



thermo**scientific**

# NanoDrop One

Manuale utente

269-309102 NanoDrop One UG

Revisione H    Ottobre 2022

**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC

© 2022 Thermo Fisher Scientific Inc. Tutti i diritti riservati.

Wi-Fi è un marchio commerciale o un marchio registrato di Wi-Fi Alliance negli Stati Uniti e/o in altri paesi. Bluetooth è un marchio commerciale o un marchio registrato di Bluetooth Special Interest Group. Windows è un marchio commerciale o un marchio registrato della Microsoft Corporation negli Stati Uniti e/o in altri paesi. Tutti gli altri marchi sono di proprietà di Thermo Fisher Scientific Inc. e delle rispettive filiali.

Per il supporto tecnico negli Stati Uniti, contattare:

Thermo Fisher Scientific 3411  
SILVERSIDE ROAD TATNALL BUILDING,  
SUITE 100  
WILMINGTON, DE 19810 U.S.A.

Telefono: 302 479 7707  
Numero verde: 1 877 724 7690 (solo Stati Uniti e  
Canada) E-mail: nanodrop@thermofisher.com

Per supporto internazionale, contattare:

<http://www.thermofisher.com/NanoDropSupport>

Contattare il proprio distributore locale. Per le  
informazioni di contatto consultare:

<http://www.thermofisher.com/NanoDropDistributors>

Il presente documento è fornito da Thermo Fisher Scientific Inc. ai propri clienti, come guida di utilizzo, unitamente all'acquisto di uno dei propri prodotti. Il presente documento è protetto da copyright, qualsiasi riproduzione totale o parziale dello stesso è severamente vietata, salvo previa autorizzazione scritta di Thermo Fisher Scientific Inc.

I contenuti del presente documento sono soggetti a modifiche senza preavviso. Tutte le informazioni tecniche contenute nel presente documento si intendono esclusivamente a titolo informativo. Le configurazioni del sistema e le specifiche tecniche di cui al presente documento sostituiscono tutte le precedenti informazioni fornite all'acquirente.

Thermo Fisher Scientific Inc. si astiene da qualsiasi dichiarazione in merito alla completezza, accuratezza o esenzione da errori, declina inoltre qualsiasi responsabilità per eventuali errori, omissioni, danni o perdite eventualmente derivanti da qualunque utilizzo del presente documento, anche ove le informazioni ivi contenute fossero seguite correttamente.

Il presente documento non costituisce parte di alcun contratto di vendita tra Thermo Fisher Scientific Inc. e l'acquirente. Il presente documento non disciplina, né modifica in alcun modo i Termini e le Condizioni di vendita, che prevalgono sull'interpretazione delle informazioni contrastanti tra i due documenti.

Esclusivamente a fini di ricerca. Il presente strumento o accessorio non è un dispositivo medico e non è destinato all'utilizzo per la prevenzione, la diagnosi, il trattamento o la cura di malattie o patologie.



**AVVERTENZA** Evitare qualsiasi rischio di esplosione o incendio. Il presente strumento o accessorio non è progettato per l'utilizzo in ambienti esposti a pericoli di esplosione.

# Indice

<b>Capitolo 1 Informazioni sullo spettrofotometro</b> .....	<b>9</b>
Caratteristiche .....	10
Touchscreen .....	10
Porta cuvette .....	11
Porta USB-A .....	11
Accessori .....	12
Stampante per etichette USB DYMO™ LabelWriter™ 550.....	12
Kit Ricondizionamento Piedistallo PR-1 .....	12
Soluzione di verifica delle prestazioni PV-1 .....	12
Limiti di rilevamento dello strumento .....	13
<b>Capitolo 2 Configurazione dello strumento</b> .....	<b>15</b>
Registrazione dello strumento .....	15
Aggiornamento del software.....	15
Impostazione del controllo account utente (facoltativo) .....	16
Controllo account utente .....	16
Criteri di amministrazione della sicurezza .....	17
Supporto tecnico .....	19
Per il supporto tecnico negli Stati Uniti/Canada, contattare: .....	19
Per il supporto internazionale, contattare: .....	19
<b>Capitolo 3 Intervalli di misurazione dell'applicazione</b> .....	<b>21</b>
Limiti di rilevamento per tutte le applicazioni .....	21
Limiti di rilevamento per applicazioni standard.....	21
Limiti di rilevamento per coloranti predefiniti .....	23
<b>Capitolo 4 Applicazioni per misurare l'acido nucleico</b> .....	<b>25</b>
Misurare dsDNA, ssDNA o RNA .....	25
Misurare dsDNA, ssDNA o RNA .....	25
Procedure ottimali per le misurazioni dell'acido nucleico .....	27
Risultati riportati per l'acido nucleico .....	29
Impostazioni per le misurazioni dell'acido nucleico .....	32
Calcoli per le misurazioni dell'acido nucleico .....	32
Misurazione dei Microarray .....	35
Misurazione dei campioni di microarray .....	35
Risultati riportati per i Microarray .....	38
Impostazioni per le misurazioni dei microarray .....	41
Calcoli per le misurazioni dei microarray.....	45

Misurazione mediante un fattore personalizzato .....	49
Misurazione dell'acido nucleico mediante un fattore personalizzato .....	49
Risultati riportati per il fattore personalizzato .....	51
Impostazioni per le misurazioni dell'acido nucleico mediante un fattore personalizzato .....	51
Limiti di rilevamento per le misurazioni degli acidi nucleici mediante un fattore personalizzato .....	53
Misurazione di OligoDNA o Oligo RNA .....	55
Misurazione di OligoDNA o Oligo RNA .....	55
Risultati riportati per gli Oligonucleotidi .....	58
Impostazioni per le misurazioni di Oligo DNA e Oligo RNA .....	60
Limiti di rilevamento per le misurazioni di Oligo DNA e Oligo RNA .....	62
Calcoli per le misurazioni di Oligo DNA e Oligo RNA .....	63

## **Capitolo 5 Applicazioni per la misurazione delle proteine.....67**

Misurazione della proteina A280 .....	67
Misurazione della concentrazione proteica a A280 .....	67
Procedure ottimali per le misurazioni delle proteine.....	69
Risultati riportati della proteina A280 .....	71
Impostazioni per le misurazioni della proteina A280 .....	72
Editor di proteine.....	75
Limiti di rilevamento per le misurazioni della proteina A280.....	78
Calcoli per le misurazioni della proteina A280 .....	79
Misurazione della proteina A205 .....	84
Misurazione della concentrazione proteica a A205 .....	84
Report risultati Protein A205 .....	86
Impostazioni per le misurazioni della proteina A205 .....	89
Calcoli per le misurazioni della proteina A205 .....	91
Misurazione delle proteine ed etichette .....	93
Misurazione dei campioni di proteine etichettati.....	93
Risultati riportati per Proteine ed Etichette .....	96
Impostazioni per le misurazioni di Proteine ed Etichette .....	98
Limiti di rilevamento per le misurazioni di Proteine ed Etichette .....	100
Calcoli per le misurazioni di Proteine ed Etichette .....	100
Misurazione Protein BCA .....	103
Misurazione della concentrazione totale di proteine .....	103
Report risultati misurazione Protein BCA .....	111
Impostazioni per le misurazioni Protein BCA .....	115
Misurazione Protein Bradford.....	117
Misurazione della concentrazione totale di proteine .....	117
Report risultati Protein Bradford.....	121
Impostazioni Misurazioni Protein Bradford.....	125
Misurazione Protein Lowry .....	127
Misurazione della concentrazione proteica totale .....	127
Misurazione degli standard e dei campioni dell'applicazione Protein Lowry .....	128
Report risultati Protein Lowry .....	130
Impostazioni per le misurazioni Protein Lowry .....	134
Misurazione Protein Pierce 660.....	137
Misurazione della concentrazione proteica totale .....	137
Misurazione degli standard e dei campioni dell'applicazione Protein Pierce 660... ..	138
Report risultati Protein Pierce 660 .....	141
Impostazioni Misurazioni Protein Pierce 660 .....	145

<b>Capitolo 6 Misurazione OD600 .....</b>	<b>147</b>
Misurazione OD600 .....	147
Misurazione dei campioni OD600 .....	149
Risultati riportati OD600 .....	151
Impostazioni per le misurazioni OD600 .....	153
Calcoli per le misurazioni OD600 .....	156
<b>Capitolo 7 Applicazioni personalizzate.....</b>	<b>157</b>
Misurazione UV-Vis.....	158
Misurazione UV-Vis .....	158
Procedure ottimali per le misurazioni UV-Vis .....	159
Risultati riportati per UV-Vis .....	160
Impostazioni per le misurazioni UV-Vis.....	163
Misurazione personalizzata .....	165
Misurazione mediante metodo personalizzato .....	165
Eliminazione del metodo personalizzato .....	168
Risultati riportati per il Metodo personalizzato.....	169
Gestione dei metodi personalizzati .....	171
<b>Capitolo 8 Misurazione Kinetics.....</b>	<b>181</b>
Misurazione Kinetics .....	181
Creazione di un Metodo Kinetics .....	185
Modifica Metodo Kinetics .....	186
Report risultati Kinetics .....	187
Impostazioni Misurazione Kinetics .....	194
<b>Capitolo 9 Centro di apprendimento.....</b>	<b>197</b>
Campionamento micro-volumetrico — Come funziona .....	198
Impostazione dello strumento .....	200
Collegamento alla corrente elettrica.....	200
Collegamento di un Accessorio.....	200
Configurazione connessioni Bluetooth .....	200
Configurazione connessione Ethernet .....	205
Configurazione connessioni wireless .....	206
Determinazione della connettività dello strumento .....	208
Specifiche operative .....	209
Misurazione di un campione microvolumetrico.....	210
Procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche.....	211
Volumi di campionamento raccomandati .....	212
Misurazione di un campione mediante Cuvette.....	215
Procedure ottimali per le misurazioni mediante cuvette .....	216
Preparazione dei campioni e dei blank.....	218
Preparazione dei campioni.....	218
Eseguire un ciclo di blanking.....	221
Operazioni di base dello strumento .....	223
schermata Home NanoDrop One.....	223
Schermate di misurazione NanoDrop One.....	226
Operazioni generali NanoDrop One.....	241
Acclaro Sample Intelligence .....	251
Attivazione rilevamento.....	251
Visualizzazione informazioni Acclaro Sample Intelligence .....	252
Analisi dei contaminanti .....	253

Supporto tecnico on-demand .....	257
Avvisi risultati non validi .....	258
Impostazioni dello strumento.....	259
Impostazioni di sistema.....	259
Impostazioni di rete.....	261
Esportazione impostazioni .....	261
Impostazioni generali .....	263
Impostazioni eliminazione dati .....	265
Software PC Control.....	268
Panoramica sulla schermata Home di PC Control .....	269
Opzioni di controllo .....	270
Stato dello strumento .....	273
Opzioni di visualizzazione della schermata di misurazione.....	274
<b>Capitolo 10 Manutenzione .....</b>	<b>275</b>
Piano di manutenzione.....	276
Manutenzione giornaliera.....	276
Manutenzione periodica.....	276
Ogni 6 mesi.....	276
Pulizia del touchscreen .....	277
Manutenzione dei piedistalli .....	277
Pulizia dei piedistalli.....	277
Ricondizionamento dei piedistalli .....	280
Decontaminazione dello strumento .....	282
Manutenzione del sistema di campionamento mediante cuvette .....	284
Diagnostica dello strumento .....	284
Controllo Intensità .....	285
Verifica delle prestazioni .....	287
Controllo immagine piedistallo .....	292
<b>Capitolo 11 Precauzioni operative e di sicurezza .....</b>	<b>293</b>
Precauzioni operative.....	294
Informazioni sulla sicurezza .....	295
Avvisi speciali e di sicurezza.....	295
Operazioni alla consegna.....	297
Sollevamento o spostamento dello strumento .....	297
Requisiti elettrici e sicurezza.....	298
Cavi di alimentazione.....	298
Sicurezza antincendio e rischio di ustioni.....	299
Sicurezza ottica.....	300
Materiali pericolosi .....	300





## Informazioni sullo spettrofotometro



**Nota** Collocare lo strumento lontano da prese d'aria e ventole di estrazione per ridurre al minimo il rischio di evaporazione.

Il Thermo Scientific™ NanoDrop™ OneC è un dispositivo compatto e autonomo Spettrofotometro UV-Visibile sviluppato per l'analisi microvolumetrica di un'ampia varietà di analiti. Il [sistema brevettato di conservazione dei campioni](#) consente di misurare campioni altamente concentrati senza la necessità di diluizioni.

Il sistema NanoDrop One è dotato di software precaricato e di un display touchscreen. Il software PC Control di NanoDrop One può essere installato su un PC locale e utilizzato per controllare lo strumento e visualizzare i dati. Lo strumento può essere collegato a una stampante opzionale con un cavo USB o a una stampante remota tramite una connessione Ethernet o una rete wireless.

**NB:** Prima di utilizzare uno strumento NanoDrop One, leggere le [precauzioni operative e di sicurezza](#), seguendone le raccomandazioni durante l'utilizzo dello strumento.

## 1 Informazioni sullo Caratteristiche

### Caratteristiche

Lo spettrofotometro NanoDrop OneC è dotato del [sistema brevettato di ritenzione dei campioni in microvolumi](#). NanoDrop OneC dispone inoltre di un supporto per cuvette per l'analisi di campioni diluiti utilizzando cuvette UV-Visibili standard.

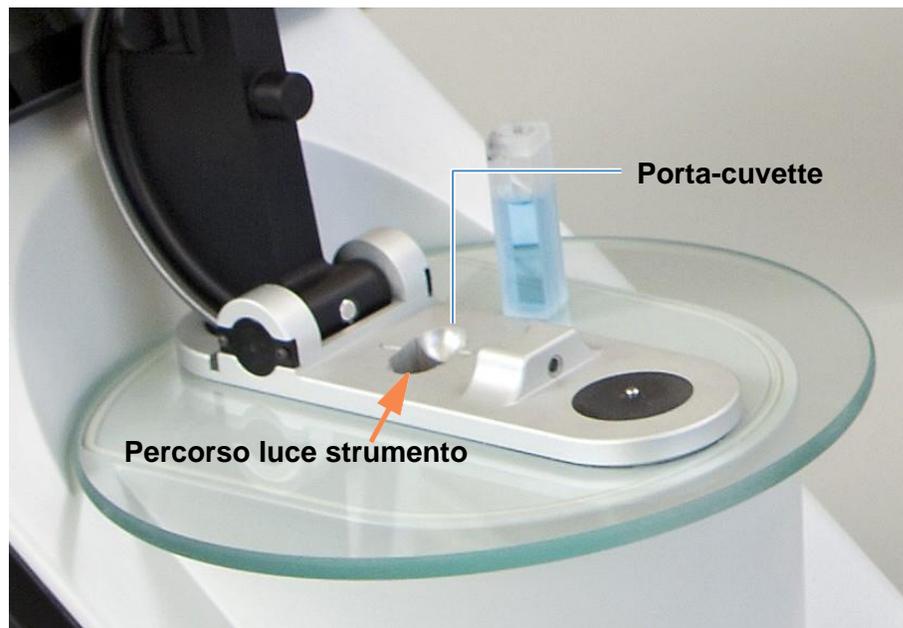
### Touchscreen



NanoDrop OneC è dotato di un touchscreen ad alta risoluzione da 7 pollici precaricato con un software di controllo intuitivo. Il touchscreen può scorrere a sinistra o a destra per adattarsi alle preferenze personali e inclinarsi in avanti o indietro per una visualizzazione ottimale

Porta-cuvette

Porta USB A



NanoDrop OneC include un supporto per cuvette per la misurazione di campioni diluiti, saggi colorimetrici, colture di cellule e studi cinetici. Il sistema a cuvette presenta le seguenti caratteristiche:

- [soglie di rilevamento](#) inferiori estese
- Opzione riscaldatore a 37 °C per campioni e analisi sensibili alla temperatura
- Microstringhe opzionali per garantire l'omogeneità del campione e supportare studi cinetici

Per i dettagli, cfr. [Misurazione di un campione mediante cuvette](#).

Sulla parte anteriore dello strumento è presente una porta USB-A, mentre sul pannello posteriore ne sono presenti altre due porte.

## Accessori

Il presente paragrafo elenca gli accessori inclusi per l'utilizzo con NanoDrop One<sup>C</sup>.

### Stampante per etichette USB DYMO™ LabelWriter™ 550

Stampa due etichette autoadesive da 5/16 pollici x 4 pollici per trasferire i dati dei campioni direttamente nei quaderni di laboratorio o per la pubblicazione su bacheche. Il software consente [di stampare i dati](#) di ciascuna misurazione del campione o di un gruppo di campioni registrati e misurati insieme.

La stampante si collega allo strumento (dal pannello anteriore o posteriore) tramite un cavo USB (incluso).

### Kit Ricondizionamento Piedistallo PR-1



Composto condizionante appositamente formulato che può essere applicato ai piedistalli per riportarli allo stato idrofobico (necessario per ottenere un'adeguata tensione superficiale per misurazioni accurate del campione). Il kit include il composto condizionante corredato da applicatori. Per ulteriori informazioni, cfr. [Ricondizionamento dei piedistalli](#).

Standard fotometrico liquido utilizzato per verificare le prestazioni dello strumento. Per ulteriori informazioni, cfr. [Verifica delle prestazioni](#).

## Limiti di rilevamento dello strumento



Punto di misurazione	Lunghezza del percorso (mm)	Limite superiore di rilevamento (Assorbanza equivalente 10 mm)
Base	1,0	12,5
	0,2	62,5
	0,1	150
	0,05	300
	0,03	550
Cuvetta	10	1,5
	5	3
	2	7,5
	1	15

(Questa pagina è intenzionalmente vuota)

# Impostazioni dello strumento

## Registrazione dello strumento

Registrare lo strumento per ricevere aggiornamenti via e-mail su software e accessori per NanoDrop One. Per la registrazione è necessaria una connessione a Internet.

### Registrazione dello strumento

1. Effettuare una delle seguenti operazioni:
  - Da qualsiasi PC connesso a Internet, utilizzare qualsiasi browser Web per accedere al [sito](#) del produttore

Sul sito web, individuare il pulsante Registrazione di NanoDrop One e seguire le istruzioni per registrare lo strumento.

## Aggiornamento software

Scaricare e installare rapidamente e facilmente l'ultimo software NanoDrop One e le note di rilascio dal sito web del produttore. Seguire i passaggi per aggiornare il software sullo strumento locale e/o installare o aggiornare il software NanoDrop One su un personal computer (PC). Per scaricare il software è necessaria una connessione a Internet.

### Installare o aggiornare il software NanoDrop One su un PC

1. Inserire l'unità flash USB contenente il software di installazione in una porta USB disponibile sul PC, oppure aprire la cartella di installazione scaricata da Internet.
2. Avviare **Start.exe** e cliccare su **Installa**. Verrà eseguito il programma di installazione del software.

### Per installare o aggiornare il software NanoDrop One sullo strumento

1. Copiare il file .zip con il nuovo software dal computer a un dispositivo di archiviazione USB.  
**Non tentare di decomprimere la cartella.**
2. Inserire il dispositivo USB in una qualsiasi porta USB sullo strumento NanoDrop One.
3. Dalla schermata Home dello strumento, toccare **Impostazioni > Sistema > Aggiorna software** e scegliere la versione più recente dello stesso.

## 2 Impostazioni dello strumento

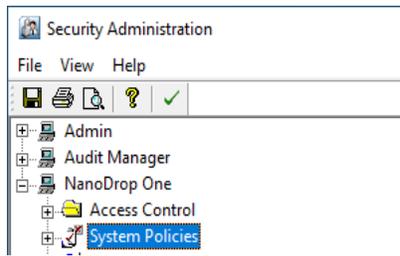
Impostazione del controllo account utente (facoltativo)

### Impostazione del controllo account utente (facoltativo)

Il controllo dell'account utente viene gestito tramite l'applicazione Security Administration. Il software Gestione Sicurezza di Thermo Scientific per NanoDrop One può essere acquistato per strumenti utilizzati in laboratori che richiedono un'omologazione 21 CFR Parte 11. All'avvio del software Gestione Sicurezza, sarà necessario inserire le credenziali di accesso di Windows.

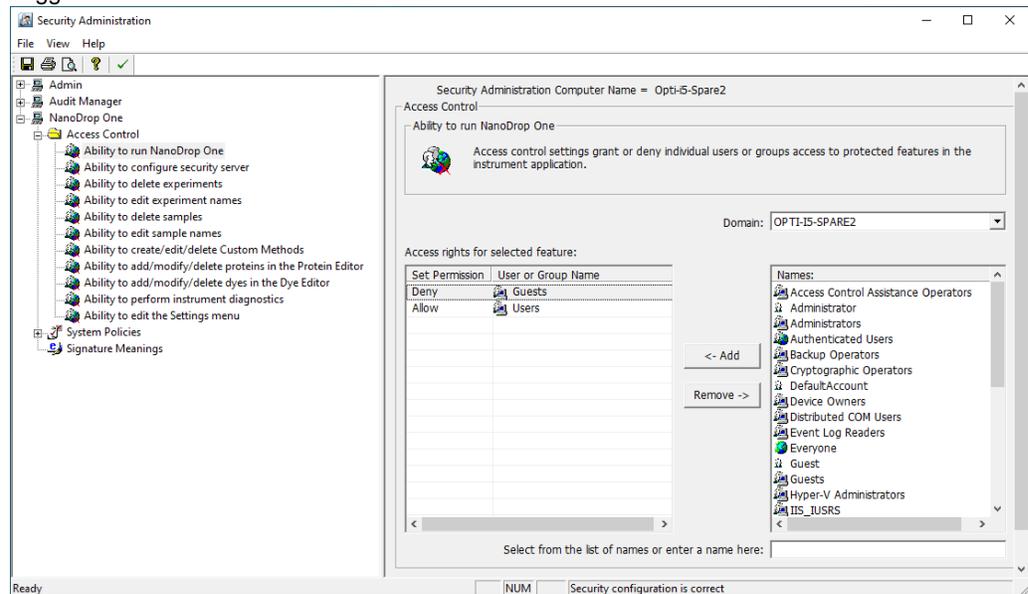
#### Controllo account utente

Avviare l'applicazione Gestione sicurezza e selezionare NanoDrop One dalla directory a sinistra per visualizzare **Controllo degli accessi** e **Criteri di Sistema**.



#### Controllo degli accessi

Controllo degli accessi viene utilizzato per concedere o negare a singoli utenti o gruppi l'accesso a funzionalità protette nell'applicazione dello strumento. Aggiungere e rimuovere utenti e gruppi all'elenco di accesso e impostare i diritti di accesso utilizzando l'elenco a discesa per ciascun soggetto.



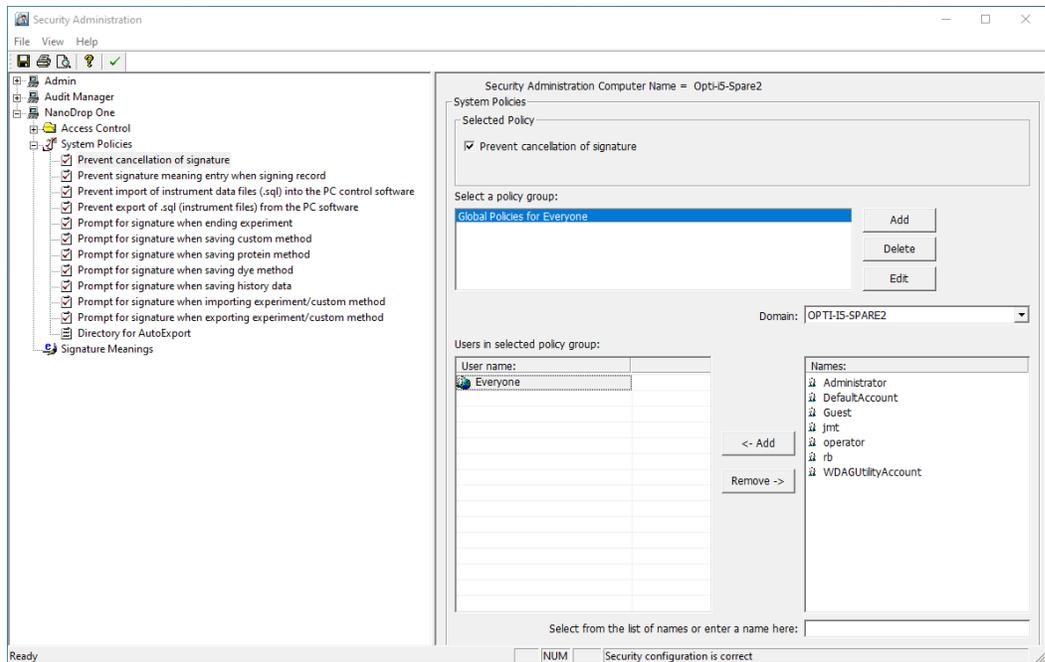
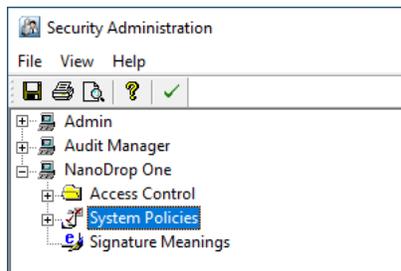
## Criteri di sistema

Criteri di sistema viene utilizzato per impostare le opzioni che definiscono il comportamento dell'applicazione client. Consultare [“Criteri di Gestione della sicurezza.”](#)

## Criteri di Gestione della Sicurezza

I criteri di sistema consentono di assegnare privilegi di creazione, eliminazione e modifica di dati e metodi per utenti e gruppi.

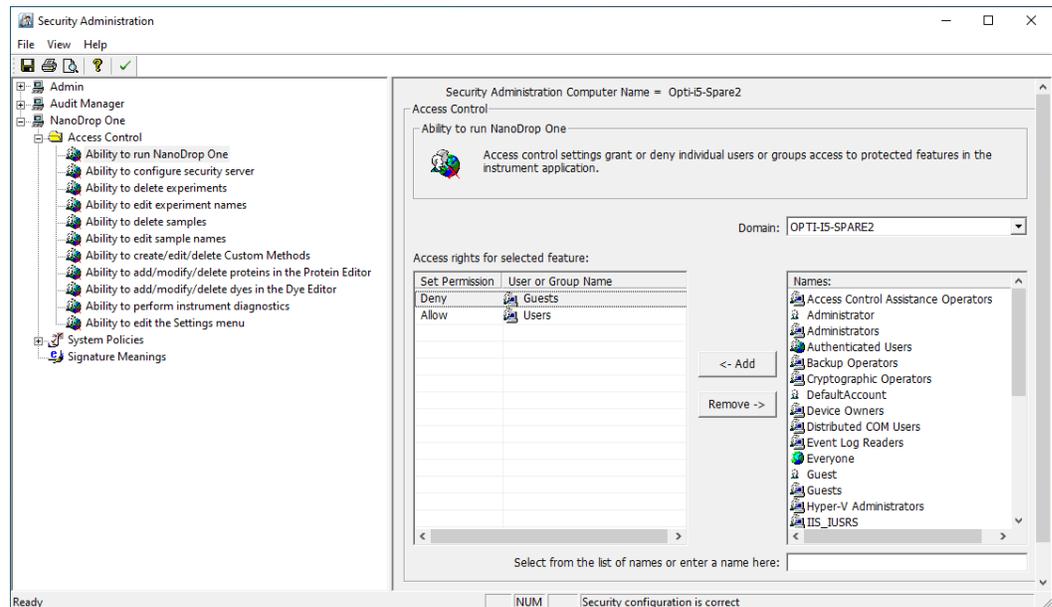
Avviare l'applicazione Gestione Sicurezza e **selezionare NanoDropOne- > Criteri di sistema**



## 2 Impostazioni dello strumento

### Impostazione del controllo account utente (facoltativo)

È possibile aggiungere, eliminare o modificare i gruppi di criteri e attivare o disattivare l'autorizzazione degli utenti del gruppo per l'eliminazione dei dati. Selezionare **NanoDropOne** -> **Controllo degli accessi**.



Al termine, selezionare **Salva**. Le modifiche avranno effetto al successivo avvio di NanoDrop One.

## Supporto tecnico

Per il supporto tecnico negli Stati Uniti/Canada, contattare: 12

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

Telefono: 302 479 7707  
Numero verde: 1 877 724 7690 (solo Stati Uniti e Canada)  
Fax: 302 792 7155  
E-mail: [nanodrop@thermofisher.com](mailto:nanodrop@thermofisher.com) Sito web:  
[www.thermofisher.com/nanodrop](http://www.thermofisher.com/nanodrop)

Per supporto internazionale, contattare:

Contattare il proprio distributore locale. Per le informazioni di contatto, consultare:

<http://www.thermofisher.com/NanoDropDistributors>

In caso di problemi con il sistema, fare riferimento alle informazioni relative alla risoluzione dei problemi. Se il problema persiste, contattare il produttore. Gli utenti situati fuori dal territorio di Stati Uniti e Canada devono contattare il proprio distributore locale.

Ove lo strumento richiedesse manutenzione o riparazione, contattare direttamente il produttore o il proprio distributore locale.

(Questa pagina è intenzionalmente vuota)

## Intervalli di misurazione dell'applicazione

Limiti di rilevamento per tutte le applicazioni



Nota I limiti di rilevamento forniti nelle tabelle seguenti sono approssimativi e si applicano solo alle misurazioni micro-volumetriche; si basano su un intervallo di assorbanza fotometrica dello strumento (equivalente a 10 mm) di 0–550 A. Per le misurazioni con cuvette con lunghezza del percorso di 10 mm, l'intervallo di assorbanza fotometrica è di 0–1,5 A.

Limiti di rilevamento per applicazioni standard

Tipo di	Limite inferiore di rilevamento	Limite superiore di rilevamento	Riproducibilità tipica
dsDNA	2,0 ng/μL (piedistallo)	27.500 ng/μl (piedistallo)	± 2,0 ng/μL per concentrazioni di campionamento tra campioni da 2,0 e 100 ng/μL; ±2% per campioni >100 ng/μl
	0,20 ng/μl (cuvetta)	75 ng/μl (cuvetta)	
ssDNA	1,3 ng/μL (piedistallo)	18.150 ng/μl (piedistallo)	± 2,0 ng/μL per concentrazioni di campionamento tra campioni da 2,0 e 100 ng/μL; ±2% per campioni >100 ng/μl
	0,13 ng/μl (cuvetta)	49,5 ng/μl (cuvetta)	

### 3 Intervalli di misurazione dell'applicazione

Limiti di rilevamento per tutte le applicazioni

Tipo di	Limite inferiore di rilevamento	Limite superiore di rilevamento	Riproducibilità tipica
RNA	1,6 ng/μL (piedistallo) 0,16 ng/μL (cuvetta)	22.000 ng/μl (piedistallo) 60 ng/μl (cuvetta)	± 2,0 ng/μL per concentrazioni di campionamento tra campioni da 2,0 e 100 ng/μL; ±2% per campioni >100 ng/μl
Microarray DNA (ssDNA)	1,3 ng/μl (piedistallo) 0,13 ng/μl (cuvetta)	495 ng/μl (piedistallo) 49,5 ng/μl (cuvetta)	± 2,0 ng/μL per concentrazioni di campionamento tra campioni da 2,0 e 100 ng/μL; ±2% per campioni >100 ng/μl
BSA purificato per Protein A280	0,06 mg/mL (piedistallo) 0,006 mg/mL (cuvetta)	825 mg/mL (piedistallo)	± 0,10 mg/mL (per campioni da 0,10 a 10 mg/mL); ± 2% per campioni > 10 mg/mL
IgG per Protein A280	0,03 mg/mL (piedistallo) 0,003 mg/mL (cuvetta)	402 mg/mL (piedistallo)	
BSA purificato per proteine ed etichette	0,06 mg/mL (piedistallo) 0,006 mg/mL (cuvetta)	19 mg/mL (piedistallo)	± 0,10 mg/mL per campioni da 0,10 a 10 mg/mL
Protein BCA	0,2 mg/mL (20:1 reagente/volume del campione)  0,01 mg/mL (1:1 reagente/volume del campione)	8,0 mg/mL (piedistallo) 0,20 mg/ml (cuvetta)	2% sull'intero intervallo  0,01 mg/mL sull'intero intervallo
Protein Lowry		0,2 mg/mL (piedistallo) 4,0 mg/mL (piedistallo)	2% sull'intero intervallo
Protein Bradford	100 μg/mL (50:1 reagente/volume del campione)  15 mg/mL (1:1 reagente/volume del campione)	8000 μg/mL  100 μg/μL	±25 μg/mL per campioni da 100–500 μg/mL ± 5% per campioni da 500–8000 μg/mL  ±4 μg/mL per campioni da 15–50 μg/mL ± 5% per campioni da 50-125 μg/mL
Protein Pierce 660	50 μg/mL (15:1 reagente/volume del campione)  25 μg/mL (7,5:1 reagente/volume del campione)	2000 μg/mL  1000 μg/mL	±3 μg/mL per campioni da 50–125 μg/mL ±2% per campioni > 125 μg/mL  ±3 μg/mL per campioni da 25–125 μg/mL ±2% per campioni > 125 μg/mL

<sup>a</sup> Basato su cinque replicati (SD = ng/μL; CV =%)

Nota Per ridurre al minimo l'errore dello strumento con campioni altamente concentrati, effettuare diluizioni per garantire che le misurazioni vengano eseguite entro questi limiti di assorbanza:

- Per le misurazioni micro-volumetriche, l'assorbanza massima a 260 nm (per acidi nucleici) o 280 nm (per proteine) dovrebbe essere inferiore a 62,5 A.
- Per le misurazioni con cuvette con lunghezza del percorso di 10 mm, l'assorbanza massima a 260 nm (o 280 nm per le proteine) deve essere inferiore a 1,5 A, ovvero circa 75 ng/μL di dsDNA.

### Limiti di rilevazione per colorazioni predefinite

Tipo di campione	Limite inferiore di rilevamento	Rilevamento superiore	Limite <sup>di</sup> Riproducibilità tipica
Cy3, Cy3,5, Alexa Fluor 555, Alexa Fluor 660	0,2 pmol/μl (pedistallo)	100 pmol/μl (pedistallo)	±0,20 pmol/μl per campione concentrazioni comprese tra 0,20 e 4,0 pmol/μl; ±2% per campioni >4,0 pmol/μL
Cy5, Cy5,5, Alexa Fluor 647	0,12 pmol/μl (pedistallo)	60 pmol/μl (pedistallo)	±0,12 pmol/μl per campione concentrazioni comprese tra 0,12 e 2,4 pmol/μl; ±2% per campioni >2,4 pmol/μL
Fluoro Alexa 488, Alexa Fluoro 594	0,4 pmol/μl; (pedistallo)	215 pmol/μl (pedistallo)	±0,40 pmol/μl per campione concentrazioni tra 0,40 e 8,0 pmol/μl; ±2% per campioni >8,0 pmol/μL
Fluoro Alexa 546	0,3 pmol/μl (pedistallo)	145 pmol/μL (pedistallo)	±0,30 pmol/μl per campione concentrazioni comprese tra 0,30 e 6,0 pmol/μl; ±2% per campioni >6,0 pmol/μL

<sup>a</sup> I valori sono approssimativi

<sup>a</sup> Basato su cinque replicati (SD = ng/μL; CV =%)

(Questa pagina è intenzionalmente vuota)

## Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA

Misurare la concentrazione di campioni purificati di dsDNA, ssDNA o RNA che assorbono a 260 nm.

[Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti rilevamento](#)

[Calcoli](#)



### Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA

Utilizzare le applicazioni dsDNA, ssDNA e RNA per quantificare campioni di DNA o RNA purificati a doppio filamento (ds) o a singolo filamento (ss). Queste applicazioni riportano la concentrazione di acido nucleico e due rapporti di assorbanza ( $A_{260}/A_{280}$  e  $A_{260}/A_{230}$ ). È inoltre possibile utilizzare una correzione del valore basale a punto singolo.

### Per misurare campioni di dsDNA, ssDNA o RNA

#### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare l'acido nucleico

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Acidi nucleici** e selezionare **dsDNA, ssDNA o RNA**, a seconda dei campioni da misurare.
2. Specificare una [correzione del valore basale](#), se necessario.
3. Pipettare 1–2 µL di soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

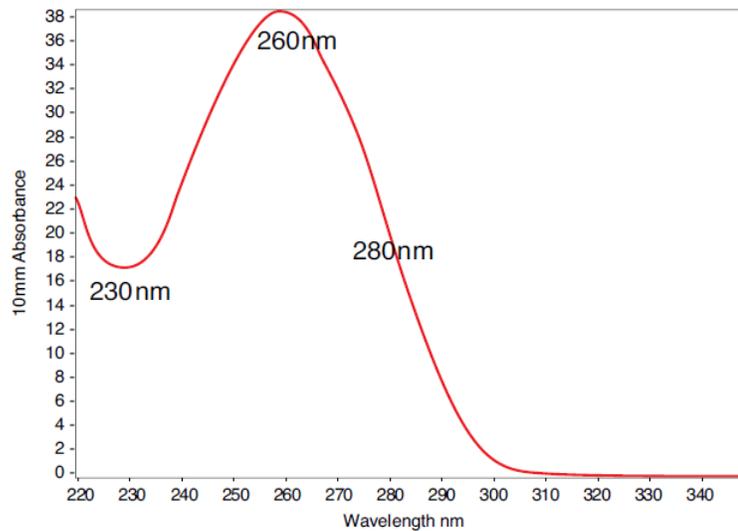
4. Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

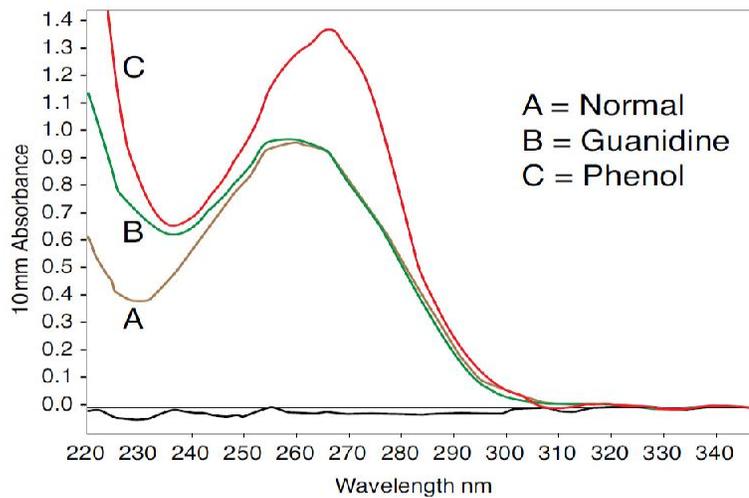
5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
6. Pipettare 1-2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.
7. Iniziare la misurazione del campione:
  - Piedistallo: Se [Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare Misura.
  - Cuvette: toccare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.



Spettro tipico dell'acido nucleico



Confronto di spettri di acido nucleico con e senza due contaminanti comuni

### Procedure ottimali per le misurazioni dell'acido nucleico

- Isolare e purificare i campioni di acido nucleico prima della misurazione per rimuovere le impurità. A seconda del campione, le impurità potrebbero includere DNA, RNA, nucleotidi liberi, proteine, alcuni componenti tampone e coloranti. Per ulteriori informazioni, consultare [Preparazione dei campioni](#).

Nota Reagenti di estrazione come guanidina, fenolo ed EDTA contribuiscono all'assorbanza tra 230 nm e 280 nm e influenzano i risultati della misurazione, qualora fossero presenti nei campioni (anche in quantità residue).

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA

- Assicurarsi che l'assorbanza del campione rientri nei [limiti di rilevamento dell'assorbanza](#) dello strumento.
- Blank con la stessa soluzione tampone utilizzata per risospendere l'analita di interesse. La soluzione di blanking deve avere un pH e una forza ionica simili a quelli della soluzione dell'analita.
- Eseguire un [ciclo di blanking](#) per valutare il contributo di assorbanza della soluzione tampone. Se il tampone presenta una forte assorbanza della o vicino alla lunghezza d'onda dell'analisi (in genere 260 nm), potrebbe essere necessario scegliere un tampone o un'applicazione diversi. Consultare [Scelta e misurazione di un blank](#) per ulteriori informazioni.
- Per misurazioni micro-volumetriche:
  - Assicurarsi che le superfici dei piedistalli siano adeguatamente [pulite](#) e [condizionate](#).
  - Se possibile, riscaldare campioni ad alta concentrazione o a grandi molecole, come DNA genomico o lambda, a 63 °C (145 °F) e centrifugare delicatamente (ma accuratamente) prima di effettuare una misurazione. Evitare di introdurre bolle durante la miscelazione e il pipettaggio.
  - Seguire le [procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#).
  - Utilizzare un volume di campionamento di 1-2 µL. Consultare [Volumi di campionamento consigliati](#) per ulteriori informazioni.
- Per le misurazioni in cuvetta (solo strumenti NanoDrop OneC), utilizzare cuvette compatibili e seguire le [procedure migliori per le misurazioni in cuvetta](#).

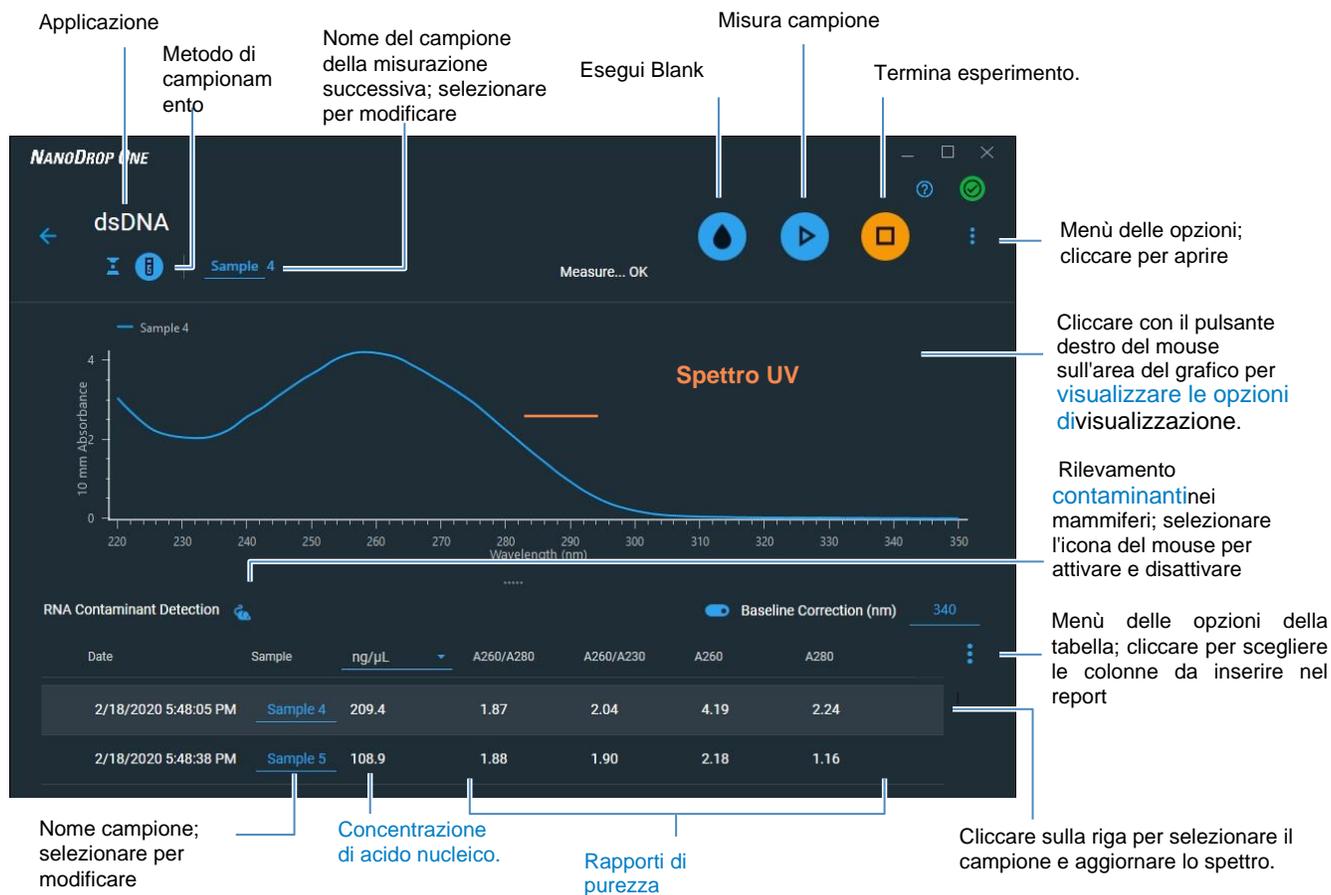
### Argomenti correlati

- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#)
- [Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Risultati riportati dell'acido nucleico

### Schermata di misurazione dsDNA

Per ogni campione misurato, le applicazioni dsDNA, ssDNA e RNA mostrano lo spettro di assorbanza UV e un riepilogo dei risultati. Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:



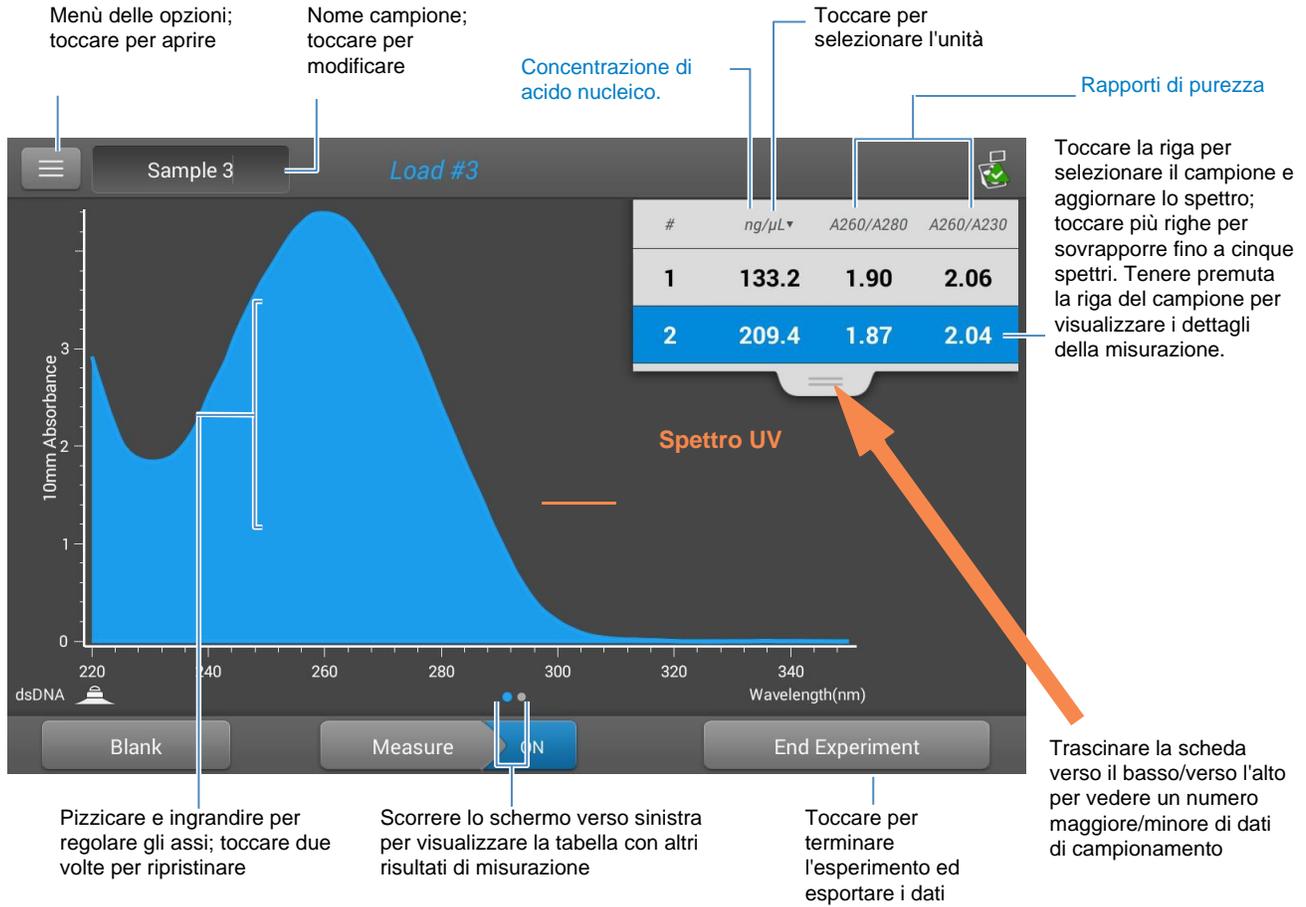
### Schermata di misurazione del software PC Control

**Nota** Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

#### 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA

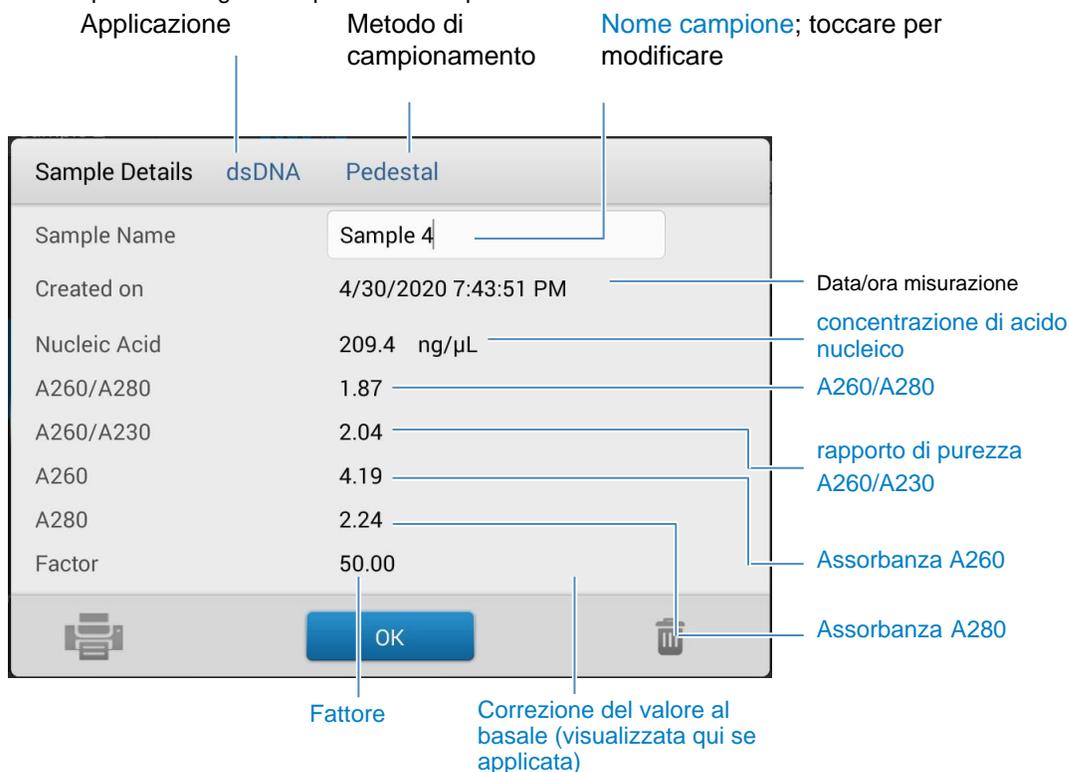
Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione dello strumento Local control:



**Schermata** di misurazione dello strumento Local control di NanoDrop One

### Valori riportati di dsDNA, ssDNA e RNA

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:



- dettagli del campionamento (metodo di applicazione e campionamento utilizzato, ovvero piedistallo o cuvetta)
- nome del campione
- creato il (data di esecuzione della misurazione del campione)
- concentrazione di acido nucleico.
- A260/A280
- A260/A230
- A260
- A280
- fattore
- Correzione del valore al basale

#### 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione dsDNA, ssDNA o RNA

### Impostazioni per le misurazioni dell'acido nucleico

Per mostrare le impostazioni di dsDNA, ssDNA o RNA, dalla schermata di misurazione di dsDNA, ssDNA o RNA, toccare >  **Impostazioni acido nucleico.**

Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Correzione del valore al basale attivata o disattivata	Inserire la lunghezza d'onda della correzione del valore al basale in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	<b>Correzione del valore al basale facoltativa definita dall'utente.</b> Si può utilizzare per correggere eventuali scostamenti causati da particelle di dispersione della luce sottraendo l'assorbanza misurata alla lunghezza d'onda di correzione del valore al basale specificata dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro di campionamento. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basale specificata.

### Calcoli per le misurazioni dell'acido nucleico

Le applicazioni di acido nucleico usano una modifica dell'equazione di Beer-Lambert (illustrata a destra) per calcolare la concentrazione del campione, in cui il coefficiente di estinzione e la lunghezza del percorso sono combinati e indicati come un "fattore".

#### Coefficienti di estinzione vs fattori

Usando i termini nell'equazione di Beer-Lambert, il fattore (f) è definito come:

$$\text{fattore (f)} = 1/(\epsilon * b)$$

dove:

= coefficiente di estinzione molare dipendente dalla lunghezza d'onda in ng-cm/ $\mu$ L

b = **lunghezza del percorso del campione** in cm

Di conseguenza, la concentrazione dell'analita (c) viene calcolata come:

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

o

$$c = A * f$$

dove:

c = concentrazione dell'analita in ng/ $\mu$ L

A = assorbanza in unità di assorbanza (A)

f = fattore in ng-cm/ $\mu$ L (vedasi di seguito)

Per le applicazioni dsDNA, ssDNA e RNA, i fattori generalmente accettati per gli acidi nucleici sono usati in combinazione con la Legge di Beer per calcolare la concentrazione del campione. Per l'applicazione Fattore personalizzato, viene utilizzato il fattore specificato dall'utente.

Le concentrazioni di acido nucleico calcolate si basano sul valore di assorbanza a 260 nm, sul fattore utilizzato e sulla lunghezza del percorso del campione. È inoltre possibile applicare una correzione del valore al basale a punto singolo (o correzione dell'analisi).

La concentrazione è riportata in unità di massa. Su Internet sono disponibili i calcolatori per convertire la concentrazione da unità di massa a unità molari in base alla sequenza di campionamento.

Valori di assorbanza a 260 nm, 280 nm e talvolta 230 nm vengono utilizzati per calcolare i rapporti di purezza per i campioni di acido nucleico misurati. I rapporti di purezza sono sensibili alla presenza di contaminanti nel campione, come solventi residui e reagenti tipicamente utilizzati durante la purificazione del campione.

#### Fattori utilizzati

- **dsDNA** (fattore = 50 ng-cm/ $\mu$ L)
- **ssDNA** (fattore = 33 ng-cm/ $\mu$ L)
- **RNA** (fattore = 40 ng-cm/ $\mu$ L)
- **Fattore personalizzato** (fattore inserito dall'utente compreso tra 15 ng-cm/ $\mu$ L e 150 ng-cm/ $\mu$ L)

#### Valori misurati

**Nota:** Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.

#### Assorbanza A260

- I valori di assorbanza dell'acido nucleico sono misurati a 260 nm usando lo spettro normalizzato. Questo è il valore A260 riportato se la Correzione del valore al basale non è selezionata.
- Se si seleziona [Correzione del valore al basale](#), il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione viene sottratto dall'assorbanza a 260 nm. L'assorbanza corretta a 260 nm viene riportata e utilizzata per calcolare la concentrazione di acido nucleico.

#### Assorbanza A230 e A280

- I valori di assorbanza normalizzati e corretti al basale (se selezionati) a 230 nm e 280 nm vengono utilizzati per calcolare i rapporti A260/A230 e A260/A280.

#### Lunghezza del percorso del campione

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

### Valori riportati

- **Concentrazione di acido nucleico.** Riportato nell'unità selezionata (ovvero, ng/μl, μg/μl o μg/mL). I calcoli si basano sull'equazione della Legge di Beer modificata utilizzando il valore di assorbanza dell'acido nucleico corretto.
- Rapporto di **purezza A260/A280**. Rapporto tra assorbanza corretta a 260 nm e assorbanza corretta a 280 nm. Un rapporto di purezza A260/A280 di ~ 1,8 è generalmente accettato come "puro" per il DNA (~ 2,0 per RNA). Le soluzioni acide possono sotto-rappresentare il valore riportato di 0,2-0,3; è vero il contrario per le soluzioni basiche.
- Rapporto di **purezza A260/A230**. Rapporto tra assorbanza corretta a 260 nm e assorbanza corretta a 230 nm. Un rapporto di purezza A260/A230 tra 1,8 e 2,2 è generalmente accettato come "puro" per DNA e RNA.

**NB:** Sebbene i rapporti di purezza siano indicatori importanti della qualità del campione, il migliore indicatore di qualità è la funzionalità nell'applicazione di interesse a valle (ad es. PCR in tempo reale).

- **Fattore** Utilizzato in combinazione con la legge di Beer per calcolare la concentrazione del campione
- **Contaminante** - Se un contaminante è stato identificato dal software Acclaro, il contaminante verrà visualizzato in questa colonna.
- **Assorbanza A260**
- **Assorbanza A280**
- **Correzione del valore al basale**

## Misura microarray

Misura la concentrazione di acidi nucleici purificati contrassegnati con un massimo di due coloranti fluorescenti per l'utilizzo in applicazioni di microarray a valle.

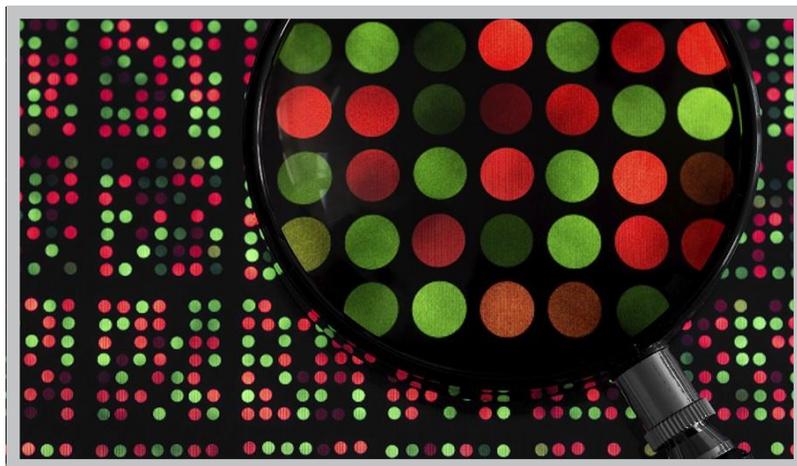
[Misurazione dei campioni microarray](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti rilevamento](#)

[Calcoli](#)



## Misura campioni microarray

Utilizzare l'applicazione Microarray per quantificare gli acidi nucleici contrassegnati con un massimo di due coloranti fluorescenti. L'applicazione riporta la concentrazione di acido nucleico, un rapporto A260/A280 oltre alle concentrazioni e ai valori di assorbanza misurati del/i colorante/i, consentendo il rilevamento di concentrazioni di colorante a partire da 0,2 picomoli per microlitro.

## Misurazione dei campioni microarray

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

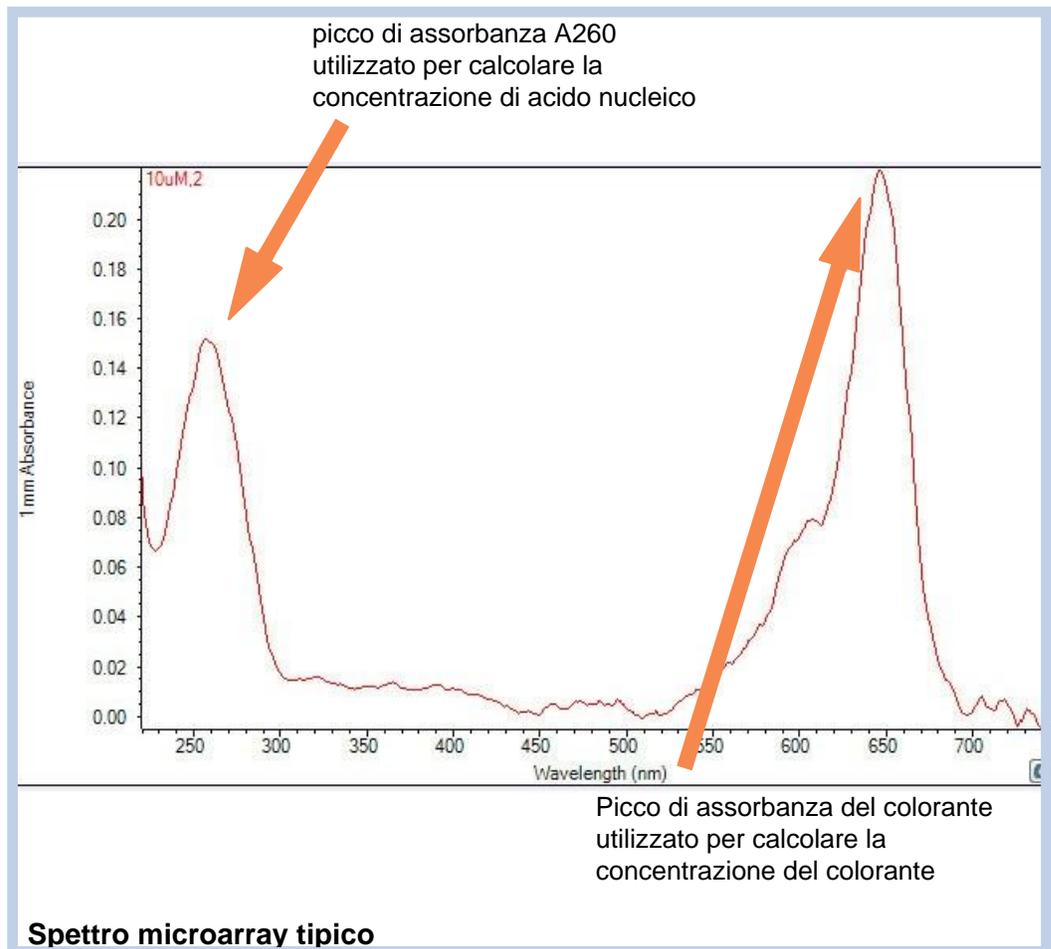
Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray

#### Misurazione di un campione di microarray

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Acidi nucleici** e selezionare **Microarray**.
2. Specificare il [tipo e il fattore del campione](#) e il [tipo o i tipi di coloranti](#) utilizzati.  
**Suggerimento:** selezionare un colorante dall'elenco predefinito o aggiungere un colorante personalizzato utilizzando l' [Editor Colorante/Cromoforo](#).
3. Pipettare 1–2 µL di soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.  
**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.
4. Selezionare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.  
Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).
5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
6. Pipettare 1-2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.
7. Iniziare la misurazione del campione:
  - Piedistallo: Se [Auto-Measure è attivata](#), abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare Misura.
  - Cuvette: selezionare **Misura**.Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).
8. Al termine della misurazione dei campioni, selezionare **Termina esperimento**.
9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.



#### Argomenti correlati

- [Procedure ottimali per le misurazioni dell'acido nucleico](#)
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#)
- [Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

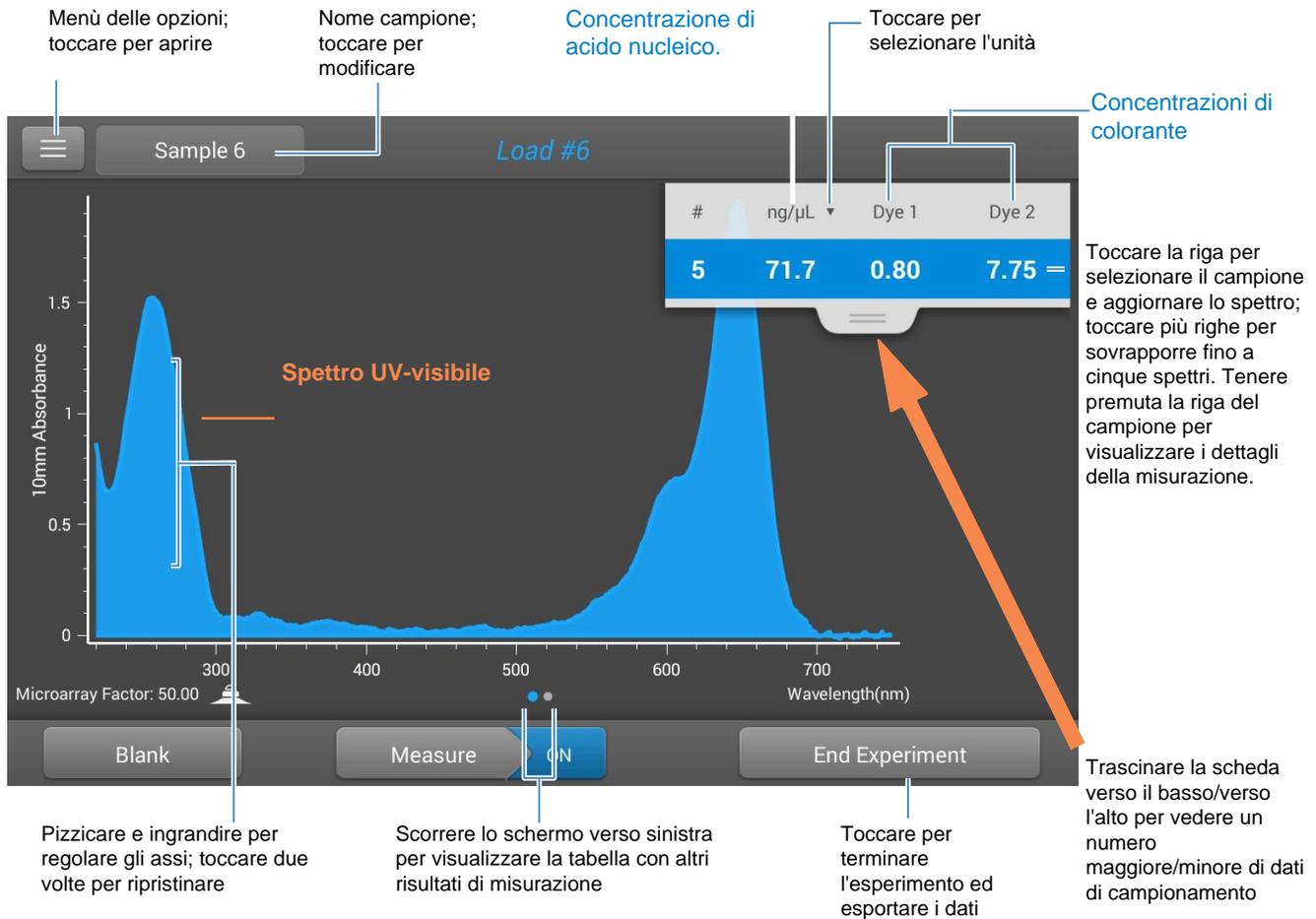
## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray

## Report risultati Microarray

### Schermata di misurazione Microarray (Local control)

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:



#### Nota

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 850 nm (il valore di assorbanza a 850 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Valori riportati dei microarray

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

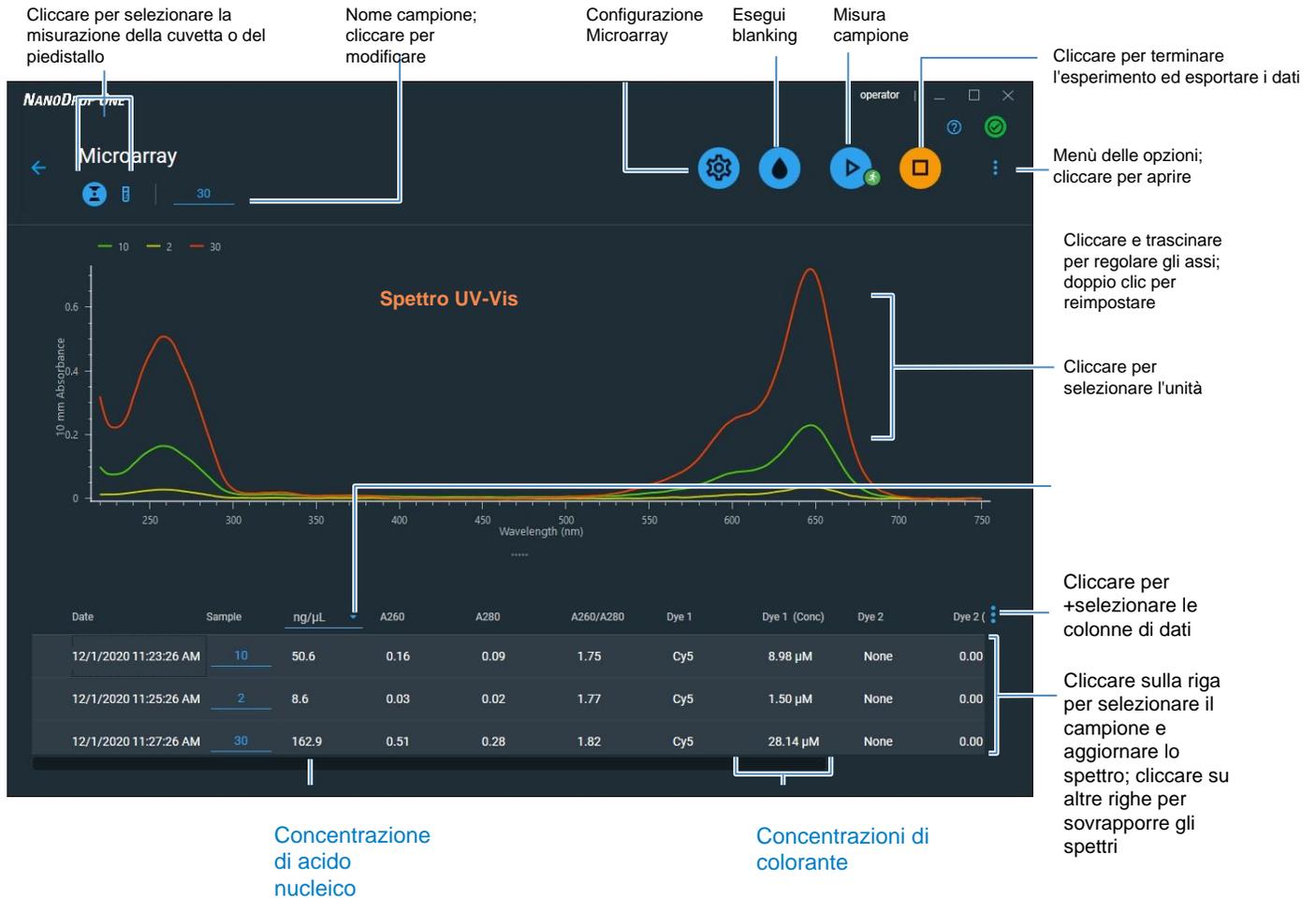
- dettagli del campione (applicazione utilizzata e piedistallo o cuvetta)
- [nome del campione](#)
- creato il (data di esecuzione della misurazione del campione)
- [concentrazione di acido nucleico](#).
- [A260](#)
- [A260/A280](#)
- [concentrazione colorante 1/colorante 2](#)
- [Tipo di campione](#)
- [correzione dell'analisi](#)
- [fattore](#)

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray

#### Schermata di misurazione Microarray (PC Control)

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:



#### Nota

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 850 nm (il valore di assorbanza a 850 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Impostazioni per le misurazioni di microarray

### Impostazioni Microarray

La schermata Impostazioni Microarray viene visualizzata dopo aver selezionato l'applicazione Microarray dalla scheda Acidi nucleici nella schermata Home. Per visualizzare le impostazioni Microarray dall'apposita schermata di misurazione, toccare  > **Impostazioni Microarray**.

Impostazioni	Opzioni disponibili	Descrizione
Tipo di campione e Fattore	dsDNA (con fattore non modificabile di 50 ng-cm/μl)	Valore ampiamente accettato per il doppio filamento DNA
	ssDNA (con fattore non modificabile di 33 ng-cm/μl)	Valore ampiamente accettato per il DNA a singolo filamento
	RNA (con fattore non modificabile di 40 ng-cm/μl)	Valore ampiamente accettato per RNA
	Oligo DNA con valore non modificabile fattore calcolato in	Fattore calcolato a partire dalla base del DNA definita dall'utente sequenza ng-cm/μl. Se selezionate, le unità di base del DNA disponibili (cioè G, A, T, C) appaiono sotto forma di chiavi. Definire la sequenza toccando i tasti appropriati. Fattore viene calcolato automaticamente in base al valore ampiamente accettato per ciascuna unità di base.
	Oligo RNA con valore non modificabile fattore calcolato in	Fattore calcolato a partire dalla base del RNA definita dall'utente sequenza ng-cm/μl. Se selezionate, le unità di base del RNA disponibili (cioè G, A, T, C) appaiono sotto forma di chiavi. Definire la sequenza toccando i tasti appropriati. Fattore viene calcolato automaticamente in base al valore ampiamente accettato per ciascuna unità di base.
	Personalizzato (con fattore specificato dall'utente in 40 ng-cm/μl)	Inserire <b>un fattore</b> compreso tra 15 ng-cm/μl e 150 ng-cm/μl
Colorante 1/Colorante 2 Typo <sup>a</sup>	Cy3, 5, 3.5 o 5.5, Fluoro Alexa 488, 546, 555, 594, 647, o 660	Selezionare il/i colorante/i predefinito/i utilizzato/i per marcare il campione materiale, o uno precedentemente aggiunto utilizzando l'Editor Colorante/Cromoforo.

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray

Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Colorante 1/Colorante 2	picomoli/microlitro (pmol/uL), micromoli (uM) o millimoli (mM)	Selezionare l'unità per la relazione sulle concentrazioni di colorante
Correzione dell'analisi <sup>b</sup>	On o Off  Inserire la lunghezza d'onda della correzione dell'analisi in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	Corregge la misurazione dell'assorbanza del campione per qualsiasi discrepanza causata da particelle di dispersione della luce sottraendo il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione dell'analisi specificata dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda dell'analisi eseguita. Il valore corretto viene utilizzato per calcolare la concentrazione del campione.  <b>Suggerimento:</b> se il campione presenta una modifica che assorbe la luce a 340 nm, selezionare una lunghezza d'onda di correzione diversa o disattivare la funzione Correzione analisi.

<sup>a</sup> Per aggiungere un colorante personalizzato o modificare l'elenco dei coloranti disponibili, utilizzare l'Editor Colorante/Cromoforo.

<sup>b</sup> La correzione dell'analisi influisce sul calcolo solo per la concentrazione di acido nucleico.

### Editor Colorante/Cromoforo

Utilizzare l'Editor Colorante/Cromoforo per aggiungere un colorante personalizzato all'elenco dei coloranti disponibili in [Impostazioni Microarray](#) o [Impostazioni Proteine ed Etichette](#). È inoltre possibile specificare quali coloranti sono disponibili in tale elenco.

Per accedere all'Editor Colorante/Cromoforo:

- dalla schermata Home, selezionare Impostazioni  > **Editor Colorante**
- dalla schermata di misurazione di Microarray o Proteine ed Etichette,  toccare >  **Impostazioni > Editor Colorante**

**Editor Colorante**

Colorante bloccato (predefinito; non può essere modificato o eliminato)

Toccare per aggiungere un colorante personalizzato

Toccare per modificare il colorante personalizzato selezionato

Tocca per eliminare il colorante personalizzato selezionato

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

Colorante personalizzato (definito dall'utente; può essere modificato o eliminato)

Coloranti selezionati (appariranno negli elenchi Colorante1 e Colorante2 in Impostazioni Microarray o Impostazioni Proteine ed Etichette)

Tocca per chiudere Editor Colorante

Queste operazioni sono disponibili dall'Editor Colorante/Cromoforo:

#### Aggiungere o rimuovere un colorante

Per aggiungere o rimuovere un colorante dall'elenco a discesa Colorante1 o Colorante2 in [Impostazioni Microarray](#) o [Impostazioni Proteine ed Etichette](#):

- selezionare o deselezionare la corrispondente casella a spunta

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

#### Aggiungere colorante personalizzato

- toccare  per visualizzare la casella Nuovo colorante
- inserire un **nome** univoco per il nuovo colorante (toccare il campo per visualizzare la tastiera, toccare il tasto **Fatto** per chiudere la tastiera)

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray

- selezionare l'**unità** predefinita che verrà utilizzata per visualizzare la concentrazione di colorante
- inserire il **coefficiente di estinzione** del colorante (o costante di assorbimento molare) in L/mole-cm (tipicamente fornito dal produttore del colorante)
- specificare la **lunghezza d'onda** in nm (tra 350 nm e 840 nm) che verrà utilizzata per misurare l'assorbanza del colorante
- specificare i valori di correzione del colorante a 260 nm e 280 nm
- toccare **Aggiungi colorante**

**Nota** Per determinare i valori di correzione del colorante (se non disponibili presso il produttore del colorante):

- utilizzare lo strumento per misurare il colorante puro e l'assorbanza a 260 nm, 280 nm, nonché alla lunghezza d'onda di analisi per il colorante (cfr. sopra)
- calcolare il rapporto della lunghezza d'onda  $A_{260}/A$  e inserire tale valore per la Correzione a 260 nm
- calcola il rapporto della lunghezza d'onda del colorante  $_{280}/A$  e inserire tale valore per la Correzione a 280 nm

Selezionando un colorante personalizzato prima di una misurazione, vengono riportati i valori di assorbanza e concentrazione del colorante e le correzioni vengono applicate ai valori di assorbanza del campione misurati, nonché alle concentrazioni di campione e ai rapporti di purezza risultanti.

#### Modificare colorante personalizzato

Suggerimento I coloranti predefiniti nel software non possono essere modificati.

- toccare per selezionare il colorante personalizzato
- toccare 
- per modificare eventuali voci o impostazioni
- toccare **Salva colorante**

#### Eliminare colorante personalizzato

Suggerimento I coloranti predefiniti nel software non possono essere modificati.

- toccare per selezionare il colorante personalizzato
- toccare 

**AVVISO** L'eliminazione di un colorante personalizzato rimuove dal software in modo permanente il colorante e tutte le informazioni associate.

## Calcoli per le misurazioni dei microarray

Come per le altre applicazioni di acido nucleico l'applicazione Microarray utilizza una [modifica dell'equazione di Beer-Lambert per calcolare la concentrazione del campione, in cui il coefficiente di estinzione e la lunghezza del percorso sono combinati e indicati come un "fattore"](#). L'applicazione Microarray dispone di sei opzioni (riportate a destra) per selezionare un fattore appropriato per ciascun campione misurato, da utilizzare in combinazione con la legge di Beer per calcolarne la concentrazione.

Se il fattore è noto, selezionare l'opzione **Fattore personalizzato** e inserire il fattore in  $40 \text{ ng-cm}/\mu\text{l}$ . In caso contrario, selezionare l'opzione che corrisponde meglio alla soluzione campione.

**Suggerimento:** idealmente, il fattore o coefficiente di estinzione dovrebbe essere determinato empiricamente utilizzando una soluzione dell'acido nucleico oggetto di studio a una concentrazione nota utilizzando lo stesso tampone.

