [スタンダードカーブ例](#)
- [基本操作](#)

タンパク質 Pierce 660 法測定設定

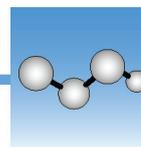
タンパク質 Pierce 660 法設定を表示するには、タンパク質 Pierce 660 法測定画面から、 > [**タンパク質 Pierce 660 法設定**] をタップします。

注記 アプリケーション測定画面の上部にあるリストボックスを変更することにより、スタンダードを測定する際にカーブタイプ設定を編集できます。アプリケーション設定画面からスタンダードの濃度値を編集できます。最初のサンプルの測定後は、これらの設定を変更できません。

設定	説明
カーブタイプ	<p>スタンダード濃度値からスタンダードカーブを作成するために使用される方程式のタイプを指定します。利用可能なオプション:</p> <ul style="list-style-type: none"> • 線形 (一次式): すべての測定されたスタンダードにわたって線形最小二乗線を引きます (リファレンス測定と少なくとも 1 つのスタンダードが必要です)。 • 補間: 一連の直線を引いてすべての測定されたスタンダードをつなげます (リファレンス測定と少なくとも 1 つのスタンダードが必要です)。 • 二次多項式: すべての測定されたスタンダードを使用して二次最小二乗多項式を表します (リファレンス測定と少なくとも 2 つのスタンダードが必要です)。 • 三次多項式: すべての測定されたスタンダードを使用して三次最小二乗多項式を表します (リファレンス測定と少なくとも 3 つのスタンダードが必要です)。
レプリケート	<p>関連付けられている濃度値を生成するためにまとめて平均値を求められる、リファレンスまたは同じスタンダードあるいはサンプルの測定数を入力します。</p> <p>注: 最初のスタンダードの測定後には、レプリケート設定を変更できません。</p>
スタンダード	<p>各スタンダードの実際の濃度値を入力します。</p> <p>注: 濃度値は任意の順序で入力できますが、スタンダードは、入力された順序で測定されなければなりません。</p> <p>また、スタンダードの以前に測定された吸光度値を入力したい場合は、このチェックボックスを選択します。</p> <div style="border: 1px solid #ccc; padding: 5px; margin-top: 10px;"> <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. </div> <p>その後、すべてのスタンダードの吸光度値を入力します。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)



OD600 測定

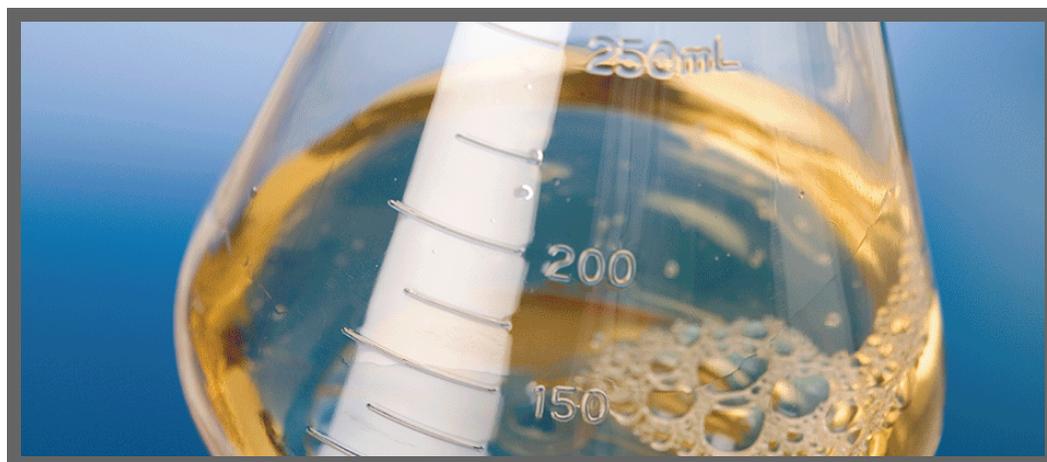
600 nm で散乱光を測定することにより、溶液中の微生物由来の培養細胞の濃度を測定します。

OD600 測定

測定結果

設定

計算



OD600 測定

OD600 アプリケーションを使用して、増殖培地の培養細胞の光学密度（吸光度）を 600 nm で測定することにより、細菌または微生物由来の培養細胞の増殖率をモニタリングします。ランベルト・ベールの方程式とユーザー入力変換係数は、吸光度を濃度に関連付けるために使用されます。レポート済濃度値を使用して、対数期（対数増殖期）や定常期などの培養細胞集団の段階を特定できます。

OD600 アプリケーションは、cells/mL 単位で細胞濃度をレポートします。シングルポイント吸光度補正も使用できます。このアプリケーションにはスタンダードカーブは必要ありません。

注記 この分析に含まれる散乱光の量が原因で、吸光度の測定値は通常、非常に低くなります。

OD600 アプリケーションの理論

OD600 アプリケーションは、透過光を測定し、その値を使用して吸光度を算出します。分光学において、透過光は、サンプルに吸収されず、サンプルの影響を受けず、それを散乱する光と定義されます。

生体細胞の場合、大部分の入射光は、散乱、反射、吸収されるのではなく、サンプルを透過します。散乱光の量は少なく、測定装置によって異なる可能性があります。結果として、算出される吸光度の測定値は通常非常に低くなります。

算出される吸光度値は、溶液中の細胞密度を cells/mL 単位で算出するために使用されます。生体細胞の光学特性を濃度に関連付ける物理的概念と数式には、以下のものがあります。

- 周囲媒質とは屈折率が異なる細胞は、入射光路からの光を不規則に反射し、散乱します。散乱量はサンプル中の細胞密度に比例します。
- ベールの法則式は、吸光度を濃度に関連付けるために使用されます。詳細については、「[OD600 測定の算出](#)」を参照してください。
- NanoDrop One 機器によるキュベット測定値において、正確な吸光度測定値は通常、0.04 A ~ 1.5 A の範囲内になります。サンプルの段階希釈は常に、吸光度測定値をこの範囲内に収める必要があります。
- すべての測定は、同種の分光光度計および方法（台座とキュベットなど）で行われる必要があります。これは、捕らえられる散乱光の量は、光学的配置によって異なるためです。さまざまな分光光度計または方法が使用されている場合、計算を行い、測定結果に変換係数を適用します。たとえば、台座とキュベットを使用して OD 測定値を比較するために、変換係数は以下のように計算されます。

$$\text{変換係数} = \text{キュベット OD} / \text{台座 OD}$$

OD600 測定の適切な方法

- サンプルが機器の[吸光度検出限界](#)範囲内に収まるようにします。
- 細胞または微生物を懸濁している培地を、ブランクとして使用します。
- [ブランクサイクル](#)を実行して、緩衝液の吸光度を測定します。分析波長 (600 nm) またはそれに近い波長で媒体溶液が強い吸光度を示す場合、異なる媒体溶液またはアプリケーションの選択が必要になる場合があります。詳細については、「[ブランクの選択と測定](#)」を参照してください。

- 培養が定常期に達する前に、サンプル培養が分析の線形動的範囲を超えないようにするのに必要な希釈にします。線形範囲は、光学的配置に大きく左右されるため、台座測定とキュベット測定ごとに異なります。リニア²範囲を設定します
 - 微生物菌株の幼若一晚培養 (16 時間以内) を使用した一連の希釈を測定します。
 - OD600 測定を希釈係数に対してグラフ化します。
- 検出上限値は、希釈係数と OD600 測定値の間の線形相関がなくなる、測定された OD600 値です。
- 測定前に、サンプルを静かに十分に混ぜ合わせます。
 - マイクロボリューム測定の場合：
 - 台座表面が適切に **クリーニング** され、**表面張力が確保** されていることを確認します。
 - 混合およびピペット操作時は気泡の混入に気をつけてください。
 - 沈殿や蒸発を防ぐため、直ちに測定を開始します。
 - 「**マイクロボリューム測定の適切な方法**」に従ってください。
 - 2 μ L のサンプル量を使用します。詳細については、「**推奨されるサンプル量**」を参照してください。
 - 600 nm で低い吸光度を示す希釈サンプルの場合、400 nm などの代替波長を使用して吸光度を測定したり、マイクロボリューム測定代わりにキュベットを使用したりします。
 - キュベット測定 (NanoDrop One^c 機器のみ) の場合：
 - 清潔なプラスチック、ガラス、または石英キュベットを使用します。
 - 「**キュベット測定の適切な方法**」に従ってください。
 - この分析には自動**攪拌**機能は使用しないでください。

OD600 サンプル測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英光ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ OD600 サンプル測定方法

1. ホーム画面から [OD600] タブを選択し、[OD600] をタップします。
2. 必要に応じて、[細胞数変換係数](#)および [2 番目のモニタリングされた波長](#)または [吸光度補正](#)を指定します。
3. ブランク溶液 (関心細胞が懸濁される媒体溶液など) 2 μ L をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げるか、またはブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と [キュベット光路](#)を合せてください。

4. [[ブランク](#)] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント: [自動ブランク](#) がオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 2 μ L をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。

- 台座: [自動測定](#) をオンにし、アームを下げます。自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[[測定](#)] をタップします。
- キュベット: [[測定](#)] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されます (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[[実験終了](#)] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

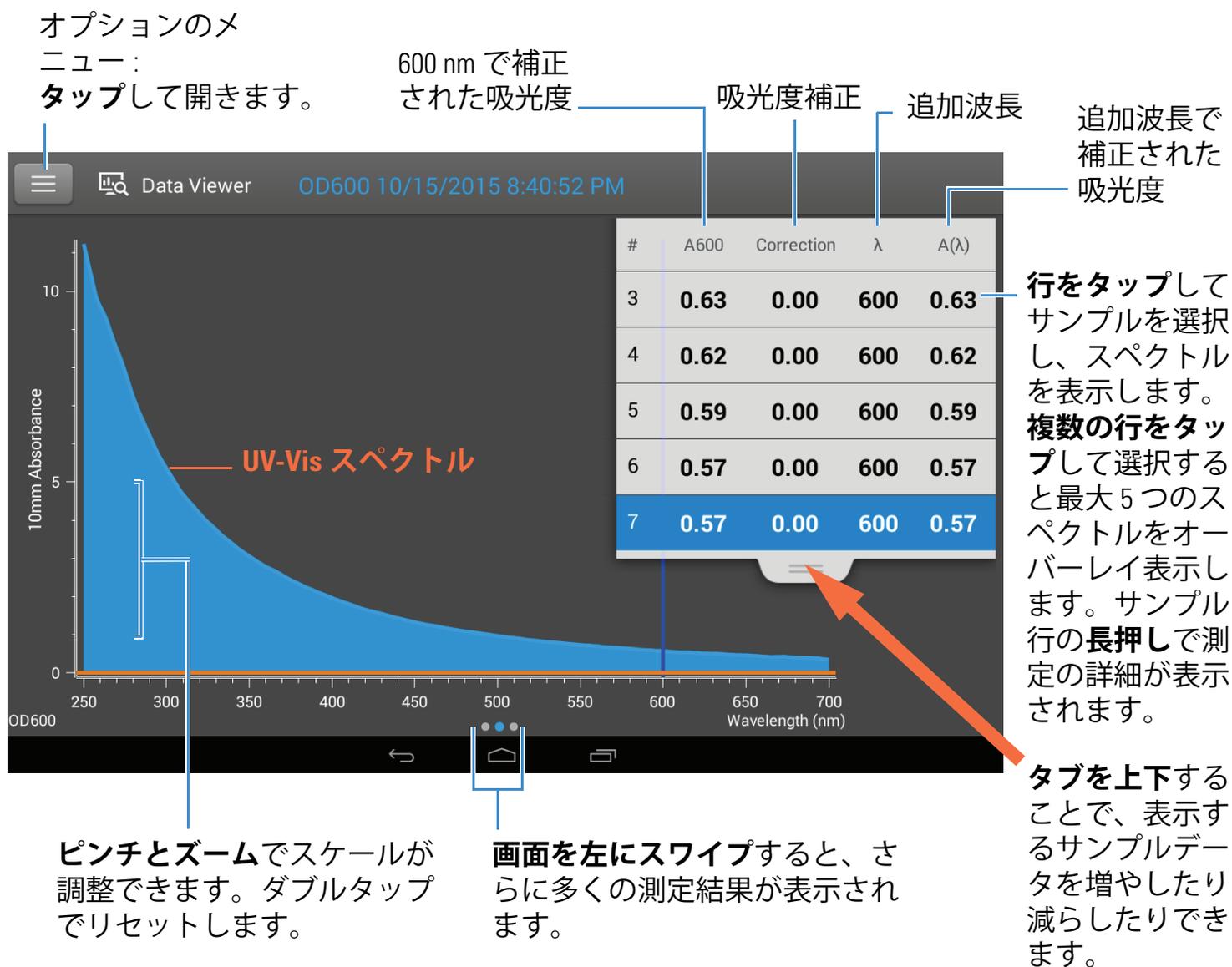
関連トピック

- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
 - [キューベットを使用したサンプルの測定](#)
 - [サンプルとブランクの準備](#)
 - [基本操作](#)
-

OD600 測定結果

OD600 測定画面 (データビューアーから表示)

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。



注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

OD600 結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

アプリケーション ション サンプルング方法 サンプル名: **タップ**して編集します。

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	

測定された日時

600 nm で補正された吸光度

吸光度補正

追加波長

追加波長で補正された吸光度

細胞培養濃度 (A600 * 係数) 係数

OK

関連トピック

- [基本操作](#)
- [OD600 算出](#)

OD600 測定の設定

OD600 設定を表示するには、OD600 測定画面から  > [**OD600 Setup** (OD600 設定)] をタップします。

設定	利用可能なオプション	説明
吸光度補正	0 ~ 300 A の間の吸光度値	<p>ユーザー定義の吸光度補正。表示されたスペクトルに対する吸光度補正を入力します。これは、たとえば、機器をブランクにするために使用される媒体溶液と、細胞培養サンプルを懸濁するために使用される媒体の違いにより生じる、ベースラインオフセットを補正するために役立ちます。通常オフセットは散乱光により生じます。</p> <p>吸光度補正值は、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引かれます (すべての表示される吸光度値は補正された値です)。</p>

追加でモニタリングされた波長 (λ)	250 nm ~ 700 nm の間の波長	<p>ユーザー定義波長。必要に応じて、追加の波長を入力します (600 nm で低い吸光度を示すサンプルを希釈するのに役立ちます)。</p> <p>代替波長が指定される場合、この方程式を使用して細胞濃度を計算します。</p>
------------------------------	-----------------------	--

$$c = A(\lambda) * \text{係数}(\lambda)$$

意味:

c = cells/mL 単位の被分析物濃度

$A(\lambda)$ = 吸光度単位 (A) の指定された波長での紫外可視吸光度

係数 (λ) = mL/cell-cm 単位の $1/(\epsilon(\lambda) * b)$

意味:

$\epsilon(\lambda)$ = 指定された波長でのモル吸収係数 (または吸光係数)

b = cm 単位の光路長 (NanoDrop One 機器の 1.0 cm)

設定	利用可能なオプション	説明
細胞数変換係数 (10^8)	任意の数	<p>ユーザー定義係数。測定される細胞の一般的な係数、または既知の濃度の対象細胞を使用して実験的に導かれた係数。</p> <p>デフォルト値は 1×10^8 です。これは E. coli (大腸菌) などの大部分の細菌懸濁液で使用される一般的な係数です。</p> <p>ヒント: 係数は、各細胞型に固有の波長で、測定に使用される媒体のタイプの影響を受ける可能性があります。理想的には、計数は同じ媒体を使用して既知の濃度で研究対象細胞の溶液を使用して実験的に決定される必要があります。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)

OD600 測定の算出

核酸アプリケーションと同様に、OD600 アプリケーションは [改良されたランベルト・ベールの方程式](#) を使用して、吸光係数と光路長が組み合わされて「係数」と呼ばれるサンプル濃度を計算します。

OD600 アプリケーションは、サンプル濃度を算出するために、ベールの法則と併用されるユーザー指定係数を使用できます。係数が分かる場合は、係数を入力します。分からない場合は、 1×10^8 を使用します。これは E. coli (大腸菌) などの大部分の細菌懸濁液で一般的に使用される係数です。

測定値

A600 吸光度

注: マイクロボリューム吸光度測定値および非標準 (10 mm 以外の) キュベットで測定した値の場合、スペクトルは 10 mm 光路長相当に正規化されます。

- 細胞培養吸光度値は、ノーマライズされたスペクトルを使用して 600 nm で測定されます。吸光度補正が指定されていない場合、これは A600 値および細胞濃度を算出するために使用される値がレポートされます。
- **吸光度補正** が指定されている場合、600 nm でノーマライズされ、(吸光度) 補正された吸光度値がレポートされ、細胞濃度を算出するために使用されます。

(λ) 吸光度

- **追加でモニタリングされた波長 (λ)** でノーマライズされ、(吸光度) 補正された (使用されている場合) 吸光度値もレポートされます。

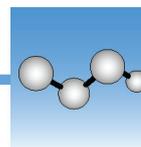
算出される細胞濃度は、600 nm での吸光度値、入力される係数、およびサンプル光路長に基づきます。シングルポイント吸光度補正も適用できます。

サンプル光路長

- マイクロボリューム測定の場合、分析波長でサンプル吸光度に基づいて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。
- キュベット測定の場合、光路長はソフトウェア内のキュベット光路長設定によって決定されます (「[一般設定](#)」を参照してください)。
- 表示されるスペクトルおよび吸光度値は、10 mm 光路長相当に正規化されます。

結果画面

細胞濃度。 cells/mL 単位でレポートされます。計算は、補正 A600 吸光度値を使用するランベルト・ベールの方程式に基づきます。



カスタム測定

NanoDrop One ビューアーソフトウェアを使用してカスタム測定メソッドを実行します。

カスタムメソッド測定

カスタムメソッド削除

測定結果



カスタムメソッド測定

パソコン上の NanoDrop One ビューアーでユーザー定義を作成し、カスタムアプリケーションで使用します。詳細については、「[カスタムメソッド作成](#)」を参照してください。

カスタムメソッドのロード

カスタムメソッドは、NanoDrop One ビューアーソフトウェアが実行されているパソコンでのみ作成できます。カスタムメソッドを実行し、測定結果を装置に保存したい場合は、装置内にメソッドを置く必要があります。(機器がイーサネットケーブルまたはワイヤレスネットワークを介してコンピューターと接続していない場合は、この方法でしかカスタムメソッドを実行することはできません)。

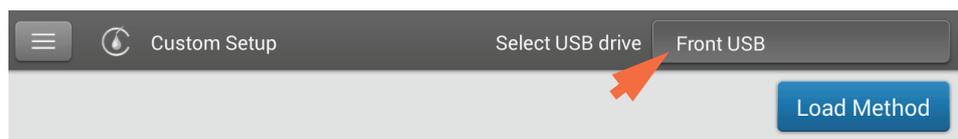
注記 コンピューターがイーサネットケーブルまたはワイヤレスネットワークを介して装置と接続されており、カスタムメソッドがコンピューターに存在する場合、測定結果はコンピューターのデータベースに保存されます。詳細については、[機器セットアップ](#)の「イーサネット接続の設定」または「Wi-Fi 接続の設定」を参照してください。

装置へのカスタムメソッドのロード

1. パソコンからメソッドをエクスポートし、メソッドファイルを USB メモリにコピーします。

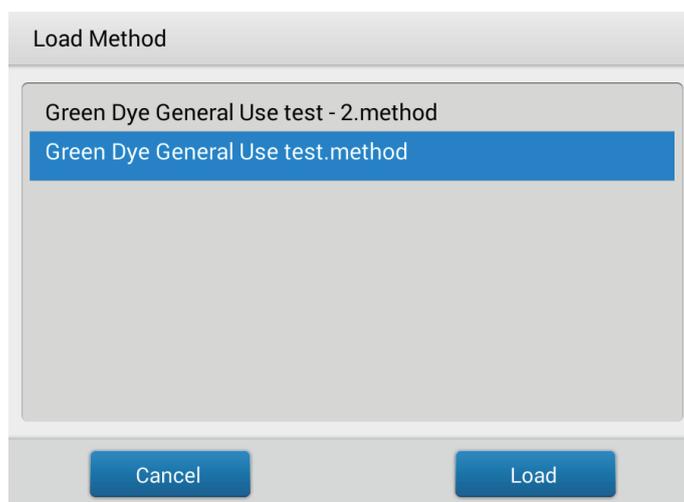
メソッドファイルには「.method」というファイル名拡張子が付きます。

2. USB デバイスを機器の USB ポートの 1 つに接続します。
3. ホーム画面から [**カスタム**] タブを選択し、[**カスタム**] をタップします。
4. 画面上部にあるリストボックスを使用して、使用する USB ポートを示します。



5. [**メソッドをロード**] をタップします。

メッセージボックスに、選択した USB デバイスで利用可能な NanoDrop One メソッドが表示されます。



6. [**メソッドをロード**] ボックスで 1 つ以上のメソッドをタップして、ロードするメソッドを選択します。
7. [**ロード**] をタップします。

カスタムメソッドを使用した測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

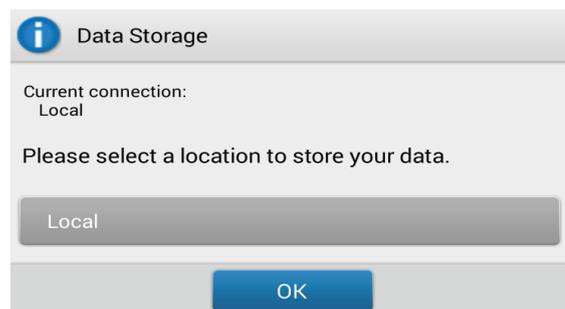
始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ カスタムメソッドを使用したサンプルの測定方法

1. メソッドが測定結果を保存するデータベースと同じ場所にあることを確認します (詳細については「[カスタムメソッドのロード方法](#)」を参照)。
2. ホーム画面から [**カスタム**] タブを選択し、[**カスタム**] をタップします。

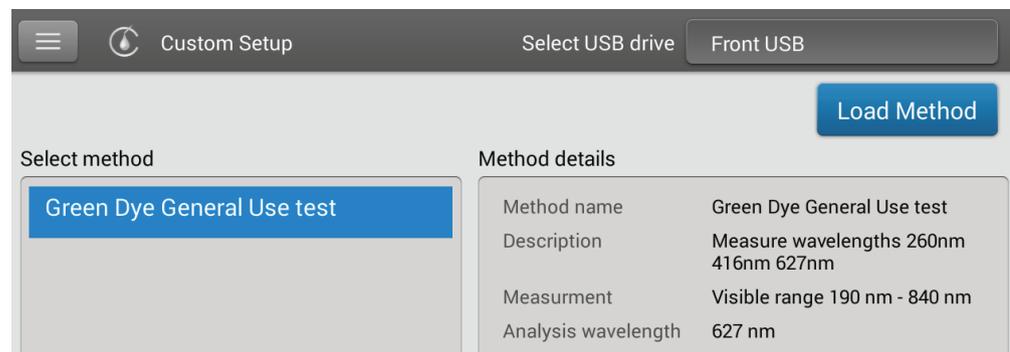
装置がイーサネットあるいはワイヤレスを介してリモートのパソコン (PC) と接続されている場合は、[データストレージ] メッセージボックスが表示されます。



- 装置にロードされているカスタムメソッドを実行し、その後取得されるすべての測定結果を装置のデータベースに保存するには、[データストレージ] を [**ローカル**] に設定します (上の例を参照)。
- イーサネットケーブルで装置と接続したパソコンに常駐するカスタムメソッドを実行し、その後取得されるすべての測定結果をそのコンピューターのデータベースに保存するには、[データストレージ] を [**PC と直接接続**] に設定します (詳細については「[機器セットアップ](#)」の「イーサネット接続の設定」を参照)。

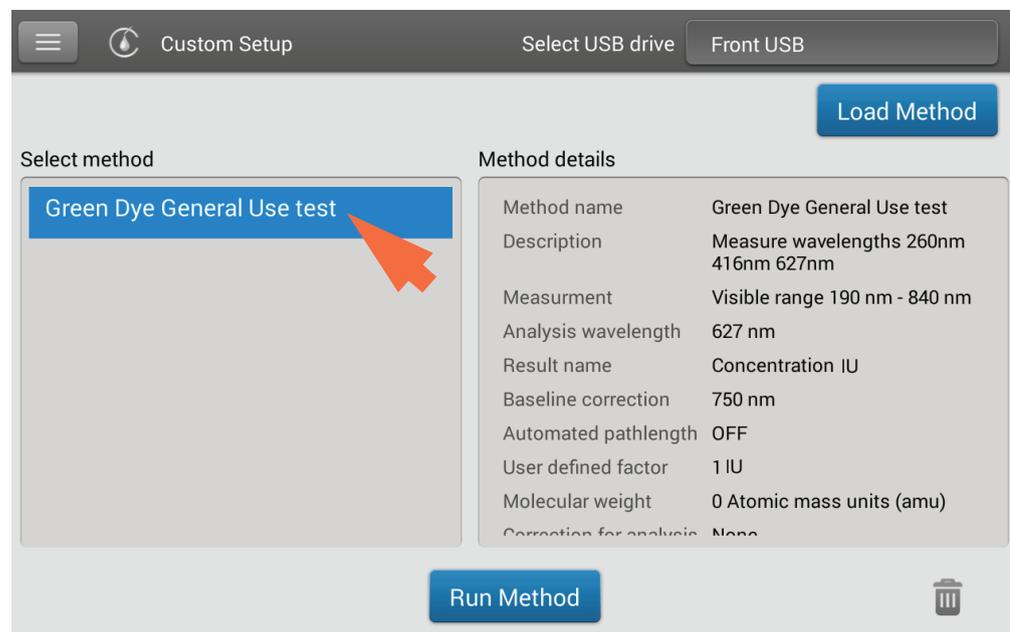
- ワイヤレスネットワークを介して装置と接続したパソコンに常駐するカスタムメソッドを実行し、その後取得されるすべての測定結果をそのコンピューターのデータベースに保存するには、[データストレージ]を**コンピューターの割り当て名**に設定します（詳細については「[機器セットアップ](#)」の「Wi-Fi 接続の設定」を参照）。

[OK] をタップすると、[カスタム設定] ボックス（ローカルまたはリモート）が表示されます。



- [データストレージ] の設定が [ローカル] の場合（前のステップを参照）、装置に常駐するカスタムメソッドのみが [カスタム設定] に表示されます（詳細については「[カスタムメソッドのロード方法](#)」を参照）。
- [データストレージ] の設定が [PC と直接接続]（イーサネット）または特定の**コンピューター名**（ワイヤレス）の場合、有線（イーサネット）で接続されたコンピューターまたは指定した（ワイヤレス）コンピューターに常駐するカスタムメソッドのみが [カスタム設定] に表示されます（詳細については「[カスタムメソッドの作成](#)」を参照）。

3. [メソッドを選択] ボックスで、実行するメソッドを選択します。



選択したメソッドに関する情報が [メソッドの詳細] ボックスに表示されます。

4. [**メソッドの実行**] をタップします。
5. 画面の指示に従ってサンプルを測定します。

関連トピック

- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キューベットを使用したサンプルの測定](#)
- [カスタムメソッド作成](#)
- [機器セットアップ](#)
- [カスタムメソッドのエクスポート](#)

カスタムメソッド削除

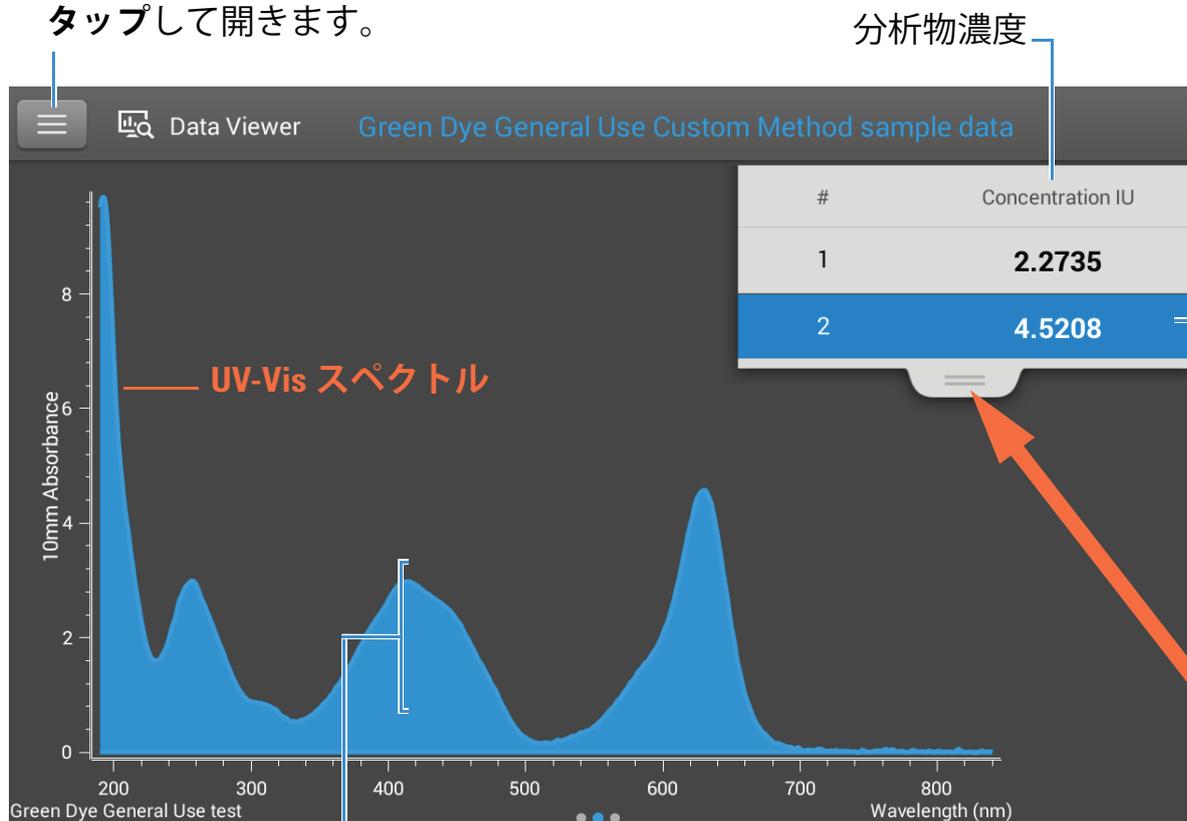
- ホーム画面から [**カスタム**] タブを選択し、[**カスタム**] をタップします。
- [メソッドを選択] ボックスで、削除するメソッドをタップして選択します。
-  をタップします。

カスタムメソッド測定結果

カスタムメソッド測定画面 (データビューアーから表示)

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。

オプションのメニュー：
タップして開きます。



行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

ピンチとズームでスケールが調整できます。ダブルタップでリセットします。

画面を左にスワイプすると、さらに多くの測定結果が表示されます。

注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

カスタムメソッド結果画面

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

メソッド名 サンプリング方法 サンプル名：
 タップして編集
 集めます。

Sample Details	Green Dye General Use test	Pedestal
Sample Name	Sample 2	
Created on	9/22/2015 6:41:24 PM	
Concentration	4.5208 IU	
Analysis wavelength	627 nm	
Factor	1 IU	
Baseline correction	750 nm 0.00 absorbance	
Formula results	A627 4.521 OD A260 2.927 OD A416 2.977 OD Ratio (660/627) 0.617	

測定され
た日時

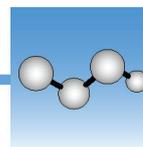
分析物濃度

メソッドの
詳細

OK

関連トピック

- [基本操作](#)



UV-Vis 測定

紫外線 (UV) と可視 (Vis) スペクトル域全体の最大 40 波長でのサンプルの吸光度を測定します。

Measure UV-Vis

報告結果

設定

検出限界



UV-Vis 測定

この UV-Vis アプリケーションにより、本機は通常の分光光度計の機能を果たすことができます。サンプルの吸光度は 190 nm ~ 850 nm で画面表示されます。最大 40 波長を吸光度モニタリングに指定し、報告に含めることが可能です。また、自動光路長の調整およびシングルポイントベースライン補正機能を使用することも可能です。

UV-Vis 測定の実施

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷を引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

始める前に ...

NanoDrop One 機器で測定値を取る前に、機器のアームを上げて、上側および下側の台座を清掃します。少なくとも、台座を新しいラボ用雑巾で拭きます。詳細については、「[台座の清掃](#)」を参照してください。

❖ UV-Vis アプリケーションを使用したサンプルの測定方法

1. ホーム画面から、[**カスタム**] タブを選択し、**UV-Vis** をタップします。
2. **最大 40 のモニタする波長**を指定し (必要に応じて後で指定可能)、自動光路長調整と自動ベースライン補正機能を使用するかどうかを指定します。
3. ブランキング溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、下側の台座に滴下し、アームを下げるか、またはブランキングキュベットをキュベットホルダーに挿入します。

ヒント: キュベットを使用する場合、必ず機器の光路と**キュベット光路**を合せてください。

4. [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

ヒント: **自動ブランク**がオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します (このオプションはキュベット測定には利用できません)。

5. アームを上げ、新しいラボ用雑巾で両方の台座を清掃するか、ブランキングキュベットを取り外します。
6. サンプル溶液 1 ~ 2 μL をピペットで取り、台座に滴下し、アームを下げるか、またはサンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入します。
7. サンプル測定を開始します。

– 台座: **自動測定**をオンにし、アームを下げます。自動測定がオフになっている場合、アームを下げて、[**測定**] をタップします。

– キュベット: [**測定**] をタップします。

サンプル測定が完了したら、スペクトルおよび報告された値が表示されません (次のセクションを参照してください)。

8. サンプルの測定を終えたら、[**実験終了**] をタップします。
9. アームを上げ、新しい雑巾で両方の台座を清掃するか、サンプルキュベットを取り外します。

UV-Vis 測定の適切な方法 (ベストプラクティス)

- サンプル吸光度が機器の吸光度検出限界内に収まるようにします。
- 目的のサンプルを懸濁するために使用したのと同じ緩衝液をブランクにします。ブランク溶液は、サンプルと同じ pH およびイオン強度にする必要があります。
- [ブランピングサイクル](#)を実行して、緩衝液の吸光度寄与を評価します。前記緩衝液が分析波長またはその近くで強力な吸光度を示す場合は、別の緩衝液またはアプリケーションを選ぶ必要がある場合があります。詳細については、「[ブランクの選択と測定](#)」を参照してください。
- マイクロボリューム測定の場合：
 - 台座表面が適切に[クリーニング](#)され、[表面張力が確保](#)されていることを確認します。
 - 測定を行う前にサンプルが均質であることを確認してください。混合およびピペット操作時は気泡の混入に気をつけてください。
 - [マイクロボリューム測定のベストプラクティス](#)に従います。
 - 1 ~ 2 μL のサンプル量を使用します。詳細については、「[推奨されるサンプル量](#)」を参照してください。
- キュベット測定 (NanoDrop One^C 機器のみ) の場合、使用可能なキュベットを使用し、[キュベット測定のベストプラクティス](#)に従います。

関連トピック

- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [マイクロボリューム測定の適切な方法 \(ベストプラクティス \)](#)
- [キュベット測定の適切な方法 \(ベストプラクティス \)](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [基本操作](#)

UV-Vis 報告結果

UV-Vis 測定画面

測定された各サンプルについて、このアプリケーションは吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。次に例を示します。

オプションのメニュー：
タップして開く

サンプル名： ユーザー定義
タップして編集する

義波長 1 (450 nm) での吸光度

ユーザー定義波長 2 (623 nm) での吸光度

タップして編集します

タップして追加します

行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

つまんで拡大して軸を調整する。ダブルタップしてリセットする

画面を左にスワイプし、より多くの測定結果とともに表を表示する

タップして実験を終了し、データをエクスポートする

タブを上げ下げし、サンプルデータを増やしたり減らしたりする

#	450	623	λ
1	3.01	6.45	

注記 マイクロボリューム吸光度測定値および非標準キュベットで取られた測定値は、10.0 mm 光路長相当に正規化されます。

報告された UV-Vis 値

毎回の測定後に表示される初期画面（前の図を参照）には、報告される値の概要を表示されます。報告される値をすべて表示するには、サンプル行を押したままにします。次に例を示します。

アプリケーション

サンプリング方法

サンプル名: タップして編集する

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

測定された日時

自動光路長設定

ベースライン補正吸光度

450 nm での吸光度

623 nm での吸光度

ユーザー定義波長

ベースライン補正波長

635 nm での吸光度

OK

注記 上にスクロールして追加のユーザー定義波長の吸光度値を表示します。

関連トピック

- 基本操作

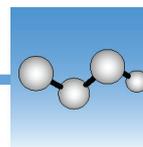
UV-Vis 測定の設定

UV-Vis 設定を表示するには、UV-Vis 測定画面から、 > **UV-Vis 設定** をタップします。

設定	利用可能なオプション	説明
設定波長	最大 40 波長 (190 nm および 850 nm) を入力します	<p>ユーザー定義波長は実行時に測定・報告する必要があります。 入力された最初の 3 波長の吸光度値は測定画面に表示されます。モニタされた 8 波長の吸光度値を表示するには、測定画面を左にスワイプしてデータ表を表示します。モニタされた波長をすべて表示するには、サンプル行を長押ししてサンプル詳細画面を表示します (上にスクロールすると追加のユーザー定義波長の吸光度値を表示できます)。</p> <p>注: ベースライン補正を選択すると、表示されたすべての吸光度値が補正值になります。</p>
自動光路長	On または Off (台座測定のみに影響します)	<p>オプションの自動光路長の選択。 これにより、ソフトウェアが検出器の飽和を防ぐために高濃度サンプルに最適の (より短い) 台座光路長を使用することができます (詳しくは、検出限界を参照してください)。</p> <ul style="list-style-type: none"> このオプションが選択されると、レンジ 220 nm ~ 850 nm の波長が 10 mm 光路長に換算された吸光度値 12.5 以上を有する場合、短光路長が使用されません。レンジ 190 nm ~ 219 nm の波長の場合は、このレンジでの波長が 10 mm 光路長に換算された吸光度値 10 以上を有するときに短光路長が使用されます。 このオプションの選択が解除されると、すべての波長で台座光路長は 10 mm に限定されます。 <p>注: いずれの場合でも、吸光度は 10 mm 光路長に正規化された値で表示されます。</p>
ベースライン補正	On または Off nm 単位でベースライン補正波長を入力するか、デフォルト値 (750 nm) を使用します	<p>指定されたベースライン補正波長を、サンプルスペクトルのすべての波長で吸光度値から差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0 (ゼロ) になります。</p>

関連トピック

- [機器設定](#)
-



カイネティクス測定

キュベットホルダーを使用したカイネティック測定を行います (NanoDrop One^C モデルのみ)。

カイネティクス測定

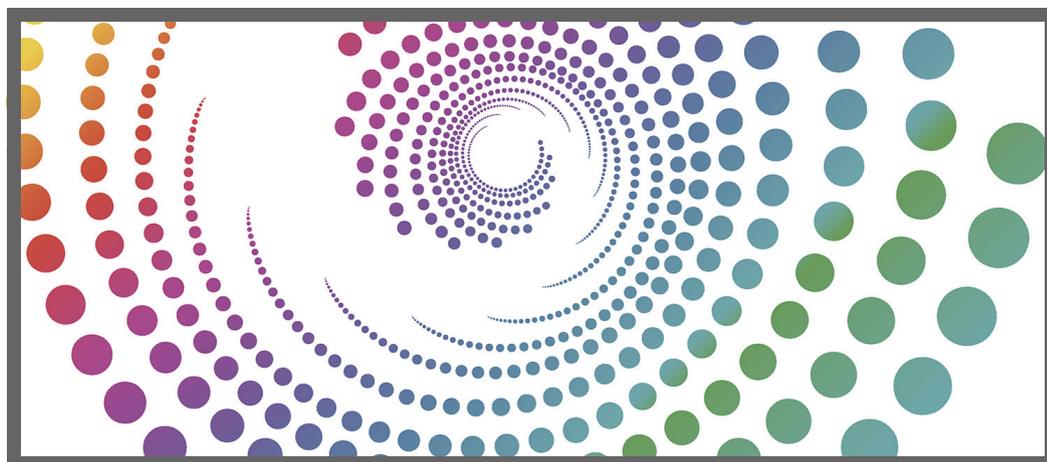
カイネティクスメソッドの作成

カイネティクスメソッドの編集

測定結果

設定

検出限界



カイネティクス測定

NanoDrop One^C モデルを使用して、キュベット内のサンプルに対してカイネティック測定を行います。190 nm から 850 nm の範囲で最大 3 つの波長を指定し、最大 5 ステージのユーザー定義の間隔で継続的な吸光度モニタリングを実現します。キュベット測定では、**検出下限**がより拡張し低濃度サンプルに対応します。また 37°C での 温調とマイクロスターラーによる攪拌が可能です。

注記 キュベット測定時にアームを上方に移動できるので、必要に応じて反応試薬をサンプルに添加できます。

カイネティック測定の実行

通知

- こぼして損傷することがないように、液体の容器は機器に近づけないでください。
- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。

❖ カイネティクスアプリケーションを使用したサンプルの測定方法

1. 機器のホーム画面から [カイネティクス] タブを選択し、[カイネティクス] アイコンをタップします。

[カイネティクス設定] 画面が表示されます。現在選択中のデータストレージの場所に存在するカイネティックメソッドが、[メソッドを選択] ボックスに表示されます。選択したメソッドの説明が [メソッドの詳細] ボックスに表示されます。

The screenshot shows the 'Kinetics Setup' application interface. On the left, under 'Select method', three options are listed: 'Test1', 'Test2', and 'Test3'. 'Test3' is highlighted in blue, and a red arrow points to it. On the right, under 'Method details', the following information is displayed:

- Method name: Test3
- Description: (empty)
- Measurement range: UV range 190 nm - 350 nm
- Wavelengths to monitor: 250 nm 260 nm 325 nm
- Number of stages: 2
- Time unit: Time (seconds)

A table below the details shows the timing for two stages:

	Delay	Interval time	# Intervals	Duration
Stage 1	0.00	2.00	2	4.00
Stage 2	5.00	3.00	2	11.00

At the bottom of the screen, there are three buttons: 'Create Method', 'Edit Method', and 'Run Method', along with a trash icon.

