



Spectrophotomètres Micro-UV/Vis NanoDrop

# NanoDrop One

## Manuel de l'utilisateur

269-309101 Revision B Juillet 2016

**Thermo**  
SCIENTIFIC

©2015- 2016 Thermo Fisher Scientific Inc. Tous droits réservés.

DYMO et LabelWriter sont des marques, commerciales ou déposées, de Newell Rubbermaid aux États-Unis et / ou dans d'autres pays. Wi-Fi est une marque, commerciale ou déposée, de Wi-Fi Alliance aux États-Unis et / ou dans d'autres pays. Bluetooth est une marque, commerciale ou déposée, de Bluetooth Special Interest Group. Windows est une marque, commerciale ou déposée, de Microsoft Corporation aux États-Unis et / ou dans d'autres pays. Toutes les autres marques commerciales appartiennent à Thermo Fisher Scientific inc. et à ses filiales.

Pour obtenir une assistance technique aux États-Unis, contactez :

Unity Lab Services  
Part of Thermo Fisher Scientific  
5225 Verona Road  
Madison WI 53711-4495 États-Unis  
Téléphone : 1 800 532 4752  
E-mail : [us.techsupport.analyze@thermofisher.com](mailto:us.techsupport.analyze@thermofisher.com)

Pour obtenir une assistance technique internationale, contactez :

Thermo Fisher Scientific  
Téléphone : +1 608 273 5017  
E-mail : [support.madison@thermofisher.com](mailto:support.madison@thermofisher.com)

Thermo Fisher Scientific Inc. fournit cette documentation à l'achat d'un produit. Cette documentation est protégée par copyright et toute reproduction intégrale ou partielle de celle-ci est formellement interdite, sauf autorisation écrite de Thermo Fisher Scientific Inc.

Le contenu de cette documentation peut faire l'objet de modifications sans préavis. Toutes les informations techniques sont fournies à titre de référence uniquement. Les configurations et spécifications du système du présent document remplacent toutes les informations précédentes.

Ce document ne fait pas partie du contrat de vente entre Thermo Fisher Scientific Inc. et l'acheteur. Ce document ne régit pas ni ne modifie de quelque manière les Conditions de vente, lesquelles régissent la résolution de tous les conflits pouvant survenir entre ces deux documents.

**Usage exclusivement réservé à la recherche. Cet instrument ou accessoire n'est pas un dispositif médical et n'est pas conçu pour être utilisé pour la prévention, le diagnostic, le traitement ou la guérison de maladies.**



**AVERTISSEMENT** Évitez tout risque d'explosion ou d'incendie. Cet instrument ou accessoire n'est pas conçu pour être utilisé en atmosphère explosible.

# Table des matières

|                   |                                                                                             |           |
|-------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>Chapitre 1</b> | <b>À propos du spectrophotomètre NanoDrop One</b>                                           | <b>1</b>  |
|                   | Modèles d'instrument et caractéristiques                                                    | 2         |
|                   | Accessoires en option                                                                       | 5         |
|                   | Enregistrez votre instrument                                                                | 7         |
|                   | Mise à niveau logicielle                                                                    | 8         |
| <b>Chapitre 2</b> | <b>Applications</b>                                                                         | <b>11</b> |
|                   | Limites de détection pour toutes les applications                                           | 11        |
|                   | Mesure ADNdb, ADNsb ou ARN                                                                  | 15        |
|                   | Mesure ADNdb, ADNsb ou ARN                                                                  | 15        |
|                   | Résultats rapportés pour les acides nucléiques                                              | 18        |
|                   | Paramétrage pour les mesures d'acides nucléiques                                            | 20        |
|                   | Calculs pour les mesures d'acides nucléiques                                                | 20        |
|                   | Mesure Microarray                                                                           | 25        |
|                   | Mesurer des échantillons avec Microarray                                                    | 25        |
|                   | Résultats rapportés par Microarray                                                          | 28        |
|                   | Paramètres des mesures Microarray                                                           | 31        |
|                   | Calculs pour les mesures avec Microarray                                                    | 35        |
|                   | Mesurer en utilisant un facteur personnalisé                                                | 39        |
|                   | Mesurer des acides nucléiques en utilisant un facteur personnalisé                          | 39        |
|                   | Résultats rapportés par Facteur personnalisé                                                | 42        |
|                   | Paramètres pour les mesures d'acides nucléiques utilisant un facteur personnalisé           | 43        |
|                   | Limites de détection pour les mesures d'acides nucléiques utilisant un facteur personnalisé | 43        |
|                   | Mesure Oligo ADN ou Oligo ARN                                                               | 45        |
|                   | Mesure Oligo ADN ou Oligo ARN                                                               | 45        |
|                   | Résultats rapportés par Oligo                                                               | 49        |
|                   | Paramètres des mesures ADN et Oligo ARN                                                     | 51        |
|                   | Limites de détection pour les mesures Oligo ADN et Oligo ARN                                | 52        |
|                   | Calculs pour les mesures Oligo ADN et Oligo ARN                                             | 53        |

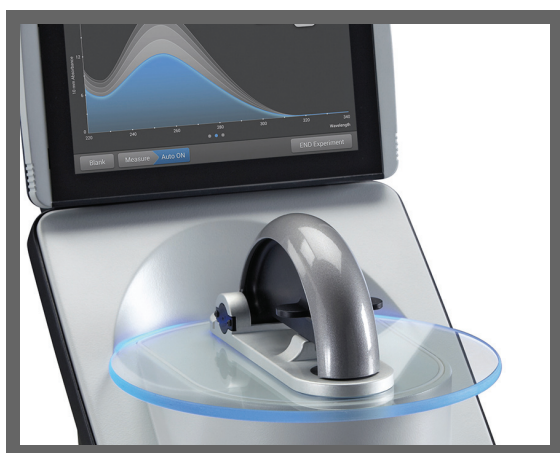
|                                                                        |     |
|------------------------------------------------------------------------|-----|
| Mesure Protéine A280 . . . . .                                         | 57  |
| Mesure de la concentration protéique à A280 . . . . .                  | 57  |
| Résultats rapportés par Protéine A280 . . . . .                        | 62  |
| Paramètres des mesures Protéine A280 . . . . .                         | 64  |
| Limites de détection des mesures avec Protéine A280 . . . . .          | 68  |
| Calculs pour les mesures avec Protéine A280 . . . . .                  | 69  |
| Mesure Protéines et marqueurs . . . . .                                | 75  |
| Mesurer des échantillons de protéines marquées . . . . .               | 75  |
| Résultats rapportés par Protéines et marqueurs . . . . .               | 78  |
| Paramètres des mesures Protéines et marqueurs . . . . .                | 81  |
| Limites de détection pour les mesures Protéines et marqueurs . . . . . | 82  |
| Calculs pour les mesures Protéines et marqueurs . . . . .              | 83  |
| Mesure Protéine A205 . . . . .                                         | 87  |
| Mesurer la concentration protéique à A205 . . . . .                    | 87  |
| Résultats rapportés par Protéine A205 . . . . .                        | 90  |
| Paramètres des mesures Protéine A205 . . . . .                         | 92  |
| Calculs pour les mesures avec Protéine A205 . . . . .                  | 93  |
| Mesure Protéine BCA . . . . .                                          | 95  |
| Mesure de la concentration en protéines totales . . . . .              | 95  |
| Résultats rapportés par Protéine BCA . . . . .                         | 103 |
| Paramètres des mesures Protéine BCA . . . . .                          | 107 |
| Mesure Protéine Bradford . . . . .                                     | 109 |
| Mesure de la concentration en protéines totales . . . . .              | 109 |
| Résultats rapportés par Protéine Bradford . . . . .                    | 113 |
| Paramètres des mesures Protéine Bradford . . . . .                     | 117 |
| Mesure Protéine Lowry . . . . .                                        | 119 |
| Mesure de la concentration en protéines totales . . . . .              | 119 |
| Résultats rapportés par Protéine Lowry . . . . .                       | 122 |
| Paramètres des mesures Protéine Lowry . . . . .                        | 126 |
| Mesure Protéine Pierce 660 . . . . .                                   | 127 |
| Mesure de la concentration en protéines totales . . . . .              | 127 |
| Résultats rapportés par Protéine Pierce 660 . . . . .                  | 131 |
| Paramètres des mesures Protéine Pierce 660 . . . . .                   | 135 |
| Mesure DO600 . . . . .                                                 | 137 |
| Mesure DO600 . . . . .                                                 | 137 |
| Résultats rapportés par DO600 . . . . .                                | 142 |
| Paramètres des mesures DO600 . . . . .                                 | 144 |
| Calculs pour les mesures DO600 . . . . .                               | 146 |
| Mesure personnalisée . . . . .                                         | 147 |
| Mesurer en utilisant une méthode personnalisée . . . . .               | 147 |
| Supprimer une méthode personnalisée . . . . .                          | 152 |
| Résultats rapportés par Méthode personnalisée . . . . .                | 153 |



|                                                             |            |
|-------------------------------------------------------------|------------|
| Mesure UV-Vis . . . . .                                     | 155        |
| Mesure UV-Vis . . . . .                                     | 155        |
| Résultats rapportés par UV-Vis . . . . .                    | 158        |
| Paramètres des mesures UV-Vis. . . . .                      | 160        |
| Mesure cinétique . . . . .                                  | 163        |
| Mesure cinétique . . . . .                                  | 163        |
| Créer une méthode cinétique. . . . .                        | 167        |
| Modifier une méthode cinétique . . . . .                    | 169        |
| Résultats rapportés par Cinétique . . . . .                 | 169        |
| Paramètres des mesures cinétiques . . . . .                 | 175        |
| <b>Chapitre 3 Centre de formation . . . . .</b>             | <b>179</b> |
| Échantillonnage de micro-volumes — Fonctionnement . . . . . | 180        |
| Installer l'instrument . . . . .                            | 182        |
| Mesurer un échantillon micro-volume. . . . .                | 196        |
| Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette. . . . .    | 203        |
| Préparer les échantillons et les blancs . . . . .           | 207        |
| Fonctionnement de base de l'instrument . . . . .            | 213        |
| Écran Page d'accueil du NanoDrop One . . . . .              | 214        |
| Écrans de mesure du NanoDrop One . . . . .                  | 218        |
| Afficheur de données du NanoDrop One . . . . .              | 225        |
| Opérations générales du NanoDrop One. . . . .               | 233        |
| Paramètres de l'instrument . . . . .                        | 240        |
| Acclaro Sample Intelligence. . . . .                        | 244        |
| Logiciel NanoDrop One Viewer . . . . .                      | 252        |
| Écran Page d'accueil de Viewer . . . . .                    | 253        |
| Gérer des expériences et les données associées . . . . .    | 255        |
| Gérer les identifiants sur un PC. . . . .                   | 265        |
| Gérer les méthodes personnalisées . . . . .                 | 270        |
| Multimédia . . . . .                                        | 284        |
| <b>Chapitre 4 Entretien de l'instrument . . . . .</b>       | <b>287</b> |
| Programme d'entretien . . . . .                             | 288        |
| Nettoyage de l'écran tactile . . . . .                      | 289        |
| Entretien des socles . . . . .                              | 290        |
| Nettoyage des socles . . . . .                              | 291        |
| Reconditionnement des socles . . . . .                      | 293        |
| Décontamination de l'instrument . . . . .                   | 296        |
| Entretien du système d'échantillonnage à cuvette . . . . .  | 298        |
| Diagnostics de l'instrument. . . . .                        | 299        |
| Vérification de l'intensité. . . . .                        | 299        |
| Vérification de la performance. . . . .                     | 302        |
| Vérification des images du socle. . . . .                   | 307        |

|                   |                                                              |            |
|-------------------|--------------------------------------------------------------|------------|
| <b>Chapitre 5</b> | <b>Mesures de sécurité et précautions d'utilisation.....</b> | <b>309</b> |
|                   | Précautions d'utilisation .....                              | 310        |
|                   | Informations sur la sécurité .....                           | 313        |
| <b>Chapitre 6</b> | <b>À propos de ce système d'aide.....</b>                    | <b>321</b> |
| <b>Chapitre 7</b> | <b>Contacteur l'assistance technique .....</b>               | <b>323</b> |

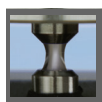
## À propos du spectrophotomètre NanoDrop One



Le Thermo Scientific™ NanoDrop™ One est un spectrophotomètre UV-Visible compact et autonome, développé pour l'analyse de micro-volumes d'acides nucléiques purifiés et d'un large éventail de protéines. Son [système de rétention d'échantillon](#) breveté permet de mesurer des échantillons hautement concentrés sans devoir les diluer.