### Opzioni disponibili per i fattori

- **dsDNA** (fattore =  $50 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ )
- **ssDNA** (fattore =  $33 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ )
- **RNA** (fattore =  $40 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ )
- **Oligo DNA** (calcolato a partire dalla sequenza nucleotidica del DNA inserita dall'utente)
- **Oligo RNA** (calcolato a partire dalla sequenza nucleotidica di RNA inserita dall'utente)
- **Fattore personalizzato** (fattore inserito dall'utente compreso tra  $15 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$  e  $150 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}$ )

**Nota:** per ulteriori informazioni, consultare [Tipo di campione](#).

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray

Le concentrazioni di acido nucleico calcolate si basano sul valore di assorbanza a 260 nm, sul fattore utilizzato e sulla lunghezza del percorso del campione. È inoltre possibile applicare una correzione del valore al basale a punto singolo (o correzione dell'analisi).

La concentrazione è riportata in unità di massa. Su Internet sono disponibili i calcolatori per convertire la concentrazione da unità di massa a unità molari in base alla sequenza di campionamento.

Valori di assorbanza a 260 nm, 280 nm e talvolta 230 nm vengono utilizzati per calcolare i rapporti di purezza per i campioni di acido nucleico misurati. I rapporti di purezza sono sensibili alla presenza di contaminanti nel campione, come solventi residui e reagenti tipicamente utilizzati durante la purificazione del campione.

### Valori misurati

#### Assorbanza A260

**Nota:** Il valore di assorbanza a 850 nm viene sottratto da tutte le lunghezze d'onda nello spettro. Di conseguenza, l'assorbanza a 850 nm è pari a zero negli spettri visualizzati. Inoltre, per le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.

- I valori di assorbanza dell'acido nucleico per tutti i [tipi di campioni](#) di Microarray sono misurati a 260 nm utilizzando lo spettro a 850 corretto e normalizzato.
- Selezionando [Correzione dell'analisi](#), il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione viene sottratto dall'assorbanza a 260 nm.
- Selezionando uno o più coloranti, anche i [valori di correzione del colorante](#) a 260 nm vengono sottratti dall'assorbanza a 260 nm.
- L'assorbanza corretta finale a 260 nm viene riportata e utilizzata per calcolare la concentrazione del campione.

#### Assorbanza A280

- Per calcolare un rapporto A260/A280 si utilizza un valore di assorbanza 850-corretto e normalizzato a 280 nm (meno la correzione del colorante A280).

Le concentrazioni di colorante sono calcolate in base al valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di analisi del colorante, al coefficiente di estinzione del colorante e alla lunghezza del percorso del campione. Si può anche utilizzare una correzione del colorante in pendenza.

#### Assorbanza del colorante

- I valori di assorbanza del colorante sono misurati a specifiche lunghezze d'onda. Vedere [Editor Colorante/cromoforo](#) per le lunghezze d'onda di analisi utilizzate.
- Se si seleziona la correzione del colorante in pendenza, verrà tracciata una linea di base lineare tra 400 nm e 850 nm e, per ciascun colorante, il valore di assorbanza della linea di base in pendenza verrà sottratto dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di analisi di ciascun colorante. I valori di assorbanza del colorante corretti al basale sono riportati e utilizzati per calcolare le concentrazioni di colorante.

#### Correzione del colorante

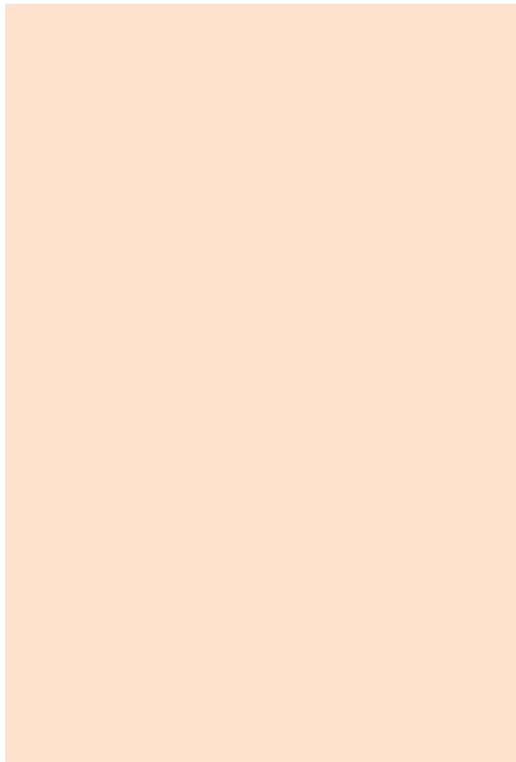
- I coloranti predefiniti hanno valori di correzione noti per A260 e A280. Vedere [Editor Colorante/Cromoforo](#) per i valori di correzione utilizzati.
- Le correzioni del colorante A260 vengono sottratte dal valore di assorbanza [A260](#) utilizzato per calcolare la concentrazione di acido nucleico e dal valore di assorbanza A260 utilizzato per calcolare il [rapporto di purezza A260/A280](#).

#### Lunghezza del percorso del campione

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misura microarray



#### Valori riportati

- **Concentrazione di acido nucleico.** Riportato nell'unità selezionata (ovvero, ng/μl, μg/μl o μg/mL). I calcoli si basano sull'equazione della Legge di Beer modificata utilizzando il valore di assorbanza dell'acido nucleico corretto.
- Rapporto di **purezza A260/A280.** Rapporto tra assorbanza corretta a 260 nm e assorbanza corretta a 280 nm. Un rapporto di purezza A260/A280 di ~ 1,8 è generalmente accettato come "puro" per il DNA (~ 2,0 per RNA). Le soluzioni acide possono sotto-rappresentare il valore riportato di 0,2-0,3; è vero il contrario per le soluzioni basiche.
- **Concentrazione colorante 1/colorante 2.** Riportato in pmol/μL. I calcoli si basano sull'equazione della legge di Beer utilizzando i valori di assorbanza del colorante corretti per la linea di base (in pendenza).

**Nota:** sebbene i rapporti di purezza siano importanti indicatori della qualità del campione, il miglior indicatore della qualità del DNA o dell'RNA è la funzionalità nell'applicazione a valle di interesse (ad esempio, microarray).

- [Calcoli per le misurazioni dell'acido nucleico](#)

## Misurazione mediante un fattore personalizzato

Misura la concentrazione di acidi nucleici purificati utilizzando un fattore personalizzato per i calcoli.

[Misurazione mediante un fattore personalizzato](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti rilevamento](#)

[Calcoli](#)



## Misurazione dell'acido nucleico mediante un fattore personalizzato

Utilizzare l'applicazione Fattore personalizzato per quantificare campioni di DNA o RNA purificati che assorbono a 260 nm con un coefficiente di estinzione o fattore definito dall'utente. L'applicazione riporta la concentrazione di acido nucleico e due rapporti di assorbanza ( $A_{260}/A_{280}$  e  $A_{260}/A_{230}$ ). È inoltre possibile utilizzare una correzione del valore basale a punto singolo.

Per misurare i campioni di acido nucleico mediante un fattore personalizzato

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare mediante un fattore personalizzato

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Acidi nucleici** e selezionare **Fattore personalizzato**.

#### 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione mediante un fattore personalizzato

- Inserire il **fattore** da utilizzare per i calcoli e specificare una correzione del **valore basale**, se lo si desidera.
- Pipettare 1–2 µL di soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di **allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso** della luce dello strumento.

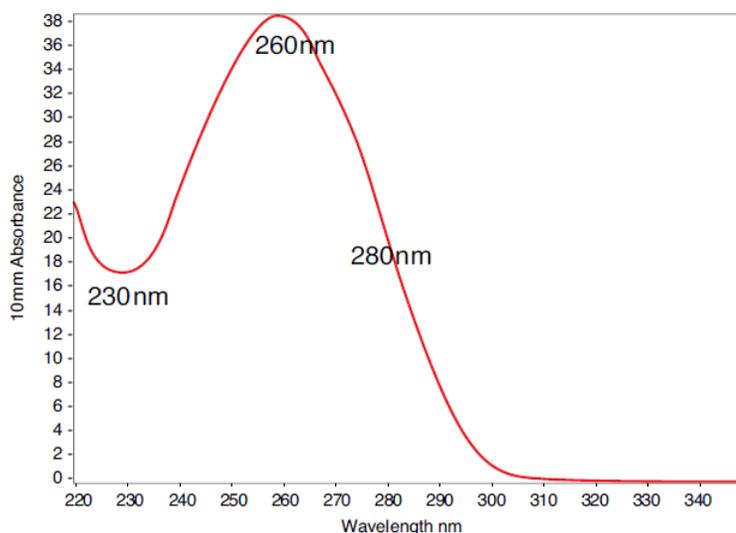
- Selezionare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se **Auto-Blank** è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

- Solleverare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
- Pipettare 1-2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.
- Iniziare la misurazione del campione:
  - Piedistallo: Se **Auto-Measure** è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare Misura.
  - Cuvette: toccare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

- Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
- Solleverare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.



**Spettro tipico dell'acido nucleico**

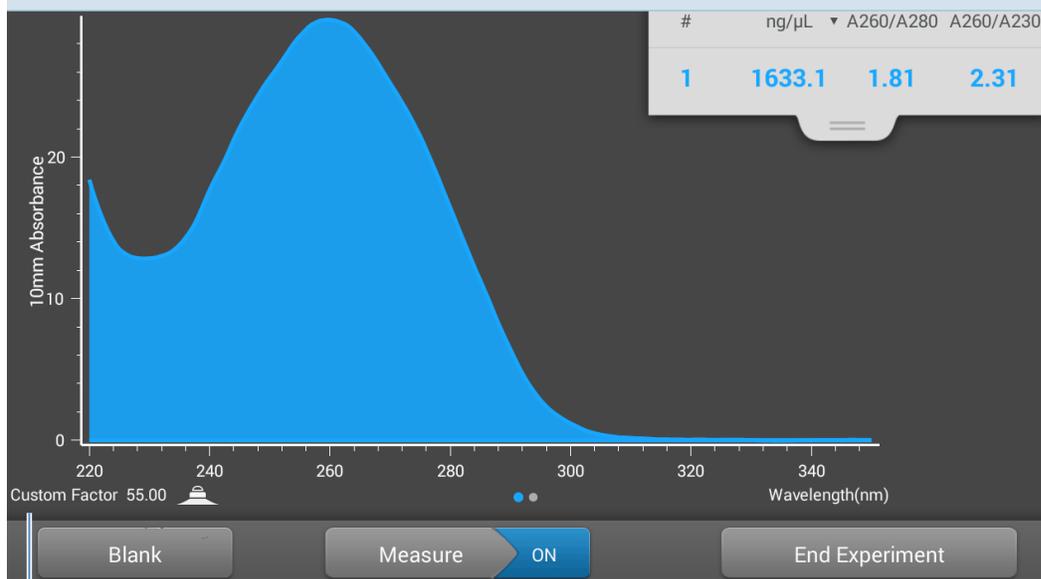
### Argomenti correlati

- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#)
- [Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

### Risultati riportati per il fattore personalizzato

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:

Nota La schermata di [misurazione](#) del Fattore personalizzato è identica a quella delle [altre applicazioni per gli acidi nucleici](#) , tranne per il fatto che il Fattore personalizzato è riportato nell'angolo in basso a sinistra (vedere l'immagine sotto).



Fattore personalizzato utilizzato per calcolare la concentrazione di acido nucleico

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misurazione mediante un fattore personalizzato

#### Argomenti correlati

- [Operazioni di base dello strumento](#)
- [Risultati riportati per l'acido nucleico](#)
- [Calcoli dell'acido nucleico](#)

## Impostazioni per le misurazioni dell'acido nucleico mediante un fattore personalizzato

Per visualizzare le impostazioni del fattore personalizzato, da Local control, toccare  > **Configurazione fattore personalizzato.**

Quando si utilizza il software PC Control, dalla schermata di misurazione del fattore personalizzato, selezionare l'icona delle impostazioni  per visualizzare l'**impostazione del fattore personalizzato.**

Impostazioni	Opzioni disponibili	Descrizione
Fattore personalizzato	Immettere un valore intero compreso tra 15 ng-cm/ $\mu$ L e 150 ng-cm/ $\mu$ l	Costante utilizzata per calcolare la concentrazione di acido nucleico nell' <a href="#">equazione della legge di Beer modificata</a> . In base al coefficiente di estinzione e alla lunghezza del percorso: $f = 1/(\epsilon_{260} * b)$ dove: $f$ = fattore $\epsilon$ = coefficiente di estinzione molare a 260 nm in ng-cm/ $\mu$ L $b$ = <a href="#">lunghezza del percorso del campione</a> in cm (1 cm per gli acidi nucleici misurati con gli strumenti NanoDrop One)
Correzione del valore al basale	On o Off  Inserire valore basale  lunghezza d'onda della correzione dell'analisi in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	<b>Correzione del valore al basale facoltativa definita dall'utente.</b> Può essere utilizzato per correggere qualsiasi offset causato da particelle di dispersione luminosa sottraendo l'assorbanza misurata a a lunghezza d'onda di correzione al basale specificata dai valori di assorbimento a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basale specificata.  NOTA: la correzione del valore basale viene selezionata dalla schermata di misurazione del software PC Control e non viene visualizzata nella configurazione del fattore personalizzato.

#### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## Limiti di rilevamento per le misurazioni dell'acido nucleico mediante un fattore personalizzato

I limiti di rilevamento inferiori e le specifiche di riproducibilità per gli acidi nucleici sono riportati [qui](#). I limiti di rilevamento superiori dipendono dal [limite di assorbanza superiore](#) dello strumento e dai coefficienti di estinzione definiti dall'utente.

Per calcolare i limiti superiori di rilevamento per i campioni di acido nucleico

Per calcolare i limiti di rilevamento superiori in ng/μL, utilizzare la seguente equazione:

$$(\text{limite superiore di assorbanza dello strumento} * \text{coefficienti di estinzione del campione})$$

Ad esempio, per una misurazione del campione utilizzando un coefficiente di estinzione di 55, l'equazione è simile alla seguente:

$$(550 \text{ AU} * 55 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}) = 30.250 \text{ ng}/\mu\text{L}$$

**Nota** Per le misurazioni con cuvette di lunghezza del percorso di 10 mm, il limite superiore di assorbanza è di 1,5 AU, che è di circa 75 ng/μL per il dsDNA.

Argomenti correlati

- [Limiti di rilevamento per tutte le applicazioni](#)

(Questa pagina è intenzionalmente vuota)

## Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

Misura la concentrazione di oligonucleotidi ssDNA o RNA purificati che assorbono a 260 nm.

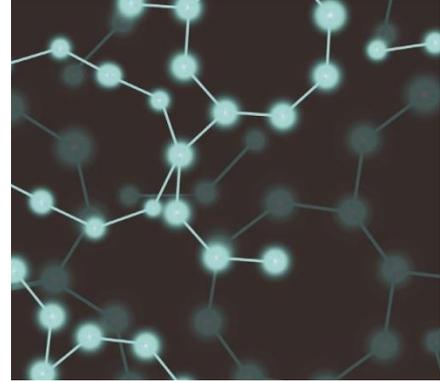
[Misurazione di Oligo DNA o RNA](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti rilevamento](#)

[Calcoli](#)



## Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

Utilizzare le applicazioni Oligo DNA e Oligo RNA per quantificare gli oligonucleotidi che si assorbono a 260 nm. I coefficienti di estinzione molare vengono calcolati automaticamente in base alla sequenza di base definita dall'utente del campione. Queste applicazioni riportano la concentrazione di acido nucleico e due rapporti di assorbanza (A260/A280 e A260/A230). È inoltre possibile utilizzare una correzione del valore basale a punto singolo.

**Nota** Se l'oligonucleotide è stato modificato, ad esempio con un colorante fluoroforo, verificare con il produttore dell'oligo per determinare se la modifica contribuisce all'assorbanza a 260 nm. In tal caso, si consiglia di utilizzare l'applicazione [Microarray](#) per quantificare la concentrazione di acido nucleico. L'applicazione Microarray include una correzione per rimuovere qualsiasi contributo di assorbanza dovuto al colorante dal risultato di quantificazione oligo.

Per misurare campioni Oligo DNA o Oligo RNA

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

### Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

#### Per misurare un campione di oligonucleotide

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Acidi nucleici** e scegliere **Oligo DNA** o **Oligo RNA**, a seconda delle necessità.
2. Specificare la [sequenza di base Oligo](#) e una [correzione del valore basale](#) se lo si desidera.
3. Pipettare 1–2 µL di soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

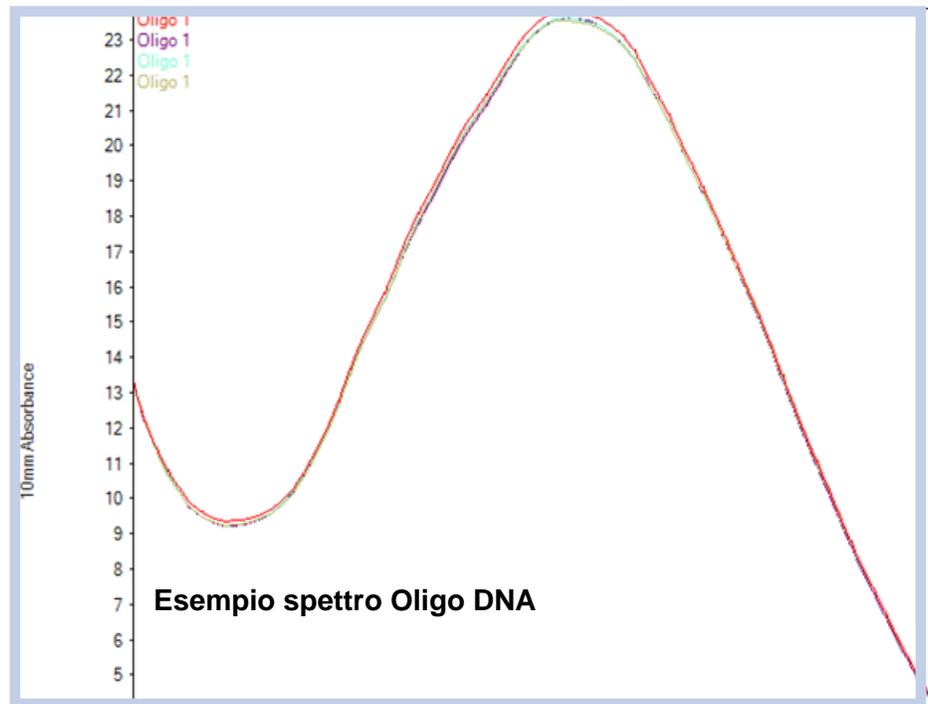
4. Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
6. Pipettare 1-2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.
7. Iniziare la misurazione del campione:
  - Piedistallo: Se [Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare Misura.
  - Cuvette: toccare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.



#### Argomenti correlati

- Procedure ottimali per le misurazioni dell'acido nucleico
- Misurare un campione micro-volumetrico
- Misurare un campione usando una cuvetta
- Procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche
- Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta
- Preparare campioni e blank
- Operazioni di base dello strumento

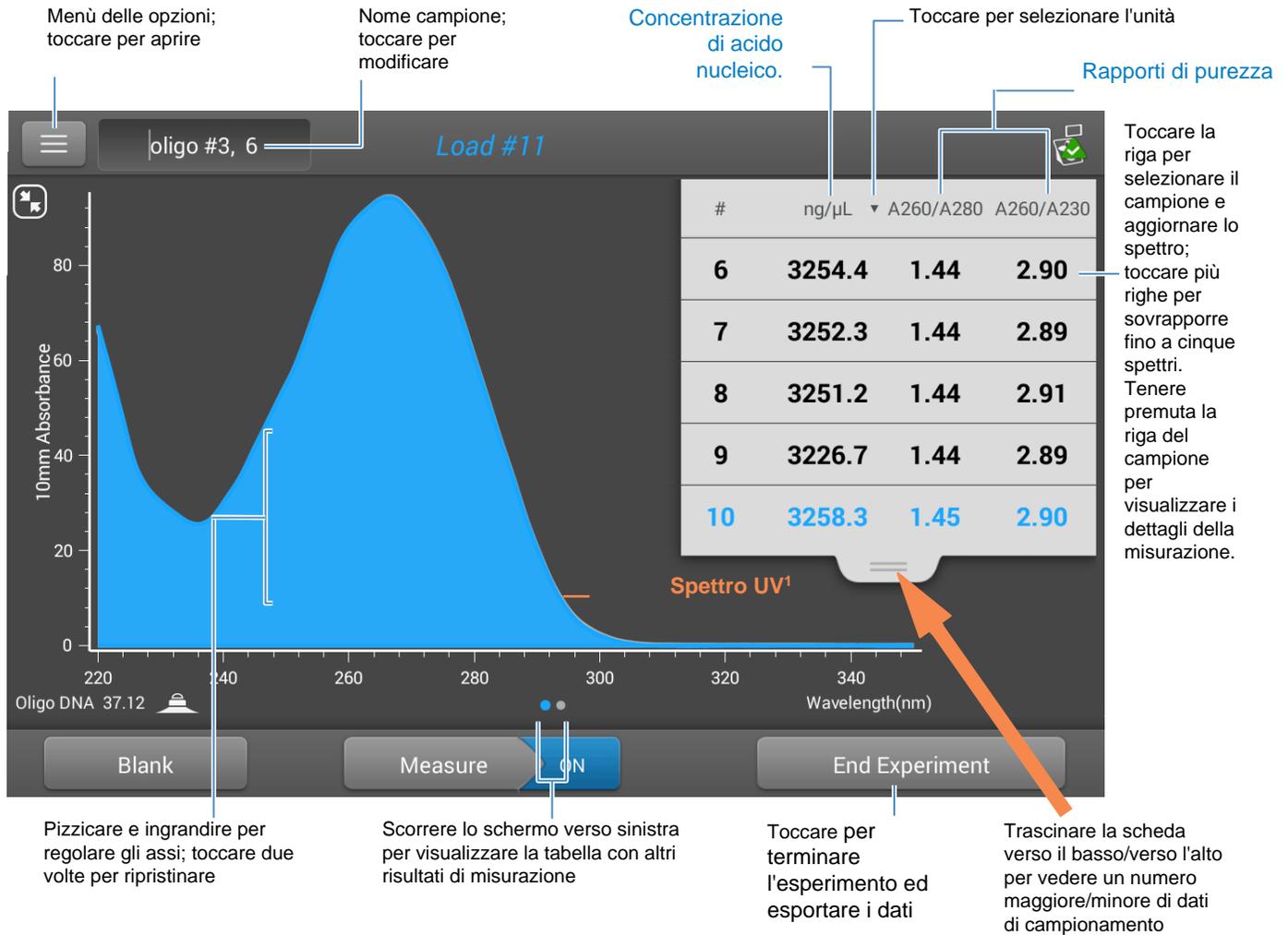
#### 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

### Risultati riportati Oligo

Schermata di misurazione Oligo DNA (Local control)

Per ogni campione misurato, le applicazioni dsDNA, ssOligo DNA e Oligo RNA mostrano lo spettro di assorbanza UV e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:



<sup>1</sup>Oligo misurato: TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT

Nota Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Valori riportati di OligoDNA o Oligo RNA

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

- dettagli del campionamento (metodo di applicazione e campionamento utilizzato, ovvero piedistallo o cuvetta)
- [nome del campione](#)
- creato il (data di esecuzione della misurazione del campione)
- [concentrazione di acido nucleico](#).
- [A260/A280](#)
- [A260/A230](#)
- [A260](#)
- [A280](#)
- [fattore](#)
- [sequenza oligo](#)
- [Correzione del valore al basale](#)
- [stato agitatore](#)

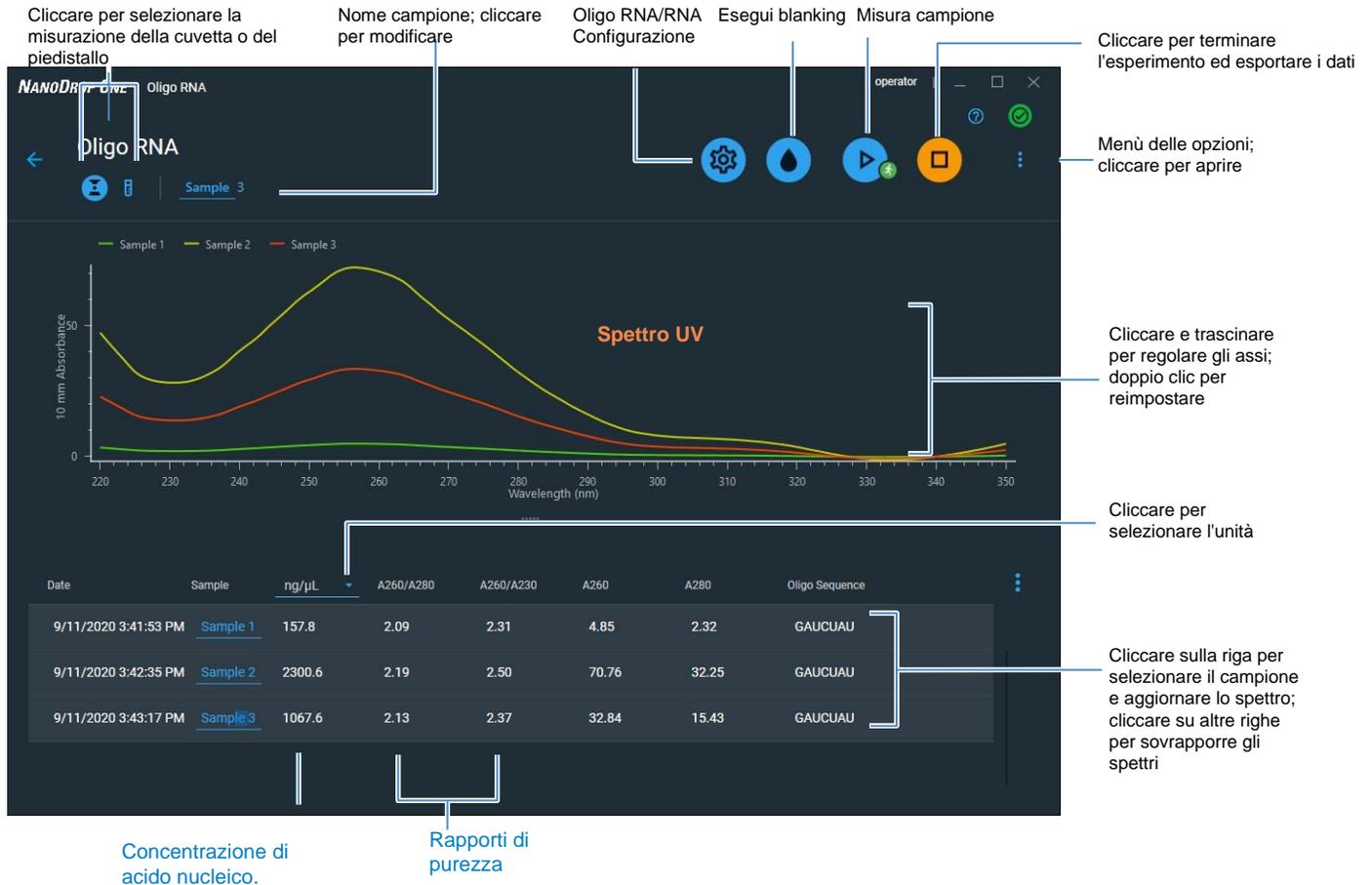
Nota I cinque nucleotidi che compongono il DNA e l'RNA presentano rapporti A260/A280 ampiamente variabili. Per ulteriori informazioni, vedere [Rapporti di purezza Oligo](#).

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

### Schermata di misurazione Oligo DNA e RNA (PC Control)

Per ogni campione misurato, le applicazioni Oligo DNA e Oligo RNA mostrano i risultati riportati dello spettro di assorbanza UV. Di seguito si riporta un esempio:



### Argomenti correlati

- Operazioni di base dello strumento
- Calcoli Oligo

### Impostazioni per le misurazioni di Oligo DNA e Oligo RNA

La schermata di impostazione Oligo viene visualizzata dopo aver selezionato l'applicazione Oligo DNA o Oligo RNA dalla scheda Acidi nucleici della schermata principale.

Nello strumento Local control, dalla schermata di misurazione Oligo, toccare



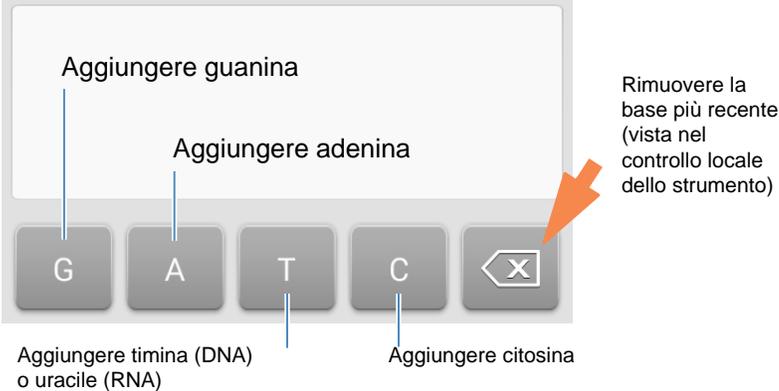
Oligo DNA Setup

Configurazione Oligo DNA (o

Oligo RNA Setup

Configurazione Oligo RNA).

Dal software PC Control, dalla schermata di misurazione Oligo DNA o RNA, selezionare l'icona delle impostazioni  per visualizzare **Configurazione Oligo DNA** o **Configurazione Oligo RNA**.

Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Sequenza base Oligo	<p>per DNA: utilizzare i tasti G, A, T e C per specificare la sequenza di base DNA</p> <p>per RNA: utilizzare i tasti G, A, U e C per specificare la sequenza di base RNA</p>	<p>Specificare la sequenza di base DNA o RNA. Toccare o fare clic sui tasti corrispondenti:</p> 

Dal software PC Control, è anche possibile inserire la sequenza di base utilizzando la tastiera o copiando e incollando una sequenza da un'altra applicazione.

Ogni volta che viene aggiunta una base alla sequenza, il software calcola quanto segue:

- **Fattore** Costante utilizzata per calcolare la concentrazione di oligonucleotidi nell'[equazione della legge di Beer modificata](#). In base al coefficiente di estinzione e alla lunghezza del percorso:

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

dove:

**f** = fattore

**ε** = coefficiente di estinzione molare a 260 nm in ng-cm/μL **b** = [percorso del campione](#) in cm (0,1 cm per gli acidi nucleici misurati con lo strumento NanoDrop One)

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Correzione del valore al basale	On o Off  Inserire la lunghezza d'onda della correzione del valore al basale in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Peso molecolare</b> dell'oligo calcolato dalla sequenza di base definita dall'utente.</li><li>• <b>Numero di basi</b> inserite.</li><li>• <b>Coefficiente di estinzione molare (260 nm)</b>. Coefficiente di estinzione molare di oligo (in ng-cm/<math>\mu</math>L) a 260 nm calcolato dalla sequenza di base inserita.</li><li>• <b>%GC</b>. Percentuale di residui di guanina e citosina nel numero totale di basi immesse.</li></ul> <p>Corregge eventuali scostamenti causati da particelle di dispersione della luce sottraendo l'assorbanza misurata alla lunghezza d'onda di correzione del valore al basale specificata dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro di campionamento. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basale specificata.</p> <p><b>Suggerimento:</b> se il campione presenta una modifica che assorbe la luce a 340 nm, selezionare una lunghezza d'onda di correzione diversa o disattivare la funzione Correzione valore basale.</p>

### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## Limiti di rilevamento per le misurazioni di Oligo DNA e Oligo RNA

I limiti di rilevamento inferiori e le specifiche di riproducibilità per i tipi di campioni oligonucleotidici (ssDNA e RNA) sono forniti [qui](#). I limiti di rilevamento superiori dipendono dal [limite di assorbanza superiore](#) dello strumento e dai coefficienti di estinzione per le sequenze di base definite dall'utente.

Per calcolare i limiti superiori di rilevamento per i campioni di acido nucleico

Per calcolare i limiti di rilevamento superiori in ng/ $\mu$ L, utilizzare la seguente equazione:

$$(\text{limite superiore di assorbanza dello strumento} * \text{coefficienti di estinzione del campione})$$

Ad esempio, per una misurazione del campione utilizzando un coefficiente di estinzione di 55, l'equazione è simile alla seguente:

$$(550 \text{ AU} * 55 \text{ ng-cm}/\mu\text{L}) = 30.250 \text{ ng}/\mu\text{L}$$

**Nota** Per le misurazioni con cuvette di lunghezza del percorso di 10 mm, il limite superiore di assorbanza è di 1,5 AU, che è di circa 75 ng/ $\mu$ L per il dsDNA.

## Calcoli per le misurazioni di Oligo DNA e Oligo RNA

Come con le altre applicazioni dell'acido nucleico, le applicazioni di Oligo usano l'[equazione di Beer-Lambert per correlare l'assorbanza](#) con la concentrazione basata sul coefficiente di estinzione e sulla lunghezza del percorso del campione. Poiché gli oligonucleotidi sono molecole corte a singolo filamento (o molecole più lunghe di sequenze ripetute),

il loro spettro e il coefficiente di ( $\epsilon$ ) sono strettamente dipendenti dalla composizione e dalla sequenza della base.

(I coefficienti e i fattori di estinzione generalmente accettati per DNA e RNA a singolo filamento forniscono una stima ragionevole per sequenze naturali, essenzialmente randomizzate, ma non per brevi sequenze oligo sintetiche). Per garantire

risultati più accurati, usiamo il valore esatto di  $\epsilon_{260}$  per calcolare la concentrazione di oligonucleotidi.

Il software NanoDrop consente di specificare la sequenza di base di un oligonucleotide prima che venga misurato. Per ogni sequenza di base inserita, il software utilizza l'equazione a destra per calcolare il coefficiente di estinzione.

**Suggerimento:** il coefficiente di estinzione è la lunghezza d'onda specifica per ciascun oligonucleotide e può essere influenzato dal tipo di tampone, dalla forza ionica e dal pH.

### Coefficienti di estinzione per oligonucleotidi

Il software utilizza il metodo di prossimità e la seguente formula per calcolare i coefficienti di estinzione molare per specifiche sequenze di basi oligonucleotidiche:

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

dove:

- $\epsilon$  = coefficiente di estinzione molare in L/mole-cm
- $\epsilon_1$  = vicino più prossimo
- $\epsilon_2$  = singole basi
- $\epsilon_3$  = modifiche, come coloranti fluorescenti

## 4 Applicazioni di misurazione dell'acido nucleico

Misurazione di Oligo DNA o Oligo RNA

Le concentrazioni di acido nucleico calcolate si basano sul valore di assorbanza a 260 nm, sul fattore utilizzato e sulla lunghezza del percorso del campione. È inoltre possibile applicare una correzione del valore al basale a punto singolo (o correzione dell'analisi).

La concentrazione è riportata in unità di massa. Su Internet sono disponibili i calcolatori per convertire la concentrazione da unità di massa a unità molari in base alla sequenza di campionamento.

Valori di assorbanza a 260 nm, 280 nm e talvolta 230 nm vengono utilizzati per calcolare i rapporti di purezza per i campioni di acido nucleico misurati. I rapporti di purezza sono sensibili alla presenza di contaminanti nel campione, come solventi residui e reagenti tipicamente utilizzati durante la purificazione del campione.

### Valori misurati Assorbanza

#### A260

**Nota:** per le misurazioni dell'assorbanza di micro-volumi e misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm), gli spettri sono normalizzati a una lunghezza del percorso equivalente a 10 mm.

- I valori di assorbanza dell'acido nucleico sono misurati a 260 nm usando lo spettro normalizzato. Questo è il valore A260 riportato se la Correzione del valore al basale non è selezionata.
- Se si seleziona [Correzione del valore al basale](#), il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione viene sottratto dall'assorbanza del campione a 260 nm. L'assorbanza corretta a 260 nm viene riportata e utilizzata per calcolare la concentrazione di acido nucleico.

#### Assorbanza A230, A280

- I valori di assorbanza normalizzati a 230 nm, 260 nm e 280 nm vengono utilizzati per calcolare i rapporti A260/A230 e A260/A280.

#### Lunghezza del percorso del campione

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

I cinque nucleotidi che compongono il DNA e l'RNA presentano rapporti A260/A280 ampiamente variabili. Di seguito sono riportati i rapporti A260/A280 stimati per ciascun nucleotide misurato indipendentemente:

Guanina: 1,15  
Adenina: 4,50  
Citosina: 1,51  
Uracil: 4,00  
Timina: 1,47

Il rapporto A260/A280 per una specifica sequenza di acido nucleico è approssimativamente uguale alla media ponderata dei rapporti A260/A280 per i quattro nucleotidi presenti.

**Nota:** l'RNA avrà tipicamente un rapporto 260/280 più elevato a causa del rapporto più elevato di Uracil rispetto a quello di Timina.

#### Valori riportati

- **Concentrazione di acido nucleico.** Riportato nell'unità selezionata (ovvero, ng/μl, μg/μl o μg/mL). I calcoli si basano sull'equazione della Legge di Beer modificata utilizzando il valore di assorbanza dell'acido nucleico corretto.
- Rapporto di **purezza A260/A280.** Rapporto tra assorbanza corretta a 260 nm e assorbanza corretta a 280 nm.
- Rapporto di **purezza A260/A230.** Rapporto tra assorbanza corretta a 260 nm e assorbanza corretta a 230 nm.

**Nota:** i tradizionali rapporti di purezza (A260/A280 e A260/A230), utilizzati come indicatori della presenza di vari contaminanti nei campioni di acido nucleico, non si applicano agli oligonucleotidi perché le forme dei loro spettri dipendono fortemente dalla composizione delle basi. Vedere la barra laterale per ulteriori informazioni.

[Calcoli per le misurazioni dell'acido nucleico](#)

(Questa pagina è intenzionalmente vuota)

# Applicazioni Protein

## Misurazione Protein A280

Misura la concentrazione di campioni di proteine purificate che assorbono a 280 nm.

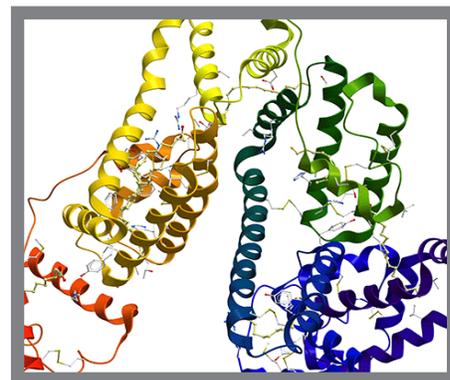
[Misurazione Protein A280](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)

[Calcoli](#)



## Misurazione della concentrazione proteica a A280

Utilizzare l'applicazione Protein A280 per quantificare campioni di proteine purificate che contengono aminoacidi come triptofano o tirosina, o legami disolfuro di tipo cys-cys, che presentano un'assorbanza a 280 nm. Questa applicazione riporta la concentrazione proteica misurata a 280 nm e un rapporto di assorbanza (A260/A280). È inoltre possibile utilizzare una correzione del valore basale a punto singolo. Questa applicazione non richiede alcuna curva standard.

**Nota** Se i campioni contengono principalmente legami peptidici e un numero scarso o nullo di aminoacidi, utilizzare l' applicazione [Protein A205](#) anziché Protein A280.

## Per misurare i campioni Protein A280

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare un campione di proteina A280

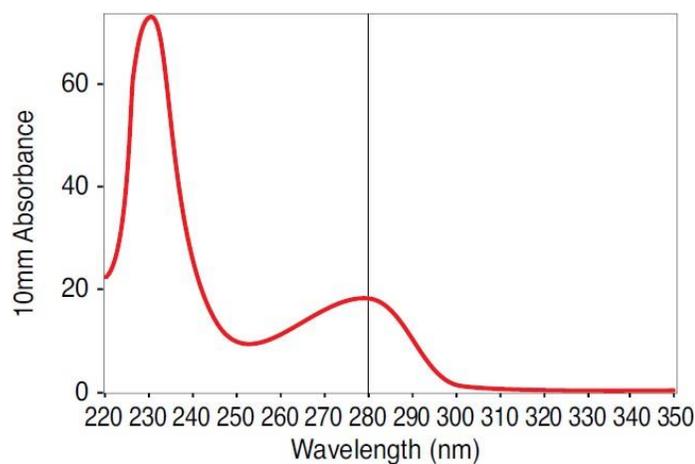
1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Proteine** e selezionare **Protein A280**.
2. Specificare un [tipo di campione](#) e una [correzione del valore al basale](#), se necessario.
3. Pipettare 1–2 µL di soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

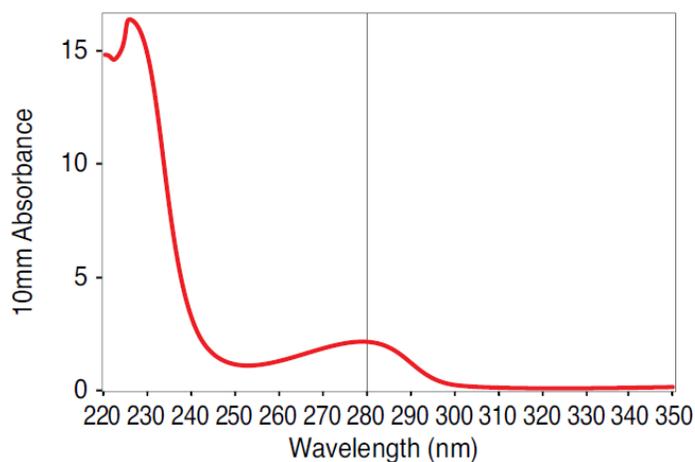
4. Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.  
Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).
5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
6. Pipettare 2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.
7. Iniziare la misurazione del campione:
  - Piedistallo: Se [la Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura**.
  - Cuvette: toccare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.



Campione BSA ad alta concentrazione



Campione BSA a bassa concentrazione

## Procedure ottimali per la misurazione delle proteine

- Isolare e purificare i campioni di proteine prima della misurazione per rimuovere le impurità. A seconda del campione, le impurità potrebbero includere DNA, RNA e alcuni componenti tampone. Per ulteriori informazioni, consultare [Preparazione dei campioni](#).

Nota I reagenti di estrazione che contribuiscono all'assorbanza tra 200 nm e 280 nm influenzeranno i risultati della misurazione se presenti nei campioni (anche quantità residue).

- Assicurarsi che l'assorbanza del campione rientri nei [limiti di rilevamento dell'assorbanza](#) dello strumento.

- Selezionare un blank:
  - Per le applicazioni Protein A280, Protein A205 e Proteine ed Etichette, eseguire il blank con la stessa soluzione tampone utilizzata per risospendere l'analita di interesse. La soluzione di blanking deve avere un pH e una forza ionica simili a quelli della soluzione dell'analita.
  - Per le applicazioni Protein BCA, Protein Bradford e Protein Lowry, eseguire il blank con acqua deionizzata (DIH<sub>2</sub>O).
  - Per l'applicazione di misurazione Protein Pierce 660, eseguire il blank con la soluzione di riferimento utilizzata per realizzare la curva standard (la soluzione di riferimento non deve contenere alcuno stock proteico standard). Per ulteriori informazioni, consultare [Utilizzo delle curve standard](#).
- Eseguire un [ciclo di blanking](#) per valutare il contributo di assorbanza della soluzione tampone. Se il tampone presenta una forte assorbanza in corrispondenza o in prossimità della lunghezza d'onda di analisi (tipicamente 280 nm o 205 nm), potrebbe essere necessario scegliere un tampone o un'applicazione diversa, come un saggio colorimetrico (ad esempio, BCA o Pierce 660). Consultare [Scelta e misurazione di un blank](#) per ulteriori informazioni.

Nota I tamponi come Triton X, RIPA e NDSB contribuiscono in modo significativo all'assorbanza e non sono compatibili con le misurazioni dirette A280 o A205.

- Per misurazioni micro-volumetriche:
  - Assicurarsi che le superfici dei piedistalli siano adeguatamente [pulite](#) e [condizionate](#). (Le proteine tendono ad attaccarsi alle superfici del piedistallo.)
  - Prelevare delicatamente (ma accuratamente) i campioni dalla centrifuga prima di effettuare una misurazione. Evitare di introdurre bolle durante la miscelazione e il pipettaggio.
  - Seguire le [procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#).
  - Utilizzare un volume di campionamento di 1-2 µL. Consultare [Volumi di campionamento consigliati](#) per ulteriori informazioni.
- Per le misurazioni in cuvetta (solo strumenti NanoDrop OneC), utilizzare cuvette compatibili e seguire le [procedure migliori per le misurazioni in cuvetta](#).

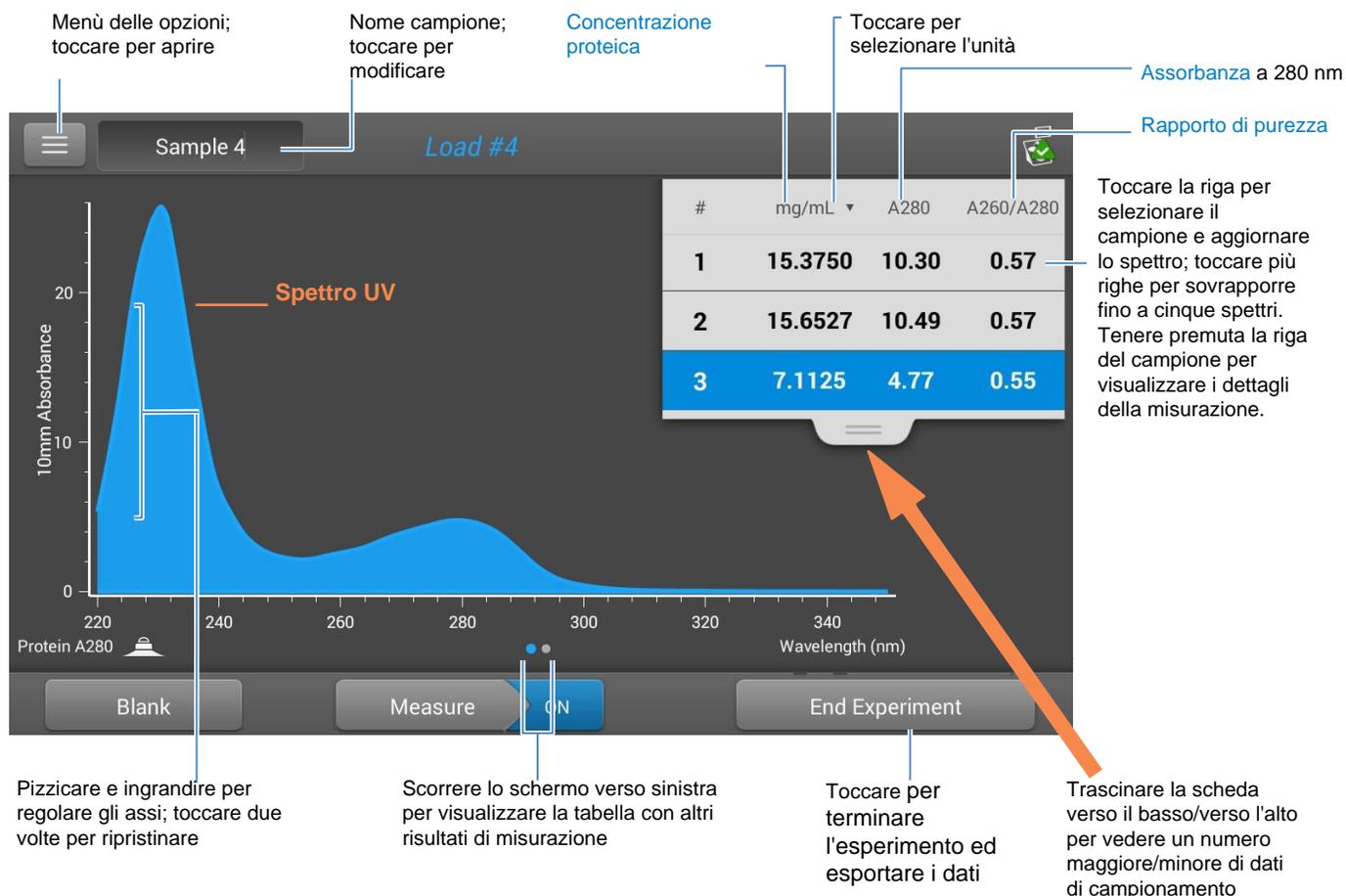
#### Argomenti correlati

- [Procedure ottimali per la misurazione delle proteine](#)
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Risultati riportati della proteina A280

### Schermata di misurazione Protein A280 (Local Control)

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Ecco un esempio della schermata Local Control:



Nota Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Valori riportati Protein A280

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

Applicazione	Metodo di campionamento	Nome campione; toccare per modificare
Sample Details	Protein A280	Pedestal
Sample Name	Sample 3	
Created on	4/30/2020 7:43:51 PM	Data/ora misurazione
Protein	7.1125 mg/mL	Concentrazione proteica
A280	4.77	Assorbanza a 280 nm
A260/A280	0.55	Rapporto di purezza
Sample type	BSA	Tipo di campione
Baseline correction	340.00 nm 0.15 absorbance	Lunghezza d'onda correzione del valore al basale Assorbanza correzione del valore al basale

### Argomenti correlati

- [Operazioni di base dello strumento](#)
- [Calcoli Protein A280](#)

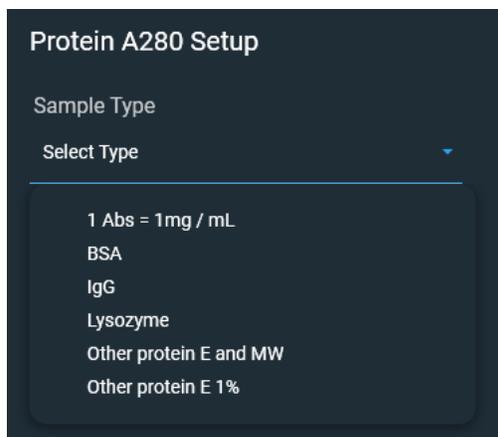
## Impostazioni per le misurazioni della proteina A280

Per visualizzare le impostazioni della proteina A280, nel controllo locale dello strumento, dalla schermata di misurazione della proteina A280, toccare  > **Configurazione proteina A280**.

Dal software PC Control, dalla schermata di misurazione della proteina A280, selezionare l'icona delle impostazioni  per visualizzare l'**impostazione della proteina A280**.

## Impostazioni Protein A280

L'applicazione Protein A280 fornisce una varietà di opzioni per il tipo di campione per l'analisi delle proteine purificate.



Ciascun tipo di campione applica un coefficiente di estinzione univoco ai calcoli delle proteine. Se il coefficiente di estinzione del campione è noto, scegliere  $\epsilon$  + MW (molare) o  $\epsilon$ 1% (massa) e immettere il valore. In caso contrario, calcolare il coefficiente di estinzione o selezionare l'opzione che meglio si adatta alla soluzione campione. Se è necessaria solo una stima approssimativa della concentrazione di proteine e il coefficiente di estinzione del campione non è noto, selezionare l'opzione 1 Abs=1 mg/mL tipo di campione.

Suggerimento Idealmente, il coefficiente di estinzione dovrebbe essere determinato empiricamente utilizzando una soluzione della proteina in studio a una concentrazione nota utilizzando lo stesso tampone.

Impost	Opzioni disponibili	Est. massa Coefficiente (L/gm-cm)	Descrizione
Tipo di campione <sup>a</sup>	1 Abs = 1 mg/mL	Riferimento generale	Raccomandato quando il coefficiente di estinzione è sconosciuto e la stima approssimativa della concentrazione proteica è accettabile per una soluzione senza altre sostanze interferenti. Si ipotizza che una soluzione proteica allo 0,1% (1 mg/mL) produca 1,0 A a 280 nm (dove la lunghezza del percorso è 10 mm), cioè $\epsilon$ 1% = 10.
	BSA	6.7	Calcola la concentrazione proteica di BSA (albumina sierica bovina) utilizzando il coefficiente di estinzione di massa ( $\epsilon$ ) di 6,7 L/gm-cm a 280 nm per 1% (cioè 10 mg/mL) di soluzione di BSA. Supponendo che MW sia 66.400 dalton (Da), il coefficiente di estinzione molare a 280 nm per BSA è approssimativamente $43.824 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$ .

**5 Applicazioni Protein**  
Misurazione Protein A280

Impost	Opzioni disponibili	Est. massa Coefficiente (L/gm-cm)	Descrizione
	IgG	13.7	Adatto per la maggior parte degli anticorpi dei mammiferi (cioè immunoglobuline G o IgG). Calcola la concentrazione proteica utilizzando il coefficiente di estinzione di massa ( $\epsilon$ ) di 13,7 L/gm-cm a 280 nm per 1% (cioè 10 mg/mL) di soluzione di IgG. Supponendo che MW sia 150.000 Da, il coefficiente di estinzione molare a 280 nm per IgG è approssimativamente 210.000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> .
	Lisozima	26.4	Calcola la concentrazione di proteina lisozima utilizzando il coefficiente di estinzione di massa ( $\epsilon$ ) di 26,4 L/gm-cm a 280 nm per 1% (cioè 10 mg/mL) soluzione di lisozima. Si ipotizza che il coefficiente di estinzione molare per il lisozima dell'albumine d'uovo sia compreso tra 36.000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> e 39.000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> .
	Altre proteine ( $\epsilon$ + MW)	L'utente ha inserito il coefficiente di estinzione molare e il peso molecolare	Si ipotizza che la proteina abbia un coefficiente di estinzione molare ( $\epsilon$ ) e un peso molecolare (MW) noti, dove: $(\epsilon_{\text{molare}}) * 10 = (\epsilon_{\text{percentuale}}) * (MW_{\text{proteina}})$ Inserire MW in kiloDalton (kDa) e coefficiente di estinzione molare ( $\epsilon$ ) in M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> diviso per 1000 (cioè $\epsilon/1000$ ). Ad esempio, per le proteine con coefficiente di estinzione molare di 210.000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> , inserire 210.
	Altre proteine ( $\epsilon$ 1%)	coefficiente di estinzione di massa inserito dall'utente	Si presume che le proteine abbiano un coefficiente di estinzione di massa noto ( $\epsilon$ ). Inserire il coefficiente di estinzione di massa in L/gm-cm per 10 mg/mL ( $\epsilon$ 1%) soluzione proteica.

<sup>a</sup> Per aggiungere o modificare una proteina personalizzata, utilizzare l'Editor proteine.

Impost	Opzioni disponibili	Est. massa Coefficiente (L/gm-cm)	Descrizione
Correzione del valore al basale	On o Off  Inserire la lunghezza d'onda della correzione del valore al basale in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	N/A	Corregge eventuali scostamenti causati da particelle di dispersione della luce sottraendo l'assorbanza misurata alla lunghezza d'onda di correzione del valore al basale specificata dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro di campionamento. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basare specificata.  <b>Suggerimento:</b> se il campione presenta una modifica che assorbe la luce a 340 nm, selezionare una lunghezza d'onda di correzione diversa o disattivare la funzione Correzione valore basale.

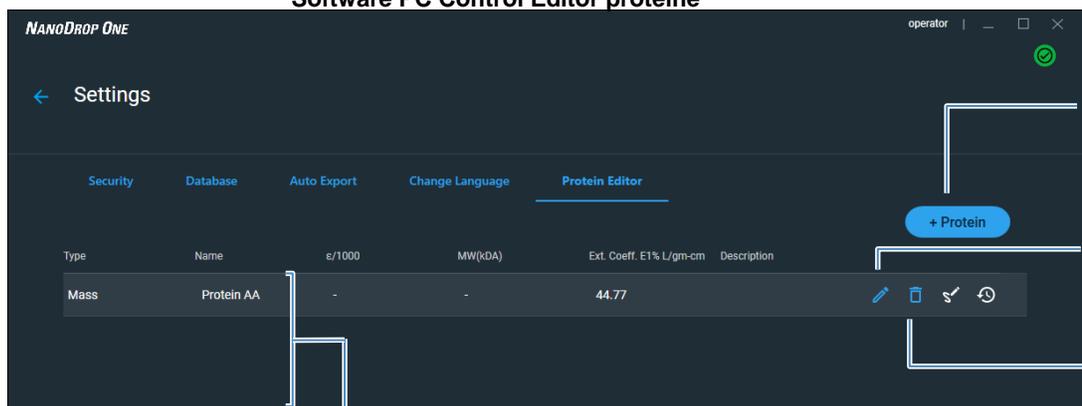
## Editor proteine

Utilizzare l'Editor proteine per aggiungere una proteina personalizzata all'elenco dei tipi di campioni proteici disponibili in [Configurazione proteina A280](#) e [Configurazione proteine ed etichette](#).

### Per accedere all'Editor Proteine:

- Dalla schermata Home del software PC Control, selezionare  **Settings** **Impostazioni** > **Editor proteine**.

### Software PC Control Editor proteine



Fare clic per aggiungere proteine personalizzate

Fare clic per modificare la proteina personalizzata selezionata

Fare clic per eliminare la proteina personalizzata selezionata

Proteine personalizzate (appariranno nell'elenco Tipo di campione in Configurazione proteina A280 e Configurazione proteine ed etichette)

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein A280

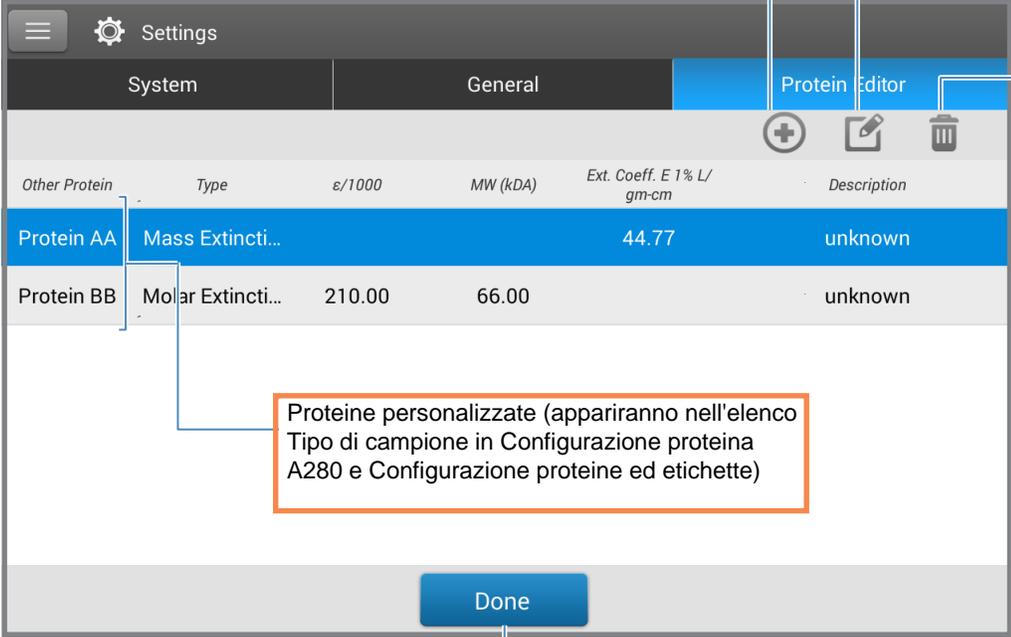
- Dalla schermata Home di Local Control,  toccare > **Editor proteine**. In alternativa, dalla schermata di misurazione Protein A280 o Proteine ed Etichette, toccare  >  Impostazioni > Editor proteine.

#### Local Control Editor proteine

Toccare per aggiungere

Toccare per modificare la proteina personalizzata selezionata

Toccare per eliminare la proteina personalizzata selezionata



Proteine personalizzate (appariranno nell'elenco Tipo di campione in Configurazione proteina A280 e Configurazione proteine ed etichette)

Toccare per chiudere Editor proteine

Queste operazioni sono disponibili dall'Editor proteine:

#### Aggiungere proteine personalizzate

- In Editor proteine, selezionare  o  per mostrare la casella **Nuovo tipo di proteina**.
- Inserire un **Nome** univoco per la nuova proteina (da Local Control, toccare il campo per visualizzare la tastiera, toccare il tasto **Fatto** per chiudere la tastiera).
- Immettere una **Descrizione** per la nuova proteina.
- Specificare se inserire Coefficiente di **Estinzione molare** o **Estinzione di massa** coefficiente per proteine personalizzate.
  - Se è selezionato il coefficiente di **estinzione di massa**, inserire il coefficiente di estinzione di massa in L/gm-cm per 10 mg/mL (E1%) di soluzione proteica.

Toccare un campo per visualizzare la tastiera; per chiudere, toccare il tasto Fatto

New Protein Type

Molar Extinction  Mass Extinction

Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm 44.77

Name Protein AA

Description unknown

Cancel OK

- se si seleziona **Estinzione molare**,
    - inserire il coefficiente di estinzione molare ( $\epsilon$ ) in  $M^{-1}cm^{-1}$  diviso 1000 (cioè  $\epsilon/1000$ ). Ad esempio, per le proteine con coefficiente di estinzione molare di  $210.000 M^{-1}cm^{-1}$ , immettere 210.
    - Inserire il peso molecolare (MW) in kiloDalton (kDa)
5. Da Local Control, toccare **OK** per chiudere la casella **Nuovo tipo di proteina**. Dal software PC Control, selezionare **Salva**.
6. Inserire la password per confermare le modifiche, se richiesto.

Digital Signature

Password

Reason Authorship - signifies ownership

OK Cancel

Inserire la password per confermare le modifiche

La nuova proteina personalizzata viene visualizzata nell'elenco **Tipo** in Configurazione proteina A280 e Configurazione proteine ed etichette.

#### Modificare proteina personalizzata

1. In Editor proteine, toccare per selezionare proteine personalizzate
2. Toccare  per visualizzare la casella **Modifica tipo di proteina**
3. Modificare eventuali voci o impostazioni
4. Toccare **OK**

#### Eliminare proteina personalizzata

1. In Editor proteine, toccare per selezionare una proteina personalizzata da eliminare
2. Toccare 

Nota L'eliminazione di una proteina personalizzata rimuove in modo permanente la proteina e tutte le informazioni associate dal software.

### Limiti di rilevamento per le misurazioni della proteina A280

I limiti di rilevamento e le specifiche di riproducibilità per le proteine BSA purificate sono forniti [qui](#). Il limite inferiore di rilevamento BSA e i valori di riproducibilità si applicano a qualsiasi tipo di campione proteico. I limiti superiori di rilevamento dipendono dal limite [superiore](#) di [assorbanza](#) dello strumento e dal coefficiente di estinzione del campione.

Per calcolare i limiti superiori di rilevamento per altri tipi di campioni proteici (non BSA)

Per calcolare i limiti di rilevamento superiori in ng/μL per le proteine, utilizzare la seguente equazione:

$$(\text{limite superiore di assorbanza dello strumento} / \text{coefficienti di estinzione di massa del campione}) * 10$$

Ad esempio, se il coefficiente di estinzione di massa del campione a 280 nm è 6,7 per una soluzione all'1% (10 mg/mL), l'equazione è simile alla seguente:

$$(550 / 6,7) * 10 = 824,6 \text{ (o } \sim 825)$$

## Calcoli per le misurazioni della proteina A280

L'applicazione Protein A280 utilizza l'[equazione di Beer-Lambert](#) per correlare l'assorbanza alla concentrazione. Risolvere la legge di Beer per la concentrazione produce l'equazione a destra.

### Equazione di Beer-Lambert (risolta per concentrazione)

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

dove:

A = assorbanza UV in unità di assorbanza (AU)

$\epsilon$  = coefficiente di assorbimento molare dipendente dalla lunghezza d'onda (o coefficiente di estinzione) in litri/mol-cm

b = lunghezza del percorso in cm

c = concentrazione dell'analita in moli/litro o molarità (M)

**Nota:** dividendo l'assorbanza misurata di una soluzione campione per il suo coefficiente di estinzione molare si ottiene la concentrazione molare del campione. Consultare Coefficienti di estinzione pubblicati per ulteriori informazioni sui valori di concentrazione molare vs. massa.

### Coefficienti di estinzione per proteine

A 280 nm, il coefficiente di estinzione è approssimato dalla somma ponderata dei coefficienti di estinzione molare di 280 nm dei tre aminoacidi costituenti, come descritto in questa equazione:

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

dove:

$\epsilon$  = coefficiente di estinzione molare

n = numero di ciascun residuo aminoacidico

5500, 1490 e 125 = assorbività molare aminoacidica a 280 nm

Il coefficiente di estinzione di un peptide o di una proteina è correlato alla sua composizione di triptofano (W), tirosina (Y) e aminoacidi cisteina (C).

**Suggerimento:** il coefficiente di estinzione è specifico per ciascuna proteina e può essere influenzato dal tipo di tampone, dalla forza ionica e dal pH.

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein A280

Questa applicazione offre sei opzioni (mostrate a destra) per selezionare un coefficiente di estinzione appropriato per ciascun campione misurato, da utilizzare in combinazione con la legge di Beer per calcolare la concentrazione del campione.

Se il coefficiente di estinzione del campione è noto, scegliere il  $\epsilon$  + MW (molare) o  $\epsilon$  1% (massa) e inserire il valore. In caso contrario, calcolare il coefficiente di estinzione o scegliere l'opzione che meglio si adatta alla soluzione campione.

**Suggerimento:** idealmente, il coefficiente di estinzione dovrebbe essere determinato empiricamente utilizzando una soluzione della proteina in studio a una concentrazione nota utilizzando lo stesso tampone.

La maggior parte delle fonti riporta coefficienti di estinzione per proteine misurate a o vicino a 280 nm in fosfato o altro tampone fisiologico. Questi valori forniscono un'accuratezza sufficiente per le valutazioni di routine della concentrazione proteica.

#### Opzioni disponibili per il coefficiente di estinzione

- **1 Abs = 1 mg/mL**, dove il tipo di campione e/o il coefficiente est. è sconosciuto (produce una stima approssimativa della concentrazione proteica)
- **BSA** (Albumina sierica bovina, 6,7 L/gm-cm)
- **IgG** (qualsiasi anticorpo di mammiferi, 13,7 L/gm-cm)
- **Lisozima** (lisozima di albume d'uovo, 26,4 L/gm-cm)
- **Altre proteine** ( $\epsilon$  + MW), coefficiente est. molare specificato dall'utente
- **Altre proteine** ( $\epsilon$ 1%), coefficiente est. di massa specificato dall'utente
- 

**Nota:** vedere [Tipo di campione](#) per i dettagli.

#### Coefficienti di estinzione pubblicati

I coefficienti di estinzione pubblicati per le proteine possono essere riportati come segue:

- coefficiente di assorbimento molare dipendente dalla lunghezza d'onda (o estinzione) ( $\epsilon$ ) con unità di  $M^{-1}cm^{-1}$
- coefficiente di estinzione della soluzione percentuale ( $\epsilon$ 1%) con unità di  $(g/100 mL)^{-1}cm^{-1}$  (cioè 1% o 1 g/100 mL di soluzione misurata in una cuvetta da 1 cm)
- valori di assorbanza proteica per soluzioni allo 0,1% (cioè 1 mg/mL)

**Suggerimento:** valutare attentamente i valori pubblicati per garantire che l'unità di misura sia applicata correttamente.

L'equazione a destra mostra la relazione tra il coefficiente di estinzione molare ( $\epsilon_{\text{molare}}$ ) e il coefficiente di estinzione percentuale ( $\epsilon_{1\%}$ ).

#### Conversioni tra $\epsilon_{\text{molare}}$ e $\epsilon_{1\%}$

$$(\epsilon_{\text{molare}}) * 10 = (\epsilon_{1\%}) * (MW_{\text{proteina}})$$

Esempio: per determinare il coefficiente di estinzione della soluzione percentuale ( $\epsilon_{1\%}$ ) per una proteina che ha un coefficiente di estinzione molare di  $43.824 \text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$  e un peso molecolare (MW) di 66.400 dalton (Da), riorganizzare e risolvere l'equazione di cui sopra come segue:

$$\epsilon_{1\%} = (\epsilon_{\text{molare}} * 10) / (MW_{\text{proteina}})$$

$$\epsilon_{1\%} = (43.824 * 10) / 66.400$$

$$\text{Da) } \epsilon_{1\%} = 6,6 \text{ g/100 mL}$$

#### Conversioni tra g/100 mL e mg/mL

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

Esempio: se l'assorbanza misurata per un campione di proteina a 280 nm rispetto al riferimento è 5,8 A, la concentrazione di proteina può essere calcolata come segue:

$$C_{\text{proteina}} = (A / \epsilon_{1\%}) * 10$$

$$C_{\text{proteina}} = (5,8 / 6,6 \text{ g/100 mL}) *$$

$$10 C_{\text{proteina}} = 8,79 \text{ mg/mL}$$

Per determinare la concentrazione (c) di un campione in mg/mL, utilizzare l'equazione a destra e un fattore di conversione di 10.

**Suggerimento:** il software NanoDrop One include il fattore di conversione quando si riportano le concentrazioni proteiche.

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein A280

Le concentrazioni proteiche calcolate si basano sul valore di assorbanza a 280 nm, sul coefficiente di estinzione selezionato (o inserito) e sulla lunghezza del percorso del campione. È possibile applicare una correzione del valore al basale a punto singolo (o correzione dell'analisi).

La concentrazione è riportata in unità di massa. Su Internet sono disponibili i calcolatori per convertire la concentrazione da unità di massa a unità molari in base alla sequenza di campionamento.

I valori di assorbanza a 260 nm e 280 nm vengono utilizzati per calcolare i rapporti di purezza per i campioni di proteine misurati.

I rapporti di purezza sono sensibili alla presenza di contaminanti nel campione, come solventi residui e reagenti tipicamente utilizzati durante la purificazione del campione.

### Valori misurati Assorbanza

#### A280

**Nota:** Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.

- I valori di assorbanza delle proteine sono misurati a 280 nm utilizzando lo spettro normalizzato. Se la **Correzione al valore basale** non è selezionata, questo è il valore A280 riportato e il valore utilizzato per calcolare la concentrazione di proteine.
- Se si seleziona **Correzione al basale**, il valore di assorbanza normalizzato e corretto al basale a 280 nm viene riportato e utilizzato per calcolare la concentrazione proteica.

### Lunghezza del percorso del campione

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

#### Valori riportati

- **Concentrazione proteica.** Riportato in unità selezionata (mg/mL o µg/mL). I calcoli si basano sull'Equazione di Beer-Lambert utilizzando il valore di assorbanza proteica corretto.
- Rapporto di **purezza A260/A280.** Rapporto tra assorbanza corretta a 260 nm e assorbanza corretta a 280 nm. Un rapporto di purezza A260/A280 di ~0,57 è generalmente accettato come "puro" per le proteine.

**Nota:** sebbene i rapporti di purezza siano importanti indicatori della qualità del campione, il miglior indicatore della qualità della proteina è la funzionalità nell'applicazione a valle di interesse (ad esempio, la PCR in tempo reale).

## Misurazione Protein A205

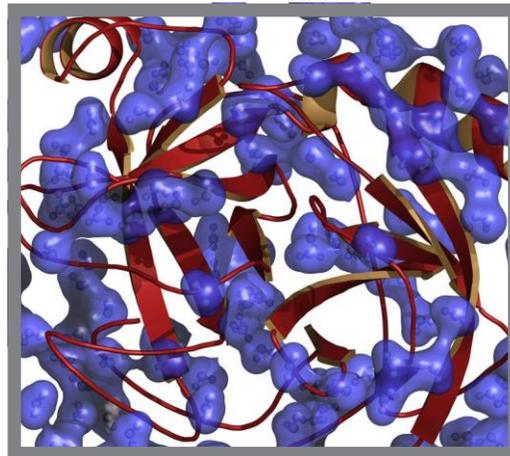
Misura la concentrazione di popolazioni proteiche purificate che assorbono a 205 nm.  
[Misurazione Protein A205](#)

[Reprot risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)

[Calcoli](#)



## Misurazione della concentrazione proteica a A205

Utilizzare l'applicazione Protein A205 per quantificare i peptidi purificati e altre proteine che contengono legami peptidici, che presentano assorbanza a 205 nm. Questa applicazione riporta la concentrazione proteica e due valori di assorbanza (A205 e A280). È inoltre possibile utilizzare una correzione del valore basale a punto singolo. Questa applicazione non richiede alcuna curva standard.

**Nota:** se i campioni contengono principalmente aminoacidi come triptofano o tirosina o legami disolfuro di cys-cys, utilizzare l'applicazione [Protein A280](#) anziché Protein A205.

## Per misurare i campioni Protein A205

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare un campione di proteina A205

1. Dalla schermata Home, dalla scheda **Proteine**, selezionare **Protein A205**.
2. Specificare un [tipo di campione](#) e una [correzione del valore al basale](#), se necessario.
3. Pipettare 1–2 µL della soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

4. Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
6. Pipettare 2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.
7. Iniziare la misurazione del campione:
  - Piedistallo: Se [la Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura**.
  - Cuvette: toccare **Misura**.

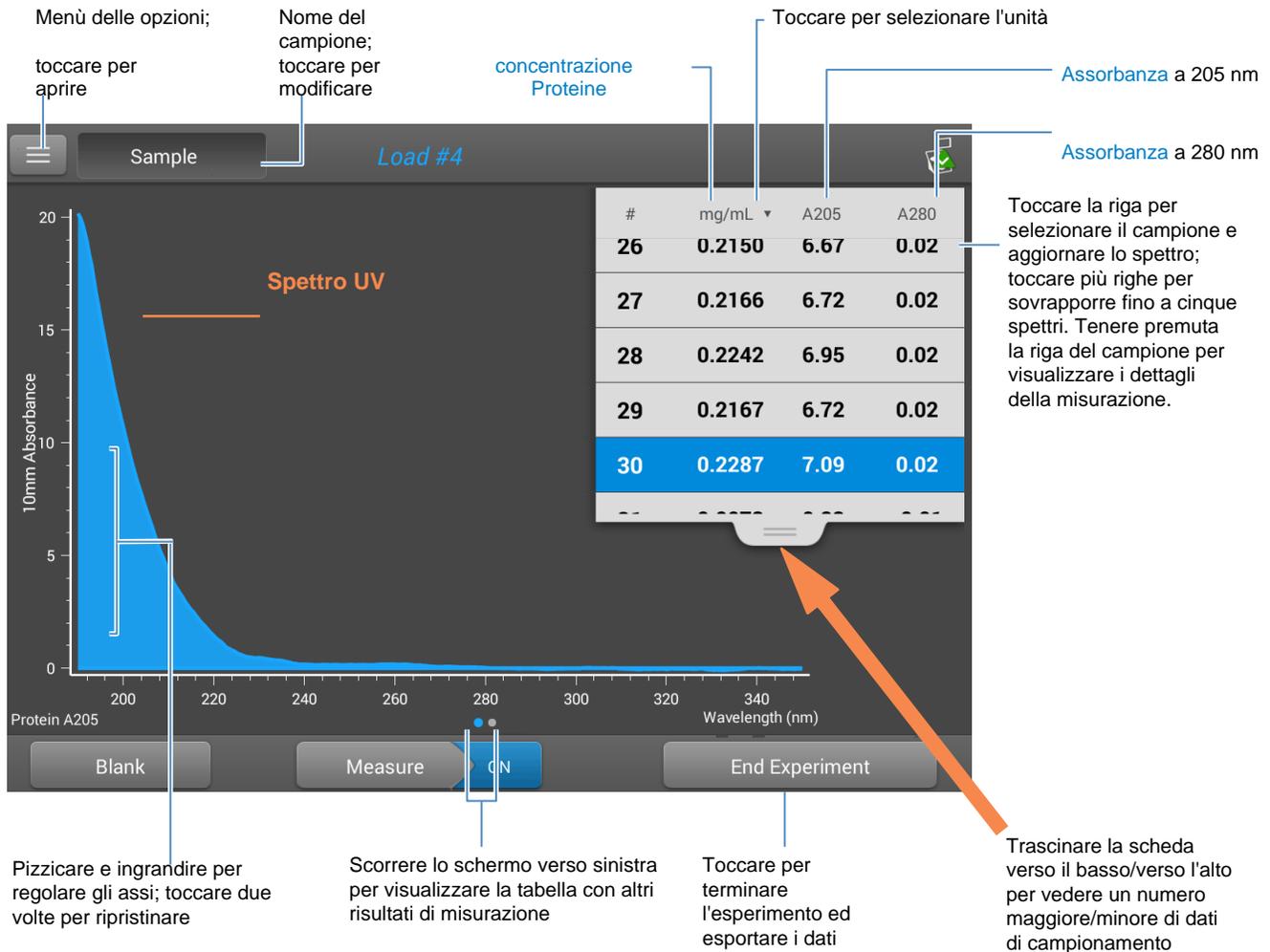
Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

## Risultati riportati della proteina A205

### Schermata di misurazione Protein A205 (Local Control)

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:



**Nota** Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

### Valori riportati Protein A205

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

Applicazione      Metodo di campionamento      Nome campione; toccare per modificare

Field	Value	Annotation
Sample Name	200, 5	Nome campione; toccare per modificare
Created on	8/24/2015 2:59:24 PM	Data/ora misurazione
Protein	0.2287 mg/mL	Concentrazione proteica
A205	7.09	Assorbanza a 205 nm
A280	0.02	Assorbanza a 280 nm
Method	31	Tipo di campione
Baseline correction	340.00 nm    0.06 absorbance	Lunghezza d'onda correzione del valore al basale    Assorbanza correzione del valore al basale

Buttons: Print, OK, Delete

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein A205

#### Schermata di misurazione Protein A205 (PC Control)

Per ogni campione misurato, questa applicazione mostra lo spettro di assorbanza e i risultati riportati. Di seguito si riporta un esempio:

Cliccare per selezionare la misurazione della cuvetta o del piedistallo

Nome campione; cliccare per modificare

Proteina A205 Configurazione

Esegui Misura campione blanking

operator

Cliccare per terminare l'esperimento ed esportare i dati

Menù delle opzioni; cliccare per aprire

Cliccare e trascinare per regolare gli assi; doppio clic per reimpostare

Cliccare per selezionare l'unità

Cliccare sulla riga per selezionare il campione e aggiornare lo spettro; cliccare su altre righe per sovrapporre fino a cinque spettri.

Concentrazione proteica

Valori di assorbanza

#### Argomenti correlati

- Operazioni di base dello strumento
- Calcoli Protein A205

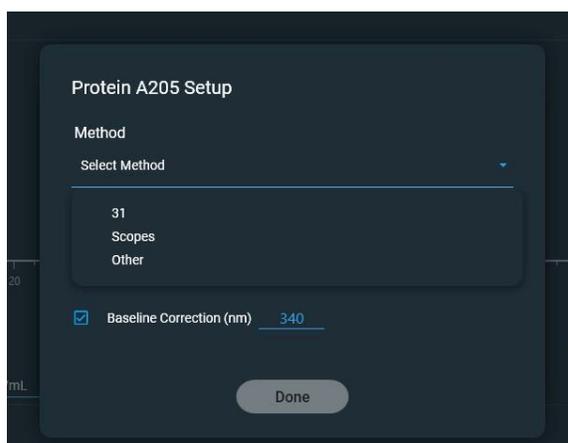
## Impostazioni per le misurazioni della proteina A205

Per visualizzare le impostazioni della proteina A205, nel controllo locale dello strumento, dalla schermata di misurazione della proteina A205, toccare  > **Configurazione proteina A205**.