2. メソッドを選択します。

- 既存のメソッドを選択する場合は、[メソッドを選択] ボックスで**メソッド名**をタップします。
- **メソッドを新規作成する**場合は、[**メソッドを作成**]をタップし、**メソッドの設定**を指定し、最後に[**メソッドを保存**]を選択します。
- **既存のメソッドを編集する**場合は、**メソッド名**をタップし、[**メソッドを編集**]を選択します。

3.  > [設定] をタップして、加熱や攪拌などのキュベットオプションを指定します (詳細については「**一般設定**」を参照)。

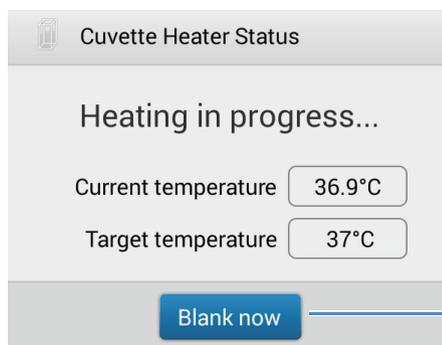
注: 使用するキュベットの光路長が 10 mm でない場合は、[一般設定] で正しい光路長を入力します。

4. [メソッドの実行] をタップします。

5. ブランクを測定します。

- 綺麗に拭いたキュベットに、**光路の高さ**を超える十分量のブランク溶液またはサンプル溶液で満たします。
- アームを上げ、ブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入します。必ず装置内の設定光路長と使用するキュベットの光路長を同じにしてください。
- [ブランク] をタップします。

「**一般設定**」で「**キュベットを 37 °C まで加熱**」を選択すると、現在の温度を示すメッセージが表示され、測定開始前にヒーターがターゲット温度に到達するまで待機状態になります。



待ち時間を無視してすぐにブランク測定を開始する場合は、**[ブランク中]**をタップします。

- ブランク測定が完了するまで待ち、キュベットを取り外します。

注: ヒーターのターゲット温度は調整できません。

6. サンプルを測定します。

- 綺麗に拭いたキュベットに、**光路の高さ**を超える十分量のサンプル溶液で満たします。
- サンプルキュベットをキュベットホルダーに挿入し、光路が合っていることを確認します。
- **[測定]**をタップします。

「**一般設定**」で「**キュベットを 37 °C まで加熱**」を選択すると、現在の温度を示すメッセージが表示され、測定開始前にヒーターがターゲット温度に到達するまで待機状態になります。

注: 測定中はいつでも、反応試薬をサンプル溶液に添加できます。

測定画面の下部にある **[一時停止]** ボタンを使用して、Experiment を一時停止できます (Experiment をすぐに終了する場合は、**[停止]** をタップします)。



- すべての測定ステージが完了するまで待ちます。
- キュベットを取り外し、キュベットメーカーの指定する方法で洗浄します。

それぞれの間隔における測定の結果がリアルタイムに表示されます。すべてのステージが完了したら、Experiment 全体の**スペクトルおよびレポートされた値**が表示されます。

- データの確認を終えたら、**[Experiment 終了]**をタップします。保存した Experiment には、選択したメソッドに基づく完全なカイネティック測定の結果一式が含まれます。

関連トピック

- キュベットを使用したサンプルの測定
- キュベット測定の適切な方法
- サンプルとブランクの準備
- 基本操作

カイネティクスメソッドの作成

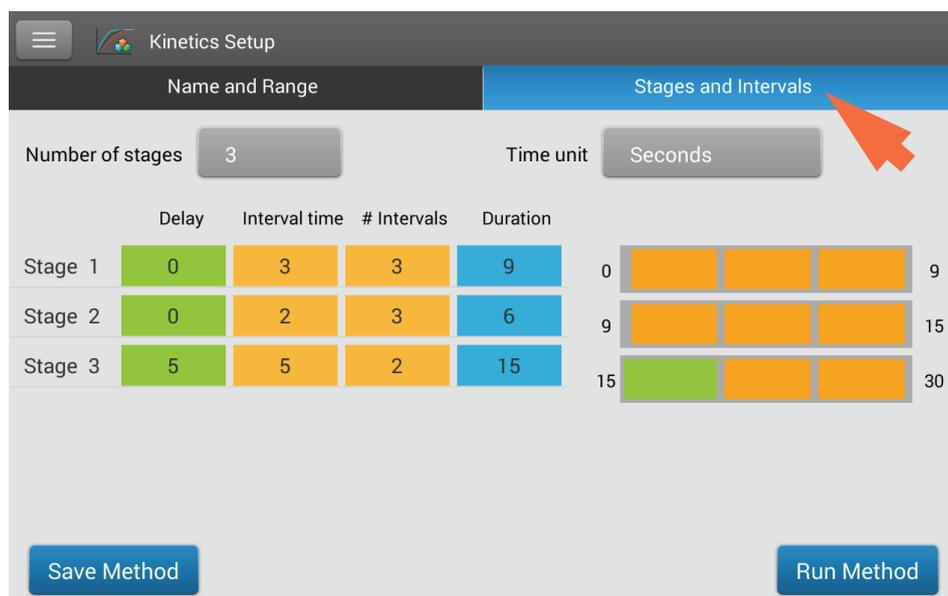
カイネティクスメソッドの作成と実行は、NanoDrop One 機器上でのみ可能です。ただし、メソッドを作成した後は、装置内の NanoDrop One データベースか、接続されている PC 上の NanoDrop ビューアーデータベースに保存できます。カイネティクスメソッドを新規作成するには、以下の操作を実行します。

- ホーム画面から [**カイネティクス**] タブ > [**カイネティクス**] アプリケーションの順にタップします。
- [**メソッドを作成**] をタップします (メソッド設定が表示され、[**名前と範囲**] タブが選択状態になります)。

The screenshot shows the 'Kinetics Setup' application. The 'Name and Range' tab is active. The 'Method name' field is filled with 'Test'. The 'Description' field is empty. Under 'Measurement range', the 'UV range (190 nm - 350 nm)' option is selected. Under 'Wavelengths to monitor', three items are listed: 1 (250 nm), 2 (260 nm), and 3 (325 nm). Buttons for 'Save Method' and 'Run Method' are visible at the bottom.

- [**メソッド名**] と [**説明**] (必要な場合) に値を入力し、[**測定範囲**] で測定範囲を選択し、[**モニターする波長**] で波長を最大 3 つ指定します。

- [**ステージと間隔**] タブをタップします (ステージと間隔の設定が表示されます)。



- [**ステージ数**] と [**時間単位**] (分または秒) を選択します。
- 各ステージに、[**間隔の数**]、[**間隔時間**]、およびステージ間の [**遅延**] を指定します。

画面右側にある色分けした行とボックスで、指定したステージを視覚的に表します。色分けした**行**で各ステージの開始時間と終了時間を示し、色分けした**ボックス**で、各ステージで指定した遅延と間隔数を示します。

- メソッドを保存して [**カイネティクス**] メニューに戻るには、[**メソッドを保存**] をタップします。

注記 現在選択中のデータストレージの場所 (ローカル機器または接続されている PC) にメソッドが保存されます。

- メソッドを実行するには、[**メソッドの実行**] をタップします。

関連トピック

- [カイネティクスメソッド編集](#)

カイネティクスメソッド編集

カイネティクスメソッドの編集は、NanoDrop One 機器上でのみ可能です。既存のカイネティクスメソッドを編集するには、以下の操作を実行します。

- 機器が (イーサネットまたは Wi-Fi で) PC に接続されている場合は、編集対象のカイネティクスメソッドの場所が [データストレージ] に正しく設定してあることを確認します。
- ホーム画面から [**カイネティクス**] タブ > [**カイネティクス**] アプリケーションの順にタップします。
- [**メソッドを選択**] ボックスでメソッド名をタップしてメソッドを選択します。
- [**メソッドを編集**] をタップします。
- **メソッド設定** を任意で編集します。
- [**メソッドを保存**] をタップして、変更を保存します。
- [**メソッドの実行**] をタップして、更新されたメソッドを実行します。

関連トピック

- [カイネティックメソッド作成](#)

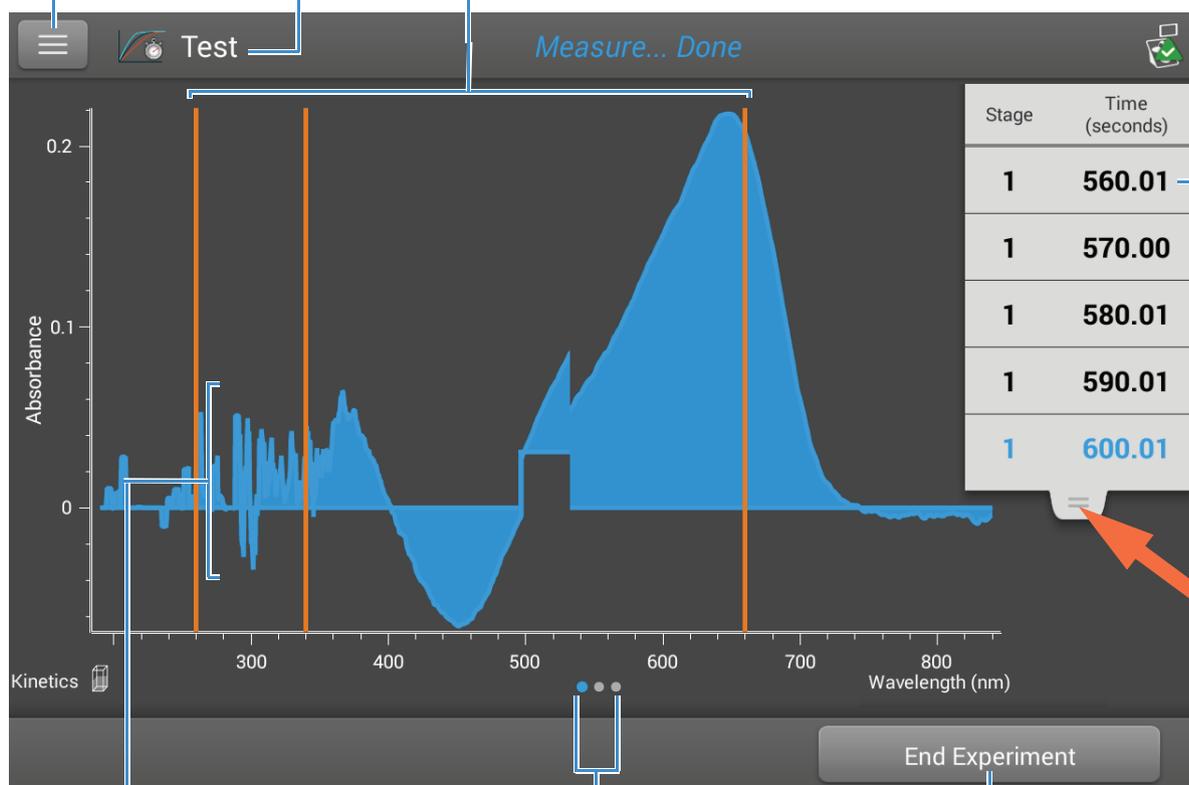
カイネティクス測定結果

吸光度測定画面

カイネティクスの Experiment で [測定] をタップすると、すぐに吸光度測定画面が表示されます。この画面には、各測定の吸光度スペクトルが表示されます。X 軸は波長、Y 軸は吸光度を示します。縦線は、指定したモニター対象の波長を示します。右側のリストには、指定したステージごとに各測定にかかった時間を示します。(タブを下にドラッグするとさらにデータが表示されます)。右側のリストの各項目に対応する吸光度スペクトルが、左側に表示されます。以下の画像では、利用可能な機能が強調表示されています。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

メソッド名
 ユーザー定義波長
 (260 nm、340 nm、660 nm)



行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。**複数の行をタップして**選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の**長押し**で測定の詳細が表示されます。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

ピンチとズームでスケールが調整できます。ダブルタップでリセットします。

画面を左にスワイプして、Rate 画面を表示します。

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

注記 標準キュベット (10 mm 光路長) 以外のキュベットで得た測定値は、10.0 mm 光路長相当に換算されます。

Rate 測定画面

Rate 測定画面を表示するには、吸光度測定画面（前述）を左にスワイプします。Rate 測定画面には、ある期間にわたってそれぞれのユーザー定義波長で測定されたサンプルの吸光度を示します。X 軸は時間、Y 軸は吸光度を示します。各指定波長での測定が固有の色で示されます。設定波長およびその波長に割り当てられた色を示す凡例が、画面の左上隅に表示されます。

ユーザー定義波長



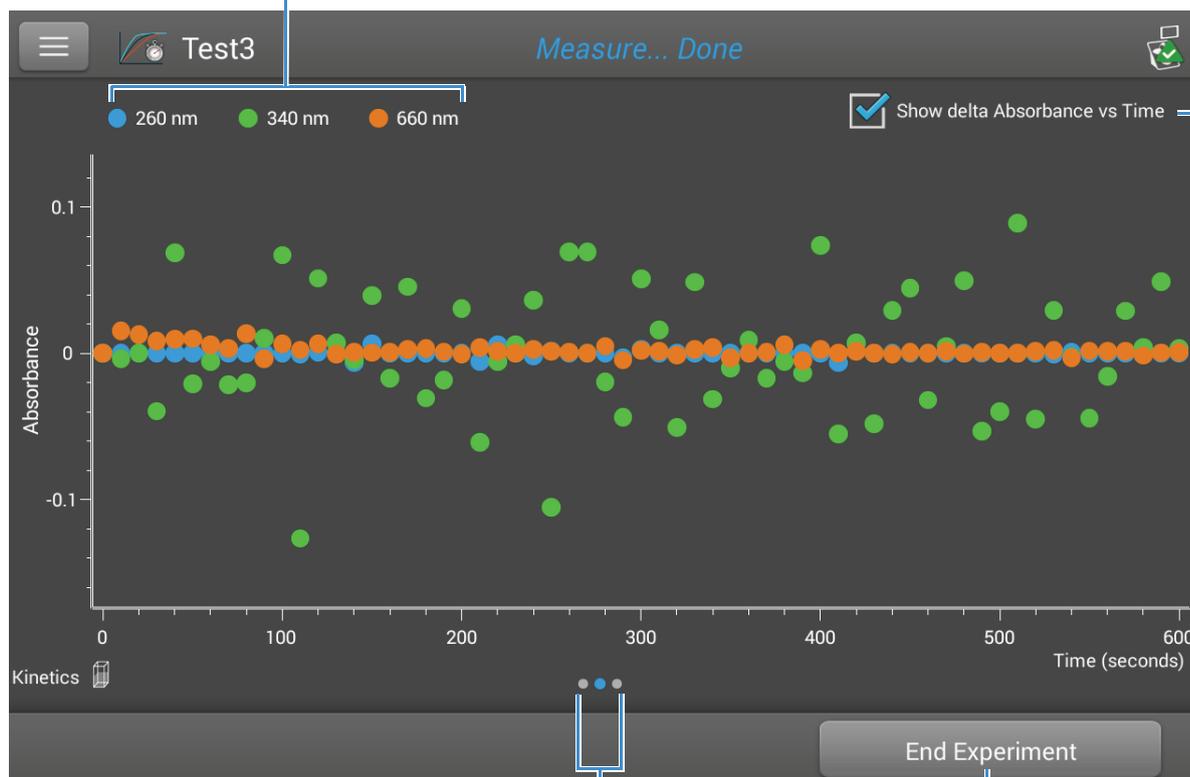
タップしてプロットを更新し、吸光度測定値の経時変化を示します(下の例を参照)。

画面を左にスワイプしてデータ表を表示し、右にスワイプして吸光度測定画面に戻ります。

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

[**デルタ吸光度対時間を表示**] をタップすると、吸光度測定値の経時変化が表示されます。ここで各データポイントは前回の測定からの吸光度の差異を示します。

ユーザー定義波長



タップしてプロットを更新し、吸光度測定値の経時変化を示します(前出の例を参照)。

画面を左にスワイプしてデータ表を表示し、右にスワイプして吸光度測定画面に戻ります。

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

データ表

データ表を表示するには、Rate 測定画面（前述）を左にスワイプします。表内の各行は、すべてのユーザー定義波長での吸光度値をステージおよび時間単位で示したものです。下にスクロールすると、隠れている測定情報が表示されます。以下の画像では、利用可能な機能が強調表示されています。

測定番号	ステージ	測定時間 (クリックして単位を指定)	各ユーザー定義波長の吸光度値		
#	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

サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

画面を右にスワイプして Rate 測定画面に戻ります。

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

測定の詳細

測定の詳細を表示するには、吸光度測定画面またはデータ表の測定行を長押しします。次に例を示します。

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

使用されるアプリケーション: Kinetics
 サンプリング方法: Cuvette

測定された日時: 1/11/2016 7:37:17 PM
 測定ステージ: 1
 測定時間: 0.00
 260 nm での吸光度: 0.0323
 340 nm での吸光度: 0.0263
 660 nm での吸光度: 0.2073
 この測定を削除: 削除アイコン

この画面を印刷: 印刷アイコン
 ユーザー定義波長: 波長入力欄
 メソッドの詳細 (上にスクロールするとさらに詳細を表示): OK ボタン
 前の画面に戻る: 戻るアイコン

関連トピック

- 基本操作

カイネティック測定の設定

カイネティクス設定を表示するには、機器のホーム画面から [**カイネティクス**] (タブ) > [**カイネティクス**] (メソッド) の順にタップし、続けて、[**メソッドを作成**] をタップするか、メソッドを選択したうえで [**メソッドを編集**] をタップします。カイネティクス測定画面からも設定を表示できます。その場合は、 > [**カイネティクス設定**] の順にタップします。

注記 装置に (イーサネットまたは Wi-Fi で) PC が接続されている場合には、カイネティクスメソッドは装置内の NanoDrop One データベースか、接続されている PC 上の NanoDrop ビューアーデータベースにあります。[**データストレージ**] ボックスを使用して、どのデータベースがアクティブかを選択します。次に、手順に従って、該当するデータベースに保存されているカイネティクスメソッドと、それに関連する設定を表示します。

設定は、[**名前と範囲**] と [**ステージと間隔**] の 2 つのタブに表示されます。詳細については、以下の表を参照してください。

タブ	設定	説明
名前と範囲	メソッド名	このメソッドに 名前を入力 します (メソッドが保存された後に、この名前が [カイネティクス設定] ボックスに表示されます)。
	説明	必要に応じて、このメソッドに詳細な 説明 (サンプルのタイプや添加される試薬など) を入力します。
	測定範囲	このメソッドがデータを取得する スペクトルの範囲を選択 します。利用可能なオプション： <ul style="list-style-type: none"> [Ultra-violet only (紫外域のみ)] (190 nm ~ 350 nm) [Visible only (可視域のみ)] (350 nm ~ 850 nm) [Ultra-violet and visible (紫外域および可視域)] (190 nm ~ 850 nm) [Custom (カスタム)] (ナノメートル単位で開始および終了点を指定します) 注: 標準キュベット (10 mm 光路長) 以外のキュベットで得た測定値は、10.0 mm 光路長相当に換算されます。
設定波長	実行時に測定およびレポートする 波長を最大 3 つ入力 します。 注: 指定した波長すべてが、選択した 測定範囲 内に入るようにしてください。	

タブ	設定	説明
ステージと間隔	ステージ数	<p>カイネティック測定用のステージを最大 5 つ指定します。各ステージには、[遅延]、[間隔時間]、および [間隔の数] を任意に設定できます。</p> <p>注: 多くのカイネティック測定には 1 つのステージのみが含まれます。追加のステージが必要になるのは、ステージ間隔または継続時間を変化させる場合のみです。</p>
	時間単位	<p>時間ベースの測定に使用する単位を選択します (秒または分)。</p>
	ステージ 1、2、など	<p>各ステージに利用可能な設定を指定します。</p> <ul style="list-style-type: none"> • 遅延。 ステージが開始するまでの遅延を指定します。 • 間隔時間。 このステージ中に実行する各測定間の時間の長さを指定します (最小値は 2 秒)。ステージ開始時 ([遅延] を指定した場合は遅延の完了後) に、最初の測定が実行されます。 <p>注: 複数のステージで [遅延] をゼロに設定すると、同時に 2 つの測定が実行されます (新しいステージの最初の測定が前のステージの最後の測定と直接重なります)。</p> • 間隔の数 このステージで実行する吸光度測定の数 を指定します。 <p>注: 最初の測定はステージ開始時に実行されるため、各ステージでレポートされる測定数は間隔の数 + 1になります。</p> • 継続時間。 測定値には、このステージに必要な合計時間 (遅延時間、すべての指定間隔など) が示されます。

タブ **設定** **説明**

右側にある色分けした行（下のイメージを参照）で各ステージの開始時間と終了時間を示し、右側にある色分けしたボックスで、各ステージで指定した遅延と間隔数を示します。

	Delay	Interval time	# Intervals	Duration	
Stage 1	0.00	3.00	3	9.00	0 9.0
Stage 2	0.00	2.00	4	8.00	9.0 17.0
Stage 3	5.00	5.00	2	15.00	17.0 32.0

遅延時間を指定しない場合は、各ステージの開始時と終了時に、および指定したそれぞれの間隔の後に吸光度測定が実行されます。遅延時間を指定する場合（上記のステージ3のように）は、最初の間隔の開始時に最初の測定が実行されます。上の例のように単位が秒の場合、合計 11 個の測定が 32 秒にわたり、以下の時間で実行されます。

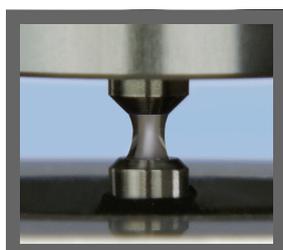
- ステージ 1:0、3、6、9 秒
- ステージ 2:9、11、13、15、17 秒
- ステージ 3:22、27、32 秒

注: カイネティック実験は 1000 個の測定がリミットです。つまり、すべてのステージにおけるすべての間隔の測定の合計数が 1000 個を超えないようにする必要があります。実験が長時間に及ぶ場合は、装置もしくはコンピューターのディスク容量が十分あるかをご確認ください。

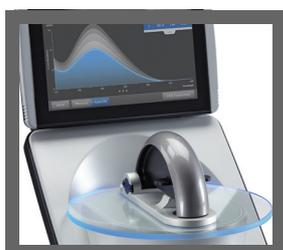
関連トピック

- [機器設定](#)

ラーニングセンター



機器の仕組み



機器セットアップ



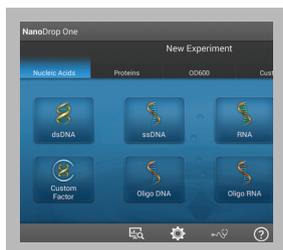
マイクロボリュームサンプルの測定



キュベットを使用した測定



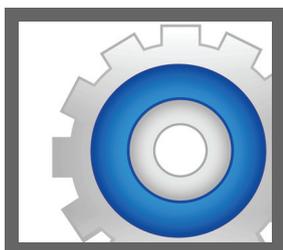
サンプルとブランクの準備



基本操作



Acclaro サンプルインテリジェンス



機器設定



NanoDrop One ビューアー



マルチメディア

マイクロボリュームサンプリング — 仕組み

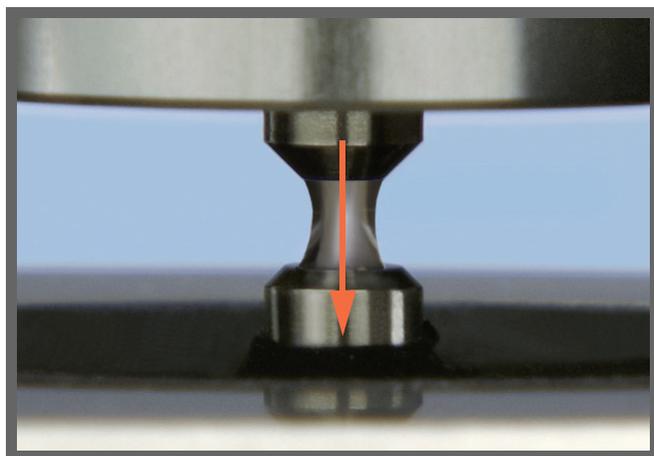
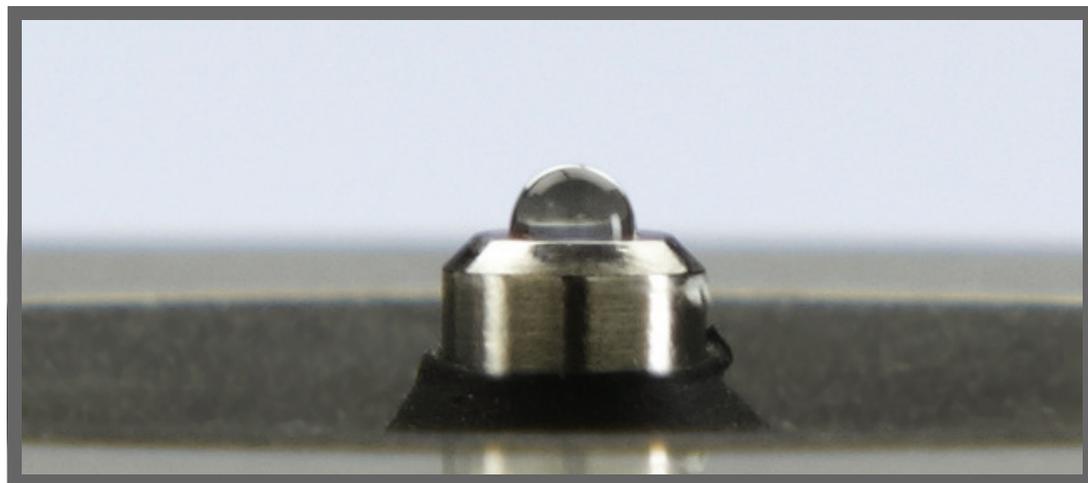
表面張力

吸光度スペクトル

サンプル吸光度

サンプル濃度

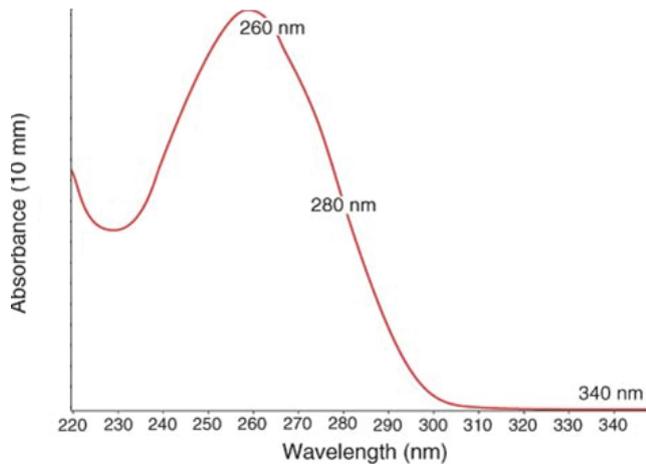
ベースライン補正



表面張力

NanoDrop One 分光光度計は、表面張力を利用して、上下の台座の間に微量サンプルを保持します。特許取得済みのサンプル保持システムは、希釈を必要とせずに、高濃度サンプルの測定を可能にします。

上側の台座に埋め込まれた石英光ファイバーケーブルは、キセノンランプと繋がっています。下側の台座に埋め込まれた2番目のケーブルが、検出器につながっています。アームが下がっている場合、サンプルは液柱を形成し、上下の石英光ファイバーケーブルの隙間を埋めます。



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

ランベルト・ベールの方程式

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

意味：

A = 吸光度単位 (A) の吸光度

ε = L/mol-cm 単位の波長依存のモル吸収係数 (または吸光係数)

b = cm 単位の光路長

c = モル / リットルまたはモル濃度 (M) 単位の分析物濃度

吸光度スペクトル

光は液柱を通過して検出器に至ります。検出器は吸光度と波長のスペクトルを検出します。スペクトルは、測定された各波長でサンプルの分子により吸収される光の量を示します。

注： 蒸発による測定精度への影響を防ぐため、サンプルまたはブランクをロードした後はすぐにアームを下ろします。

左側の例は、核酸サンプルを測定した通常の吸光度スペクトルを示します。スペクトルは 190 nm ~ 850 nm まで測定されます。表示される範囲はアプリケーションによって異なります。

サンプル吸光度

ブランク測定すると、ブランク溶液のリファレンススペクトルが測定され、メモリに保存されます。サンプル測定ごとに、左にある方程式に従って、サンプルの総吸光度を算出するために、サンプル強度とともにブランク強度が使用されます。

サンプル濃度

左に示されているランベルト・ベールの方程式 (ベールの法則) は、サンプル吸光度を濃度と関連付けるために使用されます。

光路長は、測定のたびにリアルタイムで変わる、2つの台座の間の距離です。この光路長自動調整テクノロジーは、広いダイナミックレンジの全域で正確な濃度結果を出します。

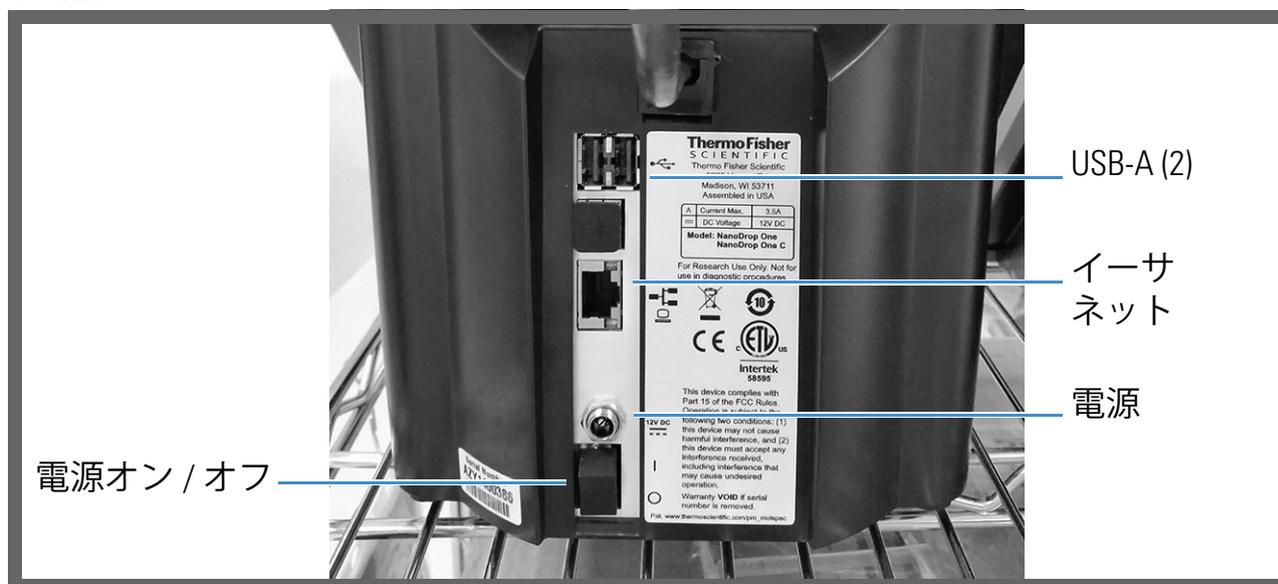
ベースライン補正

一部のアプリケーションは、ベースライン補正を各測定に適用するように設定できます。これにより、サンプルスペクトル中の光散乱粒子が原因のオフセットを最小限に抑えます。補正では、基本的にスペクトルをリファレンス波長での 0 吸光度単位に「固定」して、0 (ゼロ) に近いリファレンス波長での吸光度値を、スペクトルにわたる各波長での吸光度値から差し引きます。

関連トピック

- 機器モデルおよび機能
- マイクロボリュームサンプルの測定
- 核酸測定の計算
- タンパク質 A280 測定値からの算出

機器セットアップ



電源の接続



注意 感電に注意してください。アース端子のついた壁コンセントを使用してください。アース線は主分電盤の接地個所に接続された電位差を持たない配線でなければなりません。

付属の電源コードをアース付きコンセントに接続します。詳細については[ここをタップ](#)してください。

アクセサリーの接続

USB キーボード、マウスや互換性のあるプリンターまたは互換性のある他のアクセサリーを装置に接続するために、装置の USB ポート（前面、背面左側、または背面右側）を使用します。NanoDrop One と互換性のあるアクセサリーの詳細については、「[アクセサリー](#)」を参照してください。

Bluetooth 接続の設定

Bluetooth™ を使用して、装置を 1 つ以上の Bluetooth（ワイヤレス）入力デバイス（Bluetooth キーボード、マウス、またはバーコードスキャナーなど）に接続します。

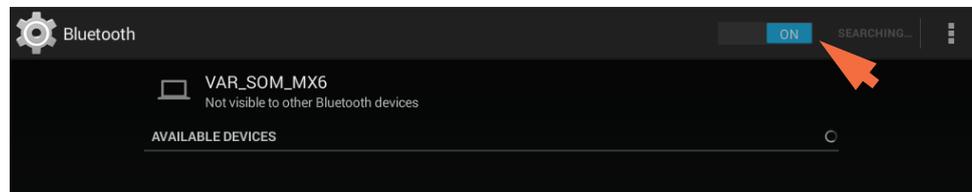
注記 使用するデバイスには「ワイヤレス」を示すラベルだけでなく、「Bluetooth」ラベルが貼ってあることを確認してください。Bluetooth デバイスはすべてワイヤレスですが、逆にワイヤレスデバイスが必ず Bluetooth に対応しているわけではありません。

装置での Bluetooth 接続の設定

- 装置のホーム画面から、（**設定**）をタップします。
- [システム] タブをタップします。
- [Bluetooth] をタップします (Bluetooth が無効の場合は、右上のボタンが「オフ」になり、Bluetooth 入力デバイスはリスト表示されません)。

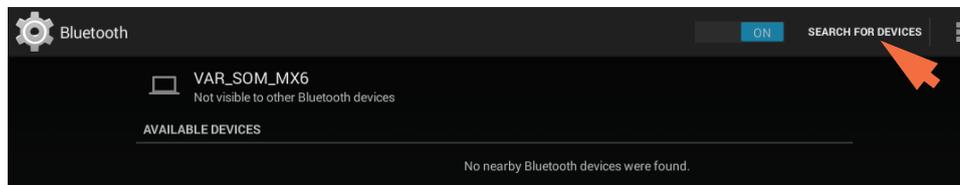


- [オフ] ボタンをタップして Bluetooth 接続を有効にします (ボタンの色は青に変わり、表示は「オン」になり、利用可能な Bluetooth 入力デバイスが自動的に検索されます)。

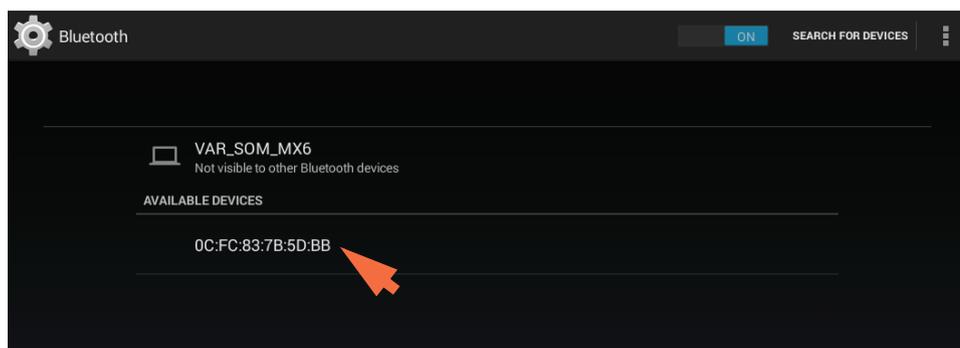


Bluetooth デバイスが見つからない場合は、数秒後に「近くに Bluetooth デバイスは見つかりませんでした」というメッセージが表示されます。

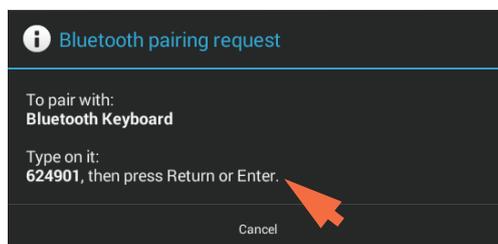
- Bluetooth デバイスを追加するには、マニュアルの指示に従い、デバイスをペアリングします (たとえば、ボタンを長押しや装置の [デバイスを検索] をタップするなど)。