Le système NanoDrop One est livré avec le logiciel préchargé et un écran tactile. L'instrument peut être raccordé à une imprimante d'étiquettes USB en option.

**AVIS** Avant d'utiliser un instrument NanoDrop One, veuillez lire les [mesures de sécurité et précautions d'utilisation](#) et suivre les recommandations qu'elles contiennent pour le système.



### Modèles d'instrument et caractéristiques

Il existe deux modèles de spectrophotomètre NanoDrop One...



### Accessoires en option

Différents accessoires sont disponibles pour les instruments NanoDrop One...



### Enregistrer votre instrument

Enregistrez votre instrument pour recevoir des mises à jour par courriel sur le logiciel et...



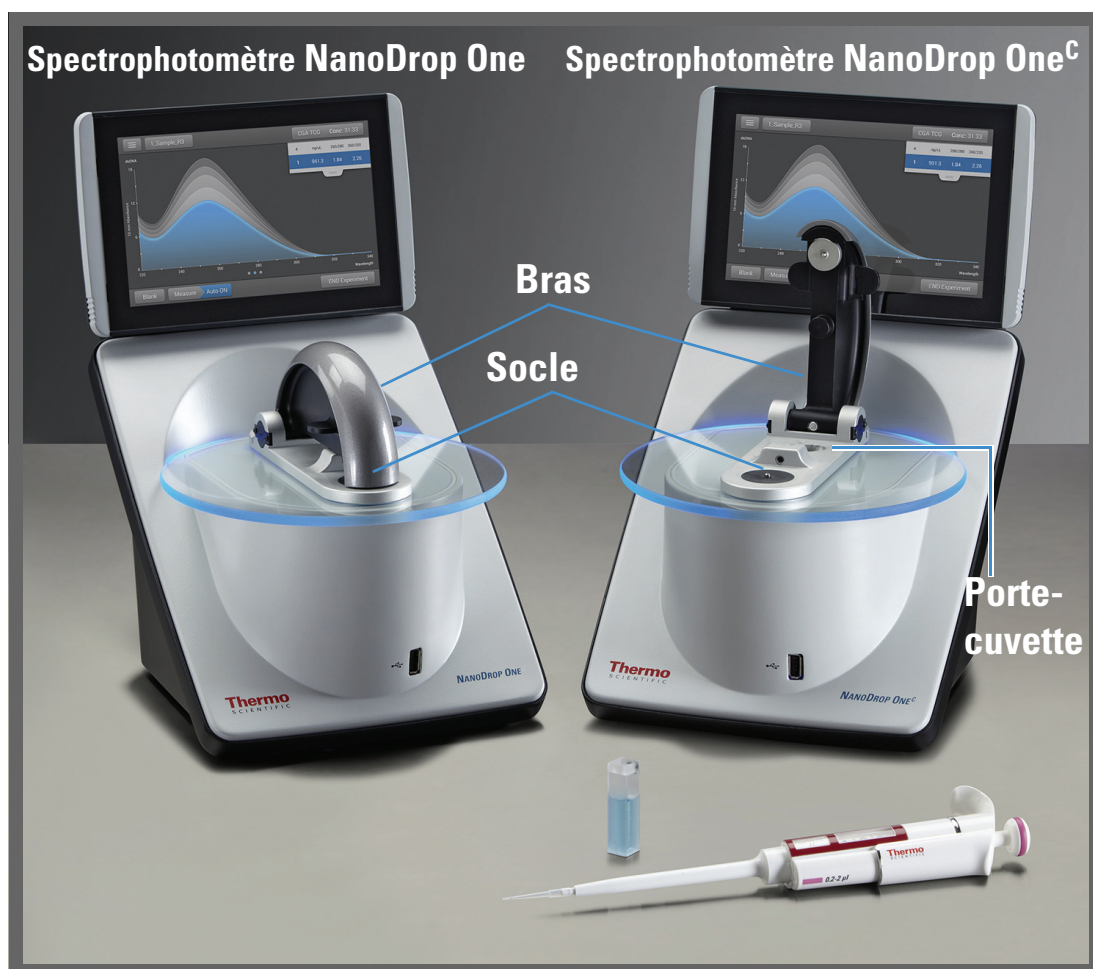
### Mise à niveau logicielle

Téléchargez rapidement et facilement le dernier logiciel NanoDrop One...

## Modèles d'instrument et caractéristiques

Deux modèles de spectrophotomètre NanoDrop One sont disponibles : le NanoDrop One et NanoDrop One<sup>C</sup>. Tous deux sont dotés du [système de rétention d'échantillon pour micro-volumes](#) breveté et des mêmes caractéristiques générales. Le modèle NanoDrop One<sup>C</sup> est doté en sus d'un porte-cuvette qui permet d'analyser des échantillons dilués en utilisant des cuvettes UV-Visible standard.

Les deux instruments sont fournis avec un écran tactile haute résolution intégré Android de 7" et un logiciel de commande facile à utiliser. Le logiciel NanoDrop One offre des fonctionnalités qui s'intègrent dans votre flux de travail quotidien et le simplifient.



<sup>1</sup>Placez l'instrument loin des ouïes d'aération et des ventilateurs d'évacuation pour minimiser l'évaporation.

## Écran tactile

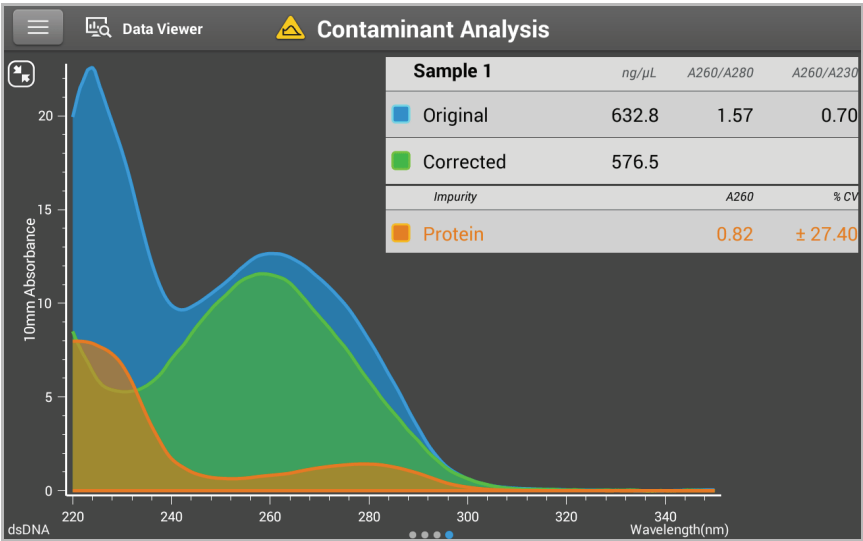


Vous pouvez déplacer l'écran tactile sur la gauche ou sur la droite en fonction de votre préférence personnelle et l'incliner en avant ou en arrière pour une visualisation optimale.



<sup>1</sup>Deux ports USB-A supplémentaires sont situés sur le panneau arrière de l'instrument.

Logiciel NanoDrop One à technologie Acclaro Sample Intelligence



La technologie [Acclaro™ Sample Intelligence](#) dont sont dotés les instruments NanoDrop One fournit les fonctionnalités exclusives suivantes pour vous aider à évaluer l'intégrité des échantillons :

- L'analyse des contaminants pour faciliter la qualification d'un échantillon avant de l'utiliser dans des applications en aval.
- L'assistance technique à la demande pour les mesures atypiques ou de concentration très basse.
- Alertes en cas de résultats invalides (un capteur de colonne contrôle s'il n'y a pas de bulles ou de particules réfléchissantes susceptibles de compromettre les résultats des mesures).



## Fonctionnalités supplémentaires du modèle NanoDrop One<sup>C</sup>



Le modèle NanoDrop One<sup>C</sup> comprend un porte-cuvette pour la mesure d'échantillons dilués, de dosages colorimétriques, de cultures cellulaires et les études cinétiques. Le système à cuvette présente les fonctionnalités supplémentaires suivantes :

- Limites de détection inférieures étendues
- Élément chauffant à 37 °C en option pour les échantillons et les analyses sensibles à la température
- Option micro-agitation pour assurer l'homogénéité des échantillons et pour les études cinétiques

Pour plus de détails, reportez-vous à [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#).

## Accessoires en option

Différents accessoires sont disponibles pour les instruments NanoDrop One. Pour commander un accessoire, contactez votre distributeur local ou visitez [notre site Internet](#).



## Imprimante d'étiquettes USB DYMO™ LabelWriter™ 450

Imprime des étiquettes autocollantes de 5/16" x 4" pour transférer les données des échantillons directement dans les cahiers du laboratoire ou les poster sur des tableaux électroniques. Le logiciel permet [d'imprimer les données](#) de chaque mesure d'échantillon ou d'un groupe d'échantillons consignés et mesurés ensemble.

L'imprimante se raccorde à l'instrument (à l'avant ou à l'arrière) avec un câble USB (inclus).

## Kit de reconditionnement des socles PR-1



Composé de conditionnement spécialement formulé qui peut être appliqué sur les socles pour en restaurer l'état hydrophobe (requis pour atteindre une tension superficielle adéquate pour des mesures d'échantillon précises). Le kit comprend le composé de conditionnement et des applicateurs. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Reconditionnement des socles](#).

## Solution de vérification de performance PV-1

Étalon photométrique liquide utilisé pour contrôler la performance de l'instrument. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Vérification de la performance](#).

## Enregistrez votre instrument



Enregistrez votre instrument pour recevoir des mises à jour par courriel sur le logiciel et les accessoires des instruments NanoDrop One. Une connexion Internet est nécessaire pour l'enregistrement.

### ❖ Enregistrer votre instrument

1. Effectuez une des opérations suivantes :
  - Depuis le **logiciel NanoDrop One Viewer** exécuté sur un ordinateur personnel (PC) connecté à Internet, ouvrez le menu Aide et choisissez **Site Internet du NanoDrop One**.
  - Depuis un PC quelconque connecté à Internet, utilisez le navigateur Web de votre choix pour naviguer jusqu'à [notre site Internet](#).
2. Sur le site Internet, repérez NanoDrop One Registration et suivez les instructions pour enregistrer l'instrument.

## Mise à niveau logicielle



Téléchargez et installez rapidement et facilement le dernier logiciel NanoDrop One et les dernières notes de diffusion de notre site Internet. Suivez les étapes pour mettre à jour ou à niveau le logiciel de votre instrument et/ou installer ou mettre à jour le logiciel NanoDrop One Viewer sur un ordinateur personnel (PC). Une connexion Internet est nécessaire pour télécharger le logiciel.