Dal software PC Control, dalla schermata di misurazione della proteina A205, selezionare l'icona delle impostazioni  per visualizzare **Configurazione proteina A205**.

### Impostazioni proteina A205

L'applicazione Protein A205 fornisce una varietà di opzioni di metodo per l'analisi delle proteine.



Impostazione	Opzioni disponibili	Coefficiente est. di massa (L/gm-cm)	Descrizione
Tipo di campione	31	31	Ipotizza $\epsilon_{0,1\%}$ (1 mg/mL) a 205 nm = 31
	Ambiti	27 + 120 * (A280/A205)	Ipotizza $\epsilon_{0,1\%}$ (1 mg/mL) a 205 nm = 27 + 120 * (A280/A205)

**5 Applicazioni Protein**  
Misurazione Protein A205

Impost	Opzioni disponibili	Est. massa Coefficiente (L/gm-cm)	Descrizione
	Altre proteine (ε 1%)	Coefficiente di estinzione di massa inserito dall'utente	Ipotizza che le proteine abbiano un coefficiente di estinzione di massa noto (ε). Inserire il coefficiente di estinzione di massa in L/gm-cm per 1 mg/mL (0,1%) di soluzione proteica.
Correzione del valore al basale	On o Off  Inserire la lunghezza d'onda della correzione del valore al basale in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	N/A	Corregge eventuali scostamenti causati da particelle di dispersione della luce sottraendo l'assorbanza misurata alla lunghezza d'onda di correzione del valore al basale specificata dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro di campionamento. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basale specificata.  <b>Suggerimento:</b> se il campione presenta una modifica che assorbe la luce a 340 nm, selezionare una lunghezza d'onda di correzione diversa o disattivare la funzione Correzione valore basale.

## Calcoli per le misurazioni della proteina A205

Come con le altre applicazioni della proteina, le proteine A205 usa l' [equazione](#) di Beer-Lambert per correlare l'assorbanza con la concentrazione basata sul coefficiente e sulla lunghezza del percorso dell'estinzione del campione.

Questa applicazione offre tre opzioni (mostrate a destra) per selezionare un coefficiente di estinzione appropriato per ciascun campione misurato, da utilizzare in combinazione con la legge di Beer per calcolare la concentrazione del campione.

Se il coefficiente di estinzione del campione è noto, scegliere l'opzione **£ 1%** (massa) e inserire il valore. In caso contrario, calcolare il coefficiente di estinzione o scegliere l'opzione che meglio si adatta alla soluzione campione.

**Suggerimento:** idealmente, il coefficiente di estinzione dovrebbe essere determinato empiricamente utilizzando una soluzione della proteina in studio a una concentrazione nota utilizzando lo stesso tampone.

Le concentrazioni proteiche calcolate si basano sul valore di assorbanza a 205 nm, sul coefficiente di estinzione selezionato (o inserito) e sulla lunghezza del percorso del campione. Può anche essere applicata una correzione di base a punto singolo.

La concentrazione è riportata in unità di massa. Su Internet sono disponibili i calcolatori per convertire la concentrazione da unità di massa a unità molari in base alla sequenza di campionamento.

### Opzioni disponibili per il coefficiente di estinzione

- **31**, ipotizza **£0,1%** (1 mg/mL) a 205 nm = 31
- **Ambiti**, ipotizza **£0.1%** (1 mg/mL) a 205 nm = 27 + 120 \* (A280/A205)
- **Altre proteine**, inserire il coefficiente di estinzione di massa in L/gm-cm per 1 mg/mL (**£0,1%**) di soluzione proteica

**Nota:** vedere [Tipo di campione](#) per i dettagli.

### Valori misurati assorbanza

#### A205

**Nota:** Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.

- I valori di assorbanza delle proteine sono misurati a 205 nm utilizzando lo spettro normalizzato. Se la **Correzione al valore basale** non è selezionata, questo è il valore A205 riportato e il valore utilizzato per calcolare la concentrazione di proteine.
- Se si seleziona **Correzione al basale**, il valore di assorbanza normalizzato e corretto al basale a 205 nm viene riportato e utilizzato per calcolare la concentrazione proteica.

#### Assorbanza A280

- È riportato anche il valore di assorbanza normalizzato e corretto al basale (se selezionato) a 280 nm.

#### **Lunghezza del percorso del campione**

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

#### **Valori riportati**

- **Concentrazione proteica.** Riportato in unità selezionata (mg/mL o µg/mL). I calcoli si basano sull'Equazione di Beer-Lambert utilizzando il valore di assorbanza proteica corretto.





## Misurazione di Proteine ed Etichette

Misura la concentrazione di proteine purificate precedentemente etichettate con un massimo di due coloranti fluorescenti.

[Misurazione Proteine etichettate](#)

[Report Risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)

[Calcoli](#)



## Misurazione dei campioni di proteine etichettati

Utilizzare l'applicazione Proteine ed Etichette per quantificare proteine e coloranti fluorescenti per coniugati di matrice proteica, nonché metalloproteine come l'emoglobina, utilizzando rapporti di lunghezza d'onda. Questa applicazione riporta la concentrazione proteica misurata a 280 nm, un rapporto di assorbanza A269/A280 e le concentrazioni e i valori di assorbanza misurati dei coloranti, consentendo il rilevamento di concentrazioni di colorante a partire da 0,2 picomole per microlitro. Queste informazioni sono utili ai fini della valutazione della coniugazione proteina/colorante (grado di etichettatura) per l'uso in applicazioni a valle.

## Misurazione dei campioni di proteine etichettati

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare un campione di proteina etichettato

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Proteine**, quindi selezionare **Proteine ed Etichette**.

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione di Proteine ed Etichette

2. Specificare il [tipo di campione](#) e il [tipo o i tipi di coloranti](#) utilizzati.

**Suggerimento:** selezionare un colorante dall'elenco predefinito o aggiungere un colorante personalizzato utilizzando l' [Editor Colorante/Cromoforo](#).

3. Pipettare 1–2  $\mu\text{L}$  della soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

4. Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.

6. Pipettare 2  $\mu\text{L}$  di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.

7. Iniziare la misurazione del campione:

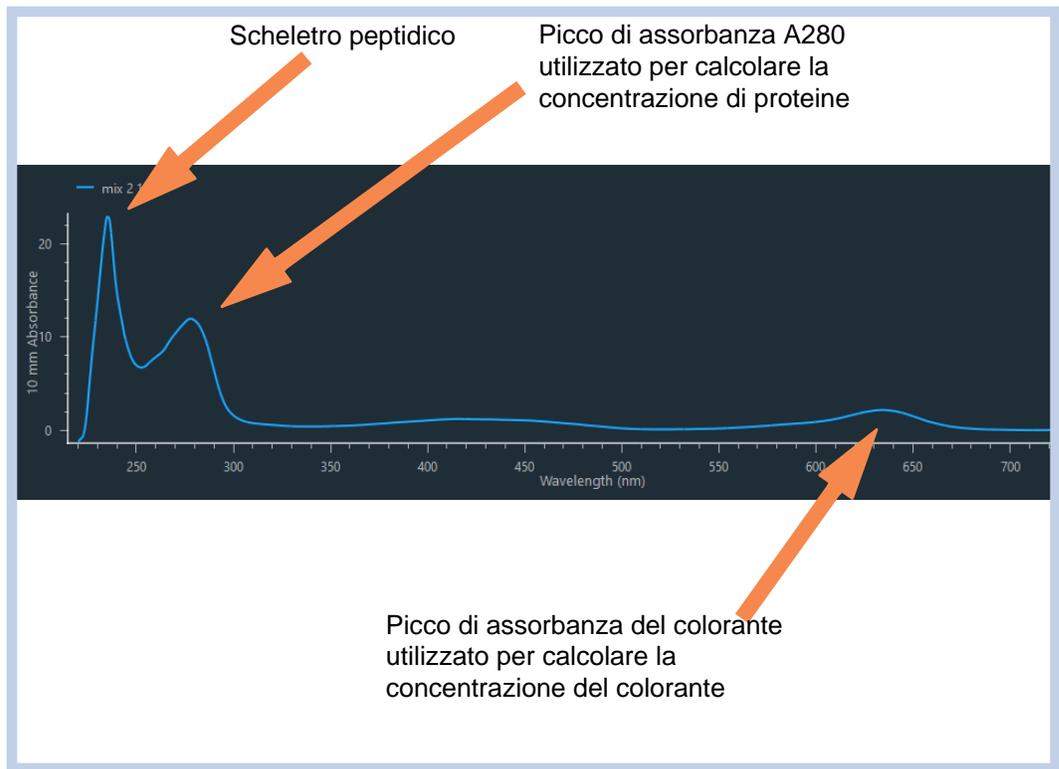
– Piedistallo: Se [Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura**.

– Cuvette: selezionare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, selezionare **Termina esperimento**.

9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.



#### Argomenti correlati

- [Procedure ottimali per la misurazione delle proteine](#)
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

**5 Applicazioni Protein**  
 Misurazione di Proteine ed Etichette

**Risultati riportati di Proteine ed Etichette**

Schermata di misurazione Proteine ed Etichette

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:

Applicatione  
 Metodo di campionamento

Nome del campione della misurazione successiva; selezionare per modificare

Esegui blanking

Impostazioni Proteine ed Etichette

Misura campione

Termina esperimento.

Menù delle opzioni; cliccare per aprire

Cliccare con il pulsante destro del mouse sull'area del grafico per **visualizzare le opzioni** di visualizzazione.

Menù delle opzioni della tabella; cliccare per scegliere le colonne da inserire nel report

Nome campione; selezionare per modificare

Concentrazione proteica

Concentrazioni di colorante

Cliccare sulla riga per selezionare il campione e aggiornare lo spettro.

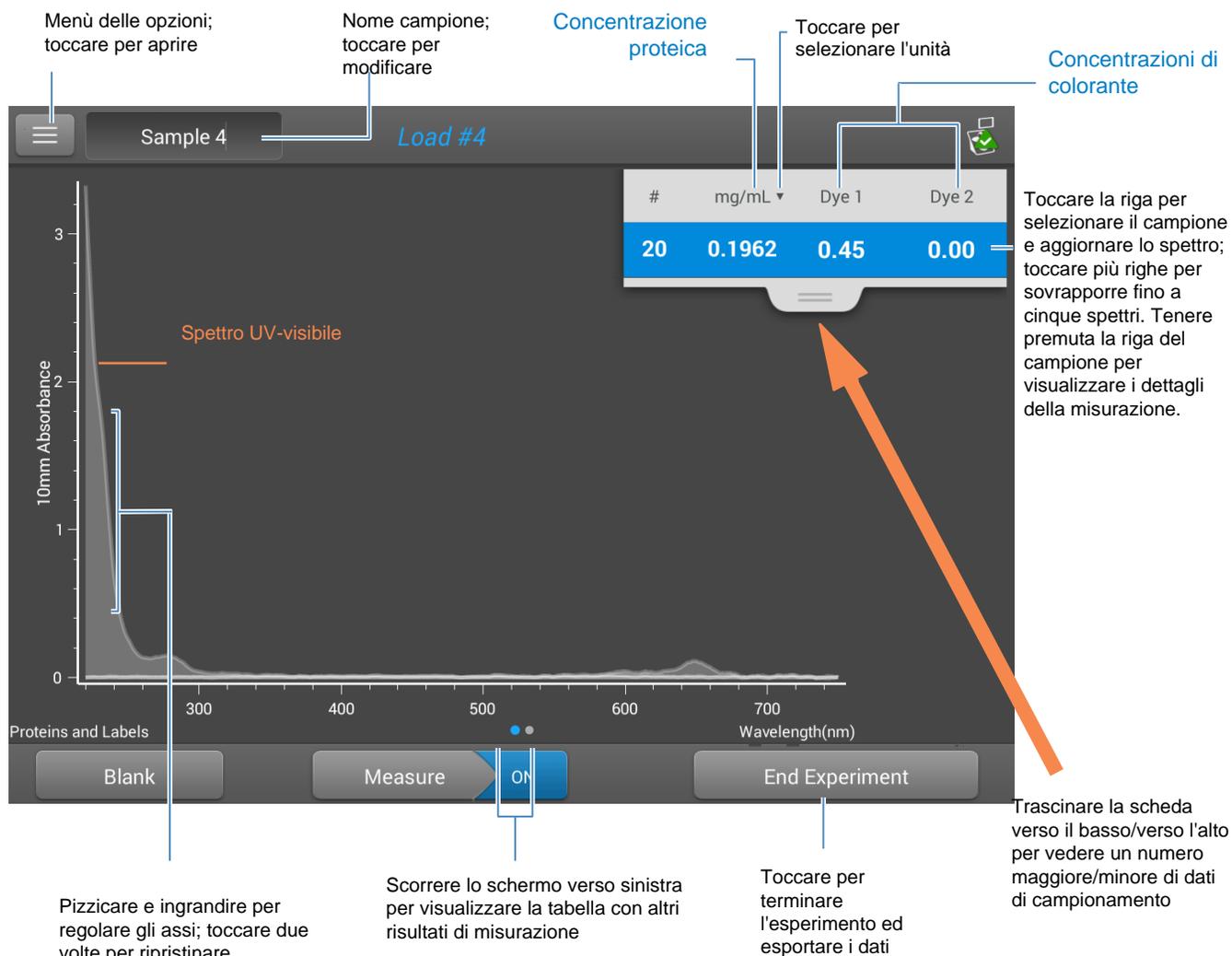
**Spettro UV**

Date	Sample	mg/mL	A280	A260/A280	Dye 1	Dye 1 Concentration	Dye 2	Dy
3/9/2021 10:12:38 AM	mix 2.1	9.792	11.80	0.67	green food dye	1758.05 mM	None	C
3/9/2021 10:13:00 AM	mix 2.1	4.758	5.81	0.67	green food dye	872.28 mM	None	C
3/9/2021 10:13:14 AM	mix 2.2	4.773	5.75	0.66	green food dye	877.90 mM	None	C
3/9/2021 10:13:25 AM	mix 2.1	4.814	5.78	0.66	green food dye	878.40 mM	None	C

**Schermata** di misurazione del software PC Control

**Nota**

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 850 nm (il valore di assorbanza a 850 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.



**Schermata di misurazione** dello strumento Local control di NanoDrop One

### Valori riportati di Proteine ed Etichette

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

#### Valori riportati per l'applicazione Proteine ed Etichette

- Dettagli del campionamento (metodo di applicazione e campionamento utilizzato, ovvero piedistallo o cuvetta)
- nome del campione
- Data di creazione
- Proteine
- A280

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione di Proteine ed Etichette

- [Tipo di campione](#)
- [Colorante 1/Colorante 2](#)
- [Correzione Colorante](#)
- [Correzione dell'analisi](#)

#### Argomenti correlati

- [Operazioni di base dello strumento](#)
- [Calcoli per Proteine ed Etichette](#)

### Impostazioni per le misurazioni di Proteine ed Etichette

Per visualizzare le impostazioni di Proteine ed Etichette, dall'apposita schermata delle schermata  **Impostazione Proteine ed Etichette.**

Impost	Opzioni disponibili	Coefficiente di est. di massa	Descrizione
Tipo di campione <sup>a</sup>	1 Abs = 1 mg/mL	generale 6.7	<a href="#">Toccare qui</a> per una descrizione dettagliata di ciascuna impostazione disponibile.
	BSA	13,7	
	Lisozima	26,4	Ciascun tipo di campione applica un coefficiente di estinzione univoco ai calcoli delle proteine. Se il coefficiente di estinzione del campione è noto, selezionare $\epsilon$ + MW (molare) o $\epsilon$ 1% (massa) (massa) e inserire il valore. In caso contrario, calcolare il coefficiente di estinzione o selezionare l'opzione che meglio si adatta alla soluzione campione. Se è necessaria solo una stima approssimativa della concentrazione di proteine e il coefficiente di estinzione del campione non è noto, selezionare l'opzione 1 Abs=1 mg/mL tipo di campione.
	IgG	coefficiente di estinzione molare/peso molecolare inserito dall'utente	
	Altre proteine ( $\epsilon$ + MW)	coefficiente di estinzione di massa inserito dall'utente	
Altre proteine ( $\epsilon$ 1%) Riferimento			<b>Suggerimento:</b> idealmente, il coefficiente di estinzione dovrebbe essere determinato empiricamente utilizzando una soluzione della proteina in studio a una concentrazione nota utilizzando lo stesso tampone.

Impostazioni	Opzioni disponibili	Coefficiente di est. di massa (L/gm-cm)	Descrizione
Correzione dell'analisi <sup>b</sup>	On o Off  Inserimento analisi  lunghezza d'onda della correzione dell'analisi in nm o utilizzare il valore predefinito (340 nm)	N/A	Corregge la misurazione dell'assorbanza del campione per qualsiasi discrepanza causata da particelle di dispersione della luce sottraendo il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione dell'analisi specificata dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda dell'analisi eseguita. Il valore corretto viene utilizzato per calcolare la concentrazione del campione.  <b>Suggerimento:</b> se il campione presenta una modifica che assorbe la luce a 340 nm, selezionare una lunghezza d'onda di correzione diversa o disattivare la funzione Correzione analisi.
Colorante 1/Colorante 2 Typec	Cy3, 5, 3.5 o 5.5,  Fluoro Alexa 546 555, 594, 647 o 660	Consultare  Editor <a href="#">Colorante/Cromoforo per valori specifici per ciascun colorante</a>	Selezionare il colorante predefinito utilizzato per contrassegnare il campione materiale, o uno precedentemente aggiunto utilizzando l'Editor Colorante/Cromoforo.
Unità Colorante 1/Colorante 2	picomoli/microlitri (pmol/uL), micromoli (uM) o millimoli (mM)	non applicabili	Selezionare l'unità per la relazione sulle concentrazioni di colorante.
Correzione Colorante	On o Off		Corregge le misurazioni dell'assorbanza del colorante per qualsiasi discrepanza causata da particelle di dispersione della luce sottraendo il valore di assorbanza di un valore al basale inclinato da 400 nm a 850 nm a partire dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di analisi del colorante.

<sup>a</sup> Per aggiungere o modificare una proteina personalizzata, utilizzare l'[Editor proteine](#).

<sup>b</sup> La correzione dell'analisi influisce sul calcolo solo per la concentrazione di proteine.

<sup>a</sup> Per aggiungere un colorante personalizzato o modificare l'elenco dei coloranti disponibili, utilizzare l'[Editor Colorante/Cromoforo](#).

<sup>d</sup> La correzione inclinata del colorante inclinato influisce sui calcoli solo per la concentrazione del colorante.

#### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)
- [Editor proteine](#)
- [Editor Colorante/Cromoforo](#)

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione di Proteine ed Etichette

## Limiti di rilevamento per le misurazioni di Proteine ed Etichette

I limiti di rilevamento e le specifiche di riproducibilità per le proteine BSA purificate e i coloranti predefiniti nel software sono forniti [qui](#). Il limite inferiore di rilevamento BSA e i valori di riproducibilità si applicano a qualsiasi tipo di campione proteico. I limiti superiori di rilevamento dipendono dal limite [superiore di assorbimento](#) dello strumento e dal coefficiente di estinzione del campione.

Per calcolare i limiti superiori di rilevamento per altri tipi di campioni proteici (non BSA)

Per calcolare i limiti superiori di rilevazione in mg/mL per le proteine, utilizzare la seguente equazione:

$$(\text{limite superiore di assorbimento dello strumento} / \text{coefficienti di estinzione di massa del campione}) * 10$$

Ad esempio, se il coefficiente di estinzione di massa del campione a 280 nm è 6,7 per una soluzione all'1% (10 mg/mL), l'equazione è simile alla seguente:

$$(550 / 6,7) * 10 = 824,6 \text{ (o } \sim 825)$$

Argomenti correlati

- [Limiti di rilevamento per tutte le applicazioni](#)

## Calcoli per l'applicazione Misurazioni Proteine ed Etichette

Come con le altre applicazioni di misurazione delle proteine, Proteine ed Etichette usa l' [equazione](#) di Beer-Lambert per correlare l'assorbimento con la concentrazione basata sul coefficiente e sulla lunghezza del percorso dell'estinzione del campione.

Questa applicazione offre sei opzioni (mostrate a destra) per selezionare un coefficiente di estinzione appropriato per ciascun campione misurato, da utilizzare in combinazione con la legge di Beer per calcolare la concentrazione del campione.

Se il coefficiente di estinzione del campione è noto, scegliere il  $\epsilon + MW$  (molare) o  $\epsilon 1\%$  (massa) e inserire il valore. In caso contrario, calcolare il coefficiente di estinzione o scegliere l'opzione che meglio si adatta alla soluzione campione.

**Suggerimento:** idealmente, il coefficiente di estinzione dovrebbe essere determinato empiricamente utilizzando una soluzione della proteina in studio a una concentrazione nota utilizzando lo stesso tampone.

### Opzioni disponibili per il coefficiente di estinzione

- **1 Abs = 1 mg/mL**, dove il tipo di campione e/o il coefficiente est. è sconosciuto (produce una stima approssimativa della concentrazione proteica)
- **BSA** (Albumina sierica bovina, 6,7 L/gm-cm)
- **IgG** (qualsiasi anticorpo di mammiferi, 13,7 L/gm-cm)
- **Lisozima** (lisozima di albume d'uovo, 26,4 L/gm-cm)
- **Altre proteine** ( $\epsilon + MW$ ), coefficiente est. molare specificato dall'utente
- **Altre proteine** ( $\epsilon 1\%$ ), coefficiente est. di massa specificato dall'utente

**Nota:** vedere [Tipo di campione](#) per i dettagli.

Le concentrazioni proteiche calcolate si basano sul valore di assorbanza a 280 nm, sul coefficiente di estinzione selezionato (o inserito) e sulla lunghezza del percorso del campione. È possibile applicare una correzione del valore al basale a punto singolo (o correzione dell'analisi).

La concentrazione è riportata in unità di massa. Su Internet sono disponibili i calcolatori per convertire la concentrazione da unità di massa a unità molari in base alla sequenza di campionamento.

Le concentrazioni di colorante sono calcolate in base al valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di analisi del colorante, al coefficiente di estinzione del colorante e alla lunghezza del percorso del campione. Si può anche utilizzare una correzione del colorante in pendenza.

### Valori misurati Assorbanza A280

**Nota:** il valore di assorbanza a 850 nm viene sottratto da tutte le lunghezze d'onda nello spettro. Di conseguenza, l'assorbanza a 850 nm è pari a zero negli spettri visualizzati. Inoltre, per le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.

- I valori di assorbanza delle proteine sono misurati a 280 nm utilizzando lo spettro normalizzato corretto e normalizzato a 850 nm. Se le voci [Correzione analisi](#) e [Correzione colorante](#) non sono selezionate, questo è il valore A280 riportato, nonché il valore utilizzato per calcolare la concentrazione di proteine.
- Se si seleziona [Correzione al basale](#), il valore di assorbanza normalizzato e corretto a 850nm nonché il valore a 280 nm corretto all'analisi viene riportato e utilizzato per calcolare la concentrazione proteica.
- Se si utilizza un colorante, il valore di assorbanza corretto a 850, normalizzato, corretto all'analisi e corretto al colorante a 280 nm viene riportato e utilizzato per calcolare la concentrazione proteica.

### Assorbanza del colorante

- I valori di assorbanza del colorante sono misurati a specifiche lunghezze d'onda. Vedere [Editor Colorante/cromoforo](#) per le lunghezze d'onda di analisi utilizzate.
- Se si seleziona la correzione del colorante in pendenza, verrà tracciata una linea di base lineare tra 400 nm e 850 nm e, per ciascun colorante, il valore di assorbanza della linea di base in pendenza verrà sottratto dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di analisi di ciascun colorante. I valori di assorbanza del colorante corretti al basale sono riportati e utilizzati per calcolare le concentrazioni di colorante.

### Correzione del colorante

- I coloranti predefiniti hanno valori di correzione noti per A260 e A280. Vedere [Editor Colorante/Cromoforo](#) per i valori di correzione utilizzati.
- La correzione del colorante A280 viene sottratta dal [valore di assorbanza A280](#) utilizzato per calcolare la concentrazione di proteine.

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione di Proteine ed Etichette

#### Lunghezza del percorso del campione

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

#### Valori riportati

- **Concentrazione proteica.** Riportato in unità selezionata (mg/mL o µg/mL). I calcoli si basano sull'Equazione di Beer-Lambert utilizzando il valore di assorbanza proteica corretto.
- **Concentrazione colorante 1/colorante 2.** Riportato in pmol/µL. I calcoli si basano sull'equazione della legge di Beer utilizzando i valori di assorbanza del colorante corretti per la linea di base (in pendenza).

#### Argomenti correlati

- [Equazione di Beer-Lambert](#)
- [Calcoli Protein A280](#)

## Misurazione Protein BCA

Misura la concentrazione proteica totale di campioni di proteine non purificati utilizzando un reagente colorimetrico di rilevamento dell'acido bicononico.

[Misurazione Proteine totali](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)



## Misurazione della concentrazione totale di proteine

Il saggio Protein BCA utilizza acido bicononico come reagente di rilevamento colorimetrico per determinare la concentrazione proteica totale in campioni di proteine non purificati. Questa applicazione è utile per misurare soluzioni proteiche diluite o le proteine in presenza di componenti che presentano un'assorbanza significativa tra 200 nm e 280 nm, il che esclude misurazioni dirette delle proteine a 280 nm o 205 nm. Questa applicazione misura l'assorbanza a 562 nm e utilizza una curva standard per calcolare la concentrazione di proteine. Viene applicata una correzione del valore al basale a punto singolo.

## Teoria del saggio Protein BCA

Il saggio Protein BCA utilizza acido bicononico (BCA) come reagente di rilevamento per  $\text{Cu}^{+1}$ , che si forma quando  $\text{Cu}^{+2}$  viene ridotto da alcune proteine in un ambiente alcalino. Un prodotto di reazione viola è formato dalla chelazione di due molecole di BCA con uno ione rameoso ( $\text{Cu}^{+1}$ ). Il chelato di Cu-BCA risultante che si forma in presenza di proteine viene misurato a 562 nm e corretto al basale utilizzando il valore di assorbanza a 750 nm. I kit preformulati di reagente BCA e  $\text{CuSO}_4$  sono disponibili presso il produttore o presso un distributore locale.

## Kit e protocolli per il saggio delle proteine

Si prega di fare riferimento al sito Web NanoDrop per kit e protocolli aggiornati per gli strumenti NanoDrop One. Seguire le raccomandazioni del produttore del kit di analisi per tutti gli standard e i campioni (sconosciuti). Assicurarsi che ciascuno sia sottoposto alla stessa tempistica e temperatura per tutta la durata del saggio.

Gli standard di proteine per la generazione di una curva standard possono inoltre essere forniti dal produttore del kit. Poiché i piedistalli NanoDrop One possono misurare concentrazioni proteiche più elevate rispetto agli spettrofotometri tradizionali a cuvette, potrebbe essere necessario fornire i propri standard proteici a concentrazioni più elevate rispetto a quelle fornite dal produttore. Ad esempio, possono essere richiesti standard aggiuntivi per garantire che la curva standard copra l'intervallo dinamico del saggio e l'intervallo previsto dei campioni sconosciuti.

### Lavorare con curvestandard

Per l'analisi colorimetrica delle proteine è necessaria una curva standard.

- Ogni esperimento richiede una curva standard. È possibile eseguire una nuova curva standard o importarne una da un esperimento eseguito in precedenza.

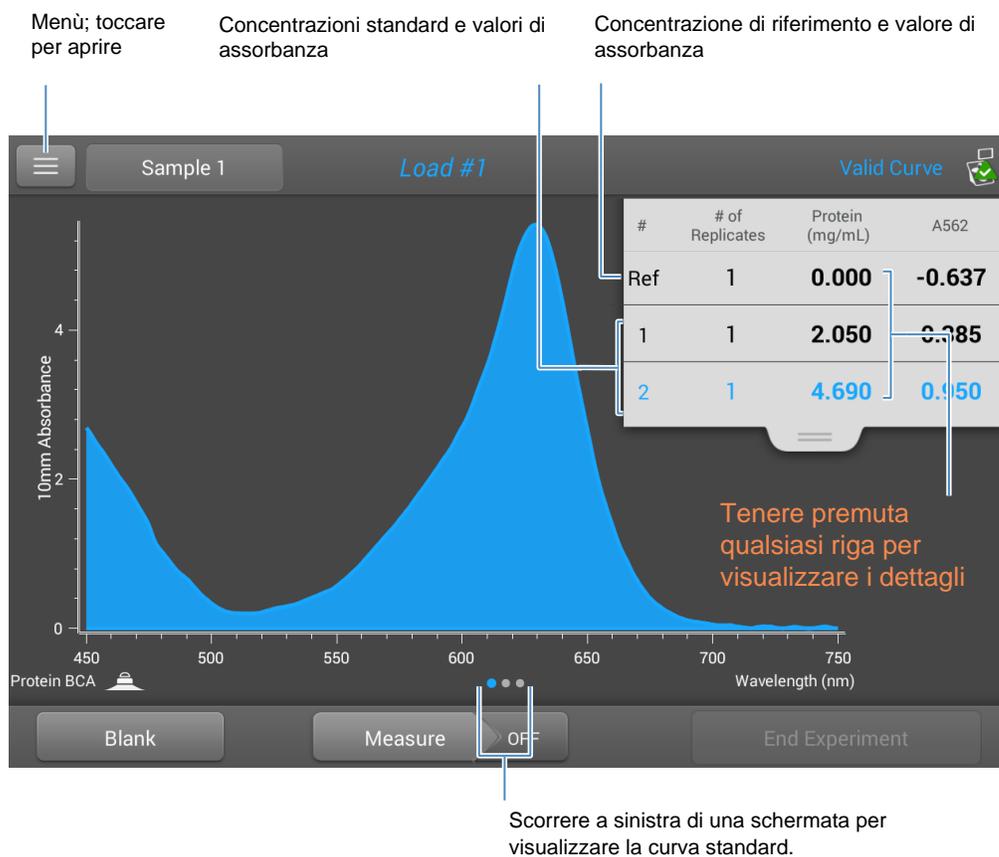
- Per importare una curva standard, dal software PC Control, selezionare l'icona  Carica standard, selezionare uno standard e cliccare su Carica.

Da Local Control, toccare  e selezionare uno Standard per importare una curva standard.

- Ripetere la procedura per preparare campioni standard e sconosciuti. Consultare le linee guida e le raccomandazioni del produttore del kit.
  - **Tutte le soluzioni di riferimento e standard** devono coincidere con il tampone utilizzato per risospendere i campioni oltre allo stesso volume di reagente aggiunto ai campioni.
  - **Il primo standard** costituisce una misura di riferimento. La soluzione di riferimento non deve contenere nessuno degli analiti di interesse. (La misura di riferimento non coincide con una misurazione blank Questa applicazione richiede entrambe.)
  - **L'intervallo di concentrazione degli standard** deve coprire l'intervallo dinamico del saggio e l'intervallo previsto dei campioni sconosciuti. Le concentrazioni dell'analita campione non vengono estrapolate oltre la concentrazione dello standard più elevato.
- Utilizzare la schermata di configurazione dell'applicazione per inserire i valori di concentrazione per gli standard e per specificare la modalità di misurazione degli standard e i campioni (numero di replicati, ecc.).
  - A seconda dell'impostazione del [tipo di curva](#), è possibile generare una curva standard utilizzando due o più standard.
  - Il software **richiede una misurazione di riferimento** e ammette **fino a 7 standard**.
  - **I valori di concentrazione per gli standard** possono essere inseriti in qualsiasi ordine, tuttavia gli standard devono essere misurati nell'ordine in cui sono stati inseriti; tuttavia, le procedure ottimali impongono che gli standard siano misurati dalla concentrazione più bassa a quella più alta dello stock di analita standard.

- Per tutti i saggi colorimetrici eccetto Protein Pierce 660, eseguire un blanking **dello strumento** con DI<sub>H2O</sub>(acqua deionizzata). Per Protein Pierce 660, eseguire un blanking con la soluzione di riferimento (cfr. sotto).
- **Misurare il riferimento e tutti gli standard** prima di iniziare ad analizzare i campioni. (Una volta misurato il primo campione, non sono consentite ulteriori modifiche alla curva standard.)

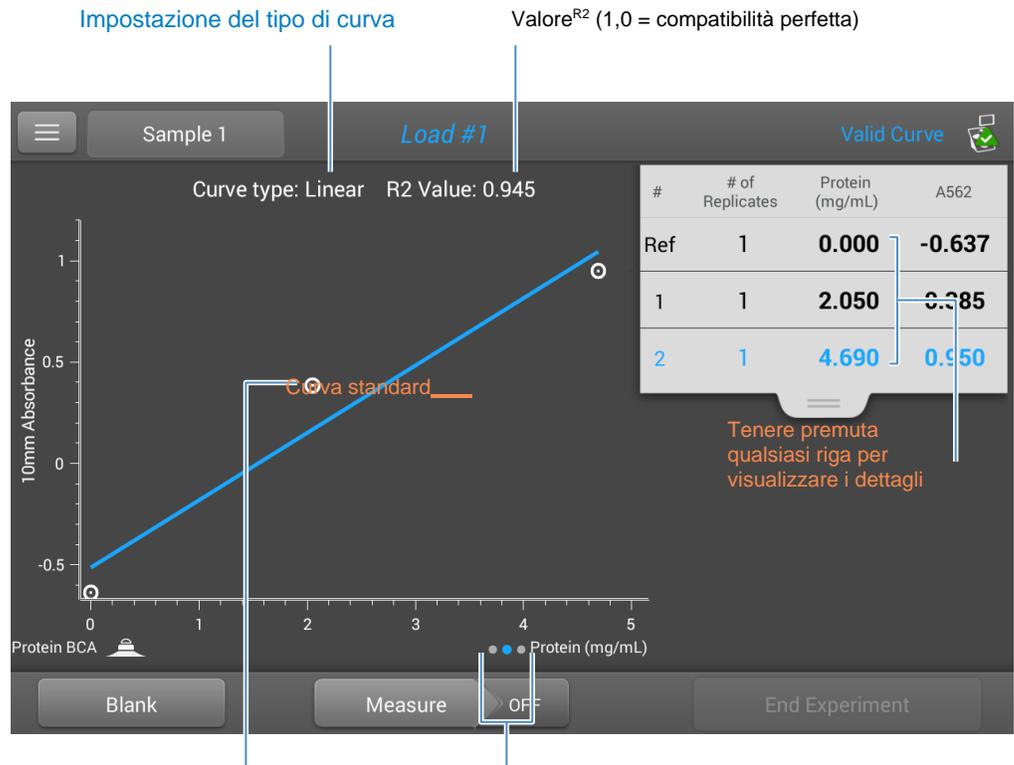
Durante la misurazione degli standard, viene visualizzata una schermata di misurazione, simile a quelle relative ai campioni.



## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein BCA

Scorrere a sinistra di una schermata per visualizzare la curva standard durante la sua creazione. Di seguito si riporta un esempio:



I cerchi bianchi indicano i punti di dati per gli standard

Scorrere a sinistra di una schermata per visualizzare la tabella dei dati per gli standard

Il valore<sup>R2</sup> indica il grado con cui la curva standard si adatta ai punti di dati standard (1,0 è una misura perfetta; tutti i punti si trovano esattamente sulla curva).

Scorrere a sinistra di una schermata per visualizzare la tabella dei dati per gli standard. Di seguito si riporta un esempio:

#	# 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

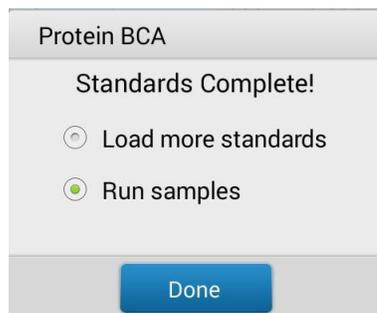
Tenere premuta qualsiasi riga per visualizzare i dettagli

Premere e tenere premuta una riga in una qualsiasi delle schermate precedenti per visualizzare i dettagli su un singolo standard. Di seguito si riporta un esempio:

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

Toccare per eliminare questa misurazione

Una volta misurato il numero minimo di standard per il tipo di curva selezionato, viene visualizzato un messaggio simile al seguente:



**Carica altri standard:** ritorna alla schermata di configurazione dove è possibile aggiungere o modificare il valore di concentrazione per qualsiasi standard e quindi misurarlo.

**Esegui campioni:** continua alla schermata di misurazione del campione, successivamente, gli standard non possono più essere modificati.

- È possibile aggiungere, modificare o eliminare uno standard in qualsiasi momento precedentemente la prima misurazione del campione.

**Aggiungi standard:**

- dalla schermata di misurazione degli standard,  toccare > **[nome applicazione] Configurazione**
- toccare il successivo campo vuoto Concentrazione e inserire il valore di concentrazione per il nuovo standard
- toccare **Fatto**

**Modifica standard:**

- dalla schermata di misurazione degli standard,  toccare > **[nome applicazione] Configurazione**
- toccare il campo Concentrazione e modificare il valore di concentrazione
- toccare **Fatto**

**Elimina standard:**

- dalla schermata di misurazione degli standard, dalla schermata della curva standard o dalla tabella dei dati degli standard, tenere premuta la riga per visualizzare la casella Dettagli standard
- toccare 

Lo standard non viene più visualizzato nella tabella sullo schermo di misurazione, analogamente, il suo valore di concentrazione non viene più visualizzato sullo schermo di configurazione.

Nota È possibile utilizzare questo metodo per eliminare la misura di riferimento; tuttavia, è necessario misurare un nuovo riferimento subito dopo.

- Dopo aver misurato il numero minimo di standard per il tipo di curva selezionato, il messaggio "Curva non valida" cambia in "Curva valida". (Ciò si verifica anche quando sono stati definiti standard aggiuntivi ma non ancora misurati). Nel caso in cui il messaggio "Curva non valida" resti invariato dopo aver misurato tutti gli standard inseriti, provare:
  - a selezionare un tipo di curva diverso
  - a eseguire nuovamente la misurazione degli standard utilizzando il materiale standard corretto

**Indicatore di curva valido:** ciò indica esclusivamente che il numero minimo richiesto di punti è stato stabilito per il tipo di curva selezionato. Non convalida l'integrità della curva. Ad esempio, possono essere richiesti standard aggiuntivi per coprire l'intervallo di concentrazione del saggio previsto.

Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein BCA

#### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

#### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

#### Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein BCA

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Proteine**, quindi toccare **Protein BCA**.
2. Specificare un [tipo di curva](#) e il numero di [replicati per ogni standard](#), quindi inserire la [concentrazione di ciascuno standard](#).

**Suggerimento:** per questo saggio, si consiglia di impostare il **tipo di curva** su "Lineare".

3. Misurare un blank:
  - pipettare 2 µL DI H<sub>2</sub>O sul piedistallo e sul braccio inferiore, oppure inserire la cuvetta DI H<sub>2</sub>O nell'apposito supporto

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con quello](#) della luce dello strumento.

- Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta
4. Standard di riferimento della misurazione:
- pipettare 2  $\mu\text{L}$  di soluzione di riferimento sul piedistallo o inserire la cuvetta di riferimento (la soluzione di riferimento non deve contenere alcuno stock di proteine standard, consultare [Utilizzo delle curve standard](#) per i dettagli)
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
5. Misurare gli standard rimanenti:
- pipettare 2  $\mu\text{L}$  standard 1 su piedistallo, o inserire la cuvetta standard 1
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
  - ripetere i passaggi secondari di cui sopra per ciascuno standard aggiuntivo (una volta misurato il numero specificato di standard e replicati, comparirà un messaggio con la richiesta di caricamento di altri standard o di avvio della misurazione dei campioni)
  - se gli standard di misurazione sono stati completati, toccare **Fatto** (scorrere verso sinistra per visualizzare la curva standard)
6. Misurazione dei campioni:
- pipettare 2  $\mu\text{L}$  di campione 1 sul piedistallo o inserire la cuvetta col campione 1
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
7. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
8. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

## Report risultati Protein BCA

### Schermata di misurazione Protein BCA

Per ciascun campione e standard misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza visibile e un riepilogo dei risultati. Selezionare "Curva" per visualizzare la curva Standard. Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:

Applicazione

Metodo di campionamento

Nome del campione della misurazione successiva; selezionare per modificare

Impostazioni Protein BCA

Carica standard

Esegui blank

Misura campione

Termina esperimento

Menù delle opzioni; cliccare per aprire

Selezionare "Curva" per visualizzare la curva Standard.

Cliccare con il pulsante destro del mouse sull'area del grafico per visualizzare le opzioni di visualizzazione.

Menù delle opzioni della tabella; Cliccare per scegliere le colonne da inserire nel report

Nome campione; selezionare per modificare

Concentrazione proteica

Dati di assorbanza per replicati standard

Cliccare sulla riga per selezionare il campione e aggiornare lo spettro.

**Spettro UV**

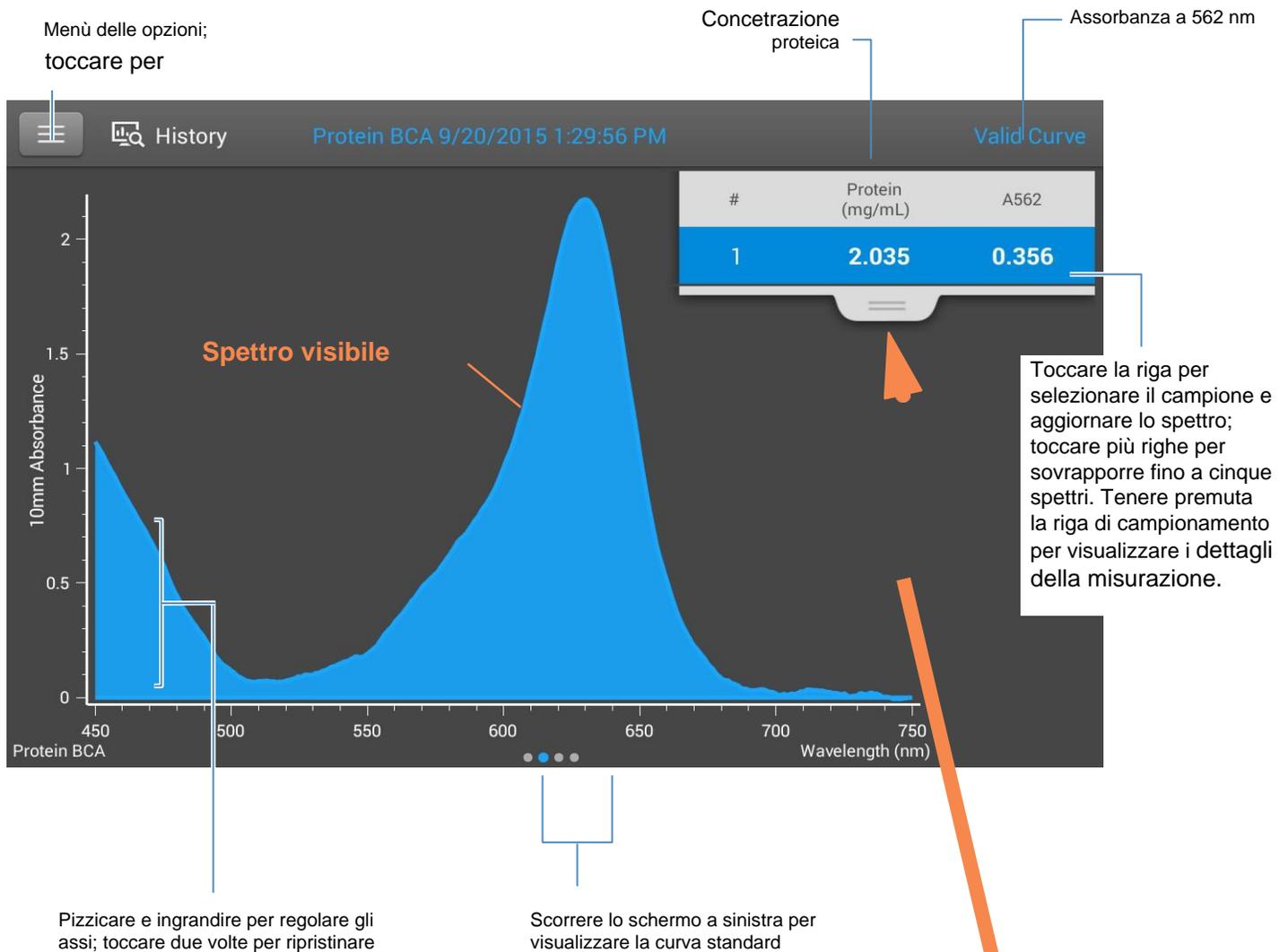
Sample	# of Replicates	mg/mL	A562	Average A562	#1 A562	#2 A562	#3 A562
Blank	0						
0.2 mg/ml 1	1	0.243	1.29				
0.2 mg/ml 2	1	0.24	1.27				
0.2 mg/ml 3	1	0.241	1.28				

Schermata di misurazione del software PC Control

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein BCA

Quando si utilizza Local Control, la curva standard è disponibile scorrendo verso sinistra a partire dalla schermata di misurazione (o nella **Cronologia** come mostrato di seguito).



**Schermata di misurazione** dello strumento Local control di NanoDrop One

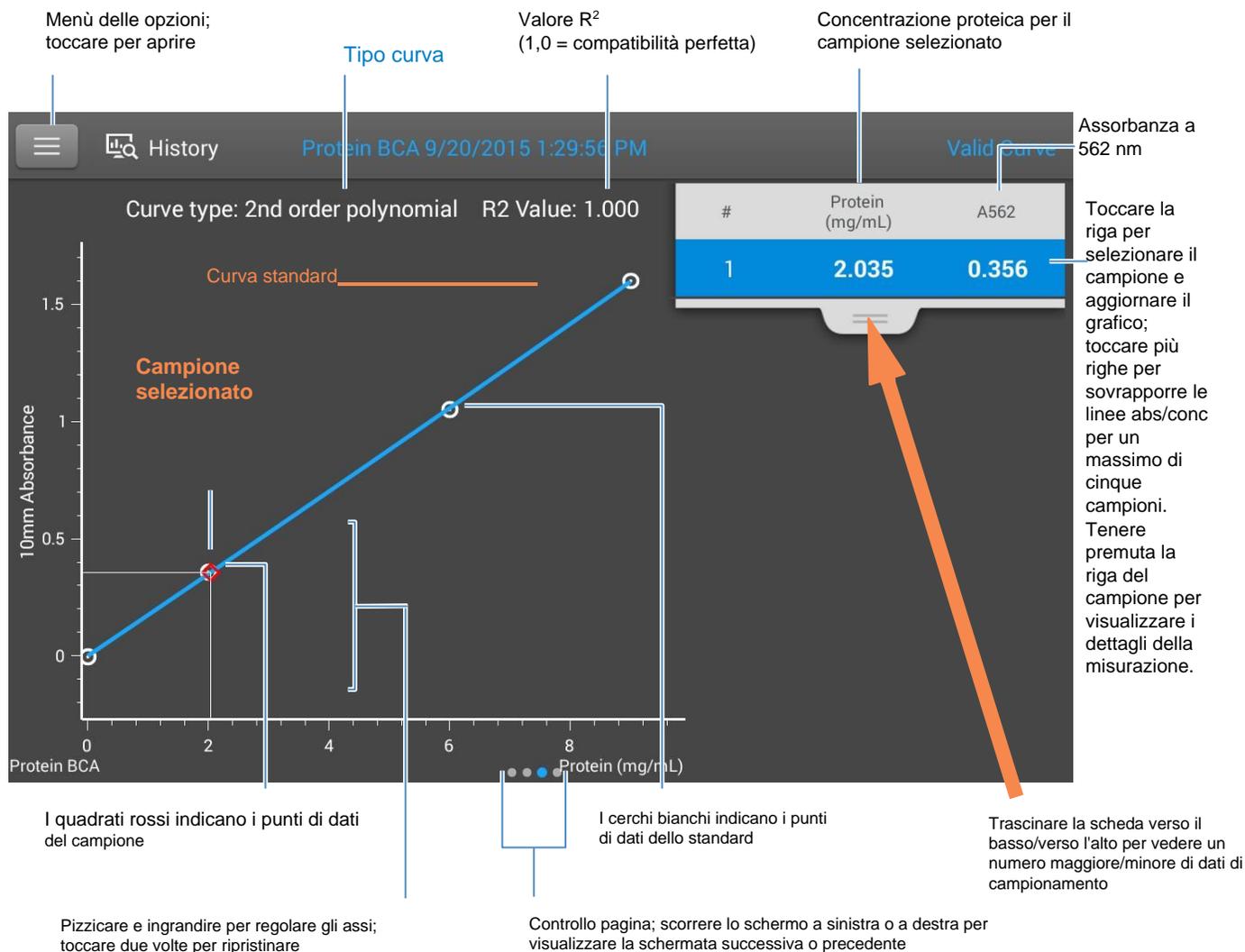
#### Nota

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 750 nm (il valore di assorbanza a 750 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Schermata curva standard dell'applicazione Protein BCA

La schermata della curva standard mostra graficamente la relazione tra gli standard misurati, la curva standard calcolata e l'assorbanza misurata, nonché la concentrazione calcolata per un campione selezionato. Una linea orizzontale collega il valore di assorbanza del campione sull'asse Y alla curva standard. Una linea verticale collega quel punto al valore di concentrazione del campione sull'asse X.

Il valore  $R^2$  indica il grado con cui la curva standard si adatta ai punti di dati standard (1,0 è una misura perfetta; ossia, tutti i punti si trovano esattamente sulla curva).



**Schermata curva standard** del software Local control di NanoDrop One (mostrata dalla cronologia)

## 5 Applicazioni Protein

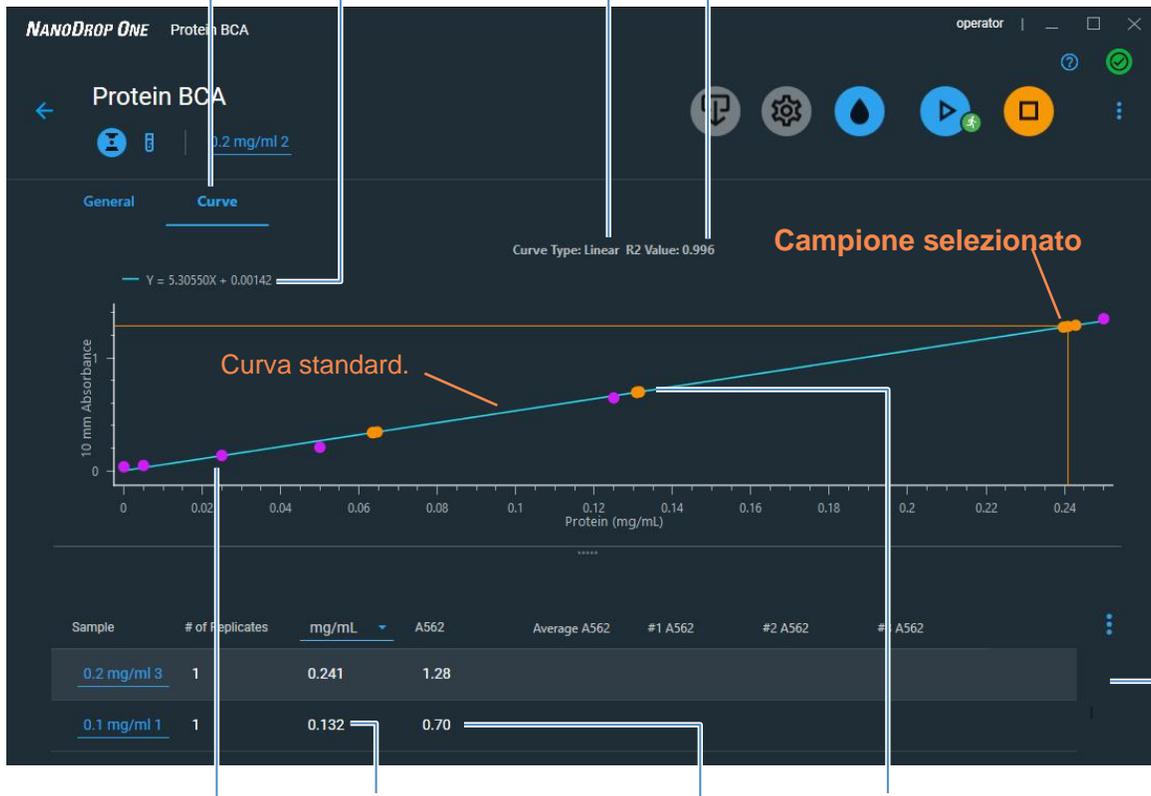
### Misurazione Protein BCA

Visualizzare la curva standard.

Riga dell'equazione di corrispondenza ottimale

Tipo curva

Valore R<sup>2</sup> (1,0 = compatibilità perfetta)



Cliccare la riga per selezionare il campione e aggiornare il grafico; selezionare più righe per sovrapporre le linee abs/conc per un massimo di cinque campioni.

I punti rosa indicano punti di dati dello standard

Concentrazione proteica per il campione selezionato

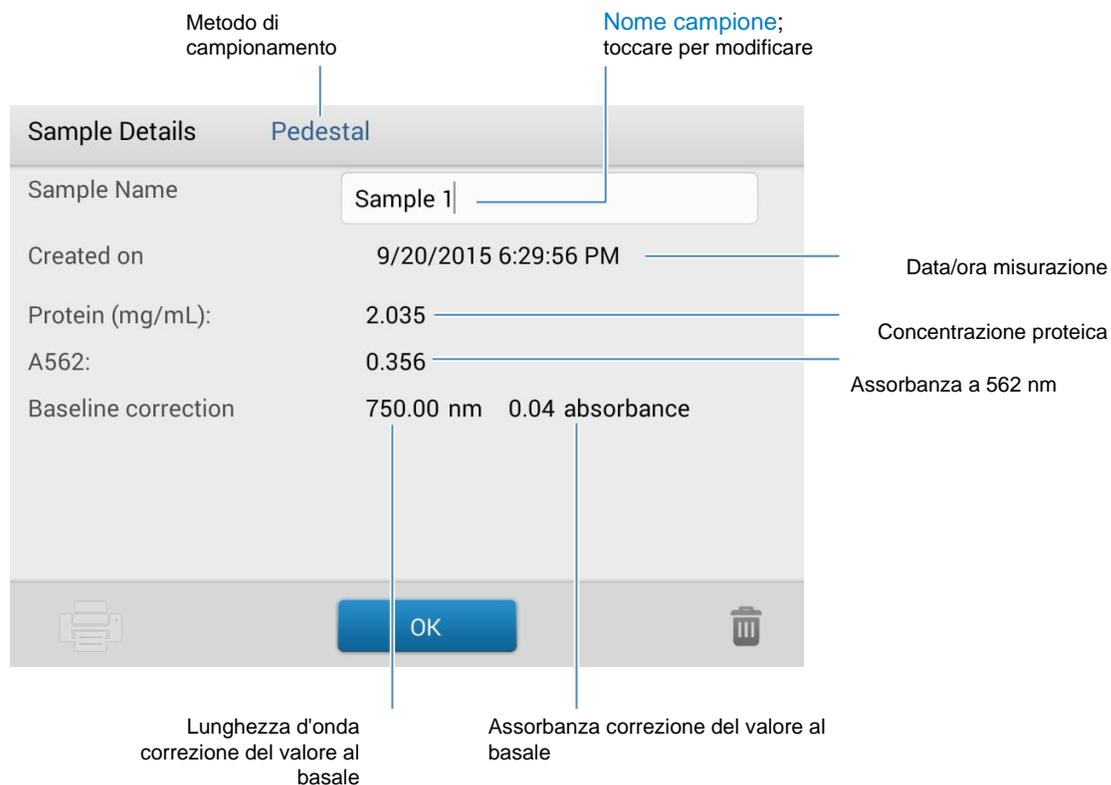
Assorbanza a 562 nm

I punti arancioni indicano punti di dati del campione

**Schermata curva standard** del software PC Control

## Report Valori Protein BCA

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione, mentre la schermata degli standard (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:



### Argomenti correlati

- [Operazioni di base dello strumento](#)
- [Calcoli Protein A280](#)

## Impostazioni per le misurazioni Protein BCA

Per visualizzare le impostazioni di Protein BCA, dall'apposita schermata di misurazione, toccare  > **Impostazioni Protein BCA.**

Nel software PC Control, cliccare sull'icona Impostazioni Protein BCA.



Nota È possibile modificare l'impostazione Tipo curva durante la misurazione degli standard modificando la casella di riepilogo nella parte superiore della schermata di misurazione dell'applicazione. È possibile modificare il valore di concentrazione per un dato standard dalla schermata di impostazione dell'applicazione.  
Dopo la prima misurazione del campione, queste impostazioni non possono essere modificate.

Descrizione	impostazione
Tipo di curva	<p>Consente di specificare il tipo di equazione utilizzata per creare una curva standard a partire da valori di concentrazione standard. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– <b>Lineare:</b> disegna la retta lineare dei minimi quadrati attraverso tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li> <li>– <b>Interpolazione:</b> disegna una serie di linee rette per collegare tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li> <li>– <b>Polinomio di 2° grado: disegna il polinomio</b> dei minimi quadrati del 2° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno due standard)</li> <li>– <b>Polinomio di 3° grado: disegna il polinomio</b> dei minimi quadrati del 3° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno tre standard) (Pagina lasciata intenzionalmente in bianco)</li> </ul>
Replicati	<p>Inserire il numero di misurazioni del riferimento o dello stesso campione o standard per cui viene calcolata la media per ottenere il valore di concentrazione associato.</p> <p><b>Nota:</b> l'impostazione dei replicati non può essere modificata una volta effettuata la misurazione del primo standard.</p>
Standard	<p>Inserire il valore di concentrazione effettivo di ciascuno standard.</p> <p><b>Nota:</b> i valori di concentrazione possono essere inseriti in qualsiasi ordine, tuttavia gli standard devono essere misurati nell'ordine in cui sono stati inseriti.</p>

## Misurazione Protein Bradford

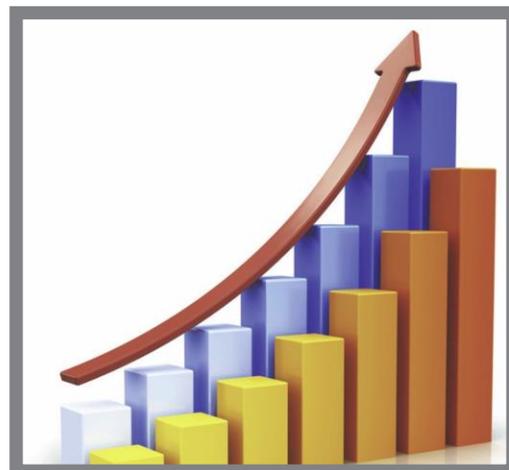
Misura la concentrazione proteica totale di campioni di proteine non purificati utilizzando un reagente colorimetrico di rilevamento Coomassie Blue.

[Misurazione Proteine totali](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)



## Misurazione della concentrazione totale di proteine

Il saggio Protein Bradford della proteina utilizza il colorante Coomassie Blue come reagente di rilevamento colorimetrico per determinare la concentrazione proteica totale in campioni di proteine non purificati. Questa applicazione è utile per misurare soluzioni proteiche diluite che richiedono una minore sensibilità di rilevamento o le proteine in presenza di componenti che presentano un'assorbanza significativa tra 200 nm e 280 nm, il che esclude misurazioni dirette delle proteine a 280 nm o 205 nm. Questa applicazione misura l'assorbanza a 595 nm e utilizza una curva standard per calcolare la concentrazione di proteine. Per ulteriori informazioni, consultare [Utilizzo delle curve standard](#). Viene applicata una correzione del valore al basale a punto singolo.

## Teoria del saggio Protein Bradford

Il saggio Protein Bradford utilizza lo spostamento di assorbanza indotto da proteine del colorante Coomassie Blue per determinare la concentrazione proteica totale. Il complesso proteina-colorante legato viene misurato a 595 nm e corretto al basale utilizzando il valore di assorbanza a 750 nm. Kit preformulati di miscela di reagenti stabilizzati contenente colorante Coomassie Blue, alcol e tensioattivo sono disponibili presso il produttore o presso un distributore locale.

Per massimizzare l'affidabilità con il saggio Protein Bradford:

- **Lavorare rapidamente e non lasciare che gli standard o i campioni preparati restino in sede più a lungo del necessario.** Il colorante Coomassie e gli aggregati di proteina colorante Coomassie possono formare particelle con un tempo di sviluppo crescente, con conseguenti fluttuazioni significative nelle letture dell'assorbanza.

- **Misurare gli standard e i campioni tre volte** utilizzando una nuova aliquota per ciascuna misurazione. Per le misurazioni del piedistallo, il segnale totale dell'analita (colorante proteico) a 595 nm è limitato a ~0,150A a causa della lunghezza della relativa corsa pari a 1,0 mm, della concentrazione del colorante Coomassie e del pH acido.

**Nota** Se si dispone di uno strumento modello NanoDrop OneC, l'utilizzo dell'opzione cuvette si tradurrà in un segnale di assorbanza più elevato.

#### Kit e protocolli per il saggio delle proteine

Si prega di fare riferimento al sito Web NanoDrop per kit e protocolli aggiornati per gli strumenti NanoDrop One. Seguire le raccomandazioni del produttore del kit di analisi per tutti gli standard e i campioni (sconosciuti). Assicurarsi che ciascuno sia sottoposto alla stessa tempistica e temperatura per tutta la durata del saggio.

Gli standard di proteine per la generazione di una curva standard possono inoltre essere forniti dal produttore del kit. Poiché i piedistalli NanoDrop One possono misurare concentrazioni proteiche più elevate rispetto agli spettrofotometri tradizionali a cuvette, potrebbe essere necessario fornire i propri standard proteici a concentrazioni più elevate rispetto a quelle fornite dal produttore. Ad esempio, possono essere richiesti standard aggiuntivi per garantire che la curva standard copra l'intervallo dinamico del saggio e l'intervallo previsto dei campioni sconosciuti.

#### Curve standard di Protein Bradford

Per l'analisi colorimetrica delle proteine è necessaria una curva standard.

- Ogni esperimento richiede una curva standard. È possibile eseguire una nuova curva standard o importarne una da un esperimento eseguito in precedenza.
- Per importare una curva Standard, da Local control, toccare  e selezionare uno Standard.

Per ulteriori informazioni, consultare [Utilizzo delle curve standard](#).

Nota: l'importazione di standard per l'applicazione Protein Bradford è supportata solo nel software Local control.

#### Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein Bradford

##### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein Bradford

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Proteine**, quindi toccare **Protein Bradford**.
2. Specificare un [tipo di curva](#) e il numero di [replicati per ogni standard](#), quindi inserire la [concentrazione di ciascuno standard](#).  
**Suggerimento:** per questo saggio, impostare il **tipo di curva** su "Polinomio di secondo grado" e **Replicati** a 3.
3. Misurare un blank:
  - pipettare 2 µL DI H<sub>2</sub>O sul piedistallo e sul braccio inferiore, oppure inserire la cuvetta DI H<sub>2</sub>O nell'apposito supporto  
**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con quello](#) della luce dello strumento.
  - Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta
4. Standard di riferimento della misurazione:
  - pipettare 2 µL di soluzione di riferimento sul piedistallo o inserire la cuvetta di riferimento (la soluzione di riferimento non deve contenere alcuno stock di proteine standard, consultare [Utilizzo delle curve standard](#) per i dettagli)
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
5. Misurare gli standard rimanenti:
  - pipettare 2 µL standard 1 su piedistallo, o inserire la cuvetta standard 1
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
  - ripetere i passaggi secondari di cui sopra per ciascuno standard aggiuntivo (una volta misurato il numero specificato di standard e replicati, comparirà un messaggio con la richiesta di caricamento di altri standard o di avvio della misurazione dei campioni)
  - se gli standard di misurazione sono stati completati, toccare **Fatto** (scorrere verso sinistra per visualizzare la curva standard)

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein Bradford

6. Misurazione dei campioni:
  - pipettare 2  $\mu$ L di campione 1 sul piedistallo o inserire la cuvetta col campione 1
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
7. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
8. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

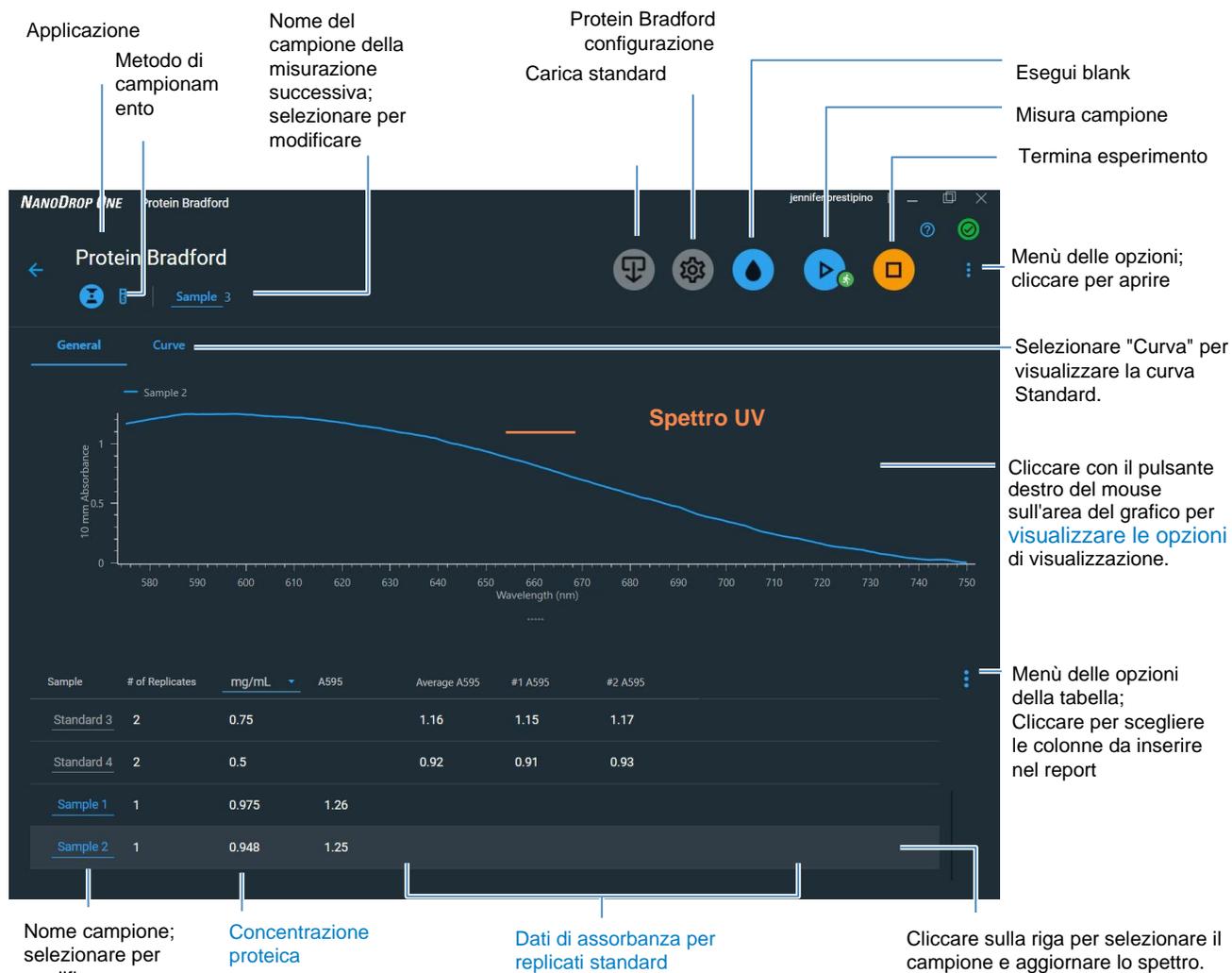
#### Argomenti correlati

- [Utilizzo delle curve standard](#)
- [Procedure ottimali per la misurazione delle proteine](#)
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Risultati riportati per la misurazione Protein Bradford

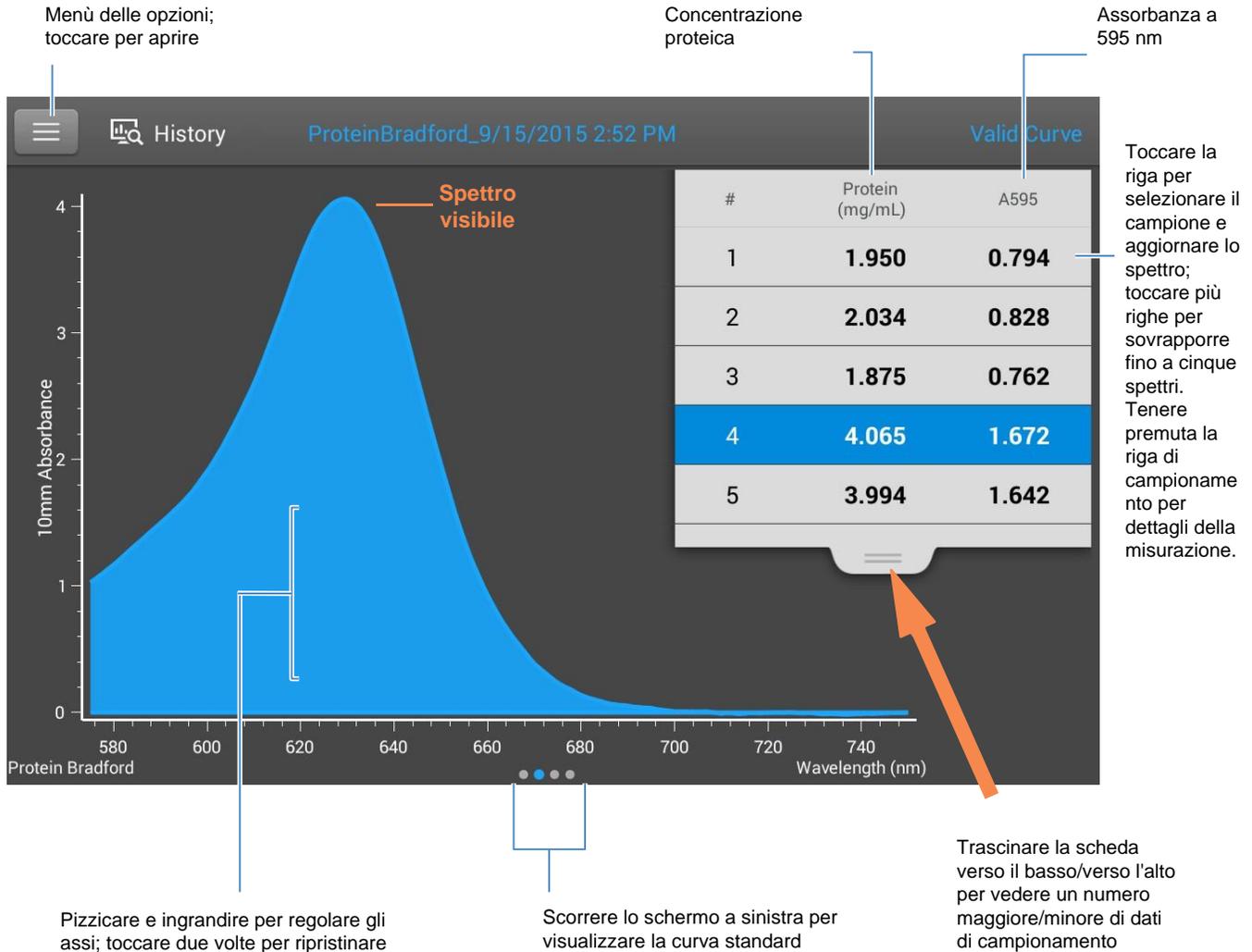
### Schermata di misurazione Protein Bradford

Per ciascun campione e standard misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza visibile e un riepilogo dei risultati. Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:



**5 Applicazioni Protein**  
Misurazione Protein Bradford

In Local control, la curva standard è inoltre disponibile scorrendo verso sinistra a partire dalla schermata di misurazione (o nella [Cronologia](#) come mostrato di seguito).



**Schermata di misurazione** dello strumento Local control di NanoDrop One

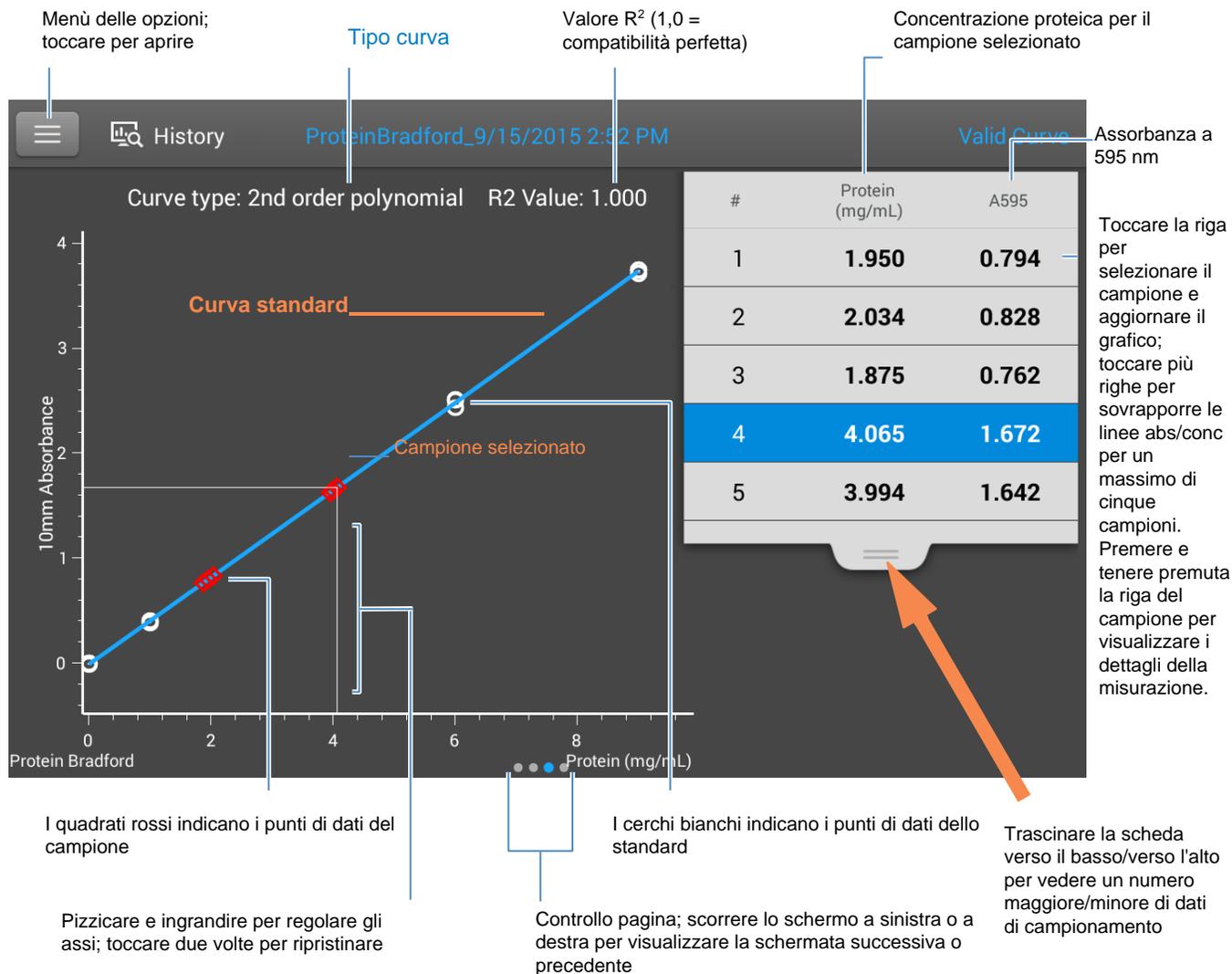
**Nota**

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 750 nm (il valore di assorbance a 750 nm viene sottratto dai valori di assorbance a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbance micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

### Schermata curva standard Protein Bradford

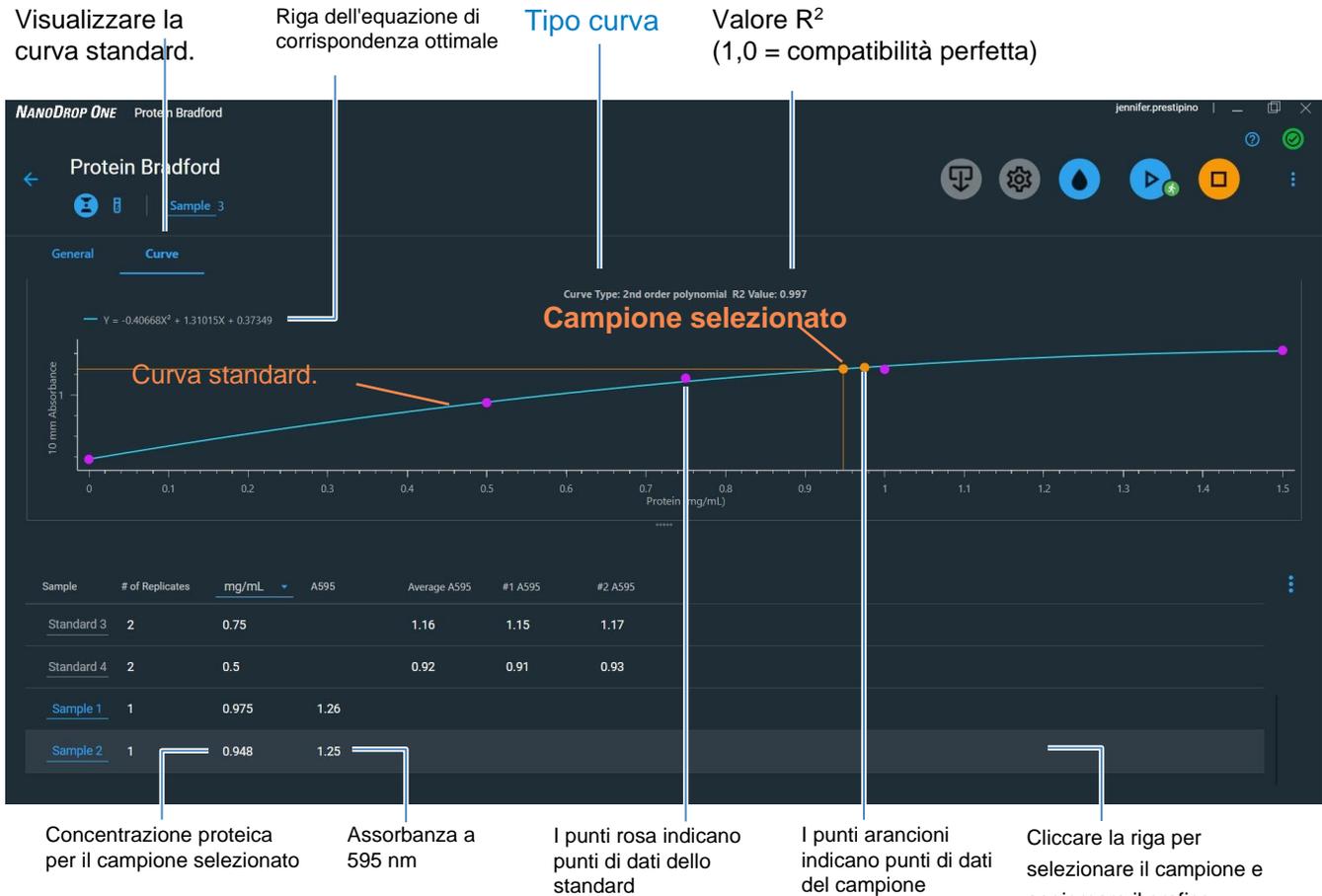
La schermata della curva standard mostra graficamente la relazione tra gli standard misurati, la curva standard calcolata e l'assorbanza misurata, nonché la concentrazione calcolata per un campione selezionato. Una linea orizzontale collega il valore di assorbanza del campione sull'asse Y alla curva standard. Una linea verticale collega quel punto al valore di concentrazione del campione sull'asse X.