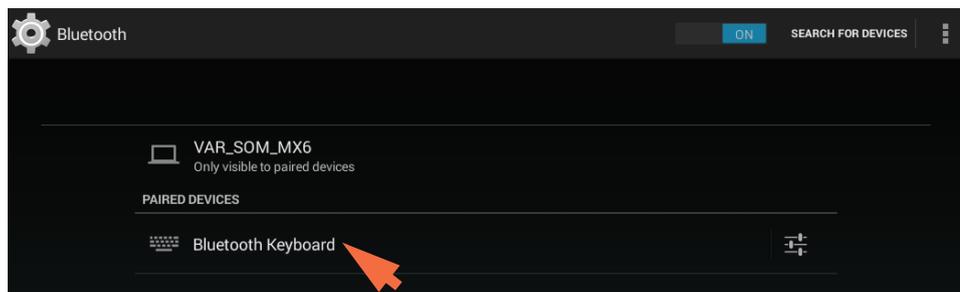
[利用可能デバイス] リストにデバイス名が表示されます。



- デバイスをペアリングするには、[利用可能デバイス] リストで該当する名前をタップします (以下のようなペアリング要求が表示される場合があります)。

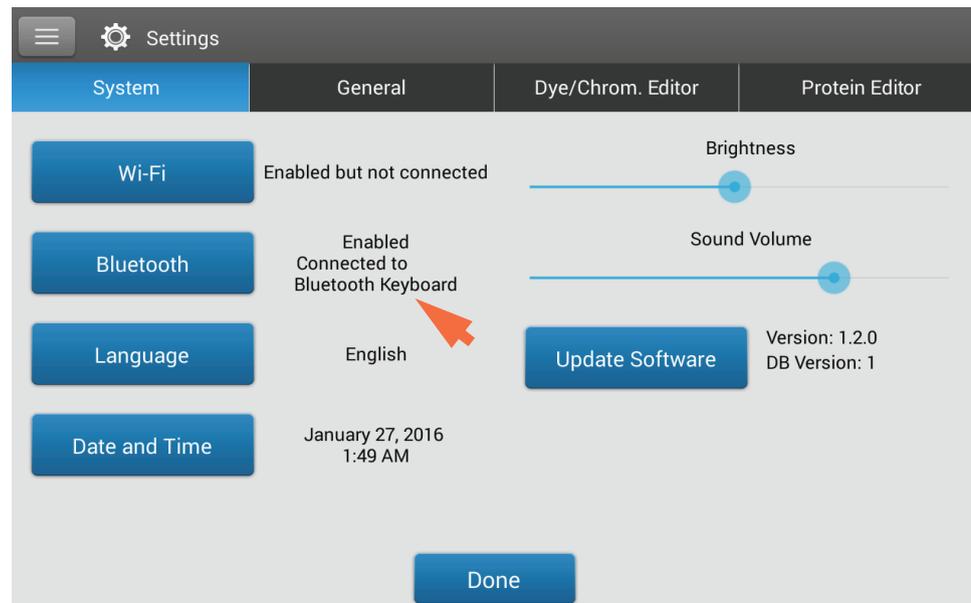


- 手順を完了すると、デバイスがペアリングされます。



注記 Bluetooth デバイスがペアリングされない場合は、デバイスを再起動した後で上記のステップを繰り返し、装置とのペアリングを行います (Bluetooth をオフにした後再度オンにすることも試してください)。デバイスをペアリングすると、装置の再起動後もペアリングが維持されます。

- [戻る] をタップします ([Bluetooth] ボタンの右側に Bluetooth のステータスが表示されます)。



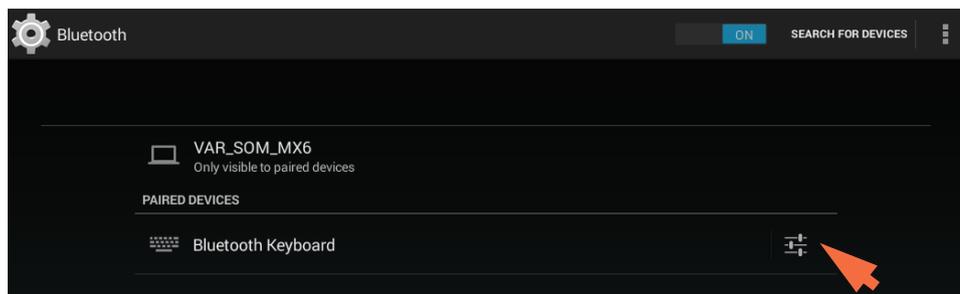
- 別の Bluetooth デバイスを追加するには、上記のステップを繰り返します。[設定] を閉じるには [完了] をタップします。

Bluetooth 入力デバイスの選択解除

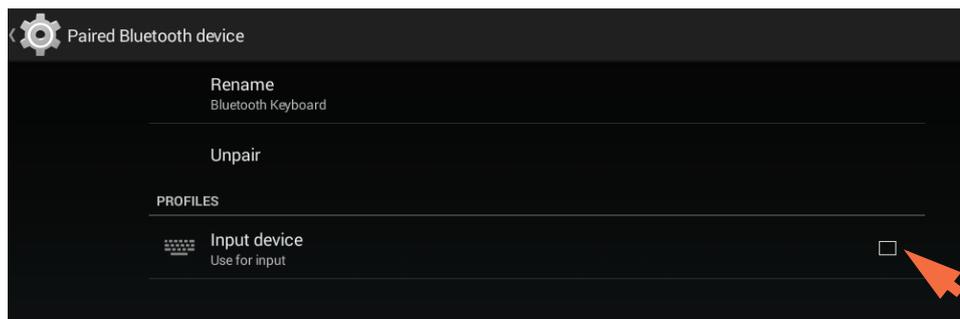
Bluetooth 入力デバイスを使用するときは、デバイスの接続またはペアリングを解除するようお勧めします。これにより、他のユーザーが入力用のデバイスを再選択して使用できます。たとえば、キーボードやバーコードスキャナーなど、複数台の Bluetooth 入力デバイスが接続およびペアリングされている場合は、以下の手順に従い、使用するデバイスを選択するか、使用しないデバイスの選択を解除します。

- 装置のホーム画面から、 をタップします。
- [システム] タブをタップします。
- [Bluetooth] をタップします。
- ペアリングされている Bluetooth デバイス (キーボードなど) の選択を解除するには、対象のデバイスの [プロファイル] ボタンをタップします。





- 関連するチェックボックスをオフにして、[入力に使用]の選択を解除します。



- 左上にある [ペアリングされた Bluetooth デバイス] をタップすると、前の画面に戻ります。
- [戻る] をタップすると、システム設定に戻ります。
- [完了] をタップすると、[設定] が閉じます。

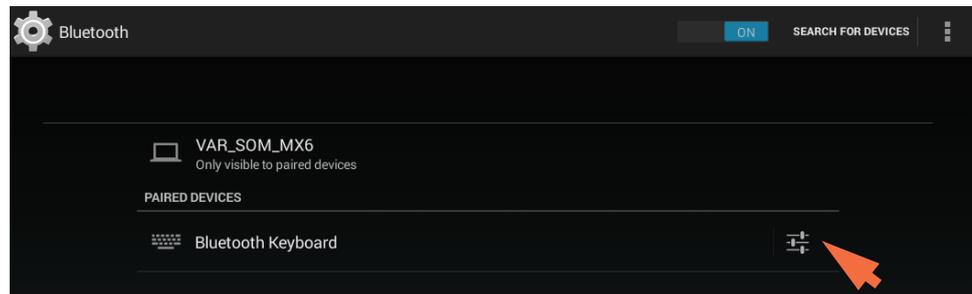
注記

- 入力用の Bluetooth デバイスが選択されていない場合、入力はタッチスクリーンキーボードのみとなります。
- デバイスを再度選択するには、上記の手順を実行し、デバイスの [入力に使用] チェックボックスをオンにします。

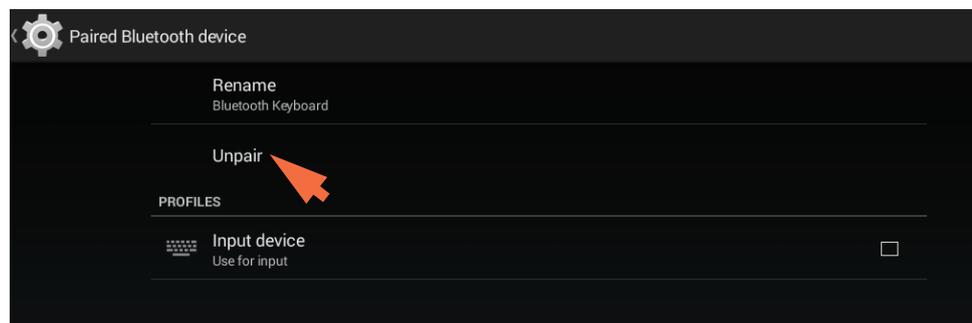
Bluetooth デバイスの選択解除

- 装置のホーム画面から、 をタップします。
- [システム] タブをタップします。
- [Bluetooth] をタップします。

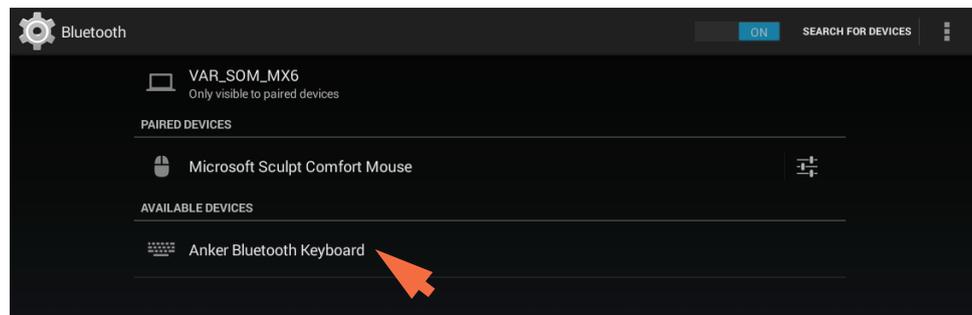
- ペ어링された Bluetooth デバイスの接続を解除するには、対象のデバイスの [プロファイル] ボタンをタップします。



- [ペアリング解除] をタップします。



デバイスは「ペアリングされたデバイス」の下には表示されなくなりますが、[利用可能デバイス] リストには残ります。



- [戻る] をタップすると、システム設定に戻ります。
- [完了] をタップすると、[設定] が閉じます。

イーサネット接続の設定

装置のイーサネットポートを使用して、パソコン (PC) を有線接続することができます。接続されているコンピューターを使用して、NanoDrop One で測定したデータを保存または表示できます。(NanoDrop One ビューアー ソフトウェアがコンピューターにインストールされている必要があります)。

必要なツール:

- 標準の (ストレートスルー) イーサネットケーブル (CAT5e またはそれ以降を推奨)

注記 コンピューターが旧式のモデルの場合は、代わりに、クロスオーバーイーサネットケーブルが必要になる場合があります。最新モデルのコンピューターの場合は、ケーブルタイプが自動的に検出され、ストレートスルーとクロスオーバーのどちらでも使用できます。ただし、最高のパフォーマンスを発揮するのはストレートスルーケーブルです。

イーサネット接続の設定

- 装置背面にあるイーサネットポート (前出の図を参照) とコンピューター上のイーサネットポートをイーサネットケーブルで接続します。

ワイヤレス接続の設定

Wi-Fi™ を使用して、無線ローカルエリアネットワーク (WLAN) を通じて装置をリモートコンピューターに接続します。リモートコンピューターを使用して、NanoDrop One で測定したデータを保存または表示できます。

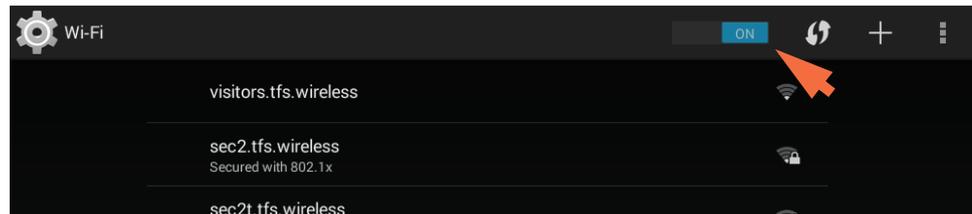
注記 Wi-Fi を用いて、接続されたコンピューターにデータを保存したり表示したりするには、NanoDrop One ビューアー ソフトウェアをリモートコンピューターにインストールし、そのコンピューターを Wi-Fi データストレージに設定する必要があります。また、装置をリモートコンピューターのネットワークホストに接続し、Wi-Fi を有効にする必要があります。

装置での Wi-Fi ネットワークの選択

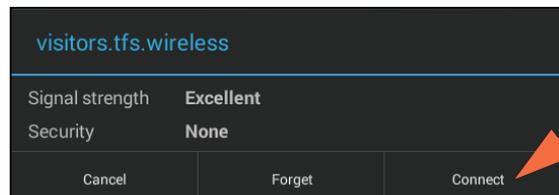
- 装置のホーム画面から、 (設定) をタップします。
- [システム] タブをタップします。
- [Wi-Fi] をタップします (Wi-Fi が無効の場合は、右上のボタンが「オフ」になり、ワイヤレスネットワークはリスト表示されません)。



- ボタンをタップして Wi-Fi を有効にし、利用可能な Wi-Fi ネットワークを表示します。



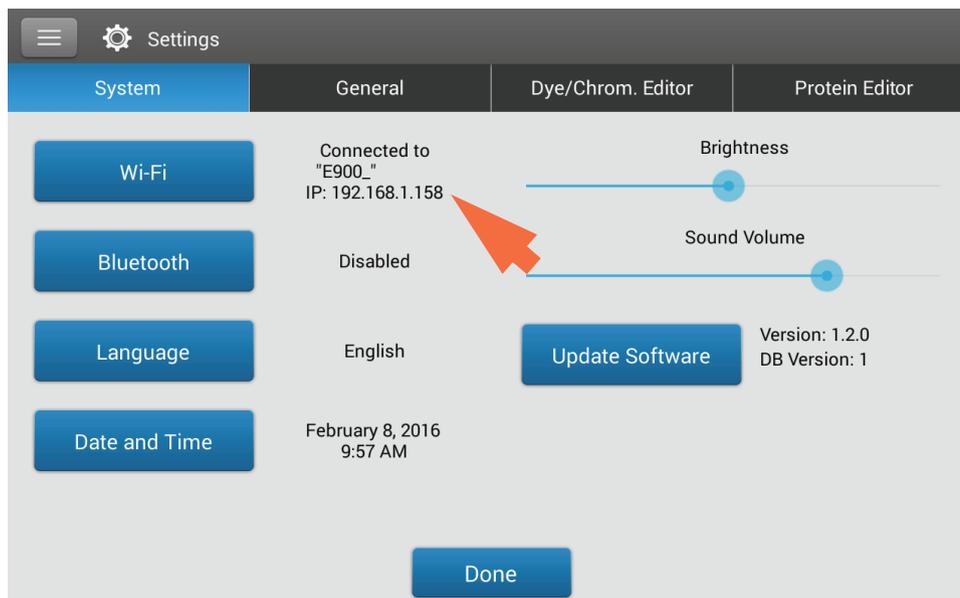
- リモートコンピューターの Wi-Fi ネットワークホストを選択し、[接続] をタップします (次に例を示します)。



- [戻る] をタップして Wi-Fi の設定を終了します (接続が成功すると、装置に IP (インターネットプロトコル) アドレスが割り当てられ、下の例に示すように、[Wi-Fi] ボタンの右に表示されます)。

注記 Wi-Fi ネットワークによっては、接続する前に ID、パスワード、その他の情報を要求される場合があります。あるいは匿名の Wi-Fi ネットワークもあります (この場合は、名前で検索する必要があります)。詳細については、システム管理者にお問い合わせください。

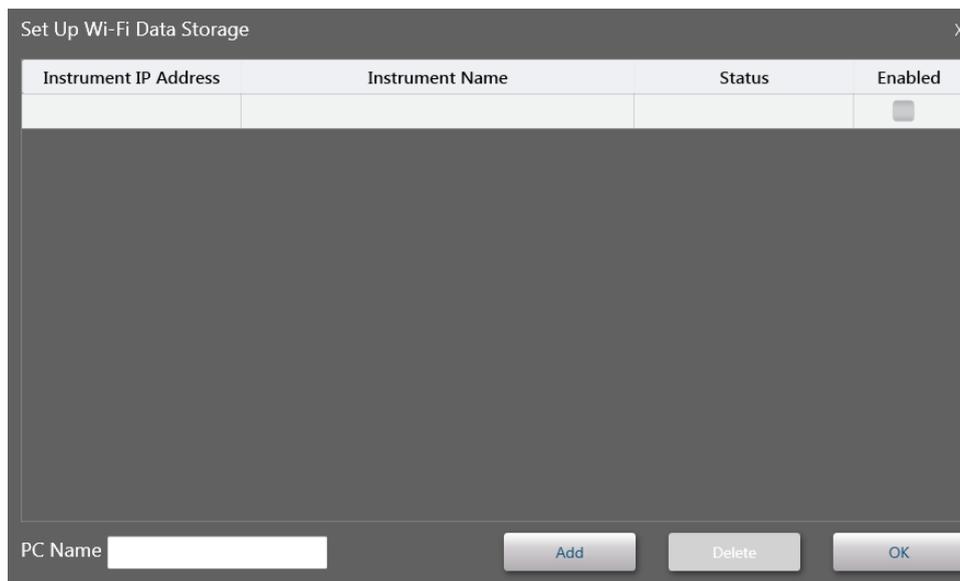
3 ラーニングセンター 機器セットアップ



- IP アドレスを記録します (次のセクションでリモートコンピューターに入力する必要があります)。
- [完了] をタップすると、[設定] が閉じます。

リモートコンピューター上での Wi-Fi データストレージの設定

- リモートコンピューターから、**NanoDrop One ビューアー** ソフトウェアを開きます。
- [ファイル] (メニュー) > [Wi-Fi データストレージのセットアップ] の順に選択します (以下の画面が表示されます)。



- 以下の情報を入力します。
 - **装置の IP アドレス** (機器で [設定] > [システム] の順に選択すると表示されます (前のセクションを参照)。IP アドレスが有効な場合、[ステータス] 列に「有効な IP アドレス」と表示されます)
 - **装置名** の入力 (同じネットワーク上の同じラボに複数ある場合)
 - 装置の [有効] ボタンにチェックマークが入っていることを確認します (下の例を参照)。
 - [PC 名] に割り当てられたコンピューター名や氏名を入力します (ここで入力した名前は、装置の [データストレージの場所を選択] リストボックスに表示されます (次のセクションを参照)。



Wi-Fi 接続を追加
(新しい装置を使用)

選択した Wi-Fi 接
続を削除

- 別の装置を設定するには、[新規] をタップし、上記の手順を繰り返します。

通知 このリストには複数の Wi-Fi アドレスを追加できるため、コンピューターの切り替えが簡単になります。ただし、データの整合性を確保するため、データ取得中に有効にできる Wi-Fi 接続は 1 つのみとします。

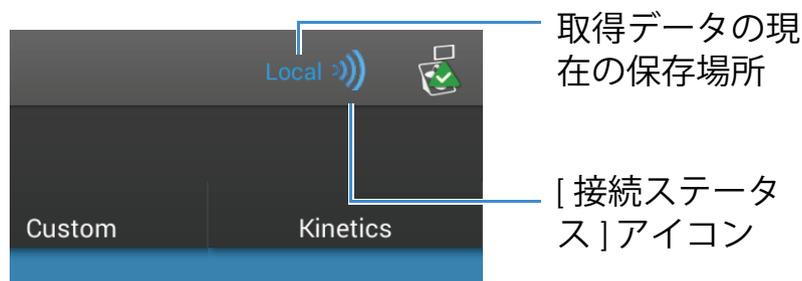
- リストから項目を削除するには、[削除] をタップします。
- 作業が終了したら、[OK] を選択して [Wi-Fi データストレージのセットアップ] を閉じます。

収集データの保存場所の選択

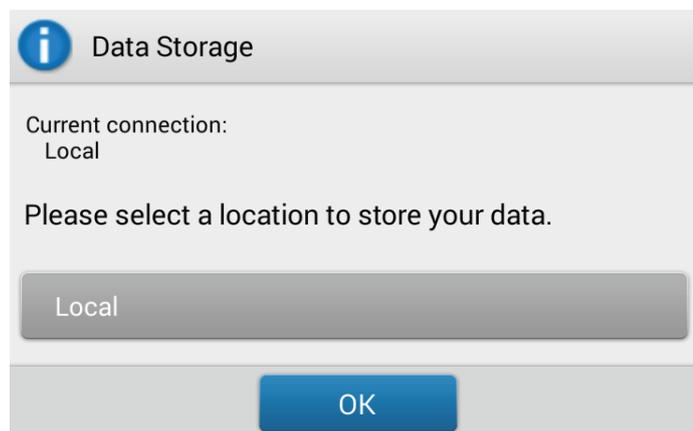
- 装置のホーム画面から [接続ステータス] アイコンをタップします。



注記 [接続ステータス] アイコンは、装置がイーサネットケーブルで、または正しく構成されたワイヤレスネットワークを介して、パソコン (PC) と接続されている場合にのみアクティブ (つまり青色) になります (下の例を参照)。



下の例に示すように、[データストレージ] メッセージボックスが表示されます。

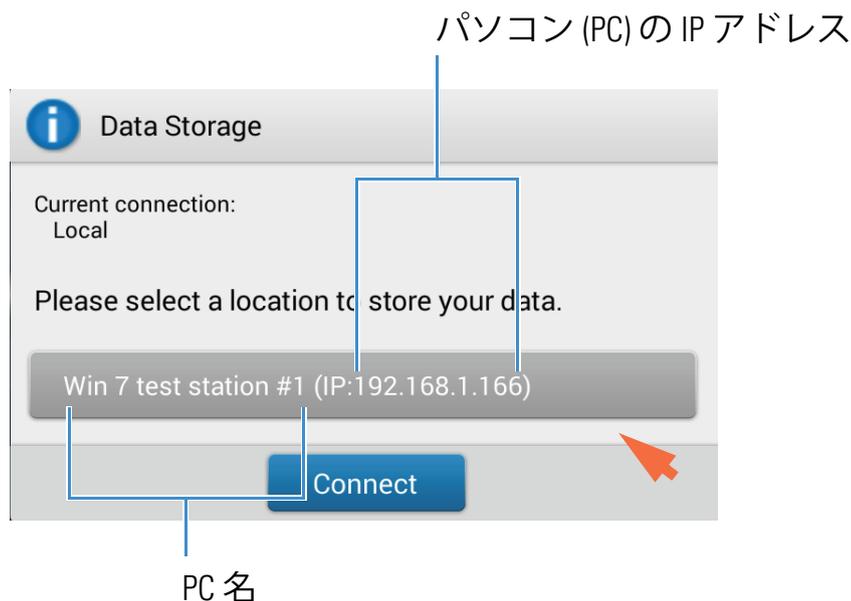


- 以下に示す利用可能なオプションを選択します。
 - その後取得されるすべての測定結果を装置内の NanoDrop One データベースにのみ保存するには、[データストレージ] を [ローカル] に設定します (上の例を参照)。
 - その後取得されるすべての測定結果を、イーサネットケーブルで装置に接続されているコンピューターの NanoDrop One ビューアーデータベースに保存するには、[データストレージ] を [PC と直接接続]* に設定します (詳細については「イーサネット接続の設定」を参照)。

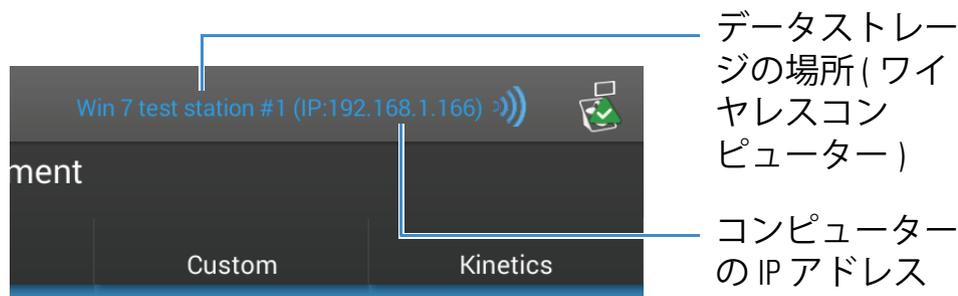
- その後取得されるすべての測定結果を、ワイヤレスネットワークを介して装置に接続されているコンピューターの NanoDrop One ビューアーデータベースに保存するには、[データストレージ]を**コンピューターの割り当て名*** に設定します (詳細については「[Wi-Fi 接続の設定](#)」を参照)。

* 前述のイーサネットおよびワイヤレスのオプションを使用しても、装置内にデータをバックアップとして保存できます。

以下に、ワイヤレス構成済みの宛先コンピューターをデータストレージとして選択する例を示します。



- [接続] (接続がすでに確立されている場合は [OK]) をタップすると、メッセージボックスが閉じます ([接続ステータス] アイコンの横に新しいデータストレージの場所が表示されます)。



その後取得されるすべての測定結果が、選択したコンピューターの NanoDrop ビューアーデータベース、およびローカル装置の NanoDrop One データベースに保存されます。

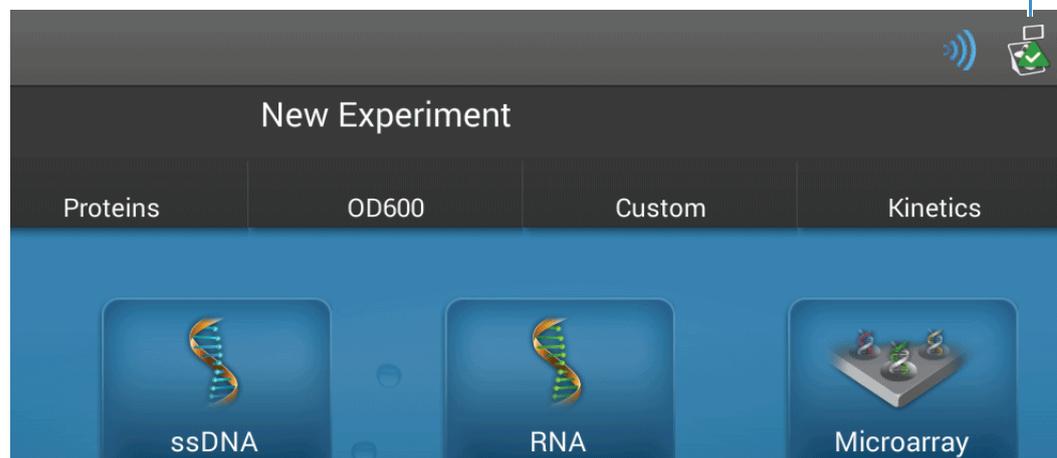
注記

- NanoDrop One ビューアーソフトウェアは、データを装置から保存するために実行されている必要はありません。
- 測定中にワイヤレスまたはイーサネットの接続が遮断されると、データストレージがローカル装置に切り替わります。このときデータの損失はありません。
- **カスタムメソッド**と**カイネティクスメソッド**において、データ保存先がリモートストレージに設定されている場合は、接続されたコンピューターにメソッドが常駐している必要があります。
- イーサネットケーブルまたはワイヤレスネットワークを介して装置がコンピューターと接続されている場合、装置のホーム画面にある [データビューアー] アイコンは使用不可になります (装置を使用して、接続されているコンピューターの NanoDropOne データベースを表示することはできません)。

機器の接続状況

装置のホーム画面の右上にある [システムステータス] アイコンを使用して、機器の接続ステータス (Bluetooth、イーサネット、Wi-Fi など) を確認できます。

タップして接続ステータスを表示します。



接続ステータスの表示

- 装置のホーム画面で  をタップして [システムステータス] ボックスを開きます。

装置が現在データを保存しているデータベースの場所 (装置または接続されている PC)

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 ステータス

Bluetooth ステータス

- [OK] をタップして [システムステータス] を閉じます。

操作仕様

装置が確実に動作するためには、設置環境として以下の仕様を満たします：

- 動作温度 :5 °C ~ 35 °C (41 °F ~ 95 °F)
- 相対湿度 (結露しないこと):20 ~ 80%

装置は、サンプルの蒸発を最小限に抑えるために、エアコンやファンから離して設置します。

注記 推奨する湿度範囲の最低域で使用する場合は、蒸発を防ぐために適切なサンプル量を使用します。

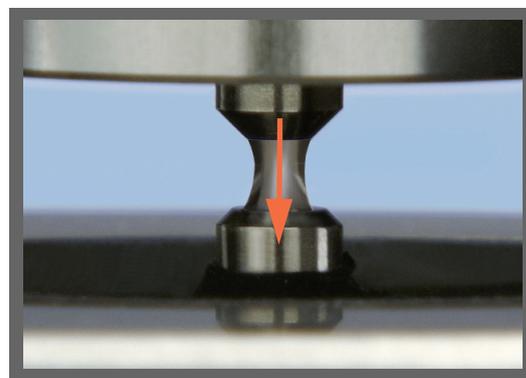
装置を設置した後は、電源を入れた状態にしておいてください。

関連トピック

- [安全性と操作に関する注意](#)
- [機器モデルおよび機能](#)
- [オプションのアクセサリー](#)
- [機器設定](#)

マイクロボリュームサンプルの測定

NanoDrop One 分光光度計は、表面張力を利用して、上下の台座の間に微量サンプルを保持します。特許取得済みのサンプル保持システムは、希釈を必要とせずに、高濃度サンプルの測定を可能にします。詳細については、[ここをタップ](#)します。



必要なもの

- NanoDrop One または NanoDrop One^c 分光光度計
- リントフリーのラボペーパー
- 校正された精密ピペット (0 ~ 2 μ L)
- 適切な緩衝液中で懸濁されるサンプル材料 (「[サンプルの準備](#)」を参照)
- ブランク機器用の純粋な緩衝液 (「[ブランクの選択と測定](#)」を参照するか、マルチメディアトレーニング「[ブランクとは](#)」をご覧ください)

マイクロボリューム測定 of 適切な方法

日常の台座のクリーニング

- 最初の測定前に、ラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。
- **ブランクサイクルを実行して**、台座がきれいになっていることを確認します。
- 毎回の測定後に、キャリーオーバーを防ぐために新しいラボペーパーを使用して上下の台座を拭き取ります。
- 毎回の測定後に、脱イオン水を使用して台座をクリーニングします（「**ユーザー毎の台座のクリーニング**」を参照）。
- 定期的に**台座をリコンディショニング**して、疎水性を維持します。



サンプルのピペット操作

- 推奨されるサンプル量を使用して、確実に適切な液体カラムが形成されるようにします。
- サンプル溶液を台座に正確にアプライするために、校正された精密ピペット (0 ~ 2 μ L 容量) を、低吸着の精密チップ (ローリテンションチップ) とともに使用してください。

精度の低い (0 ~ 10 μ L) ピペットを使用している場合、2 μ L のサンプル量を使用してください。

- ブランクおよびサンプルごとに新しいチップを使用してください。
- 測定ごとに新しいサンプルを使用してください。
- 溶剤が使用されている場合、台座と互換性があることを確認してください (「有害物質」の「使用可能な溶剤」を参照)。



推奨されるサンプル量

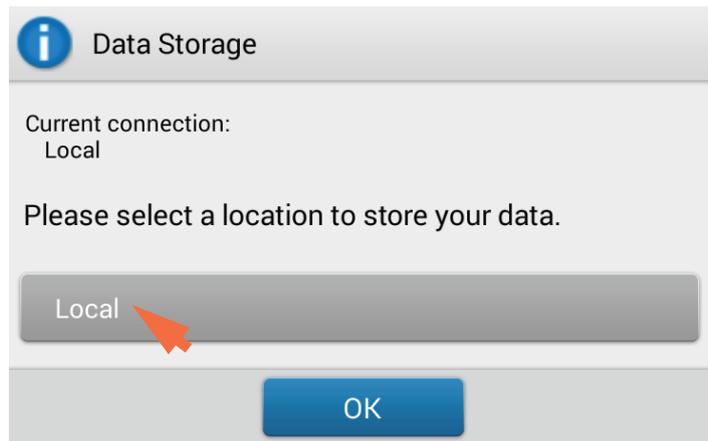
アプリケーション	サンプル量
核酸 (水溶液)	1 μ L ^a
精製済みタンパク質	2 μ L
Bradford 法または BCA 法などの他のタンパク質アプリケーション	2 μ L
微生物細胞懸濁液	2 μ L

^a 界面活性剤などの表面張力を下げる可能性のある物質が含まれている、サンプルの 2 μ L を使用します。

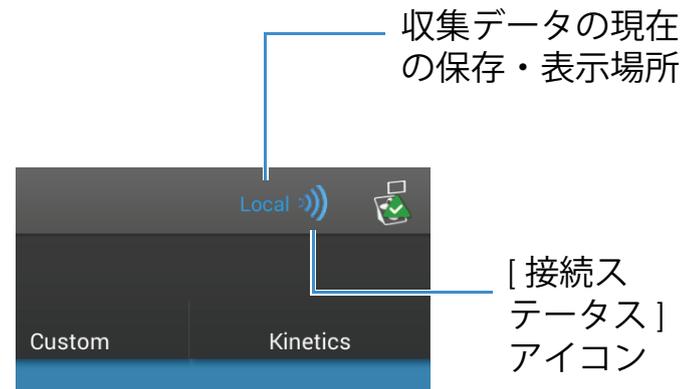
マイクロボリュームサンプルの測定方法

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

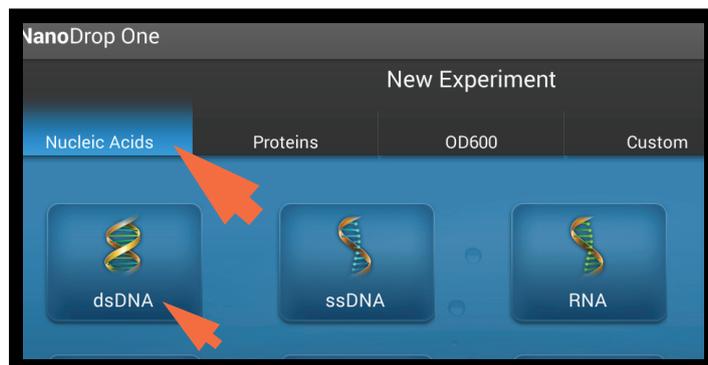


1. 装置がイーサネットあるいはワイヤレスを介してパソコン (PC) と接続され稼働している場合は、[接続ステータス] アイコンが青くなり、現在選択されている、装置で収集したデータを保存および表示する場所が示されます。



[接続ステータス] アイコンが青色の場合は、**アイコンをタップ**し、左に示すように [データストレージ] を [ローカル] に設定します。

2. 装置のホーム画面から、[核酸] などのアプリケーションタブを選択し、[dsDNA] や [RNA] などのアプリケーション名をタップします。



3 ラーニングセンター

マイクロボリュームサンプルの測定



3. アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。



4. ブランクを測定します。
 - 1～2 μL のブランク溶液をピペットで取り、下側の台座にアプライし、ただちにアームを下ろします。
 - [**ブランク**] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

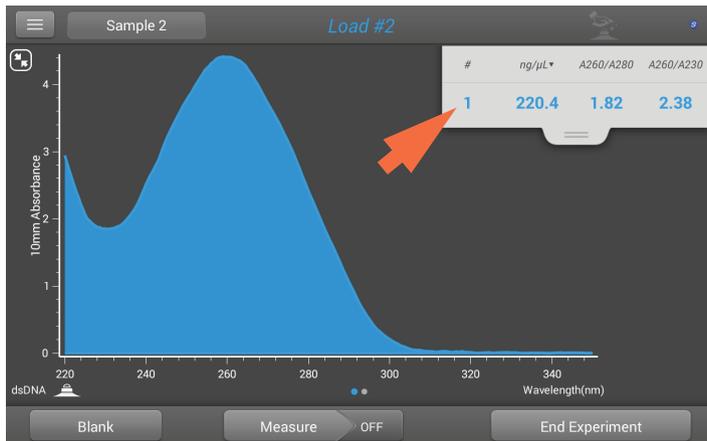
ヒント : 自動ブランクがオンになっている場合、アームを下げた後自動的にブランク測定が開始します。

- アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。

5. 最初のサンプルを測定します。

- 1～2 μL のサンプル溶液をピペットで取り、台座にアプライし、ただちにアームを下ろします (詳細については「**推奨されるサンプル量**」を参照)。
- サンプル測定を開始します。
 - **自動測定** がオンになっている場合、アームを下げます。
 - 自動測定がオフになっている場合、アームを下げて [**測定**] をタップします。
- サンプル測定が完了したら、スペクトルおよびレポートされた値が表示されます。

3 ラーニングセンター マイクロボリュームサンプルの測定



サンプル ID の横にこれらの記号のいずれかが表示されている場合は、記号をタップして、測定に関する警告または追加情報を表示します。



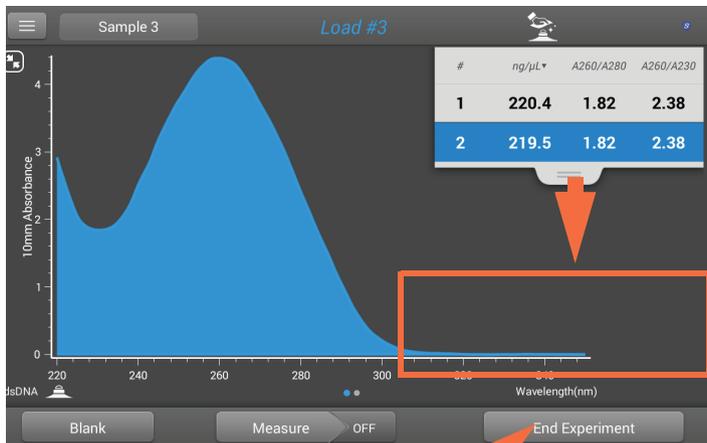
入手可能なコンタミネーション情報



利用可能なオンデマンドテクニカルサポート



不適切な結果



タップして、Experiment
を終了します。

6. 別のサンプルの測定方法：

- アームを上げます。
- 新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
- 次のサンプルをロードし、アームを素早く下げます。
- サンプル測定を開始します。
- 測定が完了するまで待ちます。

スペクトル表示で以前のスペクトルが新しいものに置き換わり、表中で以前の値の下に新たにレポートされた値が表示されます (タブを下にドラッグして両方のデータセットを表示します)。