### Installer ou mettre à jour le logiciel NanoDrop One Viewer

1. Effectuez une des opérations suivantes :
  - Pour installer le logiciel Viewer sur un ordinateur pour la première fois, ouvrez un navigateur Internet et accédez au site Internet NanoDrop.
  - Pour mettre à jour ou à niveau le logiciel Viewer, à partir de l'écran Page d'accueil de Viewer, ouvrez le menu Aide et choisissez **Site Internet NanoDrop One** pour ouvrir notre site Internet.
2. Une fois sur le site internet NanoDrop, repérez la page de téléchargements du logiciel.
3. Sélectionnez le téléchargement du logiciel NanoDrop One (PC) Viewer (version anglaise) et suivez les instructions pour télécharger et exécuter le programme d'installation. (Un redémarrage de l'ordinateur est requis à la fin de l'installation).
4. Pour ajouter une langue, incluant les systèmes du logiciel et de l'Aide, téléchargez et exécutez le programme d'installation du pack de langues (la version anglaise doit d'abord être installée). (Aucun redémarrage de l'ordinateur n'est requis après l'installation d'une langue).

## Mettre à jour ou à niveau le logiciel de l'instrument NanoDrop One

1. Effectuez une des opérations suivantes :
  - Depuis le **logiciel NanoDrop One Viewer**, ouvrez le menu Aide et choisissez **Site Internet du NanoDrop One** pour ouvrir notre site Internet.
  - Depuis un ordinateur personnel connecté à Internet, naviguez jusqu'au site Internet NanoDrop.
2. Insérez un dispositif USB, par exemple une clé USB, dans un port USB de l'ordinateur.
3. Sur le site Internet NanoDrop, repérez la page de téléchargements du logiciel, sélectionnez si mettre à jour ou à niveau le logiciel d'exécution du NanoDrop One (version anglaise) et suivez les instructions pour télécharger le programme d'installation sur la clé USB.
4. Pour ajouter une langue, incluant les systèmes du logiciel et de l'Aide, téléchargez le(s) programme(s) d'installation du pack de langues sur le dispositif USB.
5. Insérez le dispositif USB dans un des **ports USB** de l'instrument NanoDrop One.
6. À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur  (Paramètres) > **Système** > **Mise à niveau logicielle**.

Si le dispositif USB contient plusieurs versions du programme d'installation, un message s'affiche. Sélectionnez la version à installer (le programme d'installation en anglais doit être exécuté en premier) et appuyez sur **Mettre à jour**. (Un redémarrage de l'ordinateur est requis à la fin de l'installation en anglais).

Lorsque l'installation est terminée, un message similaire au message suivant s'affiche à côté du bouton Mise à niveau logicielle :

Version : 1.2.0 (version du logiciel d'exécution de l'instrument actuellement installée)

Version de la base de données : 1 (version de la base de données NanoDrop One sur cet instrument).

7. Pour ajouter une langue, incluant les systèmes du logiciel et de l'Aide, appuyez à nouveau sur **Mise à niveau logicielle**, sélectionnez la langue et la version à installer et appuyez sur **Mettre à jour**. (Aucun redémarrage de l'instrument n'est requis après l'installation d'une langue).

**Remarque** : pour modifier la langue, appuyez sur **Langue**, sélectionnez une langue installée et appuyez sur **OK**. (Un redémarrage de l'instrument est requis une fois la langue modifiée).



## Applications

### Limites de détection pour toutes les applications



**Remarque** Les limites de détection indiquées dans les tableaux ci-dessous sont approximatives et s'appliquent uniquement aux mesures de micro-volumes ; elles sont basées sur la plage d'absorbance photométrique de l'instrument (équivalent à 10 mm) qui va de 0 à 550 A. Pour les mesures effectuées avec des cuvettes ayant une longueur de trajet optique de 10 mm, la plage d'absorbance photométrique va de 0 à 1,5 A.

### Limites de détection pour les applications standard

| Type d'échantillon | Limite de détection inférieure | Limite de détection supérieure | Reproductibilité typique <sup>a</sup>                                                                                        |
|--------------------|--------------------------------|--------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ADNdb              | 2,0 ng/μl (socle)              | 27 500 ng/μl (socle)           | ±2,0 ng/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 2,0 et 100 ng/μl ;<br>±2 % pour les échantillons >100 ng/μl |
|                    | 0,20 ng/μl (cuvette)           | 75 ng/μl (cuvette)             |                                                                                                                              |
| ADNsb              | 1,3 ng/μl (socle)              | 18 150 ng/μl (socle)           | ±2,0 ng/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 2,0 et 100 ng/μl ;<br>±2 % pour les échantillons >100 ng/μl |
|                    | 0,13 ng/μl (cuvette)           | 49,5 ng/μl (cuvette)           |                                                                                                                              |



## 2 Applications

Limites de détection pour toutes les applications

| Type d'échantillon                      | Limite de détection inférieure              | Limite de détection supérieure | Reproductibilité typique <sup>a</sup>                                                                                        |
|-----------------------------------------|---------------------------------------------|--------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARN                                     | 1,6 ng/μl (socle)                           | 22 000 ng/μl (socle)           | ±2,0 ng/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 2,0 et 100 ng/μl ;<br>±2 % pour les échantillons >100 ng/μl |
|                                         | 0,16 ng/μl (cuvette)                        | 60 ng/μl (cuvette)             |                                                                                                                              |
| Microarray ADN (ADNsb)                  | 1,3 ng/μl (socle)                           | 495 ng/μl (socle)              | ±2,0 ng/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 2,0 et 100 ng/μl ;<br>±2 % pour les échantillons >100 ng/μl |
|                                         | 0,13 ng/μl (cuvette)                        | 49,5 ng/μl (cuvette)           |                                                                                                                              |
| BSA purifiée par Protéine A280          | 0,06 mg/ml (socle)<br>0,006 mg/ml (cuvette) | 825 mg/ml (socle)              | ±0,10 mg/ml (pour les échantillons de 0,10 à 10 mg/ml) ;<br>±2 % pour les échantillons >10 mg/ml                             |
| IgG par Protéine A280                   | 0,03 mg/ml (socle)<br>0,003 mg/ml (cuvette) | 402 mg/ml (socle)              |                                                                                                                              |
| BSA purifiée par Protéines et marqueurs | 0,06 mg/ml (socle)<br>0,006 mg/ml (cuvette) | 19 mg/ml (socle)               | ±0,10 mg/ml pour échantillons de 0,10 à 10 mg/ml                                                                             |
| Protéine BCA                            | 0,2 mg/ml (volume réactif/échantillon 20:1) | 8,0 mg/ml (socle)              | 2 % sur toute la plage                                                                                                       |
|                                         | 0,01 mg/ml (volume réactif/échantillon 1:1) | 0,20 mg/ml (cuvette)           | 0,01 mg/ml sur toute la plage                                                                                                |
| Protéine Lowry                          | 0,2 mg/ml (socle)                           | 4,0 mg/ml (socle)              | 2 % sur toute la plage                                                                                                       |
| Protéine Bradford                       | 100 μg/ml (volume réactif/échantillon 50:1) | 8000 μg/ml                     | ±25 μg/ml pour les échantillons de 100 à 500 μg/ml<br>±5 % pour les échantillons de 500 à 8000 μg/ml                         |
|                                         | 15 μg/ml (volume réactif/échantillon 1:1)   | 100 μg/μl                      |                                                                                                                              |
| Protéine Pierce 660                     | 50 μg/ml (volume réactif/échantillon 15:1)  | 2000 μg/ml                     | ±3 μg/ml pour les échantillons de 50 à 125 μg/ml<br>±2 % pour les échantillons > 125 μg/ml                                   |
|                                         | 25 μg/ml (volume réactif/échantillon 7,5:1) | 1000 μg/ml                     |                                                                                                                              |
|                                         |                                             |                                | ±3 μg/ml pour les échantillons de 25 à 125 μg/ml<br>±2 % pour les échantillons > 125 μg/ml                                   |

<sup>a</sup> Basée sur cinq réplicats (ET=ng/μl ; CV=%)

**Remarque** Pour minimiser l'erreur de l'instrument avec les échantillons hautement concentrés, effectuez des dilutions pour assurer que les mesures sont effectuées dans les limites d'absorbance suivantes :

- Pour les mesures de micro-volumes, l'absorbance maximale à 260 nm (pour les acides nucléiques) ou 280 nm (pour les protéines) doit être inférieure à 62,5 A.
- Pour les mesures avec une cuvette d'une longueur de trajet optique de 10 mm, l'absorbance maximale à 260 nm (ou 280 nm pour les protéines) doit être inférieure à 1,5 A, ce qui correspond à approximativement de l'ADNdb à 75 ng/μl.

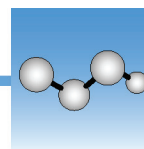
## Limites de détection pour les colorants prédéfinis

| Type d'échantillon                           | Limite de détection inférieure | Limite de détection supérieure <sup>a</sup> | Reproductibilité typique <sup>b</sup>                                                                                                 |
|----------------------------------------------|--------------------------------|---------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Cy3, Cy3.5, Alexa Fluor 555, Alexa Fluor 660 | 0,2 pmol/μl (socle)            | 100 pmol/μl (socle)                         | ±0,20 pmol/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 0,20 et 4,0 pmol/μl ;<br>±2 % pour les échantillons > 4,0 pmol/μl |
| Cy5, Cy5.5, Alexa Fluor 647                  | 0,12 pmol/μl (socle)           | 60 pmol/μl (socle)                          | ±0,12 pmol/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 0,12 et 2,4 pmol/μl ;<br>±2 % pour les échantillons > 2,4 pmol/μl |
| Alexa Fluor 488, Alexa Fluor 594             | 0,4 pmol/μl (socle)            | 215 pmol/μl (socle)                         | ±0,40 pmol/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 0,40 et 8,0 pmol/μl ;<br>±2 % pour les échantillons > 8,0 pmol/μl |
| Alexa Fluor 546                              | 0,3 pmol/μl (socle)            | 145 pmol/μl (socle)                         | ±0,30 pmol/μl pour les concentrations d'échantillon comprises entre 0,30 et 6,0 pmol/μl ;<br>±2 % pour les échantillons > 6,0 pmol/μl |

<sup>a</sup> Les valeurs sont approximatives

<sup>b</sup> Basée sur cinq réplicats (ET=ng/μl ; CV=%)





## Mesure ADNdb, ADNsb ou ARN

Mesure la concentration d'échantillons d'ADNdb, ADNsb ou ARN purifiés qui absorbent à 260 nm.