Il valore  $R^2$  indica il grado con cui la curva standard si adatta ai punti di dati standard (1,0 è una misura perfetta; ossia, tutti i punti si trovano esattamente sulla curva).



**Schermata curva standard** del software Local control di NanoDrop One (mostrata dalla cronologia)

**5 Applicazioni Protein**  
Misurazione Protein Bradford



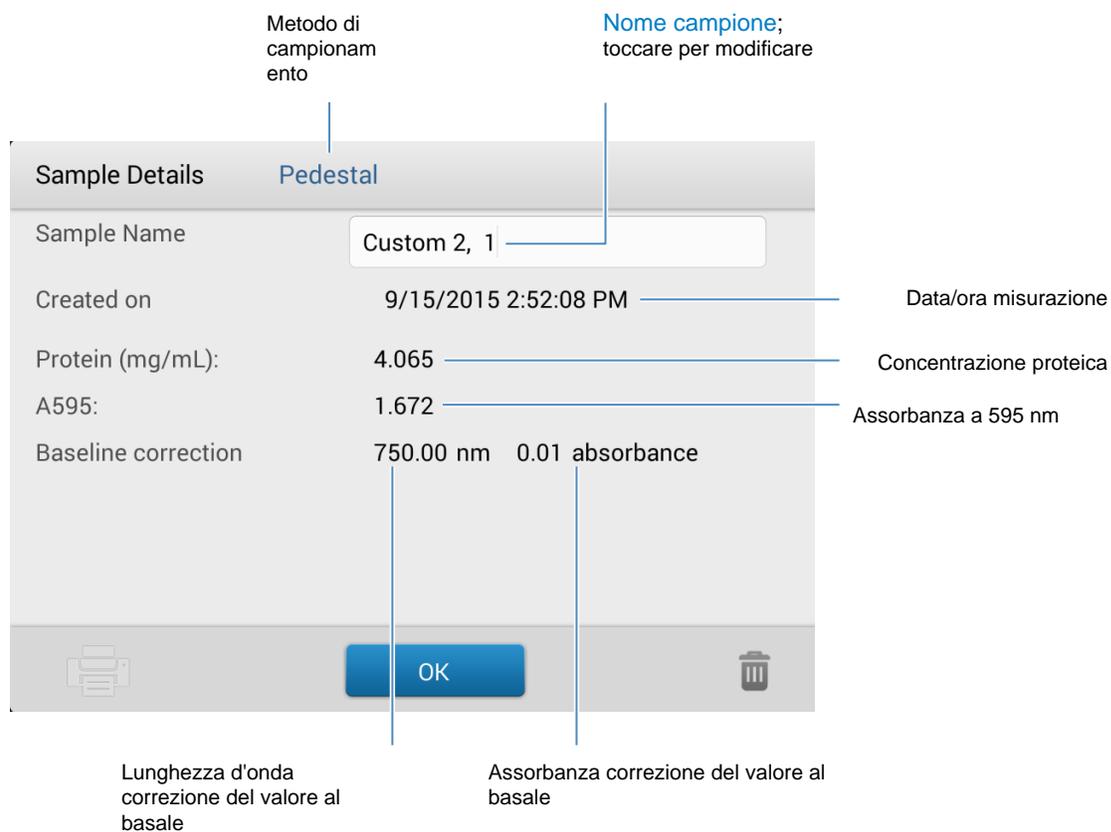
**Schermata curva standard** del software PC Control

**Nota**

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 750 nm (il valore di assorbanza a 750 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Valori riportati per la misurazione Protein Bradford

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione, mentre la schermata degli standard (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:



### Argomenti correlati

- [Esempio di curva standard](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)
- [Calcoli Protein A280](#)

## Impostazioni per le misurazioni Protein Bradford

Per visualizzare le impostazioni di Protein Bradford, dall'apposita schermata di misurazione, toccare  > **Impostazioni Protein Bradford.**

Nel software PC Control, cliccare sull'icona Impostazioni Protein Bradford.



Nota È possibile modificare l'impostazione Tipo curva durante la misurazione degli standard modificando la casella di riepilogo nella parte superiore della schermata di misurazione dell'applicazione. È possibile modificare il valore di concentrazione per un dato standard dalla schermata di impostazione dell'applicazione.  
Dopo la prima misurazione del campione, queste impostazioni non possono essere modificate.

Impostazione	Descrizione
Tipo di curva	<p>Consente di specificare il tipo di equazione utilizzata per creare una curva standard a partire da valori di concentrazione standard. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>– <b>Lineare:</b> disegna la retta lineare dei minimi quadrati attraverso tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li><li>– <b>Interpolazione:</b> disegna una serie di linee rette per collegare tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li><li>– Polinomio di <b>2° grado: disegna il polinomio</b> dei minimi quadrati del 2° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno due standard)</li><li>– Polinomio di <b>3° grado: disegna il polinomio</b> dei minimi quadrati del 3° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno tre standard) (Pagina lasciata intenzionalmente in bianco)</li></ul>
Replicati	<p>Inserire il numero di misurazioni del riferimento o dello stesso campione o standard per cui viene calcolata la media per ottenere il valore di concentrazione associato.</p> <p><b>Nota:</b> l'impostazione dei replicati non può essere modificata una volta effettuata la misurazione del primo standard.</p>
Standard	<p>Inserire il valore di concentrazione effettivo di ciascuno standard.</p> <p><b>Nota:</b> i valori di concentrazione possono essere inseriti in qualsiasi ordine, tuttavia gli standard devono essere misurati nell'ordine in cui sono stati inseriti.</p>

#### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## Misurazione Protein Lowry

Misura la concentrazione proteica totale di campioni di proteine non purificati utilizzando un reagente colorimetrico di rilevamento di Folin-Ciocalteu

[Misurazione Proteine totali](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)



## Misurazione della concentrazione totale di proteine

Il saggio Protein Lowry utilizza un reagente colorimetrico di rilevamento di Folin-Ciocalteu per determinare la concentrazione proteica totale in campioni di proteine non purificate. Questa applicazione è un'alternativa alle altre applicazioni colorimetriche per la misurazione di soluzioni proteiche diluite o le proteine in presenza di componenti che presentano un'assorbanza significativa tra 200 nm e 280 nm. Questa applicazione misura l'assorbanza a 650 nm e utilizza una curva standard per calcolare la concentrazione di proteine. Per ulteriori informazioni, consultare [Utilizzo delle curve standard](#). Viene applicata una correzione del valore al basale a punto singolo.

## Teoria del saggio Protein Lowry

Il saggio Protein Lowry comprende la reazione della proteina con il solfato rameico in soluzione alcalina, con conseguente formazione dei complessi della rame-proteina del tetradentato. Il reagente di Folin-Ciocalteu è efficacemente ridotto in proporzione al chelato complessi di rame. Il prodotto di reazione blu, solubile in acqua, viene misurato a 650 nm e corretto al basale utilizzando il valore di assorbanza a 405 nm. I kit preformulati di reagente di Folin-Ciocalteu e  $\text{CuSO}_4$  sono disponibili presso il produttore o presso un distributore locale.

## Kit e protocolli per il saggio delle proteine

Seguire le raccomandazioni del produttore del kit di analisi per tutti gli standard e i campioni (sconosciuti). Assicurarsi che ciascuno sia sottoposto alla stessa tempistica e temperatura per tutta la durata del saggio.

## Curve standard di Protein Lowry

Per l'analisi colorimetrica delle proteine è necessaria una curva standard.

- Ogni esperimento richiede una curva standard. È possibile eseguire una nuova curva standard o importarne una da un esperimento eseguito in precedenza.
- Per importare una curva Standard, da Local control, toccare  e selezionare uno Standard.

Per ulteriori informazioni, consultare [Utilizzo delle curve standard](#).

Nota: l'importazione di standard per l'applicazione Protein Lowry è supportata solo nel software Local control.

## Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein Lowry

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein Lowry

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Proteine**, quindi toccare **Protein Lowry**.
2. Specificare un [tipo di curva](#) e il numero di [replicati per ogni standard](#), quindi inserire la [concentrazione di ciascuno standard](#).

**Suggerimento:** per questo saggio, si consiglia di impostare il **tipo di curva** su "Polinomio di secondo grado".

3. Misurare un blank:
  - pipettare 2  $\mu$ L DI H<sub>2</sub>O sul piedistallo e sul braccio inferiore, oppure inserire la cuvetta DI H<sub>2</sub>O nell'apposito supporto
  - Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con quello](#) della luce dello strumento.
  - Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta

4. Standard di riferimento della misurazione:

- pipettare 2  $\mu$ L di soluzione di riferimento sul piedistallo o inserire la cuvetta di riferimento (la soluzione di riferimento non deve contenere alcuno stock di proteine standard, consultare [Utilizzo delle curve standard](#) per i dettagli)
- abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
- sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
- se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione

5. Misurare gli standard rimanenti:

- pipettare 2  $\mu$ L standard 1 su piedistallo, o inserire la cuvetta standard 1
- abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
- sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
- se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
- ripetere i passaggi secondari di cui sopra per ciascuno standard aggiuntivo (una volta misurato il numero specificato di standard e replicati, comparirà un messaggio con la richiesta di caricamento di altri standard o di avvio della misurazione dei campioni)
- se gli standard di misurazione sono stati completati, toccare **Fatto** (scorrere verso sinistra per visualizzare la curva standard)

6. Misurazione dei campioni:

- pipettare 2  $\mu$ L di campione 1 sul piedistallo o inserire la cuvetta col campione 1
- abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
- sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
- se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione

7. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.

8. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

Argomenti correlati

- [Utilizzo delle curve standard](#)
- [Procedure ottimali per la misurazione delle proteine](#)
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

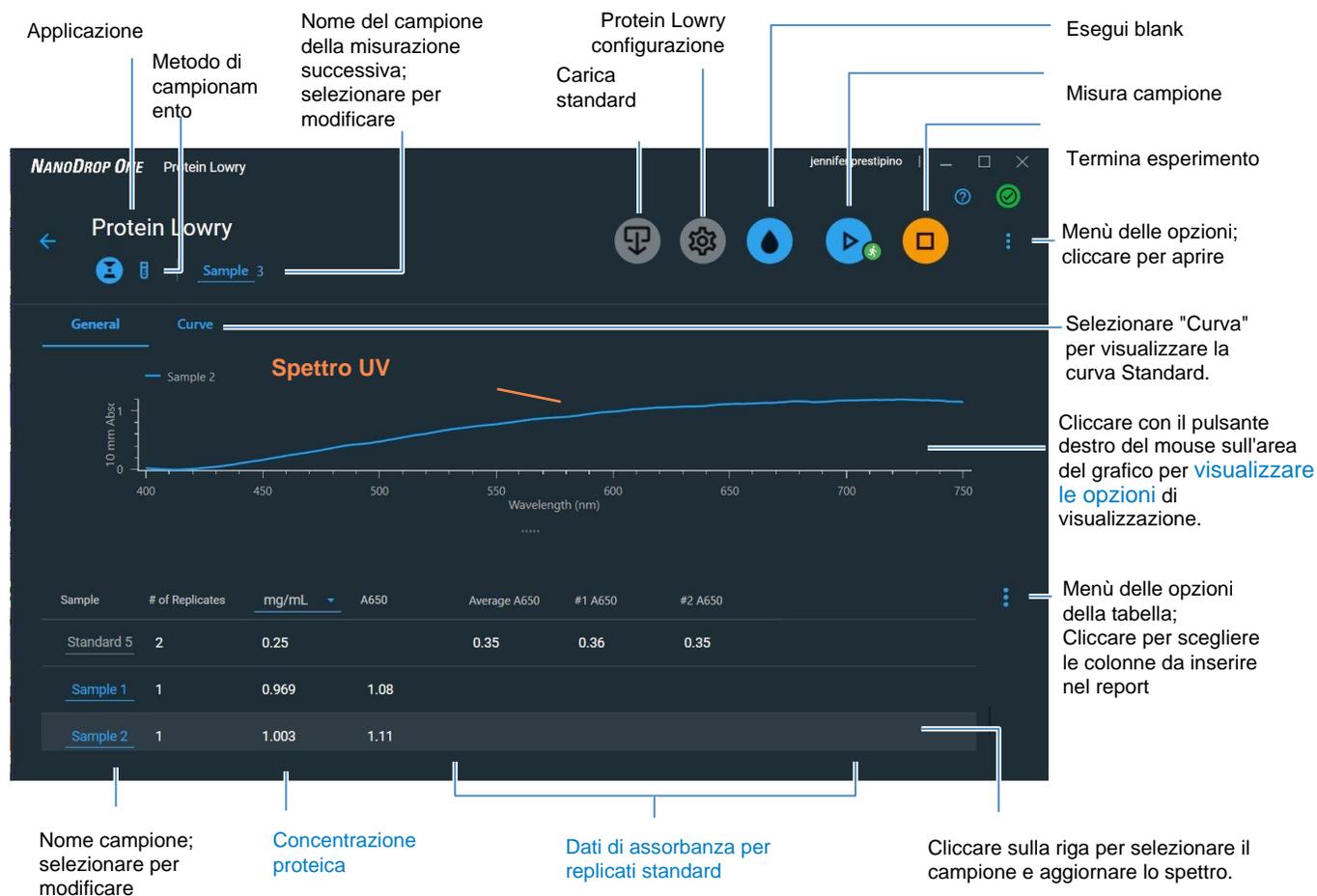
## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein Lowry

## Report risultati applicazione Protein Lowry

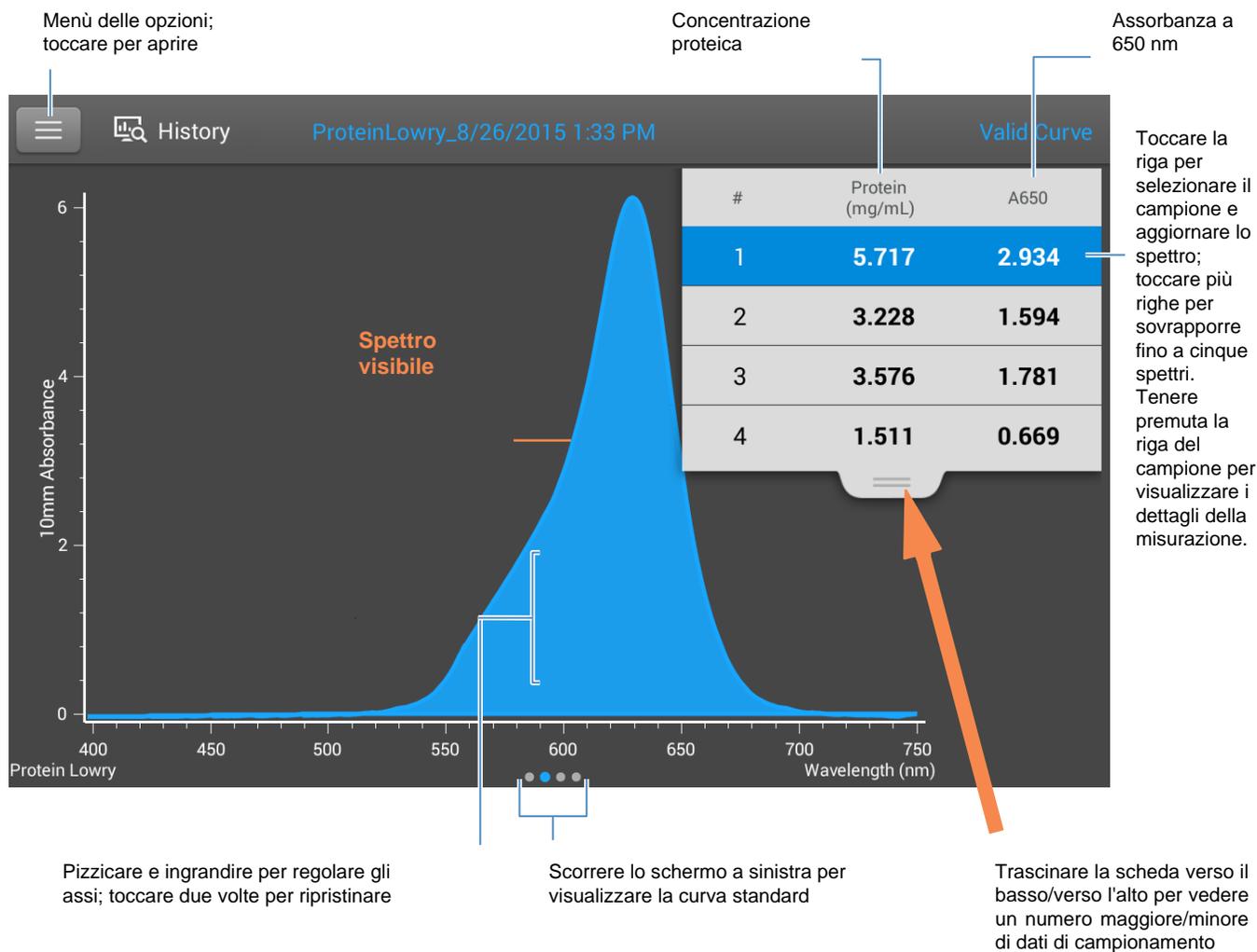
### Schermata di misurazione Protein Lowry

Per ciascun campione e standard misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza visibile e un riepilogo dei risultati. Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:



Schermata di misurazione del software PC Control

Quando si utilizza Local Control, la curva standard è disponibile scorrendo verso sinistra a partire dalla schermata di misurazione (o nella **Cronologia** come mostrato di seguito).



**Schermata di misurazione** dello strumento Local control di NanoDrop One

**Nota**

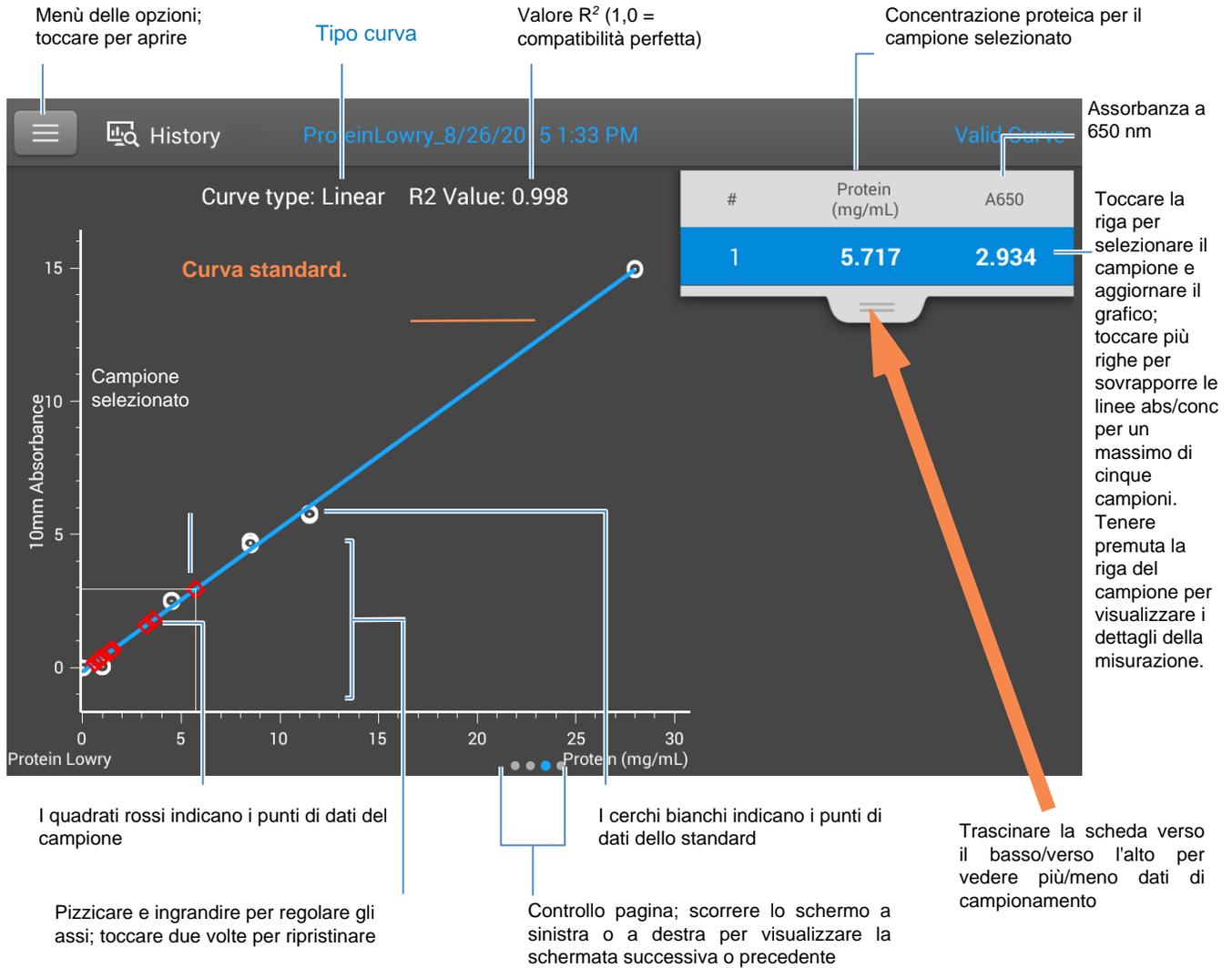
- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 405 nm (il valore di assorbanza a 405 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

**5 Applicazioni Protein**  
Misurazione Protein Lowry

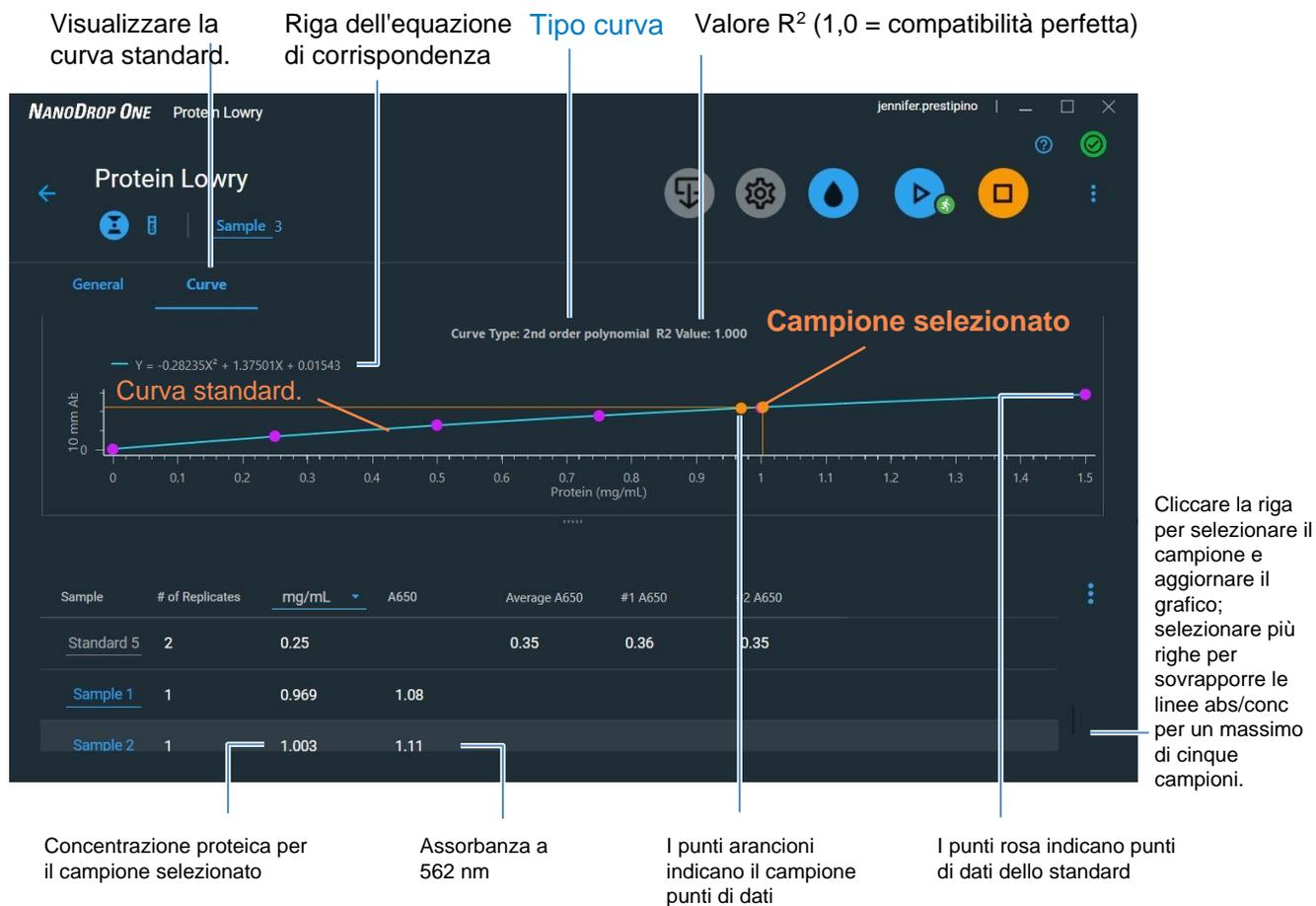
Schermata curva standard dell'applicazione Protein Lowry

La schermata della curva standard mostra graficamente la relazione tra gli standard misurati, la curva standard calcolata e l'assorbanza misurata, nonché la concentrazione calcolata per un campione selezionato. Una linea orizzontale collega il valore di assorbanza del campione sull'asse Y alla curva standard. Una linea verticale collega quel punto al valore di concentrazione del campione sull'asse X.

Il valore  $R^2$  indica il grado con cui la curva standard si adatta ai punti di dati standard (1,0 è una misura perfetta; ossia, tutti i punti si trovano esattamente sulla curva).



**Schermata curva standard** del software Local control di NanoDrop One (mostrata dalla cronologia)



Schermata curva standard del software PC Control

## Report valori di Protein Lowry

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione, mentre la schermata degli standard (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga di campionamento. Di seguito si riporta un esempio:

Sample Details	Pedestal	
Sample Name	Sample 1	Nome campione; toccare per modificare
Created on	8/26/2015 1:19:36 PM	Data/ora misurazione
Protein (mg/mL):	5.717	Concentrazione proteica
A650:	2.934	Assorbanza a 650 nm
Baseline correction	405.00 nm 0.02 absorbance	Lunghezza d'onda correzione del valore al basale / Assorbanza correzione del valore al basale

Metodo di campionamento

OK

### Argomenti correlati

- [Esempio di curva standard](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Impostazioni per le misurazioni Protein Lowry

Per visualizzare le Impostazioni di Protein Lowry, dall'apposita schermata di misurazione, toccare  > **Impostazioni Protein Lowry.**

Nel software PC Control, cliccare sull'icona Impostazioni Protein Lowry.



Nota È possibile modificare l'impostazione Tipo curva durante la misurazione degli standard modificando la casella di riepilogo nella parte superiore della schermata di misurazione dell'applicazione. È possibile modificare il valore di concentrazione per un dato standard dalla schermata di impostazione dell'applicazione.

Dopo la prima misurazione del campione, queste impostazioni non possono essere modificate.

Impostazione	Descrizione
Tipo di curva	<p>Consente di specificare il tipo di equazione utilizzata per creare una curva standard a partire da valori di concentrazione standard. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– <b>Lineare:</b> disegna la retta lineare dei minimi quadrati attraverso tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li> <li>– <b>Interpolazione:</b> disegna una serie di linee rette per collegare tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li> <li>– <b>Polinomio di 2° grado:</b> disegna il polinomio dei minimi quadrati del 2° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno due standard)</li> <li>– <b>Polinomio di 3° grado:</b> disegna il polinomio dei minimi quadrati del 3° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno tre standard)</li> </ul>
Replicati	<p>Inserire il numero di misurazioni del riferimento o dello stesso campione o standard per cui viene calcolata la media per ottenere il valore di concentrazione associato.</p> <p><b>Nota:</b> l'impostazione dei replicati non può essere modificata una volta effettuata la misurazione del primo standard.</p>
Standard	<p>Inserire il valore di concentrazione effettivo di ciascuno standard.</p> <p><b>Nota:</b> i valori di concentrazione possono essere inseriti in qualsiasi ordine, tuttavia gli standard devono essere misurati nell'ordine in cui sono stati inseriti.</p>

#### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## 5 Applicazioni Protein

Misurazione Protein Lowry

## Misurazione Protein Pierce 660

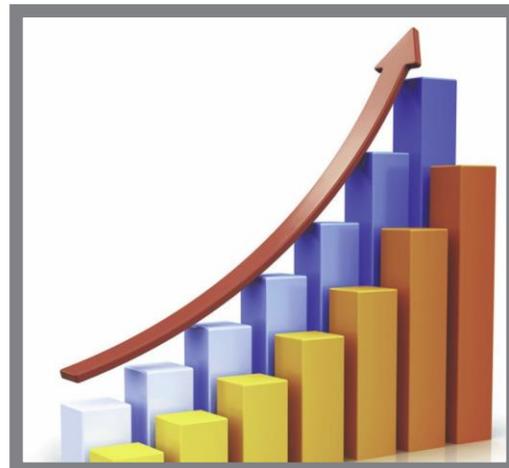
Misura la concentrazione proteica totale di campioni di proteine non purificati utilizzando un reagente colorimetrico di rilevamento proprietario.

[Misurazione delle proteine totali](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)



## Misurazione della concentrazione totale di proteine

Il saggio Protein Pierce 660 utilizza un materiale di legame proteico proprietario come reagente di rilevamento colorimetrico per determinare la concentrazione proteica totale in campioni proteici non purificati. Questa applicazione è adatta per soluzioni proteiche che contengono alte concentrazioni di detergenti, agenti riducenti e altri reagenti comunemente usati. L'applicazione Pierce 660 misura l'assorbanza a 660 nm e utilizza una curva standard per calcolare la concentrazione di proteine (vedere [Utilizzo delle curve standard](#) per ulteriori informazioni). Viene applicata una correzione del valore al basale a punto singolo.

## Saggio Protein Pierce 660

Il saggio Protein Pierce 660 si basa sul legame di un complesso proprietario di colorante-metallo con le proteine in condizioni acide che provoca uno spostamento del massimo di assorbimento del colorante, che viene misurato a 660 nm. Il complesso colorante-metallo è bruno-rossastro e cambia in verde dopo il legame con le proteine. Il cambiamento di colore è prodotto dalla deprotonazione del colorante a basso pH facilitata dalle interazioni con gruppi di amminoacidi caricati positivamente nelle proteine. Il colorante interagisce principalmente con residui basici in proteine come istidina, arginina e lisina e, in misura minore, tirosina, triptofano e fenilalanina. Il prodotto di reazione viene misurato a 660 nm e corretto al basale utilizzando il valore di assorbanza a 750 nm.

Il colore prodotto nel saggio è stabile e aumenta in proporzione a un'ampia gamma di concentrazioni proteiche crescenti. È possibile aggiungere un reagente di compatibilità con detergente ionico opzionale (IDCR) al reagente del saggio per aumentare la compatibilità con elevate quantità di detergenti ionici, tra cui tampone campione Laemmli SDS con blu di bromofenolo. L'IDCR si dissolve completamente mediante miscelazione accurata e non ha alcun effetto sul saggio. I kit preformulati del materiale legante le proteine sono disponibili presso il produttore o presso un distributore locale. Per informazioni su IDCR, fare riferimento al produttore del kit.

## Kit e protocolli per il saggio delle proteine

Si prega di fare riferimento al sito Web NanoDrop per kit e protocolli aggiornati per gli strumenti NanoDrop One. Seguire le raccomandazioni del produttore del kit di analisi per tutti gli standard e i campioni (sconosciuti). Assicurarsi che ciascuno sia sottoposto alla stessa tempistica e temperatura per tutta la durata del saggio.

Gli standard di proteine per la generazione di una curva standard possono inoltre essere forniti dal produttore del kit. Poiché i piedistalli NanoDrop One possono misurare concentrazioni proteiche più elevate rispetto agli spettrofotometri tradizionali a cuvette, potrebbe essere necessario fornire i propri standard proteici a concentrazioni più elevate rispetto a quelle fornite dal produttore. Ad esempio, possono essere richiesti standard aggiuntivi per garantire che la curva standard copra l'intervallo dinamico del saggio e l'intervallo previsto dei campioni sconosciuti.

## Curve standard di Protein Pierce 660

Per l'analisi colorimetrica delle proteine è necessaria una curva standard.

- Ogni esperimento richiede una curva standard. È possibile eseguire una nuova curva standard o importarne una da un esperimento eseguito in precedenza.
- Per importare una curva Standard, da Local control, toccare  e selezionare uno Standard.

Per ulteriori informazioni, consultare [Utilizzo delle curve standard](#).

Nota: l'importazione di standard per l'applicazione Protein Pierce 660 è supportata solo nel software Local Control.

## Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein Pierce 660

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro possono danneggiare i piedistalli e i filtri ottici.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

**Per misurare gli standard e i campioni dell'applicazione Protein Pierce 660**

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Proteine**, quindi toccare **Protein Pierce 660**.
2. Specificare un [tipo di curva](#) e il numero di [replicati per ogni standard](#), quindi inserire la [concentrazione di ciascuno standard](#).  
**Suggerimento:** per questo saggio, si consiglia di impostare il **tipo di curva** su "Lineare".
3. Misurare un blank:
  - Pipettare 2 µL di soluzione di riferimento sul piedistallo e sul braccio inferiore, oppure inserire la cuvetta di riferimento nell'apposito supporto (la soluzione di riferimento non deve contenere proteine standard; vedere [Utilizzo delle curve standard](#) per i dettagli)  
**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con quello](#) della luce dello strumento.
  - Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta
4. Standard di riferimento della misurazione:
  - pipettare 2 µL di soluzione di riferimento sul piedistallo o inserire la cuvetta di riferimento (la soluzione di riferimento non deve contenere alcuno stock di proteine standard, consultare [Utilizzo delle curve standard](#) per i dettagli)
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
5. Misurare gli standard rimanenti:
  - pipettare 2 µL standard 1 su piedistallo, o inserire la cuvetta standard 1
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)
  - sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
  - ripetere i passaggi secondari di cui sopra per ciascuno standard aggiuntivo (una volta misurato il numero specificato di standard e replicati, comparirà un messaggio con la richiesta di caricamento di altri standard o di avvio della misurazione dei campioni)
  - se gli standard di misurazione sono stati completati, toccare **Fatto** (scorrere verso sinistra per visualizzare la curva standard)
6. Misurazione dei campioni:
  - pipettare 2 µL di campione 1 sul piedistallo o inserire la cuvetta col campione 1
  - abbassare il braccio per avviare la misurazione (o toccare **Misura** se Auto-Measure è disattivata)

## 5 Applicazioni Protein

### Misurazione Protein Pierce 660

- sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta
  - se l'impostazione Replicati è maggiore di 1, ripetere la misurazione
7. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.
  8. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

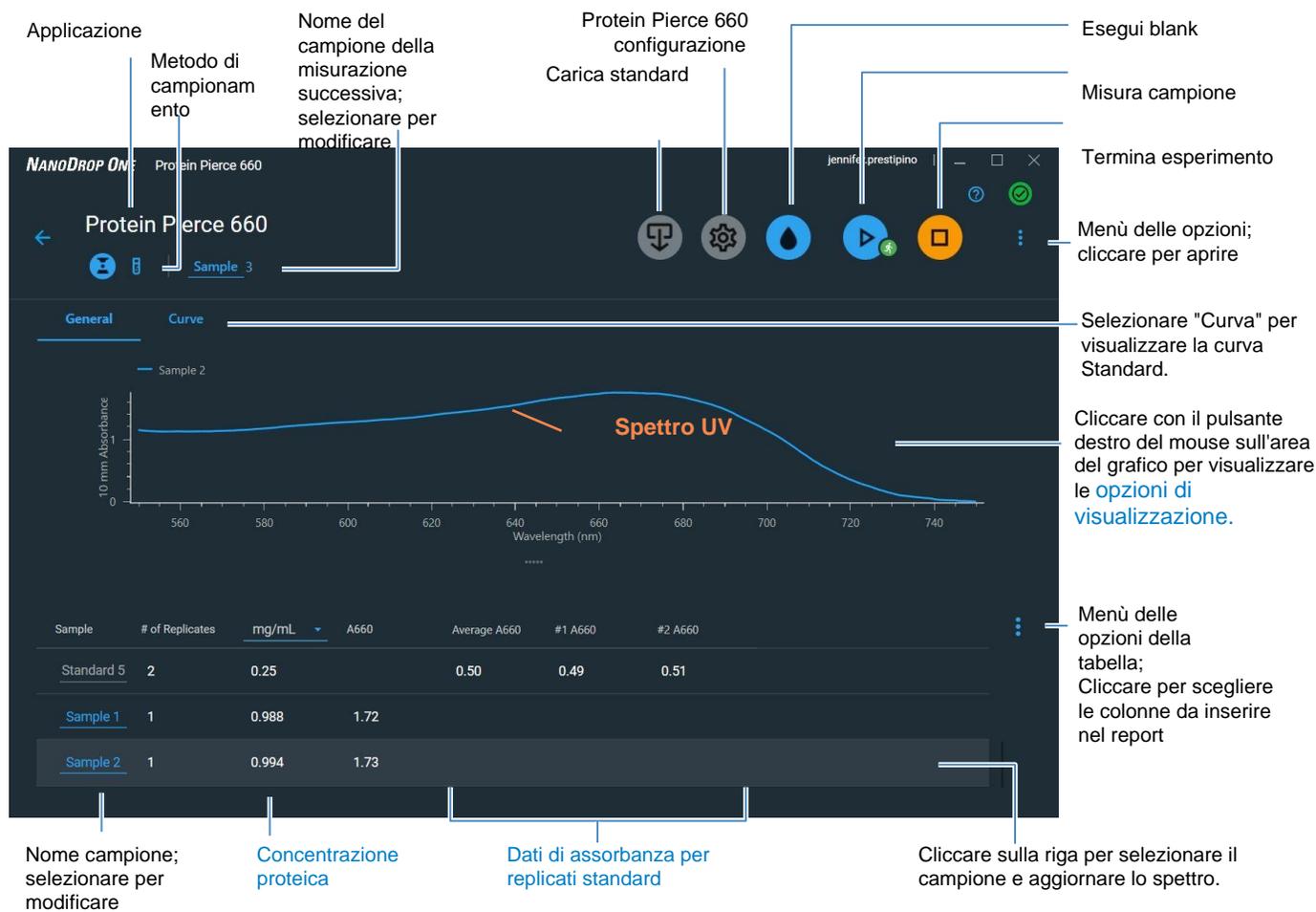
#### Argomenti correlati

- [Utilizzo delle curve standard](#)
- [Procedure ottimali per la misurazione delle proteine](#)
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Report risultati Protein Pierce 660

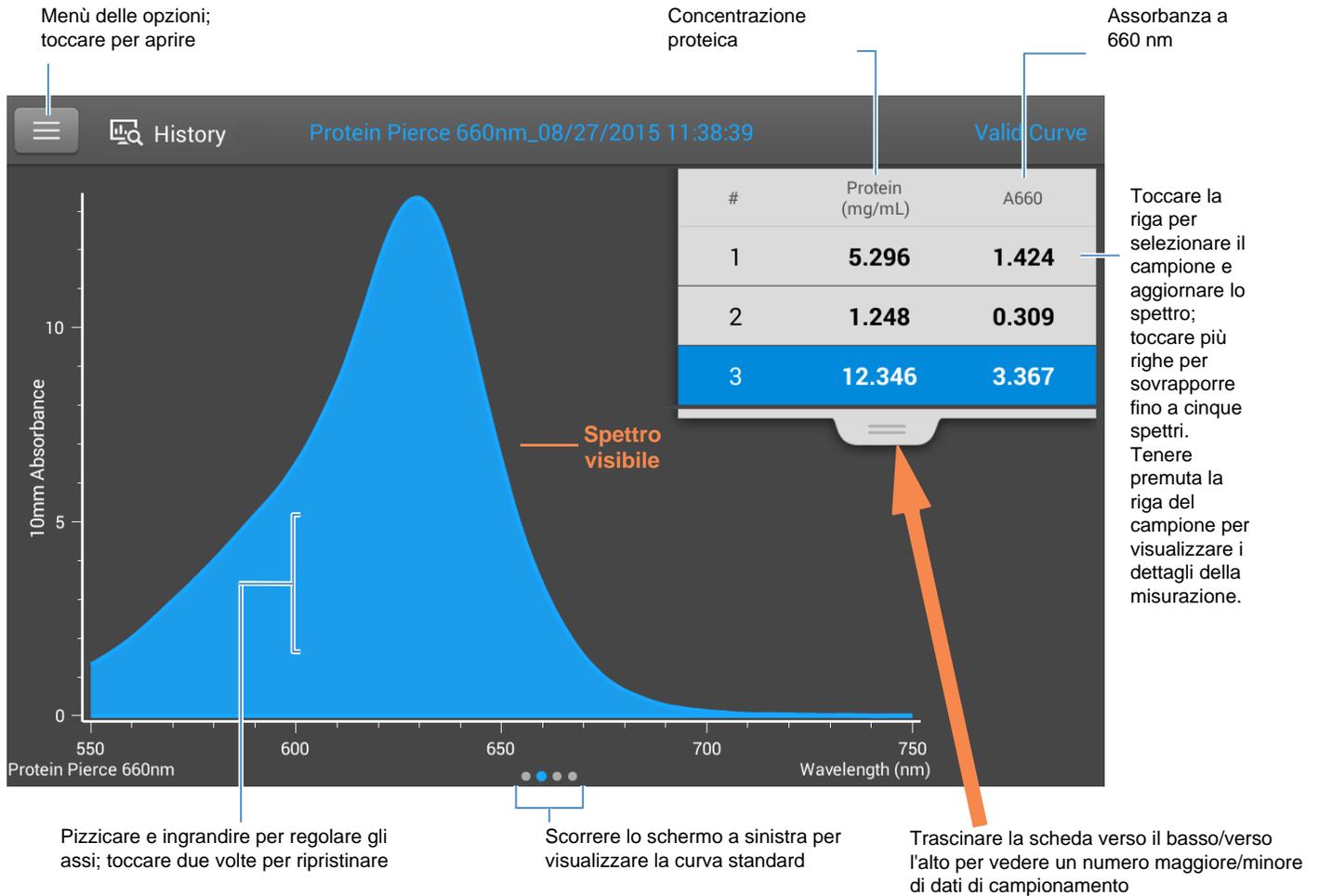
### Schermata di misurazione di Protein Pierce 660

Per ciascun campione e standard misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza visibile e un riepilogo dei risultati. Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:



### Schermata di misurazione del software PC Control

In Local control, la curva standard è inoltre disponibile scorrendo verso sinistra a partire dalla schermata di misurazione (o nella [Cronologia](#) come mostrato di seguito).



**Schermata** di misurazione dello strumento Local control di NanoDrop One

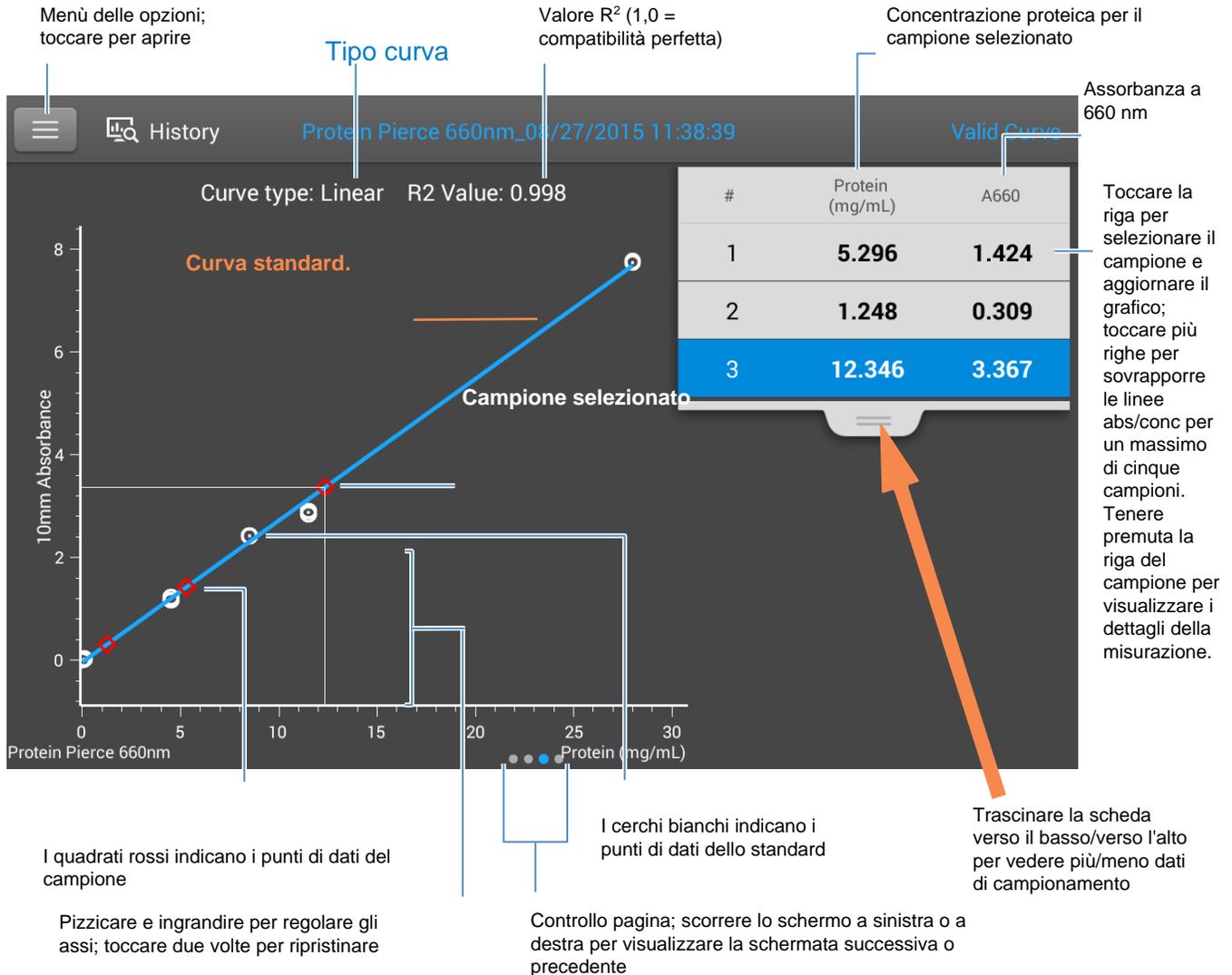
**Nota**

- Viene eseguita una correzione del valore al basale a 750 nm (il valore di assorbanza a 750 nm viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione).
- Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

### Schermata curva standard dell'applicazione Protein Pierce 660

La schermata della curva standard mostra graficamente la relazione tra gli standard misurati, la curva standard calcolata e l'assorbanza misurata, nonché la concentrazione calcolata per un campione selezionato. Una linea orizzontale collega il valore di assorbanza del campione sull'asse Y alla curva standard. Una linea verticale collega quel punto al valore di concentrazione del campione sull'asse X.

Il valore  $R^2$  indica il grado con cui la curva standard si adatta ai punti di dati standard (1,0 è una misura perfetta; ossia, tutti i punti si trovano esattamente sulla curva).



### Schermata curva standard del software Local control di NanoDrop One (mostrata dalla cronologia)

## 5 Applicazioni Protein

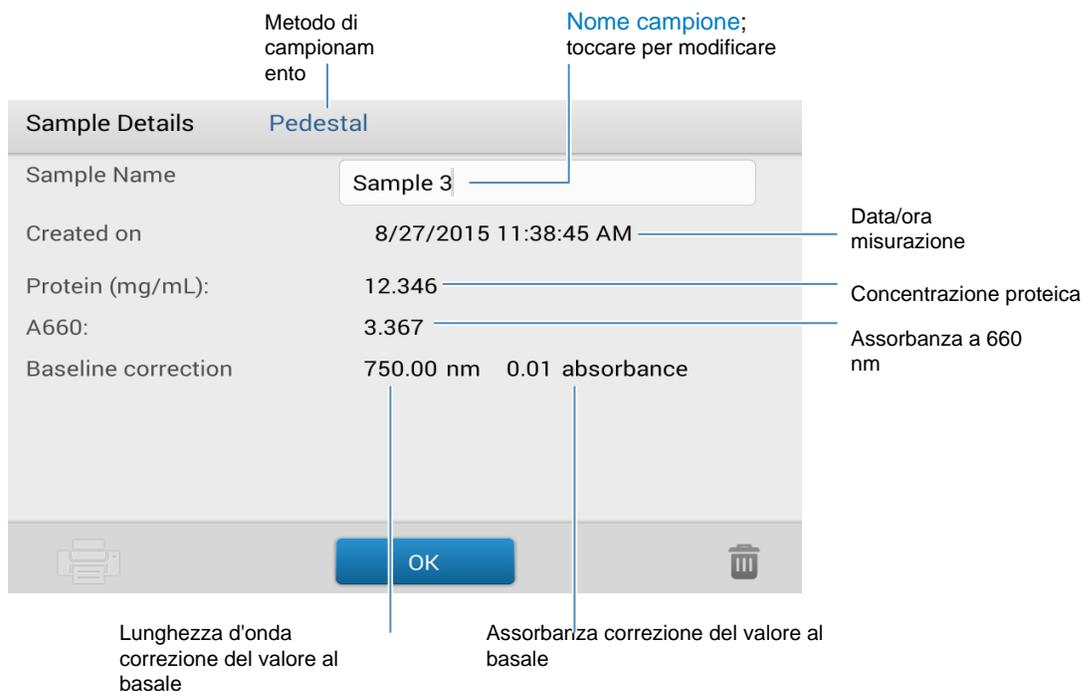
### Misurazione Protein Pierce 660



Schermata curva standard del software PC Control

## Report valori Protein Pierce 660

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione, mentre la schermata degli standard (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:



### Argomenti correlati

- [Esempio di curva standard](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Impostazioni per le misurazioni Protein Pierce 660

Per visualizzare le impostazioni di Protein Pierce 660, dall'apposita schermata di misurazione, toccare

 > **Impostazioni Protein Pierce 660.**

Nel software PC Control, cliccare sull'icona Impostazioni Protein Pierce 660.



Nota È possibile modificare l'impostazione Tipo curva durante la misurazione degli standard modificando la casella di riepilogo nella parte superiore della schermata di misurazione dell'applicazione. È possibile modificare il valore di concentrazione per un dato standard dalla schermata di impostazione dell'applicazione.  
Dopo la prima misurazione del campione, queste impostazioni non possono essere modificate.

Impostazione	Descrizione
Tipo di curva	<p>Consente di specificare il tipo di equazione utilizzata per creare una curva standard a partire da valori di concentrazione standard. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>– <b>Lineare:</b> disegna la retta lineare dei minimi quadrati attraverso tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li><li>– <b>Interpolazione:</b> disegna una serie di linee rette per collegare tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li><li>– <b>Polinomio di 2° grado: disegna il polinomio</b> dei minimi quadrati del 2° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno due standard)</li><li>– <b>Polinomio di 3° grado: disegna il polinomio</b> dei minimi quadrati del 3° ordine utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno tre standard)</li></ul>
Replicati	<p>Inserire il numero di misurazioni del riferimento o dello stesso campione o standard per cui viene calcolata la media per ottenere il valore di concentrazione associato.</p> <p><b>Nota:</b> l'impostazione dei replicati non può essere modificata una volta effettuata la misurazione del primo standard.</p>
Standard	<p>Inserire il valore di concentrazione effettivo di ciascuno standard.</p> <p><b>Nota:</b> i valori di concentrazione possono essere inseriti in qualsiasi ordine, tuttavia gli standard devono essere misurati nell'ordine in cui sono stati inseriti.</p> <p>Se si desidera inserire anche valori di assorbanza misurati in precedenza per gli standard, spuntare questa casella:</p> <div data-bbox="418 1266 951 1444" style="border: 1px solid #ccc; padding: 5px;"><p><input checked="" type="checkbox"/> Absorbance data for standards can be either measured or entered manually. Uncheck this box to measure absorbance data. Check the box to manually enter the absorbance values.</p></div> <p>quindi inserire i valori di assorbanza per tutti gli standard.</p>

#### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## Misurazione OD600

Misura la concentrazione di colture cellulari microbiche in soluzione misurando la luce diffusa a 600 nm.

[Misurazione OD600](#)

[Report Risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Calcoli](#)



### Misurazione OD600

Utilizzare l'applicazione OD600 per monitorare il tasso di crescita di colture cellulari batteriche o di altri microbi misurando la densità ottica (assorbanza) della coltura in supporti di crescita a 600 nm. Per correlare l'assorbanza con la concentrazione vengono utilizzati l'equazione di Beer-Lambert e un fattore di conversione inserito dall'utente. I valori di concentrazione riportati possono essere usati per identificare la fase di popolazioni cellulari coltivate, ad esempio logaritmica o esponenziale e stazionaria.

L'applicazione OD600 riporta la concentrazione cellulare in cellule/mL. È possibile utilizzare una correzione dell'assorbanza a punto singolo. Questa applicazione non richiede alcuna curva standard.

**Nota** A causa della quantità di luce diffusa presente in questo saggio, le letture dell'assorbanza sono in genere molto basse.

### Teoria dell'applicazione OD600

L'applicazione OD600 misura la trasmissione della luce e utilizza tale valore per calcolare l'assorbanza. In spettroscopia, la luce trasmessa è definita come qualsiasi luce non assorbita, riflessa e diffusa da un campione.

Nel caso delle cellule viventi, la maggior parte della luce incidente viene trasmessa attraverso il campione piuttosto che dispersa, riflessa o assorbita. La quantità di luce diffusa è bassa e può variare da strumento a strumento. Di conseguenza, le letture dell'assorbanza calcolata sono in genere molto basse.

I valori di assorbanza calcolati vengono utilizzati per determinare la densità delle cellule in soluzione, espressa in cellule/mL. I concetti fisici e le formule che mettono in relazione le proprietà ottiche delle cellule viventi alla concentrazione includono:

- Le cellule, che hanno un diverso indice di rifrazione rispetto al mezzo circostante, riflettono e disperdono casualmente la luce fuori dal percorso della luce incidente. La quantità di dispersione è proporzionale alla densità delle cellule presenti nel campione.
- L'equazione della legge di Beer viene utilizzata per correlare l'assorbanza alla concentrazione. Consultare [Calcoli per le misurazioni OD600](#) per i dettagli.
- Per la lettura della cuvetta con lo strumento NanoDrop One, le letture accurate dell'assorbanza sono tipicamente nell'intervallo compreso tra 0,04 A e 1,5 A. Le diluizioni seriali del campione sono solitamente necessarie per portare le letture dell'assorbanza all'interno di questo intervallo.
- Tutte le misurazioni devono essere effettuate con lo stesso tipo di spettrofotometro e metodo (ad esempio, piedistallo vs. cuvetta) poiché la quantità di luce diffusa catturata varia in base alla configurazione ottica. Quando si utilizza uno spettrofotometro o un metodo diverso, calcolare e applicare un fattore di conversione ai risultati riportati. Ad esempio, per confrontare le letture OD utilizzando il piedistallo rispetto a una cuvetta, un esempio di calcolo del fattore di conversione può essere:

$$\text{Fattore di conversione} = \text{OD cuvetta} / \text{OD piedistallo}$$

### Procedure ottimali per le misurazioni OD600

- Assicurarsi che l'assorbanza del campione rientri nei [limiti di rilevamento dell'assorbanza dello strumento](#).
- Eseguire il blanking con i supporti di crescita o di coltura in cui sono sospese le cellule di interesse.
- Eseguire un [ciclo di blanking](#) per valutare il contributo di assorbanza della soluzione di supporto. Se la soluzione di supporto presenta una forte assorbanza in corrispondenza o in prossimità della lunghezza d'onda di analisi (600 nm), potrebbe essere necessario scegliere una soluzione o un'applicazione di supporto diversa. Consultare [Scelta e misurazione di un blank](#) per ulteriori informazioni.
- Effettuare le diluizioni necessarie per garantire che le colture campione non superino l'intervallo dinamico lineare del saggio prima che la coltura raggiunga la fase stazionaria. L'intervallo lineare dipende in gran parte dalla configurazione ottica e, pertanto, differisce per le misurazioni mediante piedistallo e cuvetta. Per determinare l'intervallo lineare:
  - Misurare una serie di diluizioni utilizzando una giovane coltura durante la notte (~16 ore) del ceppo microbico

- Grafico delle misurazioni OD600 rispetto al fattore di diluizione

Il limite superiore di rilevamento corrisponde al valore OD600 misurato al quale cessa di esistere una correlazione lineare tra i fattori di diluizione e le letture OD600.

- Mescolare i campioni delicatamente ma accuratamente immediatamente prima di prelevare un'aliquota per la misurazione.
- Per misurazioni micro-volumetriche:
  - Assicurarsi che le superfici dei piedistalli siano adeguatamente [pulite](#) e [condizionate](#).
  - Evitare di introdurre bolle durante la miscelazione e il pipettaggio.
  - Avviare prontamente la misurazione per evitare la sedimentazione o l'evaporazione.
  - Seguire le [procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#).
  - Utilizzare un volume di campionamento di 2 µL. Consultare [Volumi di campionamento consigliati](#) per ulteriori informazioni.
  - Per i campioni diluiti che presentano una bassa assorbanza a 600 nm, utilizzare una lunghezza d'onda alternativa come 400 nm per misurare l'assorbanza o utilizzare misurazioni in micro-volumi anziché in cuvetta.
- Per le misurazioni con cuvette (solo strumenti NanoDrop One<sup>®</sup>):
  - Utilizzare cuvette pulite in plastica, vetro o quarzo.
  - Seguire [Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta](#).
  - Non utilizzare la funzione di [agitazione](#) automatica per questo saggio.

## Per misurare i campioni OD600

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare un campione OD600

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **OD600** e selezionare **OD600**.
2. Specificare il [fattore di conversione del numero di cella](#) e una [seconda correzione della lunghezza d'onda o dell'assorbanza monitorata](#), se necessario.
3. Pipettare 2  $\mu\text{L}$  di soluzione di blanking (cioè la soluzione di supporto in cui le cellule di interesse sono sospese) sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto della cuvetta.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

4. Selezionare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.
6. Pipettare 2  $\mu\text{L}$  di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.

7. Iniziare la misurazione del campione:

- Piedistallo: Se [Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se [Auto-Measure](#) è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura**.
- Cuvette: selezionare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, selezionare **Termina esperimento**.
9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

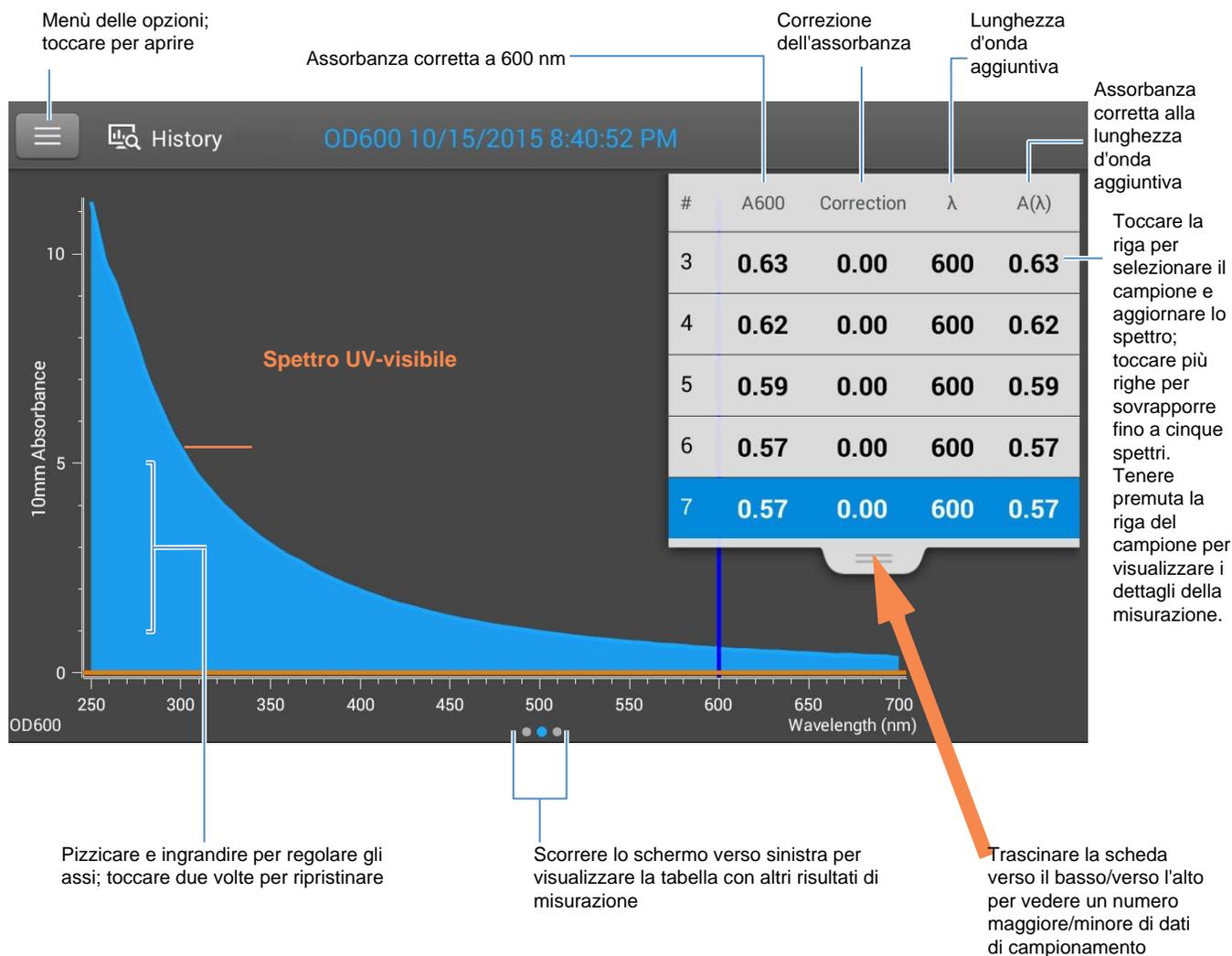
### Argomenti correlati

- [Misurare un campione micro-volumetrico](#)
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#)
- [Preparare campioni e blank](#)
- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Report dei risultati OD600

## Schermata di misurazione OD600 (visualizzata dalla Cronologia)

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:



## Schermata di misurazione dello strumento Local control di NanoDrop One

Nota Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## 6 Misurazione OD600

La schermata di misurazione del software PC Control mostra lo spettro UV e tutti i valori riportati selezionati:

Application

Metodo di campionamento

Nome del campione della misurazione successiva; selezionare per modificare

Impostazioni OD600

Esegui Blank

Misurazione del campione

Termina esperimento.

operator

Menù delle opzioni; cliccare per aprire

Cliccare con il pulsante destro del mouse sull'area del grafico per visualizzare le opzioni di visualizzazione.

Menù delle opzioni della tabella; cliccare per scegliere le colonne da inserire nel report

Cliccare sulla riga per selezionare il campione e aggiornare lo spettro.

Concentrazione della coltura cellulare (fattore A600 \*)

Fattore di conversione del numero di celle

Nome campione; selezionare per modificare

Correzione dell'assorbanza

Lunghezza d'onda aggiuntiva monitorata

Assorbanza corretta alla lunghezza d'onda aggiuntiva

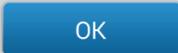
**Schermata** di misurazione del software PC Control

**Spettro UV**

Date	Sample	A600	Correction	$\lambda$	A( $\lambda$ )	Factor ( $10^6$ )	Cells/mL ( $10^6$ )
11/2/2021 10:39:59 AM	Blank						
11/2/2021 10:40:18 AM	Sample 1	0.03	0.00	500.00	0.05	1.00	0.03
11/2/2021 10:41:19 AM	Sample 2	0.84	0.00	500.00	1.40	1.00	0.84
11/2/2021 10:41:54 AM	Sample 3	0.84	0.00	500.00	1.43	1.00	0.84

### Valori riportati OD600

Nel software Local control, la schermata Home che compare dopo ciascuna misurazione mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga di campionamento. Di seguito si riporta un esempio:

Applicazione	Metodo di campionamento	Nome campione; toccare per modificare
Sample Details	OD600	Pedestal
Sample Name	Sample 7	
Created on	10/15/2015 8:43:59 PM	
A600:	0.57	Data/ora misurazione
Absorbance correction	0.00	Ass. corretta a 600 nm
Additional monitored wavelength (λ)	600 nm	Correzione dell'assorbanza
Abs(Wavelength)	0.57	Lunghezza d'onda aggiuntiva
Factor (10 <sup>8</sup> )	1.00	
Cells/ml (10 <sup>8</sup> )	0.57	
  		Assorbanza corretta alla lunghezza d'onda aggiuntiva
Concentrazione della coltura cellulare (fattore A600 *)		Fattore

#### Argomenti correlati

- [Operazioni di base dello strumento](#)
- [Calcoli OD600](#)

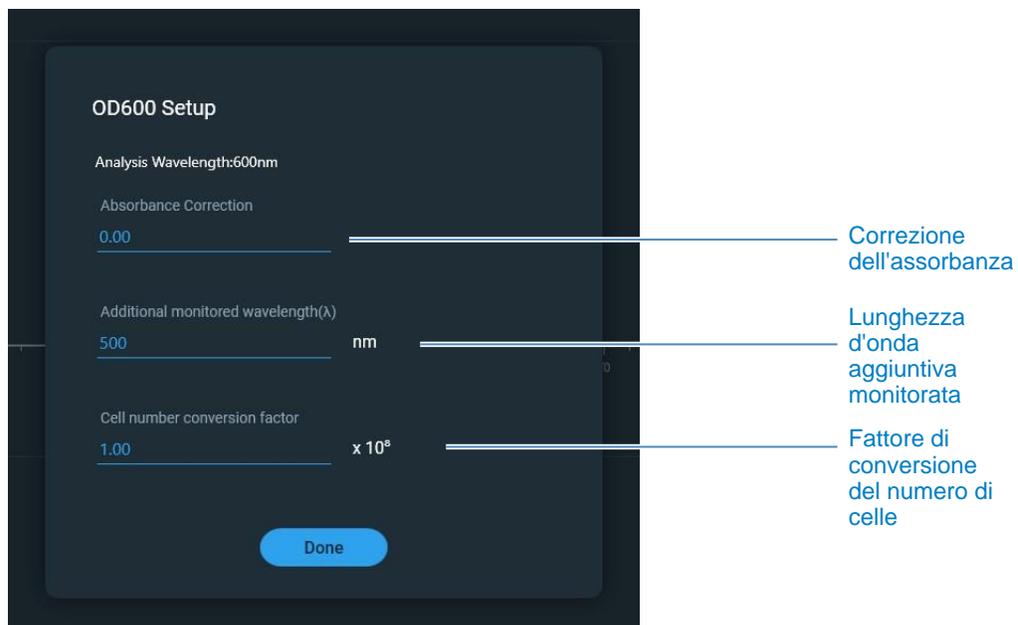
## Impostazioni per misurazioni OD600

Per visualizzare le impostazioni OD600, in Local Control, dalla schermata di misurazione OD600,

toccare  > **Impostazioni OD600**. Dal software PC control, la schermata di configurazione OD600 viene visualizzata dopo aver selezionato l'applicazione OD600 dalla schermata Home. In alternativa, dalla schermata di misurazione OD600, selezionare l'icona delle impostazioni



per visualizzare Impostazioni OD600.



Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Correzione dell'assorbanza	Valore di assorbanza compreso tra 0 e 300 A	<p>Correzione dell'assorbanza definita dall'utente. Inserire la correzione dell'assorbanza per lo spettro visualizzato. Ciò può essere utile, ad esempio, per correggere la discrepanza del valore al basale causata da qualsiasi differenza tra la soluzione di supporto utilizzata per azzerare lo strumento e il supporto utilizzato per sospendere il campione di coltura cellulare e perché la luce diffusa generalmente produce una discrepanza.</p> <p>Il valore di correzione dell'assorbanza viene sottratto dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione. (Tutti i valori di assorbanza visualizzati sono valori corretti.)</p>

Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Lunghezza d'onda ( $\lambda$ ) aggiuntiva monitorata	Qualsiasi lunghezza d'onda compresa tra 250 nm e 700 nm	<p>Lunghezza d'onda definita dall'utente. Inserire una lunghezza d'onda aggiuntiva da misurare se lo si desidera (utile per campioni diluiti che presentano una bassa assorbanza a 600 nm).</p> <p>Se viene specificata una lunghezza d'onda alternativa, utilizzare questa equazione per calcolare la concentrazione cellulare:</p> $c = A(\lambda) * \text{fattore}(\lambda)$ <p>dove:</p> <p>c = concentrazione dell'analita espressa in cellule/mL</p> <p><math>A(\lambda)</math> = assorbanza visibile ai raggi UV alla lunghezza d'onda specificata in unità di assorbanza (A)</p> <p><math>\text{fattore}(\lambda) = 1/(\epsilon(\lambda) * b)</math> in mL/cell-cm dove:</p> <p><math>\epsilon(\lambda)</math> = coefficiente di assorbimento molare (o coefficiente di estinzione) alla lunghezza d'onda specificata</p> <p>b = lunghezza del percorso in cm (1,0 cm per gli strumenti NanoDrop One)</p>
Fattore di conversione del numero di celle ( $10^8$ )	Qualsiasi numero	<p>Fattore definito dall'utente. Fattore generalmente accettato per tipo di cellula misurata, o uno derivato empiricamente usando una soluzione di cellule in studio a concentrazione nota usando lo stesso supporto.</p> <p>Il valore predefinito è <math>1 \times 10^8</math>, ossia il fattore generalmente accettato per la maggior parte delle sospensioni cellulari batteriche come E. coli.</p> <p><b>Suggerimento:</b> il fattore corrisponde alla lunghezza d'onda specifica per ciascun tipo di cellula e può essere influenzato dal tipo di supporto utilizzato per le misurazioni. Idealmente, il fattore dovrebbe essere determinato empiricamente usando una soluzione delle cellule dello studio a una concentrazione nota usando lo stesso strumento.</p>

#### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## Calcoli per misurazioni OD600

Come per le altre applicazioni di acido nucleico l'applicazione Microarray utilizza una [modifica dell'equazione di Beer-Lambert](#) per calcolare la concentrazione del campione, in cui il coefficiente di estinzione e la lunghezza del percorso sono combinati e indicati come un "fattore".

L'applicazione OD600 offre un fattore specificato dall'utente, da utilizzare in combinazione con la legge di Beer per calcolare la concentrazione del campione. Se il fattore è noto, inserirlo. Altrimenti, utilizzare  $1 \times 10^8$ , ossia il fattore generalmente accettato per la maggior parte delle sospensioni cellulari batteriche come E. coli.

Le concentrazioni cellulari calcolate si basano sul valore di assorbanza a 600 nm, sul fattore inserito e sulla lunghezza del percorso del campione. È possibile applicare una correzione dell'assorbanza a punto singolo.

### Valori misurati assorbanza

#### A280

**Nota:** Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.

- I valori di assorbanza della coltura cellulare sono misurati a 600 nm utilizzando lo spettro normalizzato. Se non viene specificata alcuna correzione dell'assorbanza, vale a dire il valore A600 riportato e il valore utilizzato per calcolare la concentrazione cellulare.
- Se viene specificata una [correzione dell'assorbanza](#), il valore di assorbanza normalizzato e (assorbanza) corretto a 600 nm viene riportato e utilizzato per calcolare la concentrazione cellulare.

#### Assorbanza A( $\lambda$ )

- Viene inoltre riportato il valore di assorbanza normalizzato e (assorbanza) corretto (se utilizzato) a qualsiasi [lunghezza d'onda monitorata aggiuntiva \( \$\lambda\$ \)](#).

#### Lunghezza del percorso del campione

- Per le misurazioni micro-volumetriche, il software seleziona la lunghezza ottimale del percorso (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi.
- Per le misurazioni in cuvetta, la lunghezza del percorso è determinata dall'impostazione della lunghezza del percorso della cuvetta nel software (consultare [Impostazioni generali](#)).
- Gli spettri e i valori di assorbanza visualizzati sono normalizzati a un equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm.

#### Valori riportati

**Concentrazione cellulare.** Riportato in cellule/mL. I calcoli si basano sull'equazione di Beer-Lambert utilizzando il valore di assorbanza A600 corretto.

## Applicazioni personalizzate

Usare il NanoDrop One per eseguire UV-Vis o le misurazioni personalizzate.

L'applicazione UV-Vis può essere impostata direttamente dal touchscreen e consente allo strumento di funzionare come uno spettrofotometro convenzionale. È possibile monitorare e riportare fino a 40 lunghezze d'onda da 190 nm a 850 nm.

L'applicazione Custom offre una flessibilità aggiuntiva per il metodo utilizzato con lo strumento. Consultare il software NanoDrop PC Control per informazioni sulle funzionalità del metodo personalizzato supportate.

- [Misurazione UV-Vis.....pagina 158](#)
- [Misurazione personalizzata](#)      [pagina 165](#)

## Misurazione UV-Vis

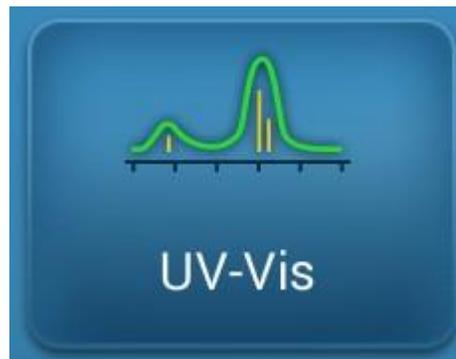
Misura l'assorbanza di qualsiasi campione fino a un massimo di 40 lunghezze d'onda attraverso le regioni ultraviolette (UV) e visibili dello spettro.

[Misurazione UV-Vis](#)

[Report Risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di Rilevamento](#)



## Misurazione UV-Vis

L'applicazione UV-Vis consente allo strumento di funzionare come uno spettrofotometro convenzionale. L'assorbanza del campione viene visualizzata sullo schermo in un intervallo compreso tra 190 nm e 850 nm. Possono essere designate fino a 40 lunghezze d'onda da includere nel monitoraggio dell'assorbanza e nel report. È inoltre possibile utilizzare la regolazione automatica della lunghezza del percorso e una correzione del valore al basale a punto singolo.

Per effettuare misurazioni UV-Vis

### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

### Per misurare un campione utilizzando l'applicazione UV-Vis

1. Dalla schermata Home, dalla scheda **Custom**, selezionare **UV-Vis**.
2. Specificare fino a **40 lunghezze d'onda da monitorare** (oppure è possibile specificarle in seguito ove desiderato) e l'eventuale utilizzo della regolazione automatica della lunghezza del percorso, della lunghezza d'onda dell'analisi e della correzione del valore al basale.

3. Pipettare 1–2 µL di soluzione di blanking sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di blanking nel supporto per cuvette.

**Suggerimento:** Se si utilizza una cuvetta, assicurarsi di [allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso](#) della luce dello strumento.

4. Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.

Se [Auto-Blank](#) è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio. (Questa opzione non è disponibile per le misurazioni in cuvetta).

5. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio o rimuovere la cuvetta di blanking.

6. Pipettare 1-2 µL di soluzione di campionamento sul piedistallo e abbassare il braccio, oppure inserire la cuvetta di campionamento nel relativo supporto.

7. Iniziare la misurazione del campione:

- Piedistallo: Se [Auto-Measure](#) è attivata, abbassare il braccio; se Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare Misura.
- Cuvette: toccare **Misura**.

Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati lo spettro e i valori riportati (consultare la sezione successiva).

8. Al termine della misurazione dei campioni, toccare **Termina esperimento**.

9. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta o rimuovere la cuvetta di campionamento.

## Procedure ottimali per le misurazioni UV-Vis

- Assicurarsi che l'assorbanza del campione rientri nei [limiti di rilevamento dell'assorbanza](#) dello strumento.
- Eseguire un blanking con la stessa soluzione tampone utilizzata per risospendere l'analita di interesse. La soluzione di blanking deve avere un pH e una forza ionica simili a quelli della soluzione dell'analita.
- Eseguire un [ciclo di blanking](#) per valutare il contributo di assorbanza della soluzione tampone. Se il tampone presenta una forte assorbanza della o vicino alla lunghezza d'onda di una delle analisi, potrebbe essere necessario scegliere un tampone o un'applicazione diversi. Consultare [Scelta e misurazione di un blank](#) per ulteriori informazioni.
- Per misurazioni micro-volumetriche:
  - Assicurarsi che le superfici dei piedistalli siano adeguatamente [pulite](#) e [condizionate](#).
  - Assicurarsi che i campioni siano omogenei prima di effettuare una misurazione. Evitare di introdurre bolle durante la miscelazione e il pipettaggio.
  - Seguire le [procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche](#).