3 ラーニングセンター

マイクロボリュームサンプルの測定

End Experiment

Experiment Name:
dsDNA 9_1_2015 4_00_24 AM

Add Identifier (+)

Export data to USB drive:
Front USB Export

Experiment Print End Experiment

複数のサンプルを測定する場合にタップします。

タップして、Experimentを終了し、保存します。

7. サンプルの測定を終了する場合、以下の操作を行います。

- [Experiment 終了]をタップします。
- Experiment 名を入力する ([Experiment 名] ボックスをタップし、表示されたキーボードを使用して名前を入力し、[完了] キーをタップする) か、またはデフォルトの Experiment 名のままにします。
- End Experiment をタップします。
- アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。

一日分の測定を終えたら、脱イオン水を使用して台座をクリーニングします(「ユーザー毎の台座のクリーニング」を参照)。

取得したデータは自動的に、入力した名前が付いた Experiment として保存されます。デフォルト構成で、Experiment は取得日、Experiment 名、使用されるアプリケーション、および割り当てられているラベルに従って装置内のデータベースに格納されます(「装置での ID の管理」を参照)。

関連トピック

- [マイクロボリュームサンプリング — 仕組み](#)
- [吸光度検出限界](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [自動測定と自動ブランク](#)
- [Acclaro サンプルインテリジェンス](#)
- [台座のクリーニング](#)
- [Experiment データベースの検索](#)
- [データのエクスポート](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)

キュベットを使用したサンプルの測定

NanoDrop One^C 分光光度計には、希釈サンプルの測定、比色分析、細胞培養、およびカイネティック測定のためのキュベットホルダーが付属しています。キュベットシステムでは、**検出限界**の下限が拡大されており、またオプションの 37°C ヒーターとマイクロスターラーが使用可能です。



必要なもの

- NanoDrop One^C 分光光度計
- リントフリーのラボペーパー
- 2つの**互換性のあるキュベット**
- 適切な緩衝液中で懸濁されるサンプル材料
(「**サンプルの準備**」を参照)
- ブランク機器用の純粋な緩衝液 (「**blankの選択と測定**」を参照するか、マルチメディアトレーニング「**blankとは**」をご覧ください)

3 ラーニングセンター

キュベットを使用したサンプルの測定

キュベット測定 of 適切な方法

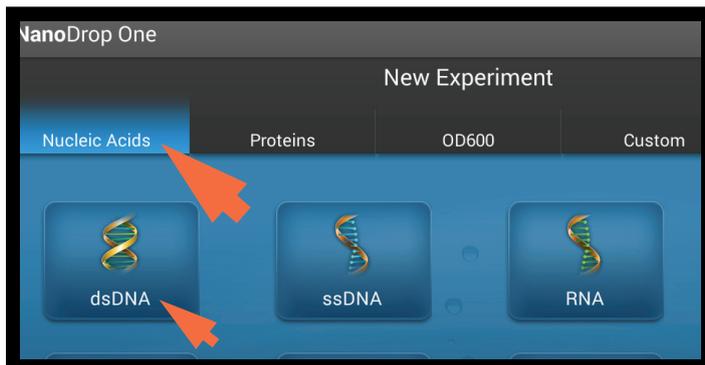
- 装置のアームは、キュベット測定時に上方または下方に移動できます。
- 10 mm、5 mm、2 mm、または 1 mm キュベットは、最大 48 mm の高さで使用します。
- 毎回の測定後にキュベットを洗浄し、乾燥させます。
- キズの付いていないキュベットを使用し、結果に影響する可能性のある指紋を付けないようにします。
- 石英キュベットまたは UV 用プラスチックキュベットを、UV 範囲内の分析波長により使用します (340 nm 以下)。
- マイクロ、セミマイクロ、およびウルトラマイクロキュベットは覆われている必要があります。
- 装置の光路を覆うのに十分な量のブランク溶液またはサンプル溶液で、キュベットを満たします (2 mm のサンプルビームがキュベットの底から 8.5 mm 上方に照射されます)。
- アームを上げて、キュベットホルダーにゴミがないことを確認します。
- 石英または覆われたプラスチックキュベットを挿入すると、キュベットの光路を機器の光路と合わせます。



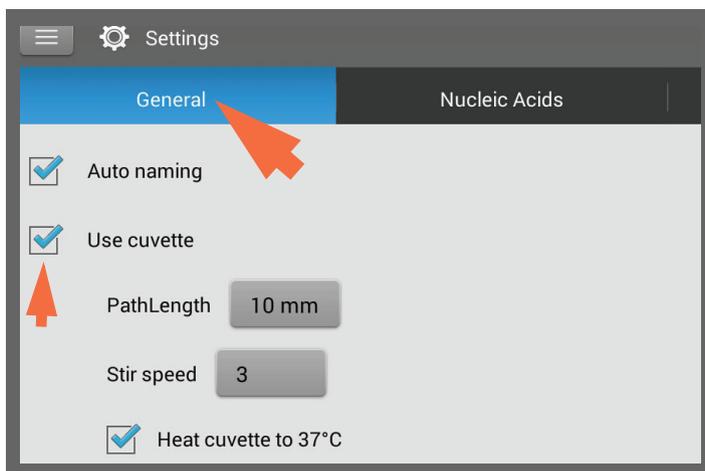
キュベットを使用したサンプルの測定方法

通知

- こぼして損傷することがないように、液体の容器は機器に近づけないでください。
- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。



1. ホーム画面から、[核酸]などのアプリケーションタブを選択し、[dsDNA]や[RNA]などのアプリケーション名をタップします。



2. キュベットオプションを指定します。
 - ホーム画面から、 (設定) をタップします。
 - [General (一般)] をタップします。
 - [キュベットを使用] を選択します。
 - [光路長] をキュベットの波長(幅)に設定します(仕様についてはキュベットメーカーにお問い合わせください)。
 - 必要に応じてスターラーとヒーターを設定します。
 - [完了] をタップします。

詳細については、「[一般設定](#)」を参照してください。

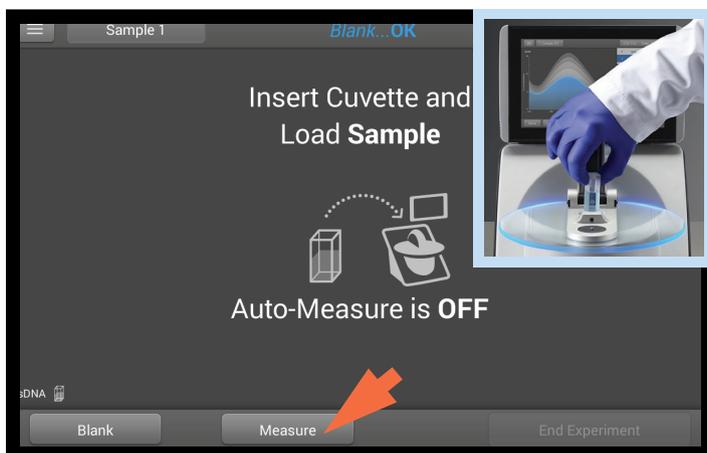
3 ラーニングセンター

キュベットを使用したサンプルの測定



3. ブランクを測定します。

- 綺麗に拭いたキュベットに、**光路**の高さを超える十分量のブランク溶液またはサンプル溶液で満たします。
- アームを上げ、ブランクキュベットをキュベットホルダーに挿入して、必ず装置内の光路長設定とキュベットの光路長を合せます。
- **[ブランク]** をタップし、測定が完了するまで待ちます。



4. サンプルを測定します。

- 清潔なキュベットを同じ高さまでサンプル溶液で満たします。
- ブランクキュベットとサンプルキュベットを取り換え、光路が合っていることを確認します。
- **[測定]** をタップします。
- 測定が完了するまで待ちます。
- キュベットを取り外します。
- キュベットメーカーの仕様に従ってキュベットを洗浄します。

関連トピック

- [機器モデルおよび機能](#)
- [吸光度検出限界](#)
- [サンプルとブランクの準備](#)
- [Acclaro サンプルインテリジェンス](#)
- [機器設定](#)
- [Experiment データベースの検索](#)
- [Export Data](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)

サンプルとブランクの準備

サンプルの準備

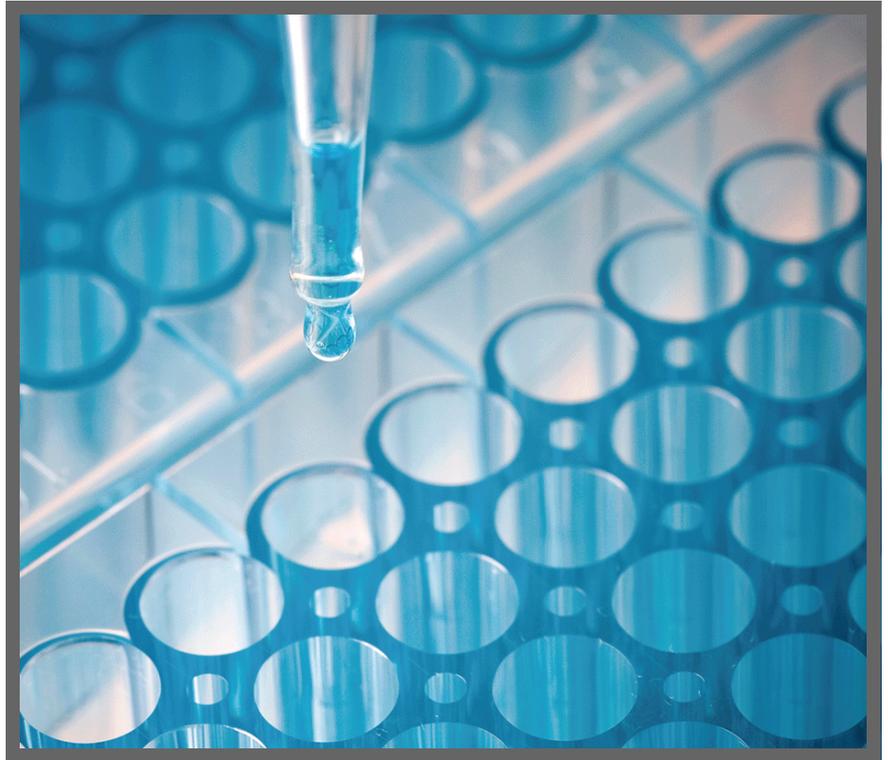
- サンプル測定の前にサンプルを抽出・精製します。これを目的とする市販のサンプル分離キットが提供されています。またはラボでご使用中のプロトコルを使用します。精製後、目的分析物は通常、測定前に緩衝液により溶解します。

ヒント：分析波長で光を吸収する分子は、サンプル濃度の算出に使用される総吸光度値に影響します。

- 最終的分析濃度が機器の**吸光度検出限界**範囲内に収まるようにします。
- マイクロボリューム測定では、測定前に各サンプルを静かに（ただし十分に）ボルテックスします。

ヒント：ボルテックスの前に、ゲノムやラムダ DNA などの高濃度または高分子核酸サンプルを 63 °C (145 °F) まで加熱します。

- 混合およびピペット操作時は気泡の混入に気をつけてください。詳細については、マルチメディアトレーニング「**サンプル中の気泡の影響**」をご覧ください。



注記 ヘキサンなどの非常に揮発性の高い溶剤中で溶解されたサンプルは、**キュベットサンプリングオプション** (NanoDrop One^C 機器のみ) で最も良く機能します。

ブランクの選択と測定

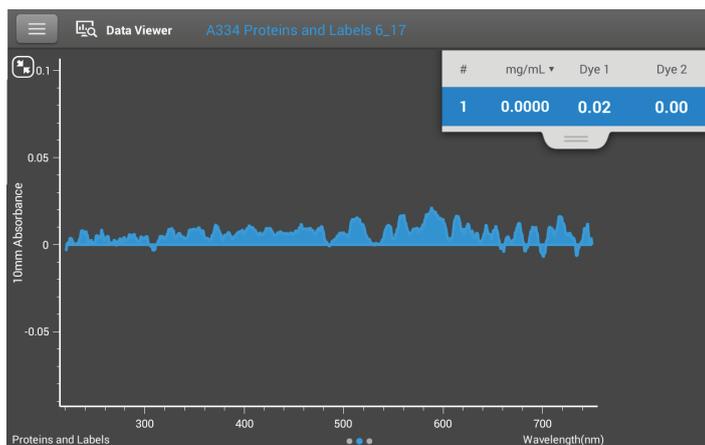
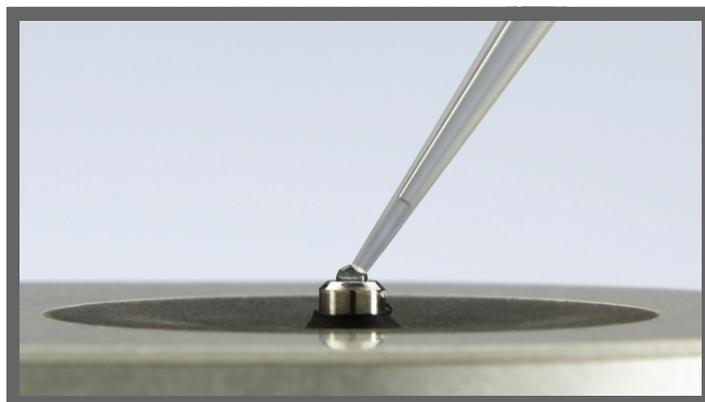
サンプル分析物の懸濁に使用される緩衝液は、吸光度に影響する可能性があります。ブランクは、サンプル測定からの緩衝液成分による吸光度への影響を最小限に抑えます。その結果生じるサンプルスペクトルは、目的分析物のみの吸光度を示します。詳細については、マルチメディアトレーニング「[ブランクとは](#)」を参照してください。

正しい結果を得るために

- 大部分のアプリケーションで、目的分析物を懸濁するのと同じ緩衝液をブランクにします。ブランク溶液は、サンプルと同じ pH およびイオン強度にする必要があります。詳細については、使用されるアプリケーションの「[サンプルの測定方法](#)」を参照してください。
- サンプル測定の前に新しいブランクを測定します。サンプルが同じ緩衝液であれば、サンプル測定前に毎回ブランク設定する必要はありません。
- 30 分ごとに新しいブランクを測定します。
- サンプル測定する前に、[ブランクサイクル](#)を実行して、ブランク溶液が適切であることを確認します。クイックデモについては、マルチメディアトレーニング「[ブランク溶液の適合性の評価](#)」をご覧ください。

その結果生じるスペクトルは、右側の例のように分析波長において、スペクトル全体で 0.04 A (10 mm 相当) しか変動しません。

結果として生じるスペクトルが分析波長付近で 0.04 A を超えている場合、特に低濃度サンプルにおいて、緩衝液はサンプル分析物に干渉する可能性があります。詳細については以下を参照してください。



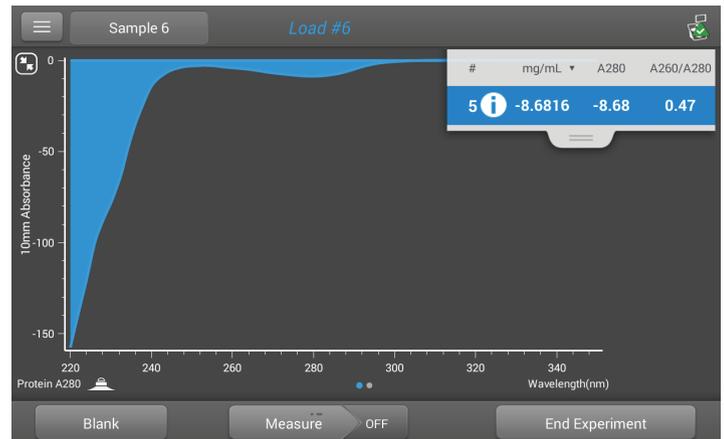
有効なブランク緩衝液 (測定された吸光度 < 0.04)

ブランクに関連した問題

- ブランク測定する前に、残留サンプルが台座またはキュベットに残っている場合（その結果生じるサンプルスペクトルは、負の吸光度値を示す可能性があります。これは、スペクトルのその領域でブランクの吸光度がサンプルよりも高いことを示します）。
- 分析波長でのブランク測定値が、サンプルよりも高い吸光度を示す場合（ブランクとして使用した緩衝液が、サンプルの懸濁に使用されたものと異なる組成の場合、測定結果は正確ではありません）。
- 誤ってサンプルをブランクとして使用した場合（その結果生じるサンプルスペクトルは、負の吸光度値を示したり、場合によっては、右側に示す例のように典型的な核酸またはタンパク質スペクトル形状の鏡像のようになるとりします）。

ブランクの問題に対する解決策

- 上下の台座をよく拭取り、必要に応じて PR-1 による [リコンディショニング](#) も実施して、その後以下を行います。
 - ブランクサイクルに戻る
 - 適切な新しく調製した緩衝液を用いて、新しいブランクを測定して、新しく調製したサンプル溶液を測定する
- 大部分のアプリケーションで、目的分析物を懸濁するのと同じ緩衝液をブランクにします。ブランク溶液は、サンプルと同じ pH およびイオン強度にする必要があります。詳細については、使用されるアプリケーションの「サンプルの測定方法」を参照してください。
- タンパク質の測定でブランクの問題が続く場合は、他の比色アッセイや NanoDrop 3300 による蛍光アッセイなどのより適したアプリケーションをお試しください。



誤ってタンパク質サンプルをブランクとして使用したため、スペクトルが「鏡像」スペクトルとなった例

ブランクサイクルの実行

ブランクサイクルを実行して、以下のことを確認します。

- 機器が正常に（平坦なベースラインで）動作していること
- 台座がクリーニングされていること（たとえば、固着したサンプルが台座上に残っているなど）
- サンプル分析に使用する緩衝液の吸光度への影響

必要なもの

- リントフリーのラボペーパー
- 校正された精密ピペット (0 ~ 2 μ L)
- 評価用の緩衝液

❖ ブランクサイクルの実行方法

クイックデモについては、マルチメディアトレーニング「[ブランク溶液の適合性の評価](#)」をご覧ください。

通知

- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷を引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。

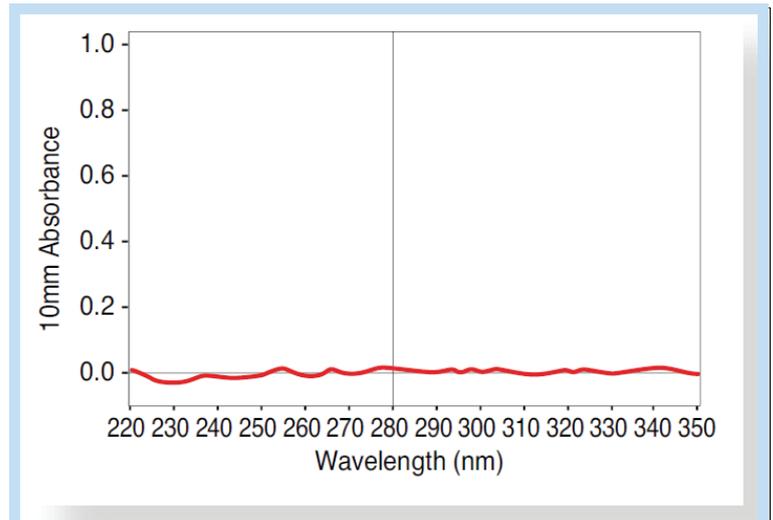
1. ホーム画面から、[核酸]などのアプリケーションタブを選択し、[dsDNA]や[RNA]などのアプリケーション名をタップします。
2. アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
3. 水ブランクを測定します。
 - 正確に 1 μ L の脱イオン水 (DI H₂O) をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げます。
 - [ブランク]をタップし、測定が完了するまで待ちます。
 - アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
4. 緩衝液を測定します。
 - 1 ~ 2 μ L の緩衝液をピペットで取り、台座にアプライし、アームを下げます。
 - サンプル測定を開始します。
 - 自動測定がオンになっている場合、アームを下げます。
 - 自動測定がオフになっている場合、アームを下げて [測定] をタップします。
 - 測定が完了するまで待ちます。

その結果生じるスペクトルは、分析波長 (核酸の場合は 260 nm、タンパク質の場合は 280 nm) でのベースラインから 0.04 A しか変動しません。

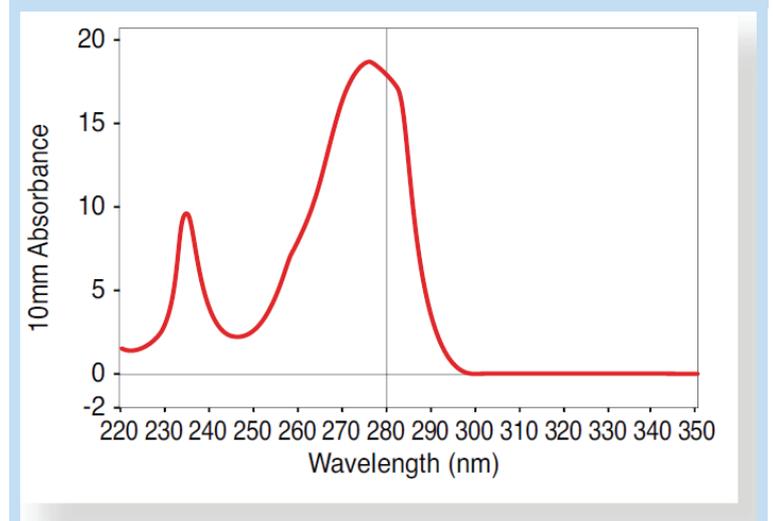
スペクトルがこれらの基準に満たない場合は、ステップ 2 ~ 4 を繰り返します。

スペクトルがまだ仕様の範囲外である場合、「[ブランクの問題に対する解決策](#)」を参照してください。

5. ブランクサイクルを終えたら、[Experiment 終了]をタップします。
6. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。



タンパク質 A280 タンパク質定量化に適した緩衝液のスペクトル例

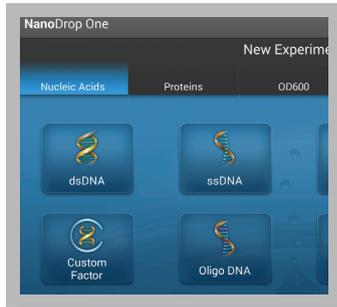


タンパク質 A280 タンパク質定量化に適さない緩衝液のスペクトル例

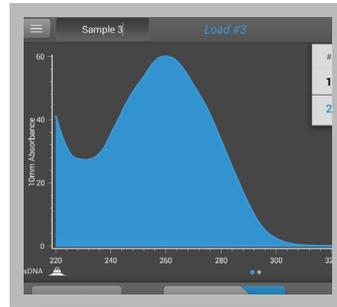
関連トピック

- [吸光度検出限界](#)
 - [サンプル中の気泡の影響](#)
 - [ブランクとは](#)
 - [ブランク溶液の適合性の評価](#)
 - [台座のメンテナンス](#)
 - [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
 - [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
-

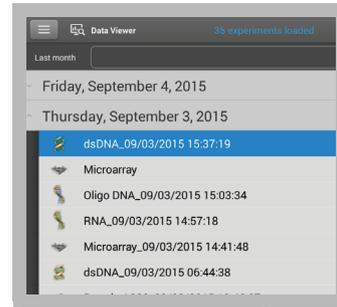
基本操作



ホーム画面



測定画面



データビューアー 一般操作



NanoDrop One ホーム画面

これらの操作は、NanoDrop One のホーム画面から行うことができます。



アプリケーション

NanoDrop One は、サンプルを測定するためのさまざまなアプリケーションを提供します。アプリケーションを選択するには、[核酸]などの**アプリケーションタブ**を選択し、[dsDNA]などの**アプリケーション名**をタップします。

利用可能な各アプリケーションの詳細については、[ここをタップ](#)してください。

システムステータス

装置のホーム画面で  をタップして、[システムステータス] ボックスを開きます。次に例を示します。

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

Licenses
OK

利用可能な情報を以下に示します。

装置タイプ	モデル (NanoDrop One または NanoDrop One ^C)
機器のシリアルナンバー	機器のシリアルナンバー
機器のステータス	機器の現在のステータス
データ保管場所	データの保存先に指定したデータベースの場所を示します。以下が選択可能です。 <ul style="list-style-type: none"> ローカル (装置内) 接続されている PC* (イーサネットケーブルあるいはワイヤレスネットワークを経由して接続されているパソコン) <p>* 前述のイーサネットおよびワイヤレスのオプションを使用しても、装置にデータをバックアップとして保存できます。</p>
Wi-Fi ステータス	機器の WiFi 接続 のステータス ([接続 ...]、[有効ですが未接続です]、または [無効])
Bluetooth ステータス	装置の Bluetooth 接続 のステータス ([接続 ...]、[有効 - (相手機器のリスト)]、または [無効])

ソフトウェア製品バージョン	インストールされている NanoDrop One ソフトウェアのバージョン
プラットフォームリリース	NanoDrop One をサポートするためのプラットフォームリリース
ファームウェアバージョン	インストールされている装置のファームウェアのバージョン
アンドロイドリリース	アンドロイドリリースのカスタムバージョン
アンドロイドバージョン	インストールされているアンドロイドオペレーティングシステムソフトウェアのバージョン

データビューアー

ホーム画面で  をタップして、先週、先月、過去6ヶ月、昨年、または特定の日付範囲などを指定した過去の測定データを表示出来ます。装置のデータビューアーに関する詳細については、[ここをタップ](#)します。

注記 装置上では、ローカルの NanoDrop One データベース内のデータのみを表示できます。イーサネットケーブルまたはワイヤレスネットワークを介して装置がコンピューターと接続されている場合、装置のホーム画面にある [データビューアー] アイコンは使用不可になります。

機器設定

ホーム画面で  をタップし、WiFi、キュベットを使用するなどの一般的な機器設定にアクセスします。利用可能なすべての機器設定の詳細については、[ここをタップ](#)してください。

機器の診断

ホーム画面で  をタップして装置の動作を検証します。機器診断は、推奨される [メンテナンススケジュール](#) に従って定期的に行う必要があります。機器の診断の詳細については、[ここをタップ](#)してください。

トレーニングとヘルプ

ホーム画面で  をタップしてこのヘルプシステムにアクセスします。NanoDrop One ソフトウェアには、包括的なトレーニングツールやサポートツールが搭載されています。利用可能なトレーニングツールやサポートツールの詳細については、[ここをタップ](#)してください。

関連トピック

- [アプリケーション](#)
- [機器セットアップ](#)
- [NanoDrop One データビューアー](#)
- [機器設定](#)
- [機器診断](#)
- [本ヘルプシステムについて](#)
- [マイクロボリュームサンプルの測定](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)

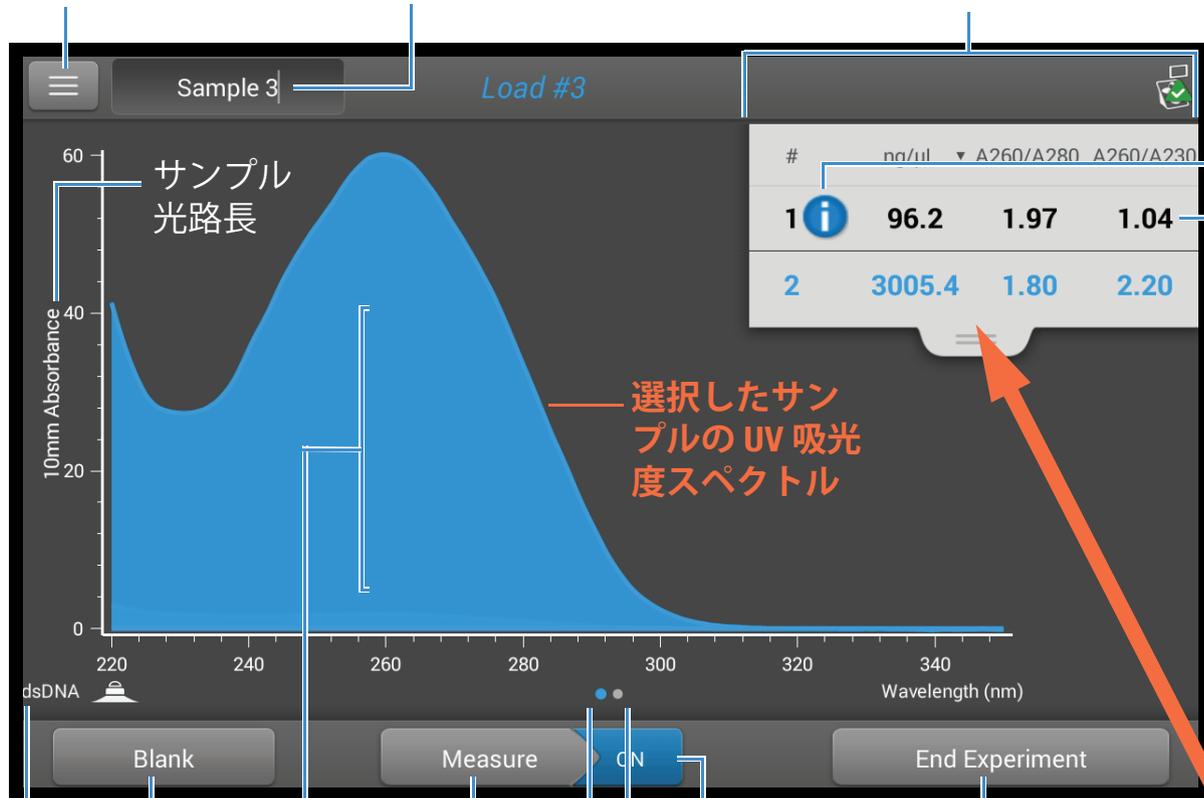
NanoDrop One 測定画面

これらの操作は、アプリケーション内の測定画面から行うことができます。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

サンプル名：
タップして編集します。

測定結果：詳細については「アプリケーション」を参照してください。



測定に関する警告：タップして詳細を表示します。

行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

タップしてブランク溶液を測定します。

タップしてサンプル溶液を測定します。

自動測定

タップして Experiment を終了し、データをエクスポートします。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

選択したアプリケーション

ピンチとズームでスケールが調整できます。

ページ制御：画面を左にスワイプすると、さらに多くの測定結果が表示されます。

メニュー

任意の測定画面で  をタップして、利用可能なメニューオプションを表示します。

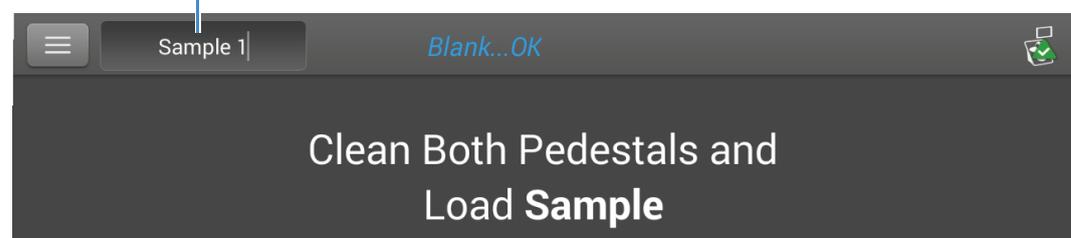
ホーム	NanoDrop One ホーム画面に戻ります。
(アプリケーション) 設定	選択したアプリケーションの設定を表示したり変更したりします。
設定	装置の設定 を表示したり変更したりします。
印刷	選択した測定結果を印刷します。

サンプル名

任意の測定画面で [サンプル名] 入力フィールドをタップして、サンプル名を編集します。

[自動ネーミング] が [オン] になっている場合 (「[一般設定](#)」を参照)、「1」で始まる固有の番号の後にデフォルトのベース名を使用して各サンプルにサンプル名が自動的に割り当てられます。これが最初に表示されるのは、以下に示されているように、Experiment ごとの最初のブランク測定後および最初のサンプル測定前です。

デフォルトサンプル名: タップして編集します。



この例では、最初のサンプルには、「Sample 1」という名前が付けられ、その後は「Sample 2」などの名前になります。デフォルトのベース名を編集したり、サンプル名を上書きしたりできます。

注記 [自動ネーミング] が選択されている場合に Experiment 中にサンプルベース名を編集すると、割り当てられているサンプル ID 番号が最初からやり直しになります。

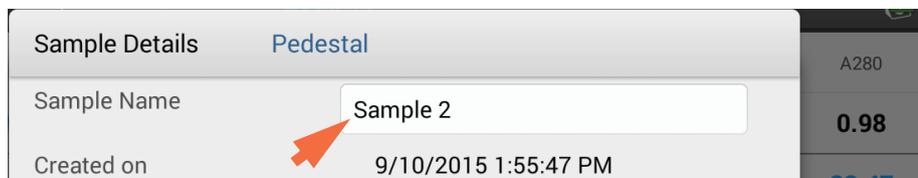
デフォルトのサンプルベース名の編集

ブランクを測定した後、最初のサンプルが測定される前に、以下のことを行います。

- [**サンプル名**] 入力フィールドをタップしてキーボードを表示します。
- 新しいベース名を入力します。
- [**完了**] キーをタップします。

サンプル名の編集

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- Experiment を選択します。
- **左にスワイプして**データ表を表示します。
- **サンプル名**を押したままにして [サンプル詳細] ボックスを表示します。
- [**サンプル名**] 入力フィールドをタップしてキーボードを表示します。



- 新しいサンプル名を入力します。
- [**完了**] キーをタップします。

測定結果

測定画面に表示される結果の種類は、選択したアプリケーションによって決まります。詳細は、以下をご覧ください。

[Applications (アプリケーション)] > (アプリケーショングループ) > (アプリケーション名) 測定 > [測定結果]

dsDNA の例を次に示します。

吸光度スペクトル

測定された各サンプルについて、各アプリケーションは紫外または紫外可視吸光度スペクトルと結果の概要を表示します。縦軸は、吸光度単位 (A) の吸光度を示します。横軸は nm 単位の波長を示します。

サンプル光路長

すべてのアプリケーションで、スペクトルの縦軸に光路長を表示します。マイクロボリューム吸光度測定値および光路長の短い (10mm 以外の) キュベットでの測定値は、10.0mm 光路長相当に換算されます。

測定に関する警告

NanoDrop One に内蔵された [Acclaro サンプルインテリジェンステクノロジー](#) は、サンプルのあらゆる状態を評価するのに役立つ重要な機能を提供します。ソフトウェア内で [サンプルインテリジェンス] アイコンをタップして、関連情報を表示します。詳細については、以下のリンクをタップしてください。



[コンタミネーション解析](#) は、ダウンストリームアプリケーションで使用する前のサンプル定量を助けるために提供されています。



[オンデマンドテクニカルサポート](#) は、異常な測定値や信頼性の低いサンプル測定の際にご活用いただけます。



[不適切な結果に対するアラート](#)

ブランク

[**ブランク**] をタップして選択した Experiment のブランクを測定します。

ブランク測定は、サンプルの測定前に毎回行う必要があります。ブランク溶液は通常、サンプルの懸濁に使用されるものと同じ純粋な緩衝液です。詳細については、「[ブランクの選択と測定](#)」を参照してください。

測定

[**測定**] をタップして選択した Experiment のサンプルを測定します。

サンプルは、装置で測定する前に適切に抽出・精製する必要があります。そして、濃度は装置の吸光度の検出限界内であればなりません。詳細については、「[サンプルの準備](#)」および「[マイクロボリュームサンプルの測定](#)」または「[キューベットサンプルの測定](#)」および「[吸光度検出限界](#)」を参照してください。

注記 [**測定**] ボタンは、有効なブランク測定の完了後に有効になります。

自動測定と自動ブランク

NanoDrop One 自動測定および自動ブランク機能を使用して測定を迅速化できます。この機能により、アームを下ろすだけで測定が完了します。この機能により、多検体のサンプルの測定で繰り返し作業を簡略化できます。

注記 自動測定および自動ブランクは、マイクロボリューム測定でのみ利用できます。

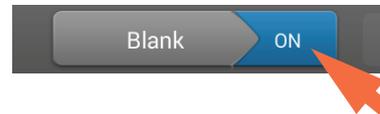
自動測定

自動測定を選択したり選択解除するには、サンプル測定画面で [**測定**] ボタンの右側にある [**オン**] ボタンまたは [**オフ**] ボタンをタップします。



自動ブランク

自動ブランクを選択したり選択解除するには、サンプル測定画面で [ブランク] ボタンの右側にある [オン] ボタンまたは [オフ] ボタンをタップします。



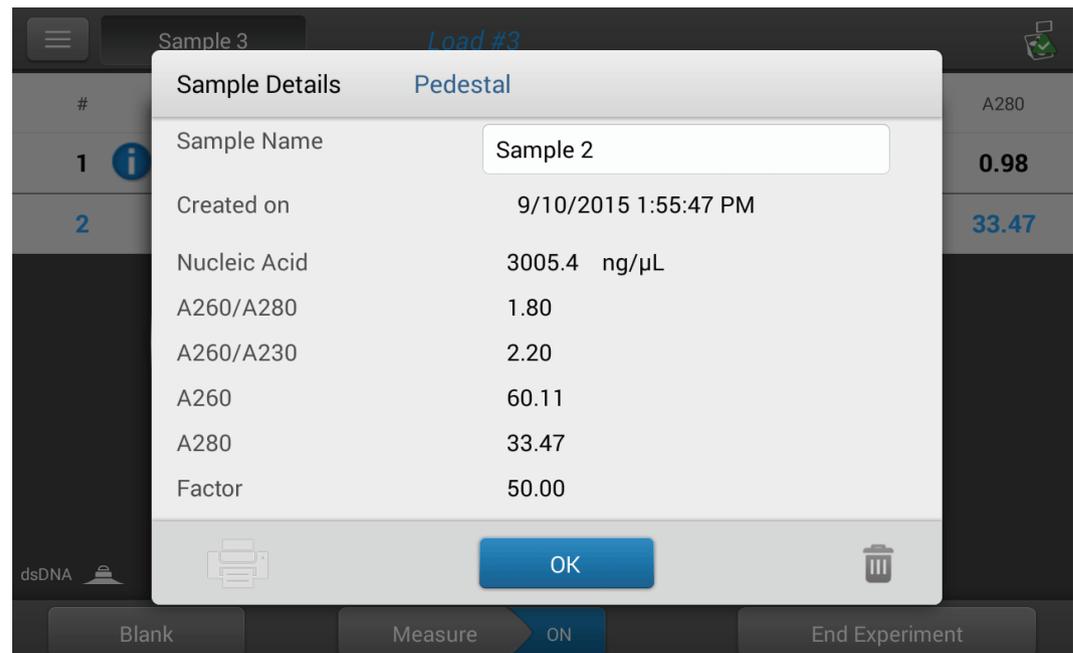
Experiment 終了

Experiment に名前を付けて保存したり、後で Experiment を見つけやすいようにラベルを追加したり(「装置での ID の管理」を参照)、データをエクスポートしたりする等の作業が終わったら、「Experiment 終了」をタップします。

注記 [Experiment 終了] ボタンは、最初のサンプル測定の完了後に有効になります。

サンプル詳細

測定画面のサンプル行またはデータ表を長押しすることで、選択したサンプルのすべての測定結果と関連する詳細情報を表示します。次に例を示します。



注記 また、[サンプル詳細] ボックスからサンプル名を編集できます。

データ表

測定画面を左にスワイプすることで、現在の Experiment のデータ表を確認できます。データ表には、Experiment のすべてのサンプルの測定結果が含まれます。以下の図で、利用可能な機能を太字で表示しています。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