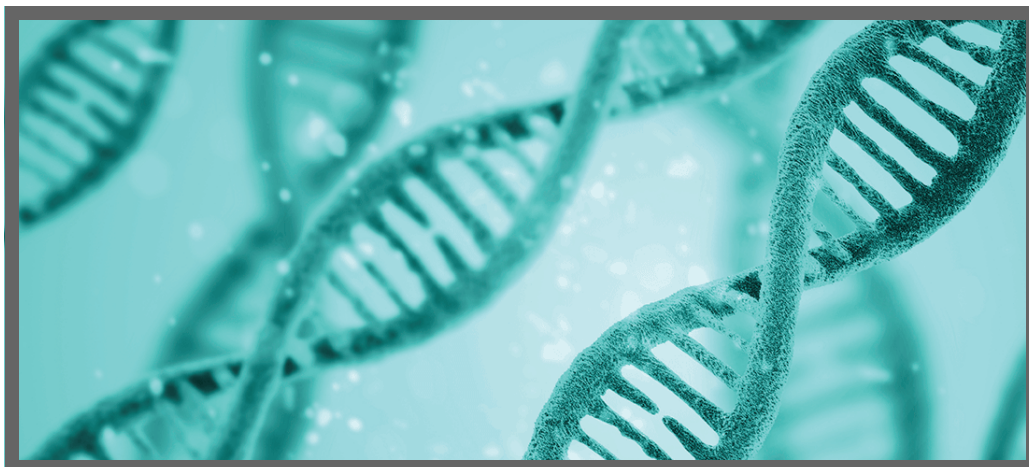
Mesure ADNdb, ADNsb ou ARN

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection

Calculs



## Mesure ADNdb, ADNsb ou ARN

Les applications ADNdb, ADNsb et ARN permettent de quantifier les échantillons purifiés d'ADN brin double, d'ADN brin simple ou d'ARN. Ces applications rapportent la concentration en acides nucléiques et deux rapports d'absorbance ( $A_{260}/A_{280}$  et  $A_{260}/A_{230}$ ). Une correction de la ligne de base en un point unique peut aussi être utilisée.

## Mesurer des échantillons avec ADNdb, ADNsb ou ARN

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

**Avant de commencer...**

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

**❖ Mesurer un acide nucléique**

1. Depuis l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Aides nucléiques** et appuyez sur **ADNdb, ADNsb ou ARN**, selon les échantillons à mesurer.
2. Spécifiez si désiré une [Correction de la ligne de base](#).
3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

**Conseil :** si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

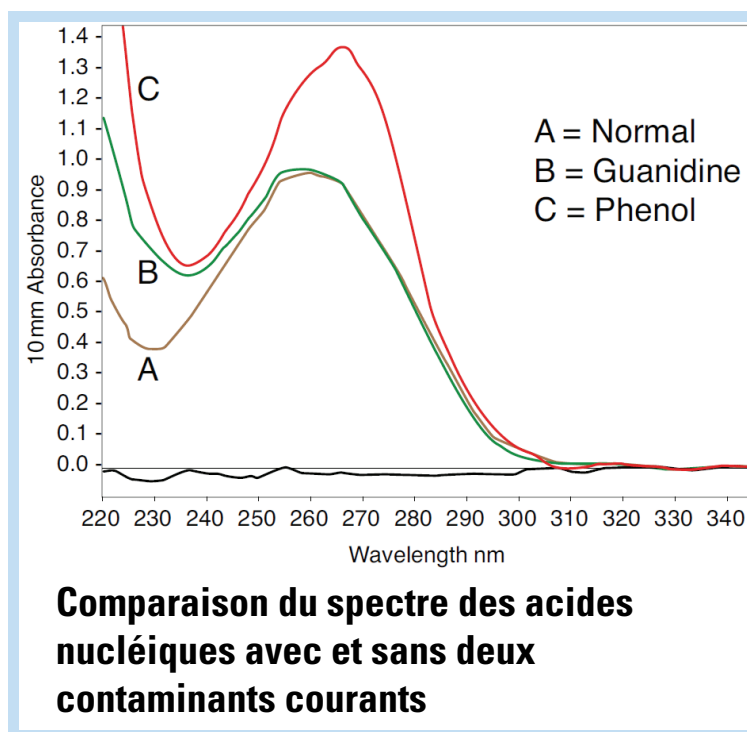
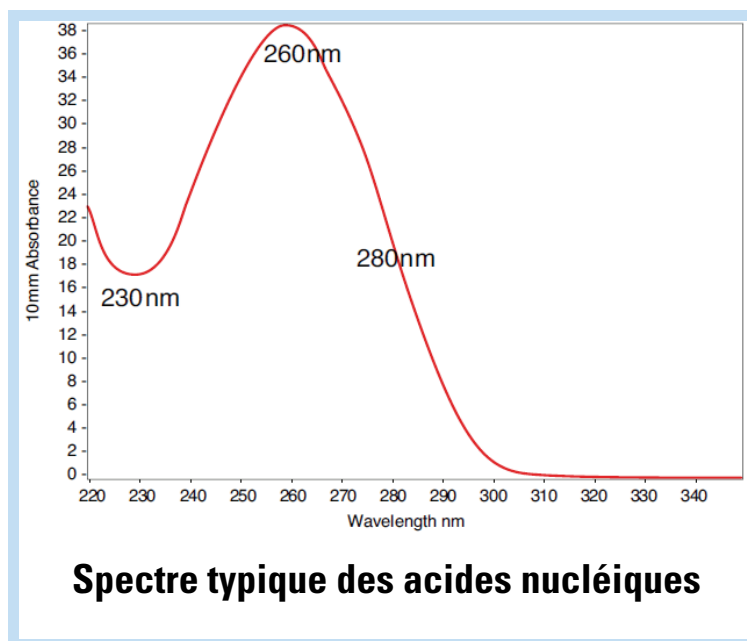
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil :** si [Blanc automatique](#) est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 1 à 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si [Mesure automatique](#) est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**.

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).

8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



## Meilleures pratiques pour les mesures d'acides nucléiques

- Isolez et purifiez les échantillons d'acides nucléiques avant la mesure pour éliminer les impuretés. Selon l'échantillon, les impuretés peuvent consister en de l'ADN, de l'ARN, des nucléotides libres, des protéines, certains composants de solution tampon et des colorants. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Préparation des échantillons](#).

**Remarque** Les réactifs d'extraction tels que la guanidine, le phénol et l'EDTA contribuent à l'absorbance entre 230 nm et 280 nm, et influenceront sur les résultats de mesure s'ils sont présents dans les échantillons (même en quantités résiduelles).

- Vérifiez que l'absorbance de l'échantillon est comprise dans les [limites de détection d'absorbance](#) de l'instrument.
- Faites le blanc en utilisant la même solution tampon que celle utilisée pour remettre en suspension l'analyte d'intérêt. La solution à blanc doit être d'un pH et d'une force ionique similaires à ceux de la solution d'analyte.
- Exécutez un [cycle de blanc](#) pour évaluer la contribution de votre solution tampon à l'absorbance. Si le tampon montre une forte absorbance à ou près de la longueur d'onde de l'analyse (normalement 260 nm), il est possible que vous deviez choisir un tampon ou une application différents. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#).
- Pour les mesures de micro-volumes :
  - Vérifiez que les surfaces du socle ont été [nettoyées](#) et [conditionnées](#) correctement
  - Si possible, chauffez les échantillons hautement concentrés ou de grosses molécules, comme l'ADN génomique ou Lambda, à 63 °C (145 °F) et mélangez-les au vortex délicatement (mais complètement) avant de prendre une mesure. Évitez d'introduire des bulles lors du mélange et du pipetage.
  - Suivez les [meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#).
  - Utilisez un volume d'échantillon de 1 à 2 µl. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Volumes d'échantillon recommandés](#).
- Pour les mesures avec une cuvette (instruments NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement), utilisez des cuvettes compatibles et suivez les [meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#).

### Sujets similaires

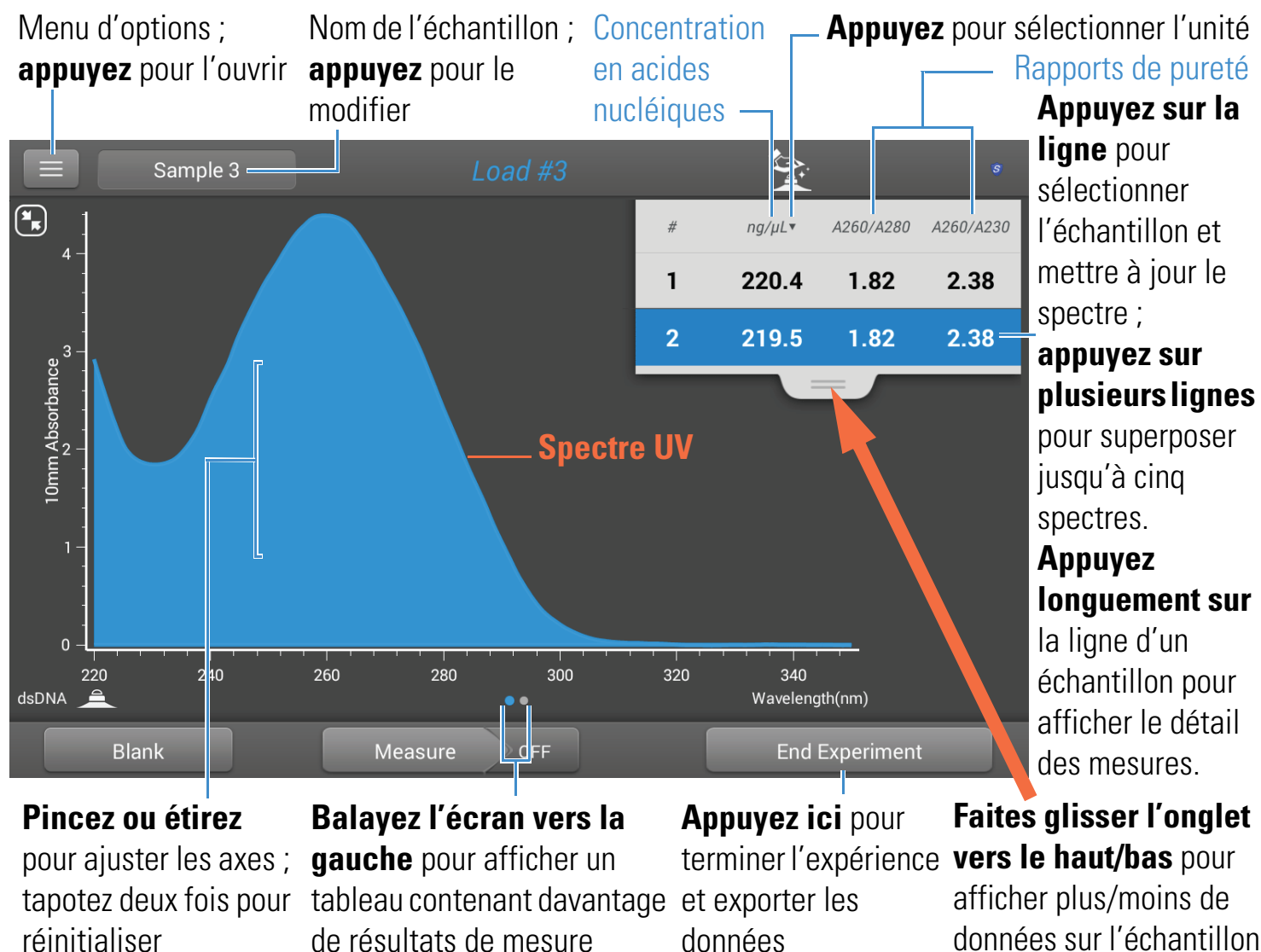
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#)

- Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette
- Préparer les échantillons et les blancs
- Fonctionnement de base de l'instrument

## Résultats rapportés pour les acides nucléiques

### Écran de mesure d'ADNdb

Pour chaque échantillon mesuré, les applications ADNdb, ADNsb et ARN montrent le spectre d'absorbance UV et un résumé des résultats. Voici un exemple :





**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par ADNdb, ADNsb et ARN

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

- Détails de l'échantillon (application et méthodes d'échantillonnage utilisées, par ex., socle ou cuvette)
- [Nom de l'échantillon](#)
- Créé le (date à laquelle la mesure de l'échantillon a été réalisée)
- [Concentration en acides nucléiques](#)
- [A260/A280](#)
- [A260/A230](#)
- [A260](#)
- [A280](#)
- [Facteur](#)
- [Correction de la ligne de base](#)

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs des acides nucléiques](#)

# Paramétrage pour les mesures d'acides nucléiques

Pour afficher les paramètres relatifs à ADNdb, ADNsb ou ARN, depuis l'écran de mesure d'ADNdb, ADNsb ou ARN, appuyez sur  > **Paramétrage des acides nucléiques**.

| Paramètre                      | Options disponibles                                                                                                                          | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|--------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Correction de la ligne de base | Activé ou Désactivé<br><br>Saisissez la longueur d'onde de la correction de la ligne de base en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm) | Corrige les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant l'absorbance mesurée à la longueur d'onde de correction de la ligne de base des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée. |

## Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

# Calculs pour les mesures d'acides nucléiques

Les applications de dosage d'acides nucléiques utilisent l'[équation de Beer-Lambert](#) pour relier l'absorbance à la concentration. Résoudre la Loi de Beer pour la concentration donne l'équation ci-contre à droite.