## 7 Applicazioni personalizzate

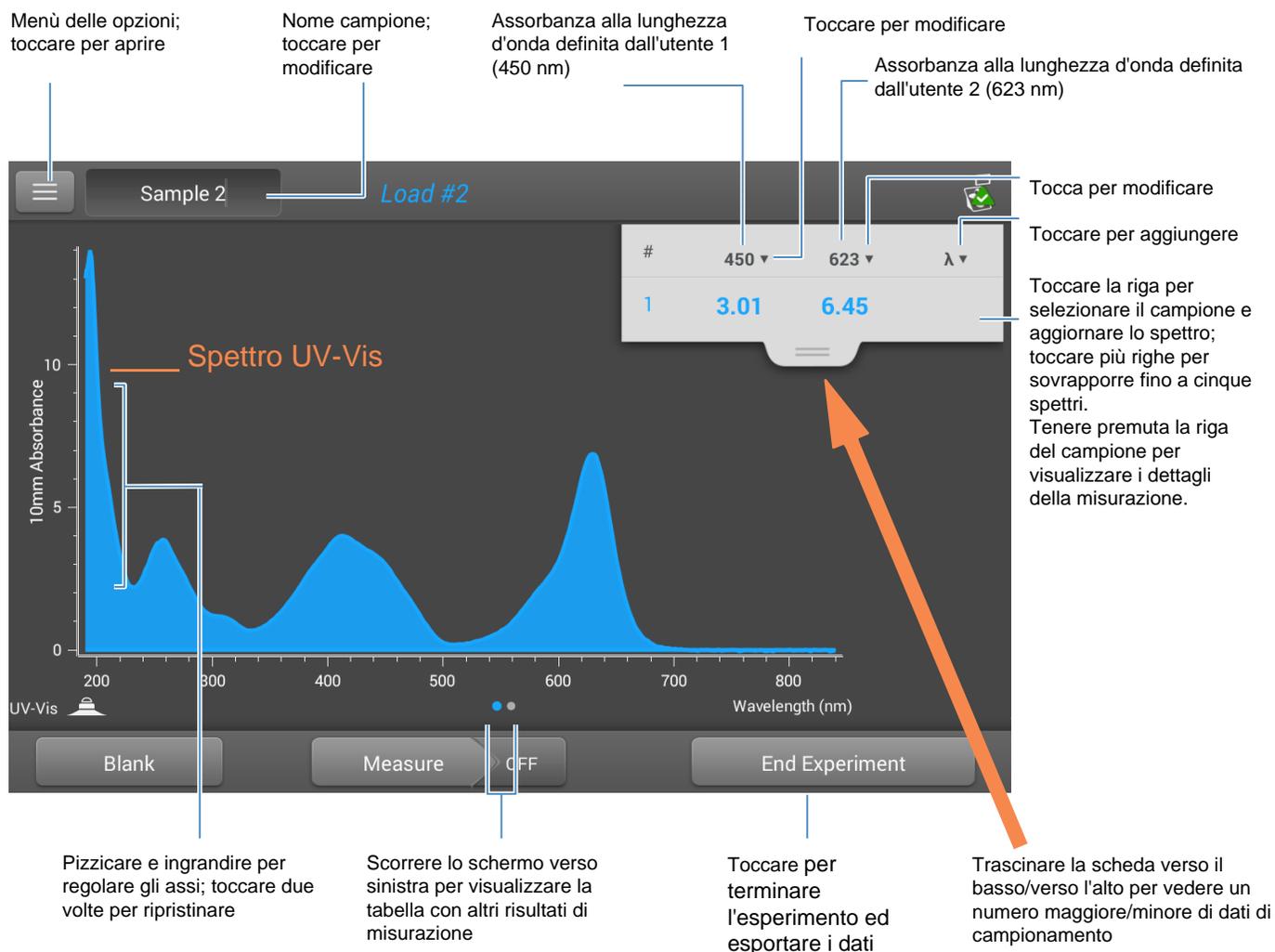
### Misurazione UV-Vis

- Utilizzare un volume di campionamento di 1-2  $\mu\text{L}$ . Consultare [Volumi di campionamento consigliati](#) per ulteriori informazioni.
- Per le misurazioni in cuvetta (solo strumenti NanoDrop OneC), utilizzare cuvette compatibili e seguire le [procedure migliori per le misurazioni in cuvetta](#).

## Report risultati UV-Vis

### Schermata di misurazione UV-Vis

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio di come appare sul display dello strumento locale:



Nota Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Report valori UV-Vis

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

The screenshot displays the following information:

- Application:** UV-Vis
- Method of sampling:** 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

Annotations and their corresponding elements:

- Applicazione:** Points to the UV-Vis label.
- Metodo di campionamento:** Points to the Pedestal label.
- Nome campione; toccare per modificare:** Points to the Sample Name input field.
- Data/ora misurazione:** Points to the Created on timestamp.
- Impostazione automatica della lunghezza del percorso:** Points to the Automated pathlength ON setting.
- Assorbance correzione del valore al basale:** Points to the 750 nm 0.00 absorbance row.
- Assorbance a 450 nm:** Points to the 450 nm 3.01 absorbance row.
- Assorbance a 623 nm:** Points to the 623 nm 6.45 absorbance row.
- Assorbance a 635 nm:** Points to the 635 nm 6.49 absorbance row.
- Lunghezze d'onda definite dall'utente:** Points to the Wavelength #1, #2, and #3 labels.
- Lunghezza d'onda correzione del valore al basale:** Points to the 750 nm label.

**Nota** Scorrere verso l'alto per visualizzare i valori di assorbance per eventuali lunghezze d'onda aggiuntive definite dall'utente.

## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione UV-Vis

Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione con i valori riportati come compaiono nel software NanoDrop PC:

Torna alla schermata Home (termina l'esperimento)      Nome campione; selezionare per modificare      Esegui blanking      Misura soluzione campione      Termina esperimento ed esporta i dati

Selezionare per attivare/disattivare la funzione Auto-Measure (Per impostazione predefinita Auto-Measure è ON mentre Auto-Blank è OFF)

Selezionare per aggiungere l'assorbanza alle lunghezze d'onda definite dall'utente

Righe campioni

Date	Sample	Location	Pathlength Used	Baseline
5/29/2020 4:29:58 PM	Sample 1		1 mm	
5/29/2020 4:30:59 PM	Sample 4		1 mm	
5/29/2020 4:31:45 PM	Sample 3		1 mm	

Con il campione selezionato, cliccare e trascinare un'area per ingrandire  
Cliccare con il pulsante destro del mouse e selezionare Autoscale per adattare gli spettri alla finestra

#### Suggerimenti:

Cliccare sulla riga del campione per selezionare il campione e aggiornare lo spettro  
Cliccare su più righe dei campioni per sovrapporre fino a cinque spettri

Cliccare su un campione e posizionare il puntatore sugli spettri per visualizzare i valori della misurazione

## Impostazioni per misurazioni UV-Vis

Per visualizzare le impostazioni UV-Vis, dalla schermata Home, dalla scheda **Custom**, selezionare **UV-Vis**.

Impostazioni	Opzioni disponibili	Descrizione
Monitorato lunghezze d'onda	Inserire un massimo di 40 lunghezze d'onda comprese tra 190 nm e 850 nm	<b>lunghezze d'onda definite dall'utente da misurare e riportato in fase di esecuzione.</b> I valori di assorbanza per le prime tre lunghezze d'onda inserite vengono visualizzati nella schermata <a href="#">di misurazione</a> . Per visualizzare i valori di assorbanza per 8 lunghezze d'onda monitorate, scorrere verso sinistra nella schermata di misurazione per visualizzare la <a href="#">tabella Dati</a> . Per visualizzare tutte le lunghezze d'onda monitorate, tenere premuta una riga del campione per visualizzare la schermata <a href="#">Dettagli campione</a> (scorrere verso l'alto per visualizzare i valori di assorbanza per eventuali lunghezze d'onda aggiuntive definite dall'utente).
<b>Nota:</b> se si seleziona Correzione al valore basale, tutti i valori di assorbanza visualizzati saranno i valori corretti.		
Lunghezza d'onda analitica	Qualsiasi lunghezza d'onda tra 190 nm e 850 nm	Questa è la lunghezza d'onda che il software utilizzerà per determinare la selezione della lunghezza del percorso.
Lunghezza del percorso automatizzata	On o Off (influisce solo sulle misurazioni mediante piedistallo)	<p><b>Selezione automatica facoltativa della lunghezza del percorso.</b> Consente al software di utilizzare la lunghezza ottimale (più breve) del percorso del piedistallo per campioni ad alta concentrazione per aiutare a prevenire la saturazione del rivelatore (consultare i <a href="#">Limiti di rilevamento</a> per i dettagli).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Se selezionata, la lunghezza del percorso più breve viene utilizzata quando qualsiasi lunghezza d'onda compresa tra 220 nm e 850 nm ha un valore di assorbanza equivalente di 10 mm, pari o superiore a 12,5. Per lunghezze d'onda comprese tra 190 nm e 219 nm, il passaggio alla lunghezza d'onda più breve si verifica quando qualsiasi lunghezza d'onda in questo intervallo ha un valore di assorbanza equivalente di 10 mm pari o superiore a 10.</li> <li>• Se deselezionata, la lunghezza del percorso del piedistallo è limitata a 10 mm su tutte le lunghezze d'onda.</li> </ul> <p><b>Nota:</b> In entrambi i casi, i valori di assorbanza visualizzati sono stati normalizzati a una lunghezza del percorso equivalente a 10 mm.</p>

## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione UV-Vis

Impostazione	Opzioni disponibili	Descrizione
Correzione del valore al basale	On o Off  Inserire la lunghezza d'onda della correzione del valore al basale in nm o utilizzare il valore predefinito (750 nm)	<b>Correzione del valore al basale facoltativa definita dall'utente.</b> Si può utilizzare per correggere eventuali scostamenti causati da particelle di dispersione della luce sottraendo l'assorbanza misurata alla lunghezza d'onda di correzione del valore al basale specificata dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro di campionamento. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basale specificata.

---

## Misurazione personalizzata

Esegue un metodo di misurazione personalizzato creato utilizzando il software NanoDrop One.

[Misura Metodo personalizzato](#)

[Elimina metodo personalizzato](#)

[Report risultati](#)



## Misura utilizzando un metodo personalizzato

Utilizzare l'applicazione Custom per eseguire un metodo definito dall'utente creato utilizzando il software NanoDrop One in esecuzione su un personal computer. Per ulteriori informazioni, consultare ["Creazione di un metodo personalizzato" a pagina 171](#).

### Per caricare un metodo personalizzato

I metodi personalizzati possono essere creati esclusivamente su un personal computer che esegue il software NanoDrop One. Se si desidera eseguire un metodo personalizzato e memorizzare i risultati della misurazione sullo strumento, il metodo deve essere disponibile anche sullo strumento. (Questo è l'unico modo per eseguire un metodo personalizzato se lo strumento non è collegato al computer con un cavo Ethernet.)

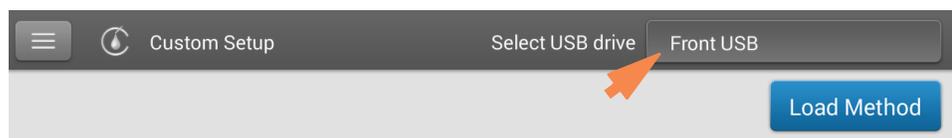
### Caricare metodi personalizzati sullo strumento

1. [Esportare il metodo](#) dal personal computer e copiare il file del metodo nella directory principale di un dispositivo USB portatile, ad esempio una memory stick.

I file del metodo hanno estensione ".method".

Nota I metodi personalizzati scaricati dal sito Web NanoDrop One hanno un'estensione .zip, pertanto devono essere estratti utilizzando un software di scompattamento di terzi prima che il software li riconosca come metodi personalizzati.

2. Collegare il dispositivo USB a una delle [porte USB](#) dello strumento.
3. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Custom** e selezionare **Metodi personalizzati**.
4. Utilizzare il menù a tendina nella parte superiore dello schermo per indicare la porta USB utilizzata.

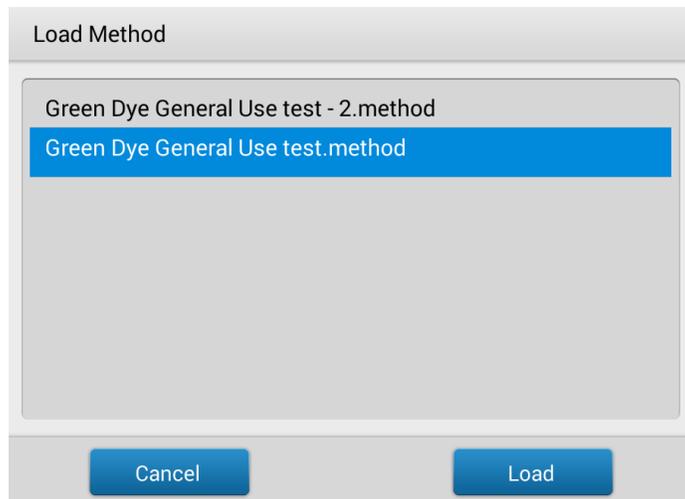


## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione personalizzata

#### 5. Selezionare **Carica Metodo**.

Una finestra di messaggio visualizza i metodi NanoDrop One disponibili sul dispositivo USB selezionato.



#### 6. Selezionare uno o più denominazioni del metodo nella casella Metodo di caricamento per selezionare i metodi da caricare.

#### 7. Selezionare **Carica**.

### Misurazione mediante un metodo personalizzato

#### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

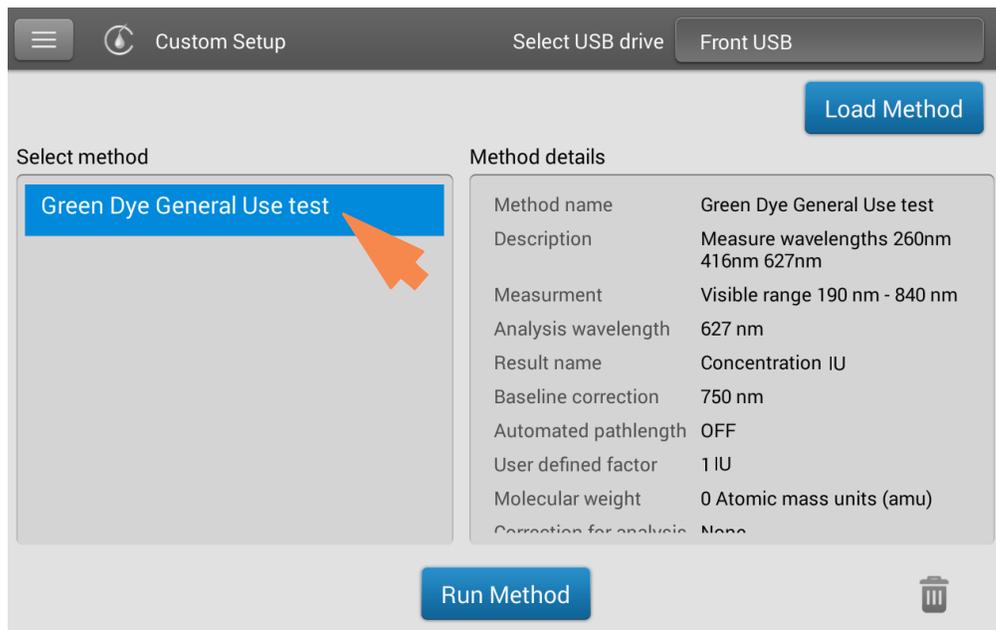
#### Considerazioni preliminari

Prima di eseguire misurazioni del piedistallo con lo strumento NanoDrop One, sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore. Pulire i piedistalli almeno con una nuova salvietta da laboratorio. Per ulteriori informazioni, consultare [Pulizia dei piedistalli](#).

#### Misurazione di un campione utilizzando un metodo personalizzato utilizzando l'interfaccia dello strumento locale

1. Assicurarsi che il metodo sia disponibile sullo strumento NanoDrop One (vedere [Per caricare un metodo personalizzato](#) per i dettagli).
2. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Custom** e selezionare **Metodi personalizzati**.

3. Nella casella Seleziona metodo selezionare il metodo da eseguire.



Le informazioni sul metodo selezionato vengono visualizzate nella casella Dettagli metodo.

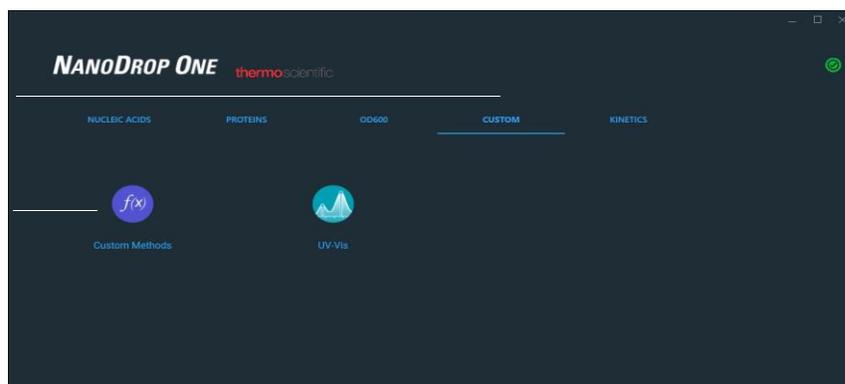
4. Selezionare **Esegui metodo**.
5. Seguire le istruzioni sullo schermo per misurare un campione.

**Per misurare un campione con un metodo personalizzato utilizzando il software per PC**

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Custom** e selezionare **Metodi personalizzati**.

**Scheda  
Custom**

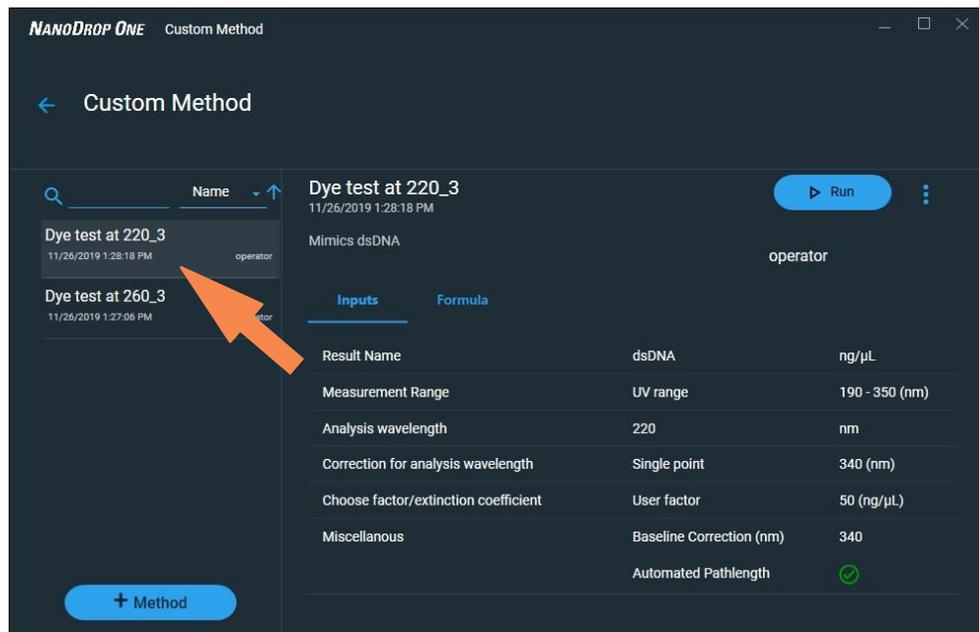
**Icona  
metodo  
personali  
zzato**



## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione personalizzata

2. Nel riquadro di selezione del metodo selezionare il metodo da eseguire.



Le informazioni sul metodo selezionato vengono visualizzate nella casella dettagli metodo.

3. Selezionare  .
4. Seguire le istruzioni sullo schermo per misurare un campione.

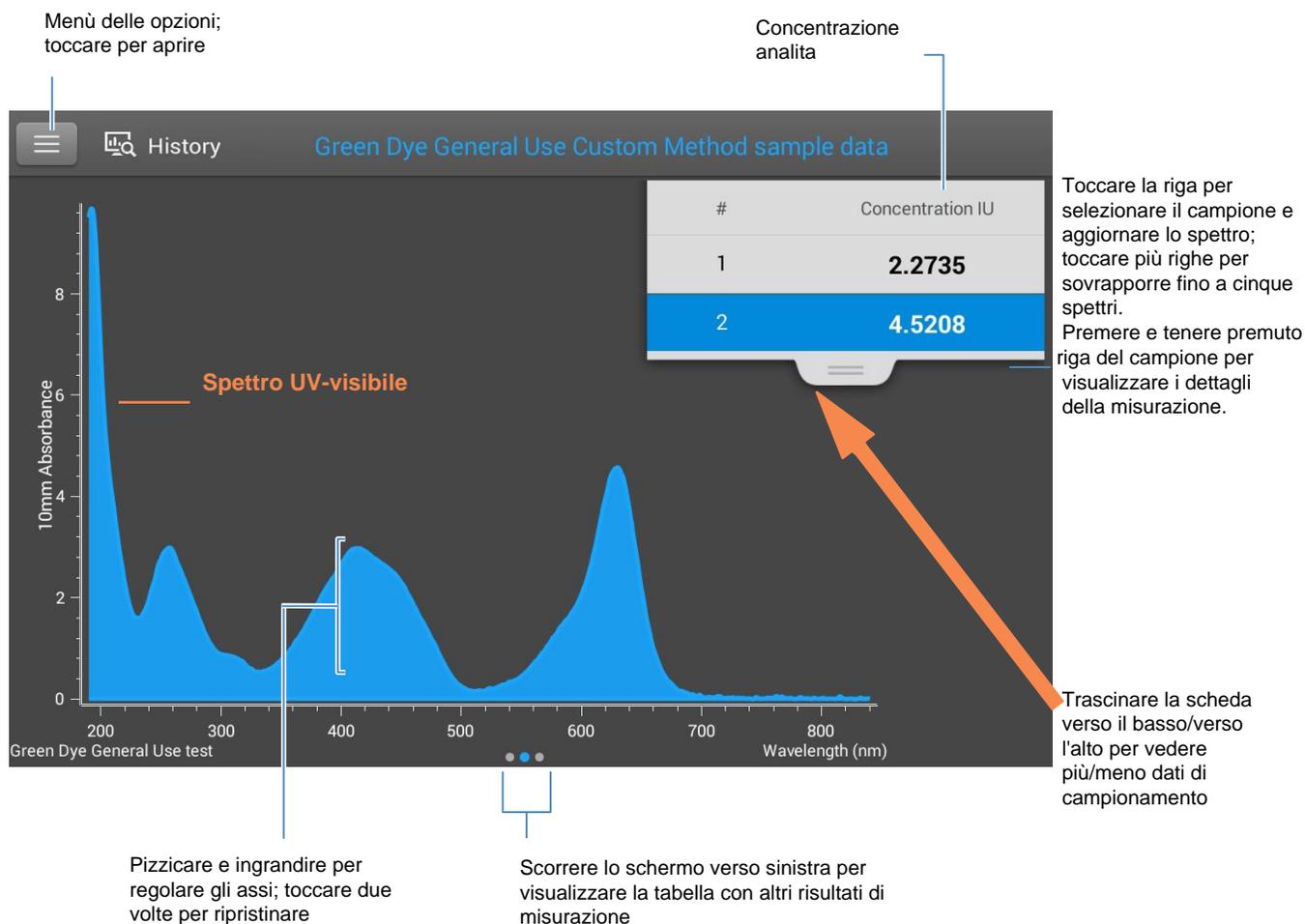
## Eliminare metodo personalizzato

- Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Custom** e selezionare **Metodi personalizzati**.
- Nella casella Seleziona metodo selezionare un metodo da eliminare.
- Selezionare 

## Report risultati Metodo personalizzato

### Schermata di misurazione del metodo personalizzato (visualizzata dalla Cronologia)

Per ciascun campione misurato, questa applicazione visualizza lo spettro di assorbanza e un riepilogo dei risultati. Di seguito si riporta un esempio:



Nota Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm.

## Valori riportati Metodo personalizzato

La schermata iniziale che compare dopo ogni misurazione (consultare l'immagine precedente) mostra un riepilogo dei valori riportati. Per visualizzare tutti i valori riportati, tenere premuta la riga del campione. Di seguito si riporta un esempio:

## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione personalizzata

The screenshot displays the 'Sample Details' screen in the NanoDrop One software. The interface is divided into a header section with tabs and a main data entry section. The 'Green Dye General Use test' and 'Pedestal' tabs are visible. The 'Sample Name' field contains 'Sample 2'. The 'Created on' field shows the date and time '9/22/2015 6:41:24 PM'. The 'Concentration' is '4.5208 IU'. The 'Analysis wavelength' is '627 nm'. The 'Factor' is '1 IU'. The 'Baseline correction' is '750 nm 0.00 absorbance'. The 'Formula results' section lists 'A627 4.521 OD', 'A260 2.927 OD', and 'A416 2.977 OD'. Annotations with blue lines point to various fields: 'Nome del metodo' points to the 'Green Dye General Use test' tab; 'Metodo di campionamento' points to the 'Pedestal' tab; 'Nome campione; toccare per modificare' points to the 'Sample Name' field; 'Data/ora misurazione' points to the 'Created on' field; 'Concentrazione analita' points to the 'Concentration' field; and 'Dettagli metodo' points to the 'Baseline correction' and 'Formula results' fields. At the bottom, there is a printer icon, an 'OK' button, and a trash icon.

Field	Value	Annotation
Sample Name	Sample 2	Nome campione; toccare per modificare
Created on	9/22/2015 6:41:24 PM	Data/ora misurazione
Concentration	4.5208 IU	Concentrazione analita
Analysis wavelength	627 nm	
Factor	1 IU	
Baseline correction	750 nm 0.00 absorbance	Dettagli metodo
Formula results	A627 4.521 OD A260 2.927 OD A416 2.977 OD	Dettagli metodo

## Gestione metodi personalizzati

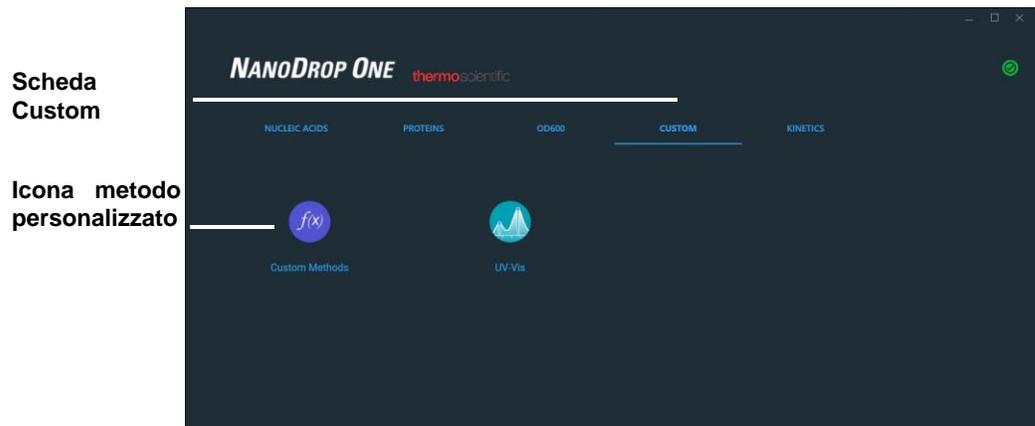
Il software NanoDrop One PC Control è lo strumento per creare e gestire metodi personalizzati, che contengono impostazioni definite dall'utente che possono essere utilizzate per acquisire dati con lo strumento. I metodi personalizzati possono essere realizzati con o senza standard.

### Crea metodo personalizzato

Creare il metodo da utilizzare per le misurazioni dei campioni con impostazioni definite dall'utente.

#### Crea nuovo metodo personalizzato

- Dalla schermata Home di NanoDrop, selezionare la scheda **Custom** e selezionare **Metodi personalizzati**



- Nella schermata Gestisci metodi personalizzati, selezionare **+ NEW METHOD** e scegliere una delle opzioni seguenti:
  - **Formula** (se non è previsto alcuno standard per il metodo)
  - **Curva standard** (se sono previsti standard per il metodo)
- Nella finestra delle impostazioni, inserire **Nome metodo** (questo nome viene visualizzato nella casella **Impostazioni personalizzata** sullo strumento una volta trasferito il metodo in tale scheda)
- Inserire una **descrizione** dettagliata del metodo, ove desiderato
- Specificare come calcolare e riportare i risultati del metodo:
  - se non è presente alcuno standard per il metodo, specificare il **fattore o il coefficiente di estinzione dell'analita** (inserire "1" solo per riportare le misurazioni dell'assorbanza)
  - se sono presenti alcuni standard per il metodo, inserire **il nome e la concentrazione di ciascuno standard** e **selezionare il tipo di adattamento della curva**

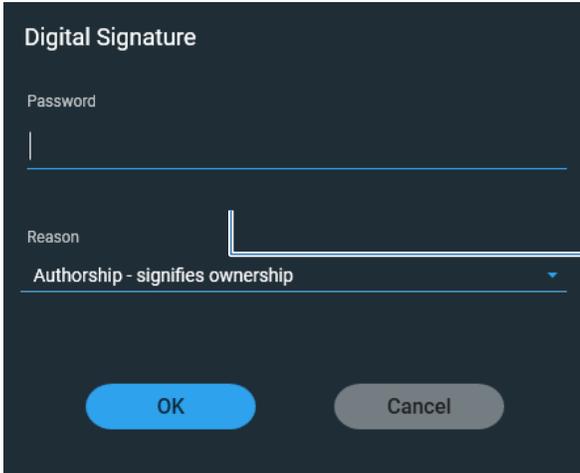
## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione personalizzata

- Inserire o scegliere [le impostazioni personalizzate](#) rimanenti in base alle esigenze
- Selezionare **Salva**.

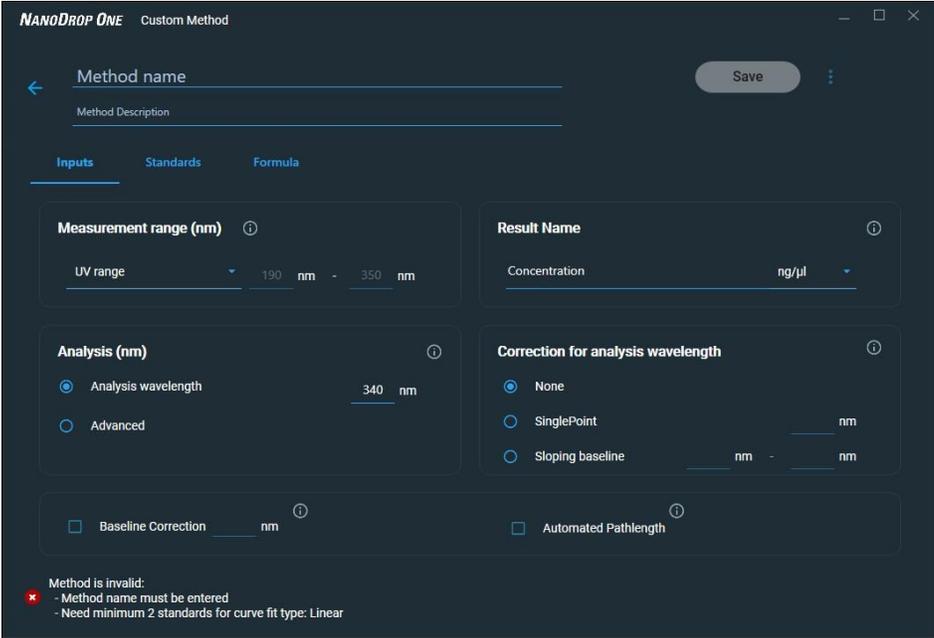
Nota Se  compare in basso a sinistra dello schermo invece di un'icona verde con un segno di spunta, il metodo non è valido perché contiene un errore.

- Inserire la password per confermare le modifiche, se richiesto.



Inserire la password per confermare le modifiche

Se il metodo presenta un'icona con un segno di spunta verde in basso, selezionare **Chiudi** per uscire dalla schermata delle impostazioni del metodo

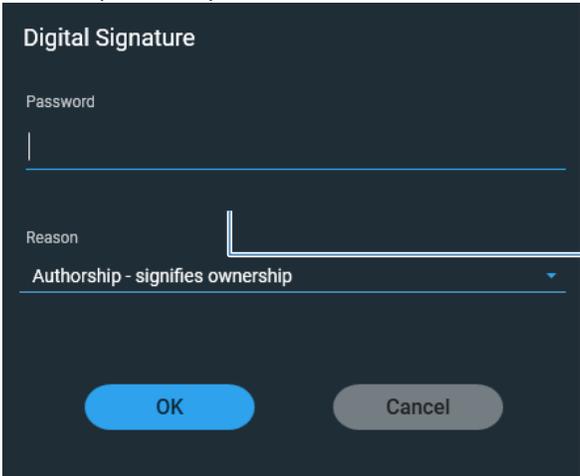


Method is invalid:  
- Method name must be entered  
- Need minimum 2 standards for curve fit type: Linear

### Visualizzare o modificare un metodo personalizzato

- Selezionare **metodo personalizzato** (i metodi esistenti sono elencati nella casella Seleziona metodo insieme al rispettivo tipo (formula o standard) e alla descrizione
- Dalla schermata Gestione metodo personalizzato, selezionare il metodo che si desidera modificare dall'elenco dei metodi caricati.

- Dal menù a tendina  selezionare **Modifica**
- Visualizzare e regolare le impostazioni del metodo come desiderato
- Selezionare **salva**
- Inserire la password per confermare le modifiche, se richiesto.



Inserire la password per confermare le modifiche

### Impostazioni metodo personalizzato

Queste impostazioni sono disponibili per la creazione di metodi personalizzati.

Impostazione	Opzioni disponibili
Nome risultato	Inserire un nome descrittivo per il risultato della concentrazione calcolata (ad esempio, "Analisi MTT") e utilizzare il menù a tendina adiacente per selezionare l'unità appropriata. Il nome del risultato viene visualizzato come intestazione di colonna per il valore della concentrazione riportato.
Intervallo di misurazione	Selezionare l'intervallo dello spettro in cui il metodo acquisirà i dati. Opzioni disponibili: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Solo ultravioletto (190 nm - 350 nm)</li> <li>• Solo visibile (350 nm - 850 nm)</li> <li>• Ultravioletto e visibile (190 nm - 850 nm)</li> <li>• Personalizzato (specificare il punto iniziale e finale in nanometri)</li> </ul> <p><b>Note:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Se si utilizza una <a href="#">correzione a valore basale</a> e/o una <a href="#">correzione della lunghezza d'onda di analisi</a>, assicurarsi che l'intervallo dello spettro selezionato includa la correzione del valore al basale specificata e/o la lunghezza d'onda di correzione dell'analisi.</li> <li>• Le misurazioni dell'assorbance micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm) sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10 mm.</li> </ul>

Impostazioni	Opzioni disponibili
Correzione della lunghezza d'onda dell'analisi	<p>Utilizzare questa opzione per specificare la correzione dell'assorbanza solo alla lunghezza d'onda dell'analisi. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Nessuna.</b> Nessuna correzione alla lunghezza d'onda dell'analisi.</li><li>• <b>Singolo punto.</b> Inserire la lunghezza d'onda per la correzione dell'analisi. (Il valore dell'assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione dell'analisi specificata viene sottratto dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda dell'analisi. Il valore corretto viene utilizzato per calcolare la concentrazione del campione.)</li><li>• <b>Valoreale basale inclinato.</b> Inserire due lunghezze d'onda che definiscono il valore al basale inclinato per la correzione dell'analisi. (Il valore di assorbanza del basale inclinato alla lunghezza d'onda dell'analisi viene sottratto dal valore di assorbanza alla lunghezza d'onda dell'analisi. Il valore corretto viene utilizzato per calcolare la concentrazione del campione.)</li></ul>
Fattore o coefficiente di estinzione a 1 cm di lunghezza del percorso (solo metodi di formula)	<p>Specificare se utilizzare il fattore o il coefficiente di estinzione per calcolare il risultato della concentrazione:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Fattore definito dall'utente.</b> Inserire il <b>fattore</b> per la lunghezza del percorso di 1 cm e utilizzare il menù a tendina adiacente per selezionare l'<b>unità</b> appropriata. L'equazione seguente mostra il modo in cui il fattore viene utilizzato per calcolare la concentrazione del campione: <math display="block">c = (A * f) / b</math><p>dove: c= concentrazione dell'analita A = assorbanza in unità di assorbanza (A) f = fattore (tipicamente 1/ε, dove ε = molare dipendente dalla lunghezza d'onda coefficiente di assorbimento, o coefficiente di estinzione) b = lunghezza del percorso in cm (determinata al momento della misurazione, quindi normalizzata a 10 mm (1 cm) di lunghezza del percorso equivalente)</p></li><li>• <b>Coefficiente di estinzione e peso molecolare.</b> Inserire il <b>coefficiente di estinzione</b> per la lunghezza del percorso di 1 cm e utilizzare il menù a tendina adiacente per selezionare l'<b>unità</b> appropriata. L'equazione seguente mostra il modo in cui il coefficiente di estinzione viene utilizzato per calcolare la concentrazione del campione: <math display="block">c = A / (\epsilon * b)</math><p>dove: c= concentrazione dell'analita A = assorbanza in unità di assorbanza (A) ε = coefficiente di assorbimento molare (o coefficiente di estinzione) dipendente dalla lunghezza d'onda b = lunghezza del percorso in cm (determinata al momento della misurazione, quindi normalizzata a 10 mm (1 cm) di lunghezza del percorso equivalente)</p></li></ul>

Impostazioni	Opzioni disponibili
	<p><b>Note:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Fare riferimento alla letteratura sul prodotto per informazioni sui fattori e sui coefficienti di estinzione per materiali specifici.</li><li>• Per impostare un metodo che riporti solo le misurazioni dell'assorbanza, selezionare Fattore o Coefficiente di estinzione con il fattore o il coefficiente di estinzione impostato su "1".</li><li>• Se l'unità specificata per il fattore o il coefficiente di estinzione si basa sulla massa (come mg/mL) e l'unità specificata per il risultato calcolato si basa sulla molarità (come pmol/μL) o viceversa, inserire il <b>peso molecolare</b> e utilizzare il menù a discesa adiacente per selezionare l'<b>unità</b> appropriata.</li></ul>
Standard (solo metodi a curva standard)	<p>Definire gli standard:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Inserire il nome e la concentrazione dell'analita di ogni standard e un riferimento, ove desiderato:<ul style="list-style-type: none"><li>– A seconda dell'impostazione del tipo di curva, è possibile generare una curva standard utilizzando due o più standard. (Il software <b>consente un riferimento e fino a un massimo di 7 standard.</b>)</li><li>– <b>Tutte le soluzioni di riferimento e standard</b> devono coincidere con il tampone utilizzato per risospendere i campioni oltre allo stesso volume di reagente aggiunto ai campioni.</li><li>– <b>Il primo standard</b> costituisce una misura di riferimento. La soluzione di riferimento non deve contenere nessuno degli analiti di interesse. (La misura di riferimento non coincide con una misurazione blank.)</li><li>– <b>I valori di concentrazione per gli standard</b> possono essere inseriti in qualsiasi ordine, tuttavia gli standard devono essere misurati nell'ordine in cui sono stati inseriti; tuttavia, le procedure ottimali impongono che gli standard siano misurati dalla concentrazione più bassa a quella più alta dello stock di analita standard.</li><li>– <b>L'intervallo di concentrazione degli standard</b> deve coprire l'intervallo dinamico del saggio e l'intervallo previsto dei campioni sconosciuti. Le concentrazioni dell'analita campione non vengono estrapolate oltre la concentrazione dello standard più elevato.</li></ul></li></ul>

Impostazioni	Opzioni disponibili
	<ul style="list-style-type: none"><li>• Selezionare il tipo di adattamento della curva.</li></ul> <p>Specificare il tipo di equazione utilizzata per creare una curva standard a partire da valori di concentrazione standard. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>– Lineare: disegna la retta lineare dei minimi quadrati attraverso tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li><li>– Interpolazione: disegna una serie di linee rette per collegare tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno uno standard)</li><li>– Polinomio di 2° grado: disegna il polinomio dei minimi quadrati di 2° grado utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno due standard)</li><li>– Polinomio di 3° grado: disegna il polinomio dei minimi quadrati di 3° grado utilizzando tutti gli standard misurati (richiede la misurazione di riferimento e almeno tre standard)</li></ul>
Lunghezza d'onda dell'analisi (solo metodi a curva standard)	<p>Monitorare l'assorbanza alla lunghezza d'onda specificata (inserire la lunghezza d'onda in nanometri).</p> <p><b>Nota:</b> la lunghezza d'onda specificata deve rientrare nell' <a href="#">intervallo di misurazione</a> selezionato.</p> <p>I risultati della misurazione o la concentrazione saranno calcolati automaticamente utilizzando il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda specificata e applicando il tipo di metodo selezionato (fattore o curva standard).</p>
Correzione del valore al basale	<p>Selezionare questa opzione per correggere la discrepanza causata dalle particelle di dispersione della luce sottraendo l'assorbanza in un punto del valore al basale specificato. Quindi specificare la lunghezza d'onda per la correzione del valore al basale.</p> <p><b>Nota:</b> il software sottrae il valore di assorbanza alla lunghezza d'onda di correzione del valore al basale specificato dai valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda nello spettro del campione. Di conseguenza, l'assorbanza dello spettro di campionamento è zero alla lunghezza d'onda della correzione del valore al basale specificata.</p>

Impostazioni	Opzioni disponibili
--------------	---------------------

Lunghezza del percorso automatizzata	influisce solo sulle misurazioni dei microvolumi.
--------------------------------------	---

- Quando viene selezionata la funzione Lunghezza del percorso automatizzata, il software seleziona la lunghezza del percorso ottimale (tra 1,0 mm e 0,03 mm) in base all'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi. Ad esempio, quando l'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda dell'analisi è inferiore o uguale a 12,5 (equivalente di lunghezza del percorso di 10 mm), viene utilizzata la lunghezza del percorso ottimale più lungo. Quando l'assorbanza del campione è superiore a 12,5, viene utilizzata la lunghezza del percorso ottimale più breve. Consigliato per campioni che sono altamente assorbenti alla lunghezza d'onda dell'analisi. (Questa opzione può causare una sensibilità ridotta quando gli spettri del campione presentano un ampio picco di assorbanza differente dalla lunghezza d'onda dell'analisi.)

**Nota:** quando la lunghezza d'onda dell'analisi è compresa tra 190 nm e 219 nm, viene utilizzata la lunghezza del percorso ottimale più lungo quando l'assorbanza del campione è pari o inferiore a 10 (lunghezza del percorso equivalente a 10 mm) e la lunghezza del percorso ottimale più breve quando l'assorbanza del campione è maggiore di 10.

- Se la funzione Automated Pathlength è deselezionata, il software utilizza una lunghezza del percorso pari a 1 mm indipendentemente dall'assorbanza del campione. Ciò può causare la saturazione del rilevatore (con conseguenti picchi frastagliati) per campioni altamente assorbenti (ad esempio, ~15 A alla lunghezza del percorso equivalente a 10 mm).

Impostazioni	Opzioni disponibili
Tabella delle formule (facoltativa)	<p>Utilizzare la tabella delle formule per specificare ulteriori risultati riportati, ad esempio un rapporto di purezza, per ciascun campione.</p> <p>Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Predefinito.</b> Selezionare da un elenco di formule predefinite, che possono essere utilizzate invariate o essere modificate, e selezionare <b>Aggiungi</b>. La formula predefinita è elencata nella tabella delle formule.</li><li>• <b>Aggiungi</b> Creare la formula per il metodo corrente. Opzioni disponibili:<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Nome formula.</b> Consente di inserire un nome per la formula. Dopo una misurazione, il nome viene riportato nelle schermate Tabella dati e Dettagli campione.</li><li>• <b>Formula.</b> Consente di inserire una formula valida (cfr. sotto per regole ed esempi). Dopo una misurazione, il valore misurato o calcolato viene riportato nelle schermate Tabella dati e Dettagli campione.</li><li>• <b>Unità.</b> Consente di inserire l'unità per il risultato riportato. Dopo una misurazione, l'unità viene riportata nelle schermate Tabella dati e Dettagli campione.</li></ul></li><li>• <b>Modifica.</b> Consente di modificare la formula selezionata per il metodo corrente.</li><li>• <b>Elimina.</b> Elimina la formula selezionata dal metodo corrente.</li></ul>
Regole per le formule	<p>Le formule personalizzate possono includere i seguenti operatori e le seguenti funzioni:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Percorso().</b> Restituisce la lunghezza del percorso del campione in cm.</li><li>• <b>A(nm).</b> Restituisce l'assorbanza del campione alla lunghezza d'onda specificata (ad esempio, inserire A(650) per aggiungere l'assorbanza misurata a 650 nm all'equazione).</li><li>• <b>Operatori:</b> + (somma), - (differenza), * (prodotto), / (quoziente).</li><li>• <b>Funzioni:</b> Log(x), Pow(x,y).</li></ul> <p><b>Note:</b> seguire queste regole aggiuntive per tutte le lingue:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Utilizzare il punto "." come separatore decimale per i numeri in virgola mobile singoli e doppi</li><li>• Utilizzare la virgola "," come separatore per i decimali (ad esempio, "Pow(2,8)").</li><li>• Non utilizzare la virgola "," come separatore per le migliaia (ad esempio, inserire 1000 anziché 1.000).</li></ul>

## Copia Metodo personalizzato

Per creare un metodo personalizzato simile a uno esistente, aprire il metodo esistente, apporta le modifiche, quindi selezionare **Salva con nome** e inserire un nuovo nome.

### Copia Metodo personalizzato

- Dalla schermata Metodi personalizzati, selezionare un metodo personalizzato
- Dal menù a tendina  selezionare **Modifica**
- Inserire un nuovo **Nome del Metodo** e una nuova **Descrizione**
- Selezionare **Salva con nome**
- Inserire un nome file per il metodo e cliccare su **Salva**

A questo punto è possibile selezionare il metodo salvato e modificare la **Descrizione** e le impostazioni.

## Esegui Metodo personalizzato

Se si desidera eseguire un metodo personalizzato e memorizzare i risultati della misurazione sullo strumento, il metodo deve essere disponibile anche sullo strumento (cfr. [Caricare un metodo](#) personalizzato per i dettagli).

## Esporta Metodo personalizzato

Esportare un metodo personalizzato per eseguirlo e memorizzare i risultati della misurazione sullo strumento NanoDrop One.

- Dalla schermata Metodi personalizzati, selezionare un metodo personalizzato
- Dal menù a tendina , selezionare **Esporta** (se il metodo non è valido, viene visualizzato un messaggio di errore; gli errori devono essere corretti prima che il metodo possa essere esportato)
- Scegli **Salva** (il metodo viene esportato nel file di metodo (estensione del nome file \*.method) in formato proprietario)

Per trasferire il metodo allo strumento NanoDrop One, copiare il file del metodo su un dispositivo di memoria USB e quindi caricarlo (cfr. [Caricare un metodo](#) personalizzato per i dettagli)

## Importare metodo personalizzato

Importare un metodo personalizzato in un computer che esegue il software NanoDrop One per modificarne le impostazioni.

- Nella schermata Metodi personalizzati, selezionare **Importa**.
- Individuare e selezionare il file “.method”
- Selezionare **Apri** (il metodo importato viene aggiunto alla fine dell'elenco Seleziona metodo)

## 7 Applicazioni personalizzate

### Misurazione personalizzata

#### Modificare Metodo personalizzato

Modificare un metodo personalizzato per modificare le impostazioni del metodo.

- Dalla schermata Metodi personalizzati, selezionare un metodo personalizzato dall'elenco dei metodi disponibili
- Dal menù a tendina , selezionare **Modifica**
- Modificare le impostazioni del metodo secondo le proprie preferenze
- Selezionare **Salva**.

#### Eliminare Metodo personalizzato

- Dalla schermata Metodi personalizzati, selezionare un metodo personalizzato dall'elenco dei metodi disponibili
- Dal menù a discesa , selezionare **Elimina**
- Dopo il messaggio di conferma, selezionare **Si**

## Misurazione Kintetics

Effettuare misurazioni cinetiche basate sul tempo utilizzando il supporto per cuvette (solo strumenti del modello NanoDrop OneC).

[Misura Kintetics](#)

[Crea metodo Kinetics](#)

[Modifica metodo Kinetics](#)

[Report risultati](#)

[Impostazioni](#)

[Limiti di rilevamento](#)



### Misurazione Kintetics

Lo strumento NanoDrop One<sup>C</sup> può essere utilizzato per effettuare misurazioni cinetiche basate sul tempo su campioni in cuvette. Fino a 3 lunghezze d'onda tra 190 nm e 850 nm possono essere designate per il monitoraggio continuo dell'assorbanza a intervalli definiti dall'utente in un massimo di 5 stadi. Le misurazioni Cuvette offrono un [limite di rilevamento](#) inferiore esteso e un riscaldatore e micro-stirrer a 37 °C opzionali.

Nota Il braccio dello strumento può essere alzato durante le misurazioni mediante cuvetta, il che consente di aggiungere reagenti alla soluzione del campione, se lo si desidera.

Per effettuare misurazioni cinetiche

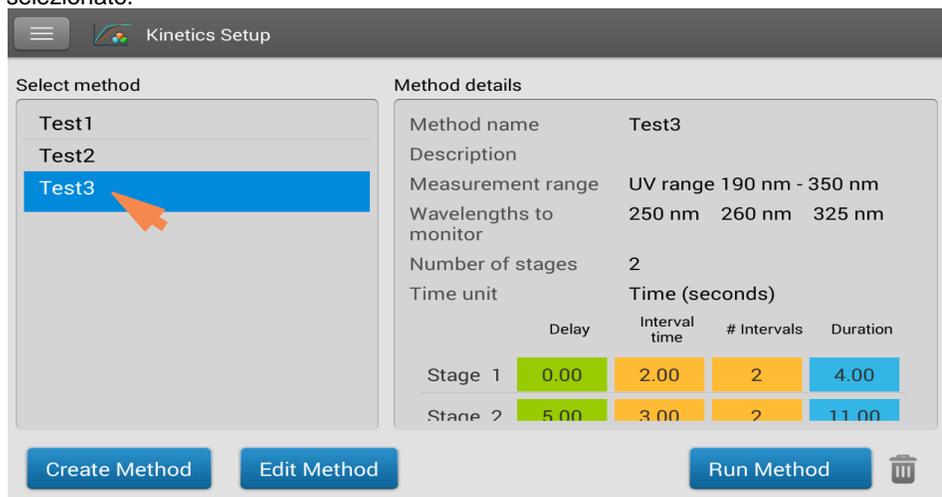
#### AVVERTENZA

- Per evitare danni dovuti a fuoriuscite, tenere i contenitori di liquidi lontano dallo strumento.
- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.

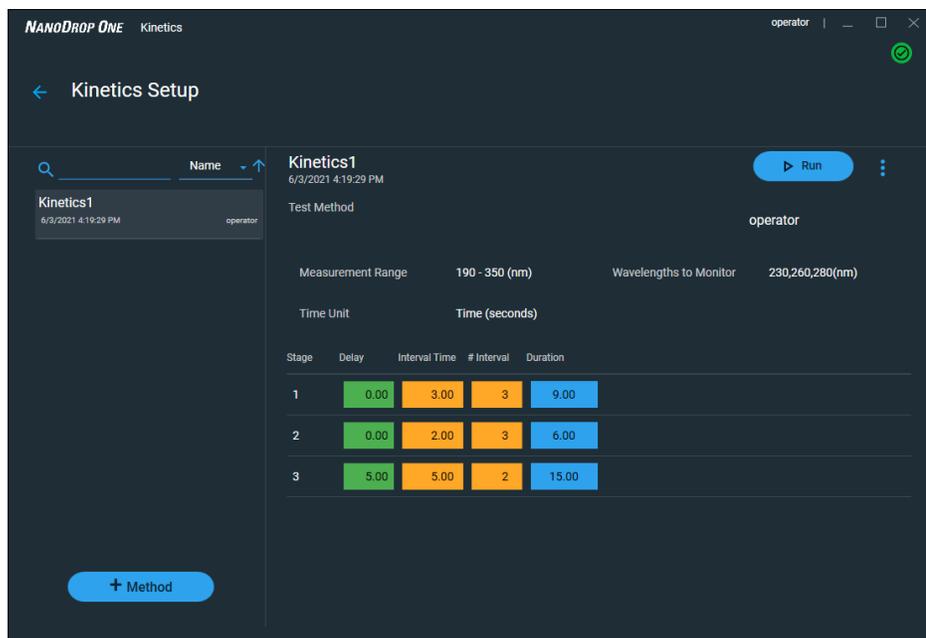
### Per misurare un campione utilizzando l'applicazione Kinetics

1. Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Kinetics** e selezionare l'omonima icona .

Viene visualizzata la schermata Impostazioni Kinetics. Se nella percorso di salvataggio dei dati attualmente selezionato sono presenti uno o più metodi cinetici, questi verranno elencati nella casella Seleziona metodo o nell'elenco dei metodi riportato sulla sinistra. Nella casella Dettagli metodo presente sulla destra viene visualizzata una descrizione del metodo selezionato.



### Schermata Impostazioni Kinetics del software Local Control NanoDrop One



### Schermata Impostazione Kinetics del software PC Control

## 2. Selezionare un metodo:

- selezionare un metodo esistente cliccando o toccando il **nome del metodo** nella casella Seleziona metodo
- [creare un nuovo metodo](#) selezionando **Crea Metodo** o **+ Metodo**, specificando le [impostazioni del metodo](#) e selezionando **Salva Metodo**
- [modificare un metodo esistente](#) selezionando il **nome del metodo**, quindi **Modifica metodo**. In PC Control, selezionare il metodo che si desidera modificare, quindi **Modifica** dal menù a tendina accanto al pulsante Esegui.

## 3. Specificare le opzioni della cuvetta, ad esempio riscaldamento o agitazione, toccando



> **Impostazioni** (cfr. [Impostazioni generali](#) per i dettagli).

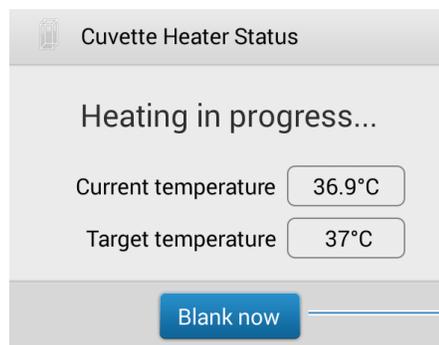
**Nota:** se la lunghezza del percorso della cuvetta non è di 10 mm, specificare la lunghezza del percorso corretta in Impostazioni generali.

4. Selezionare **Esegui metodo**.

## 5. Misurare un blank:

- Riempire la cuvetta pulita e asciutta con una soluzione di blanking sufficiente a coprire il [percorso ottico dello strumento](#)
- Sollevare il braccio dello strumento e inserire la cuvetta di blanking nell'apposito supporto, assicurandosi di allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso della luce dello strumento
- Selezionare **Blank**

Se in [Impostazioni generali](#) si seleziona **Scalda Cuvetta a 37 °C**, un messaggio indica la temperatura corrente e attende che il riscaldatore raggiunga la temperatura target prima di iniziare le misurazioni:



Per ignorare l'attesa e avviare immediatamente la misurazione del Blank, toccare **Esegui Blank Adesso**.

- Attendere il completamento della misurazione del blank, quindi rimuovere la cuvetta

**Nota:** la temperatura target del riscaldatore non è regolabile.

6. Misurare un campione:

- Riempire la cuvetta pulita e asciutta con una soluzione campione sufficiente a coprire [il percorso ottico](#)
- Inserire la cuvetta campione nel supporto della cuvetta, assicurandosi di allineare i percorsi della luce
- Selezionare **Misura**

Se in [Impostazioni generali](#) si seleziona **Scalda Cuvetta a 37 °C**, un messaggio indica la temperatura corrente e attende che il riscaldatore raggiunga la temperatura target prima di iniziare le misurazioni:

**Nota:** è possibile aggiungere reagenti alla soluzione del campione in qualsiasi momento durante la misurazione

Utilizzare il pulsante **Pausa** nella parte inferiore della schermata di misurazione per mettere in pausa l'esperimento (nel caso fosse necessario terminare l'esperimento in anticipo, selezionare **Interrompi**)



- Attendere il completamento di tutte le fasi di misurazione
- Rimuovere la cuvetta e pulirla secondo le specifiche del produttore

I risultati per ciascuna misurazione in ciascun intervallo vengono visualizzati in tempo reale. Una volta completate tutte le fasi, verranno visualizzati [gli spettri](#) e [i valori riportati](#) per l'intero esperimento.

7. Al termine dell'esame dei dati, selezionare **Termina esperimento**. Ogni esperimento salvato contiene un set completo di misurazioni cinetiche basate sul metodo selezionato.

## Argomenti correlati

- Misurare un campione usando una cuvetta
- Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta
- Preparare campioni e blank
- Operazioni di base dello strumento

## Creare metodo Kinetics

Per creare un nuovo metodo Kinetics:

- Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Kinetics** > Applicazione **Kinetics**
- Selezionare **Crea metodo**. Le impostazioni del metodo vengono visualizzate con la scheda **Nome e Intervallo** selezionata nel software Local Control (**Intervallo** selezionato nel software PC control)

Kinetics Setup

Name and Range | Stages and Intervals

Method name: Test

Description:

Measurement range:

- UV range (190 nm - 350 nm)
- Visible range (350 nm - 840 nm)
- UV-Vis range (190 nm - 840 nm)
- Custom range: 190 nm to 350 nm

Wavelengths to monitor:

Item	Wavelength (nm)
1	250
2	260
3	325

Save Method | Run Method

- Inserire il **nome** e la **descrizione** del metodo (se desiderato), selezionare **Intervallo di misurazione** (utilizzare il menù a tendina in PC Control per selezionare gli intervalli, mostrato di seguito) e specificare fino a tre **lunghezze d'onda da monitorare**.

Test Method

Range | Stage

Measurement range (nm): UV range (190 - 350)

Wavelengths to Monitor:

Item 1	Item 2	Item 3
230	260	280

## 8 Misurazione Kinetics

- Selezionare la scheda **Fasi e intervalli** in Local control o la scheda **Fase** in PC control. Vengono visualizzate le impostazioni degli stadi e degli intervalli.

The screenshot shows the 'Kinetics Setup' window with the 'Stages and Intervals' tab selected. The 'Number of stages' is set to 3 and the 'Time unit' is 'Seconds'. The table below shows the configuration for three stages:

	Delay	Interval time	# Intervals	Duration
Stage 1	0	3	3	9
Stage 2	0	2	3	6
Stage 3	5	5	2	15

To the right of the table is a visual timeline with colored bars representing the stages and their intervals. The timeline shows a green bar for Stage 1 (0-9s), orange bars for Stage 2 (9-15s), and a green bar for Stage 3 (15-30s). The total duration is 30 seconds.

- Selezionare il **numero di fasi e l'unità di tempo** (minuti o secondi)
- Per ciascuna fase, specificare **n. Intervalli**, **Intervalli** ed eventuali **Ritardi** tra le fasi

Le righe e le caselle colorate a destra rappresentano visivamente le fasi specificate. Le **righe** colorate riportano gli orari di inizio e fine per ciascuna fase; le **caselle** colorate corrispondono al ritardo e al numero di intervalli specificati per ciascuna fase.

- Per salvare il metodo e tornare al menu Kinetics, selezionare **Salva metodo**
- Per eseguire il metodo, selezionare **Esegui metodo**

## Modifica metodo Kinetics

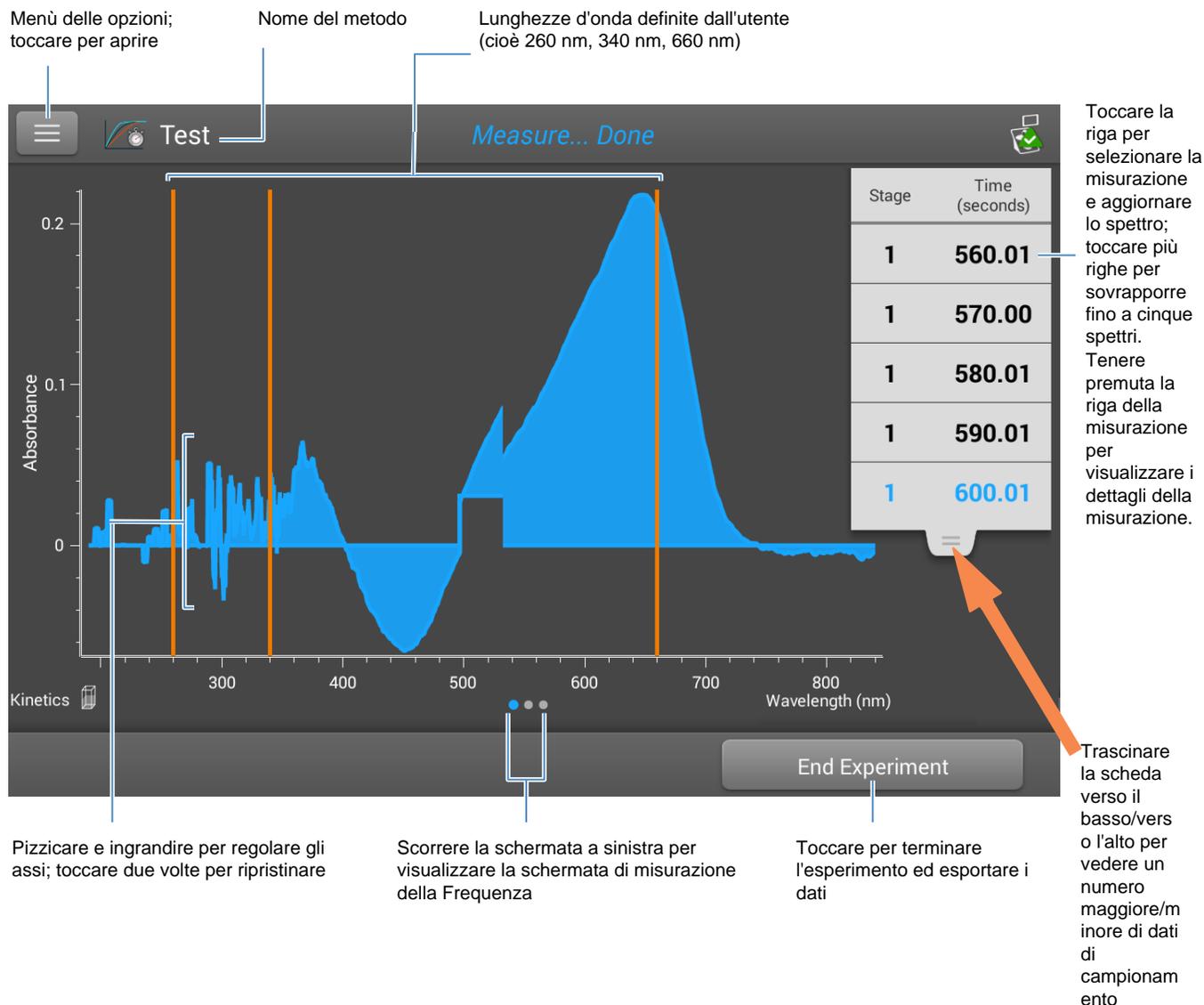
Per modificare un metodo cinetico esistente:

- Dalla schermata Home, selezionare la scheda **Kinetics** > Applicazione **Kinetics**
- Selezionare un metodo attraverso il nome del metodo dall'elenco **Seleziona metodo**
- Selezionare **Modifica metodo**. In PC Control, selezionare **Modifica** dal menù a tendina accanto al pulsante **Esegui**.
- Modificare [le impostazioni del metodo](#) a seconda delle esigenze
- Selezionare **Salva metodo** per salvare le modifiche
- Da PC Control selezionare **Esegui metodo** o **Esegui** per eseguire il metodo aggiornato.

## Report risultati Kinetics

## Schermata di misurazione dell'assorbanza

La schermata di misurazione dell'assorbanza viene visualizzata immediatamente dopo aver toccato Misura nell'esperimento cinetico. Questa schermata mostra lo spettro di assorbimento per ciascuna misurazione, con lunghezza d'onda sull'asse X e assorbimento sull'asse Y. Le linee verticali indicano le lunghezze d'onda specificate da monitorare. L'elenco a destra mostra l'ora in cui è stata eseguita ciascuna misurazione in ogni fase specificata (trascinare la scheda verso il basso per visualizzare più voci). Ciascuna voce dell'elenco riportata a destra corrisponde a uno spettro di assorbimento riportato a sinistra. L'immagine in basso evidenzia le funzionalità disponibili.

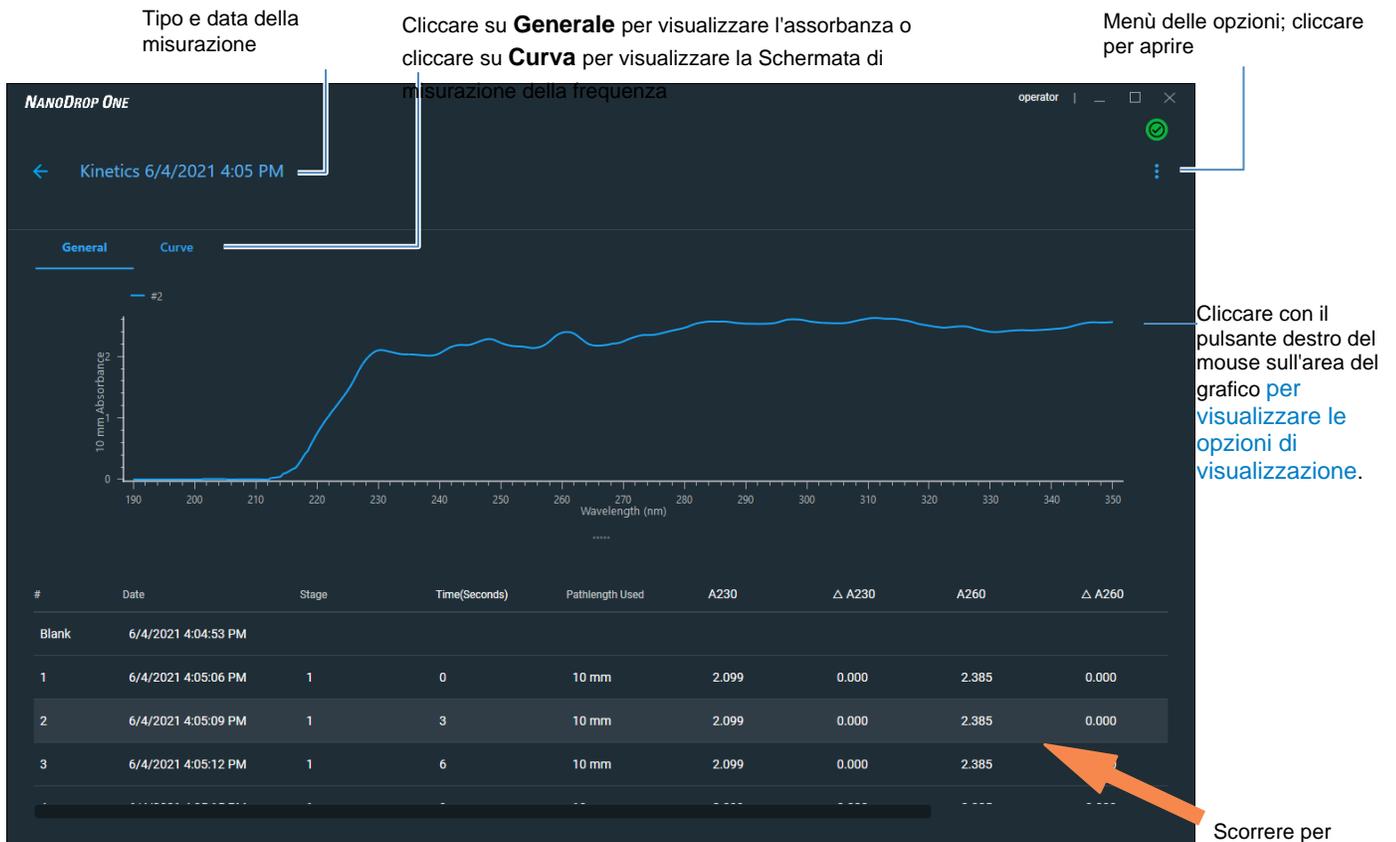


## Schermata di misurazione dello strumento Local control di NanoDrop One

Nota Per le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm), gli spettri sono normalizzati a una lunghezza del percorso equivalente a 10 mm.

## 8 Misurazione Kinetics

Di seguito è riportato un esempio della schermata di misurazione del software PC Control:

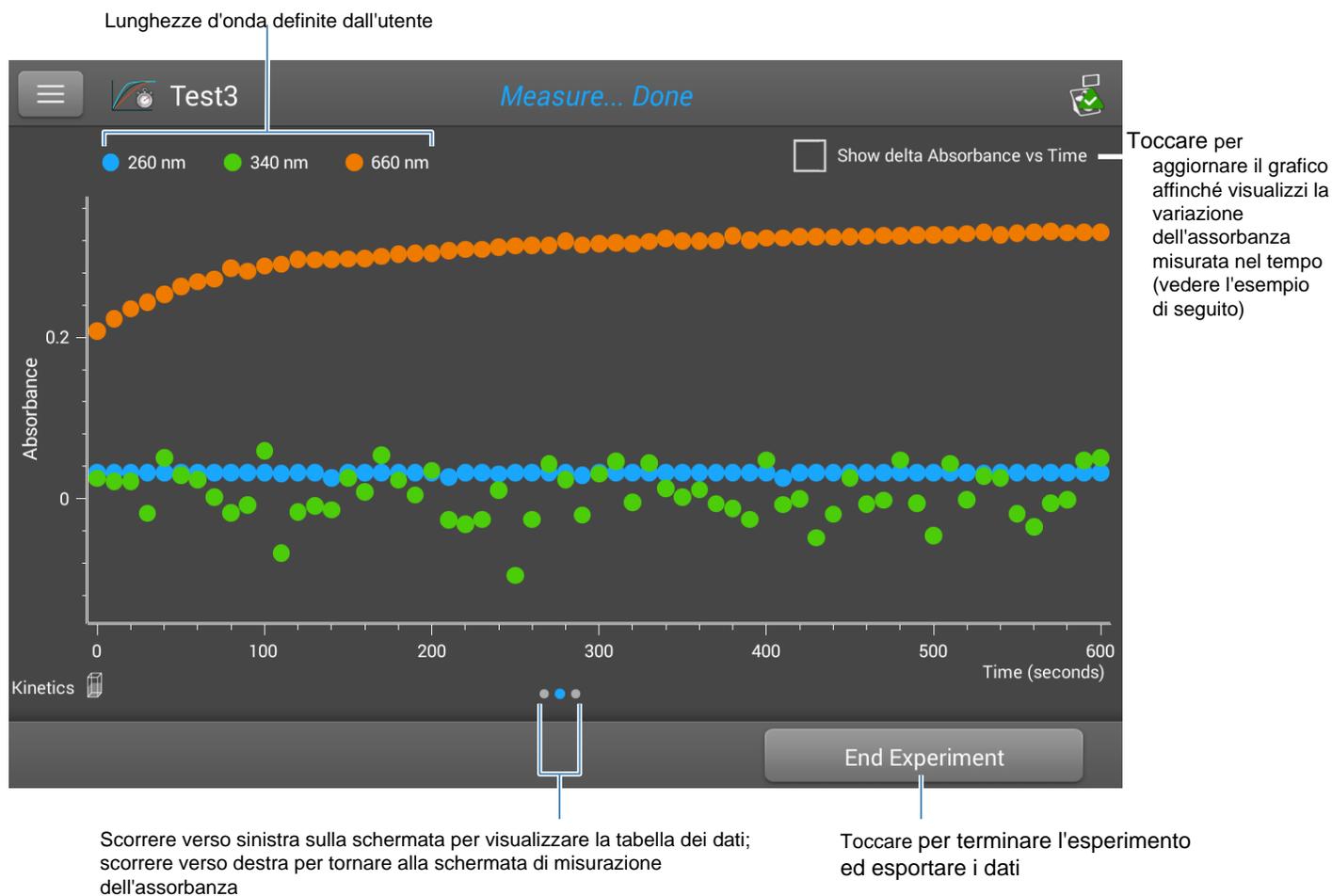


Cliccare sulla riga per selezionare la misurazione e aggiornare lo spettro; Cliccare tenendo premuto il tasto Ctrl sulla tastiera per selezionare più righe e sovrapporre fino a un massimo di cinque spettri.

**Schermata dell'assorbanza** visualizzata dalla schermata Cronologia del software PC Control

## Schermata di misurazione della Frequenza

Per visualizzare la Schermata di misurazione della frequenza, scorrere la schermata di misurazione dell'assorbanza (vedere sopra) verso sinistra. La schermata di misurazione della frequenza visualizza l'assorbanza di un campione misurata a ciascuna lunghezza d'onda definita dall'utente nel tempo, con il tempo sull'asse X e l'assorbanza sull'asse Y. Le misurazioni effettuate a ciascuna lunghezza d'onda specificata sono presentate in un colore unico. Nell'angolo in alto a sinistra dello schermo compare un tasto che mostra le lunghezze d'onda monitorate e i loro colori assegnati.


**Schermata di misurazione della Frequenza** dello strumento Local control di NanoDrop One

## 8 Misurazione Kinetics

Toccare **Visualizza Assorbanza Delta rispetto al Tempo** per visualizzare la variazione dell'assorbanza misurata nel tempo, dove ciascun punto dati è la differenza dell'assorbanza rispetto alla misurazione precedente.

Lunghezze d'onda definite dall'utente



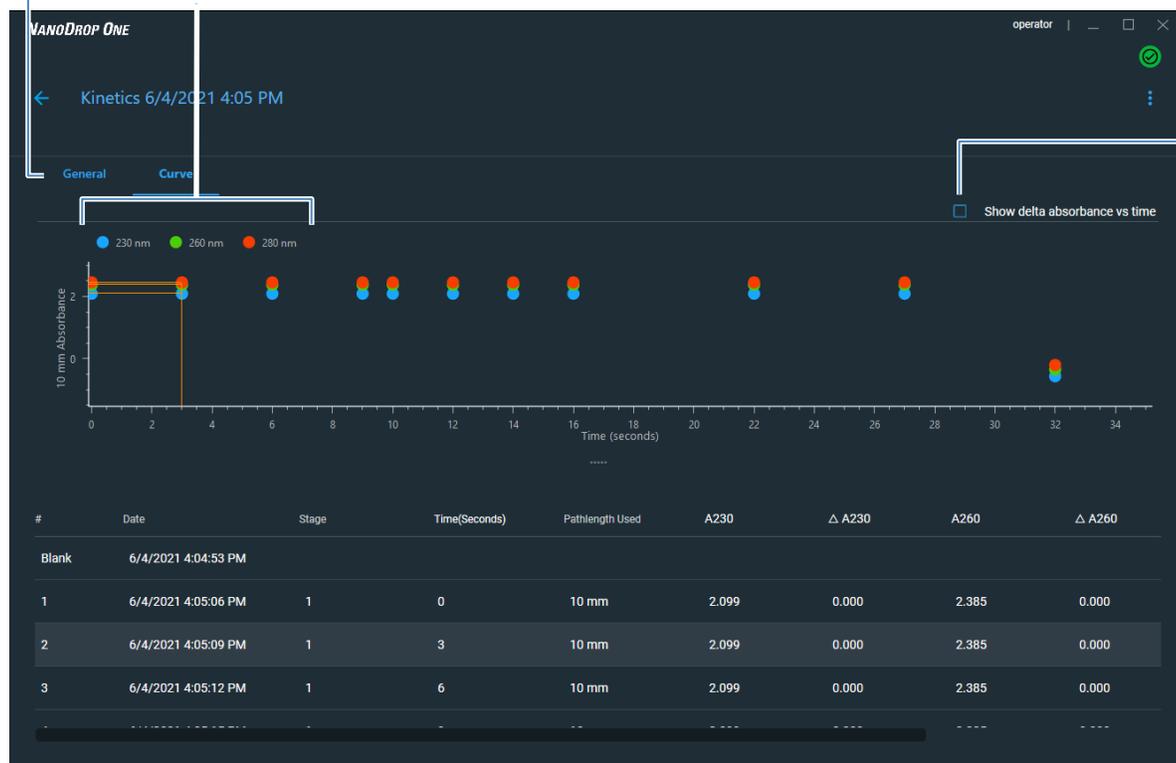
Tocca per aggiornare il grafico per mostrare l'assorbanza misurata nel tempo (vedere esempio sopra)

Scorrere verso sinistra sulla schermata per visualizzare la tabella dei dati; scorrere verso destra per tornare alla schermata di misurazione dell'assorbanza

Toccare per terminare l'esperimento ed esportare i dati

Cliccare su **Generale** per tornare alla schermata di misurazione dell'assorbanza

Lunghezze d'onda definite dall'utente



Cliccare per aggiornare il grafico affinché visualizzi la variazione dell'assorbanza misurata nel tempo

**Schermata di misurazione della Frequenza** come mostrato dalla schermata Cronologia del software PC Control

## 8 Misurazione Kinetics

### Tabella dati

Per visualizzare la tabella dei dati, in Local Control, scorrere verso sinistra nella schermata di misurazione della Frequenza. Ciascuna riga della tabella visualizza i valori di assorbanza a tutte le lunghezze d'onda definite dall'utente in una determinata fase e in un determinato momento. Scorrere verso il basso per visualizzare le informazioni di misurazione non visibili. L'immagine in basso evidenzia le funzionalità disponibili.

Misurazione numero	Fase	Tempo di misurazione (cliccare per specificare l'unità)	Valori di assorbanza per ciascuna lunghezza d'onda definita dall'utente		
#	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

Scorrere verso destra nella schermata per tornare alla schermata di misurazione della frequenza

Toccare per terminare l'esperimento ed esportare i dati

Tenere premuta la riga per visualizzare i dettagli della misurazione

Blank	Date	Time	Stage	Pathlength Used	A230	Δ A230	A260	Δ A260	
Blank	6/4/2021	4:04:53 PM							
1	6/4/2021	4:05:06 PM	1	0	10 mm	2.099	0.000	2.385	0.000
2	6/4/2021	4:05:09 PM	1	3	10 mm	2.099	0.000	2.385	0.000
3	6/4/2021	4:05:12 PM	1	6	10 mm	2.099	0.000	2.385	0.000

Data/ora misurazione

Numero della misurazione

Fase

Ora della misurazione

Valori di assorbanza e valori delta di assorbanza per ciascuna lunghezza d'onda definita dall'utente

**Tabella dati** come mostrato nel software PC Control

## Dettagli della misurazione

Per visualizzare i dettagli di una misurazione, dalla schermata di misurazione dell'assorbanza o dalla tabella dei dati in Local Control, tenere premuta la riga di misurazione. Di seguito si riporta un esempio:

Measurement Details	Applicazione usata Kinetics	Metodo di campionamento Cuvette	Numero di misurazione
Measurement #	#1		
Created on	1/11/2016 7:37:17 PM		Data/ora misurazione
Stage	1		Fase di misurazione
Time (seconds)	0.00		Tempo di misurazione
A260	0.0323		Assorbanza a 260 nm
A340	0.0263		Assorbanza a 340 nm
A660	0.2073		Assorbanza a 660 nm
Cuvette pathlength	10 mm		

Stampa questa schermata  
Lunghezze d'onda definite dall'utente

OK  
Torna alla schermata

Elimina questa misurazione

Dettagli del metodo (scorrere verso l'alto per visualizzare maggiori informazioni)

### Argomenti correlati

- [Operazioni di base dello strumento](#)

## Impostazioni per Misurazioni Kinetics

Per visualizzare le Impostazioni Kinetics, dalla schermata Home dello strumento, selezionare **Kinetics** (scheda) > **Kinetics** (Metodo) e toccare **Crea metodo**, oppure selezionare un metodo e selezionare **Modifica metodo**. È inoltre possibile visualizzare le impostazioni da qualsiasi schermata di misurazione Kinetics, toccando  > **Impostazioni Kinetics**.