サンプル名：
タップして編集します。

測定結果：詳細については「アプリケーション」を参照してください。

測定に関する警告：タップして詳細を表示します。

行をタップしてサンプルを選択します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

#	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

使用されるアプリケーション

ページ制御：画面を右にスワイプして測定画面に戻ります。

関連トピック

- 核酸測定
- タンパク質測定
- 機器設定
- データの印刷

- Acclaro サンプルインテリジェンス
- サンプルとブランクの準備
- Experiment データベースの検索
- データのエクスポート
- マイクロボリュームサンプルの測定
- キュベットを使用したサンプルの測定

NanoDrop One データビューアー

データビューアーは、機器で測定されたサンプルデータを保存するデータベースを開きます。データは取得日、Experiment 名、**使用されるアプリケーション**、および割り当てられるラベル（「ID の管理」を参照）に従って保存されます。

データビューアーから、測定データを表示する Experiment を探して選択するか、または選択した Experiment をさまざまな場所に各種の形式で**エクスポート**することができます。

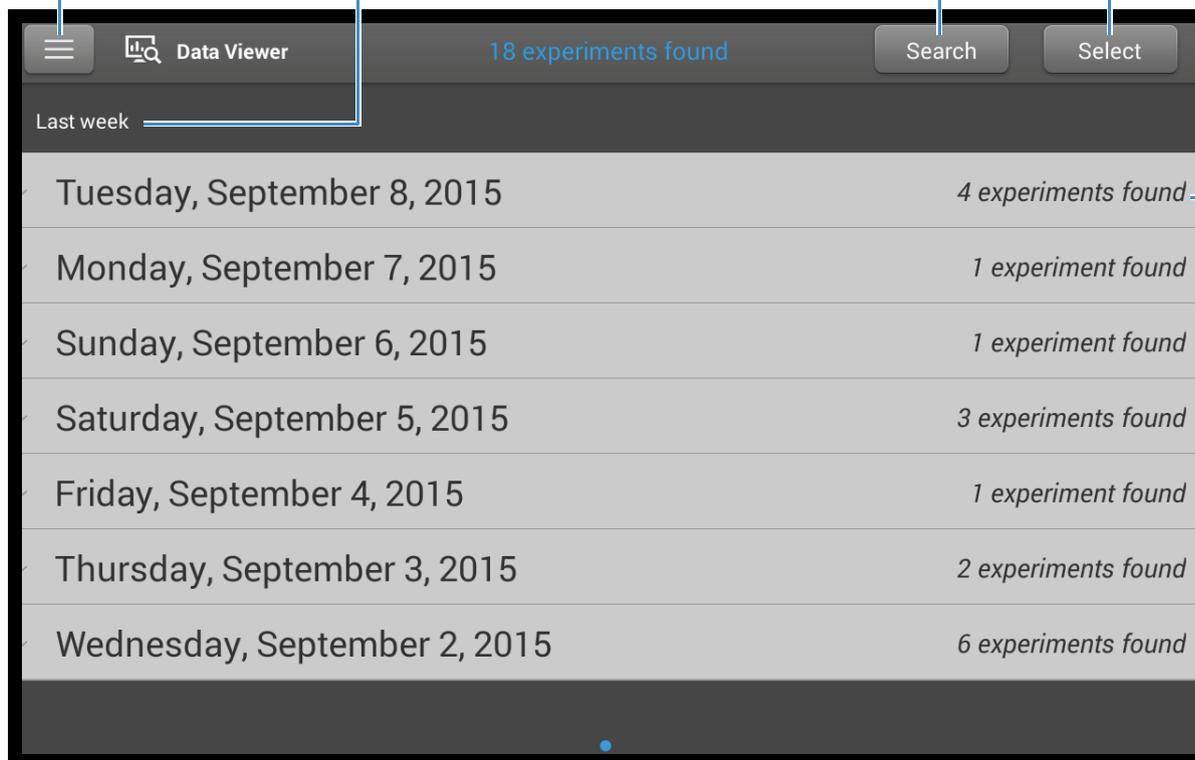
これらの操作はデータビューアーから行うことができます。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

現在の日時
範囲フィルター

Experiment を検索するか、
日時範囲フィルターを変更する

エクスポートまたは削除する
Experiment を選択する



行をタップしてこの日に取得した Experiment を表示します。
Experiment をタップしてその Experiment を開きます。

データビューアーを開く

サンプルの収集が1つずつであっても複数同時であっても、[Experiment 終了]を選択すると、取得されたデータが Experiment 名の付いた Experiment に自動的に保存されます。デフォルト構成では、Experiment は取得日、実験名、[使用されるアプリケーション](#)、および割り当てられているラベルに従って装置内の NanoDrop One データベースに保存されます。

Experiment 内のスペクトルおよび関連データは、データビューアーを使用して装置内データベースからいつでも確認できます。

測定結果の装置内データベースを開く

- 機器上の NanoDrop One データベースを開くには、機器のホーム画面から  (データビューアー) をタップします。

注記 機器がイーサネットケーブルあるいはワイヤレスネットワーク経由でコンピューターに接続されている場合、機器のホーム画面で、[データビューアー]アイコンは使用できません(詳細については「[機器セットアップ](#)」を参照)。

メニュー

データビューアーで  をタップして、利用可能なメニューオプションを表示します。

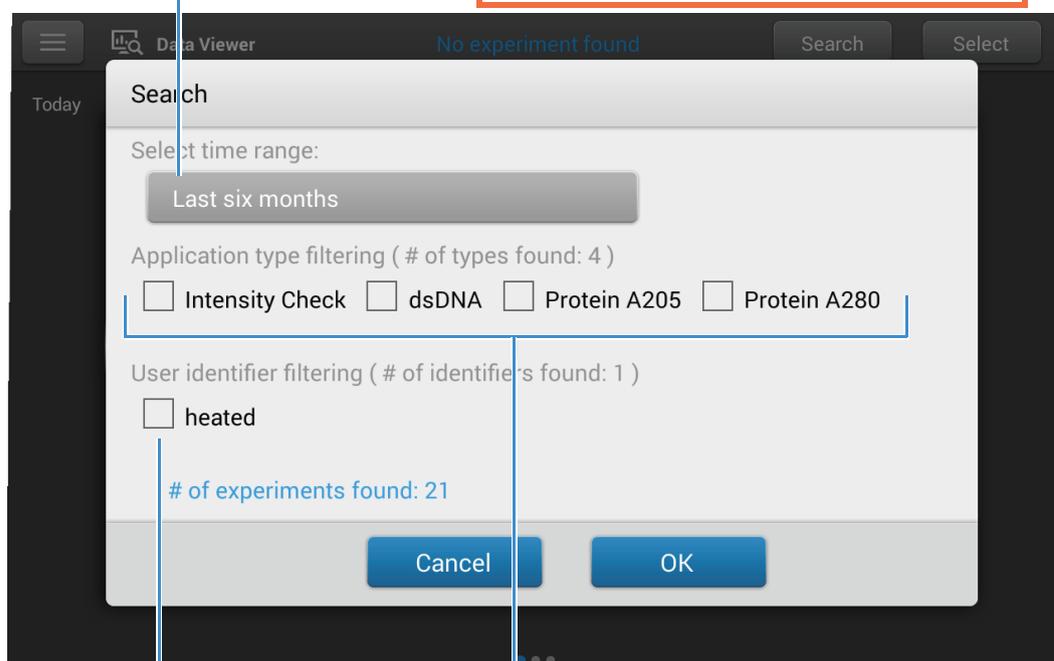
ホーム	NanoDrop One ホーム画面に戻ります。
設定	装置の設定 を表示したり変更したりします。
ディスクの状態	装置内に測定データを保存するために使用可能なディスク残量を表示します。

Experiment データベースの検索

データビューアーで [検索] をタップして、**選択したデータベース**に Experiment がないか検索したり、日時範囲または他の検索フィルターを変更したりします。データベースは、[検索] ボックス内の現在の文字列を使用してフィルター処理されます。フィルターには日時範囲、アプリケーションタイプ、およびユーザー定義のラベル (ラベルの追加および削除の詳細については、「ID の管理」を参照) が含まれます。次に例を示します。

タップして日時範囲フィルターを変更します。

フィルターを変更し、[OK] をタップして更新された Experiment のリストを表示する



タップしてユーザー定義のラベルを選択するか、選択解除します。

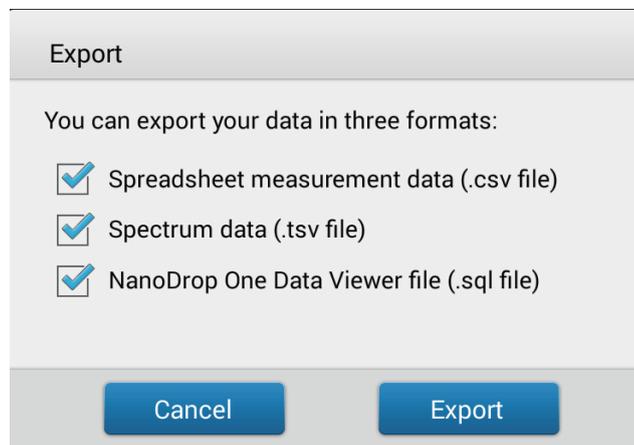
タップしてアプリケーションフィルターを選択するか、選択解除します。

選択した Experiment のエクスポート

データビューアーで [**選択**] を使用して、エクスポートする Experiment を選択する

選択した Experiment のエクスポート

- データビューアーで [**行**] をタップして、この日に取得した Experiment のリストを表示するか、または **検索** 機能を使用して Experiment を探します。
- USB メモリデバイスを装置の利用可能な USB ポート (前面、背面左側、または背面右側) に挿入します。
- [**選択**] をタップします。
- タップして、エクスポートする Experiment を 1 つ以上選択します (再度タップして Experiment を選択解除します)。
- [**エクスポート**] をタップします。
- エクスポートの形式を 1 つ以上選択します (「 **一般設定** 」 の 「 データのエクスポート 」 を参照)。



- [**エクスポート**] をタップします。
- 「エクスポートが完了しました」メッセージの後に、[**OK**] をタップします。

選択した Experiment の削除

データビューアーで [**選択**] を使用して、削除する Experiment を選択します。

選択した Experiment の削除

- データビューアーで [**行**] をタップして、この日に取得した Experiment のリストを表示するか、または **検索** 機能を使用して希望の Experiment を探します。
- [**選択**] をタップします。
- タップして、削除する Experiment を 1 つ以上選択します (再度タップして Experiment を選択解除します)。
- [**削除**]、[**OK**] の順にタップします。

通知 削除したデータは復元できません。

Experiment を開き、関連データを表示する

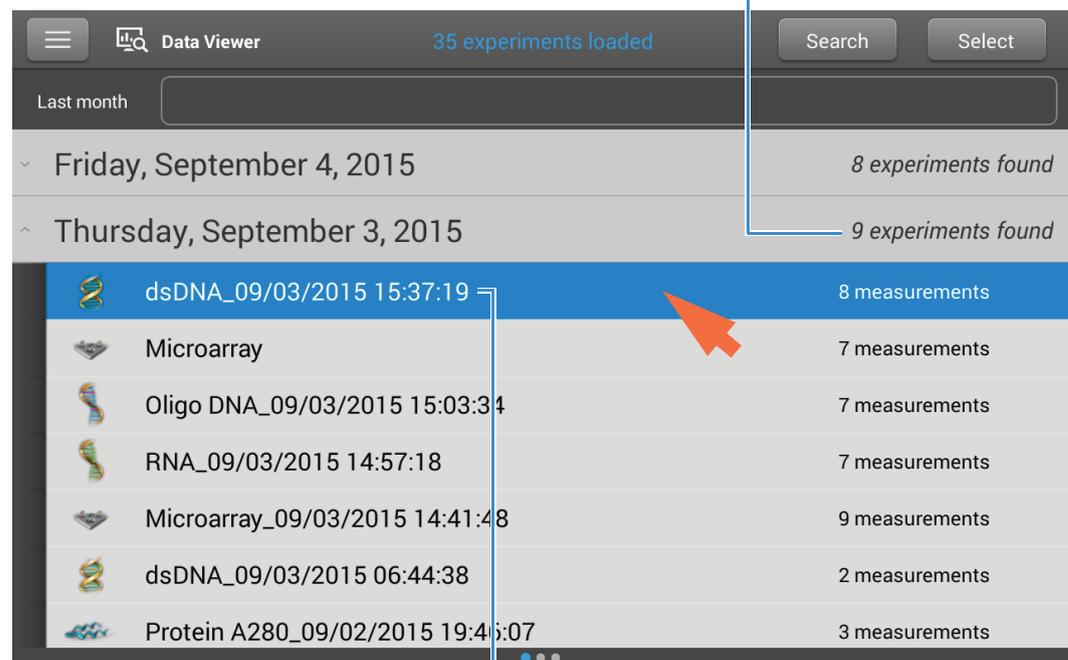
データビューアーを使用して、Experiment を探して開き、含まれている測定データを表示します。

Experiment を開く

- データビューアーで [行] をタップして、この日に取得した Experiment のリストを表示するか、または検索機能を使用して希望の Experiment を探します。
- **Experiment 名** をタップして Experiment を開きます。

次に例を示します。

この日に測定された 9 つの Experiment



Experiment Name	Measurements
dsDNA_09/03/2015 15:37:19	8 measurements
Microarray	7 measurements
Oligo DNA_09/03/2015 15:03:34	7 measurements
RNA_09/03/2015 14:57:18	7 measurements
Microarray_09/03/2015 14:41:48	9 measurements
dsDNA_09/03/2015 06:44:38	2 measurements
Protein A280_09/02/2015 19:45:07	3 measurements

タップしてこの Experiment を開きます。**長押し**で割り当てられているラベルを含む Experiment の詳細が表示されます。

データビューアーでは、測定の完了後に表示されるものと同様に、**スペクトルデータ**と**データ表**として測定データを提供します。

注記 表示されるデータは、サンプルの測定に使用されたアプリケーションによって異なります (これらの例では核酸)。詳細については、「**アプリケーション**」の詳細を参照してください。

スペクトルデータ

Experiment を開いた後、測定中に表示されているように、最初のサンプル測定に関する紫外または紫外可視吸光度スペクトルおよび関連データの概要が表示されます。以下の画像では、利用可能な機能について説明します。

オプションのメニュー：
タップして開きます。

選択した Experiment

測定結果：詳細については「アプリケーション」を参照してください。

測定に関する警告：タップして詳細を表示します。

行をタップしてサンプルを選択し、スペクトルを表示します。複数の行をタップして選択すると最大5つのスペクトルをオーバーレイ表示します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

タブを上下することで、表示するサンプルデータを増やしたり減らしたりできます。

選択したアプリケーション

ピンチとズームでスケールが調整できます。

ページ制御：画面を左右にスワイプし、次の画面や前の画面を表示します。

選択したサンプルの UV スペクトル

#	ng/μL	A260/A280	A260/A230
1	-0.4	2.06	0.77
2	1544.2	1.86	2.28
3	3011.3	1.85	2.25
4	3023.1	1.86	2.26
5	3119.4	1.85	2.25

データ表

スペクトルデータ画面を左にスワイプし、現在の Experiment のデータ表を確認します。データ表には、Experiment のすべてのサンプルの測定結果が含まれます。以下の画像では、利用可能な機能について説明します。

オプションのメニュー：タップして開きます。

選択した Experiment

タップして単位が選択できません。

測定結果：詳細については「アプリケーション」を参照してください。

測定に関する警告：タップして詳細を表示します。

行をタップしてサンプルを選択します。サンプル行の長押しで測定の詳細が表示されます。

使用されるアプリケーション

ページ制御：画面を右にスワイプし、前の画面 (2) を表示します。

#	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

メニュー

スペクトルデータまたはデータ表画面で  をタップして、利用可能なメニューオプションを表示します。

ホーム	NanoDrop One ホーム画面に戻ります。
ID の管理	見つけやすいように、選択した Experiment のラベルを追加したり、削除したりできます(「 装置での ID の管理 」を参照)。
エクスポート	USB デバイスに 選択した Experiment をエクスポートします。
印刷	選択した測定結果を 印刷 します ([印刷] オプションが表示されるのは、データ表で 1 つ以上の測定結果が選択されている場合のみです)。
設定	装置の設定 を表示したり変更したりします。
ディスクの状態	装置内に測定データを保存するために使用可能なディスク残量を表示します。

関連トピック

- [機器設定](#)
- [Experiment データベースの検索](#)
- [データのエクスポート](#)
- [データの印刷](#)

NanoDrop One 一般操作

これらの操作は、測定画面または[データビューアー](#)から行うことができます。

装置での ID の管理

Experiment を探しやすくするために、1 つ以上の「ID」（ラベルまたはメタデータタグなど）を Experiment に追加できます。ラベルは、装置内の NanoDrop One ソフトウェアかパソコン上の NanoDrop One ビューアーソフトウェアで追加できます（「PC 上での ID の管理」を参照）。

データビューアーを使用して、Experiment にラベル付けができます。既存のラベルの割り当て、割り当てたラベル表示、ラベルの取り外しまたは削除ができます。データビューアーで、1 つ以上のユーザー定義ラベルに基づいて Experiment のリストをフィルター処理できます。

保存時に新しい Experiment にラベルを付ける

- 最後のサンプルが測定された後、 をタップします。
- [Experiment 終了] ボックスで、[ID の追加] 入力フィールドをタップします。
- 表示されたキーボードを使用してラベルを入力し、 をタップします。
- [完了] キーをタップします。
- [Experiment 終了] をタップします。

データビュー内で Experiment にラベルを付ける

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- Experiment をタップして開きます。
-  をタップして、[ID の管理] を選択します。
- [ID の管理] ボックスで、[ID の追加] 入力フィールドをタップします。
- 表示されたキーボードを使用してラベルを入力し、 をタップします。
- [完了] キーをタップします。
- [OK] をタップします。

Experiment の割り当てられているラベルを表示する

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- 選択した Experiment を押したままにして Experiment 詳細を表示します。

ラベルの付いた Experiment の検索

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- [検索] をタップします。
- [検索] ボックスで、日付範囲を選択肢、アプリケーション (関連データのあるアプリケーションのみが表示されます) を選択し、スクロール可能なリストから 1 つ以上の ID を選択し、[OK] をタップします。

ラベルの削除

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- Experiment をタップして開きます。
-  をタップして、[ID の管理] を選択します。
- [ID の管理] ボックスで、ラベルを選択し、 をタップします。
- [OK] をタップします。

選択した測定のエクスポート

Experiment の保存時、またはその後にデータビューアーで、1 つ以上の Experiment から測定データをエクスポートできます。

注記 保存時にエクスポートされるデータは、[データストレージ] の設定に応じて、依然としてデータベース (ローカルまたはリモート) に保存されます (詳細については「[収集データを保存または表示する場所の選択](#)」を参照)。

測定データは次の 3 つの形式にエクスポートできます。

- カンマ区切り値 (.csv) ファイル。測定結果および詳細を含む
- タブ区切り値 (.tsv) ファイル。スペクトルデータポイントごとの x 座標と y 座標を含む
- NanoDrop One ビューアー (.sql) ファイル。パソコンで実行されている [NanoDrop One ビューアーソフトウェア](#) にインポート可能なスペクトルおよび測定結果を含む

ファイル名は [Experiment 名](#) と同じ名前になります。ファイルは、機器のシリアルナンバーの後に「NanodropOne」が続く名前のフォルダーに格納されます (機器のシリアルナンバーを表示するには、[システムステータス] を使用します)。

CSV および TSV 形式にエクスポートするために複数の Experiment を選択した場合、エクスポートされる各 Experiment に対応する CSV および TSV ファイルが含まれます。SQL オプションも選択されている場合、エクスポートされた SQL ファイルには選択された Experiment がすべて含まれます。

CSV または TSV ファイルを開くには、スプレッドシートまたはワードプロセッシングアプリケーションを使用します。CSV 形式のいくつかのサンプル測定結果の例を次に示します。

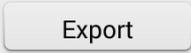
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Date	Sample Name	Nucleic Acid	A260/A280	A260/A230	A260	A280	Nucleic Acid Factor	Baseline (nm)	
2	4/21/2015 15:37	Sample 1	0.3	0.7	0.56	0.01	0.01		33	340
3	4/21/2015 15:42	Sample 2	0.37	0.94	0.86	0.01	0.01		33	340
4	4/21/2015 15:44	Sample 3	0.43	0.98	0.74	0.01	0.01		33	340
5	4/21/2015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

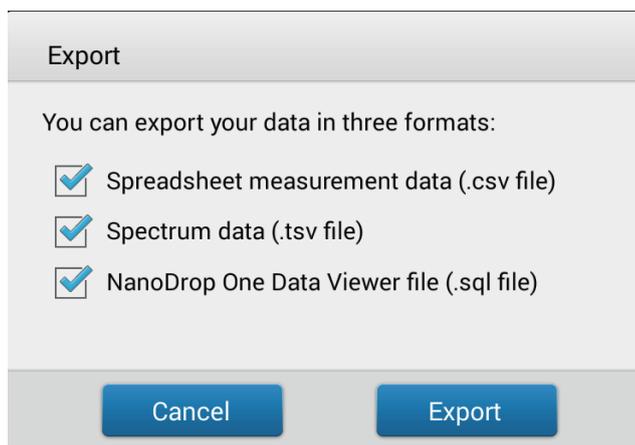
注記 エクスポートされるデータのタイプは、サンプルの測定に使用されたアプリケーションによって異なります (この例では核酸)。詳細については、「アプリケーション」の詳細を参照してください。

SQL ファイルは、NanoDrop One ビューアーソフトウェアでのみ、ファイルがインポートされた後で開くことができます。

データは、装置の USB ポート (前面、背面左側、または背面右側) に接続した USB メモリにエクスポートします。その後、そのデータをスプレッドシートまたはワードプロセッシングアプリケーション (CSV ファイルと TSV ファイルの場合)、または NanoDrop One ビューアーアプリケーション (SQL ファイルの場合) がインストールされている任意のコンピューターに移動できます。

Experiment 終了時のデータのエクスポート

- USB メモリデバイスを装置の利用可能な USB ポート (前面、背面左側、または背面右側) に挿入します。
- サンプルの測定を終えたら、 をタップします。
- [Experiment 終了] ボックスから、 をタップします。
- エクスポートの形式を 1 つ以上選択します (「一般設定」の「データのエクスポート」を参照)。

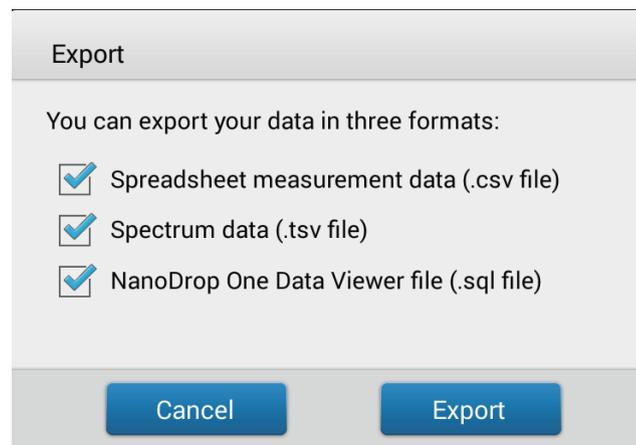


- [**エクスポート**] をタップします。
- 「エクスポートが完了しました」メッセージの後に、[**OK**] をタップします。
- USB デバイスの取り外し
- [**Experiment 終了**] をタップします。

データビューアーからのデータのエクスポート

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- データビューアーで [**行**] をタップして、この日に取得した Experiment のリストを表示するか、または **検索** 機能を使用して Experiment を探します。
- USB メモリデバイスを装置の利用可能な USB ポート (前面、背面左側、または背面右側) に挿入します。
- [**選択**] をタップします。
- タップして、エクスポートする Experiment を 1 つ以上選択します (再度タップして Experiment を選択解除します)。
- [**エクスポート**] をタップします。

- エクスポートの形式を1つ以上選択します（「一般設定」の「データのエクスポート」を参照）。



- [エクスポート] をタップします。
- 「エクスポートが完了しました」メッセージの後に、[OK] をタップします。

選択したデータの削除

任意の Experiment からサンプル測定を削除できます。

通知 削除したデータは復元できません。

測定画面からのデータの削除

- サンプル行の長押しで [サンプル詳細] ボックスが開きます。
-  をタップします。

データビューアーからのデータの削除

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- データビューアーで [行] をタップして、この日に取得した Experiment のリストを表示するか、または検索機能を使用して希望の Experiment を探します。
- サンプル行の長押しで [サンプル詳細] ボックスが開きます。
-  をタップします。

選択したデータの印刷

互換性のあるプリンターを接続して、スペクトルデータとサンプルの詳細を含む測定結果を素早く印刷します。ラボノートやボードにそのまま貼り付けることが出来ます。

測定画面からのデータの印刷

- サンプルを測定した後で、測定結果を表示して、スペクトルデータまたはデータ表のように印刷します (「NanoDrop One 測定画面」を参照)。
- タップして、印刷するサンプル行を 1 つ以上選択します (再度タップしてサンプル行を選択解除します)。
-  をタップし、 **印刷** を選択します。
- [Print Information (印刷情報)] ボックスで、[OK] を選択します。

選択した測定ごとにラベルが 1 枚印刷されます。

データビューアーからのデータの印刷

- ホーム画面から、 をタップしてデータビューアーを開きます。
- データビューアーで [行] をタップして、この日に取得した Experiment のリストを表示するか、または検索機能を使用して希望の Experiment を探します。
- **Experiment 名** をタップして Experiment を開きます。
- 任意の測定画面でスペクトルデータまたはデータ表から、あるいはデータビューアーから、印刷するサンプル行 1 つ以上をタップして選択します (再度タップしてサンプル行を選択解除します)。
-  をタップし、 **印刷** を選択します。
- [Print Information (印刷情報)] ボックスで、[OK] を選択します。

選択した測定ごとにラベルが 1 枚印刷されます。

サンプル詳細の印刷

- 任意の測定画面でスペクトルデータまたはデータ表から、あるいはデータビューアーから、サンプル行を長押しして [サンプル詳細] ボックスを開きます。

Sample Details	Pedestal
Sample Name	Sample 3
Created on	9/3/2015 3:34:32 PM
Nucleic Acid	3011.3 ng/μL
A260/A280	1.85
A260/A230	2.25
A260	60.23
A280	32.51
Factor	50.00





-  をタップします。
- [Print Information (印刷情報)] ボックスで、[OK] を選択します。
この測定のラベルが 1 枚印刷されます。

関連トピック

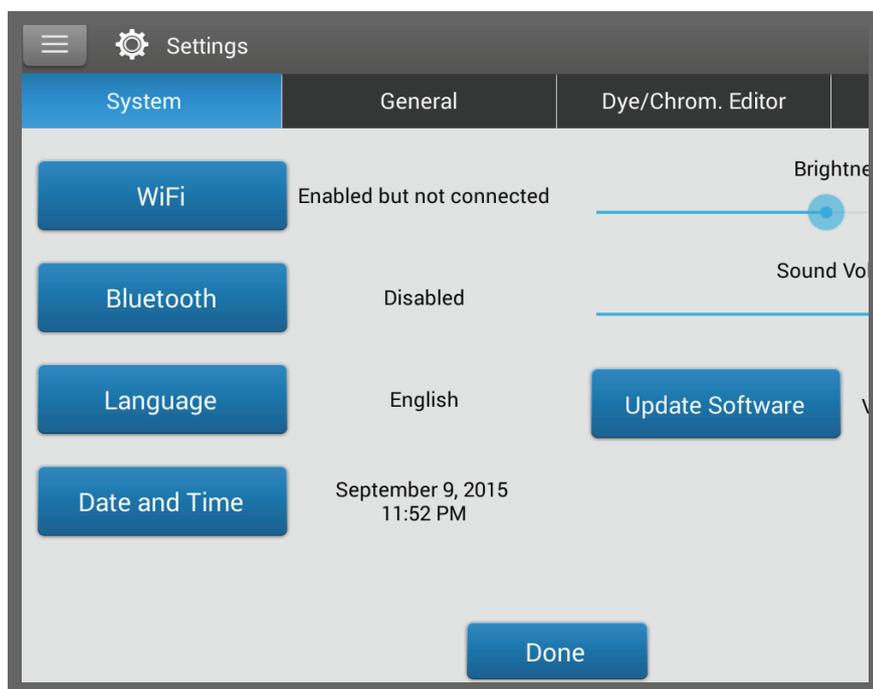
- [機器設定](#)
- [NanoDrop One データビューアー](#)
- [Experiment データベースの検索](#)
- [エクスポートまたは削除する Experiment の選択](#)
- [Experiment を開く](#)

機器設定

装置の設定を表示したり変更したりします。

- ホーム画面から、 をタップします。
- または
- 測定画面またはデータビューアーから、 をタップし、 [設定] を選択します。

これらの機器設定が選択可能です。



システム設定

これらのオプションが選択可能です。

Wi-Fi

装置上で無線ローカルエリアネットワーク (WLAN) 接続を設定します。

Bluetooth

ワイヤレス入力デバイス (ワイヤレスキーボード、マウス、バーコードスキャナーなど) への Bluetooth 接続を設定します。

言語

NanoDrop One ソフトウェアの表示言語、およびキーボード、マウス、バーコードスキャナーなどの接続された入力デバイスで入力する言語を選択します。

注意: 言語を変更するには、ソフトウェアを再起動する必要があります。

日付と時刻

[**Automatic date & time** (自動日付および時刻)]: 機器の日付と時刻を利用可能なネットワークと同期します。

[**Automatic time zone** (自動タイムゾーン)]: 機器のタイムゾーンを利用可能なネットワークと同期します。

[**Set date** (日付を設定)]: 機器の日付を手動で設定します ([Automatic Date & Time (自動日付および時刻)] が選択されている場合、このオプションは無効になります)。

[**Set time** (時刻を設定)]: 機器の時刻を手動で設定します ([Automatic Date & Time (自動日付および時刻)] が選択されている場合、このオプションは無効になります)。

[**Select time zone** (タイムゾーンを選択)]: 機器のタイムゾーンを手動で選択します ([Automatic Time Zone (自動タイムゾーン)] が選択されている場合、このオプションは無効になります)。

[**Use 24-hour format** (24 時間形式を使用)]: 24 時間形式を使用します。

[**Choose date format** (日付形式を選択)]: 利用可能な日付形式を選択します。

輝度

機器のタッチスクリーンの輝度を調整します。

音量

機器のタッチスクリーンの音量を調整します。

更新ソフトウェア

装置に USB デバイスを接続して NanoDrop One ソフトウェアを更新します。接続した USB デバイスに対象となる更新ファイルが複数含まれている場合は、更新するファイルを選択できます (詳細については「[更新ソフトウェア](#)」を参照)。

バージョン: この装置に現在インストールされている NanoDrop One 機器のオペレーティングソフトウェアのバージョン

データベースバージョン: この装置の NanoDrop One データベースのバージョン

一般設定

これらのオプションが選択可能です。

- 自動ネーミング** 「1」で始まる固有の番号の後にデフォルトのベース名を使用して、サンプル名を自動的に割り当てます。デフォルト（「Sample」）またはユーザー指定のベース名を使用します。詳細については、「[サンプル名](#)」を参照してください。
- キュベットを使用** キュベットサンプリングモードを選択します（NanoDrop One^c 機器モデルでのみ利用可能です）。このオプションを選択すると、以下の設定が選択可能です。
- 光路長**：キュベットを用いてブランクまたはサンプル測定を行う前に、キュベット**光路長**（幅）を入力します（キュベット仕様については、キュベットメーカーにお問い合わせください）。
- [**攪拌速度**]：スターラーを使用している場合は、マイクロスターラーバーをサンプルキュベットに入れ、[**攪拌速度**]を設定します（ゼロからの勾配でレベル1～6、10 RPM～850 RPMの範囲に対応します）。
- [**キュベットを37°Cまで加熱**]：サンプルキュベットを加熱する場合は、このオプションを選択します。キュベットヒーターは、5°C/分の速度で室温から37°Cまで加熱します。

色素/クロモフォア編集

「[色素/クロモフォア編集](#)」を使用して、[[マイクロアレイ設定](#)]または[[タンパク質とラベル設定](#)]の利用可能な色素のリストに、カスタム色素を追加します。また、そのリストから利用可能な色素を指定できます。

Protein Editor

[Protein A280](#) アプリケーションで利用可能なタンパク質リストにカスタムタンパク質を追加するには、[Protein Editor](#) を使用します。

関連トピック

- [機器セットアップ](#)
- [更新ソフトウェア](#)
- [キュベットを使用したサンプルの測定](#)
- [イーサネット接続の設定](#)
- [色素 / クロモフォア編集](#)
- [Protein Editor](#)

Acclaro サンプルインテリジェンス

NanoDrop One に内蔵の Acclaro サンプルインテリジェンステクノロジーは、サンプルのあらゆる状態を評価するのに役立つ以下のような専用機能を提供します。



ダウストリームアプリケーションで使用する前に、サンプルに適した状態にするために役立つ**コンタミネーション解析**



異常な測定値や信頼性の低い測定値に対する**オンデマンドテクニカルサポート**



不適切な結果に関する警告 (測定結果の信頼性を低下させる気泡や反射粒子を検出する液柱センサーモニター)



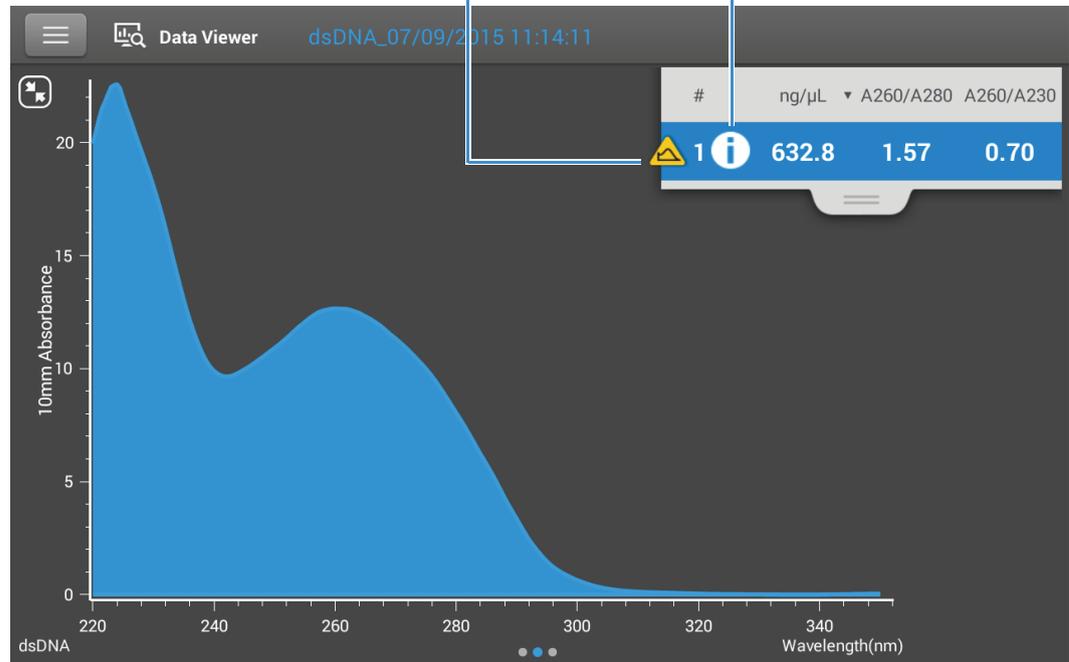
これらの内蔵機能により、問題が起こる可能性のあるサンプルのトラブルシューティングを迅速に行い、そのサンプルをそのまま利用するか、または再精製する必要があるのか、あるいは別の措置を講じる必要があるのか、を装置からの情報に基づいて決定できます。Acclaro サンプルインテリジェンスの内蔵機能は、研究用の資料だけでなく、新規ユーザーや初心者向けの教育ツールも提供しています。

Acclaro サンプルインテリジェンスインフォメーションの画面

コンタミネーション解析やテクニカルサポートを要するサンプルには、自動的にフラグが付けられます (以下の例を参照)。アイコンをタップすることで、関連データや詳細情報を確認できます。

黄色いボタンでコンタミネーション解析が利用できます

青いボタンで技術情報が利用可能できます



アイコンは、測定結果 (以下を参照) の横とデータ表、およびデータビューアー (以下を参照) に表示されます。

#	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

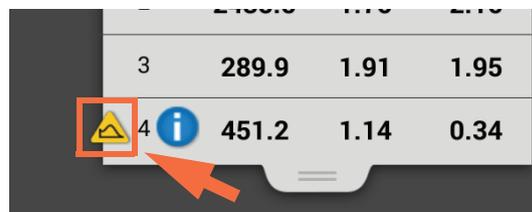
アイコンはすべての3つの場所でアクティブになります。情報は、データがエクスポートされた後も無期限にそのデータ内に残ります。

コンタミネーション解析

dsDNA、RNA、およびタンパク質 A280 アプリケーションの場合、NanoDrop One ソフトウェアは、測定時にいくつかの既知のコンタミネーションについてスペクトル分析を自動的に開始します。既知のコンタミネーションの例を以下に示します。

- dsDNA 測定と RNA 測定用：
 - タンパク質とフェノールという分析領域内。
 - さらに、グアニジン HCl およびグアニジンイソチオシアネートの存在を検出します。
- タンパク質測定用：
 - 核酸とフェノールという分析領域内。