## Équation de Beer-Lambert (résolue pour la concentration)

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

Où :

A = absorbance UV en unités d'absorbance (AU)

ε = coefficient d'absorptivité dépendant de la longueur d'onde (ou coefficient d'extinction) en litres/mol-cm

b = longueur du trajet optique en cm

c = concentration en analyte en moles/litre ou molarité (M)

**Remarque :** diviser l'absorbance mesurée d'une solution d'échantillon par son coefficient d'extinction molaire donne la concentration molaire de l'échantillon. Reportez-vous à [Coefficients d'extinction publiés](#) pour plus d'informations concernant les valeurs de concentration molaire et massique.

Les applications de dosage d'acides nucléiques utilisent une modification de l'équation de Beer-Lambert (ci-contre à droite) pour calculer la concentration d'un échantillon dans laquelle le coefficient d'extinction et la longueur du trajet optique sont combinés en un « facteur ».

Pour les applications ADNdb, ADNsb et ARN, les facteurs généralement acceptés pour les acides nucléiques sont utilisés en conjonction avec la Loi de Beer pour calculer la concentration des échantillons. Pour l'application Facteur personnalisé, le facteur spécifié par l'utilisateur est utilisé.

### Comparaison entre coefficients d'extinction et facteurs

En utilisant l'équation de Beer-Lambert, le facteur (f) est défini comme suit :

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

Où :

$\epsilon$  = coefficient d'extinction molaire dépendant de la longueur d'onde en ng-cm/ $\mu$ l

$b$  = longueur du trajet optique de l'échantillon en cm

Résultat, la concentration d'analyte (c) est calculée comme suit :

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

ou

$$c = A * f$$

Où :

$c$  = concentration d'analyte en ng/ $\mu$ l

$A$  = absorbance en unités d'absorbance (A)

$f$  = facteur en ng-cm/ $\mu$ l (voir ci-dessous)

### Facteurs utilisés

- **ADNdb** (facteur = 50 ng-cm/ $\mu$ l)
- **ADNsb** (facteur = 33 ng-cm/ $\mu$ l)
- **ARN** (facteur = 40 ng-cm/ $\mu$ l)
- **Facteur personnalisé** (facteur saisi par l'utilisateur compris entre 15 ng-cm/ $\mu$ l et 150 ng-cm/ $\mu$ l)

Les concentrations d'acides nucléiques calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 260 nm, le facteur utilisé et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de la ligne de base en un point unique (ou correction de l'analyse) peut aussi être appliquée.

La concentration est exprimée en unités de masse. Sur Internet, des calculateurs permettent de convertir la concentration exprimée en unités de masse en unités molaires sur la base de la séquence de l'échantillon.

Les valeurs d'absorbance à 260 nm, 280 nm et parfois 230 nm sont utilisées pour calculer les rapports de pureté pour les échantillons d'acides nucléiques mesurés. Les rapports de pureté sont sensibles à la présence de contaminants dans l'échantillon, notamment aux résidus des solvants et réactifs normalement utilisés pendant la purification des échantillons.

## Valeurs mesurées

**Remarque :** Pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

## Absorbance A260

- Les valeurs d'absorbance des acides nucléiques sont mesurées à 260 nm en utilisant le spectre normalisé. Il s'agit de la valeur A260 rapportée si Correction de la ligne de base n'est pas sélectionné.
- Si [Correction de la ligne de base](#) est sélectionné, la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction est soustraite de l'absorbance à 260 nm. L'absorbance corrigée à 260 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration en acides nucléiques.

## Absorbance A230 et A280

- Les valeurs d'absorbance normalisées et corrigées en fonction de la ligne de base (si l'option est sélectionnée) à 230 nm et 280 nm sont utilisées pour calculer les rapports A260/A230 et A260/A280.

## Longueur du trajet optique de l'échantillon

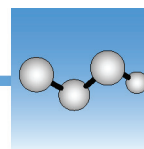
- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

### Valeurs rapportées

- **Concentration en acides nucléiques.** Rapportée dans l'unité sélectionnée (par ex. : ng/μl, μg/μl ou μg/ml). Les calculs sont basés sur l'équation de la Loi de Beer modifiée qui utilise la valeur d'absorbance corrigée des acides nucléiques.
- **Rapport de pureté A260/A280.** Rapport de l'absorbance corrigée à 260 nm sur l'absorbance corrigée à 280 nm. Un rapport de pureté A260/A280 d'environ 1,8 est normalement accepté comme « pur » pour l'ADN (environ 2,0 pour l'ARN). Les solutions acides peuvent sous-représenter la valeur rapportée de 0,2 à 0,3 ; l'opposé est vrai pour les solutions basiques.
- **Rapport de pureté A260/A230.** Rapport de l'absorbance corrigée à 260 nm sur l'absorbance corrigée à 230 nm. Un rapport de pureté A260/A230 compris entre 1,8 et 2,2 est normalement accepté comme « pur » pour l'ADN et l'ARN.

**Remarque :** bien que les rapports de pureté soient des indicateurs importants de la qualité des échantillons, le meilleur indicateur de qualité est la fonctionnalité dans l'application d'intérêt en aval (par ex., PCR en temps réel).





## Mesure Microarray

Mesure la concentration d'acides nucléiques purifiés qui ont été marqués avec jusqu'à deux colorants fluorescents pour être utilisés dans des applications Microarray en aval.

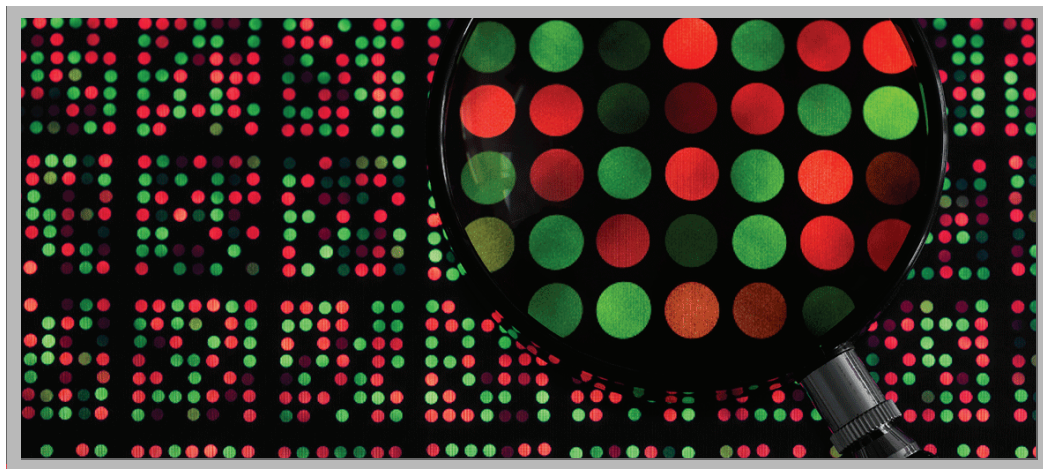
Mesurer des échantillons avec Microarray

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection

Calculs



## Mesurer des échantillons avec Microarray

Utilisez l'application Microarray pour mesurer des acides nucléiques qui ont été marqués avec jusqu'à deux colorants fluorescents. L'application rapporte la concentration en acides nucléiques, un rapport A260/A280 et les concentrations ainsi que les valeurs d'absorbance mesurées du ou des colorants, ce qui permet la détection de concentrations en colorant aussi basses que 0,2 picomoles par microlitre.

## Mesurer des échantillons avec Microarray

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irréversibles.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

**Avant de commencer...**

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).



### ❖ Mesurer un échantillon avec Microarray

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Acides nucléiques** et appuyez sur **Microarray**.
2. Spécifiez le **type d'échantillon** et le **facteur** ainsi que le **type du ou des colorants** utilisés.

**Conseil :** sélectionnez un colorant dans la liste prédéfinie ou ajoutez un colorant personnalisé en utilisant l'**Éditeur Colorant/Chrom..**

3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

**Conseil :** si vous utilisez une cuvette, veillez à **aligner le trajet optique de la cuvette** avec celui de l'instrument.

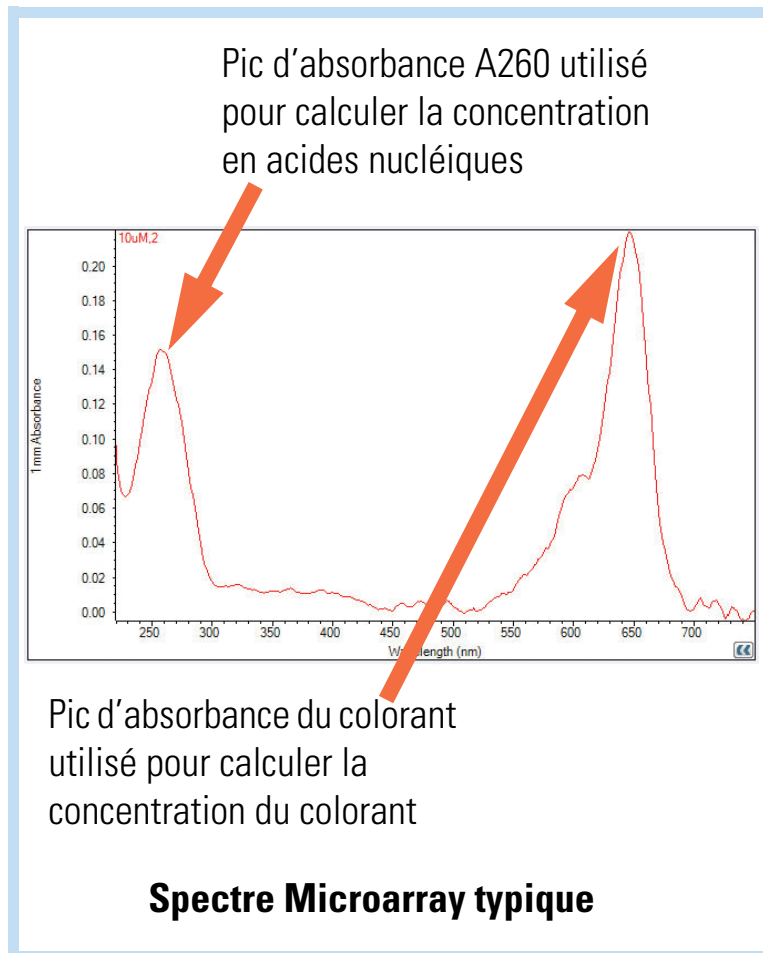
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil :** si **Blanc automatique** est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 1 à 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si **Mesure automatique** est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**.