Le impostazioni vengono visualizzate in due schede: "Nome e intervallo" e "Fasi e intervalli". Vedere la tabella sottostante per i dettagli.

Scheda	Impostazioni	Descrizione
Nome e Intervallo	Nome del metodo	<b>Inserire un nome</b> per questo metodo (il nome viene visualizzato nella casella <a href="#">Impostazioni Kinetics</a> una volta salvato il metodo).
	Descrizione	Inserire una <b>descrizione</b> dettagliata per questo metodo, ove desiderato, ad es. il tipo di campioni, i reagenti aggiunti, ecc.
	Intervallo di misurazione	<p><b>Selezionare l'intervallo dello spettro</b> in cui questo metodo acquisirà i dati. Opzioni disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Solo ultravioletto (190 nm - 350 nm)</li> <li>• Solo visibile (350 nm - 850 nm)</li> <li>• Ultravioletto e visibile (190 nm - 850 nm)</li> <li>• Personalizzato (specificare il punto iniziale e finale in nanometri)</li> </ul> <p><b>Nota:</b> Per le misurazioni effettuate con cuvette non standard (diverse da 10 mm), gli spettri sono normalizzati a una lunghezza del percorso equivalente a 10 mm.</p>
Fasi e intervalli	Lunghezze d'onda monitorate	<p><b>Inserire fino a 3 lunghezze d'onda</b> da misurare e riportare in fase di esecuzione.</p> <p><b>Nota:</b> tutte le lunghezze d'onda specificate devono rientrare nell'<a href="#">intervallo di misurazione</a> selezionato.</p>
	Numero di Fasi	<p><b>Specificare fino a 5 fasi</b> per le misurazioni cinetiche. Ciascuna fase può avere impostazioni uniche di ritardo, intervallo di tempo e n. di intervalli.</p> <p><b>Nota:</b> molte misurazioni cinetiche includono una sola fase. Ulteriori fasi sono necessarie solo quando è necessaria una variazione nell'intervallo o nella durata dello stadio.</p>
	Unità di tempo	Selezionare l' <b>unità</b> per le misurazioni basate sul tempo (secondi o minuti).

Scheda	Impostazioni	Descrizione
	Fase 1, 2, ecc.	<p>Specificare le impostazioni disponibili per ciascuna fase:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Ritardo:</b> Specificare un ritardo prima dell'avvio di una fase.</li> <li>• <b>Intervallo di tempo.</b> Specificare l'intervallo di tempo tra le misurazioni effettuate durante questa fase (minimo 2 secondi). La prima misurazione avviene all'inizio della fase (o una volta trascorso il tempo di ritardo in caso ne venga specificato uno).</li> </ul> <p><b>Nota:</b> se vengono specificate due o più fasi con Ritardo impostato su zero, verranno effettuate due misurazioni contemporaneamente (la misurazione all'inizio della nuova fase si sovrappone direttamente a quella alla fine della fase precedente).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>N. di Intervalli.</b> Specificare il numero di misurazioni dell'assorbanza da eseguire in questa fase.</li> </ul> <p><b>Nota:</b> poiché la prima misurazione viene effettuata all'inizio della fase, il numero di misurazioni riportate per ciascuna fase sarà l'impostazione <b>n. di Intervalli</b> più 1.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Durata.</b> La lettura visualizza il tempo totale richiesto per questa fase, inclusi eventuali ritardi e tutti gli intervalli specificati.</li> </ul>

Le **righe** colorate a destra (cfr. immagine in basso) mostrano gli orari di inizio e fine di ciascuna tappa; le **caselle** colorate a destra corrispondono al ritardo specificato e al numero di intervalli per ciascuna fase.

	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

Se non viene specificato alcun ritardo, le misurazioni dell'assorbanza vengono effettuate all'inizio e alla fine di ogni fase e dopo ogni intervallo specificato. Se viene specificato un ritardo, come nella fase 3 di cui sopra, la prima misurazione avviene all'inizio del primo intervallo. Se l'unità è espressa in secondi nell'esempio precedente, vengono effettuate un totale di 11 misurazioni nei seguenti tempi per un periodo di 32 secondi:

## 8 Misurazione Kinetics

Scheda	Impostazioni	Descrizione
		<ul style="list-style-type: none"><li>• Fase 1: 0, 3, 6 e 9 secondi</li><li>• Fase 2: 9, 11, 13, 15 e 17 secondi</li><li>• Fase 3: 22, 27 e 32 secondi</li></ul> <p><b>Nota:</b> gli esperimenti cinetici sono limitati a 1000 misurazioni. Ciò significa che il numero totale di misurazioni da tutti gli intervalli in tutte le fasi deve essere inferiore a 1000. Considerare lo spazio disponibile sul disco dello strumento o del PC per lunghi esperimenti.</p>

---

### Argomenti correlati

- [Impostazioni dello strumento](#)

## Come acquistare

### Indice

- [Campionamento micro-volumetrico — Come funziona](#) 198
- [Impostazione dello strumento](#) 200
- [Specifiche operative](#) 209
- [Misurare un campione micro-volumetrico](#) 210
- [Misurare un campione usando una cuvetta](#) 213
- [Preparare campioni e blank](#) 218
- [Operazioni di base dello strumento](#) 223
- [Acclaro Sample Intelligence](#) 251
- [Impostazioni dello strumento](#) 259
- [Software PC Control](#) 268

## 9 Centro di apprendimento

Campionamento micro-volumetrico — Come funziona

# Campionamento micro-volumetrico — Come funziona

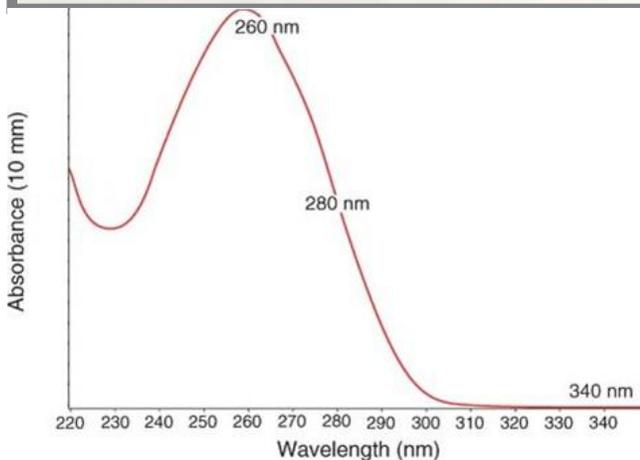
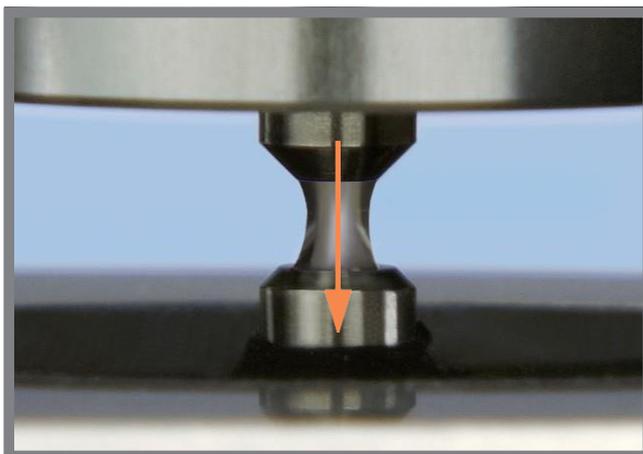
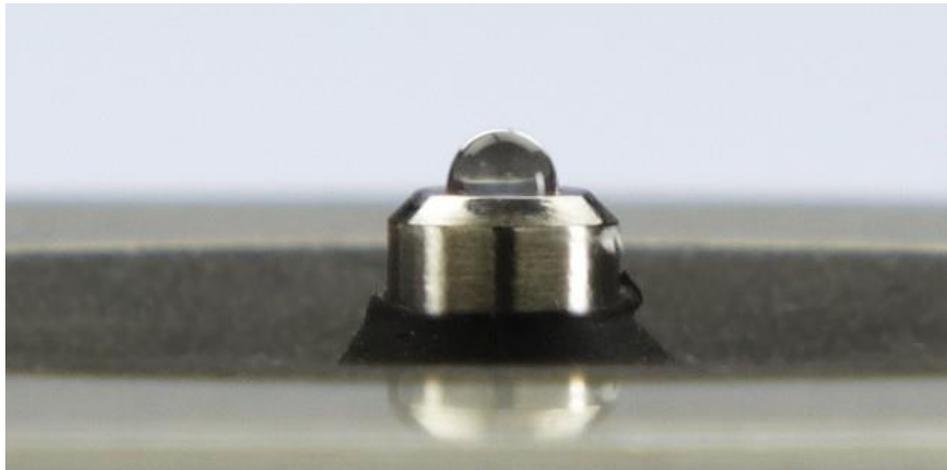
Tensione superficiale

Spettro di assorbanza

Assorbanza del campione

Concentrazione del campione

Correzione del valore al basale



### Tensione superficiale

Lo spettrofotometro NanoDrop<sup>C</sup> utilizza la tensione superficiale per contenere un piccolo volume di campione tra due piedistalli. Il sistema brevettato di conservazione dei campioni consente di misurare campioni altamente concentrati senza la necessità di diluizioni.

Un cavo in fibra ottica incorporato nel piedistallo superiore porta a una fonte di luce allo xeno. Un secondo cavo incorporato nel piedistallo inferiore porta a un rivelatore. Quando il braccio dello strumento è abbassato, il campione forma una colonna liquida, essenzialmente colmando lo spazio tra i due cavi in fibra ottica.

### Spettro di assorbanza

La luce passa attraverso la colonna di liquido al rivelatore, che genera uno spettro di assorbanza rispetto alla lunghezza d'onda. Lo spettro mostra la quantità di luce assorbita dalle molecole del campione ad ogni lunghezza d'onda misurata.

**Nota:** per evitare l'evaporazione, che influisce sulla precisione della misurazione, chiudere rapidamente il braccio dopo aver terminato di caricare un campione o un blank.

L'esempio a sinistra mostra un tipico spettro di assorbanza preso da un campione di acido nucleico. Lo spettro viene misurato in un intervallo compreso tra 190 nm e 850 nm. L'intervallo visualizzato può variare per ciascuna applicazione.

$$\text{Assorbanza} = -\log \left[ \frac{\text{intensità}_{\text{campione}}}{\text{intensità}_{\text{blank}}} \right]$$

### Equazione di Beer-Lambert

$$A = \epsilon b$$

dove:

**A** = assorbanza in unità di assorbanza (A)

**$\epsilon$**  = coefficiente di assorbimento molare dipendente dalla lunghezza d'onda (o coefficiente di estinzione) in litri/mol-cm

**b** = lunghezza del percorso in cm

**c** = concentrazione dell'analita in moli/litro o molarità (M)

### Assorbanza del campione

Quando lo strumento viene azzerato, viene preso uno spettro di riferimento della soluzione di blanking e memorizzato. Per ciascuna misurazione del campione, le intensità del campione insieme alle intensità del blank vengono utilizzate per calcolare l'assorbanza totale del campione secondo l'equazione a sinistra.

### Concentrazione del campione

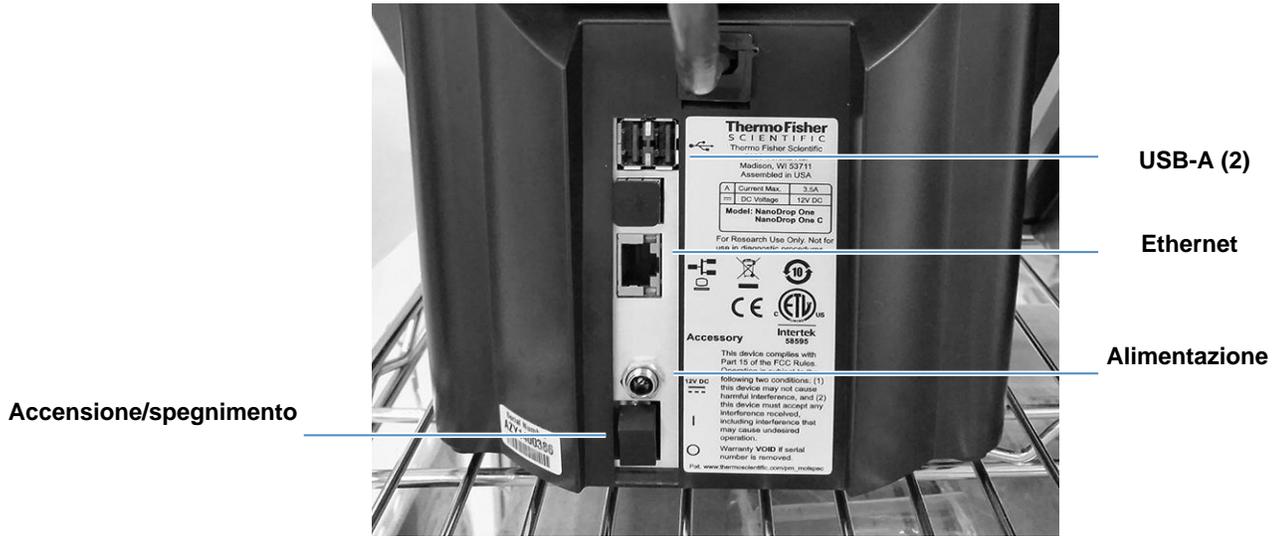
L'equazione di Beer-Lambert (legge di Beer) mostrata a sinistra viene utilizzata per correlare l'assorbanza del campione con la concentrazione.

La lunghezza del percorso è la distanza tra i due piedistalli, che varia in tempo reale durante ciascuna misurazione. Questa tecnica di lunghezza del percorso auto-ranging produce risultati di concentrazione accurati su un ampio intervallo dinamico.

### Correzione del valore al basale

Per alcune applicazioni, lo strumento può essere impostato per applicare una correzione al basale a ciascuna misurazione al fine di ridurre al minimo qualsiasi discrepanza causata da particelle di dispersione della luce negli spettri del campione. La correzione sottrae il valore di assorbanza a una lunghezza d'onda di riferimento prossima allo zero, dal valore di assorbanza a ciascuna lunghezza d'onda attraverso lo spettro, essenzialmente "ancorando" lo spettro alle unità di assorbanza zero alla lunghezza d'onda di riferimento.

## Impostazione dello strumento



### Collegamento dell'alimentazione



**ATTENZIONE** Evitare il rischio di elettrocuzione. Ciascuna presa a muro utilizzata deve essere dotata di messa a terra. La messa a terra deve essere un cavo non conduttore di corrente collegato alla messa a terra nella scatola di derivazione principale.

Collegare il cavo di alimentazione fornito a una presa a muro con messa a terra. Consultare "[Cavi di alimentazione](#)"; a [pagina 298](#) per ulteriori informazioni.

### Collegamento di una periferica

Per collegare una stampante o un'altra periferica compatibile come una tastiera USB e/o un mouse allo strumento, utilizzare qualsiasi porta USB sullo strumento (anteriore, posteriore-sinistra o posteriore-destra). Consultare [Periferiche](#) per informazioni sulle periferiche compatibili con gli strumenti NanoDrop One.

### Configurazione delle connessioni Bluetooth

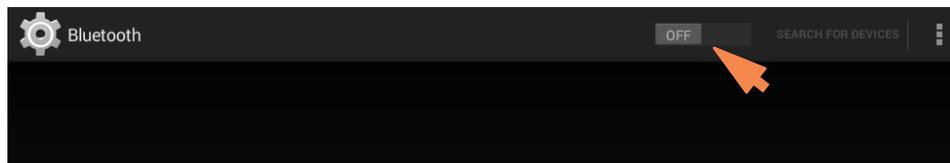
Utilizzare il Bluetooth™ per collegare lo strumento a uno o più dispositivi di input Bluetooth (wireless) come una tastiera Bluetooth, un mouse o uno scanner di codici a barre.

**Nota** Assicurarsi che il dispositivo sia etichettato "Bluetooth" e non solo "wireless". Tutti i dispositivi Bluetooth sono wireless, ma non tutti i dispositivi wireless funzioneranno con Bluetooth.

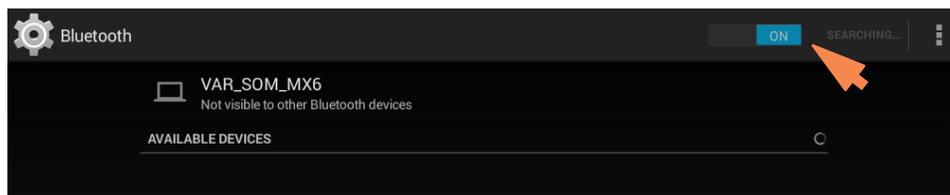
#### Configurare le connessioni Bluetooth sullo strumento

- dalla schermata Home dello strumento, toccare  (**Impostazioni**)

- toccare la scheda **Sistema**
- toccare **Bluetooth** (se Bluetooth è disabilitato, il pulsante in alto a destra è impostato su "Off" e non viene elencato alcun dispositivo di input Bluetooth)

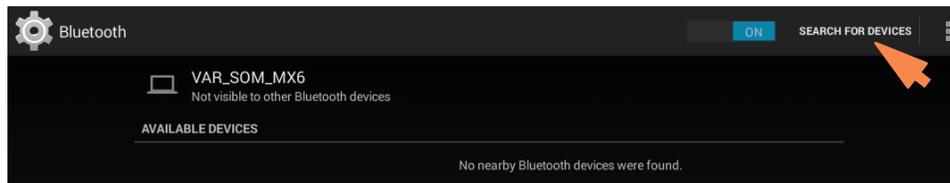


- toccare il pulsante **Off** per abilitare la connettività Bluetooth (il pulsante diventa blu, cambia in "On" e il software cerca automaticamente tutti i dispositivi di input Bluetooth disponibili)

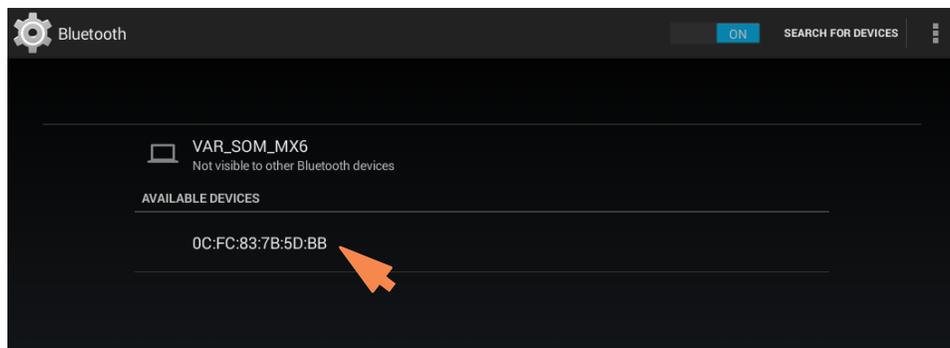


Se non vengono trovati dispositivi Bluetooth, dopo alcuni secondi viene visualizzato il messaggio "Non sono stati trovati dispositivi Bluetooth nelle vicinanze"

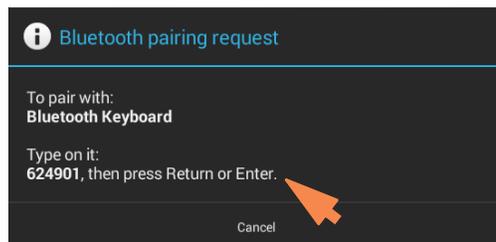
- per **aggiungere un dispositivo Bluetooth**, seguire le istruzioni del produttore per associare il dispositivo (ad esempio, potrebbe essere necessario tenere premuto un pulsante) e toccare **Cerca dispositivi** sullo strumento)



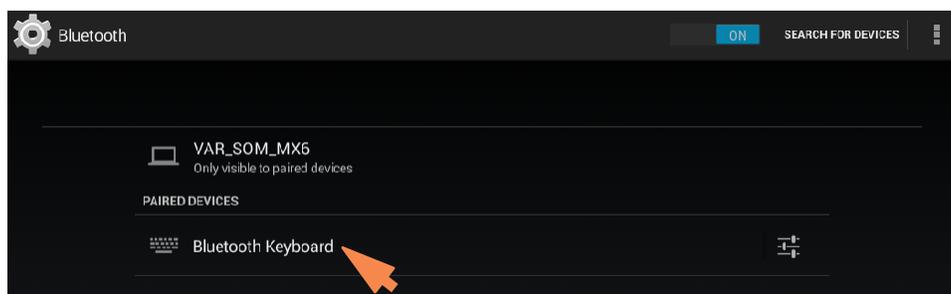
il nome del dispositivo deve essere visualizzato nell'elenco Dispositivi disponibili



- per accoppiare il dispositivo, **toccare il suo nome** nell'elenco Dispositivi disponibili (potrebbe essere visualizzata una richiesta di accoppiamento simile alla seguente)

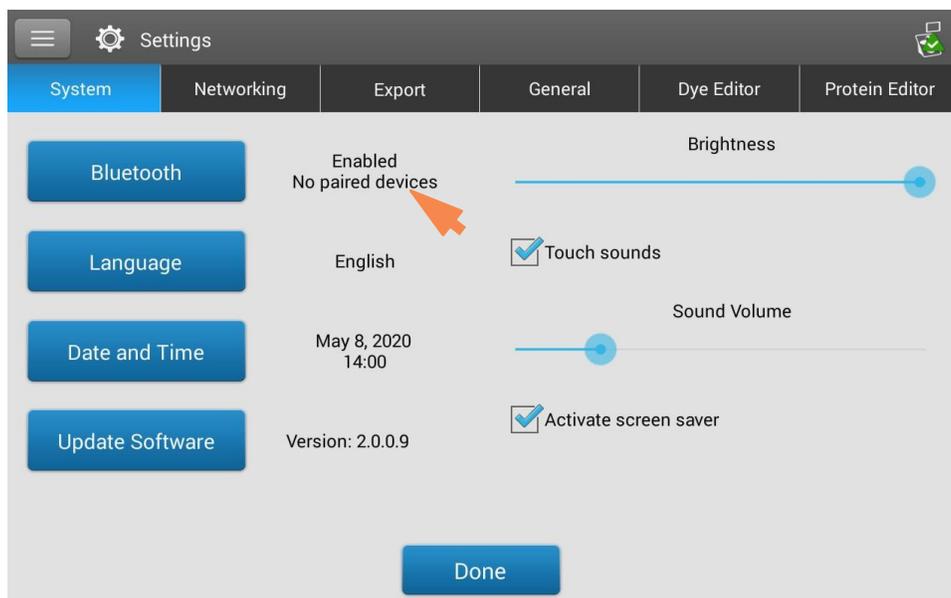


- **completare eventuali istruzioni** per accoppiare il dispositivo



Nota In caso di mancato accoppiamento del dispositivo Bluetooth, riavviarlo e ripetere i passaggi precedenti per accoppiarlo con lo strumento (si può anche provare a spegnere e riaccendere il Bluetooth). Una volta accoppiato un dispositivo, esso resta accoppiato anche dopo il riavvio dello strumento.

- toccare **Indietro** (lo stato Bluetooth viene visualizzato a destra del pulsante Bluetooth)

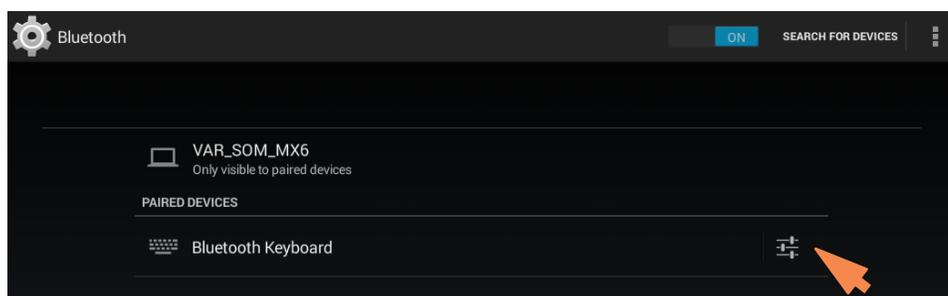


- ripetere i passaggi precedenti per aggiungere un altro dispositivo Bluetooth o toccare **Fatto** per chiudere Impostazioni

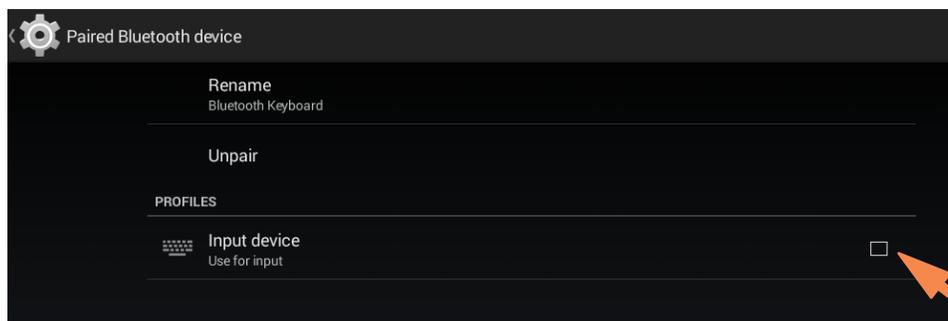
## Deselezionare dispositivo di input Bluetooth

Si consiglia di interrompere l'utilizzo di un dispositivo di input Bluetooth senza scollegarlo o disaccoppiarlo. Ciò consente ad altri di rifelezionare e utilizzare facilmente il dispositivo di input. Ad esempio, se sono presenti più dispositivi di input Bluetooth collegati e accoppiati, quali una tastiera e uno scanner di codici a barre, attenersi alla seguente procedura per selezionare i dispositivi da utilizzare o deselezionare i dispositivi che non si desidera utilizzare:

- dalla schermata Home dello strumento, toccare 
- toccare la scheda **Sistema**
- toccare **Bluetooth**
- per deselezionare un dispositivo Bluetooth accoppiato, ad esempio una tastiera di input, toccare il relativo pulsante **Profili** 



- deselezionare **Usa per input** deselezionando la casella di spunta associata



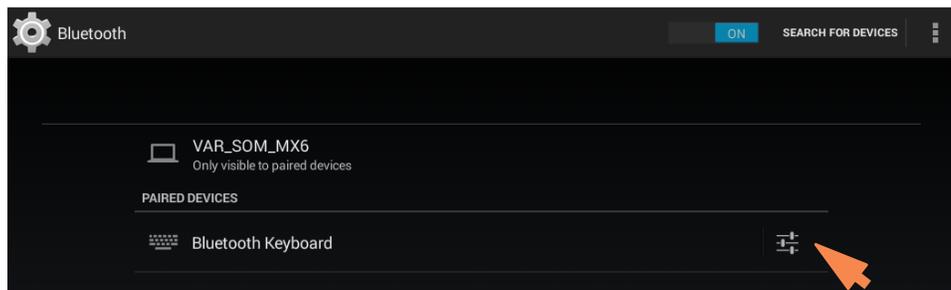
- toccare **Dispositivo Bluetooth associato** in alto a sinistra per tornare alla schermata precedente
- toccare **Indietro** per tornare alle impostazioni di sistema
- toccare **Fatto** per chiudere le Impostazioni

### Nota

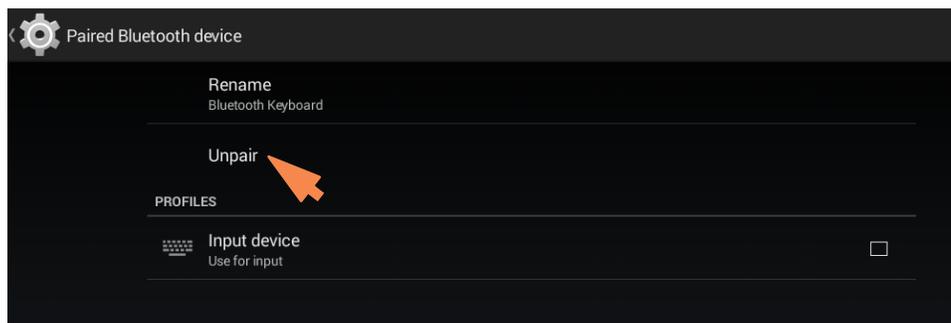
- Se non è selezionato alcun dispositivo di input Bluetooth, lo strumento utilizzerà la tastiera touchscreen integrata per l'input.
- Per selezionare nuovamente il dispositivo, seguire i passaggi precedenti e selezionare la casella di spunta Usa per input del dispositivo.

### Disconnettere dispositivo Bluetooth

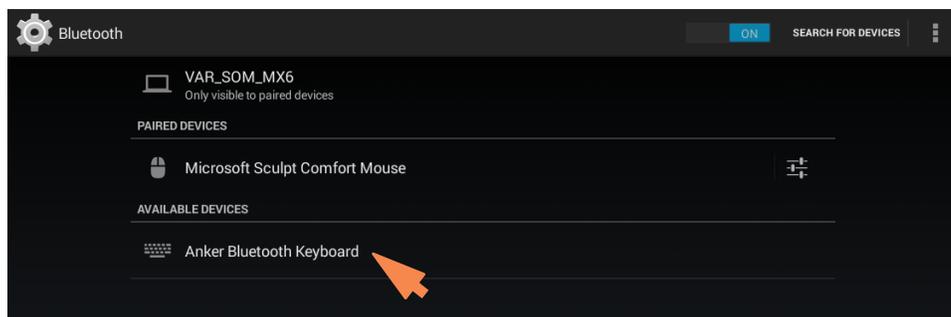
- dalla schermata Home dello strumento, toccare 
- toccare la scheda **Sistema**
- toccare **Bluetooth**
- per scollegare il dispositivo Bluetooth accoppiato, toccare il pulsante Profili 



- toccare **Disaccoppia**



il dispositivo non comparirà più nell'elenco presente in "Dispositivi accoppiati" ma rimarrà nell'elenco Dispositivi disponibili



- toccare **Indietro** per tornare alle impostazioni di sistema
- toccare **Fatto** per chiudere le Impostazioni

## Configurazione della connessione Ethernet

La porta Ethernet dello strumento può essere utilizzata per impostare una connessione cablata tra lo strumento e un personal computer (PC) o un jack di rete attivo.

Se lo strumento è collegato a un jack di rete, è possibile esportare i file di dati in un percorso di rete, ad esempio, per trasferirli a un altro computer. È possibile definire più percorsi di rete selezionabili dall'operatore durante l'esportazione dei dati. Consultare [Impostazioni Esportazione](#) per i dettagli.

Strumenti necessari:

- Cavo Ethernet standard (diretto) (si consiglia CAT5e o più recente)

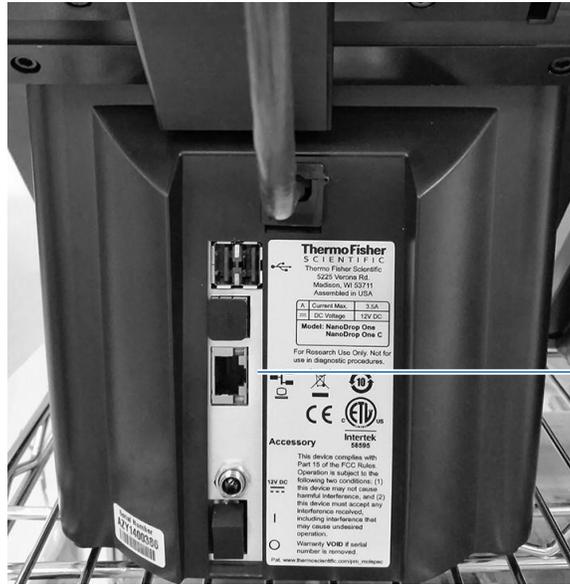
**Nota** Se il computer è un modello precedente, potrebbe essere necessario un cavo Ethernet crossover. La maggior parte dei modelli di computer più recenti sono progettati per rilevare e lavorare automaticamente con entrambi i tipi di cavi. Tuttavia, un cavo diretto fornirà le migliori prestazioni.

### Configurazione della connessione Ethernet

- dalla schermata Home dello strumento, toccare 
- toccare la scheda **Rete**
- toccare **Ethernet**
- selezionare un'opzione Ethernet e scegliere **OK**.
  - **Connessione diretta a un PC.** Selezionare se si prevede di collegare un cavo Ethernet tra lo strumento NanoDrop One e un personal computer.
  - **Connessione a un jack di rete.** Selezionare se si prevede di collegare un cavo Ethernet tra lo strumento NanoDrop One e un jack di rete.
- collegare un'estremità del cavo Ethernet alla porta Ethernet sul pannello posteriore dello strumento

## 9 Centro di apprendimento

### Impostazione dello strumento



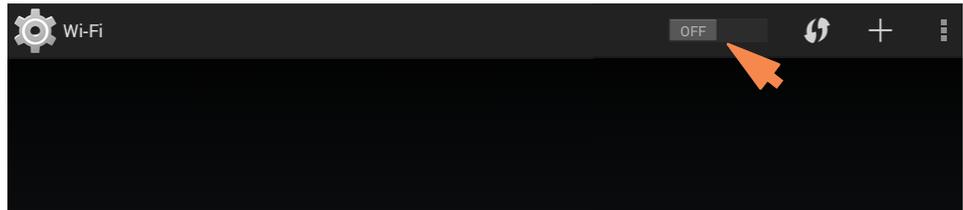
Porta Ethernet

- collegare l'altra estremità del cavo Ethernet alla porta Ethernet del computer o a un jack di rete attivo

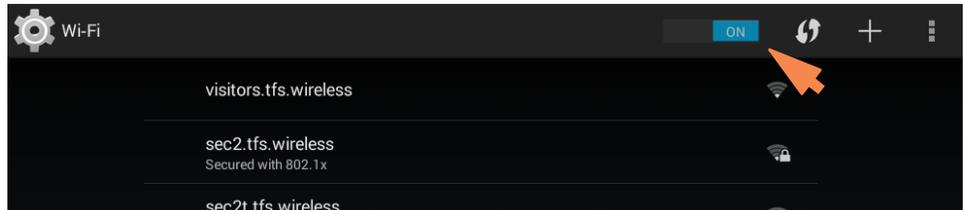
## Configurazione connessioni wireless

### Selezionare la rete Wi-Fi sullo strumento

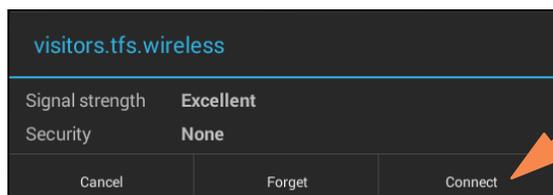
- dalla schermata Home dello strumento, toccare  (Impostazioni)
- toccare la scheda **Rete**
- toccare **Wi-Fi** (se il Wi-Fi è disabilitato, il pulsante in alto a destra è impostato su "OFF" e non sono elencate reti wireless)



- toccare il pulsante per abilitare il Wi-Fi e visualizzare le reti Wi-Fi disponibili

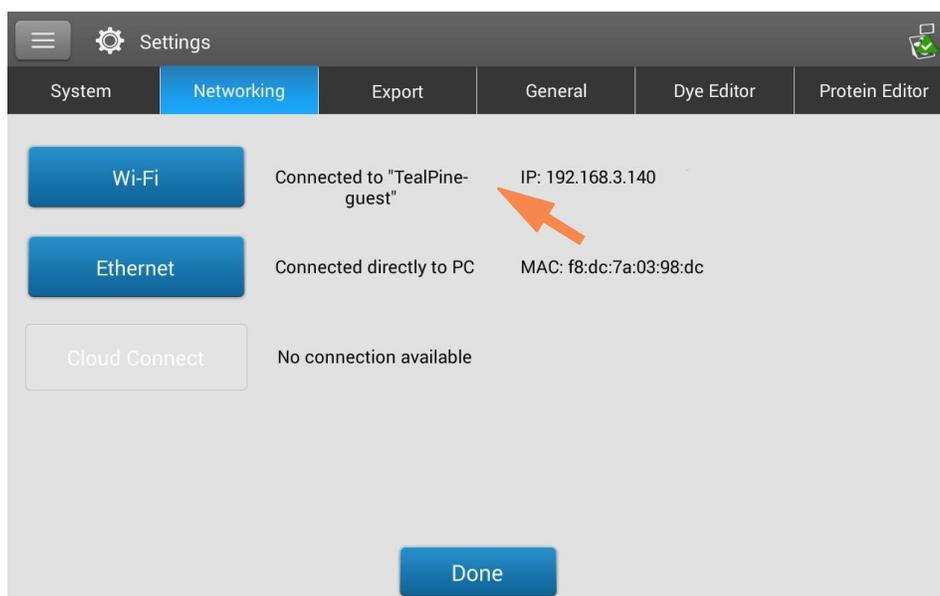


- selezionare l'host della rete Wi-Fi del computer remoto e toccare **Connetti** (ecco un esempio)



- toccare **Indietro** per uscire dalle impostazioni Wi-Fi (in caso di esito positivo della connessione, allo strumento verrà assegnato un indirizzo IP (Internet Protocol), che compare a destra del pulsante Wi-Fi come nell'esempio seguente)

Nota Alcune reti Wi-Fi potrebbero richiedere un'identità, una password o altre informazioni prima di consentire la connessione, oppure potrebbero essere anonime (vale a dire che potrebbe essere necessario cercarle per nome). Per ulteriori informazioni, rivolgersi all'amministratore di sistema del proprio sito di lavoro.

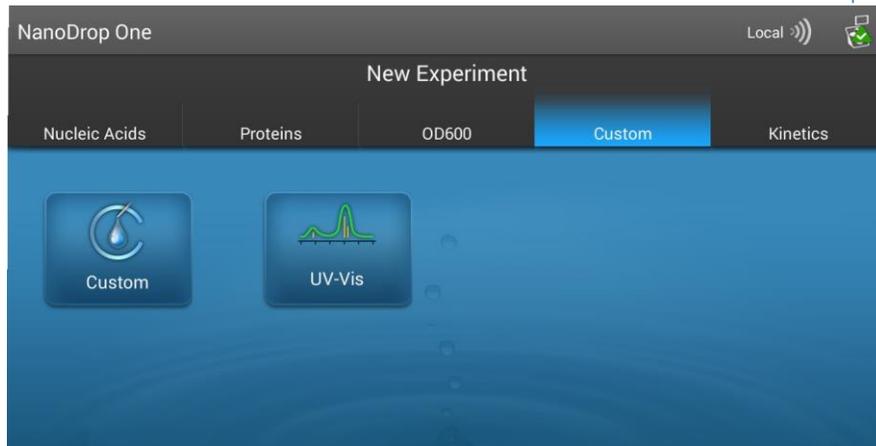


- toccare **Fatto** per uscire da Impostazioni

## Determinare la connettività dello strumento

Utilizzare l'icona Stato del sistema in alto a destra della schermata Home dello strumento per determinare rapidamente lo stato di connettività dello strumento, inclusi Bluetooth e Wi-Fi:

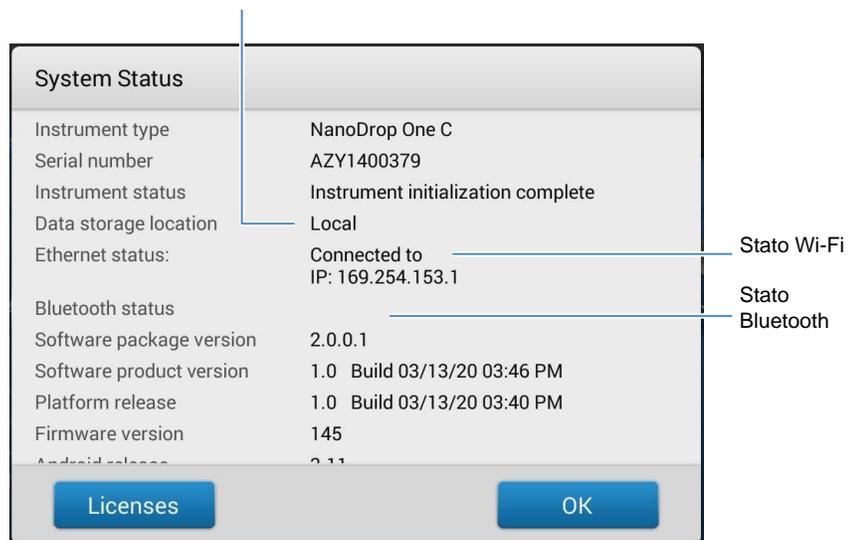
Toccare per visualizzare lo stato della connettività



### Visualizzare lo stato della connettività

- Toccare  la schermata Home dello strumento per aprire la casella di stato del sistema.

Posizione del database in cui lo strumento sta attualmente memorizzando i dati



## Specifiche operative

Lo strumento funziona in modo affidabile in locali che soddisfano le seguenti specifiche:

- temperature di esercizio: 5 °C - 35 °C (41 °F - 95 °F)
- umidità relativa (in assenza di condensa): 20-80%

Collocare lo strumento lontano da prese d'aria e ventole di estrazione per ridurre al minimo il rischio di evaporazione

**Nota** Se si utilizza lo strumento al valore minimo dell'intervallo di umidità raccomandato, utilizzare un volume di campione adeguato per evitare l'evaporazione.

Una volta installato lo strumento, è possibile lasciarlo acceso.

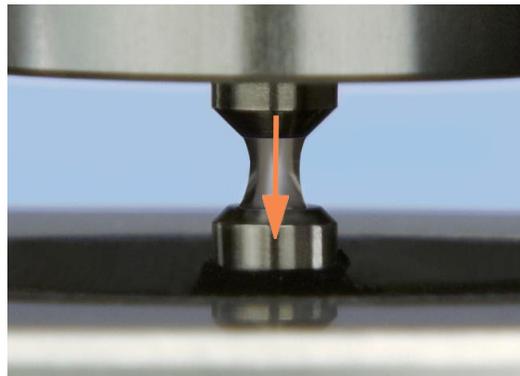
## 9 Centro di apprendimento

Misurare un campione micro-volumetrico

### Misurazione di un campione micro-volumetrico

Lo spettrofotometro NanoDrop One utilizza la tensione superficiale per contenere un piccolo volume di campione tra due piedistalli. Il sistema brevettato di conservazione dei campioni consente di misurare campioni ad alta concentrazione senza la necessità di diluizioni.

[Toccare qui](#) per i dettagli.



#### Occorrente

- Spettrofotometro NanoDrop One o NanoDrop One<sup>C</sup>
- salviette da laboratorio prive di lanugine
- pipettatore di precisione calibrato (0–2 µL)
- materiale campione risospeso in soluzione tampone appropriata (consultare [Preparazione dei campioni](#))
- soluzione tampone pura per il blanking dello strumento (consultare [Scelta e misurazione di un blank](#) oppure guardare il corso di formazione multimediale [Cos'è un blank?](#))

## Procedure ottimali per misurazioni micro-volumetriche

### Pulizia dei piedistalli per le operazioni quotidiane

- Prima della misurazione iniziale, pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio.
- **Eseguire un ciclo di blanking per verificare che i piedistalli siano puliti.**
- Dopo ogni misurazione, pulire i due piedistalli con una nuova salvietta per evitare il riporto.
- Dopo ogni serie di misurazioni, pulire i piedistalli con DI H<sub>2</sub>O (consultare [Pulizia dei piedistalli tra gli utenti](#))
- **Ricondizionare i piedistalli periodicamente per conservare la proprietà idrofobica.**



### Pipettaggio di campioni

- Utilizzare i volumi di campione **raccomandati** per garantire la corretta formazione di colonne liquide.
- Utilizzare un pipettatore di precisione calibrato (intervallo di volume 0–2  $\mu$ L) con punte di precisione ben adattate a bassa ritenzione per applicare il materiale campione allo strumento per la misurazione.  
  
Se si utilizza un pipettatore a bassa precisione (0-10  $\mu$ L), utilizzare volumi di campione di 2  $\mu$ L.
- Le punte filtranti sono sconsigliate in quanto il loro particolato potrebbe influire sulle misurazioni dell'assorbanza a 230 nm
- Utilizzare una nuova punta per ogni aliquota di blank e di campione.
- Utilizzare una nuova aliquota di campione per ciascuna misurazione.
- Se si utilizzano solventi, assicurarsi che siano compatibili con i piedistalli. (consultare "Solventi compatibili" in [Materiali pericolosi](#)).



## 9 Centro di apprendimento

### Misurare un campione micro-volumetrico

#### Volumi di campionamento consigliati

##### Volume di campionamento dell'applicazione

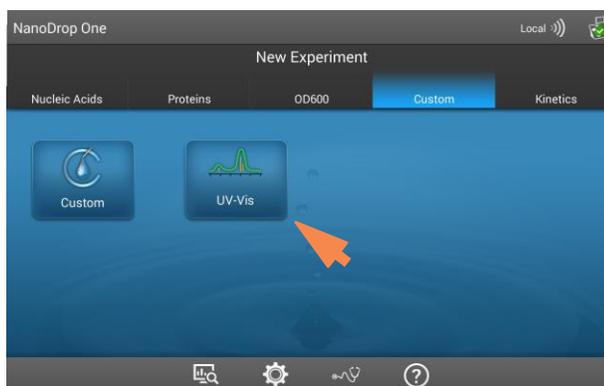
Acido nucleico (soluzione acquosa)	1 $\mu\text{L}$ <sup>a</sup>
Proteine purificate	2 $\mu\text{L}$
Altre applicazioni proteiche come Bradford o BCA	2 $\mu\text{L}$
Sospensioni di cellule microbiche	2 $\mu\text{L}$

<sup>a</sup> Utilizzare 2  $\mu\text{L}$  per campioni contenenti materiali che possono ridurre la tensione superficiale, ad esempio un tensioattivo.

#### Per misurare un campione micro-volumetrico

##### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.



1. Dalla schermata Home dello strumento, selezionare un'applicazione da una delle categorie di applicazione, ad esempio **UV-Viso** Metodi **Personalizzati**.



2. Sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.

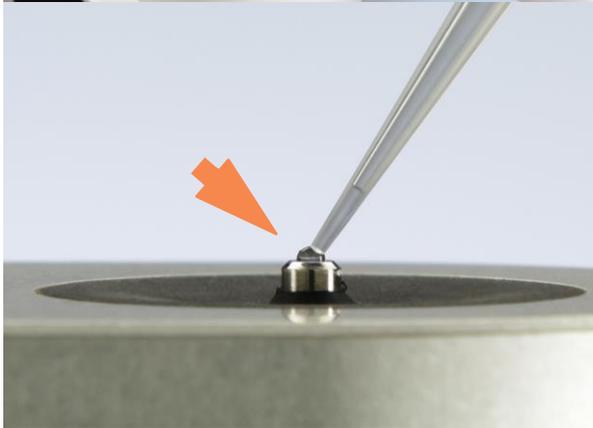


3. Misurare un blank:

- Pipettare 1–2  $\mu\text{L}$  di soluzione blank sul piedistallo inferiore e abbassare rapidamente il braccio.
- Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione

**Suggerimento** Se **Auto-Blank** è attivata, la misurazione del blank inizia automaticamente una volta abbassato il braccio.

- Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta



4. Misurare il primo campione:

- Pipettare 1-2  $\mu\text{L}$  di soluzione campione sul piedistallo e abbassare rapidamente il braccio (consultare **Volumi campione consigliati** per ulteriori informazioni).
- Iniziare la misurazione del campione:
  - se **Auto-Measure** è attivata, abbassare il braccio
  - se la **Auto-Measure** è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura**

**Misura**

- Al termine della misurazione del campione, vengono visualizzati gli spettri e i valori riportati.

5. Per misurare un altro campione:

- Sollevare il braccio
- Pulire i due piedistalli con una nuova salvietta
- Caricare il campione successivo e abbassare rapidamente il braccio
- Avviare la misurazione del campione
- Attendere il completamento della misurazione

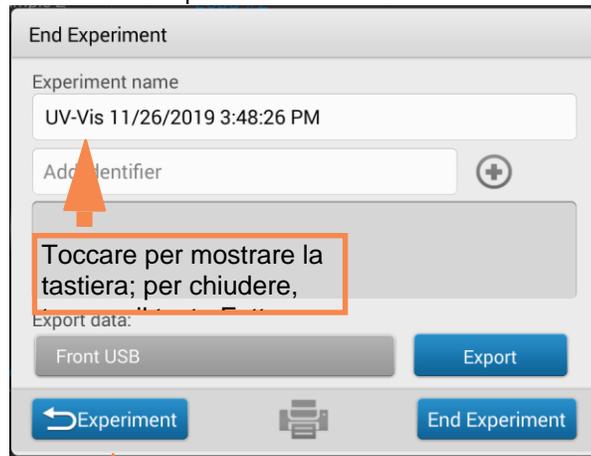


Toccare per terminare l'esperimento

Il nuovo spettro sostituisce quello precedente sul display spettrale e i nuovi valori riportati compaiono sotto quelli precedenti nella tabella. (Trascinare la scheda verso il basso per mostrare entrambe le serie di dati).

## 9 Centro di apprendimento

### Misurare un campione micro-volumetrico



Toccare per misurare altri campioni

Toccare per terminare e salvare l'esperimento

#### 6. Al termine della misurazione dei campioni:

- Toccare Termina esperimento (cfr. immagine precedente)
- Inserire un nome per l'esperimento (toccare la casella **Nome esperimento** per visualizzare la tastiera) o lasciare il nome predefinito per l'esperimento
- Toccare **End Experiment**
- Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta

Se le operazioni sullo strumento sono terminate per la giornata, pulire i piedistalli con DI H<sub>2</sub>O (consultare [Pulizia dei piedistalli tra gli utenti](#)).

I dati acquisiti vengono salvati automaticamente in un esperimento con il nome inserito. Nella configurazione predefinita, gli esperimenti sono memorizzati in un database sullo strumento locale in base alla data di acquisizione, al nome dell'esperimento, all'[applicazione utilizzata](#) e alle eventuali etichette assegnate (consultare [Gestione degli identificatori sullo strumento](#)).

## Misurare un campione usando una cuvetta

Lo spettrofotometro NanoDrop One<sup>C</sup> include un supporto per cuvette per la misurazione di campioni diluiti, saggi colorimetrici, colture di cellule e studi cinetici. Il sistema a cuvette offre un [limite di rilevamento](#) inferiore esteso e un riscaldatore e micro-stirrer a 37 °C opzionali.

### Occorrente

- Spettrofotometro NanoDrop One<sup>C</sup>
- salviette da laboratorio prive di lanugine
- due [cuvette compatibili](#)
- materiale campione risospeso in soluzione tampone appropriata (consultare [Preparazione dei campioni](#))
- soluzione tampone pura per il blanking dello strumento (consultare [Scelta e misurazione di un blank](#) oppure guardare il corso di formazione multimediale [Cos'è un blank?](#))

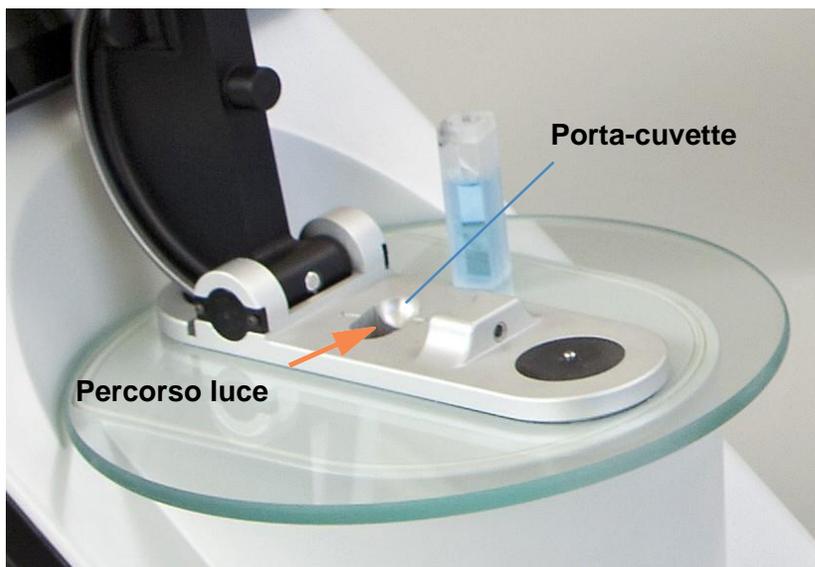


## 9 Centro di apprendimento

Misurare un campione usando una cuvetta

### Procedure ottimali per misurazioni in cuvetta

- Il braccio dello strumento può essere sollevato o abbassato per le misurazioni in cuvetta.
- Utilizzare cuvette da 10 mm, 5 mm, 2 mm o 1 mm.
- Pulire e asciugare la cuvetta dopo ogni misurazione.
- Utilizzare cuvette esenti da graffi ed evitare impronte digitali che potrebbero influire sui risultati.
- Utilizzare cuvette in quarzo o in plastica di grado UV per misurare i campioni con lunghezze d'onda di analisi nell'intervallo UV (<340 nm).
- Le cuvette micro, semi-micro e ultra-micro devono essere mascherate.
- Riempire le cuvette con una quantità sufficiente di blanking o soluzione campione per coprire il percorso ottico dello strumento (il fascio campione da 2 mm è 8,5 mm sopra il fondo della cuvetta).
- Sollevare il braccio dello strumento e assicurarsi che il supporto della cuvetta sia privo di detriti.
- Quando si inseriscono cuvette in quarzo o in plastica mascherate, allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso della luce dello strumento.

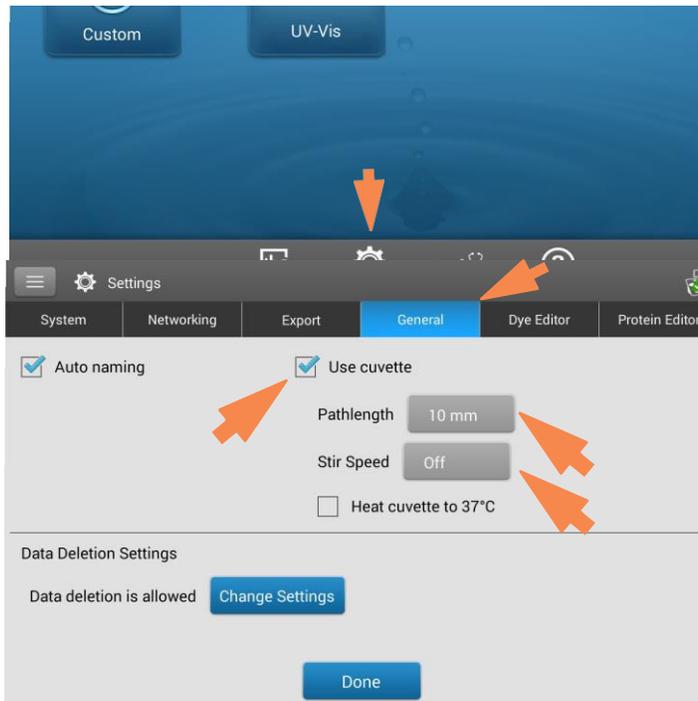


### Misurare un campione usando una cuvetta

#### AVVERTENZA

- Per evitare danni dovuti a fuoriuscite, tenere i contenitori di liquidi lontano dallo strumento.
- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.

## 9 Come acquistare Misurare un campione usando una cuvetta



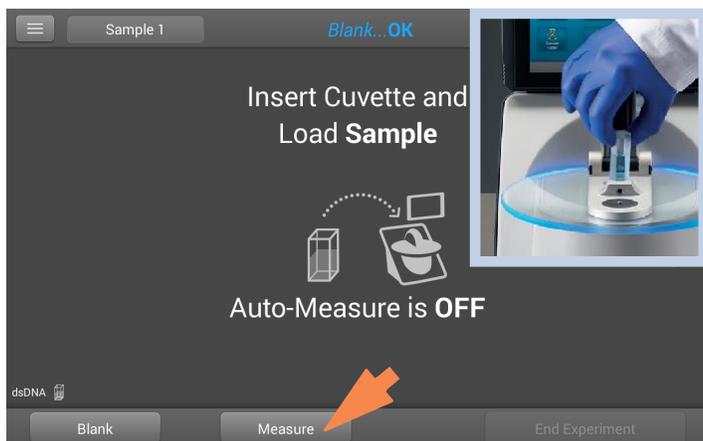
1. Dalla schermata Home, selezionare  (Impostazioni).
2. Specificare le opzioni della cuvetta:
  - Quindi selezionare **Generale**
  - Selezionare **Usa cuvetta**
  - Impostare la lunghezza **del percorso** sulla lunghezza del percorso (larghezza) della cuvetta (consultare il produttore della cuvetta per le specifiche)
  - Impostare agitatore e riscaldatore, a seconda delle esigenze
  - Selezionare **Fatto**Consultare [Impostazioni generali](#) per i dettagli.



3. Dalla schermata Home, selezionare un'applicazione.
4. Misurare un blank:
  - Riempire la cuvetta pulita e asciutta con una soluzione di blanking sufficiente a coprire il **percorso ottico dello strumento**
  - Sollevare il braccio dello strumento e inserire la cuvetta di blanking nell'apposito supporto, assicurandosi di allineare il percorso della luce della cuvetta con il percorso della luce dello strumento
  - Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione

## 9 Centro di apprendimento

### Preparare campioni e blank



#### 5. Misurare un campione:

- Riempire la cuvetta pulita alla stessa altezza con la soluzione del campione
- Sostituire la cuvetta di blanking con la cuvetta di campionamento, assicurandosi di allineare i percorsi della luce
- Toccare **Misura**.
- Attendere il completamento della misurazione
- Rimuovere la cuvetta
- Pulire la cuvetta secondo le specifiche del produttore

## Preparazione dei campioni e dei blank

### Preparazione dei campioni

- Isolare e purificare i campioni prima di misurarli con lo strumento. Per questi scopi sono disponibili kit di isolamento di campioni commerciali o utilizzare un protocollo interno. Dopo la purificazione, l'analita di interesse viene tipicamente sciolto in soluzione tampone acquosa prima di essere misurato.

**Suggerimento:** qualsiasi molecola che assorbe la luce alla lunghezza d'onda dell'analisi contribuirà al valore di assorbanza totale utilizzato per calcolare la concentrazione del campione.

- Assicurarsi che la concentrazione finale dell'analita rientri nei [limiti di rilevamento dell'assorbanza](#) dello strumento.
- Per le misurazioni micro-volumetriche, centrifugare delicatamente (ma accuratamente) ciascun campione prima di effettuare una misurazione.

Evitare di introdurre bolle durante la miscelazione e il pipettaggio. Per ulteriori informazioni, visualizzare il tutorial multimediale [Effetti delle bolle nei campioni](#).

Nota I campioni disciolti in solvente estremamente volatile come l'esano possono funzionare meglio con l'[opzione di campionamento in cuvetta](#) (esclusivamente con strumento NanoDrop One<sup>C</sup>).

## Selezione e misurazione di un blank

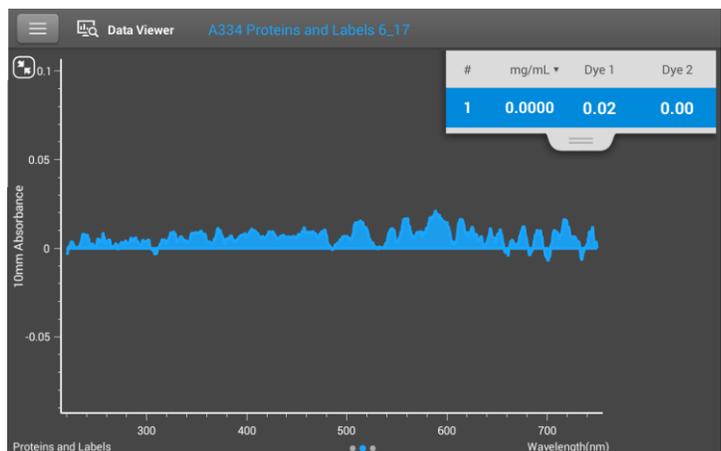
Il tampone utilizzato per risospendere un analita campione può contribuire all'assorbanza. Il blanking riduce al minimo qualsiasi contributo di assorbanza dovuto ai componenti tampone della misurazione del campione. Lo spettro del campione risultante rappresenta l'assorbanza del solo analita di interesse. Per ulteriori informazioni, visualizzare il tutorial multimediale [Cos' è un blank?](#)

### Per risultati ottimali:

- Per la maggior parte delle applicazioni, eseguire il blank con la stessa soluzione tampone utilizzata per risospendere l'analita di interesse. La soluzione di blanking deve avere un pH e una forza ionica simili a quelli della soluzione dell'analita. Per i dettagli, consultare "Misurazione dei campioni" nell'applicazione utilizzata.
- Misurare il nuovo blank prima di ciascuna serie di campioni. Non è necessario azzerare lo strumento prima di ciascuna misurazione del campione a meno che i campioni non siano disciolti in diverse soluzioni tampone.
- Misurare un nuovo blank ogni 30 minuti.
- Eseguire un [ciclo di blanking](#) per determinare l'idoneità della soluzione di blanking prima di utilizzarla per eseguire misurazioni del campione. Per una rapida dimostrazione, visionare la formazione multimediale [Come scegliere la soluzione di blanking più idonea](#).

Lo spettro risultante non dovrebbe variare più di 0,04 A (equivalente a 10 mm) attraverso lo spettro, specialmente alla lunghezza d'onda dell'analisi come nell'esempio a destra.

Se lo spettro risultante è maggiore di 0,04 A attorno alla lunghezza d'onda di analisi, quella soluzione tampone potrebbe interferire con le analisi del campione, specialmente per campioni a bassa concentrazione. Per i dettagli cfr. sotto.



Tampone di blanking ottimale (assorbanza misurata < 0,04)

## 9 Centro di apprendimento

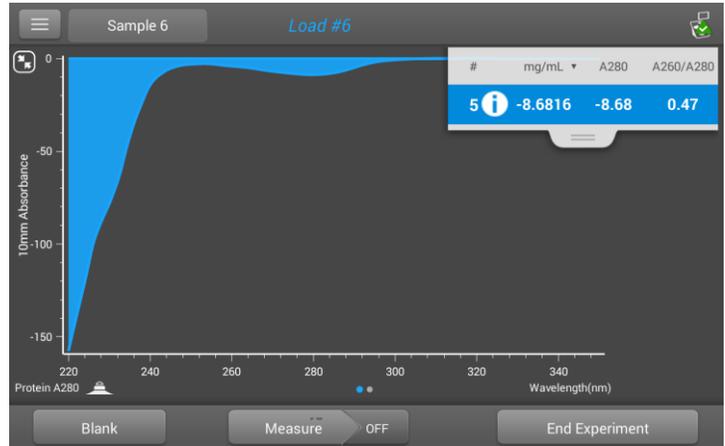
### Preparare campioni e blank

#### Problemi associati al blanking

- Il campione residuo è stato lasciato sul piedistallo o in cuvetta prima di eseguire la misurazione del blank. (Gli spettri del campione risultanti possono presentare valori di assorbanza negativi, a indicare che l'assorbanza del blank era maggiore rispetto a quella del campione in quella regione dello spettro.)
- La misurazione del blank presenta un'assorbanza superiore rispetto al campione sconosciuto alla lunghezza d'onda dell'analisi. (Se il tampone utilizzato come blank differisce nella composizione da quello utilizzato per risospendere il campione, i risultati della misurazione saranno errati.)
- Il campione è stato inavvertitamente utilizzato per azzerare lo strumento. (Gli spettri campione risultanti possono presentare valori di assorbanza negativi o, in alcuni casi, assomigliare a un'immagine speculare di un tipico acido nucleico puro o di uno spettro proteico come nell'esempio a destra.)

#### Soluzioni per problemi di blanking

- **Pulire e/o ricondizionare accuratamente entrambi i piedistalli** quindi:
  - rieseguire il ciclo di blanking, oppure
  - misurare un nuovo campione bianco utilizzando una nuova aliquota di soluzione tampone appropriata, quindi misurare una nuova aliquota di campione sconosciuto
- Per la maggior parte delle applicazioni, eseguire il blank con la stessa soluzione tampone utilizzata per risospendere l'analita di interesse. La soluzione di blanking deve avere un pH e una forza ionica simili a quelli della soluzione dell'analita. Per i dettagli, consultare "Misurazione dei campioni" nell'applicazione utilizzata.



Soluzione di campione proteico utilizzata per azzerare i risultati dello strumento nello spettro "immagine speculare"

## Eeguire un ciclo di blanking

Eeguire un ciclo di blanking per verificare quanto segue:

- lo strumento funziona normalmente (con linea di base piatta)
- i piedistalli sono puliti (cioè, non è presente materiale campione essiccato sui piedistalli)
- contributo di assorbanza della soluzione tampone che si prevede di utilizzare per le analisi dei campioni

### Occorrente

- salviette da laboratorio prive di lanugine
- pipettatore di precisione calibrato (0–2 µL)
- soluzione tampone per la valutazione

### Per eseguire un ciclo di blanking

Per una rapida dimostrazione, visionare la formazione multimediale [Come scegliere la soluzione di blanking più idonea](#).

#### AVVERTENZA

- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.

## 9 Centro di apprendimento

### Preparare campioni e blank

1. Dalla schermata Home, selezionare il nome di un'applicazione.
2. Sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.
3. Misurare un blank d'acqua:
  - Pipettare esattamente 1  $\mu\text{L}$  di acqua deionizzata ( $\text{DIH}_2\text{O}$ ) sul piedistallo inferiore e abbassare il braccio.
  - Toccare **Blank** e attendere il completamento della misurazione.
  - Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio.

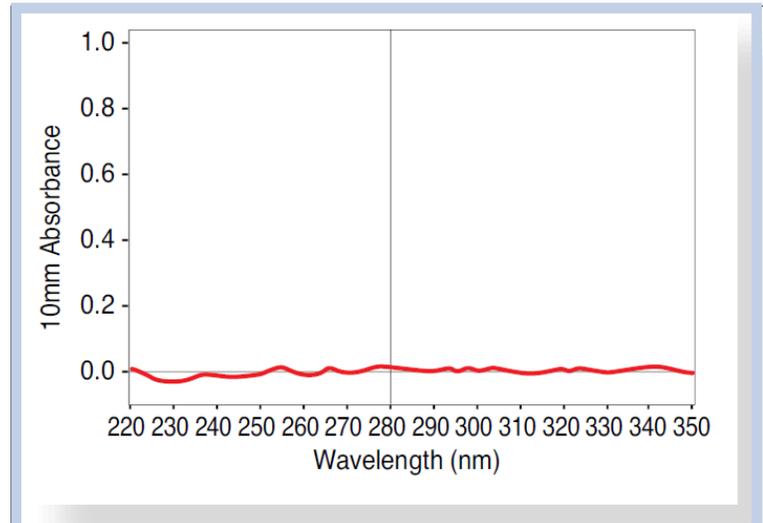
4. Misurare la soluzione tampone:
  - Pipettare 1-2  $\mu\text{L}$  di soluzione campione sul piedistallo e abbassare il braccio.
  - Iniziare la misurazione del campione:
    - se **Auto-Measure** è attivata, abbassare il braccio
    - se **Auto-Measure** è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura**
  - Attendere il completamento della misurazione

Lo spettro risultante non dovrebbe variare più di 0,04 A dal valore al basale alla lunghezza d'onda dell'analisi.

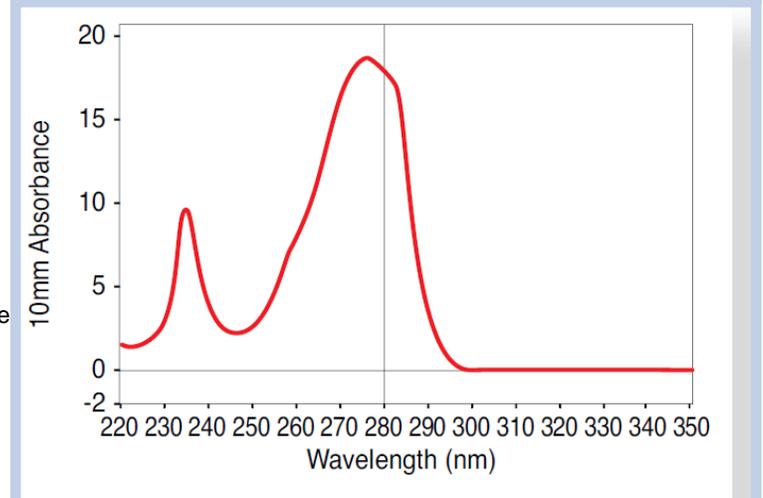
Se lo spettro non soddisfa questi criteri, ripetere i passaggi 2–4.

Se lo spettro è ancora al di fuori delle specifiche, vedere "[Soluzioni per problemi di blanking](#)".

5. Al termine del ciclo di blanking, toccare **Termina esperimento**.
6. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta.



Esempio di spettro di tampone adatto per la quantificazione della proteina A280



Esempio di spettro di tampone non adatto per la quantificazione della proteina A280

## Operazioni di base dello strumento

- schermata Home di NanoDrop One
- Schermate di misurazione di NanoDrop One
- Visualizza cronologia
- Operazioni generali su NanoDrop One

### schermata Home di NanoDrop One

Queste operazioni sono disponibili dalla schermata Home di NanoDrop One.



## 9 Centro di apprendimento

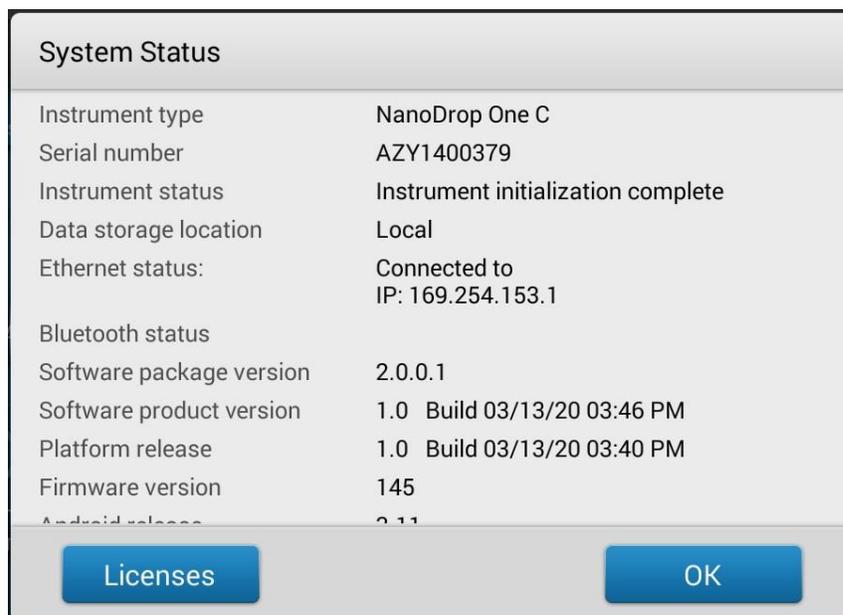
### Operazioni di base dello strumento

#### Applicazioni

Il software NanoDrop One offre diverse applicazioni configurabili, che offre agli utenti il pieno controllo della misurazione. Consultare "[Applicazioni personalizzate](#)" a [pagina 157](#) per informazioni dettagliate su ciascuna applicazione disponibile.

#### Stato del Sistema

Toccare la schermata Home dello strumento per aprire la casella di stato del sistema.



Le informazioni disponibili sono descritte di seguito.

Tipo strumento	Modello strumento (NanoDrop One <sup>C</sup> )
Numero di serie dello strumento	Numero di serie dello strumento Stato Stato corrente dello strumento
Posizione di archiviazione dei dati	Indica la posizione del set di database in cui lo strumento memorizza attualmente i dati.
Stato Wi-Fi	Stato delle <a href="#">connessioni WiFi</a> per lo strumento ("Connesso a...", "Abilitato e non connesso" o "Disabilitato")
Stato Bluetooth	Stato delle <a href="#">connessioni Bluetooth</a> per lo strumento ("Connesso a...", "Abilitato-[elenco di eventuali dispositivi accoppiati]" o "Disabilitato")
Versione del pacchetto software	Versione del software operativo installato sullo strumento
Versione della piattaforma	Versione del software della piattaforma installato sullo strumento

Versione firmware	Versione del firmware installato sullo strumento
Versione Android	Versione del sistema operativo Android personalizzato software installato
Versione Android	Versione del software del sistema operativo Android installato

## Cronologia

Toccare la  schermata Home per visualizzare i dati precedentemente acquisiti in data odierna, nell'ultima settimana, nell'ultimo mese, negli ultimi sei mesi, nell'ultimo anno o in un intervallo di date specifico. Consultare "[Visualizza cronologia](#)" a pagina 234 per ulteriori informazioni sulla funzione Cronologia presente sullo strumento.

## Impostazioni dello strumento

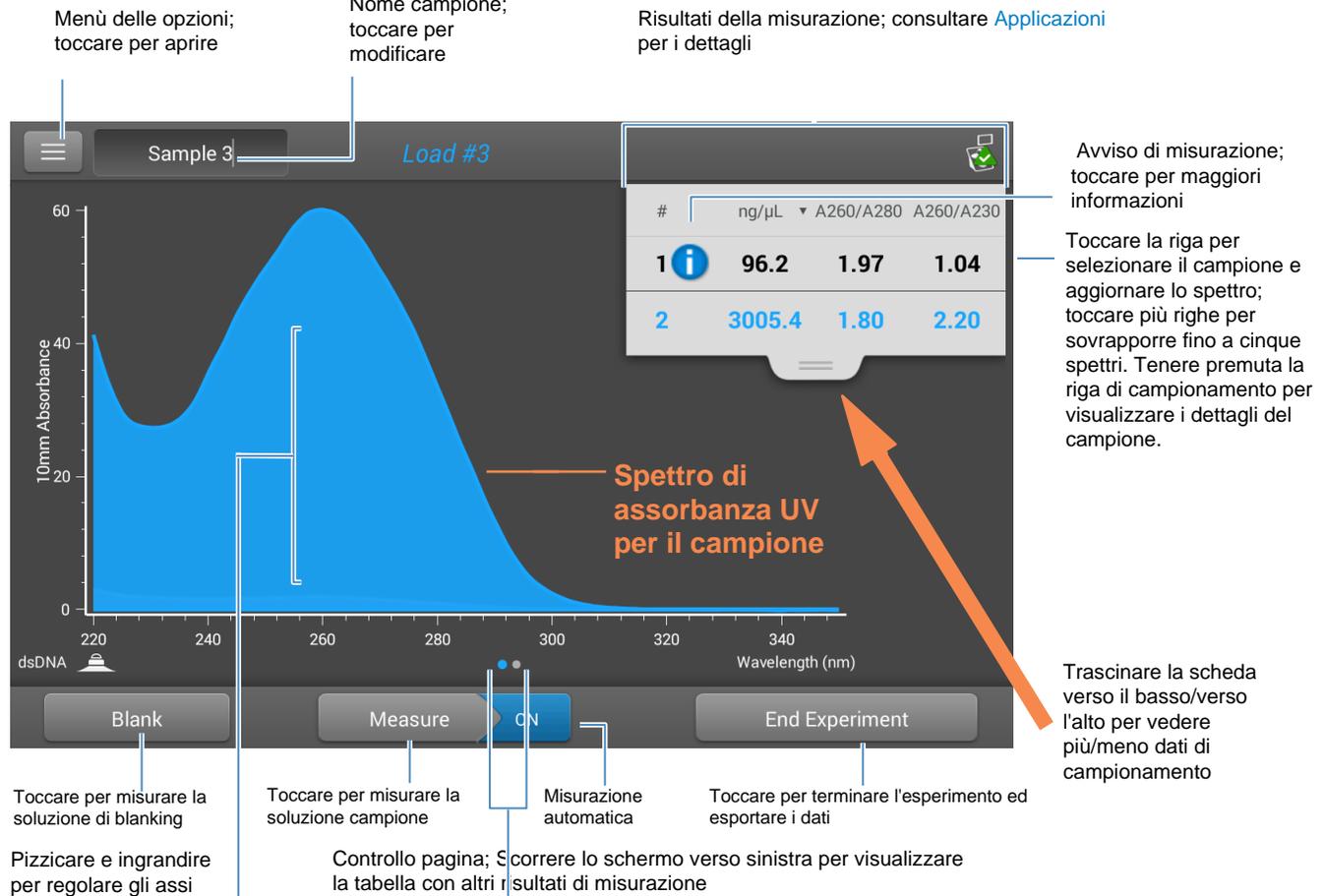
 Toccare la schermata Home per accedere alle impostazioni dello strumento per aggiornamenti software, campionamento cuvette, impostazioni di rete e altro ancora. Consultare "[Impostazioni dello strumento](#)" a pagina 259 per informazioni dettagliate su tutte le impostazioni dello strumento disponibili.

## Diagnostica dello strumento

Toccare la  schermata Home per verificare il funzionamento dello strumento. La diagnostica dello strumento deve essere eseguita periodicamente secondo il [piano di manutenzione](#) raccomandato. Consultare "[Diagnostica dello strumento](#)" a pagina 284 per informazioni su come eseguire la diagnostica dello strumento.

## Schermate di misurazione di NanoDrop One

Queste operazioni sono disponibili da qualsiasi schermata di misurazione all'interno di un'Applicazione.



## Menù

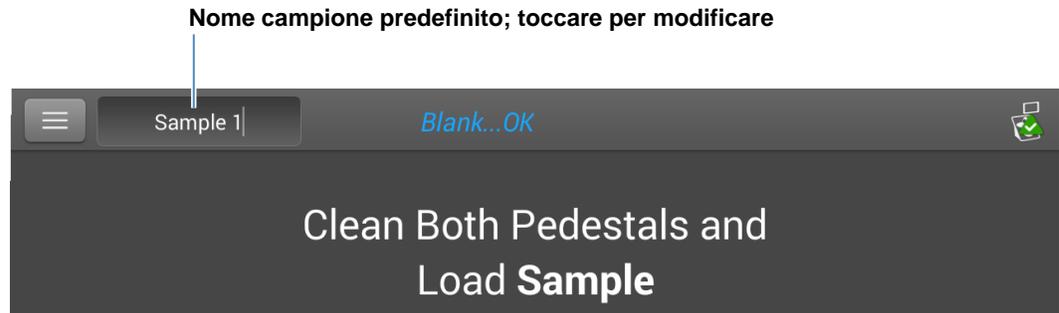
Toccare  in qualsiasi schermata di misurazione per visualizzare le opzioni di menù disponibili.

Home	Torna alla schermata Home di NanoDrop One
Impostazioni [applicazione]	Visualizza o modifica le impostazioni per l'applicazione selezionata
Impostazioni	Visualizza o modifica <a href="#">le impostazioni dello strumento</a>
<b>Nota:</b> Le schede Editor colorante/Crom. ed Editor proteine vengono visualizzate in Impostazioni solo quando la scheda Impostazioni viene aperta dalla schermata Home di NanoDrop One o da applicazioni compatibili con tale funzionalità.	
Stampa	<a href="#">Stampa</a> i risultati della misurazione selezionata

## Nome campione

Toccare il campo Nome campione in qualsiasi schermata di misurazione per modificare il nome del campione.