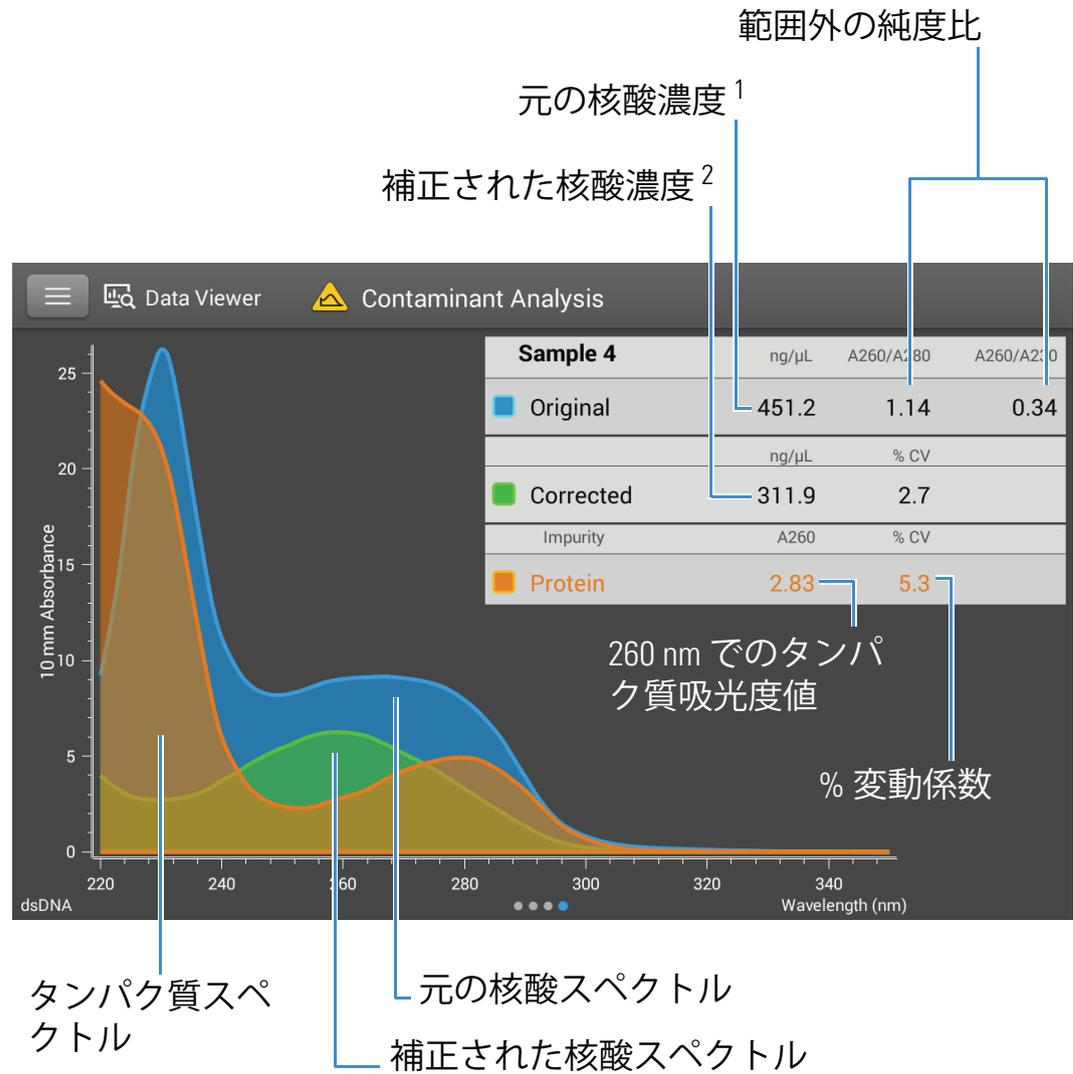
サンプルにコンタミネーションが検出された場合、[コンタミネーション解析] アイコン  は、測定結果の左側に表示されます。



3	289.9	1.91	1.95
 4	451.2	1.14	0.34

アイコンをタップして、コンタミネーション解析および関連情報を表示します。

測定結果に影響を与えるのに十分な量のタンパク質コンタミネーションが含まれるという、核酸コンタミネーション解析の結果の例を次に示します。



¹ サンプルの総吸光度に基づきます (サンプル+コンタミネーション)

² 補正されたサンプル吸光度に基づきます (サンプル-コンタミネーション)

タンパク質は核酸の分析波長に近い光を吸収するため (230 nm、260 nm、および 280 nm)、上記の核酸サンプル中のタンパク質の存在は、A260/A280 比および A260/A230 比を範囲外にさせ、レポートされる核酸濃度が実際の値よりも高くなります。ソフトウェアは、不純物 (タンパク質) を特定し、以下のことをレポートします。

- 分析波長 (260 nm) でのタンパク質 (2.83) による、ベースライン補正された吸光度

- 測定結果の % 変動係数 (不確実性 x 100 / 測定結果 = 5.3%。高い %CV は、測定結果が機器の検出限界に近づいていること、あるいは妨害成分があることを示す)
- 分析波長でのベースライン補正された総吸光度 (サンプル + コンタミネーション) に基づく、元の核酸濃度 (451.2 ng/μL)
- 分析波長での補正された吸光度 (サンプル - コンタミネーション) に基づく、補正された核酸濃度 (311.9 ng/μL)

コンタミネーション解析の背景にある理論

紫外吸光度と紫外可視吸光度が 260 nm および 280 nm での核酸サンプルとタンパク質サンプルの定量に使用されます。測定波長での混合溶液の総吸光度は、混合物内の各成分の吸光度値合計であるという事実に基づきます。

問題は、抽出プロセスで使用される多くの物質が、スペクトル全体のさまざまな領域で吸光度を持つ可能性があるということです。これらのコンタミネーションがサンプル中に存在する場合、コンタミネーションが測定波長での吸光度を水増しすることで、測定結果に影響する可能性があります。このため、分析物濃度が実際より高く測定されることがあります。

従来より、純度比は、ダウンストリームアプリケーションに影響するコンタミネーションの存在を把握するために使用されてきました。ただし、純度比だけでは、コンタミネーションの全体像を把握することはできません。純度比が許容外になったときは、スペクトルで定性情報を考察します。

弊社の Acclaro テクノロジーは、定量的アプローチをコンタミネーション解析に応用します。数学アルゴリズムにより、Acclaro がスペクトルデータを分析して、サンプル中にあると予測されるコンタミネーションの種類を特定し、そのコンタミネーションが与える影響をサンプル濃度結果から補正します。これにより、サンプルのより正確な濃度値が得られるとともに、コンタミネーションの種類を知ることが出来ます。

純粋な化合物のスペクトルは、その化合物に特有のものなので、一般的な成分の混合スペクトルは数学的にそれぞれの成分スペクトルに分解することができ、それぞれの化合物が特定できます。コンタミネーション解析アルゴリズムでは、分析波長 (核酸の場合は 260 nm、タンパク質の場合は 280 nm) 付近の狭いスペクトル範囲 (220 ~ 285 nm) を用いて、その範囲で吸収する可能性のある既知のコンタミネーション (タンパク質または核酸、およびフェノール) が分析波長の吸光度に与える影響を判断します。また、フルスペクトル分析により、核酸精製に使用される一般的な試薬であるグアニジン塩酸塩やグアニジンイソチオシアネートなどの他のコンタミネーションの存在を判断します。

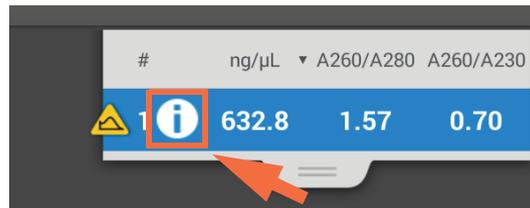
注記 一貫性のある質の高いコンタミネーション解析結果は、測定されたサンプルスペクトルの質にかかっています。また、サンプルスペクトルの質は機器のメンテナンス状態に左右されます。詳細については、「[メンテナンススケジュール](#)」を参照してください。

オンデマンドテクニカルサポート

dsDNA およびタンパク質 A280 アプリケーションでは、NanoDrop One ソフトウェアが、測定結果に影響を与える可能性のあるコンタミネーションの存在や他の異常について、サンプル測定をモニターします。モニターするものの例を次に示します。

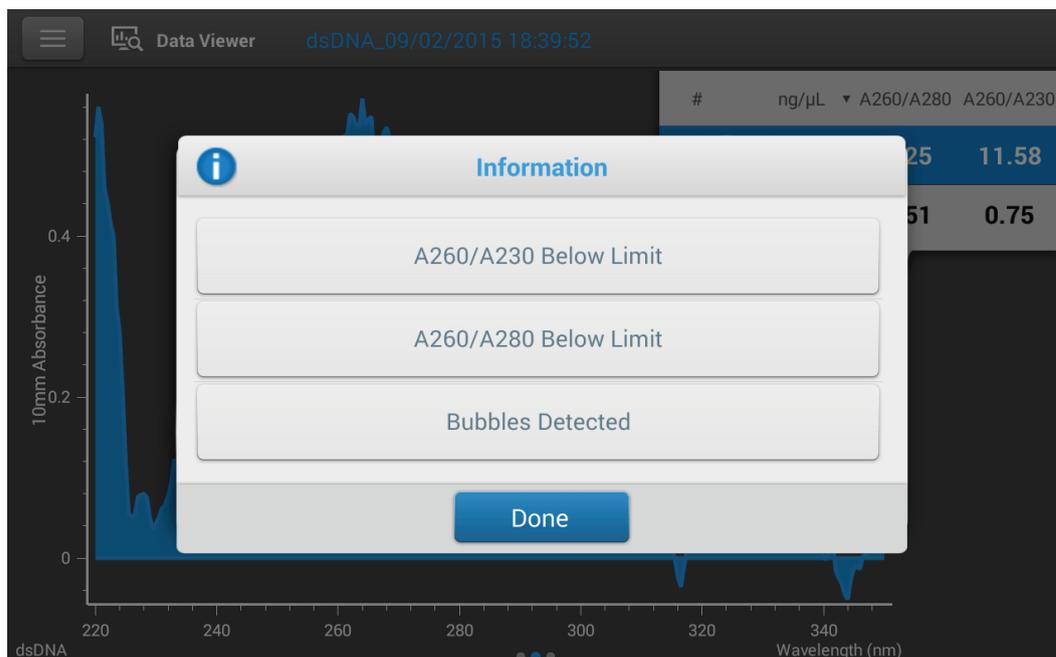
- サンプル測定結果に影響する可能性のある化合物の存在を示す、吸光度比（「純度比」とも呼ばれます）。詳細については、マルチメディアトレーニング「[純度比とは](#)」を参照してください。
- サンプルまたはブランク内の気泡や反射粒子を探す、気泡チェック。詳細については、マルチメディアトレーニング「[サンプル中の気泡の影響](#)」をご覧ください。

技術情報が利用可能である場合、[情報] アイコン  が測定結果の左側に表示されます。



アイコンをタップして情報を確認します。

以下は核酸測定の場合です。純度比が期待値を下回っており、測定結果に影響を与える量の気泡を含んでいることがわかります。



詳細については情報ボタンをタップします。気泡エラーに関する情報を以下に示します。

Bubbles Detected

[Learn more](#)

These measurement results may be invalid.

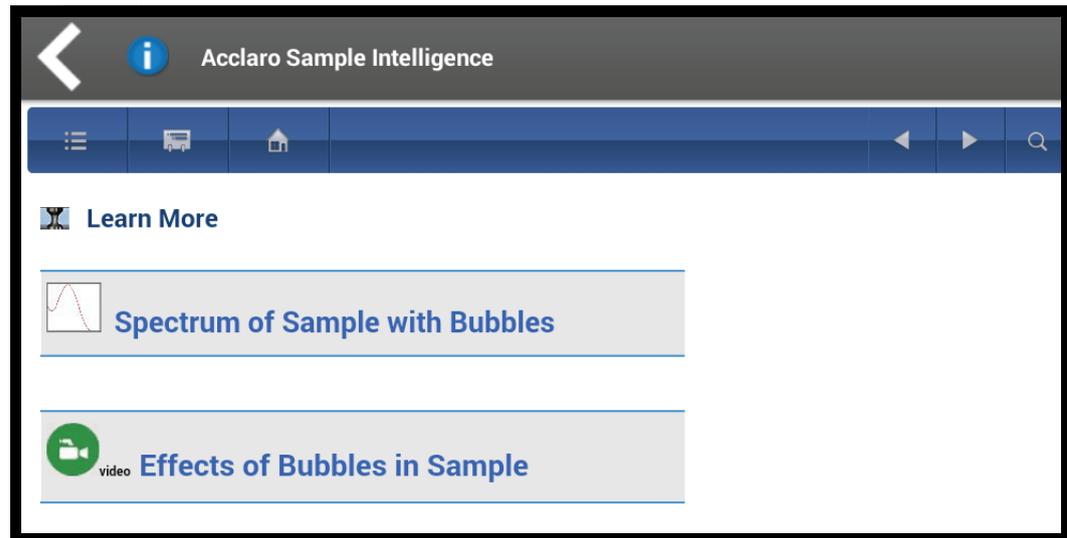
Possible causes:

- 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.

さらなる情報については、[**もっと見る**] をタップします (この例では、マルチメディアトレーニングビデオへのリンクが含まれています)。



不適切な結果のアラート

NanoDrop One ソフトウェアは、内蔵イメージセンサーを使用して、不適切な測定結果 (破損した液柱など) についてすべての測定でモニターします。

不適切な結果に関する警告の後、[Invalid Results (不適切な結果)] アイコン  が表示され、測定は停止されます。詳細については「[トラブルシューティング](#)」を参照してください。

関連トピック

- [NanoDrop One 測定画面](#)
- [NanoDrop One データビューアー](#)
- [メンテナンススケジュール](#)
- [台座のメンテナンス](#)
- [トラブルシューティング](#)

NanoDrop One ビューアーソフトウェア

NanoDrop One ビューアーソフトウェアは、各自の PC で、いつでも NanoDrop One で測定したデータを解析できます。ビューアーソフトウェアを使用して、以下のことを行います。

- NanoDrop One で測定したデータを PC 上で表示したり印刷したりします。
- カスタムの測定方法を作成、編集、インポート、または削除ができます。
- NanoDrop One ヘルプシステムで情報を容易に検索できます。

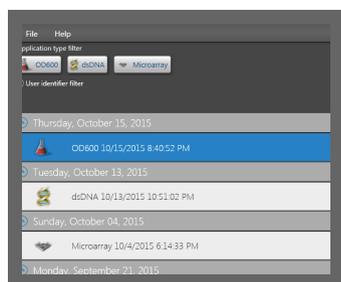
データはいつでも装置からインポートしたり（後述の「[装置からのデータのインポート](#)」を参照）、測定時に接続されている PC に直接保存したり（詳細については「[機器セットアップ](#)」の「イーサネット接続の設定」または「Wi-Fi 接続の設定」を参照）することができます。

ビューアーソフトウェアのインストール

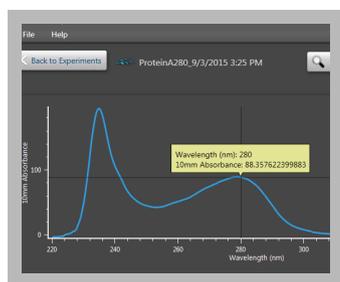
ビューアーソフトウェアは、Windows™ コンピューターにインストールできます。Windows ソフトウェアの互換性については、[弊社の Web サイトを参照](#)してください。

❖ ビューアーソフトウェアのダウンロードおよびインストール方法

1. インターネットに接続されている互換性のある PC から、Web ブラウザーを使用して弊社の Web サイトに移動します。
2. 弊社の Web サイトで、NanoDrop One ソフトウェアダウンロードを探し、NanoDrop One ビューアーソフトウェアのダウンロードを選択し、指示に従ってインストーラをダウンロードして実行します。



ホーム画面



データの管理



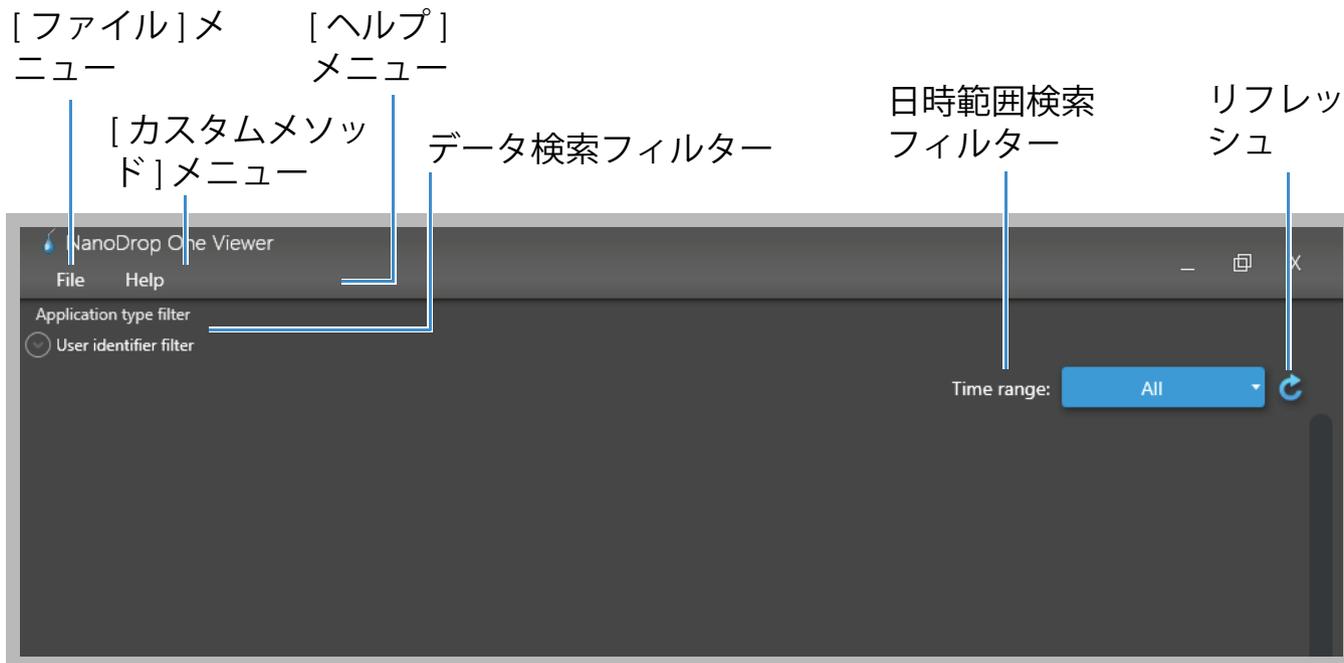
ID の管理



カスタムメソッド
の管理

ビューアー：ホーム画面

ビューアーソフトウェアのインストール後、データベース内にカスタムメソッドや保存またはインポートされたデータがない場合、ビューアーソフトウェアは空白の画面で開きます。これらの操作は、ビューアーのホーム画面から行うことができます。



[ファイル]メニュー

[ファイル]メニューオプション:

データのインポート	装置から Experiment をインポートするためのオプション。
Wi-Fi データストレージのセットアップ	装置を用いて測定したサンプルの保存場所として、このコンピューターを設定します (詳細については「 機器のセットアップ 」の「Wi-Fi 接続の設定」を参照)。
終了	ビューアーソフトウェアを閉じます。

[カスタムメソッド]メニュー

[カスタムメソッド]メニューオプション:

カスタムメソッドの管理	カスタムメソッドの作成、インポート、編集、および削除が可能です。このカスタム設定を使用して、装置でデータ測定が可能です。
-------------	--

[ヘルプ]メニュー

[ヘルプ]メニューオプション:

NanoDrop One Website (NanoDrop One Web サイト)	(利用可能であれば) 装置の Web ブラウザーを開き、NanoDrop One Web サイトに移動します。
ヘルプ	装置、NanoDrop One ソフトウェア、およびビューアーソフトウェアに関する詳細情報を含む、完全な NanoDrop One ヘルプシステムを表示します。
バージョン番号	NanoDrop One ビューアーソフトウェアのバージョン番号を表示します。

データ検索フィルター

アプリケーションまたはユーザーが割り当てた ID に基づいて、このコンピューター上でビューアーデータベースを検索するフィルターです。データ検索フィルターをオフにするには、いずれのボタンも選択されていない状態にしてください。詳細については、「[ビューアーデータベースの検索](#)」を参照してください。

日時範囲検索フィルター

Experiment 測定日 (たとえば、過去 7 ヶ月または指定した日付範囲内) でビューアーデータベースを検索するためのフィルター。日時範囲フィルターをオフにするには、[すべて] に設定します。詳細については、「[ビューアーデータベースの検索](#)」を参照してください。

リフレッシュ

新しいデータがインポートされた後に、ビューアーソフトウェア内の Experiment および測定結果のリストを更新します。

右クリックメニュー

Experiment を右クリックして、これらの追加メニューを表示します。

Experiment のエクスポート	選択した測定のスペクトルと結果をいくつかの形式にエクスポートします。
ID の管理	ユーザー定義ラベルを Experiment に追加します。割り当てたラベルの表示や取り外し、あるいはラベルを削除できます。
Experiment の詳細	アプリケーションタイプ、測定日時、測定数、機器のシリアルナンバー、ソフトウェアとファームウェアのバージョン番号、および割り当てられているラベルなど、開いている Experiment に関する情報を表示します。
Experiment の削除	選択した Experiment を削除します。
注意 : 削除したデータは復元できません。	

Experiment と関連データの管理

ビューアーソフトウェアを使用して、保存されたスペクトルおよび関連データを Experiment から開きます。この Experiment は、装置からエクスポートして PC にインポートしたもの、あるいは測定時に PC に直接保存したもののいずれかになります。Experiment は、取得日、Experiment 名、**使用されるアプリケーション**、および**割り当てられているラベル**に従ってコンピューター上のデータベースに保存されます。

Experiment のインポート

NanoDrop One で測定したデータを、パソコンにインストールされている NanoDrop One ビューアーソフトウェアにインポートして、各自の PC で都合の良い時にデータを解析したり印刷したりできます。

注記

- データはまず、装置から USB メモリデバイスにデータベース (SQL) 形式でエクスポートする必要があります (「[一般操作](#)」の「データのエクスポート」を参照)。
- 各測定の完了後にデータをパソコンに直接保存する方法については、「[機器のセットアップ](#)」の「イーサネット接続の設定」または「Wi-Fi 接続の設定」を参照してください。

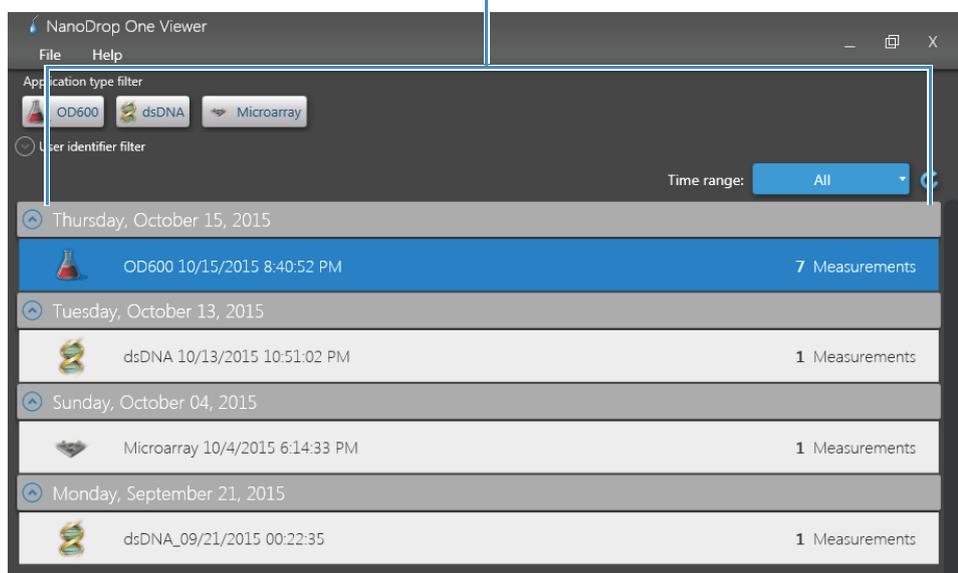
ビューアーソフトウェアへの Experiment のインポート

- エクスポートされた SQL ファイルが格納されたポータブル USB メモリデバイスを、NanoDrop One ビューアーソフトウェアがインストールされたパソコンに接続します。
- ビューアーソフトウェアから、[ファイル]>[データのインポート]を選択します。
- ポータブル USB デバイスに移動し、エクスポートされた SQL ファイルを選択し、[開く]を選択します。

注記 デフォルトで、ファイルは、USB メモリデバイス上で機器のシリアルナンバーの後に「NanodropOne」が続く名前のフォルダーに格納されます

- SQL ファイル内に格納された NanoDrop One の Experiment は、ビューアーのホーム画面に追加されます。次に例を示します。

インポートされた Experiment



ビューアーデータベースの検索

現在のフィルター設定と一致する Experiment のリストは、ビューアーのホーム画面に表示されます。フィルターには日時範囲、アプリケーションタイプ、およびユーザー定義のラベル (ラベルの追加および削除の詳細については、「[PC 上での ID の管理](#)」を参照) が含まれます。

Experiment リストの検索

Experiment リストを検索するには、ビューアーのホーム画面でフィルター設定を変更します。リストは自動的に更新されます。これらのフィルターが選択可能です。

- アプリケーションのタイプ。** ビューアーのデータベース内で Experiment に関連付けられているアプリケーションのみを表示します。たとえば、OD600 アプリケーションを使用して取得された Experiment のみのリストを表示するには、アプリケーションのタイプフィルターの下にある [OD600] を選択します (選択したフィルターボタンは青色になります)。アプリケーションタイプのフィルターをオフにするには、いずれのボタンも選択されていない状態にしてください。

3 ラーニングセンター

NanoDrop One ビューアーソフトウェア

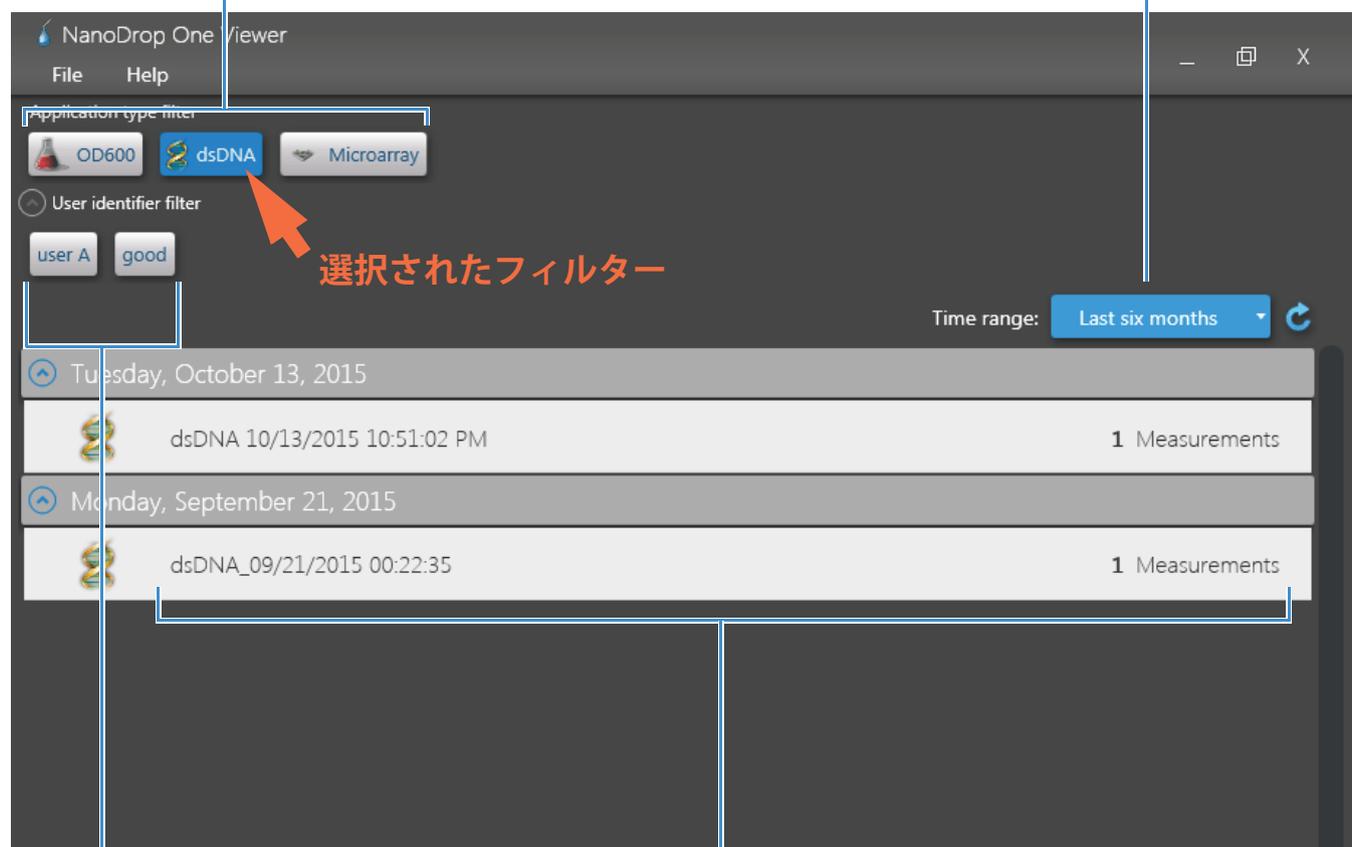
- **ユーザー ID**。ビューアーのデータベース内で Experiment に関連付けられているラベルのみを表示します。たとえば、「Good (良好)」ラベルが含まれる Experiment のみのリストを表示するには、ユーザー ID フィルターの下にある [Good (良好)] を選択します (選択したフィルターボタンは青色になります)。ユーザー ID フィルターをオフにするには、いずれのボタンも選択されていない状態にしてください。
- **日時範囲**。特定の時間範囲内 (過去 6 ヶ月以内など) に取得された Experiment のみのリストを表示するには、ドロップダウンリストから日付範囲を選択します。日時範囲フィルターをオフにするには、[すべて] に設定します。

データベースフィルターの例を次に示します。

クリックしてアプリケーションフィルターを選択するか、選択解除する

フィルターを変更して、更新された実験のリストを表示する

クリックして開き、日時範囲フィルターを選択する



クリックしてユーザー定義ラベルフィルターを選択するか、選択解除する

フィルター処理された Experiment のリスト

Experiment を開き、関連データを表示する

ビューアーソフトウェアを使用して、スペクトルと関連データを表示、印刷、またはエクスポートするために、ビューアーデータベースに保存された Experiment を開きます。ビューアーのホーム画面には、現在のフィルター設定と一致する Experiment のリストが表示されます。

Experiment を開く

- 利用可能なフィルターを使用して Experiment を探します (詳細については「[ビューアーデータベースの検索](#)」を参照)。
- フィルター処理された Experiment リストで実験名をダブルクリックします (Experiment が開き、測定画面が表示されます)。

3 ラーニングセンター

NanoDrop One ビューアースoftware

これらのオプションは、ビューアの測定画面から選択可能です。



ビューアのホーム画面に戻る

スペクトル画面

Experiment 名

ID の管理

印刷

Experiment の詳細 エクスポート

スペクトル

Overlay Mode

Wavelength (nm): 280
10mm Absorbance: 88.357622399883

右クリックしてスペクトルをオーバーレイします。

データポイントをクリックしたままにして吸光度値を表示します。

クリックしてサンプル名を編集します。

クリックし、表示される単位を変更します。

マウスのスクロールホイールを使用して、スペクトルを拡張したり縮小したりできます。リセットするにはダブルクリックします。

測定詳細 (詳細については「アプリケーション」を参照)。

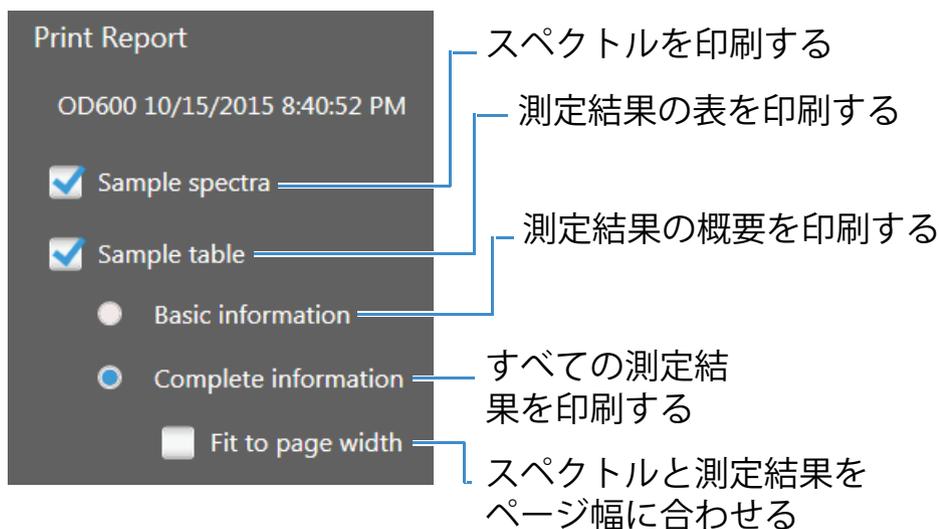
データの印刷

標準の Windows 印刷ツールを使用して、開いている Experiment 内の選択したデータを印刷できます。

選択した測定値の印刷

- Experiment を開きます。
- 印刷するデータをクリックして選択します (Shift + クリックを使用するか、またはクリック + ドラッグして、連続するデータを選択します。Ctrl + クリックを使用すれば、連続していない任意のデータを選択します)。
-  をクリックします。

[Print Report (レポートを印刷)] ウィンドウには、最初のページのプレビューとともに、これらのオプションが表示されます。



これらの標準の Windows 印刷オプションも選択可能です。

- [ページ設定] (用紙サイズを選択し、マージンとページの向きを調整します)
- [印刷プレビュー] (すべてのページをプレビューできます)
- [印刷] をクリックします。
- プリンターを選択します。
- [印刷] をクリックします。

データのエクスポート

選択した測定のスเปクトルと結果をこれらの形式にエクスポートできます。

- 測定結果のみをカンマ区切り値スプレッドシート (.csv) ファイルへ
- スペクトルデータのみ (各波長での吸光度値) を タブ区切り値スプレッドシート (.tsv) ファイルへ
- スペクトルデータを tsv ファイルへ、および測定結果を csv ファイルへ
- NanoDrop One データベース (.sql) ファイル (装置、または NanoDrop One ビューアーソフトウェアから開くことができ、スเปクトルと測定結果を含む)
- スペクトルデータを xml スプレッドシート (.xml) ファイルへ

ファイル名は **Experiment 名**と同じ名前になります。CSV、TSV、またはXML ファイルを開くには、スプレッドシートまたはワードプロセッシングアプリケーションを使用します。SQL ファイルは、NanoDrop One ビューアーソフトウェアを使用してのみ、ファイルがインポートされた後でのみ開くことができます。また、XML ファイルは、XML リーダーアプリケーションにより開くことができます。

選択した測定のエクスポート

- Experiment を開きます。
- エクスポートするデータをクリックして選択します (「Shift + クリック」を使用して、連続する測定を選択します。「Ctrl + クリック」を使用すれば、連続していない任意のデータを選択します)。
-  をクリックします。
- [Experiment のエクスポート] ボックス内:
 - エクスポートされたデータを保存するための場所に移動します。
 - [Save As Type (保存のタイプ)] を希望の形式に設定します (利用可能なオプションの説明については、上記を参照)。
- [保存] を選びます。

注記 コンピューターがイーサネットケーブルで装置と接続されている場合、NanoDrop One ビューアーソフトウェアでデータのエクスポート機能は利用できません。

データの削除

ビューアーデータベースから Experiment を削除できます。

選択した Experiment を削除します。

- 利用可能なフィルターを使用して Experiment を探します (詳細については「[ビューアーデータベースの検索](#)」を参照)。
- フィルター処理された Experiment リストで Experiment 名を右クリックします。
- [Experiment の削除] を選択します。

通知 削除したデータは復元できません。

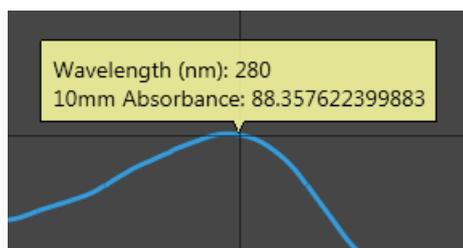
スペクトル上の吸光度値の検索

表示されているスペクトルの任意の波長に対応する吸光度値を容易に表示できます。

スペクトル上の吸光度値の検索

- Experiment を開きます。
- データを選択します。
- 表示されているスペクトル上の点をクリックしたままにします。

波長と対応する吸光度値がポップアップボックスに表示されます。



注記 スペクトルの X 軸に沿ってマウスをドラッグして、吸光度値を順番に表示することもできます。

スペクトルのオーバーレイ

スペクトル画面で、Experiment のすべてのデータのスペクトルを重ね書きで表示 (オーバーレイ) する場合は、スペクトル画面を右クリックし、[**オーバーレイモード**] を選択します。スペクトルは、さまざまな色で表示されます。



注記 オーバーレイモードを使用せずに、選択した複数のスペクトルを重ね書きで表示 (オーバーレイ) するには、単に、開いている Experiment 内でデータを選択します。

表示されたスペクトルの拡大または縮小

Experiment を開いた後、マウスのスクロールホイールを使用して、表示されたスペクトルを X 軸と Y 軸に沿って拡大または縮小します。

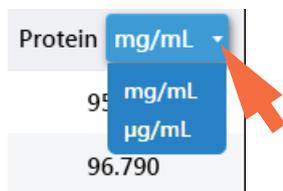
リセットするには、スペクトル画面をダブルクリックします。

濃度単位の変更

多くのアプリケーションで濃度単位が変更できます。

選択した Experiment の濃度単位の変更

- Experiment を開きます。
- 濃度単位変更が可能なアプリケーションの場合、データ表画面でドロップダウンメニューを使用して、単位を変更することもできます。



単位が変更された後で、すべてのレポートされた濃度結果が新しい単位に従って再計算されます。

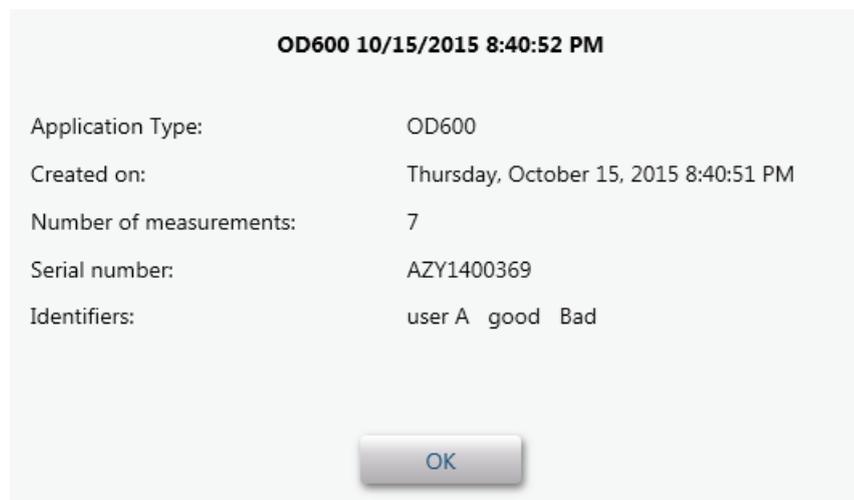
Experiment 詳細の表示

アプリケーションタイプ、測定日時、測定数、機器のシリアルナンバー、および割り当てられているラベルなど、開いている Experiment に関する情報を表示できます。

Experiment 詳細の表示

- Experiment を開きます。
-  をクリックします。

次に例を示します。



PC 上での ID の管理

Experiment を探しやすくするために、1 つ以上の「ID」(ラベルまたはメタデータタグなど) を Experiment に追加できます。各ラベルは、装置の NanoDrop One ソフトウェア(「[装置での ID の管理](#)」を参照)、またはパソコンにインストールされている NanoDrop One ビューアーソフトウェアから追加できます。