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).

8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



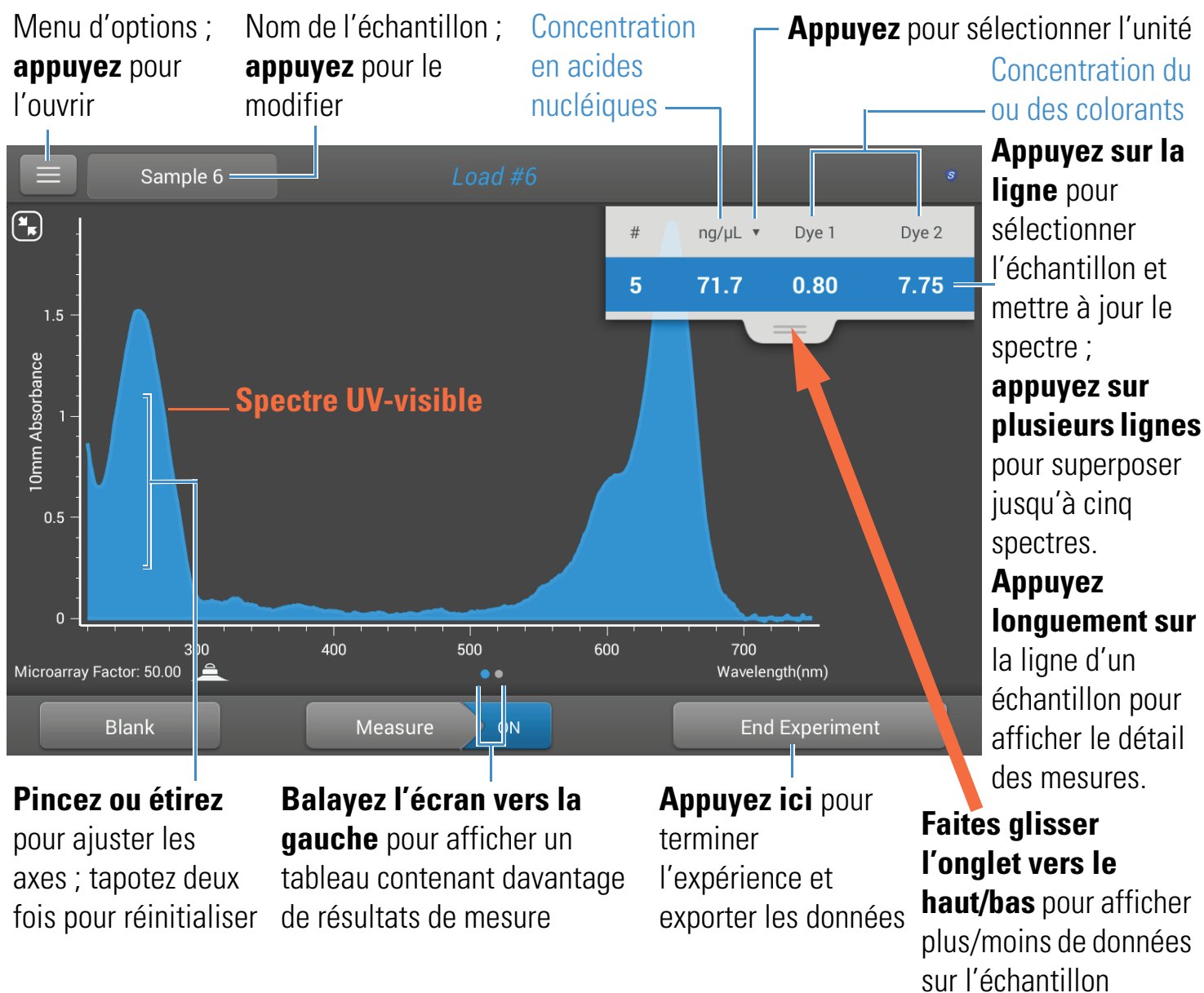
### Sujets similaires

- [Meilleures pratiques pour les mesures d'acides nucléiques](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par Microarray

### Écran de mesure de Microarray

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :



### Remarque

- Une correction de la ligne de base est effectuée à 750 nm (la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par Microarray

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

- Détails de l'échantillon (application utilisée, socle ou cuvette)
- [Nom de l'échantillon](#)
- Créé le (date à laquelle la mesure de l'échantillon a été réalisée)
- [Concentration en acides nucléiques](#)
- [A260](#)
- [A260/A280](#)
- [Concentration du colorant 1/ colorant 2](#)
- [Type d'échantillon](#)
- [Correction de l'analyse](#)
- [Facteur](#)

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Microarray Calculations](#)

## Paramètres des mesures Microarray

### Paramètres de Microarray

L'écran Paramétrage Microarray s'affiche lorsque vous sélectionnez l'application Microarray à partir de l'onglet Acides nucléiques sur l'écran Page d'accueil. Pour afficher les paramètres Microarray depuis l'écran de mesure Microarray, appuyez sur  > **Paramétrage Microarray**.

| Paramètre                                   | Options disponibles                                                    | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|---------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type d'échantillon et Facteur               | ADNdb (avec un facteur non modifiable de 50 ng-cm/μl)                  | Valeur largement acceptée pour l'ADN double brin.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|                                             | ADNsb (avec un facteur non modifiable de 33 ng-cm/μl)                  | Valeur largement acceptée pour l'ADN simple brin.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|                                             | ARN (avec un facteur non modifiable de 40 ng-cm/μl)                    | Valeur largement acceptée pour l'ARN                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|                                             | Oligo ADN avec un facteur calculé non modifiable en ng-cm/μl           | Facteur calculé à partir de la séquence de bases d'ADN définie par l'utilisateur. Lorsque cette option est sélectionnée, les unités des bases de l'ADN (c'est-à-dire G, A, T, C) s'affichent sous forme de touches. Définissez la séquence en touchant les touches appropriées. Le facteur est calculé automatiquement sur la base de la valeur largement acceptée pour chaque unité de base. |
|                                             | Oligo ARN avec un facteur calculé non modifiable en ng-cm/μl           | Facteur calculé à partir de la séquence de bases d'ARN définie par l'utilisateur. Lorsque cette option est sélectionnée, les unités des bases de l'ARN (c'est-à-dire G, A, U, C) s'affichent sous forme de touches. Définissez la séquence en touchant les touches appropriées. Le facteur est calculé automatiquement sur la base de la valeur largement acceptée pour chaque unité de base. |
|                                             | Personnalisée (avec un facteur spécifié par l'utilisateur en ng-cm/μl) | Saisissez un <b>facteur</b> compris entre 15 ng-cm/μl et 150 ng-cm/μl                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| Type Colorant 1/<br>Colorant 2 <sup>a</sup> | Cy3, 5, 3.5 ou 5.5,<br>Alexa Fluor 488, 546, 555, 594, 647<br>ou 660   | Sélectionnez le ou les colorants prédéfinis utilisés pour marquer le matériel d'échantillon ou un colorant ajouté en utilisant Colorant/Chrom.                                                                                                                                                                                                                                                |

| Paramètre                            | Options disponibles                                                                                                                       | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|--------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Unité Colorant 1/<br>Colorant 2      | picomoles/microlitre (pmol/μl), micromoles (μM) ou millimoles (mM)                                                                        | Sélectionnez l'unité pour les concentrations en colorant                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Correction de l'analyse <sup>b</sup> | <p>Activé ou Désactivé</p> <p>Saisissez la longueur d'onde de correction de l'analyse en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm)</p> | <p>Corrige la mesure d'absorbance de l'échantillon en cas de décalage causé par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction de l'analyse spécifiée de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de l'analyse. La valeur corrigée est utilisée pour calculer la concentration de l'échantillon.</p> <p><b>Conseil :</b> si l'échantillon présente une modification qui absorbe la lumière à 340 nm, sélectionnez une longueur d'onde de correction différente ou désactivez la correction de l'analyse.</p> |

<sup>a</sup> Pour ajouter un colorant personnalisé ou modifier la liste des colorants disponibles, utilisez l'Éditeur Colorant/Chrom.

<sup>b</sup> La Correction de l'analyse influe uniquement sur les calculs de la concentration en acides nucléiques.

## Éditeur Colorant/Chrom.

Utilisez l'Éditeur Colorant/Chrom. pour ajouter un colorant personnalisé à la liste des colorants disponibles dans [Paramétrage Microarray](#) ou [Paramétrage Protéines et marqueurs](#). Vous pouvez aussi spécifier quels sont les colorants disponibles dans cette liste.

Pour accéder à l'Éditeur Colorant/Chrom. :

- depuis l'écran Page d'accueil, appuyez sur  > **Éditeur Colorant/Chrom.**
- dans l'écran de mesure Microarray ou Protéines et marqueurs, appuyez sur  >  **Paramètres > Éditeur Colorant/Chrom.**

## Éditeur Colorant/Chrom.

Colorant verrouillé (prédéfini ; ne peut pas être modifié ni supprimé)

Appuyez sur cette icône pour ajouter un colorant personnalisé

Appuyez sur cette icône pour modifier le colorant personnalisé sélectionné

Appuyez sur cette icône pour supprimer le colorant personnalisé sélectionné

| Id | Dye             | Unit    | Coefficient (l/mole-cm) | Wavelength (nm) | 260nm Correction | 280nm Correction |
|----|-----------------|---------|-------------------------|-----------------|------------------|------------------|
| 7  | Alexa Fluor 594 | μM      | 73000                   | 590             | 0.43             | 0.56             |
| 8  | Alexa Fluor 647 | μM      | 239000                  | 650             | 0.00             | 0.03             |
| 9  | Alexa Fluor 660 | μM      | 132000                  | 653             | 0.00             | 0.10             |
| 10 | Cy3.5           | μM      | 150000                  | 581             | 0.08             | 0.24             |
| 11 | Cy5.5           | μM      | 250000                  | 675             | 0.05             | 0.18             |
| 12 | New1            | pmol/μL | 143000                  | 470             | 0.10             | 0.20             |

Colorant personnalisé (défini par l'utilisateur ; peut être modifié ou supprimé)

Colorants sélectionnés (figureront dans les listes Colorant 1 et Colorant 2 dans Paramétrage Microarray ou Paramétrage Protéines et marqueurs)

Appuyez sur ce bouton pour fermer l'Éditeur Colorant/Chrom.

Done

2015-5-28 13:44:10

Les opérations suivantes sont disponibles à partir de l'Éditeur Colorant/Chrom.

### Ajouter ou supprimer un colorant

Pour ajouter ou supprimer un colorant de la liste déroulante Colorant 1 ou Colorant 2 dans Paramétrage Microarray ou Paramétrage Protéines et marqueurs :

- Sélectionnez ou désélectionnez la case à cocher correspondante.

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

### Ajouter un colorant personnalisé

- Appuyez sur pour afficher la boîte Nouveau colorant.
- Saisissez un **Nom** unique pour le nouveau colorant (appuyez sur le champ pour afficher le clavier, appuyez sur **Terminé** pour fermer le clavier).
- Sélectionnez l'**Unité** par défaut qui sera utilisée pour afficher la concentration du colorant.
- Saisissez le **Coefficient d'extinction** (ou constante d'absorptivité molaire) en l/mole-cm (il est normalement fourni par le fabricant du colorant).
- Spécifiez la **Longueur d'onde** en nm (comprise entre 450 nm et 700 nm) qui sera utilisée pour mesurer l'absorbance du colorant.
- Spécifiez les valeurs de correction du colorant à 260 nm et 280 nm.
- Appuyez sur **Ajouter colorant**.