Se è attiva la funzione Denominazione automatica (consultare [Impostazioni generali](#)), a ciascun campione viene assegnato automaticamente un nome campione utilizzando il nome di base predefinito seguito da un numero univoco che inizia con "1". La prima volta che appare è dopo la prima misurazione di blanking e prima della prima misurazione del campione in ciascun esperimento come mostrato di seguito.



In questo esempio, il primo campione verrebbe denominato "Campione 1" seguito da "Campione 2", ecc. È possibile modificare il nome di base predefinito e sovrascrivere qualsiasi nome campione.

**Nota** Se si modifica il nome di base del campione durante un esperimento quando è selezionata la funzione Denominazione automatica, i numeri ID campione assegnati ripartono dall'inizio.

### Modifica nome di base predefinito del campione

Dopo aver eseguito una misurazione di blanking e prima che venga misurato il primo campione:

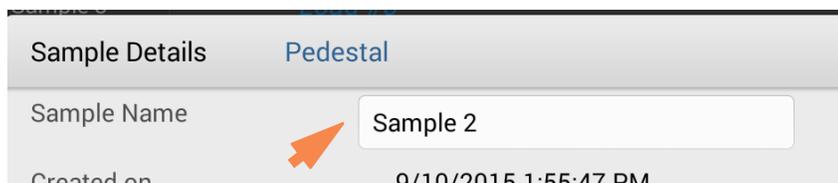
- toccare il campo **Nome campione** per visualizzare la tastiera
- Inserire un nuovo nome
- toccare il tasto **Fatto**

### Modificare il nome del campione

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- selezionare l'esperimento
- **scorrere verso sinistra** per visualizzare la tabella dei dati
- premere e tenere premuto il **nome del campione** per visualizzare la casella Dettagli campione
- toccare il campo **Nome campione** per visualizzare la tastiera

## 9 Centro di apprendimento

### Operazioni di base dello strumento



- inserire il nuovo nome del campione
- toccare il tasto **Fatto** per chiudere la tastiera
- toccare **OK** per chiudere la casella Dettagli campione

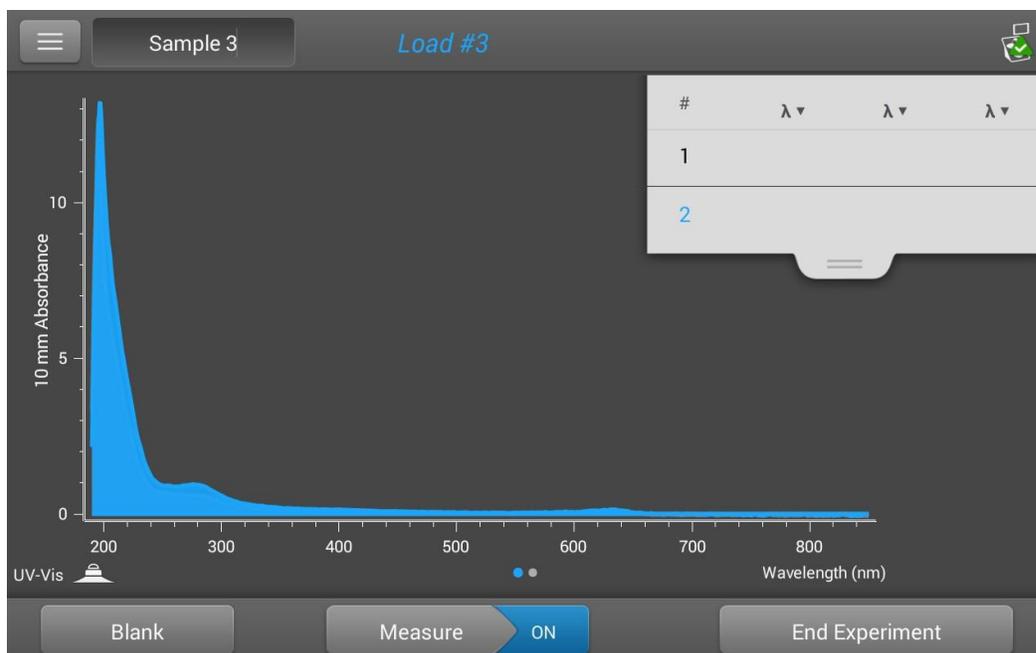
### Risultati della misurazione

I tipi di risultati visualizzati nelle schermate di misurazione dipendono dall'applicazione selezionata. Per i dettagli, vedere il paragrafo relativo al report dei risultati di una determinata applicazione nel presente manuale:

Applicazioni > [gruppo applicazioni] > Misura [nome applicazione] > Report risultati

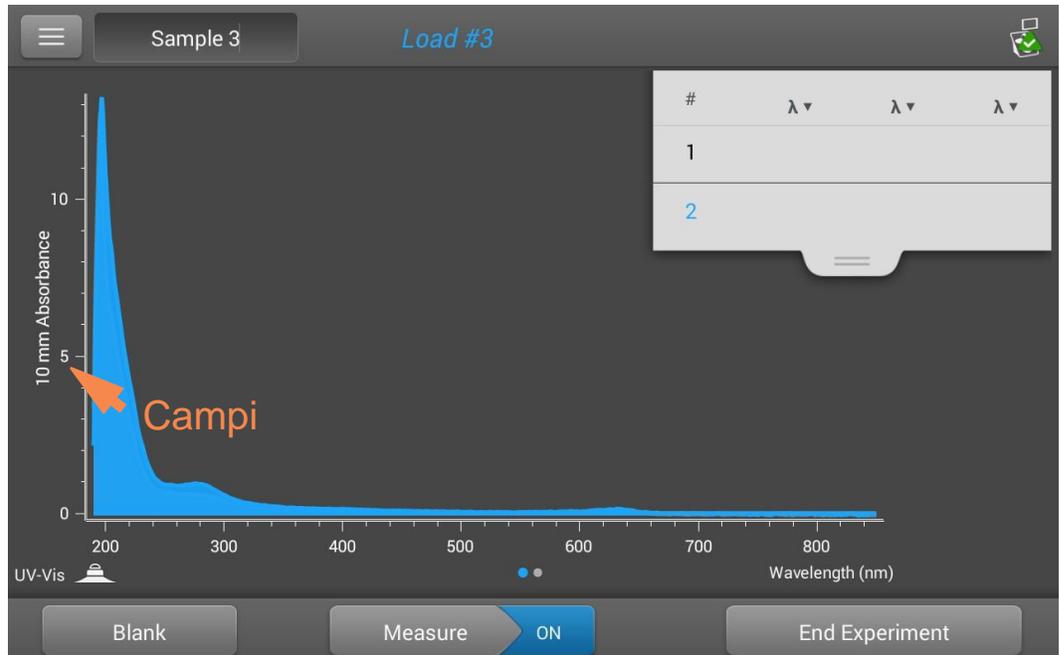
### Spettro di assorbanza

Per ciascun campione misurato, ogni applicazione visualizza l'UV o lo spettro di assorbanza UV-Visibile unitamente alla sintesi dei risultati. L'asse verticale visualizza l'assorbanza in unità di assorbanza (A). L'asse orizzontale visualizza la lunghezza d'onda in nm. Di seguito si riporta un esempio per un metodo UV-Vis.



### Lunghezza del percorso del campione

Tutte le applicazioni visualizzano la lunghezza del percorso del campione lungo l'asse verticale dello spettro. Le misurazioni dell'assorbanza micro-volumetrica e le misurazioni effettuate con cuvette non standard sono normalizzate con un equivalente della lunghezza del percorso di 10,0 mm. Eccone un esempio.



### Avvisi di misurazione

La [tecnologia Acclaro Sample Intelligence](#) integrata negli strumenti NanoDrop One fornisce importanti funzionalità per agevolare la valutazione dell'integrità del campione. Toccare o cliccare su un'icona Sample Intelligence presente nel software per visualizzare le informazioni associate.



è disponibile l'[analisi dei contaminanti](#) per agevolare le operazioni di qualificazione di un campione prima dell'uso nelle applicazioni a valle



è disponibile un [supporto tecnico on-demand](#) per misurazioni atipiche o a concentrazioni molto basse



allarme risultati non validi

## 9 Centro di apprendimento

### Operazioni di base dello strumento

#### Pulsante Blank

Toccare **Blank** per misurare un blank per l'esperimento selezionato.

È necessario misurare un blank prima di ogni gruppo di campioni simili. La soluzione di blanking è in genere il tampone puro utilizzato per risospendere il campione. Per ulteriori informazioni, consultare [Scelta e misurazione di un blank](#).

#### Pulsante di misurazione

Toccare **Misura** per misurare un campione per l'esperimento selezionato.

I campioni devono essere adeguatamente isolati e preparati prima di poter essere misurati con lo strumento, la concentrazione deve inoltre rientrare nei limiti di rilevamento dell'assorbanza dello strumento. Per ulteriori informazioni, consultare [Preparazione dei campioni](#) e [Misurare un campione](#) mediante microvolumi o Misurare i [limiti di rilevamento del campione](#) e [dell'assorbanza della cuvetta](#).

**Nota** Il pulsante **Misura** viene abilitato una volta completata validamente la misurazione di un blank.

#### Opzioni Auto-Measure e Auto-Blank

È possibile velocizzare l'analisi dei campioni con le funzioni NanoDrop One Auto-Measure e Auto-Blank, che consentono allo strumento di avviare la misurazione immediatamente dopo aver abbassato il braccio. Queste opzioni eliminano la necessità di ripetere le operazioni di misurazione o blanking per grandi lotti di campioni.

**Nota:** le funzioni Auto-Measure e Auto-Blank sono disponibili solo per le misurazioni di microvolumi.

##### Auto-Measure

Per selezionare o deselezionare Auto-Measure, da qualsiasi schermata di misurazione del campione, toccare il pulsante **On** o **Off** a destra del pulsante Misura.



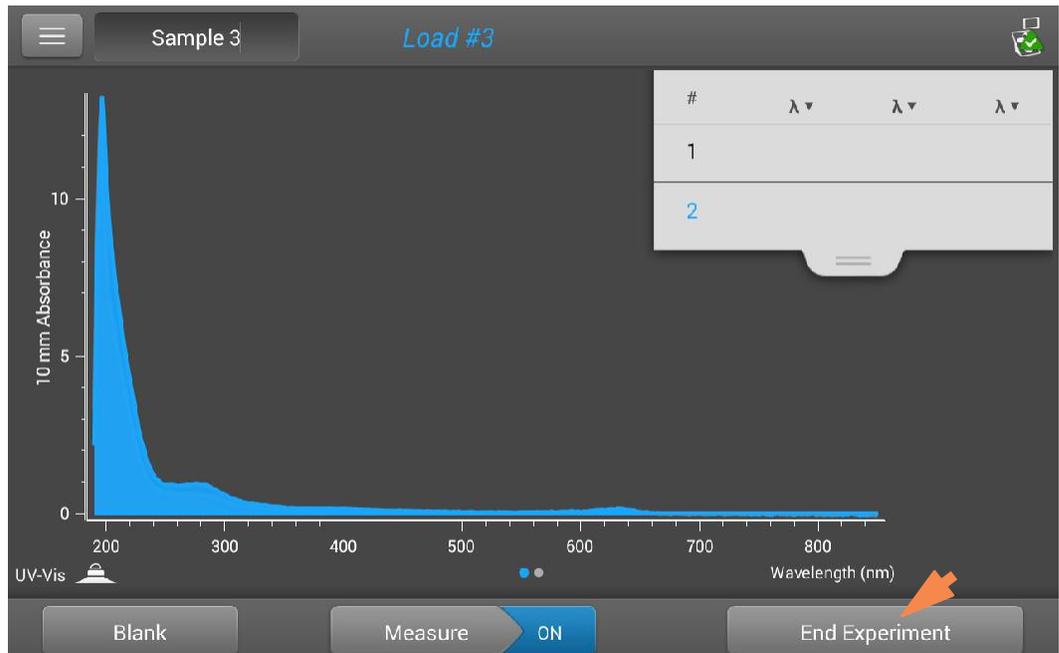
##### Auto-Blank

Per selezionare o deselezionare Auto-Blank, da qualsiasi schermata di misurazione del blank, toccare il pulsante **On** o il pulsante **Off** a destra del pulsante Blank.



## Pulsante Termina esperimento

Toccare **Termina esperimento** una volta pronti per assegnare un nome e salvare l'esperimento, aggiungere un'etichetta per individuare l'esperimento in un secondo momento o esportare i dati. A seconda delle impostazioni di amministratore, potrebbe essere richiesto di firmare l'esperimento al termine.



Nota Il pulsante **Termina esperimento** viene abilitato una volta completata la prima misurazione del campione.

Dopo aver toccato Termina esperimento, viene visualizzata la casella Termina esperimento:

End Experiment

Experiment name  
UV-Vis 11/26/2019 3:48:26 PM

Add identifier

Export data:  
Front USB

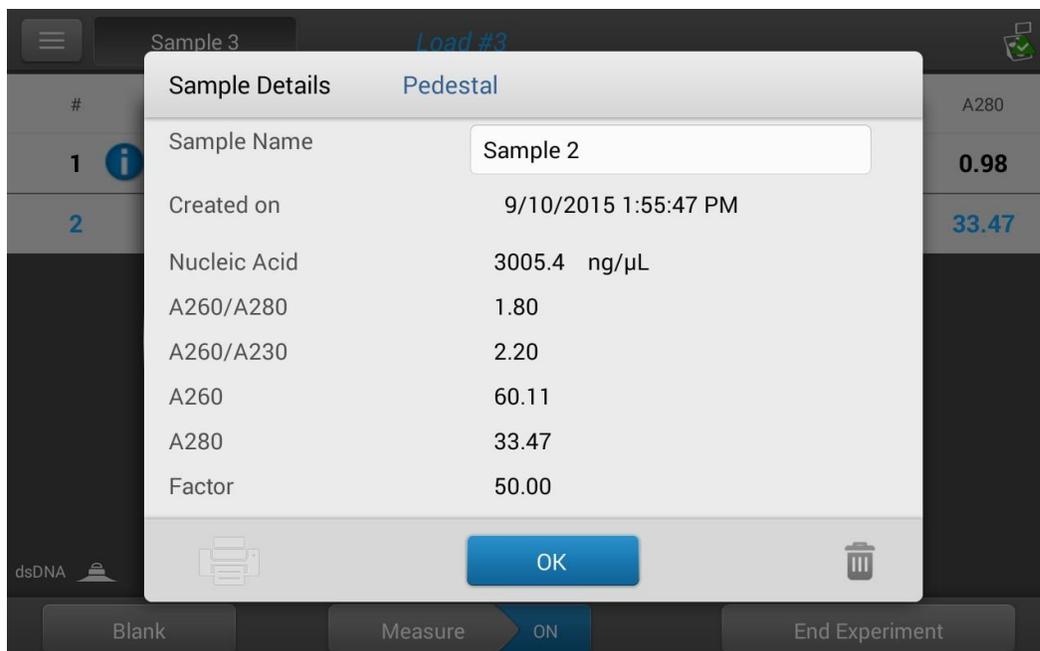
Experiment End Experiment

Opzioni disponibili:

Nome esperimento	Inserire un nome per questo gruppo di misurazioni. I risultati della misurazione vengono salvati nella posizione del database selezionata utilizzando il nome dell'esperimento inserito.
Aggiungi identificativo di questo esperimento	<p>Inserire un'etichetta descrittiva per agevolare la successiva identificazione o per associarlo a un altro esperimento (consultare <a href="#">Gestire gli identificativi sullo strumento</a> per i dettagli).</p> <p>Toccare la <b>casella Aggiungi identificativo</b> per visualizzare una tastiera per digitare il testo dell'etichetta.</p> <p>Toccare il <b>pulsante Aggiungi identificativo</b>  per aggiungere l'etichetta; toccare il tasto <b>Fatto</b> per chiudere la tastiera.</p>
Esporta dati	Selezionare un percorso disponibile per esportare le misurazioni in questo esperimento. Gli esperimenti possono essere esportati su un dispositivo USB collegato a qualsiasi porta USB sullo strumento locale (anteriore, posteriore sinistra o posteriore destra) o in un <a href="#">percorso di rete</a> .
Pulsante Esporta 	<p>Consente di selezionare un formato di file per l'esportazione delle misurazioni in questo esperimento e successivamente esportare i dati in un dispositivo USB o di rete. Formati file di esportazione disponibili:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• file di foglio elettronico con valori separati da virgola (.csv)</li><li>• file di fogli di calcolo con valori separati da tabulazioni (.tsv) (solo dati dello spettro)</li><li>• File <a href="#">NanoDrop</a> (.sql)</li></ul> <p>Il nome del file corrisponde al nome dell'esperimento inserito (vedi sopra). Il file viene salvato in una cartella denominata "NanodropOne" seguita dal numero di serie dello strumento. (Utilizzare <a href="#">Stato del sistema</a> per visualizzare il numero di serie dello strumento.)</p>
Pulsante Torna all'esperimento 	Chiudere la casella Termina esperimento e visualizzare i risultati della misurazione più recente. Da lì è possibile aggiungere misurazioni all'esperimento corrente e salvarlo in un secondo momento.
Pulsante Stampa	<a href="#">Stampa</a> i risultati della misurazione per l'esperimento corrente
Pulsante Termina esperimento 	Termina l'esperimento e salva i risultati della misurazione utilizzando il nome dell'esperimento digitato. L'esperimento viene salvato nel percorso del database selezionato.

## Dettagli del campione

Premere e tenere premuta una **riga del campione** in qualsiasi schermata di misurazione o [tabella dati](#) per visualizzare i dettagli del campione, che includono tutti i risultati di misurazione disponibili e i dettagli associati per il campione selezionato. Di seguito si riporta un esempio:



Le informazioni sui valori misurati visualizzati in Dettagli campione sono fornite in questo sistema di Aiuto, sotto l'[applicazione](#) utilizzata per acquisire i dati.

Nota È inoltre possibile [modificare il nome del campione](#) dalla casella Dettagli campione.

## 9 Centro di apprendimento

### Operazioni di base dello strumento

#### Tabelladati

Scorrere verso sinistra in qualsiasi schermata di misurazione per visualizzare la tabella dei dati per l'esperimento corrente. La tabella dei dati contiene i risultati della misurazione per tutti i campioni dell'esperimento. L'immagine in basso evidenzia le funzionalità disponibili.

The screenshot shows a data table with the following columns: #, Sample Name, ng/μL, A260/A280, A260/A230, A260, and A280. The table contains two rows of data for Sample 1 and Sample 2. Below the table are buttons for 'Blank', 'Measure', 'ON', and 'End Experiment'. Annotations point to various UI elements:

- Menù delle opzioni; toccare per aprire**: Points to the hamburger menu icon in the top left.
- Nome campione; toccare per modificare**: Points to the 'Sample 3' header.
- Risultati della misurazione; consultare Applicazioni per i dettagli**: Points to the 'Load #3' header.
- Avviso di misurazione; toccare per maggiori informazioni**: Points to a green checkmark icon in the top right.
- Toccare la riga per selezionare il campione; premere e tenere premuta la riga per visualizzare i dettagli del campione**: Points to the first row of the data table.
- Applicazione utilizzata**: Points to the 'dsDNA' label and application icon at the bottom left.
- Controllo pagina; scorrere lo schermo verso destra per tornare alla schermata di misurazione**: Points to the 'ON' button at the bottom center.

#	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

#### Visualizza cronologia

Sia che vengano raccolti un solo campione o più campioni in una riga, dopo aver selezionato Termina esperimento, i dati acquisiti vengono salvati automaticamente in un esperimento rinominato. Nella configurazione predefinita, gli esperimenti vengono memorizzati nel database NanoDrop One sullo strumento locale in base alla data di acquisizione, al nome dell'esperimento, all'applicazione utilizzata e alle eventuali etichette assegnate.

Utilizzare la funzione Cronologia per aprire il database sullo strumento locale al fine di visualizzare gli spettri acquisiti e i dati associati da qualsiasi esperimento in qualsiasi momento.

#### Aprire database strumenti dei risultati delle misurazioni

- per aprire il database NanoDrop One sullo strumento, toccare  (Cronologia) sulla schermata Home dello strumento

## Menù

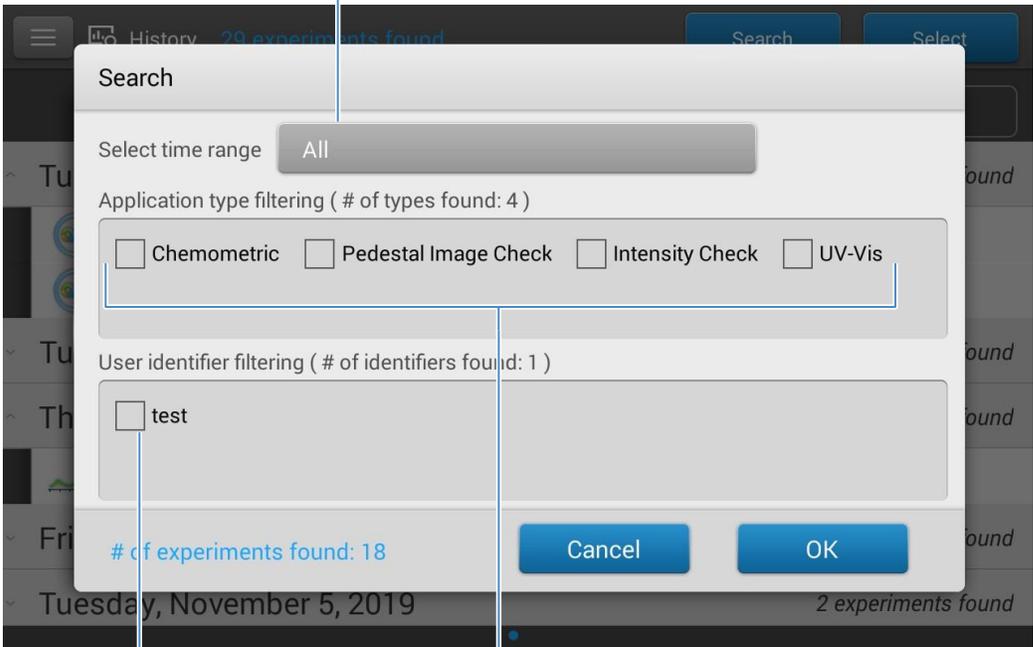
Toccare  Cronologia per visualizzare le opzioni di menu disponibili.

Home	Torna alla schermata Home di NanoDrop One
Impostazioni	Visualizza o modifica <a href="#">le impostazioni dello strumento</a>
Importa	Importa dati da una chiavetta USB
Stato disco	Visualizza lo spazio rimanente disponibile per la memorizzazione dei dati delle misurazioni sullo strumento

## Ricerca nel database degli esperimenti

Toccare **Cerca** nella cronologia per cercare un esperimento nel [database selezionato](#) o per modificare l'intervallo di tempo o altri filtri di ricerca. Il database viene filtrato utilizzando le impostazioni correnti nella casella Cerca. I filtri includono l'intervallo di tempo, il tipo di applicazione e qualsiasi etichetta definita dall'utente (vedere [Gestire gli identificativi](#) per informazioni sull'aggiunta e l'eliminazione delle etichette). Di seguito si riporta un esempio:

Toccare per modificare il filtro intervallo di tempo  per visualizzare l'elenco aggiornato degli esperimenti



Toccare per selezionare o deselezionare le etichette definite dall'utente

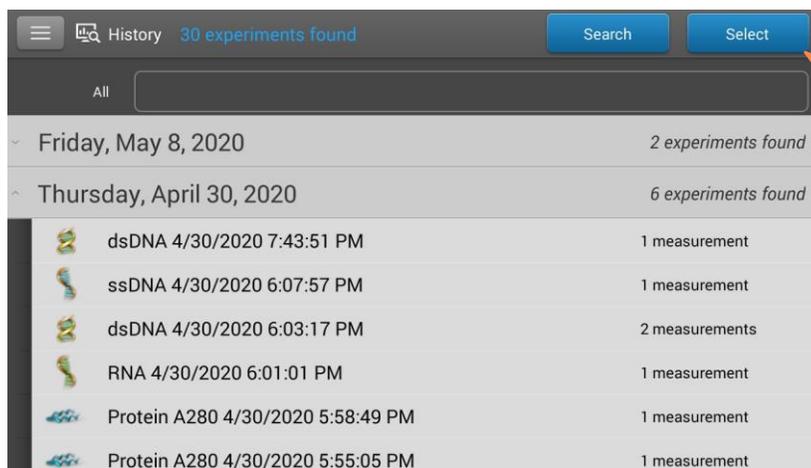
Toccare per selezionare o deselezionare i filtri dell'applicazione

## Esportare esperimenti selezionati

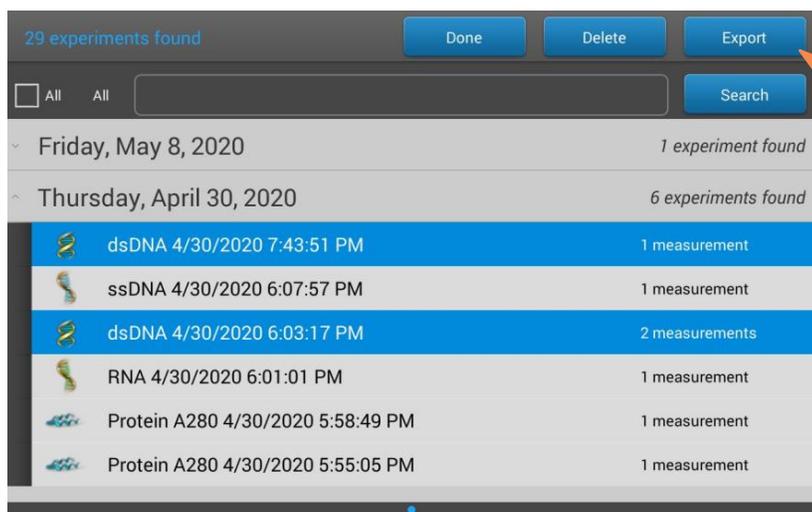
Utilizzare **Seleziona** nella cronologia per selezionare gli esperimenti da esportare.

### Esportare gli esperimenti selezionati

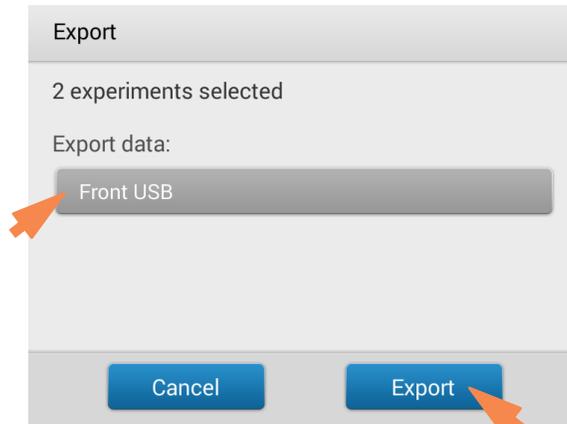
- aprire Cronologia e toccare **Seleziona**



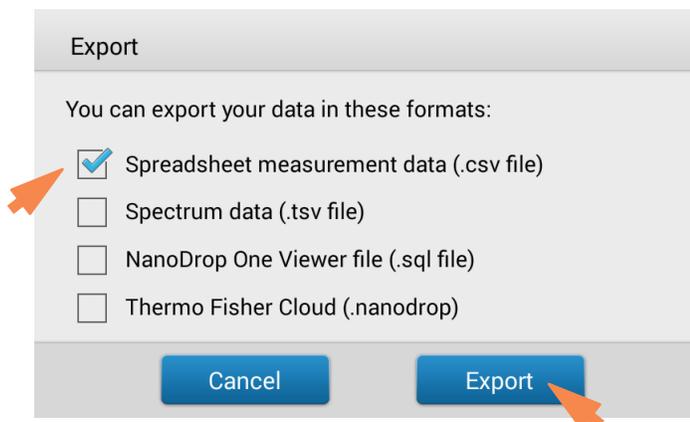
- toccare la **riga** per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di **ricerca** per trovare l'esperimento
- toccare per selezionare uno o più esperimenti da esportare (toccare nuovamente per deselegionare un esperimento; per selezionare tutti gli esperimenti nel database, selezionare **Tutti**)
- toccare **Esporta**



- impostare **Esporta dati** in un percorso di esportazione disponibile (porta USB anteriore, posteriore sinistra o posteriore destra o un [percorso di rete](#)), quindi selezionare **Esporta**



- selezionare uno o più formati in cui esportare (consultare "[Esporta esperimenti selezionati](#)" in [Operazioni generali](#) per i dettagli), quindi toccare **Esporta**



- una volta comparso il messaggio "Esportazione riuscita", toccare **OK**

## Eliminare esperimenti selezionati

Utilizzare **Seleziona** nella  cronologia per selezionare gli esperimenti da eliminare.

### Eliminare gli esperimenti selezionati

- toccare una **riga** nella Cronologia per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di [ricerca](#) per trovare l'esperimento
- toccare **Seleziona**
- toccare per selezionare uno o più esperimenti da eliminare (toccare di nuovo per deselegionare un esperimento)
- toccare **Elimina** poi **OK**

**Nota** I dati eliminati non possono essere recuperati.

Aprire l'esperimento e visualizzare i dati associati

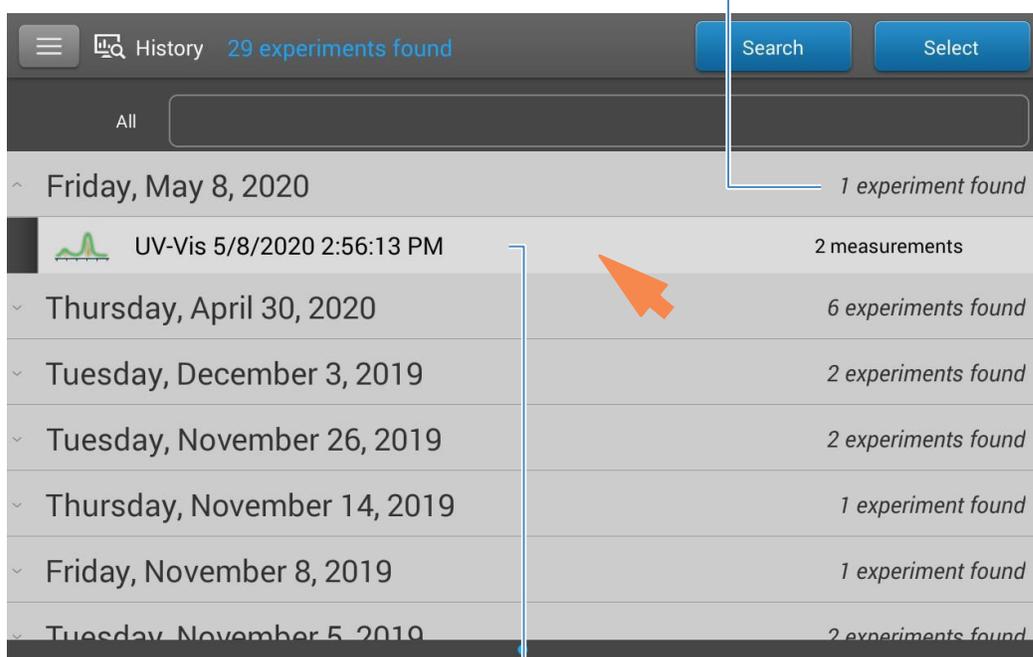
Utilizzare  Cronologia per individuare e aprire qualsiasi esperimento per visualizzare i dati di misurazione in esso contenuti.

#### Aprire un esperimento

- toccare una **riga** nella Cronologia per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di [ricerca](#) per trovare l'esperimento
- toccare **il nome dell'esperimento** per aprire

l'esperimento Di seguito si riporta un esempio:

Un esperimento misurato in questa data



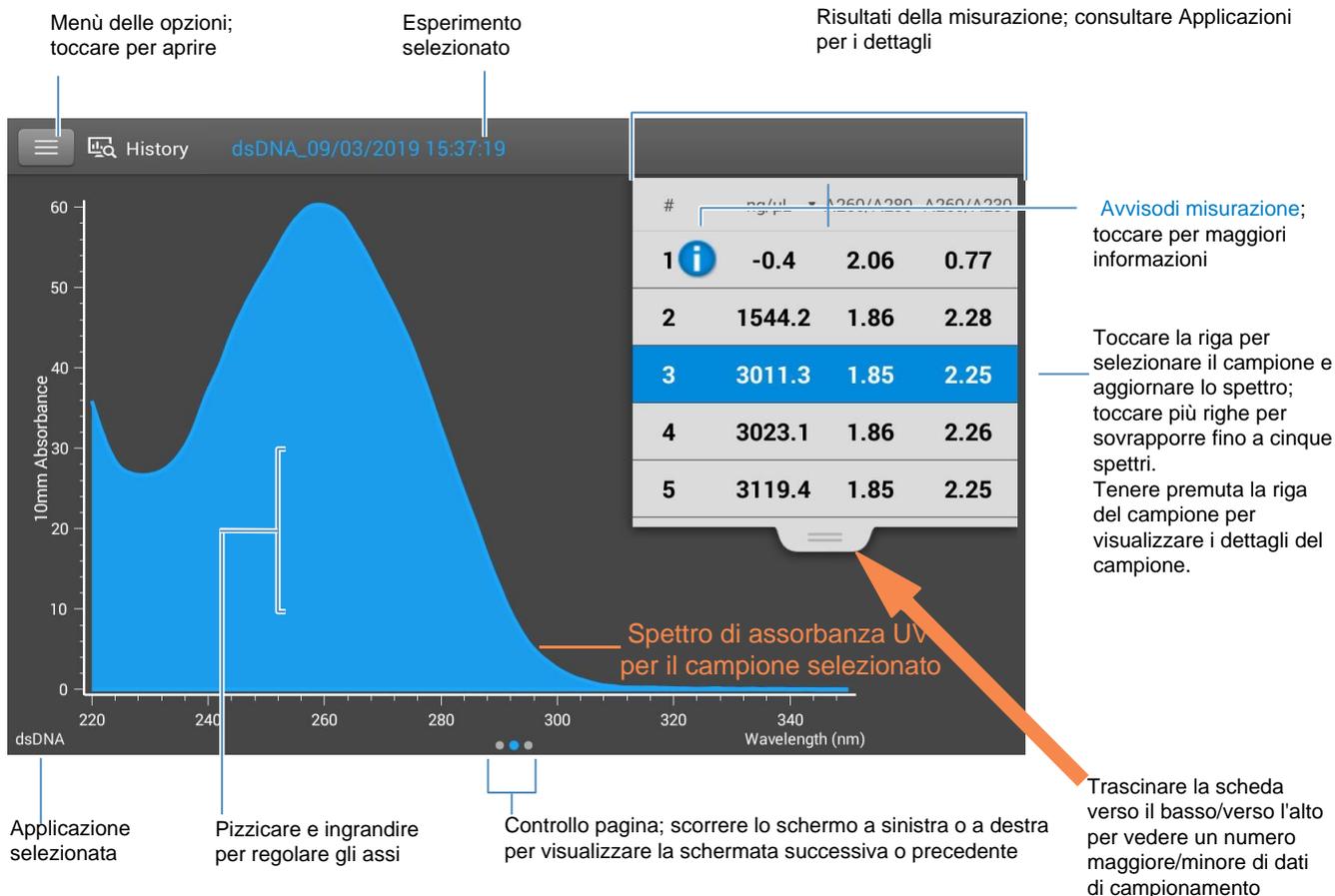
Toccare per aprire questo esperimento; tenere premuto per visualizzare o modificare i dettagli dell'esperimento come il nome dell'esperimento

La cronologia fornisce dati sulla misurazione come [dati dello spettro](#) nonché [tabelle di dati](#), simili a quelle che compaiono al completamento di una misurazione.

Nota I dati mostrati dipendono dall'applicazione utilizzata per misurare i campioni (acidi nucleici in questi esempi). Per ulteriori informazioni, consultare i dettagli [dell'applicazione](#) .

**Dati dello spettro—**

Dopo aver aperto un esperimento, il software visualizza lo spettro di assorbanza UV o UV-visibile insieme a un riepilogo dei dati associati per la prima misurazione del campione, proprio come compare durante una misurazione. L'immagine seguente descrive le funzionalità disponibili.



**Tabella dei dati—**

Scorrere verso sinistra in qualsiasi schermata dei Dati dello spettro per visualizzare la tabella dei dati per l'esperimento corrente. La tabella dei dati contiene i risultati della misurazione per tutti i campioni dell'esperimento. L'immagine seguente descrive le funzionalità disponibili.

Menù delle opzioni; toccare per aprire

Esperimento selezionato

Risultati della misurazione; consultare Applicazioni per i dettagli

#	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

Toccare per selezionare l'unità

Toccare la riga per selezionare il campione; premere e tenere premuta la riga per visualizzare i dettagli del campione

Avviso di misurazione; toccare per maggiori informazioni

Applicazione utilizzata precedenti

Controllo pagina; scorrere verso destra sulla schermata per visualizzare le schermate

**Menù**

Toccare  da qualsiasi schermata Dati dello spettro o Tabella dei dati per visualizzare le opzioni di menù disponibili.

Home	Torna alla schermata Home di NanoDrop One
Gestisci Identificativi	Aggiungere o eliminare etichette per l'esperimento selezionato per agevolarne l'identificazione (consultare <a href="#">Gestione degli identificativi sullo strumento</a> )
Esporta	<a href="#">Esporta esperimenti selezionati</a>
Stampa	<a href="#">Stampa</a> il grafico o la tabella dati per i risultati di misurazione selezionati; se non viene selezionato alcun risultato, stampa tutti i risultati nella tabella dei dati
Impostazioni	Visualizza o modifica <a href="#">le impostazioni dello strumento</a>
Stato disco	Visualizza lo spazio rimanente disponibile per la memorizzazione dei dati delle misurazioni sullo strumento

## Operazioni generali su NanoDrop One

Queste operazioni sono disponibili da qualsiasi schermata di misurazione o dalla [Cronologia](#).

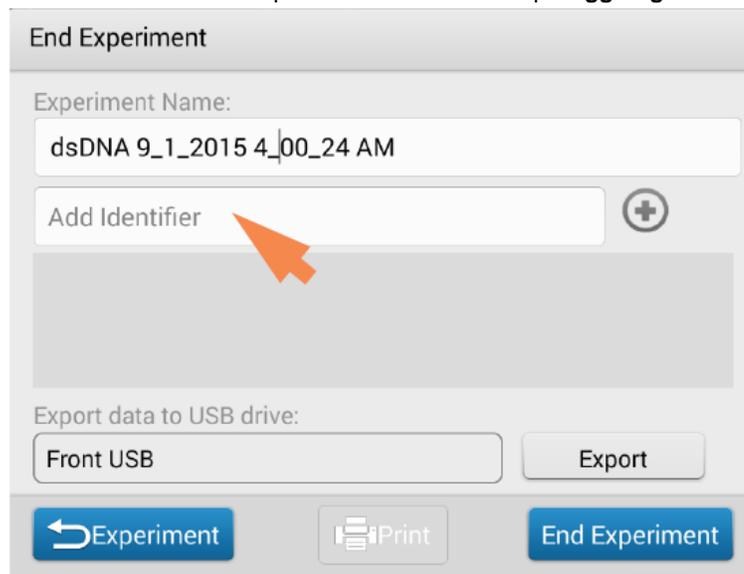
### Gestione degli identificativi (sullo strumento)

È possibile aggiungere uno o più "identificativi" (ad esempio etichette o tag di metadati) a un esperimento per agevolarne l'identificazione. Le etichette possono essere aggiunte dal software NanoDrop One in esecuzione sullo strumento o dal software di controllo NanoDrop One installato su un personal computer (consultare [Gestione degli identificativi su un PC](#)).

Utilizzare la Cronologia per aggiungere etichette agli esperimenti, assegnare etichette esistenti, visualizzare le etichette assegnate e rimuovere o eliminare etichette sullo strumento. È possibile filtrare l'elenco degli esperimenti nella Cronologia in base a una o più etichette definite dall'utente.

### Etichettare un nuovo esperimento durante il salvataggio dei dati

- dopo aver misurato l'ultimo campione, toccare 
- nella casella Termina esperimento toccare il campo **Aggiungi Identificativo**



- utilizzare la tastiera visualizzata per inserire l'etichetta e toccare 
- toccare il tasto **Fatto**
- toccare **Termina esperimento**.

### Etichettare l'esperimento nella Cronologia

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare per aprire un esperimento
- toccare  e selezionare **Gestione degli identificativi**
- nella casella Gestione degli identificativi, toccare il campo **Aggiungi identificativo**

## 9 Centro di apprendimento

### Operazioni di base dello strumento

- utilizzare la tastiera visualizzata per inserire l'etichetta e toccare 
- toccare il tasto **Fatto**
- toccare **OK**

#### Visualizzare le etichette assegnate per un esperimento

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- premere e tenere premuto l'esperimento selezionato per visualizzarne i dettagli

#### Trovare esperimenti etichettati

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare **Cerca**
- nella casella Cerca, selezionare l'intervallo di date, selezionare l'applicazione (vengono visualizzate solo le applicazioni che dispongono di dati associati), selezionare uno o più identificativi dal menù a tendina, quindi toccare **OK**

#### Rimuovere un'etichetta

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare per aprire un esperimento
- toccare  e selezionare **Gestione degli identificativi**
- nella casella Gestione degli identificativi, selezionare etichetta e toccare  .
- toccare **OK**

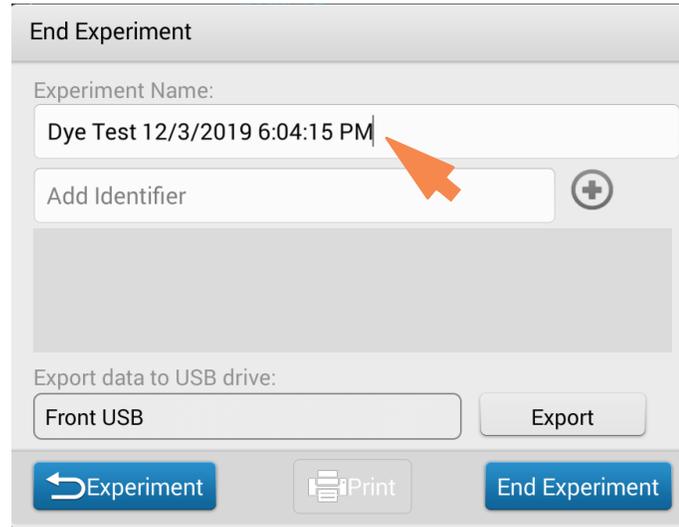
### Modificare il Nome dell'esperimento

È possibile modificare il nome dell'esperimento durante il salvataggio dei dati o successivamente accedendo alla [Cronologia](#).

#### Modificare il nome dell'esperimento alla termine dell'esperimento

- al termine della misurazione dei campioni, toccare 

- inserire un nome per questo gruppo di misurazioni nella casella Nome Esperimento



End Experiment

Experiment Name:  
Dye Test 12/3/2019 6:04:15 PM

Add Identifier 

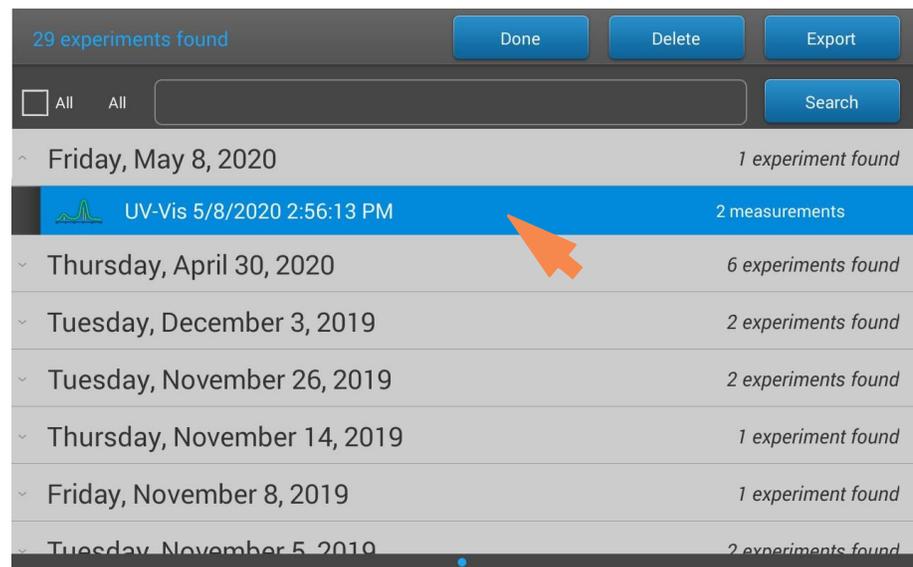
Export data to USB drive:  
Front USB Export

Experiment Print End Experiment

- toccare **Termina esperimento**.

#### Modificare il nome dell'esperimento accedendo alla cronologia

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare la **riga** per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di **ricerca** per trovare l'esperimento
- premere e tenere premuto il nome dell'esperimento per aprire la casella dei dettagli dell'esperimento



29 experiments found Done Delete Export

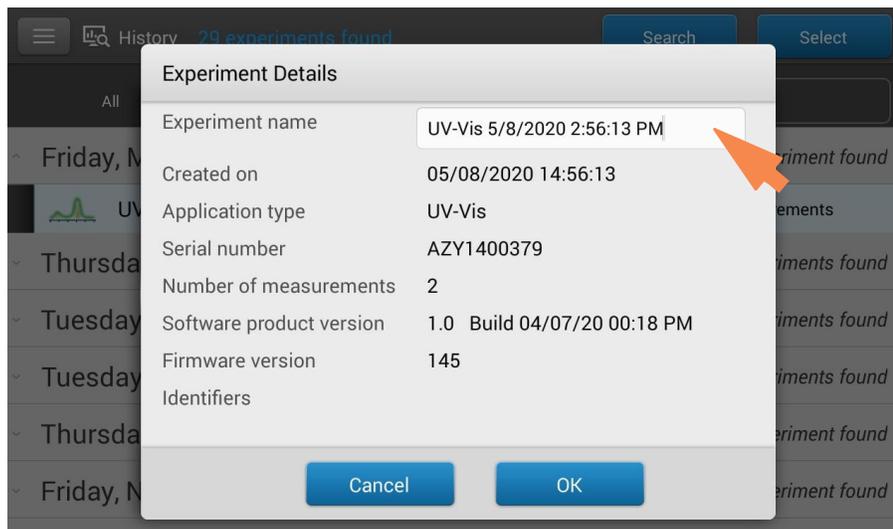
All All Search

Friday, May 8, 2020	1 experiment found
 UV-Vis 5/8/2020 2:56:13 PM	2 measurements
Thursday, April 30, 2020	6 experiments found
Tuesday, December 3, 2019	2 experiments found
Tuesday, November 26, 2019	2 experiments found
Thursday, November 14, 2019	1 experiment found
Friday, November 8, 2019	1 experiment found
Tuesday, November 5, 2019	2 experiments found

## 9 Centro di apprendimento

### Operazioni di base dello strumento

- toccare il campo **Nome esperimento** per visualizzare la tastiera



- inserire il nome del nuovo esperimento
- toccare il tasto **Fatto** per chiudere la tastiera
- toccare **OK** per chiudere la casella Dettagli esperimento

### Esportare esperimenti selezionati

È possibile esportare i dati di misurazione quando si salva l'esperimento o successivamente accedendo alla [Cronologia](#)

Nota I dati esportati durante un salvataggio vengono comunque salvati in un database (locale o remoto, a seconda dell'impostazione Memorizzazione dati; per ulteriori informazioni, consultare [Selezionare la posizione per salvare o visualizzare i dati raccolti](#) ).

I dati di misurazione possono essere esportati in quattro formati:

- come file con valori separati da virgola (.csv) contenenti i risultati delle misurazioni e i dettagli per ciascun esperimento esportato
- come file di valori separati da tabulazioni (.tsv) contenenti coordinate x,y per ogni punto dei dati dello spettro per ogni esperimento esportato
- come file NanoDrop (.sql) contenenti spettri e risultati di misura per ciascun esperimento esportato

Utilizzare qualsiasi foglio di calcolo o applicazione di elaborazione testi per aprire un file CSV o TSV. Di seguito si riporta un esempio dei diversi risultati di misurazione del campione in formato CSV:

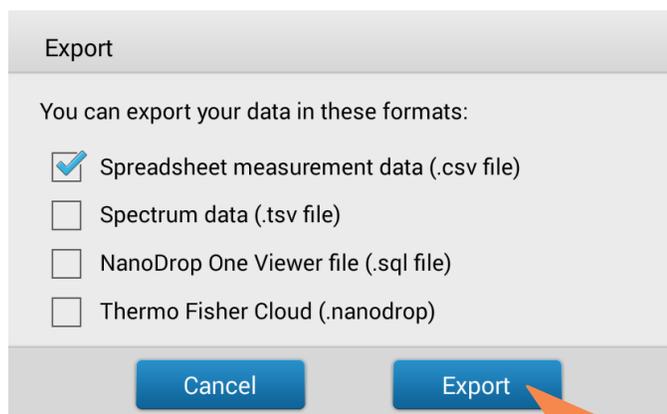
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	Date	Sample Name	Nucleic Acid	A260/A280	A260/A230	A260	A280	Nucleic Acid Factor	Baseline (nm)	
2	4/21/2015 15:37	Sample 1	0.3	0.7	0.56	0.01	0.01	33	340	
3	4/21/2015 15:42	Sample 2	0.37	0.94	0.86	0.01	0.01	33	340	
4	4/21/2015 15:44	Sample 3	0.43	0.98	0.74	0.01	0.01	33	340	
5	4/21/2015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

Nota I tipi di dati esportati dipendono dall'applicazione utilizzata per misurare i campioni (acidi nucleici in questo esempio). Per ulteriori informazioni, consultare i dettagli [dell'applicazione](#) .

Gli esperimenti possono essere esportati su un dispositivo USB collegato a qualsiasi porta USB sullo strumento locale (anteriore, posteriore sinistra o posteriore destra) o in un [percorso di rete](#). Se si selezionano più esperimenti per l'esportazione, ciascun esperimento esportato dispone di un file corrispondente. I nomi dei file coincidono con i [nomi degli esperimenti](#). I file vengono salvati in una cartella denominata "NanoDropOne" seguita dal numero di serie dello strumento. (Utilizzare [Stato del sistema](#) per visualizzare il numero di serie dello strumento.)

#### Esportare i dati al termine dell'esperimento

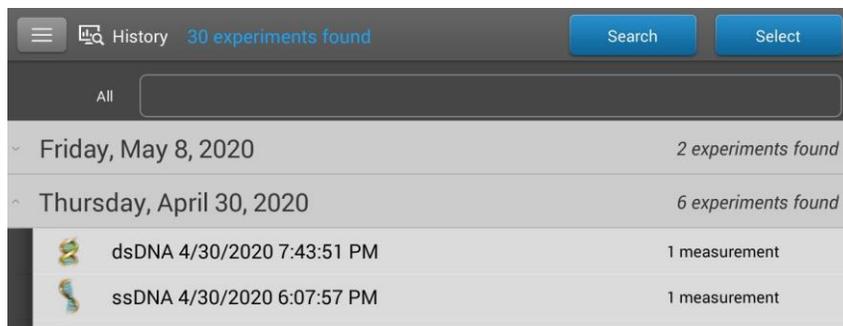
- al termine della misurazione dei campioni, toccare 
- dalla casella Termina esperimento, impostare **Esporta dati** in un percorso di esportazione disponibile (porta USB anteriore, posteriore sinistra o posteriore destra o un percorso di rete)
- toccare 
- dalla casella Esporta, selezionare uno o più formati in cui esportare (cfr. sopra per i dettagli), quindi toccare **Esporta**



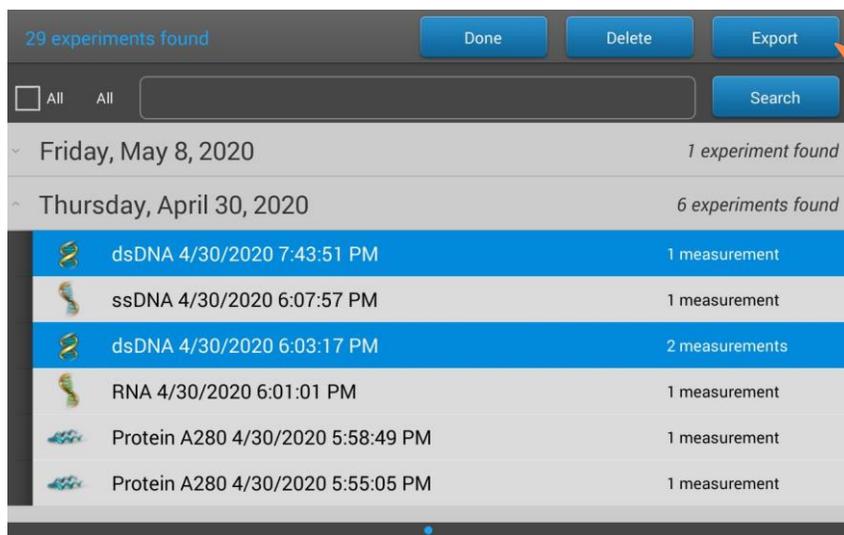
- una volta comparso il messaggio "Esportazione riuscita", toccare **OK**
- toccare **Termina esperimento**.

### Esportare dati dalla cronologia

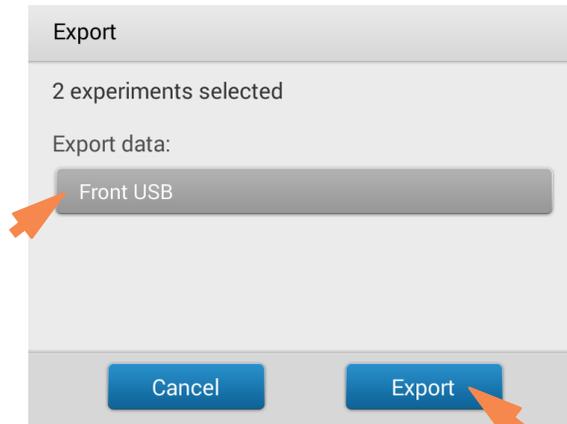
- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare **Seleziona**



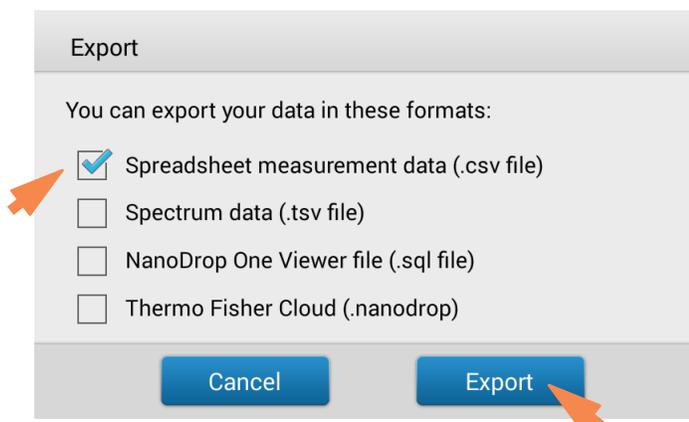
- toccare la **riga** per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di **ricerca** per trovare l'esperimento
- toccare per selezionare uno o più esperimenti da eliminare (toccare di nuovo per deselegionare un esperimento;  
per selezionare tutti gli esperimenti nel database, selezionare **Tutti**)
- toccare **Esporta**



- impostare **Esporta dati** in un percorso di esportazione disponibile (porta USB anteriore, posteriore sinistra o posteriore destra o un [percorso di rete](#)), quindi toccare **Esporta**



- selezionare uno o più formati in cui esportare (cfr. sopra per i dettagli) quindi toccare **Esporta**



- una volta comparso il messaggio "Esportazione riuscita", toccare **OK**

### Eliminare misurazioni selezionate

È possibile eliminare le misurazioni dei campioni selezionati da qualsiasi esperimento, oppure tutte le misurazioni nel database.

**Nota** I dati eliminati non possono essere recuperati.

### Eliminare i dati da qualsiasi schermata di misurazione

- Tenere premuta la riga del campione per aprire i Dettagli del campione.

- toccare 

### Eliminare i dati dalla cronologia

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare **Seleziona**

## 9 Centro di apprendimento

### Operazioni di base dello strumento

- toccare una **riga** nella Cronologia per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di **ricerca** per trovare l'esperimento desiderato
- toccare per selezionare uno o più esperimenti da eliminare (toccare di nuovo per deselegionare un esperimento;  
per selezionare tutti gli esperimenti nel database, selezionare **Tutti**)
- toccare **Elimina**

### Stampare misurazioni selezionate

Collegare una **stampante compatibile** allo strumento per stampare rapidamente i risultati delle misurazioni, inclusi dati dello spettro, le curve standard, le tabelle di dati, i dettagli dei campioni e i risultati diagnostici. È possibile stampare su una stampante USB (etichetta o servizio completo) o su una stampante remota tramite una connessione Ethernet o una rete wireless.

#### Nota

- Per selezionare una stampante, scegliere **Opzioni stampante** dalla finestra Anteprima di stampa e selezionare una stampante disponibile.
- Per aggiungere una stampante, dalla finestra Anteprima di stampa scegliere **Opzioni stampante > Gestione stampanti**.
- Una stampante wireless o il dispositivo a cui è collegata deve essere disponibile sulla stessa rete wireless dello strumento. La stampante wireless deve inoltre avere la sua funzione wireless abilitata.
- Le opzioni di servizio completo della stampante non sono disponibili nel caso fosse collegata una stampante per etichette. Scollegare la stampante per etichette per accedere alle opzioni di servizio completo della stampante.

### Stampare i dati da qualsiasi schermata di misurazione

- dopo aver misurato un campione, visualizzare i risultati della misurazione da stampare come i dati dello spettro, la **curva standard**, la tabella dei dati o i dettagli del campione (cfr. **Schermate di misurazione NanoDrop One**)
- se si stampano i dati dello spettro o la tabella dati, toccare per selezionare una o più righe campione da stampare (toccare di nuovo per deselegionare una riga campione); se non viene selezionato alcun risultato nella tabella dati, tutti i risultati verranno stampati
- toccare  e selezionare  **Stampa**
- selezionare **OK** per confermare
- nella finestra Anteprima di stampa, assicurarsi che sia selezionata la stampante corretta e impostare altre opzioni di stampa a seconda delle esigenze, ad esempio il formato e l'orientamento della carta (si consiglia l'impostazione "Auto"), il margine e l'allineamento per regolare l'immagine nella finestra di anteprima

Nota Il software salva le impostazioni di stampa ogni volta che viene avviata una stampa.

- selezionare **Stampa**

Nel caso in cui fosse collegata una stampante per etichette allo strumento, il software stamperà un'etichetta per ciascuna misurazione selezionata. Nel caso in cui fosse collegata una stampante ordinaria, la schermata di misurazione selezionata verrà stampata per ciascuna misurazione selezionata.

#### Stampa dei dati dalla cronologia

- dalla schermata Home, toccare  per aprire la Cronologia
- toccare una **riga** nella Cronologia per elencare gli esperimenti acquisiti in quella data o utilizzare la funzione di **ricerca** per trovare l'esperimento desiderato
- toccare **il nome** dell'esperimento per aprirlo
- scorrere verso sinistra o verso destra per selezionare il tipo di dati da stampare (**dati dello spettro**, **curva standard** o **tabella dati**)
- toccare per selezionare una o più righe campione da stampare (toccare di nuovo per deselegionare una riga campione); se non viene selezionato alcun risultato nella tabella dati, tutti i risultati verranno stampati
- toccare  e selezionare  **Stampa**
- selezionare **OK** per confermare
- nella finestra Anteprima di stampa, assicurarsi che sia selezionata la stampante corretta e impostare altre opzioni di stampa a seconda delle esigenze, ad esempio il formato e l'orientamento della carta (si consiglia l'impostazione "Auto"), il margine e l'allineamento per regolare l'immagine nella finestra di anteprima

Nota Il software salva le impostazioni di stampa ogni volta che viene avviata una stampa.

- selezionare **Stampa**

Nel caso in cui fosse collegata una stampante per etichette allo strumento, il software stamperà un'etichetta per ciascuna misurazione selezionata. Nel caso in cui fosse collegata una stampante ordinaria, la schermata di misurazione selezionata verrà stampata per ciascuna misurazione selezionata.

### Stampa dei dettagli campione

- da [dati dello spettro](#) o [tabella dati](#) in qualsiasi schermata di misurazione o da Cronologia, tenere premuta la riga del campione per aprire la casella Dettagli campione

Sample Details	Pedestal
Sample Name	Sample 3
Created on	9/3/2015 3:34:32 PM
Nucleic Acid	3011.3 ng/ $\mu$ L
A260/A280	1.85
A260/A230	2.25
A260	60.23
A280	32.51
Factor	50.00

Stampa OK

- toccare 
- nella finestra Anteprima di stampa, assicurarsi che sia selezionata la stampante corretta e impostare altre opzioni di stampa a seconda delle esigenze, ad esempio il formato e l'orientamento della carta (si consiglia l'impostazione "Auto"), il margine e l'allineamento per regolare l'immagine nella finestra di anteprima

Nota Il software salva le impostazioni di stampa ogni volta che viene avviata una stampa.

- selezionare **Stampa**

Nel caso in cui fosse collegata una stampante per etichette allo strumento, il software stamperà un'etichetta per la misurazione selezionata. Nel caso in cui fosse collegata una stampante ordinaria, verrà stampata la schermata dei dettagli del campione selezionato.

## Acclaro Sample Intelligence

La tecnologia Thermo Scientific™ Acclaro™ Sample Intelligence integrata negli strumenti NanoDrop One offre queste caratteristiche esclusive per aiutare l'utente a valutare l'integrità del campione:



analisi dei contaminanti per agevolare le operazioni di qualificazione di un campione prima dell'uso nelle applicazioni a valle



supporto tecnico on-demand per misurazioni atipiche o a concentrazioni molto basse



avvisi dei risultati non validi (un sensore a colonna monitora la presenza di bolle o particelle riflettenti suscettibili di compromettere i risultati della misurazione)



Utilizzare queste risorse integrate per risolvere rapidamente possibili misurazioni dei problemi e prendere decisioni informate sull'opportunità di utilizzare, ripulire o intraprendere altre azioni con un risultato del campione atipico. La funzione Sample Intelligence funge inoltre da risorsa per ulteriori studi e da strumento di apprendimento per utenti nuovi o principianti.

### Attivazione rilevamento

In Local Control, dalla schermata di configurazione dell'applicazione, selezionare la casella di controllo per attivare il rilevamento dei contaminanti.



Se si utilizza il software per PC, dalla schermata di misurazione, selezionare l'icona del topo per attivare il rilevamento dei contaminanti.



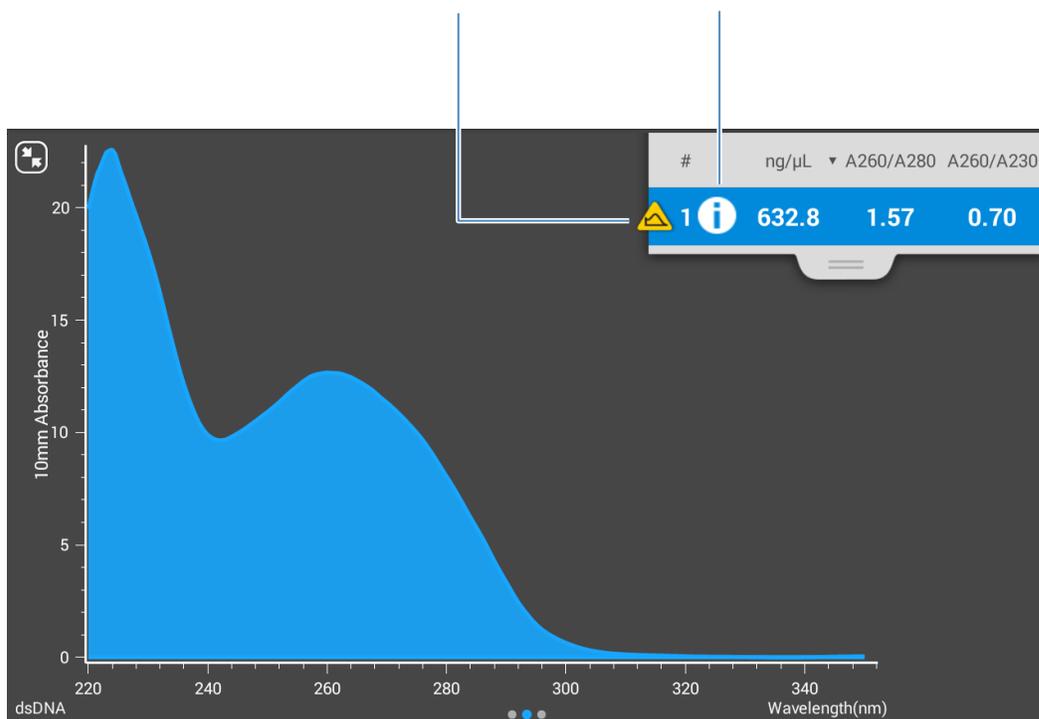
Quando abilitato, RNA Contaminant Detection/DNA Contaminant detection applicherà modelli matematici per prevedere la quantità di contaminante RNA in dsDNA o dsDNA in RNA. Questi modelli sono specifici per la fonte dell'acido nucleico. L'icona del topo è rappresentativa di tutte le fonti di acido nucleico nei mammiferi. In caso di misurazione dell'acido nucleico da una fonte per la quale non è presente alcun modello matematico, lasciare vuote le caselle di spunta

## Visualizzazione delle informazioni di Acclaro Sample Intelligence

Le misurazioni che includono un'analisi dei contaminanti o informazioni tecniche vengono contrassegnate automaticamente (cfr. esempi di seguito). Selezionare l'icona per esaminare i dati o le informazioni associate.

L'analisi dei contaminanti è disponibile per questa misurazione

Sono disponibili informazioni tecniche per questa misurazione



Le icone compaiono accanto ai [risultati della misurazione](#) (cfr. sopra) e nella [tabella dei dati](#), nonché nella [Cronologia](#) (cfr. sotto).

#	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	

Le icone sono attive in tutti e tre i luoghi; le informazioni rimangono con i dati a tempo indeterminato, anche in seguito all'esportazione.

## Analisi dei contaminanti

Per le applicazioni dsDNA, RNA e Protein A280, il software NanoDrop One avvia automaticamente un'analisi dello spettro per diversi contaminanti noti durante la misurazione. Esempi di contaminanti noti includono:

- per le misurazioni di dsDNA e RNA:
  - nella regione dell'analisi: proteine e fenolo
  - rileva la presenza di guanidina HCl e guanidinio isotiocianato
  - rileva la contaminazione da dsDNA specie-specifico nell'applicazione RNA, nonché la contaminazione da RNA specie-specifico nell'applicazione dsDNA
- per le misurazioni delle proteine:
  - nella regione dell'analisi: acidi nucleici e fenolo

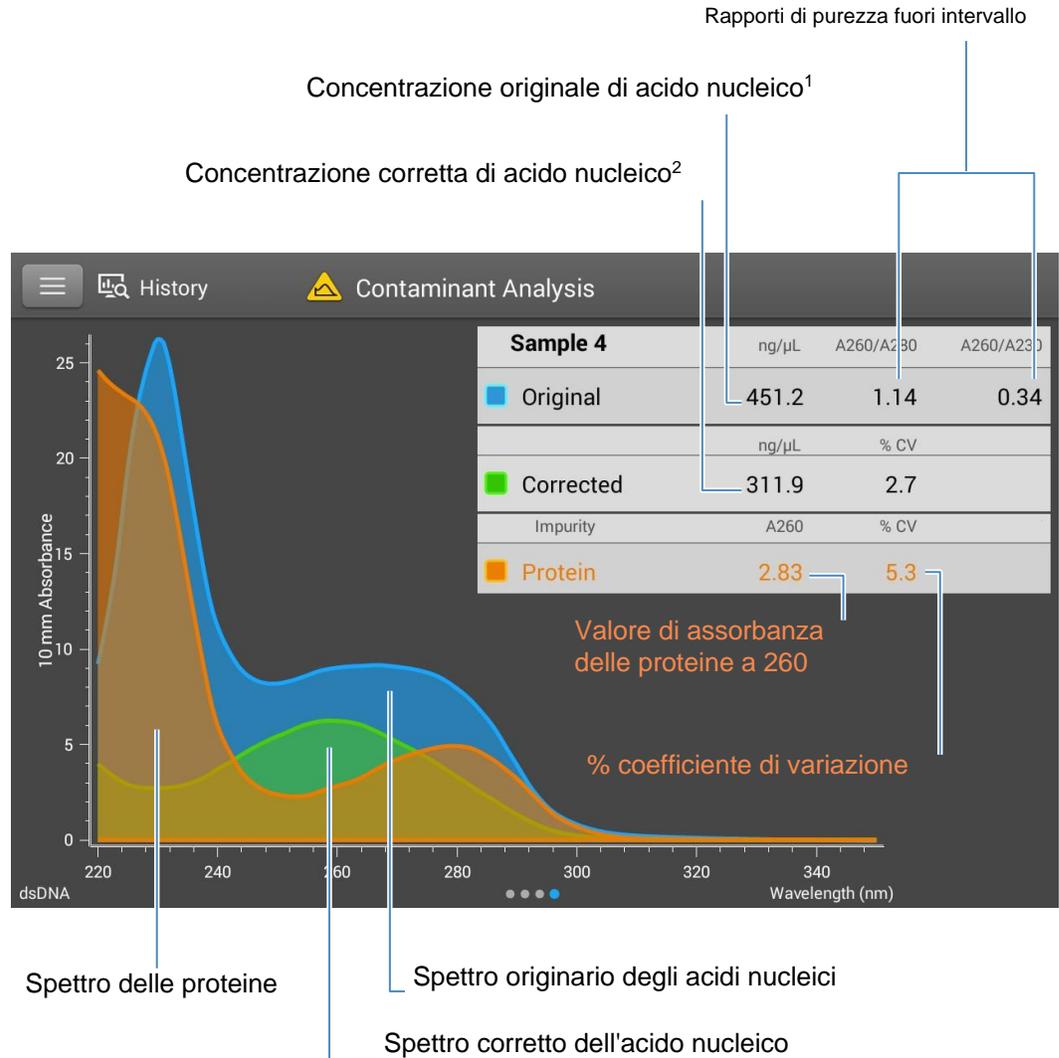
Se i contaminanti vengono identificati in un campione, l'icona "Analisi dei contaminanti"  compare a sinistra dei risultati della misurazione.



3	289.9	1.91	1.95
 4 	451.2	1.14	0.34

Toccare l'icona per visualizzare l'analisi dei contaminanti e le informazioni associate.

Di seguito si riporta un esempio di risultati di un'analisi di contaminante di acido nucleico che contiene un contaminante proteico sufficiente a influenzare i risultati della misurazione.



<sup>1</sup>In base all'assorbanza totale del campione (campione più contaminante)

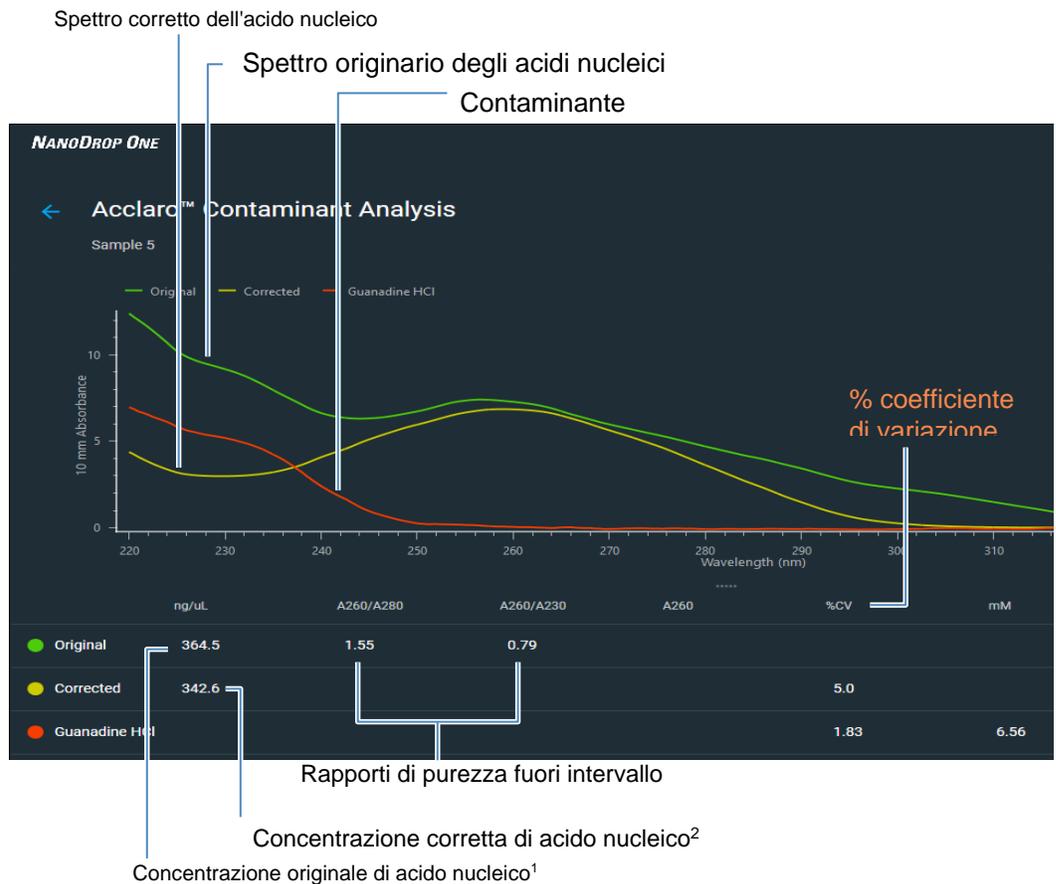
<sup>2</sup> In base all'assorbanza corretta del campione (campione meno contaminante)

Poiché le proteine assorbono la luce intorno alle lunghezze d'onda dell'analisi per l'acido nucleico (230 nm, 260 nm e 280 nm), la presenza di proteine nel campione di acido nucleico mostrato sopra ha spinto i rapporti A260/A280 e A260/A230 fuori intervallo e ha causato una concentrazione di acido nucleico riportata superiore al valore reale. Il software identifica l'impurità (proteina), e riporta le seguenti informazioni:

- assorbanza corretta al basale dovuta alla proteina (2,83) alla lunghezza d'onda dell'analisi (260 nm)

- % coefficiente di variazione per il risultato della misurazione (incertezza x 100/risultato della misurazione = 5,3%; una %CV elevata indica che il risultato della misurazione è vicino al limite di rilevamento dello strumento o la presenza di un componente interferente)
- concentrazione originale di acido nucleico (451,2 ng/μl), che si basa sull'assorbanza totale corretta al basale (campione più contaminante) alla lunghezza d'onda dell'analisi
- concentrazione corretta di acido nucleico (311,9 ng/μL), che si basa sull'assorbanza corretta (campione meno contaminante) alla lunghezza d'onda dell'analisi

Di seguito si riporta un esempio dei risultati di un'analisi del contaminante dell'acido nucleico che contiene abbastanza contaminante guanidina HCl da influenzare i risultati della misurazione come si evince dal software PC Control



## Teoria alla base dell'analisi dei contaminanti

Le misurazioni dell'assorbanza UV e UV-visibile vengono utilizzate per quantificare campioni di acido nucleico e proteine rispettivamente a 260 nm e 280 nm. L'analisi si basa sul fatto che l'assorbanza totale di una soluzione di miscela ad una data lunghezza d'onda corrisponde alla somma dei valori di assorbanza di ciascun componente della miscela.

Una delle sfide più frequenti di questo metodo è data dal fatto che un certo numero di materiali utilizzati nel processo di estrazione può assorbire in varie regioni in tutto lo spettro. Quando questi contaminanti sono presenti in un campione, possono interferire con l'analisi gonfiando artificialmente l'assorbanza alla lunghezza d'onda di interesse, il che fa sì che la concentrazione dell'analita sia sovrastimata.

Tradizionalmente, i rapporti di purezza vengono utilizzati per rilevare la presenza di contaminanti che potrebbero influenzare le applicazioni a valle. Tuttavia, i rapporti di purezza non sempre forniscono un quadro completo di possibili contaminazioni. Quando un rapporto di purezza non rientra nell'intervallo previsto, il profilo dello spettro viene spesso esaminato qualitativamente.

La nostra tecnologia Acclaro applica un approccio quantitativo all'analisi dei contaminanti. Attraverso sofisticati algoritmi matematici, Acclaro analizza i dati dello spettro per identificare probabili contaminanti in un campione e rimuove dal relativo risultato qualsiasi contributo dovuto al contaminante. Ciò si traduce in un valore di concentrazione più accurato dell'analita di interesse e in un'analisi maggiormente quantitativa del livello di contaminazione.

Poiché lo spettro di un composto puro è univoco, uno spettro di miscela di materiali per lo più noti che hanno poche interazioni può essere matematicamente suddiviso nei suoi sotto-spettri e nei componenti identificati. L'algoritmo di analisi dei contaminanti utilizza una stretta regione dello spettro (220-285 nm) intorno alla lunghezza d'onda dell'analisi (260 nm per gli acidi nucleici, 280 nm per le proteine) per determinare qualsiasi contributo di assorbanza proveniente da possibili contaminanti noti (proteine o acido nucleico e fenolo) che assorbono in quella regione. L'intero spettro viene analizzato per determinare la presenza di altri possibili contaminanti come la guanidina HCl e/o l'isotiocianato di guanidinio, ossia i comuni reagenti utilizzati per la purificazione dell'acido nucleico.

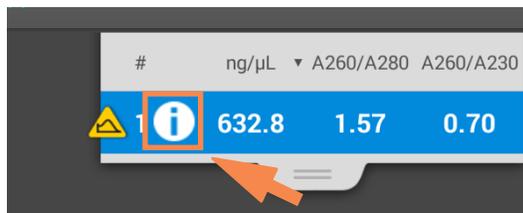
**Nota** L'ottenimento di risultati di analisi dei contaminanti coerenti e di alta qualità dipende dalla qualità degli spettri del campione misurati, che dipende dallo stato di manutenzione dello strumento. Per ulteriori informazioni, consultare [Piano di manutenzione](#).