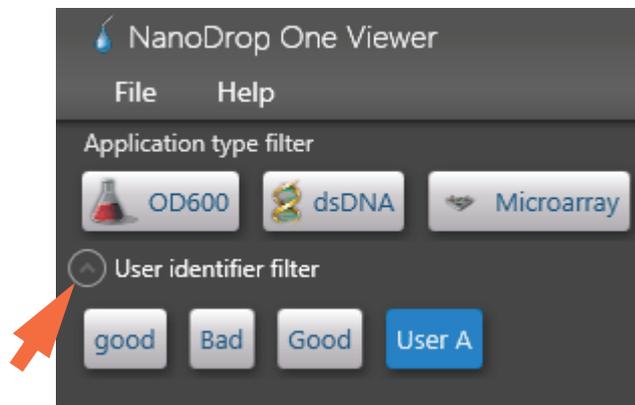
ビューアーを使用して、Experiment にラベル付けができます。既存のラベルの割り当て、割り当てたラベル表示、ラベルの取り外しまたは削除をパソコン上で行えます。1 つ以上のユーザー定義ラベルに基づいて Experiment のリストをフィルター処理できます。

[User Identifier Filter (ユーザー ID フィルター)] ボタンの表示または非表示

ユーザー ID フィルターは表示・非表示が選択できます。フィルターが多数ある場合は非表示にして Experiment リストのスペースを確保することができます。

[User Identifier Filter (ユーザー ID フィルター)] ボタンの表示

- 矢印が上を向くように、ユーザー ID フィルター横の矢印をクリックします。



[User Identifier Filter (ユーザー ID フィルター)] ボタンの非表示

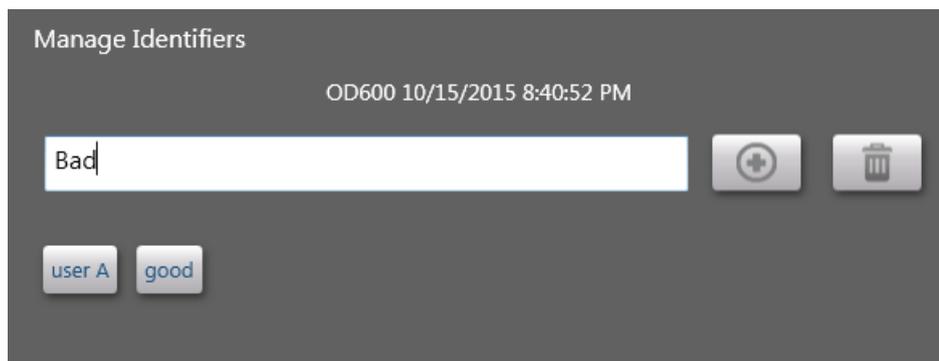
- 矢印が下を向くように、ユーザー ID フィルター横の矢印をクリックします。

ビューアー内での Experiment のラベル付け

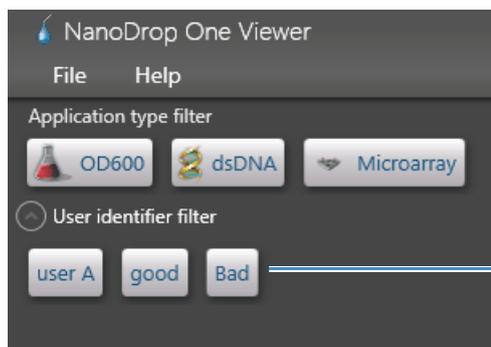
ビューアーソフトウェアを使用して、ユーザー定義ラベルを Experiment に追加できます。その後、Experiment のリストは、これらのラベルに基づいてフィルター処理できます (詳細については「[ラベルの付いた Experiment の検索](#)」を参照)。

Experiment への新しいラベルの追加

- ビューアーのホーム画面から、Experiment リスト内で Experiment を右クリックし、[ID の管理] を選択します。
- [ID の管理] ボックスで、ラベルを入力し、 をタップするか、Enter キーを押します (新しいラベルが入力ボックスの下に表示されます)。



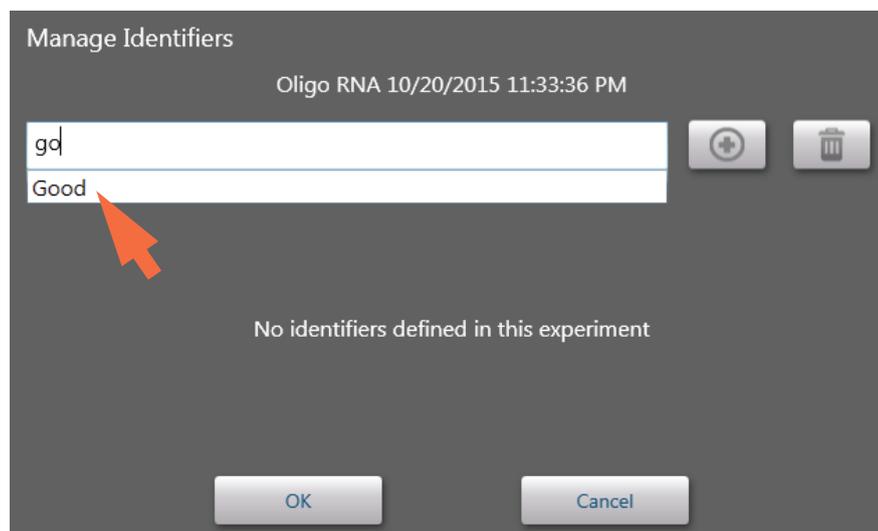
- [OK] を選択します (ビューアーのホーム画面でユーザー ID フィルターグループ内に、新しいラベルが表示されます。)



新しいラベル

Experiment への既存のラベルの割り当て

- ビューアーのホーム画面から、Experiment リスト内で Experiment を右クリックし、[ID の管理] を選択します。
- [ID の管理] の入力ボックスで、ラベル名を入力し始めます (既存のラベルが入力ボックスの下に検索候補として表示されます)。



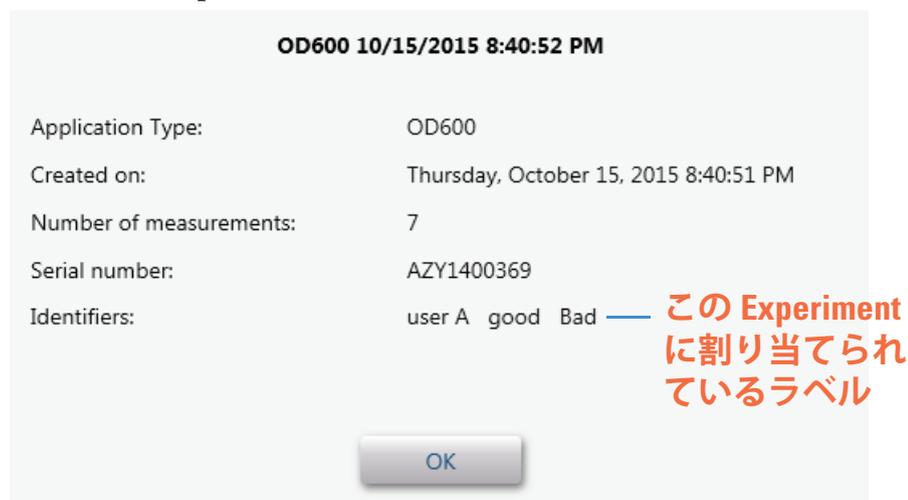
- 検索候補の既存のラベルを選択し、[OK] を選択します (既存のラベルが Experiment に追加されます)。

Experiment に割り当てられたラベルの表示

ビューアーソフトウェアを使用して、Experiment に割り当てられているユーザー定義ラベルを表示できます。

割り当てられたラベルの表示

- ビューアーのホーム画面から、Experiment リスト内で Experiment を右クリックし、[Experiment の詳細] を選択します。



- [OK] を選択します。

ラベルの付いた Experiment の検索

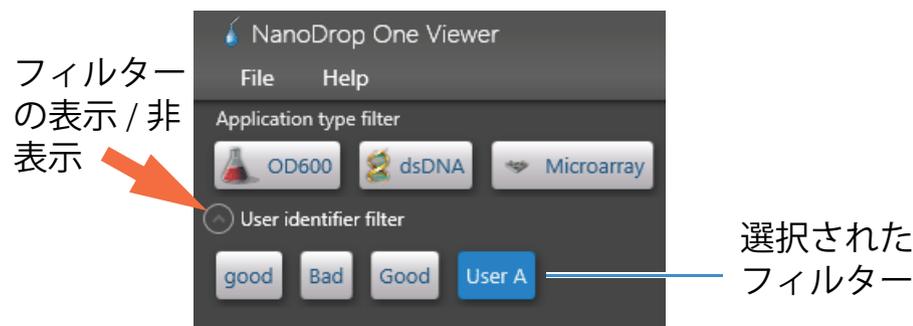
ビューアーソフトウェアを使用して、ユーザー定義ラベルが割り当てられている Experiment を探します。フィルター設定を使用して、自動的にデータベースがフィルター処理されます。

特定のユーザー定義ラベルを持つ Experiment の検索

ビューアーのホーム画面から、検索フィルターを設定します。

- すべてのアプリケーションの Experiment のリストを表示するには、**アプリケーションタイプフィルター**を解除します。
- 必要に応じて、日時範囲フィルターを設定します (選択した範囲内で測定された Experiment のみのリストが表示されます)。
- それぞれの [User Identifier filter (ユーザー ID フィルター)] ボタンをクリックして選択します (選択したフィルターボタンは青色で表示されます)。

(ボタンが非表示になっている場合、ユーザー ID フィルター横の矢印をクリックして表示します)



Experiment のリストは、選択したフィルターによって自動ソートされた Experiment のみが表示が示されます。

ラベルの削除

ビューアーソフトウェアでカスタムメソッドを作成したり、管理することができます。これには、装置で測定するために使用できるユーザー定義設定が含まれます。削除されたラベルは、その他の実験にまた割り当てられている場合、ユーザー ID フィルターリスト内に残ります。

ラベルの削除

- ビューアーのホーム画面から、実験リスト内で実験を右クリックし、[ID の管理] を選択します。

- [ID の管理] ボックスで、1 つ以上のラベルボタンを選択します (選択したラベルボタンは青色で表示されます)。
-  をタップします (選択したラベルは、入力ボックスの下に表示されなくなります)。
- [OK] を選択します。

注記 ソフトウェアからユーザー定義ラベルを削除するには、割り当てられているすべての実験からそれを削除する必要があります。

カスタムメソッドの管理

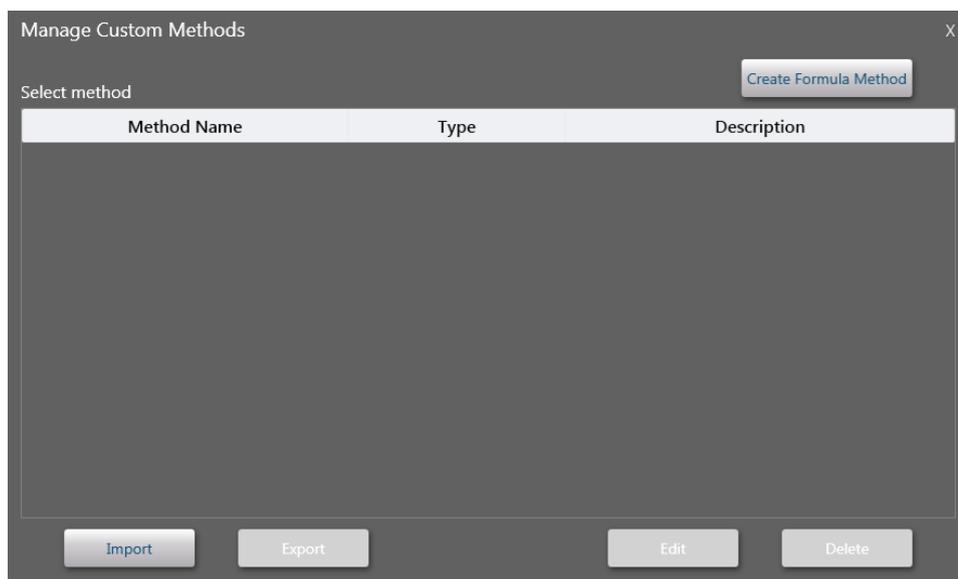
ビューアーソフトウェアは、カスタムメソッドを作成し、管理するためのツールです。これには、機器でデータを取得するために使用できるユーザー定義設定が含まれます。カスタムメソッドは、スタンダードのあるものもないものを作成できます。

カスタムメソッドの作成

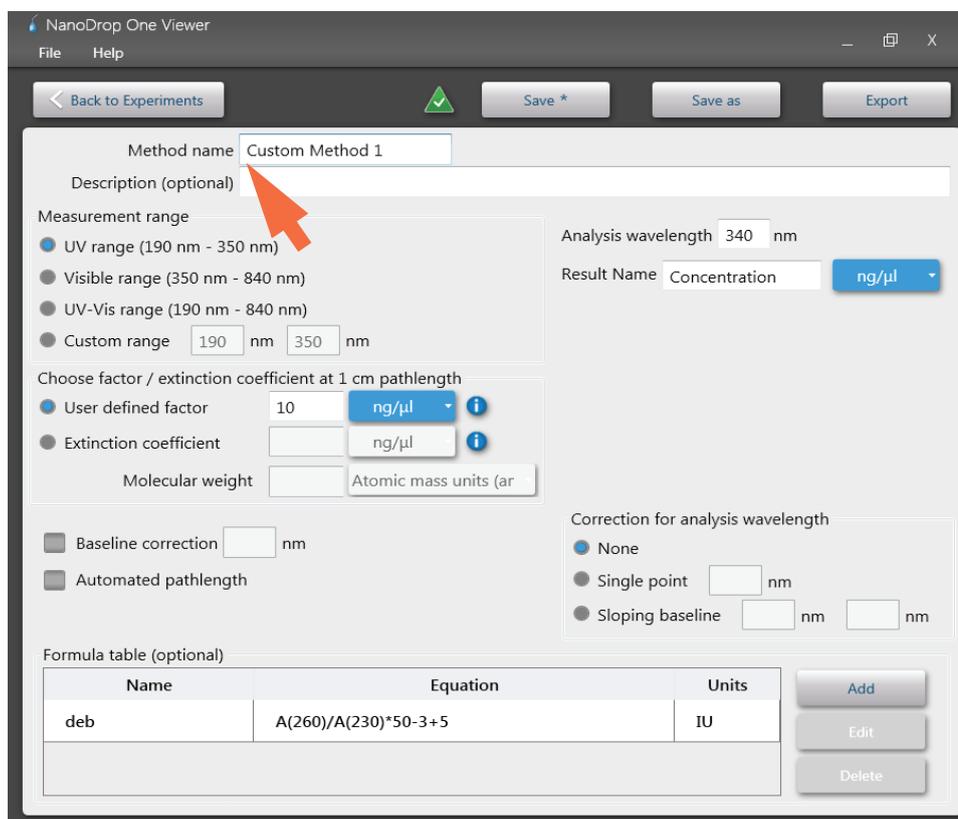
ユーザー定義設定を使用して、サンプル測定に使用されるメソッドを作成します。

新しいカスタムメソッドの作成

- ビューアーのホーム画面から、[**カスタムメソッド**] (メニュー) > [**カスタムメソッドの管理**] の順に選択します。



- [カスタムメソッドの管理] ボックスで、以下のいずれかを選択します。
 - **数式メソッドの作成** (メソッドにスタンダードが不要な場合)
 - **スタンダードカーブメソッドの作成** (メソッドにスタンダードが必要な場合)
- 設定ウィンドウで**メソッド名**を入力します (この名前は、メソッドを装置に移動した時に、装置の [カスタム設定] ボックスに表示されます)。



数式メソッドの作成に対応するカスタムメソッドの設定の選択

- 必要に応じて、メソッドの詳細な**説明**を入力します。

- メソッド結果の算出とレポートの方法を指定します。
 - メソッドにスタンダードがない場合は、分析物の係数または吸光係数を指定します（吸光度測定のみをレポートする場合は「1」を入力）。

Choose factor / extinction coefficient at 1 cm pathlength

User defined factor 10 ng/μl

Extinction coefficient ng/μl

Molecular weight Atomic mass ur

- メソッドにスタンダードがある場合は、各スタンダードの名前と濃度を入力し、カーブフィットタイプを選択します。

Standard table

Curve fit type Linear

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

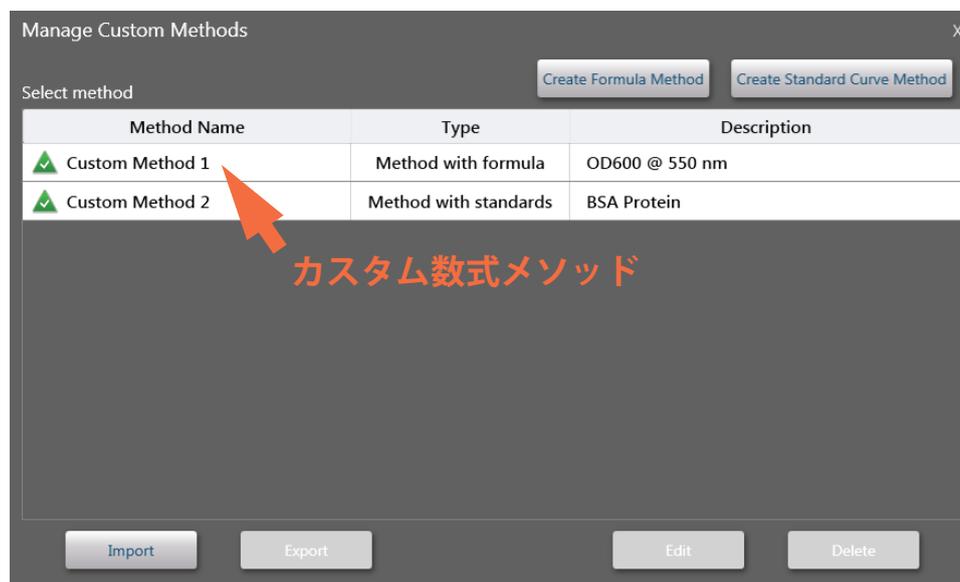
- 必要に応じて、残りのカスタム設定を入力または選択します（後述）。
- [保存] を選びます。

注記 [保存] ボタンの横に、緑色のチェックマークアイコンではなく、このアイコン  が表示されている場合、メソッドはエラーが含まれているため無効です。推奨される解決策を表示するには、マウスをアイコンの上に重ねてください。

上部でメソッドに緑色のチェックマークアイコンがある場合は、[閉じる] をタップしてメソッドの設定を終了します。

カスタムメソッドの表示または編集

- [カスタムメソッド] (メニュー) > [カスタムメソッドの管理] の順に選択します (既存のメソッドの一覧、各メソッドのタイプ (数式またはスタンダード) および説明が [メソッドを選択] ボックスに表示されます)。



カスタムメソッドの設定

これらの設定は、カスタムメソッドを作成するために利用できます。

設定

利用可能なオプション

測定範囲

メソッドがデータを取得するスペクトルの範囲を選択します。
利用可能なオプション:

- [Ultra-violet only (紫外域のみ)] (190 nm ~ 350 nm)
- [Visible only (可視域のみ)] (350 nm ~ 850 nm)
- [Ultra-violet and visible (紫外域および可視域)] (190 nm ~ 850 nm)
- [Custom (カスタム)] (ナノメートル単位で開始および終了点を指定します)

注記:

- ベースライン補正および/または分析波長補正が使用されている場合、指定したベースライン補正および/または分析補正波長が選択したスペクトル範囲に含まれていることを確認します。
- マイクロボリューム吸光度測定値および光路長の短い (10 mm 以外の) キュベットでの測定値は、10.0 mm 光路長相当に換算されます。

3 ラーニングセンター

NanoDrop One ビューアーソフトウェア

設定	利用可能なオプション
波長分析	<p>指定した光路長での吸光度をモニターします (波長をナノメートル単位で入力します)。</p> <p>注: 指定した波長が、選択した測定範囲内に入るようにしてください。</p> <p>指定した波長での吸光度値を用いて、測定結果または濃度が自動的に算出され、選択したメソッドタイプ (数式またはスタンダードカーブ) が適用されます。</p>
結果名	<p>算出された濃度結果の記述名 (たとえば「核酸」) を入力し、隣のドロップダウンリストを使用して適切な単位を選択します。結果名は、レポートされた濃度値の列見出しとして表示されます。</p>

設定

係数または 1 cm 光路長での吸光係数 (数式メソッドのみ)

利用可能なオプション

濃度結果を算出するために、係数または吸光係数のどちらを使用するかを指定します。

Choose factor / extinction coefficient at 1 cm pathlength

User defined factor 10 ng/μl

Extinction coefficient ng/μl

Molecular weight Atomic mass ur

- **ユーザー定義係数。** 1 cm 光路長の係数を入力し、隣のドロップダウンリストを使用して適切な単位を選択します。下の方程式は、サンプル濃度を算出するために係数がどのように使用されるのかを示しています。

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

意味:

c = 分析物濃度

A = 吸光度単位 (A) での吸光度

f = 係数 (通常 $1/\epsilon$ 、ここで、 ϵ = 波長依存のモル吸収係数、または吸光係数)

b = cm 単位での光路長 (測定時に決定され、その後、10 mm (1 cm) 光路長相当に換算されます)

- **吸光係数および分子量。** 1 cm 光路長の吸光係数を入力し、隣のドロップダウンリストを使用して適切な単位を選択します。下の方程式は、サンプル濃度を算出するために吸光係数がどのように使用されるのかを示しています。

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

意味:

c = 分析物濃度

A = 吸光度単位 (A) での吸光度

ϵ = 波長依存のモル吸収係数 (または吸光係数)

b = cm 単位での光路長 (測定時に決定され、その後、10 mm (1 cm) 光路長相当に換算されます)

設定

利用可能なオプション

注記:

- 特定の物質の係数および吸光係数に関する情報については、製品資料を参照してください。
- 吸光度測定のみをレポートするメソッドを設定するには、係数または吸光係数を「1」に設定することにより、係数または吸光係数を選択します。
- 係数または吸光係数の指定された単位が質量 (mg/mL など) に基づいており、算出された結果に対して指定された単位がモル (pmol/μL など) に基づいている場合またはその逆の場合、**分子量**を入力し、隣のドロップダウンリストを使用して適切な**単位**を選択します。

設定

スタンダード (スタンダードカーブメソッドのみ)

利用可能なオプション

スタンダードを定義します。

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

- 必要に応じて、各スタンダードおよびリファレンスの名前と分析物濃度を入力します。
 - [カーブタイプ] 設定に応じて、スタンダードカーブは2つ以上のスタンダードを使用して生成できます (ソフトウェアでは**1つのリファレンスと最大7つのスタンダードが許可されます**)。
 - **すべてのリファレンス溶液とスタンダード溶液は**、サンプルの懸濁に使用するのと同じ緩衝液、およびサンプルに追加されるのと同じ試薬量にする必要があります。
 - **最初のスタンダード**はリファレンス測定になります。リファレンス溶液には分析対象物が全く含まれないようにする必要があります (リファレンス測定は、ブランク測定と同じではありません)。
 - **スタンダードの濃度値**は任意の順序で入力できますが、スタンダードは入力された順序で測定されなければなりません。ただし、スタンダード測定の適切な方法は、最も低い濃度から最も高い濃度へと測定されるよう定めています。
 - **スタンダードの濃度範囲**は、アッセイのダイナミックレンジおよび未知のサンプルの予想される範囲を含むようにしなければなりません。サンプル濃度は、最も濃いスタンダードの濃度を超えると推定されません。

詳細については、「[スタンダードカーブの作成](#)」を参照してください。

設定	利用可能なオプション
	<ul style="list-style-type: none">カーブフィットタイプを選択します。 <p>スタンダード濃度値からスタンダードカーブを作成するために使用される方程式のタイプを指定します。利用可能なオプション：</p> <ul style="list-style-type: none">線形（一次式）：すべての測定されたスタンダードにわたって線形最小二乗線を引きます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。補間：一連の直線を引いてすべての測定されたスタンダードをつなげます（リファレンス測定と少なくとも1つのスタンダードが必要です）。二次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して二次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも2つのスタンダードが必要です）。三次多項式：すべての測定されたスタンダードを使用して三次最小二乗多項式を表します（リファレンス測定と少なくとも3つのスタンダードが必要です）。
ベースライン補正	<p>このオプションを選択して、ベースラインの指定した波長での吸光度を差し引くことにより、光散乱粒子が原因のオフセットを補正します。その後、ベースライン補正の波長を指定します。</p> <p>注：ソフトウェアは、指定したベースライン補正波長での吸光度値を、サンプルスペクトル中の全波長での吸光度値から差し引きます。その結果、指定されたベースライン補正波長でのサンプルスペクトルの吸光度は、0（ゼロ）になります。</p>
波長分析補正	<p>このオプションを使用して、分析波長のみで吸光度補正を指定します。利用可能なオプション：</p> <ul style="list-style-type: none">なし。分析波長での補正なしシングルポイント。分析補正用波長を入力します（指定した分析補正波長での吸光度値は、分析波長での吸光度値から差し引かれます。補正された値は、サンプル濃度の算出に使用されます）。スロープベースライン。分析補正用のスロープベースラインを定義する、2つの波長を入力します（分析波長でのスロープベースラインの吸光度値は、分析波長での吸光度値から差し引かれます。補正された値は、サンプル濃度の算出に使用されます）。

設定

利用可能なオプション

自動光路長

マイクロボリューム測定のみに影響します。

- 自動光路長が選択されている場合、分析波長でのサンプル吸光度に応じて、最適な光路長 (1.0 mm ~ 0.03 mm の範囲) が選択されます。たとえば、分析波長でのサンプル吸光度が 12.5 (10 mm 光路長相当) 以下である場合、より長い適した光路長が使用されます。サンプル吸光度が 12.5 を上回る場合、より短い適した光路長が使用されます。分析波長で高吸収するサンプルに推奨されます (このオプションは、サンプルスペクトルの分析波長でない波長域に極度に高い吸光度ピークがある場合、感度が低くなる可能性があります)。

注: 分析波長が 190 nm ~ 219 nm の間では、サンプル吸光度が 10 (10 mm 光路長相当) 以下のとき、より長い最適な光路長が使用されます。また、サンプル吸光度が 10 を上回っている場合、より短い最適な光路長が使用されます。

- 自動光路長が選択解除された場合、サンプル吸光度に関係なく、1 mm の光路長が使用されます。光路長が長いため、吸収の高いサンプル (例えば、10 mm 光路長相当で 15 A など) で、検出器飽和を引き起こす可能性があります (その場合のピークはギザギザになります)。

設定

利用可能なオプション

数式表 (オプション)

数式表を使用して、サンプルごとに、純度比などの追加の測定結果を指定します。

Name	Equation	Units

Buttons: Predefined, Add, Edit, Delete

利用可能なオプション:

- **定義済み**。定義済みの数式 (そのまま使用することも編集することも可能) から選択し、[追加] をタップします。定義済みの数式が数式表に表示されます。
- **Add (追加)**。現在のメソッドの数式を作成します。利用可能なオプション:
 - **Formula Name (数式名)**。数式の名前を入力します。測定後、名前がデータ表および [サンプル詳細] 画面でレポートされます。
 - **Formula (数式)**。有効な数式を入力します (規則および例については以下を参照)。測定後、測定された値または算出された値がデータ表および [サンプル詳細] 画面でレポートされます。
 - **Unit (単位)**。レポート結果の単位を入力します。測定後、単位がデータ表および [サンプル詳細] 画面に表示されます。
- **Edit (編集)**。現在のメソッドの選択した数式を編集します。
- **Delete (削除)**。現在のメソッドの選択した数式を削除します。

設定	利用可能なオプション
数式のルール	<p>カスタム数式には、以下の演算と関数を含めることができます。</p> <ul style="list-style-type: none"> • Path()。cm 単位のサンプル光路長を返します。 • A(nm)。指定した波長でのサンプル吸光度を返します (たとえば、650 nm で測定された吸光度を方程式に追加するには、A(650) を入力します)。 • Operators (演算):+ (加算)、-(減算)、*(乗算)、/(除算)。 • Functions (関数):Log(x)、Pow(x,y)。 <p>注記: すべての言語で以下の追加ルールに従ってください。</p> <ul style="list-style-type: none"> • 浮動小数点および倍精度浮動小数点数用に、ピリオド「.」小数点記号を使用します。 • リスト区切り文字はカンマ「,」使用します (たとえば「POW(2,8)」)。 • 大きな数値に対して、カンマ「,」による桁区切り記号は使用しないでください (たとえば、1,000 ではなく 1000 を入力します)。

カスタムメソッドのコピー

既存のカスタムメソッドに似たカスタムメソッドを作成するには、既存のメソッドを新しい名前で作成し、その新しいメソッドを編集します。

カスタムメソッドのコピー

- [Manage Custom Methods (カスタムメソッドの管理)] ボックスから、カスタムメソッドを選択します。
- [編集] を選びます。
- [Save As (名前を付けて保存)] を選びます。
- 新しい [メソッド名] および [説明] (オプション) を入力します。

カスタムメソッドの実行

カスタムメソッドでの、測定結果を装置内に保存する場合は、メソッドが装置内にあることが必要です (詳細については、「[カスタムメソッドのロード方法](#)」を参照)。(機器がイーサネットケーブルまたはワイヤレスネットワークを介してコンピューターと接続していない場合は、この方法でしかカスタムメソッドを実行することはできません)。

注記 コンピューターがイーサネットケーブルまたはワイヤレスネットワークを介して装置と接続されている場合は、コンピューター内のカスタムメソッドを使用することができ、測定結果はコンピューターの NanoDrop One ビューアーデータベースに保存されます。詳細については、[機器セットアップ](#)の「イーサネット接続の設定」または「Wi-Fi 接続の設定」を参照してください。

カスタムメソッドのエクスポート

カスタムメソッドを NanoDropOne にエクスポートします。カスタムメソッドを NanoDrop One で実行し、測定結果を装置に保存します。

- [Manage Custom Methods (カスタムメソッドの管理)] ボックスから、カスタムメソッドを選択します。

注記 [Manage Custom Methods (カスタムメソッドの管理)] ボックスでメソッド名の横にこのアイコン  が表示されている場合、メソッドはエラーが含まれているために無効です。推奨される解決策を表示するには、マウスをアイコンの上に重ねてください。

- [**エクスポート**] を選びます (メソッドが無効である場合、エラーメッセージが表示されます。メソッドをエクスポートするにはエラーを解決する必要があります)。
- [カスタムメソッドのエクスポート] ボックスで、[**保存**] を選びます (メソッドが独自フォーマットのメソッドファイル (ファイル名の拡張子は *.method) にエクスポートされます。デフォルトフォルダーは「C:[ユーザー名]\My Documents\Thermo\NanoDrop One」です)。

メソッドを NanoDrop One に移動するには、メソッドファイルを USB メモリデバイスにコピーし、NanoDropOne でメソッドをロードします (詳細については「[カスタムメソッドのロード方法](#)」を参照)。

カスタムメソッドのインポート

メソッド設定を編集する場合、コンピューターの NanoDrop One ビューアーソフトウェアに、カスタムメソッドをインポートします。

- [Manage Custom Methods (カスタムメソッドの管理)] ボックスから、[インポート] を選びます。
- 「.method」 ファイルを探して選択します。
- [開く] を選びます (インポートされたメソッドは [メソッドを選択] リストの最後に追加されます)。

カスタムメソッドの編集

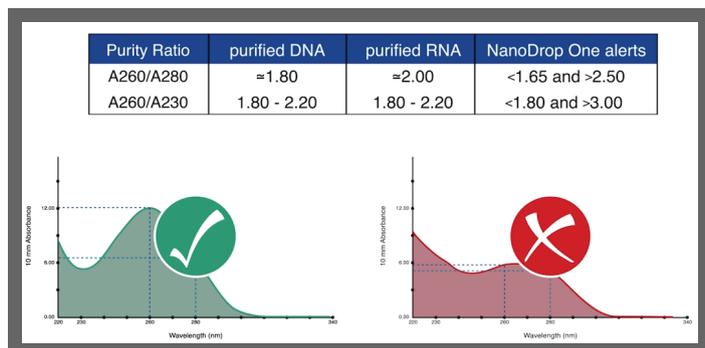
メソッド設定を変更するために、カスタムメソッドを編集します。

- [Manage Custom Methods (カスタムメソッドの管理)] ボックスから、カスタムメソッドを選択します。
- [編集] を選びます。
- メソッド設定を任意で編集します。
- [保存] を選びます。

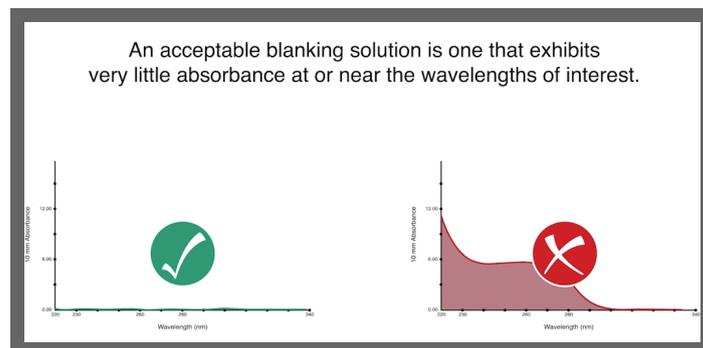
カスタムメソッドの削除

- [Manage Custom Methods (カスタムメソッドの管理)] ボックスから、カスタムメソッドを選択します。
- [削除] を選びます。
- 確認メッセージの後で、[はい] を選択します。

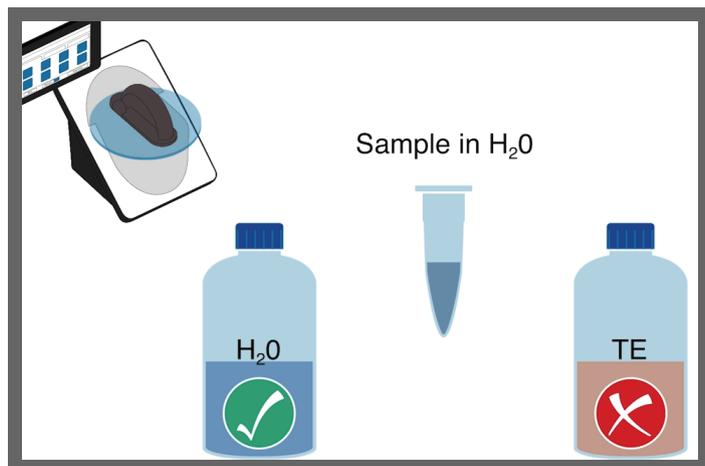
マルチメディア



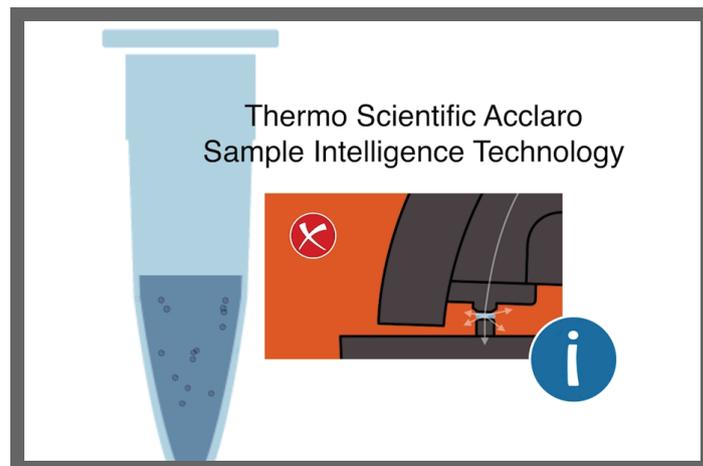
純度比とは



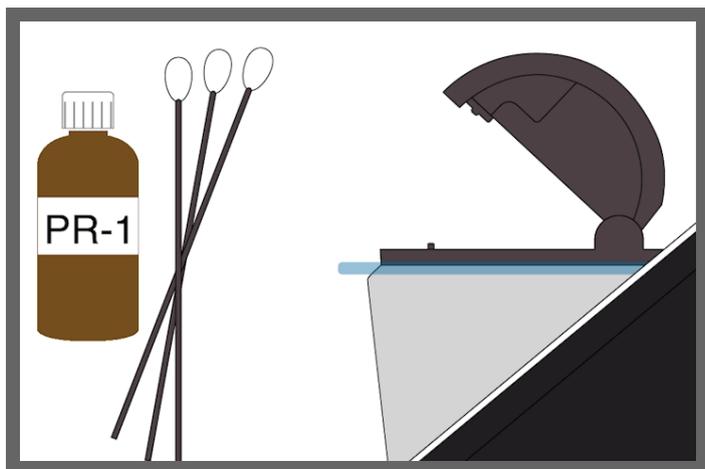
ブランク溶液の適合性の評価



ブランクとは



サンプル中の気泡の影響



台座のクリーニングおよびリコンディショニング

機器のメンテナンス



メンテナンススケジュール



タッチスクリーンのクリーニング



台座のメンテナンス



汚染除去



キュベットシステム



機器の診断

メンテナンススケジュール

日々のメンテナンス

- 脱イオン水による台座のクリーニング

定期メンテナンス

- タッチスクリーンのクリーニング
- 0.5M HCl による台座のクリーニング
- 台座のリコンディショニング



6ヶ月ごと

- 台座のリコンディショニング
- インテンシティチェックの実行
- パフォーマンス検証の実行
- 台座イメージチェックの実行

システムで問題が起きている場合、トラブルシューティング情報を参照してください。問題が続くようであれば、弊社にお問い合わせください。米国とカナダ以外にお住いの場合は、お近くの販売代理店にお問い合わせください。

機器のメンテナンスまたは修理を行う必要がある場合、**弊社**またはお近くの販売代理店にお問い合わせください。

タッチスクリーンのクリーニング

通知 タッチスクリーンを傷つけないために、以下のことはしないでください。

- 研磨剤を使用してタッチスクリーンをクリーニングする
- 過度の圧力をかける
- タッチスクリーンに直接液体を吹き付ける
- タッチスクリーンのスライドメカニズムに潤滑剤を適用する

タッチスクリーンのクリーニング方法

マイクロファイバーなどの柔らかい糸くずのでない布を使ってタッチスクリーンを優しく拭きます。

必要に応じて、LCD ガラスディスプレイ向けのクリーナーを使用します。使用できるクリーナーはクリーナーメーカーの推奨事項に従ってください。

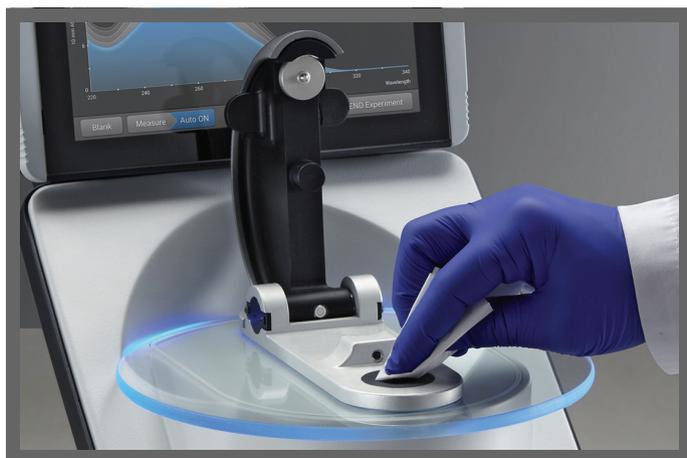
関連トピック

- [台座のクリーニング](#)
- [台座のリコンディショニング](#)
- [装置の汚染除去](#)