**Remarque** Pour déterminer les valeurs de correction du colorant (si elles ne sont pas disponibles auprès de son fabricant) :

- utilisez l'instrument pour mesurer le colorant pur et notez l'absorbance à 260 nm, 280 nm et à la longueur d'onde de l'analyse pour le colorant (voir ci-dessous) ;
- calculez le rapport  $A_{260}/A_{\text{longueur d'onde du colorant}}$  et saisissez la valeur obtenir pour la Correction à 260 nm.
- calculez le rapport  $A_{280}/A_{\text{longueur d'onde du colorant}}$  et saisissez la valeur obtenir pour la Correction à 280 nm.

Lorsqu'un colorant personnalisé est sélectionné avant une mesure, les valeurs d'absorbance et de concentration de ce colorant sont rapportées et les corrections sont appliquées aux valeurs d'absorbance de l'échantillon mesuré, et aux concentration et rapports de pureté obtenus.

### Modifier un colorant personnalisé

**Conseil** Il n'est pas possible de modifier les colorants qui sont prédéfinis dans le logiciel.

- Appuyez pour sélectionner un colorant personnalisé.
- Appuyez sur .



- Modifiez des entrées ou des paramètres.
- Appuyez sur **Enregistrer colorant**.

### Supprimer un colorant personnalisé

**Conseil** Il n'est pas possible de supprimer les colorants qui sont prédéfinis dans le logiciel.

- Appuyez pour sélectionner un colorant personnalisé.
- Appuyez sur .

**AVIS** Supprimer un colorant personnalisé supprime de manière définitive ce colorant et toutes les informations associées du logiciel.

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

## Calculs pour les mesures avec Microarray

Comme avec d'autres applications relatives aux acides nucléiques, l'application Microarray utilise pour calculer la concentration des échantillons une [modification de l'équation de Beer-Lambert](#) dans laquelle le coefficient d'extinction et la longueur du trajet optique sont combinés en un « facteur ». L'application Microarray offre six options (indiquées ci-contre) pour sélectionner un facteur approprié pour chaque échantillon mesuré, à utiliser en conjonction avec la Loi de Beer pour calculer la concentration de l'échantillon.

Si le facteur est connu, choisissez l'option Facteur personnalisé et saisissez le facteur en ng-cm/μl. Sinon, choisissez l'option qui correspond le mieux à la solution d'échantillon.

**Conseil** : de manière idéale, le facteur ou le coefficient d'extinction devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution de l'acide nucléique à l'étude d'une concentration connue utilisant le même tampon.

### Options disponibles pour les facteurs

- **ADNdb** (facteur = 50 ng-cm/μl)
- **ADNsb** (facteur = 33 ng-cm/μl)
- **ARN** (facteur = 40 ng-cm/μl)
- **Oligo ADN** (calculé à partir de la séquence de nucléotides d'ADN saisie par l'utilisateur)
- **Oligo ARN** (calculé à partir de la séquence de nucléotides d'ARN saisie par l'utilisateur)
- **Facteur personnalisé** (facteur saisi par l'utilisateur compris entre 15 ng-cm/μl et 150 ng-cm/μl)

**Remarque** : pour plus d'informations, reportez-vous à [Type d'échantillon](#).

Les concentrations d'acides nucléiques calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 260 nm, le facteur utilisé et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de la ligne de base en un point unique (ou correction de l'analyse) peut aussi être appliquée.

La concentration est exprimée en unités de masse. Sur Internet, des calculateurs permettent de convertir la concentration exprimée en unités de masse en unités molaires sur la base de la séquence de l'échantillon.

Les valeurs d'absorbance à 260 nm, 280 nm et parfois 230 nm sont utilisées pour calculer les rapports de pureté pour les échantillons d'acides nucléiques mesurés. Les rapports de pureté sont sensibles à la présence de contaminants dans l'échantillon, notamment aux résidus des solvants et réactifs normalement utilisés pendant la purification des échantillons.

## Valeurs mesurées

### Absorbance A260

**Remarque :** la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite de toutes les longueurs d'onde du spectre. Résultat, l'absorbance à 750 nm est égale à zéro dans les spectres affichés. De plus, pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

- Les valeurs d'absorbance des acides nucléiques pour tous les [types d'échantillon](#) Microarray sont mesurées à 260 nm en utilisant le spectre corrigé à 750 et normalisé.
- Si [Correction de l'analyse](#) est sélectionné, la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction est soustraite de l'absorbance à 260 nm.
- Si un ou plusieurs colorants sont sélectionnés, les [valeurs de correction des colorants](#) à 260 nm sont également soustraites de l'absorbance à 260 nm.
- L'absorbance corrigée finale à 260 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration de l'échantillon.

### Absorbance A280

- La valeur d'absorbance corrigée à 750 et normalisée à 280 nm (moins la correction du colorant A280) est utilisée pour calculer un rapport A260/A280.

Les concentrations de colorant sont calculées à partir de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde d'analyse du colorant, du coefficient d'extinction du colorant et de la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction du colorant sous forme de droite en pente peut aussi être utilisée.

### Absorbance du colorant

- Les valeurs d'absorbance de colorant sont mesurées à des longueurs d'onde spécifiques. Reportez-vous à [Éditeur Colorant/Chrom.](#) pour les longueurs d'onde d'analyse utilisées.
- Si Correction de la pente du colorant est sélectionné, une ligne de base linéaire est tracée entre 400 nm et 750 nm et, pour chaque colorant, la valeur d'absorbance de la ligne de base en pente est soustraite de la valeur d'absorbance à chaque longueur d'onde d'analyse du colorant. Les valeurs d'absorbance du colorant corrigées en fonction de la ligne de base sont rapportées et utilisées pour calculer les concentrations en colorant.

### Correction des colorants

- Les colorants prédéfinis ont des valeurs de correction pour A260 et A280. Pour les valeurs de correction utilisées, reportez-vous à [Éditeur Colorant/Chrom.](#)
- Les corrections de colorant A260 sont soustraites de la [valeur d'absorbance A260](#) utilisée pour calculer la concentration en acides nucléiques et de la valeur d'absorbance A260 utilisée pour calculer le [Rapport de pureté A260/A280](#).

### Longueur du trajet optique de l'échantillon

- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

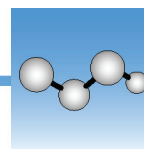
### Valeurs rapportées

- **Concentration en acides nucléiques.** Rapportée dans l'unité sélectionnée (par ex. : ng/μl, μg/μl ou μg/ml). Les calculs sont basés sur l'équation de la Loi de Beer modifiée qui utilise la valeur d'absorbance corrigée des acides nucléiques.
- **Rapport de pureté A260/A280.** Rapport de l'absorbance corrigée à 260 nm sur l'absorbance corrigée à 280 nm. Un rapport de pureté A260/A280 d'environ 1,8 est normalement accepté comme « pur » pour l'ADN (environ 2,0 pour l'ARN). Les solutions acides peuvent sous-représenter la valeur rapportée de 0,2 à 0,3 ; l'opposé est vrai pour les solutions basiques.
- **Concentration Colorant 1/Colorant 2.** Rapportée en pmol/μl. Les calculs sont basés sur l'équation de la Loi de Beer en utilisant la ou les valeurs d'absorbance du colorant corrigées en fonction de la ligne de base (pente).

**Remarque :** bien que les rapports de pureté soient des indicateurs importants de la qualité des échantillons, le meilleur indicateur de qualité d'ADN ou d'ARN est la fonctionnalité dans l'application d'intérêt en aval (par ex., Microarray).

### Sujets similaires

- [Calculs pour les mesures d'acides nucléiques](#)



## Mesurer en utilisant un facteur personnalisé

Mesure la concentration d'acides nucléiques purifiés en utilisant un facteur personnalisé pour les calculs.

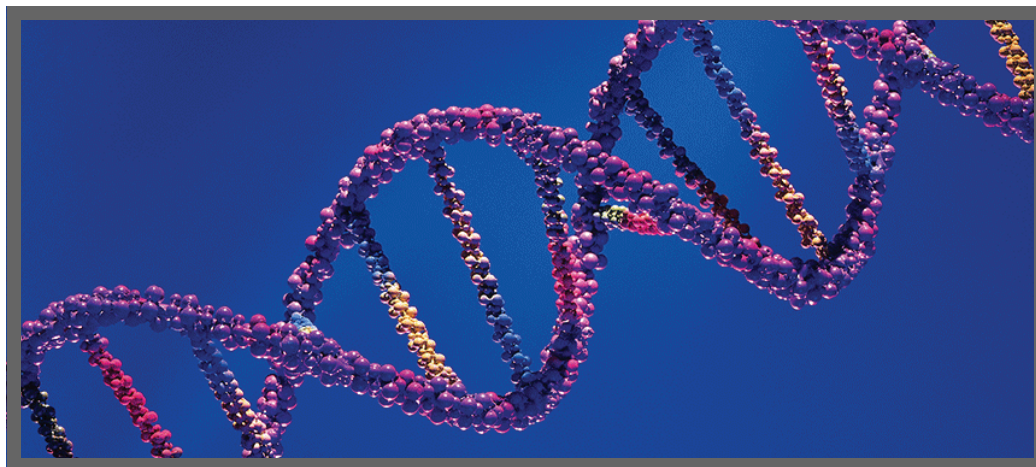
Mesure Facteur personnalisé

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection

Calculs



## Mesurer des acides nucléiques en utilisant un facteur personnalisé

Utilisez l'application Facteur personnalisé pour quantifier les échantillons d'ADN ou d'ARN purifiés qui absorbent à 260 nm avec un facteur ou un coefficient d'extinction défini par l'utilisateur. L'application rapporte la concentration en acide nucléique et deux rapports d'absorbance ( $A_{260}/A_{280}$  et  $A_{260}/A_{230}$ ). Une correction de la ligne de base en un point unique peut aussi être utilisée.

## Mesurer des échantillons d'acides nucléiques en utilisant un facteur personnalisé

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

#### ❖ Mesurer en utilisant un facteur personnalisé

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Acides nucléiques** et appuyez sur **Facteur personnalisé**.
2. Saisissez le **Facteur** à utiliser pour les calculs et spécifiez, le cas échéant, une [Correction de la ligne de base](#).
3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

**Conseil :** si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

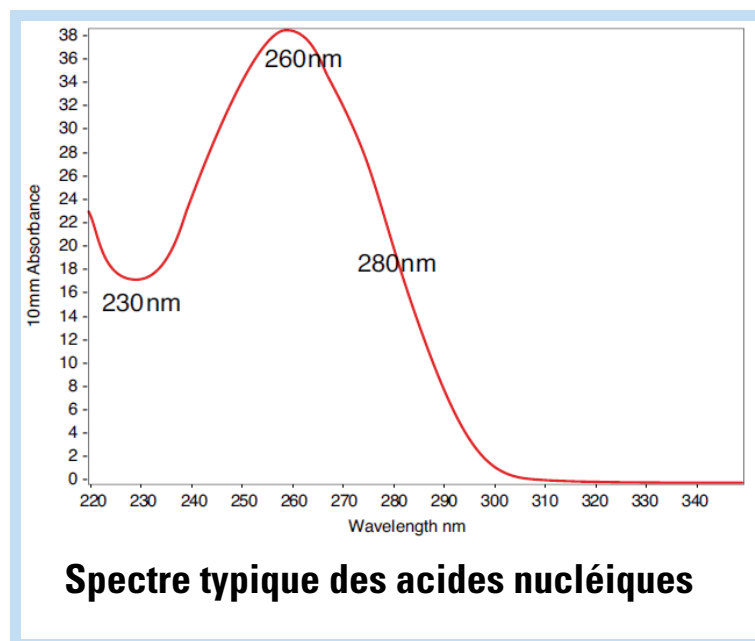
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil :** si [Blanc automatique](#) est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 1 à 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si [Mesure automatique](#) est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**.