## Supporto tecnico on-demand

Per le applicazioni dsDNA e Protein A280, il software NanoDrop One monitora tutte le misurazioni del campione per la presenza di contaminanti o altre anomalie che possono influire sulla misurazione. Esempi di caratteristiche monitorate includono:

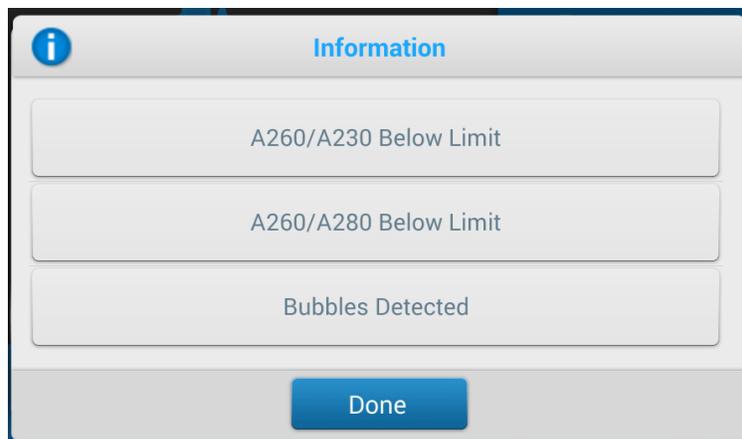
- rapporti di assorbanza, che indicano la presenza di composti suscettibili di interferire con le misurazioni del campione (denominati anche "rapporti di purezza"). Per ulteriori informazioni, visionare la formazione multimediale [Che cos' è un rapporto di purezza?](#).
- controllo delle bolle, che ricerca bolle o altri materiali riflettenti in un campione o blank. Per ulteriori informazioni, visualizzare il tutorial multimediale [Effetti delle bolle nei campioni](#).

Se sono disponibili informazioni tecniche, l'icona "informazioni"  compare a sinistra dei risultati della misurazione.

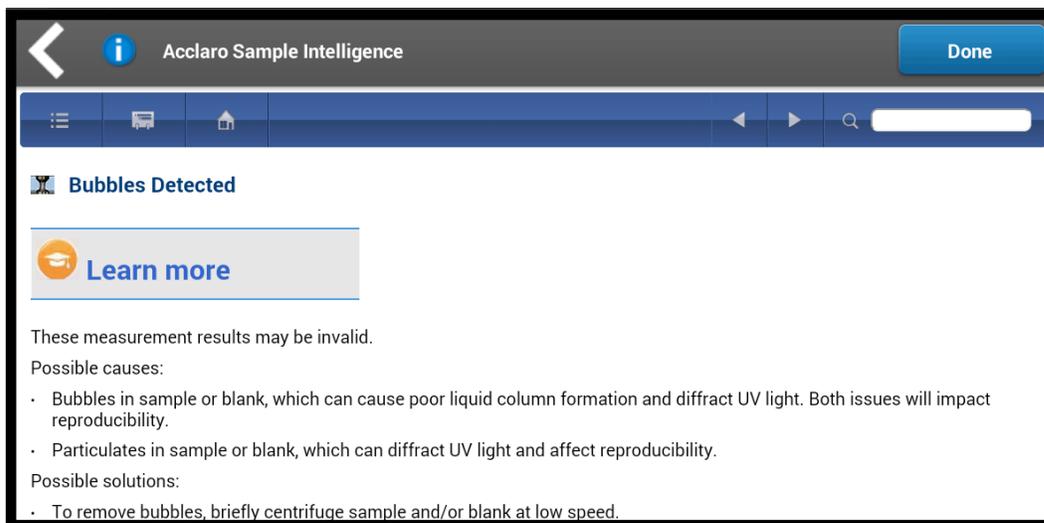


Toccare l'icona per visualizzare le informazioni.

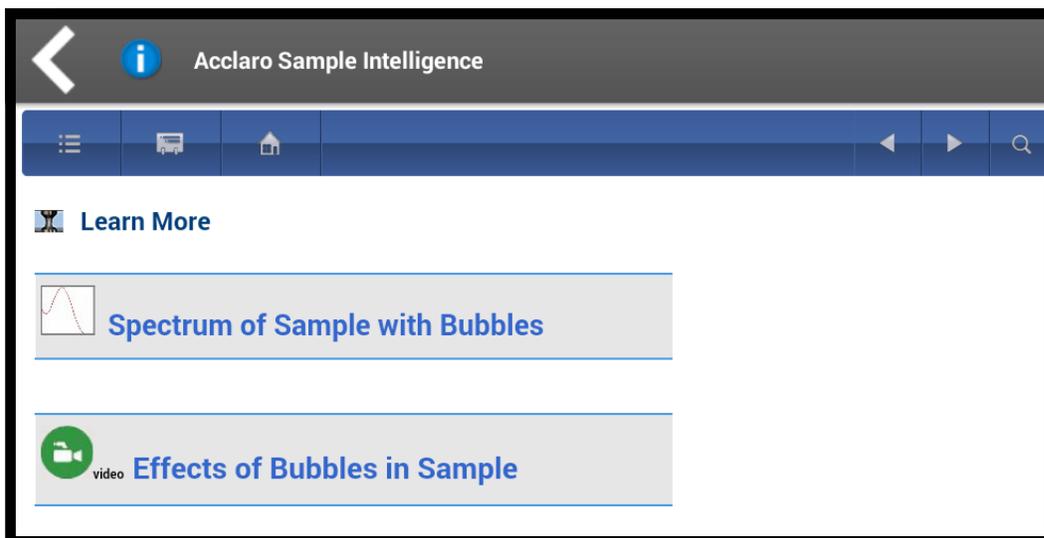
Di seguito si riportano i risultati di un'analisi dell'acido nucleico per la quale due rapporti di purezza misurati sono inferiori al valore atteso e il campione conteneva abbastanza bolle da influenzare eventualmente i risultati della misurazione.



Toccare un pulsante informazioni per saperne di più. Di seguito si riportano le informazioni fornite per l'errore bolla:



Toccare **Ulteriori informazioni** per il livello successivo di informazioni che, per questo esempio, include un collegamento a un video di formazione multimediale.



## Avvisi risultati non validi

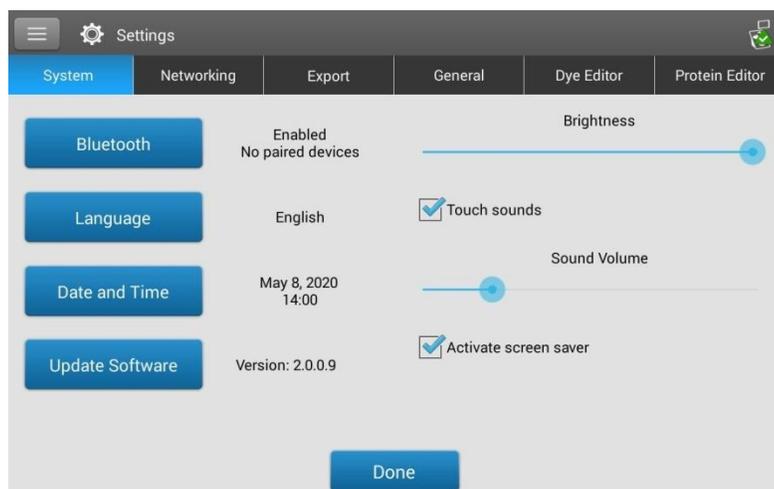
Il software NanoDrop One utilizza un sensore di immagine integrato per monitorare tutte le misurazioni relative a condizioni (come una colonna di liquido rotta) che potrebbero invalidare i risultati della misurazione.

Successivamente all'avviso relativo ai risultati non validi, viene visualizzata l'icona Risultati non validi  e la misurazione viene interrotta. Per ulteriori informazioni, consultare [Risoluzione dei problemi](#).

## Impostazioni dello strumento

### Visualizzare o modificare le impostazioni dello strumento

- dalla Schermata iniziale, toccare 
- -oppure-
- da qualsiasi [schermata di misurazione](#) o dalla [Cronologia](#), toccare  e selezionare  Impostazioni



Queste impostazioni dello strumento sono disponibili:

### Impostazioni di sistema

Sono disponibili le seguenti opzioni:

#### **Bluetooth**

[Configurazione delle connessioni Bluetooth](#) ai dispositivi di input wireless per lo strumento, quali una tastiera wireless, un mouse o uno scanner di codici a barre

#### **Lingua**

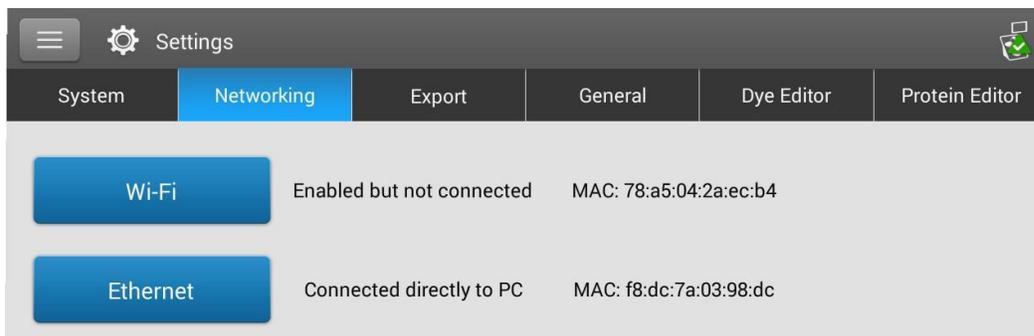
Selezione della lingua di visualizzazione del software NanoDrop One e per qualsiasi dispositivo di input collegato, quali una tastiera, un mouse o uno scanner di codici a barre

**Avviso:** la modifica della lingua richiede il riavvio del software.

<b>Data e ora</b>	<p><b>Data e ora automatiche:</b> sincronizza la data e l'ora dello strumento con la rete disponibile</p> <p><b>Fuso orario automatico:</b> sincronizzazione del fuso orario dello strumento con la rete disponibile</p> <p><b>Imposta data:</b> impostazione manuale della data dello strumento (questa opzione è disabilitata quando è selezionato Data e ora automatiche)</p> <p><b>Imposta ora:</b> impostazione manuale dell'ora dello strumento (questa opzione è disabilitata quando è selezionato Data e ora automatiche)</p> <p><b>Seleziona fuso orario:</b> selezione manuale del fuso orario dello strumento (questa opzione è disabilitata quando è selezionato Fuso orario automatico)</p> <p><b>Usa il formato 24 ore:</b> utilizzo del formato 24 ore</p>
<b>Aggiorna Software</b>	<p><b>Seleziona formato data:</b> selezione di un formato data disponibile</p> <p>Aggiornamento del software NanoDrop One tramite dispositivo USB collegato allo strumento; se il dispositivo USB collegato contiene più file di aggiornamento idonei, è possibile scegliere quali file aggiornare (vedere <a href="#">Aggiornamento del software</a> per i dettagli)</p> <p><b>Versione:</b> versione del software operativo NanoDrop One attualmente installato sullo strumento in uso</p>
<b>Luminosità</b>	Regolazione della luminosità del touchscreen dello strumento
<b>Suoni touch</b>	Emissione di un segnale acustico dopo ciascuna interazione con il touch pad
<b>Volume del suono</b>	Regolazione del volume del touchscreen dello strumento
<b>Attiva la modalità salvaschermo</b>	Avvio di un'applicazione salvaschermo quando lo strumento rimane inattivo per 30 minuti. Per riattivare lo strumento, toccare il touch pad.

## Impostazioni di rete

Utilizzare questa scheda per specificare una connessione Wi-Fi o Ethernet per lo strumento.



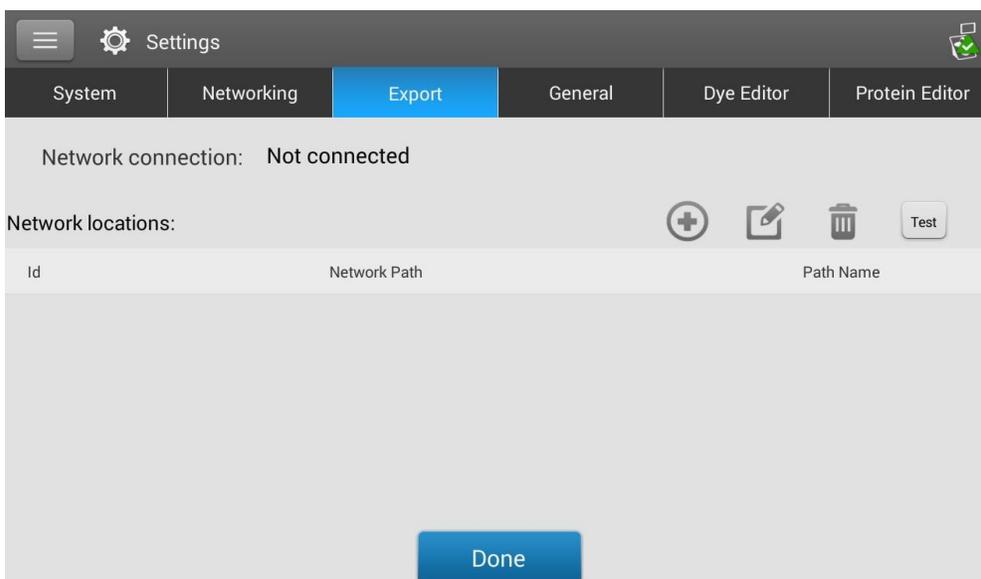
Sono disponibili le seguenti opzioni:

- Wi-Fi** [Configurazione della connessione WLAN \(Wireless Local Area Network\)](#) sullo strumento
- [Configurazione Ethernet](#) [Retelocale \(LAN\) Ethernet \(cablata\)](#) collegamento tra lo strumento e un personal computer o un jack di rete.

## Esporta Impostazioni

Utilizzare questa scheda per specificare uno o più percorsi di rete per l'esportazione dei dati acquisiti quando lo strumento è connesso a una rete (la connessione può essere cablata o wireless).

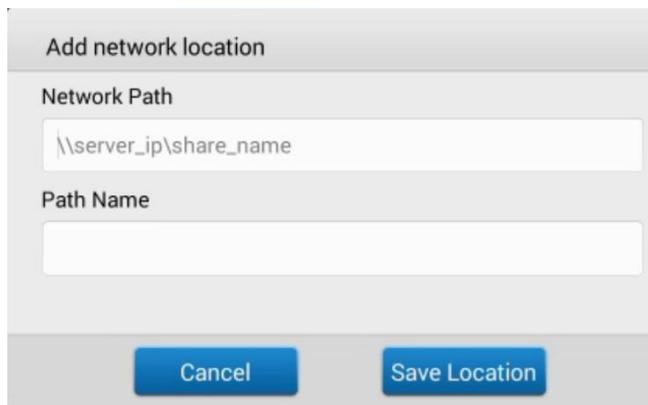
I percorsi di rete qui definiti verranno visualizzati nella casella di riepilogo Esporta dati durante l'esportazione, sia dalla casella [Cronologia](#), sia dalla [casella Termina esperimento](#) dopo aver completato una misurazione.



Sono disponibili le seguenti opzioni:

**Aggiungi**

Aggiunta di un percorso di rete:



**Per aggiungere un percorso di rete**

- Inserire un percorso di rete valido, ad esempio \\12.34.5.67\Condivisa.

**Nota:** questo formato di percorso di rete è compatibile solo con l'esportazione dei dati direttamente nell'unità condivisa; non sarà possibile indicare una cartella specifica sull'unità condivisa per esportare i dati.

- Nella casella **Nome percorso** inserire un nome descrittivo per il percorso di rete. Il nome inserito verrà visualizzato nella casella di riepilogo Esporta dati durante l'esportazione dei dati acquisiti dallo strumento.
- Toccare **Salva posizione**.

Se il percorso di rete immesso è valido, il relativo nome viene visualizzato nell'elenco Percorsi di rete della scheda Impostazioni di esportazione.

**Modifica**

Modifica del percorso di rete, il nome del percorso o l'impostazione di autenticazione per il percorso di rete selezionato

**Elimina**

Eliminazione del percorso di rete selezionato

**Test**

Connessione di prova per il percorso di rete selezionato. Quando richiesto, inserire Nome utente e Password. Il nome utente e la password verranno salvati per ogni percorso di rete corrispondente.

**Impostazioni Generali**

Utilizzare questa scheda per specificare uno o più percorsi di rete per l'esportazione dei dati acquisiti quando si utilizza un cavo Ethernet per collegare lo strumento a un jack di rete attivo. I percorsi di rete qui definiti verranno visualizzati nella casella di riepilogo Esporta dati durante l'esportazione, sia dalla casella [Cronologia](#), sia dalla [casella Termina esperimento](#) dopo aver completato una misurazione.

Sono disponibili le seguenti opzioni:

**Denominazione automatica** Assegna automaticamente i nomi dei campioni utilizzando il nome di base seguito da un numero univoco che inizia con "1". Utilizza il nome di base predefinito ("Sample") o specificato dall'utente. Per ulteriori informazioni, consultare [Nome campione](#).

**Usa cuvette** Selezionare la modalità di campionamento con cuvette. Se selezionate, sono disponibili le seguenti opzioni aggiuntive:

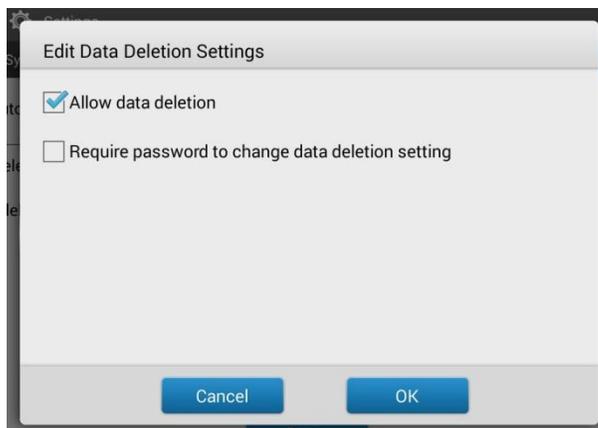
**Lunghezza del percorso:** inserire la lunghezza del percorso della [cuvetta](#) (larghezza) prima di effettuare misurazioni del blank o del campione con cuvette (consultare il produttore della cuvetta per le relative specifiche)

**Velocità di agitazione:** se si utilizza l'agitazione automatica, far cadere il microstir nella cuvetta del campione e impostare la velocità di agitazione (i livelli da 1 a 9 corrispondono a un intervallo da 10 RPM a 850 RPM con incremento controllato a partire da zero)

**Riscalda la cuvetta a 37 °C:** selezionare questa opzione se le cuvette contenenti il campione necessitano di riscaldamento. Il riscaldatore della cuvetta incrementa dalla temperatura ambiente fino a 37 °C ad una velocità di 5 °C/minuto.

**Impostazioni di eliminazione dei dati**

Toccare **Modifica impostazioni** per modificare le impostazioni di eliminazione dei dati. È possibile abilitare o disabilitare l'eliminazione dei dati e impostare i requisiti della password. Per i dettagli, consultare ["Impostazioni di eliminazione dati"](#).



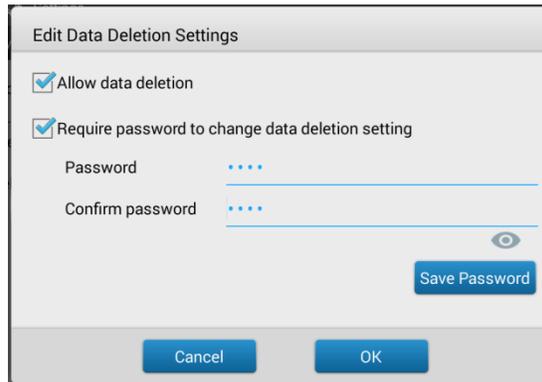
**Impostazioni delle soglie del modello:** toccare **Importa soglie** per modificare l'impostazione.

**Blocca controllo locale:** selezionare **Modifica impostazioni** per questa opzione per impedire il funzionamento del controllo locale senza una connessione a un PC. Consultare [Blocco del controllo locale di seguito](#)

## Impostazioni di eliminazione dei dati

Selezionare o deselezionare la casella di controllo **Consenti eliminazione dati** per consentire o meno l'eliminazione dei dati dello strumento e dei metodi personalizzati e chemometrici.

È possibile selezionare **Richiedi password per modificare l'eliminazione dei dati** e impostare la password per proteggere le impostazioni di eliminazione.



Inserire la password desiderata e selezionare Salva password.

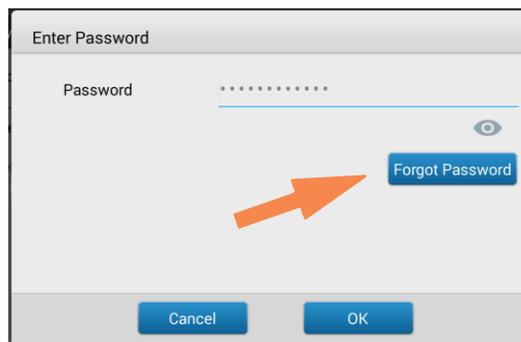
È inoltre possibile salvare una chiave di reimpostazione della password su un'unità USB. Il salvataggio di una chiave di reimpostazione della password su un'unità USB consente di reimpostare la password nel caso in cui essa venga dimenticata o non sia accessibile.

### Reimpostazione della password strumento

1. Da Impostazioni generali, selezionare **Modifica impostazioni**



2. Selezionare **Password dimenticata**



3. Implementare chiave password

- Se si dispone di una chiavetta USB con la password, inserire l'unità USB nello strumento e selezionare **Sì**. La password verrà reimpostata a questo punto sarà possibile inserire una nuova password.
- Se non si dispone di una chiave password, selezionare **No**. Continuare alla fase 4

4. Con un'unità USB inserita nello strumento, selezionare **Sì**.



5. Selezionare **Esporta**. Il procedimento genererà un file da inviare al servizio di assistenza NanoDrop affinché possa fornire all'utente una chiave di reimpostazione della password.



### Bloccare controllo locale

1. Da Impostazioni generali, a destra di "Blocca controllo locale", selezionare **Modifica impostazioni** per impedire il funzionamento del controllo locale senza una connessione a un PC.



2. Inserire la password desiderata e selezionare **Ricorda la mia password**.



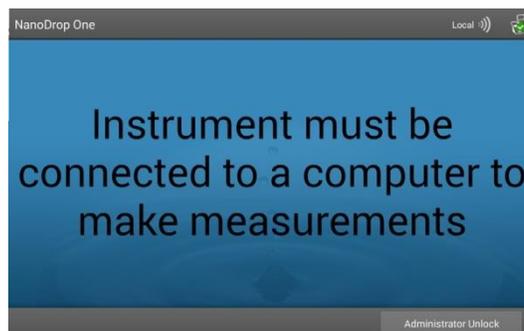
3. Inserire un'unità USB e selezionare **Esporta**.



4. Selezionare **Sì** per salvare la chiave di reimpostazione della password sull'unità USB.



5. Quando il blocco è attivato, lo strumento deve essere collegato al PC per effettuare le misurazioni. Per sbloccare, selezionare **Sblocca Amministratore** e inserire la password dell'amministratore.



## Software PC Control

Controlla lo strumento NanoDrop One da un PC attraverso una connessione Ethernet diretta con il software PC Control. Se il PC non dispone di una porta Ethernet, è possibile utilizzare un adattatore da Ethernet a USB. È possibile memorizzare o visualizzare i dati acquisiti con uno strumento NanoDrop One sul PC, nonché modificare le impostazioni dello strumento e creare o modificare metodi personalizzati.

## Panoramica della schermata Home di PC Control



**Figura 1** . Panoramica della schermata Home di PC Control

Selezionare la propria applicazione dalle icone categorizzate secondo la medesima procedura di selezione della schermata Home dello strumento NanoDrop One.

## Opzioni di controllo

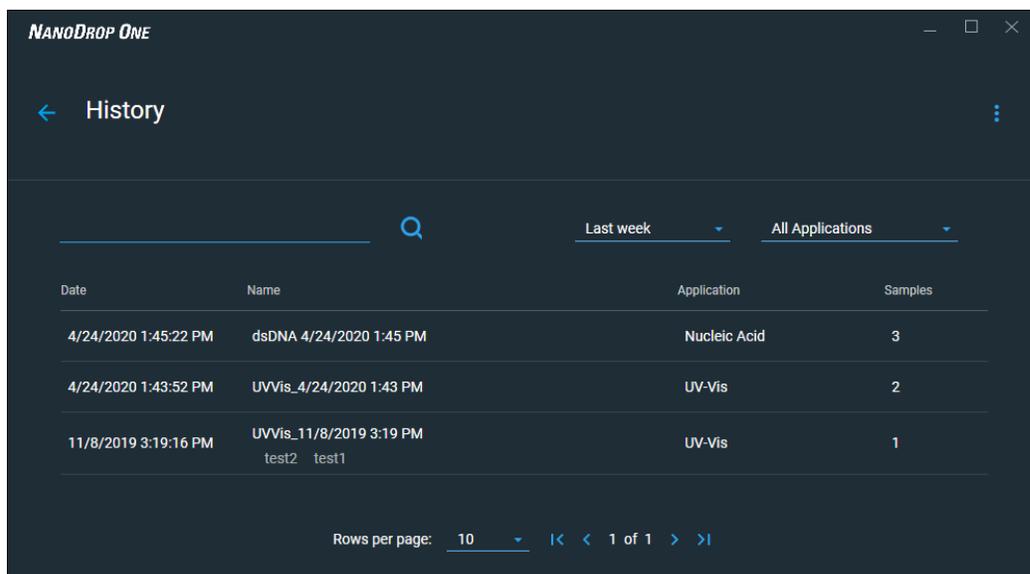


Figura 2. Opzioni di controllo

- Cronologia:** visualizza i dati memorizzati localmente. Filtra per data o applicazione.
- Prestazioni:** processo di verifica delle prestazioni mediante la soluzione PV-1.  
Consultare ["Verifica delle prestazioni" a pagina 287](#)
- Intensità:** Eseguire un controllo di intensità per la cuvetta o il piedistallo.  
Consultare ["Controllo dell'intensità" a pagina 285](#).
- Immagine del piedistallo:** Eseguire un controllo dell'immagine del piedistallo.  
Consultare ["Controllo dell'immagine del piedistallo" a pagina 292](#).
- Impostazioni:** ove desiderato, impostare la posizione e il percorso del server di protezione.  
Consultare ["Controllo dell'account utente" a pagina 16](#)
- Aiuto:** Visualizza aiuto

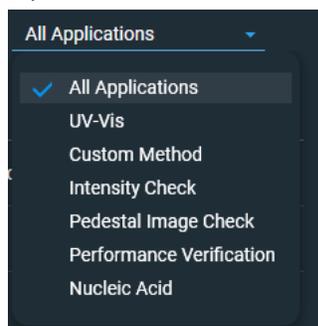
## Cronologia

L'opzione  funziona in modo simile alla Cronologia dello strumento. È possibile visualizzare tutti gli esperimenti eseguiti dal PC locale.

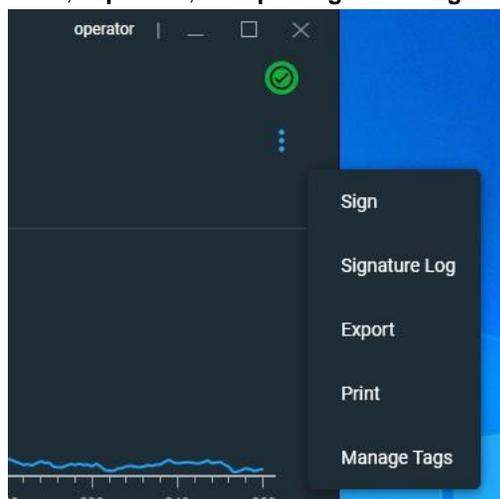


Date	Name	Application	Samples
4/24/2020 1:45:22 PM	dsDNA_4/24/2020 1:45 PM	Nucleic Acid	3
4/24/2020 1:43:52 PM	UVVis_4/24/2020 1:43 PM	UV-Vis	2
11/8/2019 3:19:16 PM	UVVis_11/8/2019 3:19 PM test2 test1	UV-Vis	1

È possibile cercare nella cronologia per nome, filtrare per data e filtrare per applicazione.



Quando si visualizza un esperimento in Cronologia, è possibile **firmare**, visualizzare il **registro delle firme**, **esportare**, **stampare** e **gestire i tag** dal menù a tendina.

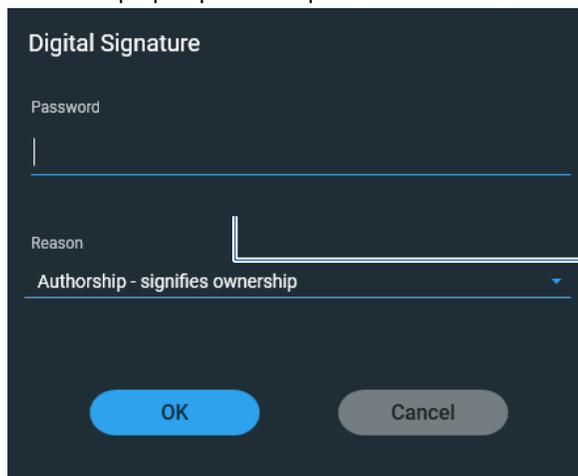


Quando si esportano dati dalla Cronologia o alla fine di un esperimento, cliccare sulla casella di spunta nella finestra di dialogo per selezionare i dati che si desidera esportare. È inoltre possibile sfogliare per modificare il percorso del file, ove desiderato.



Se si apportano modifiche a un esperimento dalla Cronologia, potrebbe essere richiesto di firmare le modifiche all'uscita.

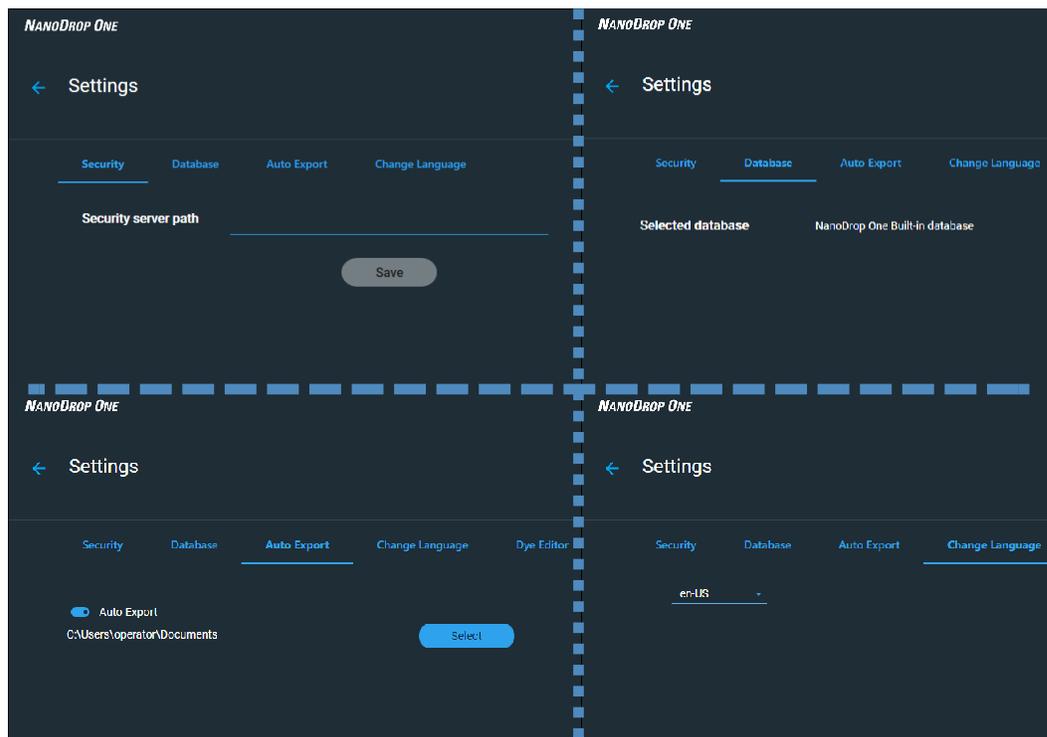
- Inserire la propria password per firmare le modifiche se richiesto.



Inserire la password per confermare le modifiche

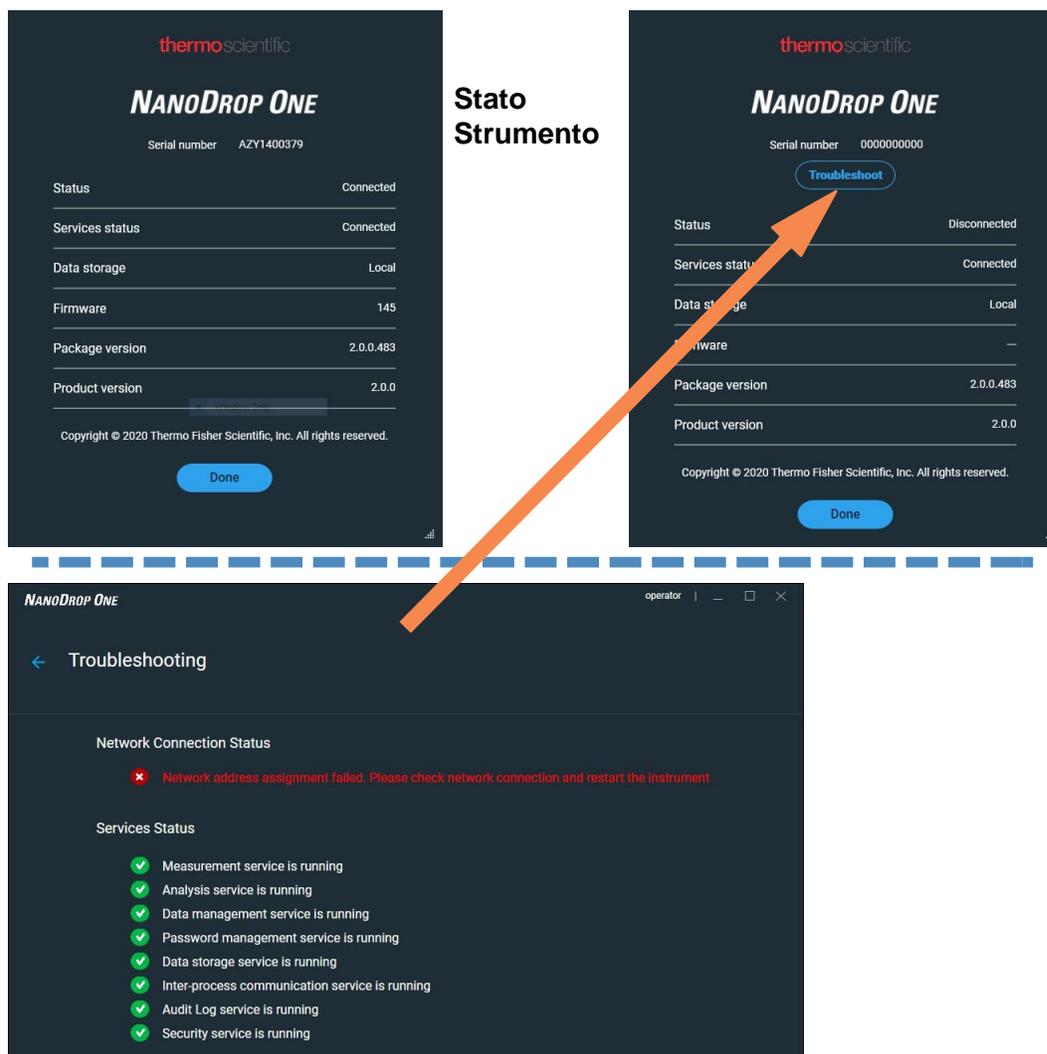
## Impostazioni

Utilizzare  **Settings** per modificare le impostazioni di protezione, visualizzare il database selezionato, selezionare un percorso file per l'esportazione dei dati, attivare o disattivare l'esportazione automatica e modificare la lingua dell'interfaccia.



## Stato Strumento

Selezionare il pulsante Stato Strumento  per visualizzare lo stato e la configurazione dello strumento. Se il pulsante Stato Strumento è rosso,  selezionare il pulsante, quindi cliccare su **Risoluzione dei problemi** per ulteriori informazioni sul problema.



## Opzioni di visualizzazione della schermata di misurazione

Quando si eseguono misurazioni utilizzando il software PC Control, cliccare con il pulsante destro del mouse sul grafico nella schermata di misurazione per visualizzare le seguenti opzioni di visualizzazione:

Overlay Mode	Visualizza più campioni in sovrapposizione.
✓ Show CrossHairs	Passare il mouse sullo spettro per visualizzare i dati del grafico Visualizza legenda del grafico
✓ Show Legend	Calcola i picchi per l'intervallo specificato Scala gli assi
Find Peaks	per adattarsi alla misura degli spettri Seleziona per
Autoscale	inserire manualmente l'intervallo dell'asse x Seleziona
Format X-axis	per inserire manualmente l'intervallo dell'asse y
Format Y-axis	<b>Visualizzazione</b> - Cliccare con il pulsante destro del mouse sul grafico per visualizzare

### Trova picchi

Selezionare **Trova picchi** per visualizzare i picchi calcolati per l'intervallo specificato. È possibile inserire l'intervallo trascinando le linee limite codificate in base al colore oppure inserendo i valori nei campi nella parte superiore dello spettro. I picchi trovati per l'intervallo definito sono elencati nella tabella sottostante lo spettro.



## Manutenzione

- [Piano di manutenzione 276](#)
- [Pulizia del touchscreen 277](#)
- [Manutenzione dei piedistalli 277](#)
- [Decontaminazione dello strumento 282](#)
- [Manutenzione del sistema di campionamento a Cuvette 284](#)
- [Diagnostica dello strumento 284](#)

## Piano di manutenzione

### Manutenzione giornaliera

- Pulizia dei piedistalli con acqua deionizzata

### Manutenzione periodica

- Pulizia del touchscreen
- Pulizia e ricondizionamento dei piedistalli



### Ogni 6 mesi

- Pulizia e ricondizionamento dei piedistalli
- Eseguire [controllo intensità](#)
- Eseguire [verifica prestazioni](#)
- Eseguire un [Controllo dell'immagine del piedistallo](#)

In caso di problemi con il sistema, fare riferimento alle informazioni relative alla risoluzione dei problemi. Se il problema persiste, contattare il produttore. Gli utenti situati fuori dal territorio di Stati Uniti e Canada devono contattare il proprio distributore locale.

Ove lo strumento richiedesse manutenzione o riparazione, [contattare direttamente il produttore](#) o il proprio distributore locale.

## Pulizia del touchscreen

Nota Per evitare di causare danni permanenti al touchscreen, evitare di:

- pulire il touchscreen con materiale abrasivo come carta assorbente
- esercitare una pressione eccessiva
- spruzzare liquido direttamente sul touchscreen
- applicare lubrificante al meccanismo di scorrimento del touchscreen

### Per pulire il touchscreen

Pulire delicatamente il touchscreen con un panno morbido e privo di lanugine come la microfibra.

Se necessario, utilizzare un detergente per display LCD in vetro e seguire le raccomandazioni del produttore.



## Manutenzione dei piedistalli

I piedistalli richiedono una manutenzione periodica per mantenere l'integrità della misurazione. Di seguito sono riportate le tempistiche e le procedure per la pulizia e il ricondizionamento dei piedistalli.

### Pulizia dei piedistalli

Per evitare residui e contaminazioni incrociate, pulire i piedistalli prima della prima misurazione del blank o del campione e alla fine di ogni misurazione. Per la manutenzione periodica potrebbe essere necessaria una pulizia aggiuntiva (cfr. sotto) o un [ricondizionamento](#).

Nota

- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.
- Per evitare danni dovuti a fuoriuscite, tenere i contenitori di liquidi lontano dallo strumento.
- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non tentare di rimuovere il diaframma attorno al piedistallo inferiore poiché è fissato in modo permanente allo strumento.
- Evitare che HCl, alcool, candeggina, acetone o qualsiasi altro solvente rimangano sul diaframma per più di un minuto, ciò potrebbe compromettere la tenuta delle guarnizioni. Se il diaframma si allenta, [contattare il produttore](#).

Nota Le soluzioni contenenti detergente o alcool isopropilico possono alterare il condizionamento dei piedistalli. Ove essi fossero necessari per le analisi del campione, seguire immediatamente con 3– 5 µL DI H<sub>2</sub>O.

#### Forniture necessarie

- salviette da laboratorio prive di lanugine
- acqua deionizzata (DI H<sub>2</sub>O)
- per una pulizia accurata: [kit PR-1](#)

#### Per pulire i piedistalli tra le misurazioni

Solleverare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.

#### Per pulire i piedistalli tra gli utenti

1. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio.
2. Pipettare 3 µL DI H<sub>2</sub>O sul piedistallo inferiore.
3. Abbassare il braccio e attendere 2–3 minuti.
4. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta.

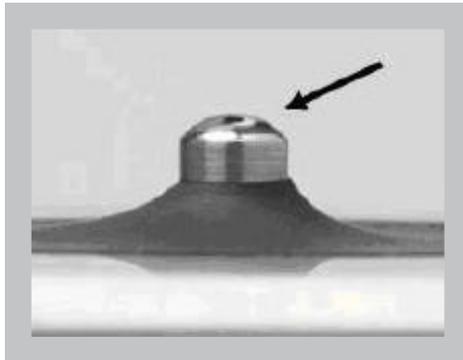
**Suggerimento:** laddove sia necessaria una pulizia accurata (ad esempio, per rimuovere il campione secco lasciato sui piedistalli), [pulire e ricondizionare i piedistalli](#) utilizzando la miscela PR-1. Se non si dispone di miscela PR-1, è inoltre possibile sostituire il DI H<sub>2</sub>O con 0,5 M HCl nella procedura di cui sopra e seguire con 3 µL DI H<sub>2</sub>O.



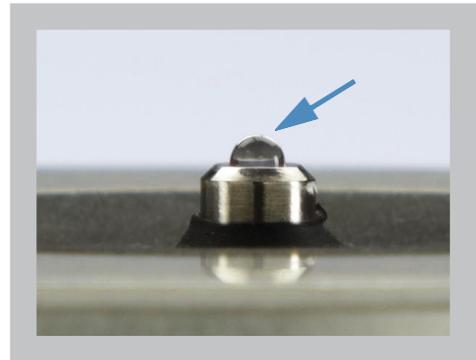
## Ricondizionamento dei piedistalli

Le superfici del piedistallo possono perdere le loro proprietà "condizionate" nel tempo, specialmente dopo misurazioni con alcol isopropilico o soluzioni che contengono tensioattivi o detergenti come il [reagente Bradford](#). Un piedistallo non condizionato comporta l'"appiattimento" delle goccioline sul piedistallo inferiore, impedendo la corretta formazione della colonna di liquido quando il braccio viene abbassato. Lo spettro risultante può sembrare "ruvido" o "frastagliato".

Se i campioni si appiattiscono sul piedistallo (piuttosto che "produrre bolle" o formare una gocciolina arrotondata) o la colonna di liquido si rompe durante una misurazione, ricondizionare i piedistalli.



**Piedistallo non condizionato**  
(gocciolina si appiattisce)



**Piedistallo adeguatamente condizionato**  
(gocciolina si gonfia)

### Occorrente

- salviette da laboratorio prive di lanugine
- [Kit di ricondizionamento del piedistallo PR-1](#) (disponibile presso il produttore o presso un distributore locale)
- pipettatore di precisione calibrato (0–2 µL)
- aria compressa

### Per ricondizionare i piedistalli



1. Aprire la fiala contenente del composto PR-1 e utilizzare l'applicatore fornito per prelevare una quantità di preparato della grandezza di una capocchia di spillo.

2. Applicare uno strato sottile e uniforme di composto di ricondizionamento sulla superficie del piedistallo superiore e inferiore.

Attendere 30 secondi affinché il composto PR-1 si asciughi.

3. Piegare una salvietta da laboratorio pulita in quarti e usarla per lucidare vigorosamente la superficie di ciascun piedistallo.

**Nota:** Sostenere il braccio dello strumento con una mano durante la pulizia del piedistallo superiore per evitare di danneggiare il braccio.

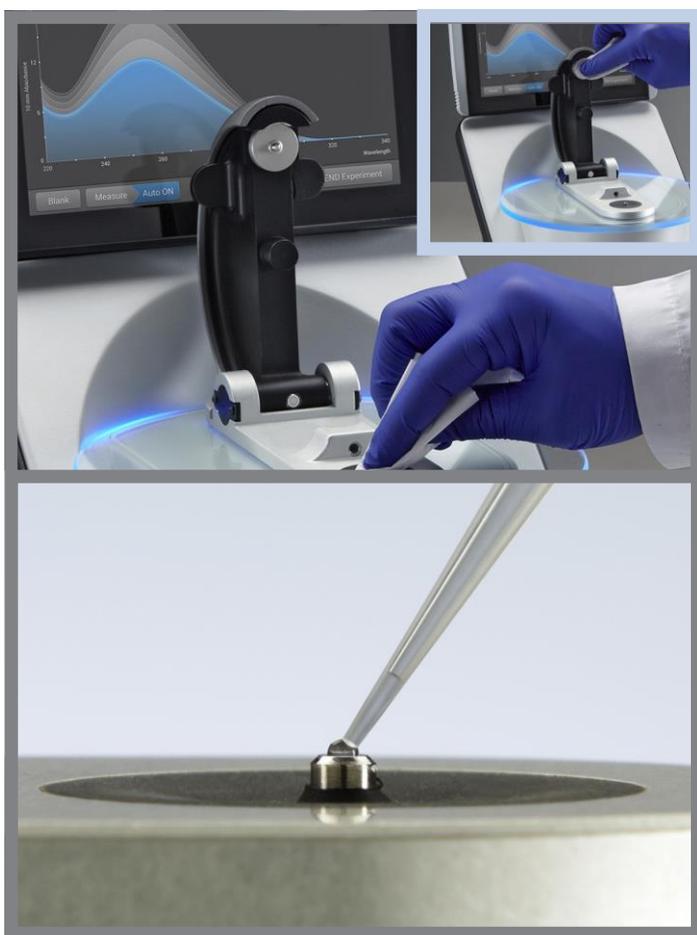
**Suggerimento:** il residuo nero sulla salvietta è normale.

4. Ripetere il passaggio 3 con una nuova salvietta piegata fino a rimuovere tutti i residui per una corretta pulizia dei piedistalli.

5. Utilizzare aria compressa per rimuovere eventuali residui di carta dai piedistalli.

6. Pipettare 1  $\mu$ L DI H<sub>2</sub>O sul piedistallo inferiore.

Il DI H<sub>2</sub>O dovrebbe "produrre bolle" o formare una gocciolina arrotondata.



## 10 Manutenzione

### Decontaminazione dello strumento

Suggerimento Il composto di ricondizionamento del piedistallo PR-1 costituisce il modo più semplice per ricondizionare i piedistalli. Se non si dispone di un kit PR-1, seguire i passaggi indicati di seguito:

1. Sollevare il braccio dello strumento e pipettare 3  $\mu\text{L}$  0,5M HCl sul piedistallo inferiore.
2. Abbassare il braccio e attendere 2–3 minuti.
3. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio.
4. Pipettare 3  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$  sul piedistallo inferiore.
5. Abbassare il braccio e attendere 2–3 minuti.
6. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta.

NOTA: Sostenere il braccio dello strumento con una mano durante la pulizia del piedistallo superiore per evitare di danneggiare il braccio.

7. Piegare una salvietta da laboratorio pulita in quarti e usarla per lucidare vigorosamente la superficie di ciascun piedistallo almeno 50 volte.

## Decontaminazione dello strumento

Decontaminare lo strumento dopo le misurazioni con campioni contenenti [materiali pericolosi](#) e prima di effettuare il reso dello strumento per la manutenzione o la riparazione.

Ove lo strumento richiedesse manutenzione o riparazione, [contattare direttamente il produttore](#) o il proprio distributore locale.

### Nota

- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.
- Per evitare danni dovuti a fuoriuscite, tenere i contenitori di liquidi lontano dallo strumento.
- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non tentare di rimuovere il diaframma attorno al piedistallo inferiore poiché è fissato in modo permanente allo strumento.
- Evitare che HCl, alcool, candeggina, acetone o qualsiasi altro solvente rimangano sul diaframma per più di un minuto, ciò potrebbe compromettere la tenuta delle guarnizioni. Se il diaframma si allenta, [contattare il produttore](#).
-

## Occorrente

- salviette da laboratorio prive di lanugine
- acqua deionizzata (DI H<sub>2</sub>O)
- Soluzione di ipoclorito di sodio allo 0,5% (diluizione 1:10 di candeggina commerciale, preparata al momento)
- pipettatore

### Per decontaminare i piedistalli

1. Sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.
2. Pipettare 2–3 µL di soluzione di candeggina diluita (vedere [Forniture necessarie](#)) sul piedistallo inferiore.
3. Abbassare il braccio e attendere 2–3 minuti.
4. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta.
5. Pipettare 3–5 µL DI H<sub>2</sub>O sul piedistallo inferiore.
6. Abbassare il braccio e attendere 2–3 minuti.
7. Sollevare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta.



### Per decontaminare le superfici dello strumento

1. Inumidire un panno pulito e morbido o un panno di laboratorio con la soluzione di candeggina diluita (consultare [Forniture necessarie](#)) e usarlo per pulire delicatamente le superfici esterne dello strumento.
2. Utilizzare un panno pulito o un panno inumidito con DI H<sub>2</sub>O per rimuovere la soluzione di candeggina.



## 10 Manutenzione

Manutenzione del sistema di campionamento a Cuvette

### Manutenzione del sistema di campionamento a Cuvette

Il sistema di campionamento a cuvette è incluso solo con lo strumento modello NanoDrop One<sup>C</sup>. Per informazioni sulle cuvette compatibili, consultare [Misurazione di un campione mediante una cuvetta](#).

**Nota** Pulire e asciugare le cuvette dopo ogni misurazione. Utilizzare cuvette esenti da graffi ed evitare impronte digitali che potrebbero influire sui risultati.

**Nota** Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.

#### Mantenere il sistema di campionamento a cuvette

- Tenere il braccio dello strumento chiuso quando lo strumento non è in uso.
- Utilizzare aria compressa per rimuovere la polvere dal porta-cuvette.
- Pulire eventuali fuoriuscite all'interno del porta-cuvette con una nuova salvietta da laboratorio.

Per pulire e mantenere le cuvette, seguire le raccomandazioni del relativo produttore.



### Diagnostica dello strumento

Ogni 6 mesi, eseguire i seguenti controlli di prestazione e qualità per verificare il funzionamento dello strumento.

[Controllo Intensità 285](#)

[Verifica delle prestazioni 287](#)

[Controllo dell'immagine del piedistallo 292](#)

La diagnostica può essere eseguita utilizzando lo strumento NanoDrop One o il software PC Control. Il **controllo dell'intensità**, la **verifica delle prestazioni** e il **controllo dell'immagine del piedistallo** sono tutti accessibili dalla schermata Home del software PC Control:



**Figura 3.** Opzioni di controllo

Cronologia:	visualizza i dati memorizzati localmente. Filtra per data o applicazione.
Prestazioni:	Processo di verifica delle prestazioni utilizzando la soluzione PV-1
Intensità:	Esegue un controllo di intensità per la cuvetta o il piedistallo Immagine del piedistallo: Esegue un controllo dell'immagine del piedistallo
Impostazioni:	impostare la posizione e il percorso del server di protezione, se necessario.
Aiuto:	visualizzare la Guida di aiuto.

## Controllo intensità

Eseguire il controllo di intensità ogni 6 mesi per verificare il funzionamento dei componenti interni dello strumento. Il test misura l'intensità della luce proveniente dalla sorgente allo xeno attraverso lo strumento per verificare che la velocità effettiva, la precisione della lunghezza d'onda e la polarizzazione rientrino nelle specifiche. Il test viene eseguito automaticamente utilizzando il piedistallo e i percorsi ottici della cuvetta.

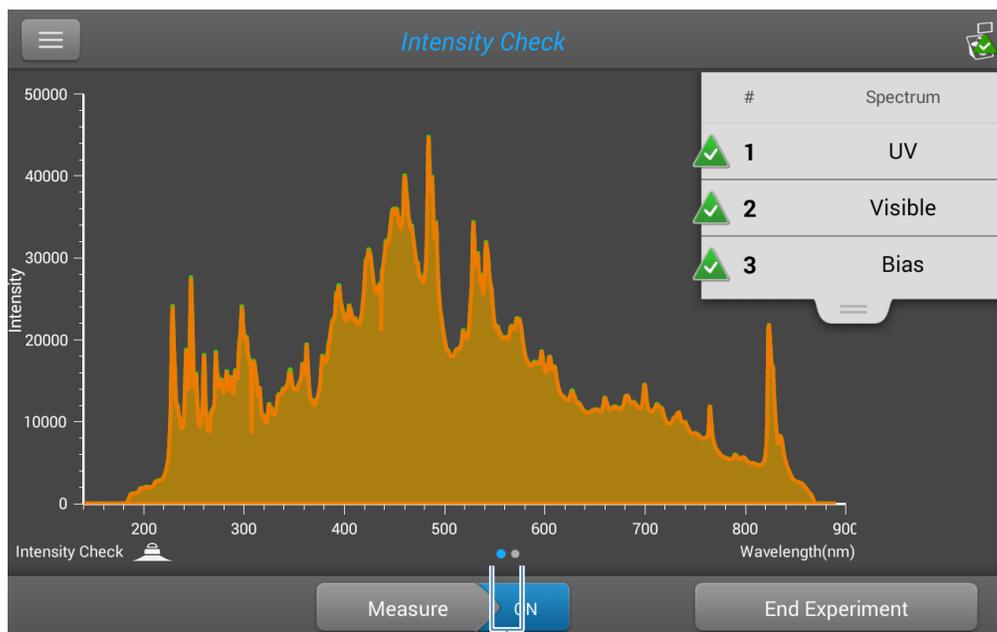
### Occorrente

- salviette da laboratorio prive di lanugine

### Per eseguire il controllo intensità

1. Sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.
2. Rimuovere l'eventuale cuvetta dal relativo supporto.
3. Abbassare il braccio.
4. Dalla schermata Home dello strumento, toccare  (Diagnostica), quindi toccare **Controllo intensità**. Se si utilizza il software PC Control, dalla schermata Home, selezionare **Intensità**.
5. Sullo strumento, toccare **Misura** e attendere il completamento delle misurazioni.

Di seguito si fornisce un esempio di una tipica schermata dei risultati del controllo dell'intensità.



Scorrere la schermata a sinistra per visualizzare i risultati dettagliati

Se si utilizza il software PC Control, selezionare **Esegui**.

6. Per rieseguire il controllo dell'intensità, toccare **Misura**.
7. Al termine, toccare **Termina esperimento**.

Una volta completato il test, i risultati sono disponibili nella Cronologia (cfr. esempio seguente). Consultare [Gestire gli identificativi sullo strumento](#) per i dettagli.

Search	Export
2 experiments found	
Last Week	
Thursday, August 20, 2015	1 experiment found
Thursday, August 13, 2015	1 experiment found
Intensity Check_08/13/2015 14:24:48	1 measurement

### Per interpretare l'intensità controllare i risultati

Se uno di questi indicatori:

- UV
- Visibile
- Errore sistematico

presenta accanto un triangolo giallo, invece dei segni di spunta verdi mostrati sopra, [pulire i piedistalli con acqua deionizzata](#), quindi ripetere il controllo di intensità.

Se accanto all'indicatore di polarizzazione viene visualizzato un triangolo giallo, assicurarsi che la temperatura ambiente rientri nelle specifiche di temperatura dello strumento.

In caso di nuovo esito negativo del Controllo di Intensità, [contattare il produttore](#).

## Verifica delle prestazioni

Eeguire la verifica delle prestazioni ogni 6 mesi per verificare che la precisione della lunghezza del percorso rientri nelle specifiche.

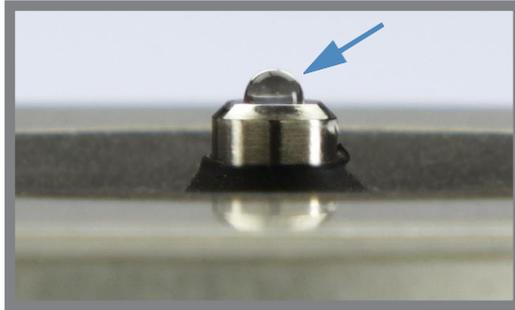
### Occorrente

- salviette da laboratorio prive di lanugine
- acqua deionizzata (DI H<sub>2</sub>O)
- pipettatore di precisione calibrato (0–2 µL)
- [Soluzione di verifica delle prestazioni PV-1](#) (standard fotometrico liquido disponibile solo presso il produttore o presso un distributore locale)
- guanti da laboratorio

Nota La soluzione PV-1 viene fornita in una fiala monouso. Prima di aprire la fiala, agitarla vigorosamente e quindi lasciare che il liquido si raccolga nella parte inferiore della fiala. Dopo l'apertura della fiala, il suo contenuto deve essere utilizzato entro un'ora. Pipettare direttamente dalla fiala; non trasferire la soluzione.

### Considerazioni preliminari

Innanzitutto assicurarsi che i piedistalli siano adeguatamente condizionati. Per testare il condizionamento del piedistallo, pulire i piedistalli con una nuova salvietta da laboratorio, quindi pipettare 1  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$  sul piedistallo inferiore. La gocciolina deve essere "rigonfia" come mostrato di seguito. In caso contrario, [ricondizionare entrambi i piedistalli](#).



La gocciolina "si gonfia" su un piedistallo correttamente condizionato

### Per eseguire verifica prestazioni

1. Dalla schermata Home dello strumento, toccare  (Diagnostica), quindi toccare **Verifica delle prestazioni**. Se si utilizza il software PC Control, dalla schermata Home, selezionare **Prestazioni**.

Un messaggio richiede i valori di assorbanza di riferimento.

Performance Verification Setup

Enter the target absorbance values found on the ampoule label of your PV-1 Performance Verification Solution

Measure your blank using 1.0  $\mu\text{L}$  of DI H<sub>2</sub>O

Using individual 1.0  $\mu\text{L}$  aliquots of the PV-1 solution, measure 10 replicates

**PV-1 Performance Verification Solution**

Target #1 Abs:  Target #2 Abs:

Toccare una casella di immissione per visualizzare una tastiera numerica

Done

2. Inserire ciascun valore di assorbanza target specifico del lotto dall'etichetta sulla fiala PV-1 nella relativa casella di immissione associata, quindi toccare **Fatto**.
3. Sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.

- Pipettare 1  $\mu\text{L}$  DI  $\text{H}_2\text{O}$  sul piedistallo inferiore, abbassare il braccio e toccare **Blank**.
- Solleverare il braccio e pulire i due piedistalli con una nuova salvietta.

Nota Agitare vigorosamente la fiala di soluzione PV-1, lasciare che il liquido si raccolga nella parte inferiore della fiala, quindi seguire le pratiche standard per aprirla.

- Pipettare 1  $\mu\text{L}$  di soluzione PV-1 sul piedistallo inferiore e avviare la misurazione del campione:
  - Se **Auto-Measure** è attivata, abbassare il braccio
  - Se la Auto-Measure è disattivata, abbassare il braccio e toccare **Misura** o selezionare **Esegui** dal software PC Control.

Dopo la misurazione, il software visualizza i risultati. Di seguito si riporta un esempio della schermata dei risultati della verifica delle prestazioni.

Percorsi misurati



- Ripetere il passaggio 6 per misurare la soluzione PV-1 altre nove volte utilizzando una nuova aliquota da 1  $\mu\text{L}$  per ciascuna misurazione e pulendo entrambi i piedistalli dopo ciascuna di esse.

**10 Manutenzione**  
 Diagnostica dello strumento

Dopo ciascuna misurazione, viene aggiunto al display un nuovo risultato del campione. Scorrere verso sinistra sulla schermata per visualizzare un riepilogo dei 10 risultati del campione.



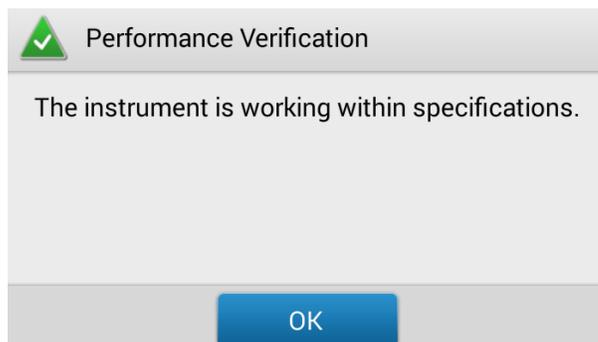
Scorrere nuovamente verso sinistra per visualizzare ulteriori dettagli sulla misurazione, insieme al risultato complessivo del test.

	1 mm	0.2 mm	0.1 mm	0.05 mm	0.03 mm
Target Absorbance	0.96740	0.19348	0.09674	0.09935	0.05961
Current Absorbance	0.983	0.194	0.092	0.113	0.071
Average Absorbance	0.982	0.194	0.092	0.109	0.068
% Error	1.5	0.1	5.3	9.8	13.9
Standard Deviation	0.004	0.002	0.001	0.002	0.002
Measurement Wavelength (nm)	302	302	302	260	260
Correction Wavelength (nm)	600	600	600	600	600
Integration Time (ms)	40	40	40	40	40

Pass: The instrument is working within specifications.

Risultato del test delle prestazioni

Dopo la decima misurazione, un messaggio indica se lo strumento ha superato o meno la verifica delle prestazioni:



8. In caso di guasto dello strumento, ripetere immediatamente il passaggio 6 utilizzando dieci aliquote da 2  $\mu\text{L}$  della soluzione PV-1.
9. Al termine, toccare **Termina esperimento** e [pulire i piedistalli con 3–5  \$\mu\text{L}\$  DI  \$\text{H}\_2\text{O}\$](#) .

Una volta completato il test, i risultati sono disponibili nella Cronologia (cfr. esempio seguente). Consultare [Gestire gli identificativi sullo strumento](#) per i dettagli.



#### Per interpretare i risultati della verifica delle prestazioni

Ove lo strumento non superasse la verifica delle prestazioni dopo dieci misurazioni utilizzando 2 aliquote  $\mu\text{L}$ , [contattare il produttore](#).

## Controllo dell'immagine del piedistallo

Eseguire periodicamente il controllo dell'immagine del piedistallo per verificare il sensore della colonna dello strumento che monitora eventuali errori come una colonna vuota o bolle in un campione. Il controllo dell'immagine del piedistallo può essere utilizzato per finalità di controllo di qualità ordinarie. Fornisce inoltre importanti informazioni diagnostiche in caso di guasto di un componente del sistema di rilevamento.

### Occorrente

- salviette da laboratorio prive di lanugine

### Per eseguire un controllo dell'immagine del piedistallo

1. Sollevare il braccio dello strumento e pulire i piedistalli superiore e inferiore con una nuova salvietta da laboratorio.
2. Abbassare il braccio.
3. Dalla schermata Home dello strumento, toccare  (Diagnostica), quindi toccare **Controllo immagine piedistallo**. Se si utilizza il software PC Control, dalla schermata Home, selezionare **Immagine piedistallo**.
4. Toccare **Misura** o selezionare **Esegui**.

Lo strumento esegue una serie di test per verificare la posizione del piedistallo e la qualità dell'immagine. Una volta completate le misurazioni, vengono visualizzati i risultati. Un segno di spunta verde indica che lo strumento ha superato il controllo dell'immagine del piedistallo.

5. Al termine, toccare **Termina esperimento**.

### Per interpretare l'immagine del piedistallo, controllare i risultati

Se il controllo dell'immagine del piedistallo visualizza un triangolo giallo invece del segno di spunta verde, seguire le istruzioni sullo schermo per risolvere eventuali problemi. Quindi ripetere il controllo dell'immagine del piedistallo. In caso di nuovo esito negativo, [contattare il produttore](#).

## Precauzioni operative e di sicurezza

### Indice

- [Precauzioni operative 294](#)
- [Informazioni sulla sicurezza 295](#)



Nota Assicurarsi che tutti gli operatori dello strumento leggano prima il manuale di sicurezza.

## Precauzioni operative



**ATTENZIONE** Non rimuovere il coperchio dello strumento. La rimozione del coperchio espone l'operatore a spigoli vivi e delicati cavi in fibra ottica. La garanzia dello strumento decade in caso di rimozione del coperchio.

Gli spettrofotometri NanoDrop One sono progettati per funzionare al chiuso in un ambiente che soddisfa le specifiche imposte dal produttore. Per i dettagli, consultare la guida alla preparazione del sito per il proprio strumento.

Seguire queste precauzioni per evitare di danneggiare lo spettrofotometro NanoDrop durante l'utilizzo:

- Utilizzare un cavo di alimentazione con messa a terra appropriato per la rete elettrica in uso nel laboratorio. Se il cavo di alimentazione in dotazione è incompatibile o danneggiato, [contattare il produttore](#).
- Non rimuovere il coperchio dello strumento.
- La piastra al di sotto del gruppo braccio è realizzata in vetro temperato a caldo. Il display LCD utilizza vetro temperato chimico trattato termicamente. Entrambi sono robusti e difficili da rompere. Tuttavia, in caso di rottura o incrinatura della piastra o del display, contattare il produttore per la sostituzione.
- Utilizzare solventi compatibili con lo strumento (cfr. [Materiali pericolosi](#))
- Non utilizzare acido fluoridrico (HF) sui piedistalli. Gli ioni di fluoruro danneggiano irreversibilmente i cavi in fibra ottica di quarzo.
- Per evitare danni dovuti a fuoriuscite, tenere i contenitori di liquidi lontano dallo strumento.
- Non usare flaconi a zampillo o spray sopra o vicino allo strumento, poiché i liquidi possono penetrare nello strumento e causare danni permanenti.
- Non tentare di rimuovere il diaframma attorno al piedistallo inferiore poiché è fissato in modo permanente allo strumento.
- Evitare che HCl, alcool, candeggina, acetone o qualsiasi altro solvente rimangano sul diaframma per più di un minuto, ciò potrebbe compromettere la tenuta delle guarnizioni. Se il diaframma si allenta, [contattare il produttore](#).

## Informazioni di sicurezza

Prima di utilizzare uno strumento NanoDrop One, leggere le informazioni di sicurezza e seguire le raccomandazioni per il sistema.

### Avvertenze speciali e di sicurezza

In molti casi, le informazioni sulla sicurezza vengono visualizzate sullo strumento stesso. Il simbolo indica la presenza di ulteriori informazioni sulla sicurezza nella documentazione e informa dei rischi di lesioni inerenti alla mancata osservanza delle precauzioni di sicurezza.



**AVVERTENZA** Indica una situazione pericolosa che, se non evitata, potrebbe provocare lesioni gravi o decesso.



**CAUTELA** indica una situazione pericolosa che, se non evitata, potrebbe provocare lesioni di lieve o moderata entità.

**Nota** Seguire le istruzioni riportate su questa etichetta per evitare di danneggiare l'hardware del sistema o la perdita di dati.

**Nota** Contiene informazioni supplementari utili.

## 11 Precauzioni operative e di sicurezza

### Informazioni di sicurezza

La seguente tabella elenca alcuni dei simboli di sicurezza e le relative indicazioni che possono comparire nella documentazione per l'utente.

Simboli	Indicazione
	Questo simbolo indica un'azione obbligatoria. È usato per indicare la necessità di intraprendere un'azione al fine di evitare un pericolo.
	Questo è un simbolo di divieto. L'icona in questo simbolo viene utilizzata per avvisare l'utente in merito ad azioni da non intraprendere o da interrompere.
	Si tratta di un segnale di avvertimento generale. La mancata osservanza delle precauzioni di sicurezza potrebbe causare lesioni personali.
 	Evitare il rischio di elettrocuzione. La presenza di uno di questi simboli, indica il rischio di elettrocuzione nelle vicinanze. Le relative procedure vanno eseguite esclusivamente da personale qualificato.
	Evitare il pericolo di incendio. Evitare di testare campioni infiammabili o esplosivi. Leggere e seguire attentamente le istruzioni associate.
 	Evitare lesioni agli occhi. La presenza di questi simboli indica il rischio di esposizione alla luce ultravioletta, che potrebbe danneggiare gli occhi se non si indossano occhiali di sicurezza.
	Evitare il rischio biologico. Questa icona segnala un pericolo biologico nella zona. Leggere e seguire attentamente le istruzioni associate.
	Evitare ustioni chimiche. La presenza di questo simbolo indica possibili irritazioni cutanee. Indossare guanti quando si maneggiano sostanze chimiche tossiche, cancerogene, mutagene, corrosive o irritanti. Utilizzare contenitori approvati e procedure adeguate per lo smaltimento dei rifiuti.

Simbolo	Descrizione
	Corrente alternata
	Morsetto di terra o massa
	corrente continua
	Terminale del conduttore di protezione
	Telaio o terminale del telaio
	Fusibile
	Accensione
	Spegnimento

## Operazioni alla consegna



**AVVERTENZA** Evitare lesioni personali. Se l'apparecchiatura viene utilizzata in modo diverso da quello specificato nella documentazione di trasporto, la protezione fornita dall'apparecchio stesso può risultare compromessa.



**ATTENZIONE** Evitare lesioni personali. Eseguire *esclusivamente* le procedure descritte nella documentazione. In caso di ulteriori problemi, contattare il produttore. Qualsiasi altra operazione di manutenzione deve essere eseguita da personale qualificato



**ATTENZIONE** Evitare il rischio di elettrocuzione. Non rimuovere il coperchio dello strumento. Tutte le operazioni di manutenzione e allestimento sullo strumento devono essere eseguite da personale qualificato.

Alla consegna dello strumento, controllare l'esterno del collo di spedizione in cerca di eventuali segni di danneggiamento. In caso di danni evidenti, contattare il produttore o il proprio distributore locale per le istruzioni.

- Spostare il collo di spedizione nella posizione di installazione almeno 24 ore prima della stessa.

### Nota

- All'interno del collo di spedizione, lo strumento è sigillato in un sacchetto di plastica per mantenere l'unità asciutta.
- Attendere 24 ore affinché lo strumento raggiunga la temperatura ambiente prima di aprire il sacchetto. In caso di apertura del sacchetto prima che lo strumento raggiunga la temperatura ambiente, l'umidità potrebbe condensare sui componenti ottici e causare danni permanenti.

- Tenere lo strumento costantemente in

posizione verticale. La garanzia non copre:

- danni dovuti a tecniche di movimentazione improprie;
- danni dovuti alla rimozione del sacchetto di plastica sigillato prima che lo strumento abbia raggiunto la temperatura ambiente;

**Nota** È importante far installare tutti gli impianti prima dell'arrivo dello strumento. La realizzazione di tutti gli impianti deve rispettare tutti i codici di costruzione e di sicurezza locali.

## Sollevarre o spostare lo strumento

Al fine di evitare il rischio di lesioni, utilizzare tecniche di sollevamento adeguate durante il sollevamento o la movimentazione dello strumento o di altri componenti del sistema.

## 11 Precauzioni operative e di sicurezza

### Informazioni di sicurezza

## Requisiti elettrici e Sicurezza

L'alimentazione fornita al sistema deve provenire da fonti dedicate e ininterrotte. L'alimentazione deve essere priva di interruzioni di tensione, picchi di transienti, variazioni di frequenza e altri disturbi della linea che compromettono l'affidabilità delle prestazioni.

Ove si sospettassero problemi di qualità dell'alimentazione nel proprio sito o nel caso in cui sia prevista l'installazione del sistema in un ambiente industriale pesante, si consiglia di eseguire un controllo della qualità dell'alimentazione prima dell'installazione. Contattare il produttore o la propria autorità locale per l'energia elettrica per ulteriori informazioni.



**ATTENZIONE** Evitare il rischio di elettrocuzione.

- La tensione, la corrente e la frequenza di rete devono essere verificate esclusivamente da personale qualificato dotato di apposito strumento di misurazione.
- Qualsiasi componente recante questo simbolo dovrà essere riparato esclusivamente da personale di servizio addestrato e qualificato del produttore.
- Se un coperchio di protezione su un componente del sistema appare danneggiato, spegnere il sistema e assicurarlo contro qualsiasi operazione involontaria. Esaminare sempre il coperchio di protezione in cerca di sollecitazioni di trasporto dopo la spedizione.
- Anche una volta scollegato lo strumento da tutte le fonti di tensione, i condensatori potrebbero rimanere carichi fino a 30 secondi e quindi costituire pericolo di elettrocuzione.
- Evitare a qualsiasi superficie soggetta a infiltrazioni di venire a contatto con liquidi.
- Non tentare di rimuovere il coperchio dello strumento.

### Messa a terra



**ATTENZIONE** Evitare il rischio di elettrocuzione. Ciascuna presa a muro utilizzata deve essere dotata di messa a terra. La messa a terra deve essere un cavo non conduttore di corrente collegato alla messa a terra nella scatola di derivazione principale.

## Cavi di alimentazione

Assicurarsi di utilizzare un cavo di alimentazione con messa a terra appropriato per la rete elettrica in uso nel laboratorio. Se il cavo di alimentazione ricevuto è incompatibile con la rete elettrica in uso presso la propria località, o nel caso in cui il cavo di alimentazione sia danneggiato, [contattare il produttore](#).

### Accessori per il condizionamento della linea elettrica

Un UPS riduce la probabilità di un arresto del sistema in caso di interruzione della rete elettrica in altre aree dell'edificio. I condizionatori della linea di alimentazione (che proteggono da interruzioni di corrente, sovratensioni o altri disturbi della linea) sono disponibili anche negli Stati Uniti presso il produttore per il funzionamento a 120 volt. I condizionatori di linea per il funzionamento a 220 volt possono essere acquistati localmente. Contattare il supporto tecnico per informazioni su condizionatori di potenza e UPS.

### Specifiche della rete elettrica

La tabella seguente elenca le specifiche per la rete elettrica. Contattare il servizio di assistenza del produttore nella propria zona in caso di domande in merito ai requisiti.

Requisiti	Specifiche tecniche
Corrente di ingresso	5,0 A (max.)
Tensione di ingresso	100-240 VAC
Frequenza di rete	50-60 Hz
Disturbi di rete	I cali di tensione, le sovratensioni o altri disturbi della rete devono non eccedere il 10% della tensione di ingresso (anche per un mezzo ciclo).
Rumore	< 2 V (modalità comune) < 20 V (modalità normale)

### Potenza assorbita

Generalmente, dovrebbe essere disponibile il 50% in più di potenza rispetto all'intero impianto (inclusi gli accessori) in genere utilizzati. Di seguito sono riportate le specifiche relative al massimo assorbimento di potenza e alla dissipazione del calore per lo spettrometro e gli accessori. I valori si intendono approssimativi.

Voce	Potenza assorbita	Max. Dissipazione di calore
strumento	60 W	205 Btu/ora

### Sicurezza antincendio e rischi di ustioni

**Nota** Non posizionare lo strumento in modo tale da impedire di azionare agevolmente l'interruttore di alimentazione o di accedere all'alimentatore e al cavo di alimentazione.

Per evitare lesioni da ustione e il rischio di incendio o esplosione:

- prestare attenzione quando si testano campioni infiammabili o esplosivi (consultare la sezione "Materiali pericolosi")
- Non bloccare mai nessuna delle prese d'aria sullo strumento o sulla relativa alimentazione
- Utilizzare esclusivamente alimentatori di ricambio forniti dal produttore

## 11 Precauzioni operative e di sicurezza

### Informazioni di sicurezza

#### Sicurezza ottica

Questo strumento è stato progettato con un vano di protezione per prevenire l'esposizione dell'utente alla luce ultravioletta.



**AVVERTENZA** Evitare lesioni personali. Non guardare mai la lampada mentre è accesa.

#### Materiali pericolosi

Molti metodi di spettroscopia standard si basano sull'utilizzo di solventi. Altri coinvolgono campioni corrosivi o campioni pressurizzati allo stato gassoso.

#### Solventi volatili e campioni infiammabili



**ATTENZIONE** Evitare lesioni personali. Non lasciare solventi o campioni infiammabili vicino allo strumento. Assicurarsi che l'area di lavoro sia adeguatamente ventilata.

#### Solventi compatibili

La maggior parte dei solventi tipicamente utilizzati nei laboratori di scienze biologiche sono compatibili con i piedistalli in fibra ottica di tutti gli spettrofotometri NanoDrop. Tuttavia, le proprietà ad alta pressione di vapore di alcuni solventi potrebbero non favorire misurazioni di piccoli volumi quando si utilizza il piedistallo per le misurazioni su uno qualsiasi degli strumenti NanoDrop. Se si stanno misurando campioni con alte pressioni di vapore, utilizzare uno strumento dotato di sistema per misurare campioni in cuvette.

I seguenti solventi sono compatibili per l'uso sui piedistalli di tutti gli strumenti NanoDrop.

**Nota** La fuoriuscita di questi solventi su superfici diverse dai piedistalli potrebbe danneggiare lo strumento.

- |                |                            |                                    |
|----------------|----------------------------|------------------------------------|
| • metanolo     | • etanolo                  | • n-propanolo                      |
| • isopropanolo | • butanolo                 | • acetone                          |
| • etere        | • cloroformio              | • tetracloruro di carbonio         |
| • DMSO         | • DMF                      | • acetonitrile                     |
| • THF          | • toluene                  | • esano                            |
| • benzene      | • idrossido di sodio       | • ipoclorito di sodio (candeggina) |
| • HCl diluito  | • HNO <sub>3</sub> diluito | • acido acetico diluito            |

Si raccomanda di rimuovere tutti i solventi corrosivi dal piedistallo immediatamente dopo il completamento di una misurazione. Si raccomanda inoltre all'utilizzatore di terminare una serie di misurazioni con un campione di  $\text{diH}_2\text{O}$  per garantire che i solventi non vengano inavvertitamente lasciati sul piedistallo.

Il diaframma attorno al piedistallo del NanoDrop è fissato in modo permanente allo strumento. Non tentare di rimuovere il diaframma o rompere la guarnizione. Evitare l'esposizione prolungata del diaframma a HCl, alcol, candeggina, acetone o altri solventi poiché ciò potrebbe influire sull'adesivo che fissa la guarnizione. Se la guarnizione si allenta, contattare il produttore.

**Nota** Tutte le forme di acido fluoridrico (HF) sono incompatibili, poiché lo ione fluoruro corroderà il cavo in fibra ottica al quarzo.

#### **Materiali a rischio biologico o radioattivi e agenti infettivi**

Campioni biologici come tessuti, fluidi corporei, agenti infettivi e sangue di esseri umani e altri animali hanno il potenziale di trasmettere malattie infettive. Indossare i dispositivi di protezione personale. Gli individui devono essere formati in base ai requisiti normativi e organizzativi applicabili prima di lavorare con materiali potenzialmente infettivi. Seguire i protocolli del programma di biosicurezza della propria azienda per lavorare con e/o maneggiare materiali potenzialmente infettivi.

## 11 Precauzioni operative e di sicurezza

### Informazioni di sicurezza



**ATTENZIONE** Ridurre il rischio associato a campioni potenzialmente infettivi:

- non versare campioni su nessuno dei componenti dello strumento.
- In caso di fuoriuscita, disinfettare le superfici esterne immediatamente seguendo i protocolli di laboratorio.

Strumenti, accessori, componenti o altri materiali associati non devono essere smaltiti, né possono essere restituiti al produttore o ad altri produttori di accessori se sono contaminati da materiali a rischio biologico o radioattivi, agenti infettivi o altri materiali e/o condizioni che potrebbero costituire un rischio per la salute o lesioni per i dipendenti. Contattare il produttore in caso di domande sui requisiti di decontaminazione.