台座のメンテナンス

台座は、完全な性能を維持するために、定期的なメンテナンスを必要とします。台座のクリーニングおよびリコンディショニングのスケジュールと手順は、以下に記載されています。



台座のクリーニング



台座のリコンディショニング

台座のクリーニング

キャリーオーバーと二次汚染を避けるために、最初のブランクまたはサンプルの測定前、および各測定の終了時に台座をクリーニングします。追加のクリーニング (以下を参照) または **リコンディショニング** が定期的なメンテナンスで必要になる場合があります。

通知

- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。
- こぼして損傷することがないように、液体の容器は機器に近づけないでください。
- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 下側の台座周囲にあるダイヤフラムは装置に固定されているため、取り外そうとしないでください。
- 塩酸、アルコール、漂白剤、アセトン、あるいはその他の溶剤をダイヤフラム上に 1 分以上にわたって置いたままにしないでください。そうでないと、シールが緩む場合があります。ダイヤフラムが緩んできた場合は、**弊社にご連絡ください**。

注記 界面活性剤またはイソプロピルアルコールが含まれる溶液は、台座を不適切な状態にする可能性があります。これらの使用を必要とする場合は、使用直後に 3 ~ 5 μ L の脱イオン水をアプライシクリーニングします。

必要なもの

- リントフリーのラボペーパー
- 脱イオン水 (DI H₂O)
- 徹底的なクリーニング :PR-1 キット
または 0.5M HCl

測定毎の台座のクリーニング方法

アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。

ユーザー毎の台座のクリーニング方法

1. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。
2. 3～5 μL の脱イオン水をピペットで取り、台座にアプライします。
3. アームを下げ、2～3分待ちます。
4. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。

ヒント : 徹底的なクリーニングが必要な場合 (たとえば、台座に残っている乾燥したサンプルを取り除く場合)、上の手順で脱イオン水の代わりに 0.5M HCl を使用してクリーニングし、その後、3～5 μL 脱イオン水を使って綺麗にします。また、PR-1 キットを使用して台座をリコンディショニングすることができます。



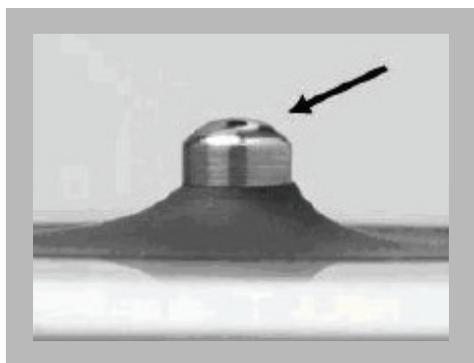
関連トピック

- 台座のリコンディショニング
- タッチスクリーンのクリーニング
- 装置の汚染除去

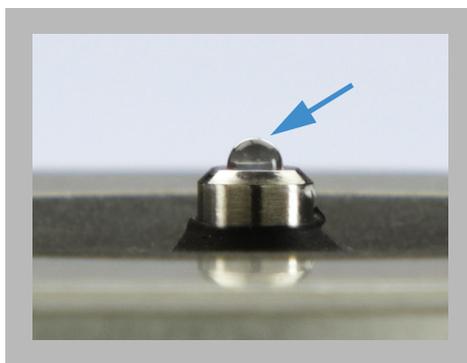
台座のリコンディショニング

台座の表面は時間と共に、特にイソプロピルアルコールまたは界面活性剤を含む溶液 (Bradford 法試薬) を使用した測定後、「リコンディションされた」状態が失われる場合があります。不適切な状態の台座は、アプライした液滴が「平坦」になり、上部アームを下ろした時の液柱形成に失敗する場合があります。結果として生じるスペクトルが「でこぼこ」したり「ギザギザ」に見える場合があります。

アプライした液滴が台座上で(「液滴」になるか、丸みを帯びた滴になるのではなく)平坦になっていたり、測定中に液柱が壊れる場合には、台座をリコンディショニングします。



不適切な状態の台座
(液滴が平坦になる)



適切にリコンディショニングされた台座
(滴が丸い液滴になる)

必要なもの

- リントフリーのラボペーパー
- PR-1 台座リコンディショニングキット (弊社で販売しており代理店から入手可能です)
- 校正された精密ピペット (0 ~ 2 μ L)
- エアダスター

台座のリコンディショニング方法



1. PR-1 バイアルのフタを開け、付属のアプリケーターの先端に少量のコンパウンドペーストをとります。
2. 上下の台座表面に PR-1 リコンディショニングコンパウンドペーストを薄く塗布します。

PR-1 ペーストが乾くまで 30 秒待ちます。



3. 清潔なラボペーパーを 1/4 程度に折りたたみ、上下の台座の表面をしっかりと磨きます。

注意: 上側の台座を磨くときは、アームを破損しないよう、アームを手で支えて行ってください。

ヒント: ラボペーパーに黒い残留物が付くのは正常です。

4. すべての残留物が取り除かれるまで、新たに折り畳んだラボペーパーを使用してステップ 3 を繰り返し、台座をきれいに磨きます。
5. ラボペーパーの屑が台座付近に残っている場合は、エアダスターを使用して、取り除きます。



6. 1 μL の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライします。

脱イオン水は「液滴」になるか、または丸みを帯びた滴になります。



ヒント PR-1 リコンディショニングコンパウンドは、台座をリコンディショニングする最も容易な方法です。PR-1 キットが手元がない場合は、以下の手順に従ってください。

1. 機器のアームを引き上げ、3 μ L の 0.5M HCl をピペットで取り、下側の台座にアプライします。
2. アームを下げ、2～3分待ちます。
3. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。
4. 3 μ L の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライします。
5. アームを下げ、2～3分待ちます。
6. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。

注意: 上側の台座を磨くときは、アームを破損しないよう、アームを手で支えて行ってください。

7. 清潔なラボペーパーを 1/4 程度に折りたたみ、上下の台座の表面を少なくとも 50 回しっかりと磨きます。
8. ラボペーパーの屑が台座付近に残っている場合は、エアダスターを使用して、取り除きます。

関連トピック

- [PR-1 リコンディショニングキット](#)
- [台座のクリーニング](#)
- [タッチスクリーンのクリーニング](#)
- [装置の汚染除去](#)

装置の汚染除去

有害物質を含むサンプルの測定後、およびメンテナンスまたは修理のために機器を弊社に返送する前に、装置の汚染除去を行います。

注記 機器のメンテナンスまたは修理を行う必要がある場合、弊社またはお近くの販売代理店にお問い合わせください。

通知

- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。
- こぼして損傷することがないように、液体の容器は機器に近づけないでください。
- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷が引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 下側の台座周囲にあるダイヤフラムは装置に固定されているため、取り外そうとしないでください。
- 塩酸、アルコール、漂白剤、アセトン、あるいはその他の溶剤をダイヤフラム上に1分以上にわたって置いたままにしないでください。そうしないと、シールが緩む場合があります。ダイヤフラムが緩んできた場合は、弊社にご連絡ください。

必要なもの

- リントフリーのラボペーパー
- 脱イオン水 (DI H₂O)
- 0.5% 次亜塩素酸ナトリウム溶液 (新しく準備した、市販漂白剤の 1:10 希釈)
- ピペット

台座の汚染除去方法

1. アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
2. 2～3 μL の希釈した漂白液（「必要なもの」を参照）をピペットで取り、下側の台座にアプライします。
3. アームを下げ、2～3分待ちます。
4. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。
5. 3～5 μL の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライします。
6. アームを下げ、2～3分待ちます。
7. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。



装置表面の汚染除去方法

1. 清潔で柔らかい布またはラボペーパーを薄い漂白液で湿らせ（「必要なもの」を参照）、装置の外表面を優しく拭きます。
2. 脱イオン水で湿らせた清潔な布またはラボペーパーを使用して、漂白液を取り除きます。



4 機器のメンテナンス

キュベットサンプリングシステムのメンテナンス

関連トピック

- [台座のクリーニング](#)
- [台座のリコンディショニング](#)
- [タッチスクリーンのクリーニング](#)

キュベットサンプリングシステムのメンテナンス

キュベットサンプリングシステムには、NanoDrop One[®] モデルのみに付属しています。詳細については、「[キュベットを使用したサンプルの測定](#)」を参照してください。

注記 毎回の測定後にキュベットを洗浄し、乾燥させます。キズの付いていないキュベットを使用し、結果に影響する可能性のある指紋を付けないようにします。

通知 液体が装置内に入り込むと、故障の原因となります。スプレーなどで液体を装置に向けて噴霧しないでください。

キュベットサンプリングシステムのメンテナンス方法

- 装置を使用していない間は、アームは下ろしたままにします。
- エアダスターを使用して、キュベットホルダーからほこりを取り除きます。
- キュベットホルダーに液体が入った場合は、ラボペーパーで液体を吸い取ってください。

キュベットの洗浄およびメンテナンスを行うには、キュベットメーカーの推奨事項に従います。

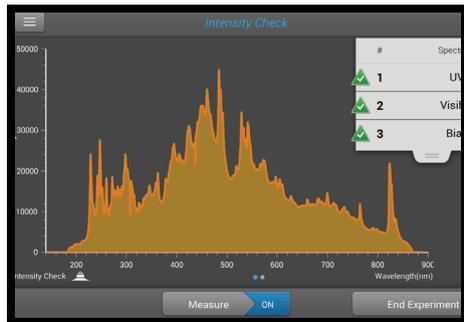


関連トピック

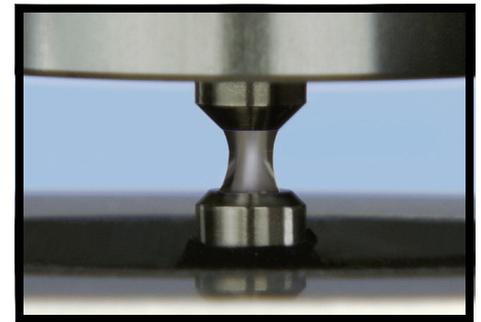
- [キュベットサンプルの測定](#)
- [キュベット測定の適切な方法](#)

機器診断

6カ月ごとに、機器の動作を検証するために、以下のパフォーマンスおよび品質チェックを実行します。



インテンシティチェック パフォーマンス検証



台座イメージチェック

インテンシティチェック

6カ月ごとに、インテンシティチェックを行い、機器の内部コンポーネントの動作を検証します。テストでは、キセノン光源からの光の強度を測定します。これにより、光のスループット、波長精度、およびバイアスが使用の範囲内であることを確認します。NanoDrop One^C モデルの場合、引き続きキュベット光路を使用してテストを自動的に行います。

必要なもの

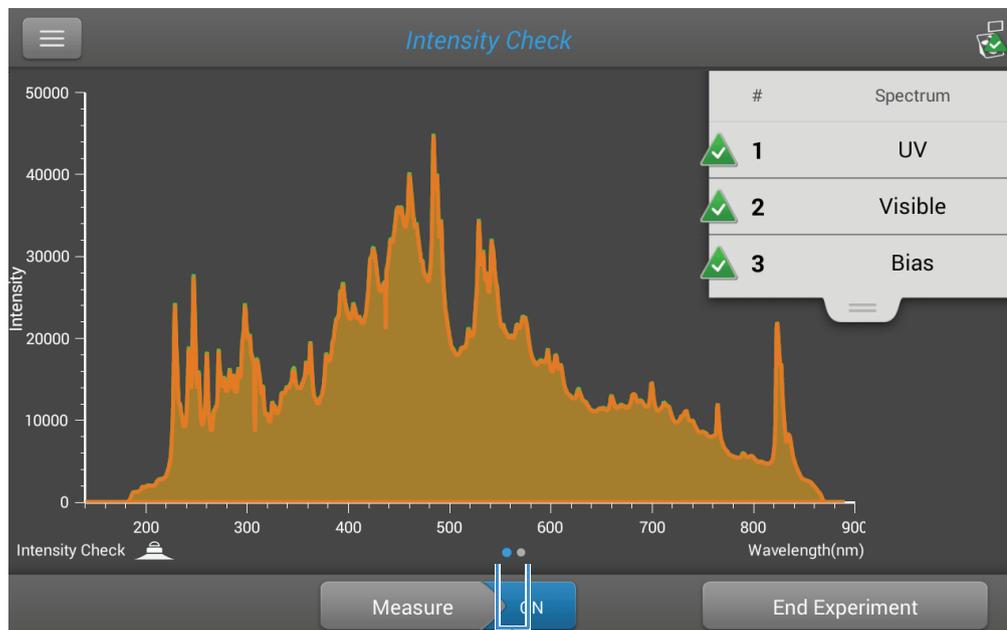
- リントフリーのラボペーパー

インテンシティチェックの実行方法

1. アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
2. NanoDrop One^C モデル機器の場合、キュベットホルダーからキュベットを取り外します。
3. アームを下げます。
4. 機器のホーム画面から、 (診断)、[強度チェック]の順にタップします。

5. [測定] をタップし、測定が完了するまで待ちます。

通常のインテンシティチェックの結果画面の例を次に示します。



画面を左にスワイプすると詳細な結果が表示されます。

6. インテンシティチェックに戻るには、[測定] をタップします。

7. 終了時には、[Experiment 終了] をタップします。

テストの完了後、結果はデータビューアーから確認できます (以下の例を参照)。詳細については、「[装置での ID の管理](#)」を参照してください。

Date	Count
Thursday, August 20, 2015	1 experiment found
Thursday, August 13, 2015	1 experiment found
Intensity Check_08/13/2015 14:24:48	1 measurement

インテンシティチェック結果の見方

以下の指標のいずれかに、

- 紫外域
- 可視域
- バイアス

上の図に示されている緑色のチェックマークではなく、黄色の三角形が付いている場合、[脱イオン水を使用して台座をクリーニング](#)してから、インテンシティチェックを繰り返します。

黄色の三角形が「バイアス」の横に表示されている場合、部屋が機器の温度仕様の範囲内になっていることを確認してください。

インテンシティチェックに再度失敗した場合は、[弊社にお問い合わせ](#)してください。

関連トピック

- [パフォーマンス検証](#)
- [台座イメージチェック](#)

パフォーマンス検証

6カ月ごとにパフォーマンス検証を行い、光路長精度が仕様の範囲内であることを確認します。

必要なもの

- リントフリーのラボペーパー
- 脱イオン水 (DI H₂O)
- 校正された精密ピペット (0 ~ 2 µL)
- [PV-1 PV-1 標準液 \(パフォーマンス検証溶液\)](#) (弊社またはお近くの代理店から入手可能なスタンダード溶液)
- ラボ手袋

注記 PV-1 溶液は使い捨てのアンプルとして提供されます。アンプルを開ける前に、アンプルを勢いよく振り、液体がアンプルの下部に集まるようにします。アンプルを開いた後、その中身は1時間以内に使用しなければなりません。アンプルから直接ピペットで取ってください。溶液を移し替えないでください。

始める前に

まず、台座が適切にリコンディショニングされていることを確認してください。台座の状態をテストするために、台座を新しいラボペーパーできれいにし、1 μL の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライします。溶液は以下のような「液滴」になります。液滴にならない場合は、[上下の台座をリコンディショニングしてください](#)。



パフォーマンス検証の実行方法

1. 機器のホーム画面から、 (診断)、[パフォーマンス 検証] の順にタップします。

ターゲット吸光度値を尋ねるメッセージが表示されます。



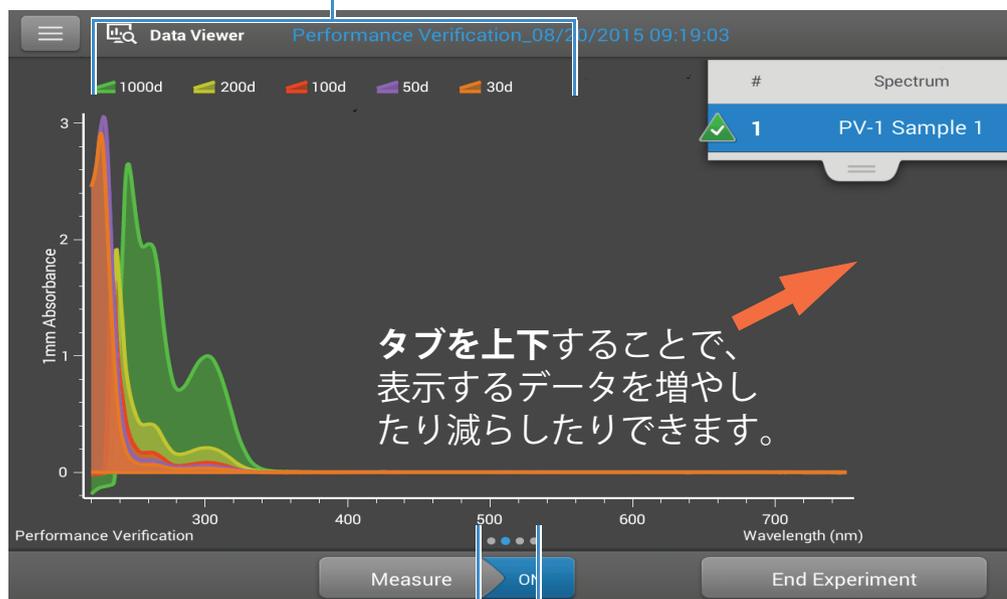
2. PV-1 アンプルのラベルに記載されている各ロット固有のターゲット吸光度値を、それぞれの入力ボックスに入力し、[完了]をタップします。
3. アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
4. 1 μL の脱イオン水をピペットで取り、下側の台座にアプライし、アームを下げて、[ブランク]をタップします。
5. アームを上げ、新しいラボペーパーで上下の台座を拭き取ります。

注記 アンプルを開く前に、PV-1 溶液のアンフルを勢いよく振り、溶液がアンフルの底部に集まるようにします。

6. 1 μL の PV-1 溶液をピペットで取り、下側の台座にアプライし、測定を開始します。
 - 自動測定がオンになっている場合、アームを下げます。
 - 自動測定がオフになっている場合、アームを下げて [測定] をタップします。

測定後、結果が表示されます。パフォーマンス検証結果画面の例を次に示します。

測定された光路長



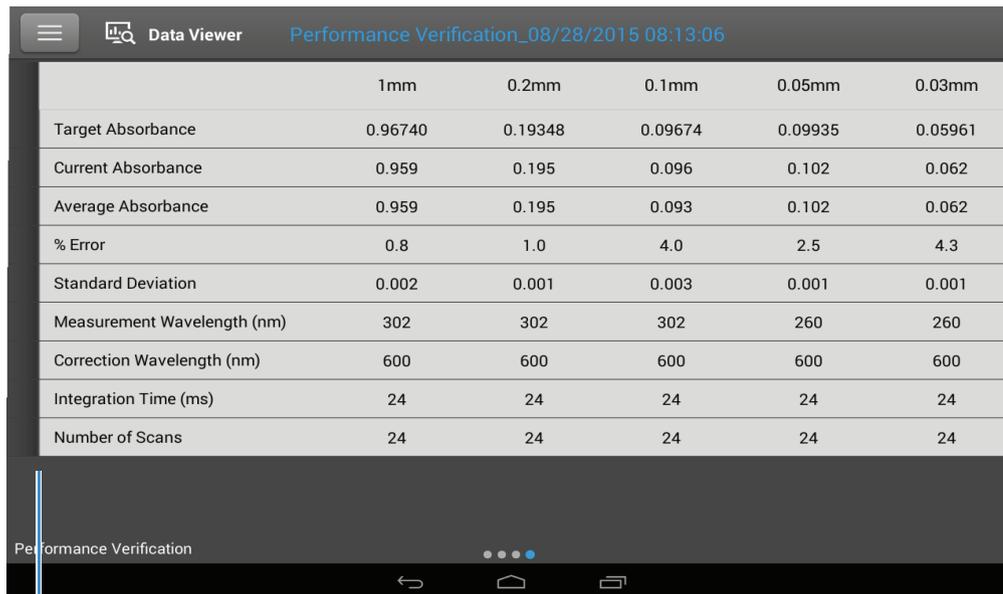
画面を左にスワイプすると詳細な結果が表示されます。

7. ステップ6を同じ手順で繰り返し、残り9回1 μL のPV-1 溶液を測定します。毎回の測定の間、上下の台座をクリーニングしてください。

毎回の測定後に、新しい測定結果がディスプレイに追加されます。画面を左にスワイプすると、10回分の測定結果が表示されます。



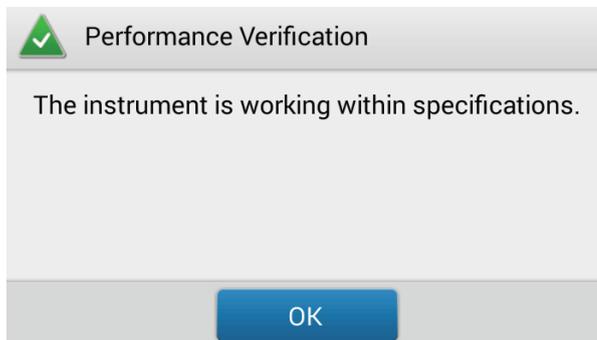
再び左にスワイプし、全体のテスト結果と、詳細を表示します。



	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

パフォーマンステスト結果

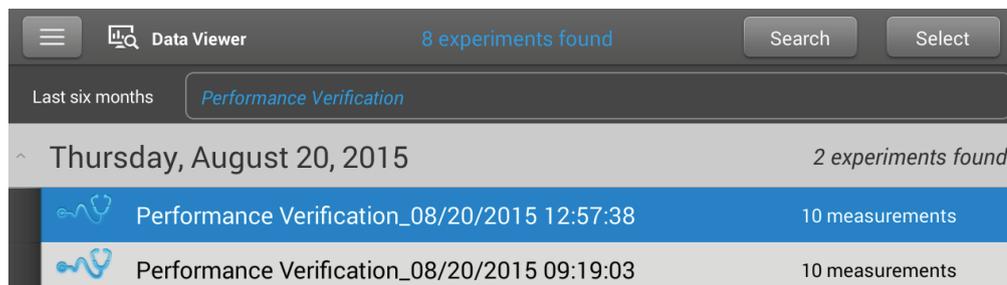
10回の測定後に、装置がパフォーマンス検証にパスしたのか、失敗したのかを示すメッセージが表示されます。



- 装置の検証に失敗した場合、2 μ L の PV-1 溶液を使ってステップ 6 を 10 回繰り返します。

- 終了後に、[Experiment 終了] をタップし、3 ~ 5 μL の脱イオン水を使用して台座をクリーニングします。

テストの完了後、結果はデータビューアーから確認できます (以下の例を参照)。詳細については、「装置での ID の管理」を参照してください。



The screenshot shows a mobile application interface titled "Data Viewer" with "8 experiments found". It displays a list of experiments under the filter "Performance Verification" for the date "Thursday, August 20, 2015". Two experiments are listed, each with 10 measurements.

Date	Experiment Name	Measurements
Thursday, August 20, 2015	Performance Verification_08/20/2015 12:57:38	10 measurements
Thursday, August 20, 2015	Performance Verification_08/20/2015 09:19:03	10 measurements

パフォーマンス検証結果の解釈方法

2 μL を使用した測定でも、10 回の測定後に装置がパフォーマンス検証に失敗する場合は、[弊社にお問い合わせください](#)。

関連トピック

- PV-1 標準液 (パフォーマンス検証溶液)
- インテンシティチェック
- 台座イメージチェック

台座イメージチェック

空の液柱やサンプル中の気泡などのエラーを正常にモニターするために、定期的に台座イメージチェックを実行して、装置の液柱センサーをチェックします。台座イメージチェックは、日常の品質管理のために使用できます。さらに、検出システムに問題があった場合、必要な診断情報を提供します。

必要なもの

- リントフリーのラボペーパー

台座イメージチェックの実行方法

1. アームを上げて、新しいラボペーパーを使って上下の台座を拭き取ります。
2. アームを下げます。
3. 機器のホーム画面から、 (診断)、[台座イメージチェック]の順にタップします。
4. [測定]をタップします。

機器で一連のテストを実行して、台座の位置およびイメージ品質を確認します。測定の完了後、結果が表示されます。緑色のチェックマークは、機器が台座イメージチェックを通過したことを示します。

5. 終了時には、[Experiment 終了]をタップします。

台座イメージチェック結果の解釈方法

台座イメージチェックで緑色のチェックマークではなく黄色の三角が表示される場合、画面上の指示に従って可能性のある問題を解決します。その後、台座イメージチェックに戻ります。装置が再度チェックに失敗した場合は、[弊社にお問い合わせください](#)。

関連トピック

- [パフォーマンス検証](#)
- [インテンシティチェック](#)

安全性と操作に関する注意



安全性情報



操作に関する注意



通知 本システムを作動する作業員は、必ず現場のマニュアルおよび安全マニュアルを最初に読むようにしてください。

操作に関する注意



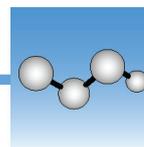
注意 機器のカバーを取り外さないでください。カバーを取り外すと、鋭い刃と壊れやすい石英光ファイバーケーブルがむき出しになります。カバーが取り外された場合、機器の保証は無効になります。

NanoDrop One 分光光度計は、弊社の仕様を満たす環境において屋内で操作するように設計されています。詳細については、お使いの機器の現場準備ガイドを参照してください。

これらの注意に従って、使用中の NanoDrop 分光光度計の損傷を防いでください。

- 電源に適した電源コードを使用してください。供給された電源コードが互換性のないものであるか、または損傷した場合は、[弊社にお問い合わせください](#)。
- 機器のカバーを取り外さないでください。
- アームアセンブリの下にあるプレートは、熱強化ガラス製です。LCD ディスプレイでは、熱処理された化学強化ガラスが使用されています。どちらも頑丈で、壊れにくくなっています。ただし、プレートまたはディスプレイのいずれかがひび割れたり破損したりした場合、交換について弊社にお問い合わせください。
- 機器と互換性のある溶剤を使用してください（「[有害物質](#)」を参照）。
- 台座でフッ化水素酸 (HF) を使用しないでください。フッ化物イオンは石英光ファイバーケーブルに永久的な損傷を与えます。
- こぼして損傷することがないように、液体の容器は機器に近づけないでください。
- 液体が機器に流れ込むと、永久的な損傷を引き起こされる場合があるため、噴射器またはスプレーボトルを機器の上またはその近くで使用しないでください。
- 下側の台座周囲にあるダイヤフラムは装置に固定されているため、取り外そうとしないでください。
- 塩酸、アルコール、漂白剤、アセトン、あるいはその他の溶剤をダイヤフラム上に 1 分以上にわたって置いたままにしないでください。そうでないと、シールが緩む場合があります。ダイヤフラムが緩んできた場合は、[弊社にご連絡ください](#)。





安全性情報

NanoDrop One 機器を操作する前に、安全性情報を読み、そのシステムの推奨事項に従ってください。

安全性の通知と特記事項

多くの場合、安全情報は装置本体に表示されています。記号は文書中に安全に関する追加情報があり、安全に関する注意に従わない場合には怪我を負う可能性があることを示しています。



警告 危険な状態で、回避しない場合には死亡もしくは重傷を負う恐れがあることを意味します。



注意 危険な状態で、回避しない場合には軽度または中程度の損傷を負うおそれがあることを意味します。

通知 システムハードウェアの損傷やデータの紛失を防ぐため、本表示の指示に従ってください。

注記 有用な補足情報を含んでいます。

下表にはユーザー文書中に見られる安全に関する記号とその意味を記載しています。

記号	意味
	これは、必須行動を示す記号です。危険を防ぐために必要な行動を示します。
	これは、禁止を示す記号です。この図示記号は、禁止されている、または停止する必要がある行動を警告します。
	これは、一般的な警告記号です。安全に関する注意事項に従わない場合、負傷する恐れがあります。
 	感電に注意してください。このような記号が付いている場合は、その記号付近に感電の危険性があることを示しています。関連手順については、資格を持つ担当者のみが行ってください。
	火災に注意してください。引火性の強い、または爆発する可能性のあるサンプルはテストしないでください。関連する説明書を注意深く読み、それに従ってください。
 	目の怪我に注意してください。このような記号が付いている場合は、紫外線を浴びる危険があることを示しており、保護眼鏡を着用していない場合は、目を痛めることがあります。
	生物災害に注意してください。このアイコンはこのエリア内のバイオハザードを示しています。関連する説明書を注意深く読み、それに従ってください。
	化学火傷に注意してください。この記号は、皮膚のかぶれの可能性を示しています。有毒物質、発癌性物質、変異誘発性物質、腐食性物質、または刺激性物質を取り扱うときは、手袋を着用してください。廃棄物を処分するときには、適切な容器を使用して正しい手順で行ってください。
記号	説明
~	交流電源
⊥	アース端子または接地
≡	直流
⊕	保安グラウンド
ㇿ	枠付きまたは筐体端子

記号	説明
	ヒューズ
	電源オン
	電源オフ

システムを受け取ったとき



警告 怪我に注意してください。この機器が弊社が指定した以外の方法で使用された場合は、機器に装備された保護機能が無効となる可能性があります。



注意 怪我に注意してください。文書に記載の手順のみを行ってください。その他の問題がある場合は、弊社にお問い合わせください。その他のサービスは訓練を受けた作業員のみが実施してください。



注意 感電に注意してください。装置のカバーを取り外さないでください。装置に対するすべてのサービスは訓練を受けた作業員のみが実施してください。

装置を受け取ったら、梱包箱の外装に損傷がないか確認してください。損傷が見られた場合は、弊社またはお近くの販売代理店に連絡いただき、適切な指示を受けてください。

- 据え付けの最低 24 時間前に据え付け場所に梱包箱を移動します。

通知

- 梱包箱内で、装置は乾燥状態となるようプラスチックバッグに密封されています。
- プラスチックバッグを開封する前に、24 時間、装置が室温になるまで待ちます。装置が室温に到達する前にバッグを開封すると、光学部品に結露が発生し、永久的な損傷を引き起こす場合があります。
- 機器は常に直立した状態にしてください。

以下は保証の対象ではありません。

- 不適切な移動方法による損傷

- 装置が室温になる前に密封したプラスチックバッグを外したことによる損傷

注記 装置を受け取る前にシステムユーティリティーを必ず据え付けてください。ユーティリティーの据え付けは、現地の建物および安全規制に適合することが必要です。

装置の持ち上げと移動

装置やその他のシステム部品を持ち上げたり、移動したりするときは、けがを防ぐために適切な方法で行ってください。

電氣的要件と安全性

システムの電源は、専用の中断しない電源であること。電源には、電圧ドロップアウト、過渡スパイク、周波数シフト、その他の信頼できる性能を損なうような回線障害のなきこと。

現場で電力品質問題が疑われる場合、または装置が重工業環境に設置される場合は、設置前に電力特性を評価することをお勧めします。さらに情報が必要な場合は、弊社または現地の電気局にお問い合わせください。

注意 感電に注意してください。

- 事故を避けるため、電源電圧、電流および電源周波数を確認する場合、必ず資格を持つ担当者のみが適切な測定器を使用して行ってください。
- これらいずれかの記号が付いた部品の修理は、資格を持った弊社のサービス担当者だけが行うようにします。
- システム構成部品の保護カバーに損傷があると思われる場合は、システムの電源を切り、システムで予期せぬ操作が行われないようにしてください。移動後は、輸送の衝撃で保護カバーが壊れていないか必ず確認してください。
- 装置のすべての電源を切った後でも、コンデンサは最長 30 秒間帯電したままになるので、感電する恐れがあります。
- 液体を装置上にこぼさないでください。装置内に進入する恐れがあります。
- 装置のカバーを外さないでください。



アース



注意 感電に注意してください。アース端子のついた壁コンセントを使用してください。アース線は主分電盤の接地個所に接続された電位差を持たない配線であればなりません。

電源コード

必ず電源に適した電源コードを使用してください。付属の電源コードが使用する場所の電気体系に適していない場合、または電源コードに損傷がある場合、弊社テクニカルサポートに連絡し、新しい電源コードを注文してください。

パワーライン調整アクセサリ

UPS は、建物のどこかで電力が失われた場合のシステムシャットダウンの発生確率を減らします。また、120 ボルト運転の場合、電力線コンディショナー（電力線のたるみ、サージ電圧、またはその他の回線障害がないことを確実にする）を米国内では弊社からご購入できます。220 ボルト用ラインコンディショナーは現地でのみ購入可能です。パワーコンディショナーおよび UPS に関する情報についてはテクニカルサポートにお問い合わせください。

電気サービス仕様

電気設備の仕様については下表に示しています。要件について質問がある場合は、お近くのサービス担当者にお問い合わせください。

要件	仕様
入力電流	5.0 A (最大)
入力電圧	100 ~ 240 VAC
電源周波数	50 ~ 60 Hz
電圧変動	サグ、サージまたはその他の電圧変動は、入力の電圧の 10%（半周期であっても）を超えないようにする必要があります。
ノイズ	< 2 V (コモンモード) < 20 V (ノーマルモード)

消費電力

一般に、システム全体（アクセサリを含む）が通常使用する電力より 50% 多い電力が使用可能です。分光計およびアクセサリの最大電力消費と熱放散仕様については以下のとおりです。値は概算値です。

項目	消費電力	最大熱放散
機器	60 W	205 Btu/hr

火災の安全情報および火傷の危険

通知 電源スイッチが操作しにくい、または電源および電源コードに届かないような場所に装置を設置しないでください。

火傷および火災や爆発の危険を防ぐため、次のガイドラインに従ってください。

- 可燃性または爆発性サンプルを検査する場合は注意してください（「有害物質」のセクションを参照してください）。
- 装置または装置の電源装置の通気孔は、絶対に塞がないでください。
- 弊社から供給した電源装置のみを使用してください。

目に対する安全性

この装置は使用者が紫外線に曝されないよう、保護ハウジングを備えて設計されています。



警告 怪我に注意してください。ランプが点灯しているときは、ランプを決して見ないでください。

有害物質

標準的な分光器使用法の多くは、溶剤の使用に基づいています。その他には、気体の状態での腐食剤サンプルまたは加圧サンプルが関係します。

揮発性溶剤および引火性サンプル



注意 怪我に注意してください。装置の近くに溶剤または可燃性サンプルを放置しないでください。作業スペースは必ず適切に換気するようにしてください。

使用可能な溶剤

ライフサイエンスラボで一般的に使用されている溶剤のほとんどが、NanoDrop 分光光度計の光ファイバー台座で使用可能です。しかし、NanoDrop の台座での測定の場合、沸点の低いいくつかの溶剤は、微量測定に対して不適当な場合があります。沸点の低い溶剤を測定する場合は、サンプルをキュベットを用いて測定してください。

次の溶剤は、すべての NanoDrop 装置の**台座**で使用することができます。

通知 台座以外の装置表面にこれらの溶剤をこぼすと、装置に損傷を与える場合があります。

- | | | |
|------------|------------|--------------------|
| • メタノール | • エタノール | • n- プロパノール |
| • イソプロパノール | • ブタノール | • アセトン |
| • エーテル | • クロロホルム | • 四塩化炭素 |
| • DMSO | • DMF | • アセトニトリル |
| • THF | • トルエン | • ヘキサン |
| • ベンゼン | • 水酸化ナトリウム | • 次亜塩素酸ナトリウム (漂白剤) |
| • 希塩酸 | • 希硝酸 | • 希酢酸 |

測定が終了したら、腐食性のある液体はすべて、台座から速やかにふき取ってください。また、溶剤が台座の上に残留しないように、最後に水を測定して終了することを推奨します。

NanoDrop の台座周囲のダイヤフラムは装置に固定されています。ダイヤフラムを外したり、シールを破損したりしないでください。ダイヤフラムの接着シールに影響を及ぼす場合があるので、ダイヤフラムを塩酸、アルコール、漂白剤、アセトン、あるいはその他の溶剤に長時間にわたって曝さないでください。シールがはがれた場合は、弊社までご連絡ください。

通知 フッ化物イオンは石英光ファイバーケーブルを腐食するため、フッ化水素酸 (HF) 類は使用することはできません。

生物災害または放射性物質および病原菌

人間およびその他の動物の組織、体液、病原体、および血液などの生物サンプルは、感染症の感染の可能性があります。適切な保護具を着用してください。感染の可能性のある物質を取り扱う人は、取り扱い前に適切な法規制または組織の要件にしたがって訓練を必ず受けてください。感染の可能性のある物質で作業する、および/またはそれに類似する物質を取り扱うためのバイオセーフティプログラムに従ってください。



警告 感染の可能性のあるサンプルに関係した危険を低減してください。

- サンプルを装置部品上にこぼさないでください。
- こぼした場合は、実験室のプロトコルに従って、すぐに外表面を消毒してください。

生物災害、放射性物質、病原菌、またはその他の物質によって従業員に健康上または傷害の危険が及ぶような物質または条件によって汚染された場合は、装置、アクセサリ、部品、その他の付属品を処分できない、または弊社またはほかのアクセサリメーカーに返品できない場合があります。汚染除去の要件に関してご質問がある場合は、弊社にお問い合わせください。

本ヘルプシステムについて

使用している表記

安全についての注意およびその他の重要な情報では、以下の形式を用いています。



注意 危険な状態で、回避しない場合には軽度または中程度の損傷を負うおそれがあることを意味します。

通知 システムハードウェアの損傷やデータの紛失を防ぐため、本表示の指示に従ってください。

注記 有用な補足情報を含んでいます。

ヒント 作業を容易にするのに有用な情報を表示しています。

商標に関する情報

DYMO および LabelWriter は、Newell Rubbermaid の米国およびその他の国における商標または登録商標です。

Wi-Fi は Wi-Fi Alliance の米国およびその他の国における商標または登録商標です。

Bluetooth は Bluetooth Special Interest Group の商標または登録商標です。

Windows は Microsoft Corporation の米国およびその他の国における商標または登録商標です。

その他のすべての商標は、Thermo Fisher Scientific inc. およびその子会社が所有しています。

© 2015-2016 Thermo Fisher Scientific Inc. 無断複写・転載を禁じます。

テクニカルサポートへの問い合わせ

米国 / カナダの場合、技術的なサポートについては、以下にお問い合わせください。

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

電話 :302 479 7707
フリーダイヤル :1 877 724 7690 (U.S. & Canada only)
ファックス :302 792 7155
電子メール : nanodrop@thermofisher.com
ウェブサイト : www.thermoscientific.com/nanodrop

国際サポートについては、以下にお問い合わせください。

お近くの販売代理店へお問い合わせください。お問い合わせ先は以下をご覧ください :

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

システムで問題が起きている場合、トラブルシューティング情報を参照してください。問題が続くようであれば、弊社にお問い合わせください。米国とカナダ以外にお住いの場合は、お近くの販売代理店にお問い合わせください。

装置のメンテナンスまたは修理を行う必要がある場合、販売代理店にお問い合わせください。