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).

8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



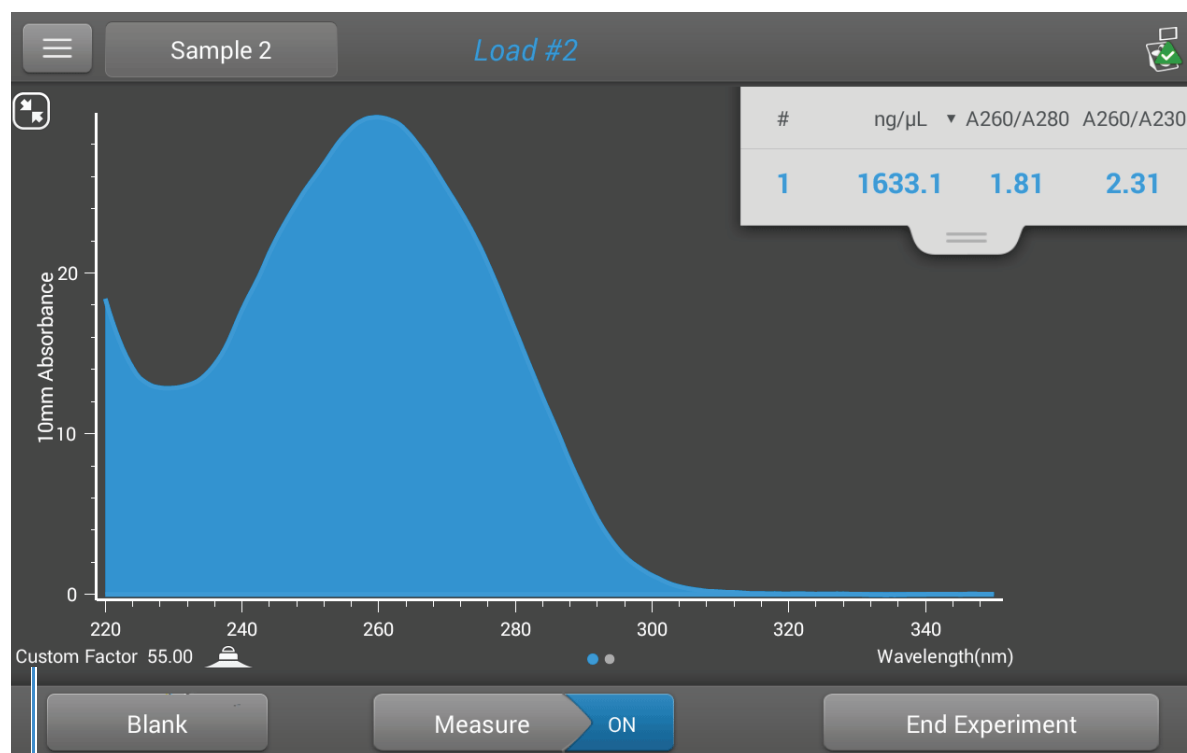
### **Sujets similaires**

- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
  - [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
  - [Meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#)
  - [Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#)
  - [Préparer les échantillons et les blancs](#)
  - [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- 

## Résultats rapportés par Facteur personnalisé

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :

**Remarque** L'écran de mesure Facteur personnalisé est identique à l'écran de mesure des autres applications relatives aux acides nucléiques, si ce n'est que le Facteur personnalisé figure dans le coin inférieur gauche (reportez-vous à l'illustration ci-dessous).



Facteur personnalisé utilisé pour calculer la concentration en acides nucléiques

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Nucleic Acid Reported Results](#)
- [Calculs des acides nucléiques](#)



## Paramètres pour les mesures d'acides nucléiques utilisant un facteur personnalisé

Pour afficher les paramètres de Facteur personnalisé, appuyez sur  > **Paramétrage**  
**Facteur personnalisé.**

| Paramètre                      | Options disponibles                                                                                                                                 | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|--------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Facteur personnalisé           | Saisissez une valeur entière comprise entre 15 ng-cm/μl et 150 ng-cm/μl                                                                             | <p>Constante utilisée pour calculer la concentration en acides nucléiques dans l'<a href="#">équation modifiée de la Loi de Beer</a>. Elle est basée sur le coefficient d'extinction et la longueur du trajet optique :</p> $f = 1/(\epsilon_{260} * b)$ <p>Où :</p> <p><b>f</b> = facteur</p> <p><b>ε</b> = coefficient d'extinction molaire à 260 nm en ng-cm/μl</p> <p><b>b</b> = <a href="#">longueur du trajet optique de l'échantillon</a> en cm (1 cm pour les acides nucléiques mesurés avec les instruments NanoDrop One)</p> |
| Correction de la ligne de base | <p>Activé ou Désactivé</p> <p>Saisissez la longueur d'onde de la correction de la ligne de base en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm)</p> | <p>Corrige les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant l'absorbance mesurée à la longueur d'onde de correction de la ligne de base des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée.</p>                                                                                                                       |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

## Limites de détection pour les mesures d'acides nucléiques utilisant un facteur personnalisé

Les limites de détection inférieures et les caractéristiques de reproductibilité des acides nucléiques sont fournies [ici](#). Les limites de détection supérieures dépendent de la [limite d'absorbance supérieure](#) de l'instrument et des coefficients d'extinction définis par l'utilisateur.

## Calcul des limites de détection supérieures pour les échantillons d'acides nucléiques

Pour calculer les limites de détection supérieures en ng/μl, utilisez l'équation suivante :

$$(\text{limite d'absorbance supérieure}_{\text{instrument}} * \text{coefficient d'extinction}_{\text{échantillon}})$$

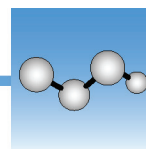
Par exemple, pour une mesure d'échantillon utilisant un coefficient d'extinction de 55, l'équation ressemble à ce qui suit :

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

**Remarque** Pour les mesures effectuées avec des cuvettes d'une longueur de trajet optique de 10 mm, la limite d'absorbance supérieure est de 1,5 AU, ce qui correspond à approximativement 75 ng/μl pour l'ADNdb.

### Sujets similaires

- [Limites de détection pour toutes les applications](#)



## Mesure Oligo ADN ou Oligo ARN

Mesure la concentration d'oligonucléotides d'ADNs ou d'ARN purifiés qui absorbent à 260 nm.

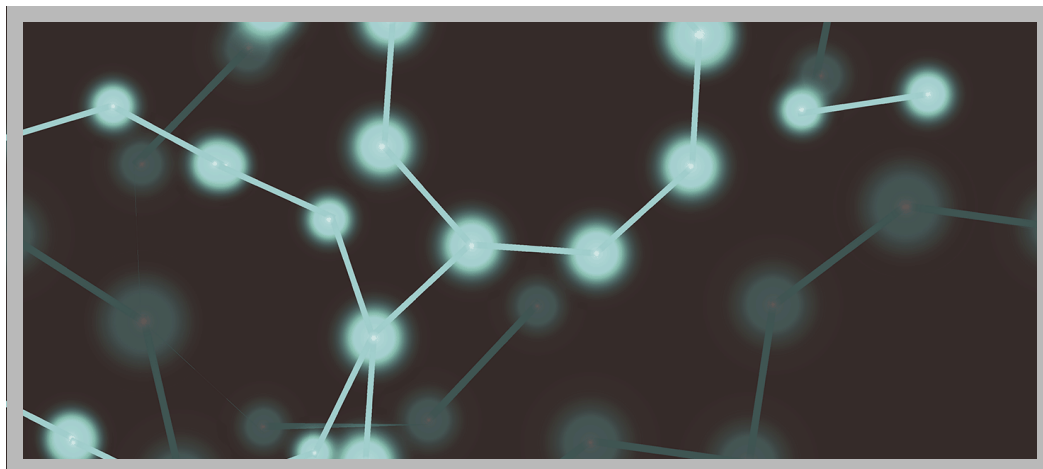
Mesure Oligo ADN ou Oligo ARN

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection

Calculs



## Mesure Oligo ADN ou Oligo ARN

Utilisez les applications Oligo ADN et Oligo ARN pour quantifier les oligonucléotides qui absorbent à 260 nm. Les coefficients d'extinction molaires sont calculés automatiquement sur la base de la séquence de bases de l'échantillon définie par l'utilisateur. Ces applications rapportent la concentration en acides nucléiques et deux rapports d'absorbance ( $A_{260}/A_{280}$  et  $A_{260}/A_{230}$ ). Une correction de la ligne de base en un point unique peut aussi être utilisée.

**Remarque** Si l'oligonucléotide a été modifié, par exemple avec un colorant fluorophore, renseignez-vous auprès du fabricant de l'oligo pour déterminer si la modification contribue à l'absorbance à 260 nm. Si tel est le cas, nous vous recommandons d'utiliser l'application [Microarray](#) pour mesurer la concentration en acides nucléiques. L'application Microarray inclut une correction permettant de supprimer toute contribution à l'absorbance due au colorant du résultat de la quantification Oligo.

## Mesurer des échantillons avec Oligo ADN ou Oligo ARN

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer un échantillon d'oligonucléotides

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Acides nucléiques** et appuyez sur **Oligo ADN** ou **Oligo ARN**, selon les besoins.
2. Spécifiez la **Séquence de bases Oligo** et, le cas échéant, une **Correction de la ligne de base**.
3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

**Conseil** : si vous utilisez une cuvette, veillez à **aligner le trajet optique de la cuvette** avec celui de l'instrument.

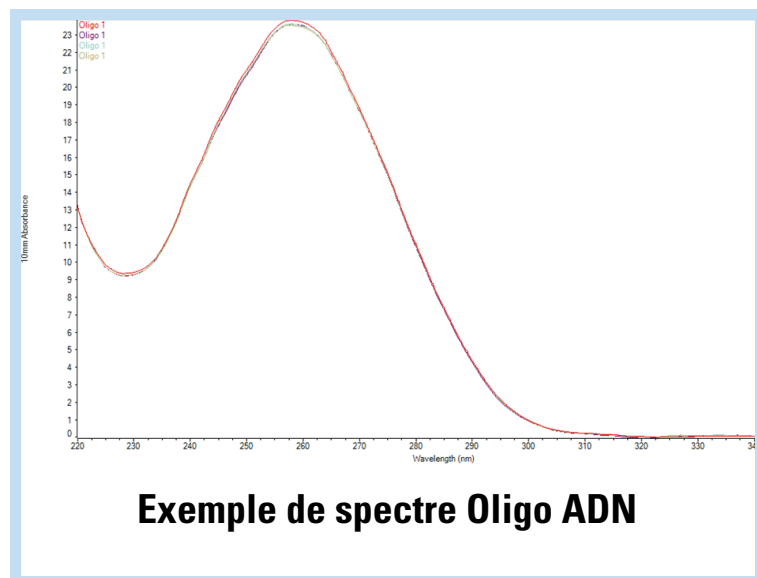
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil** : si **Blanc automatique** est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 1 à 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si **Mesure automatique** est Activé, abaissez le bras ; si **Mesure automatique** est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**.

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).

8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



**Exemple de spectre Oligo ADN**

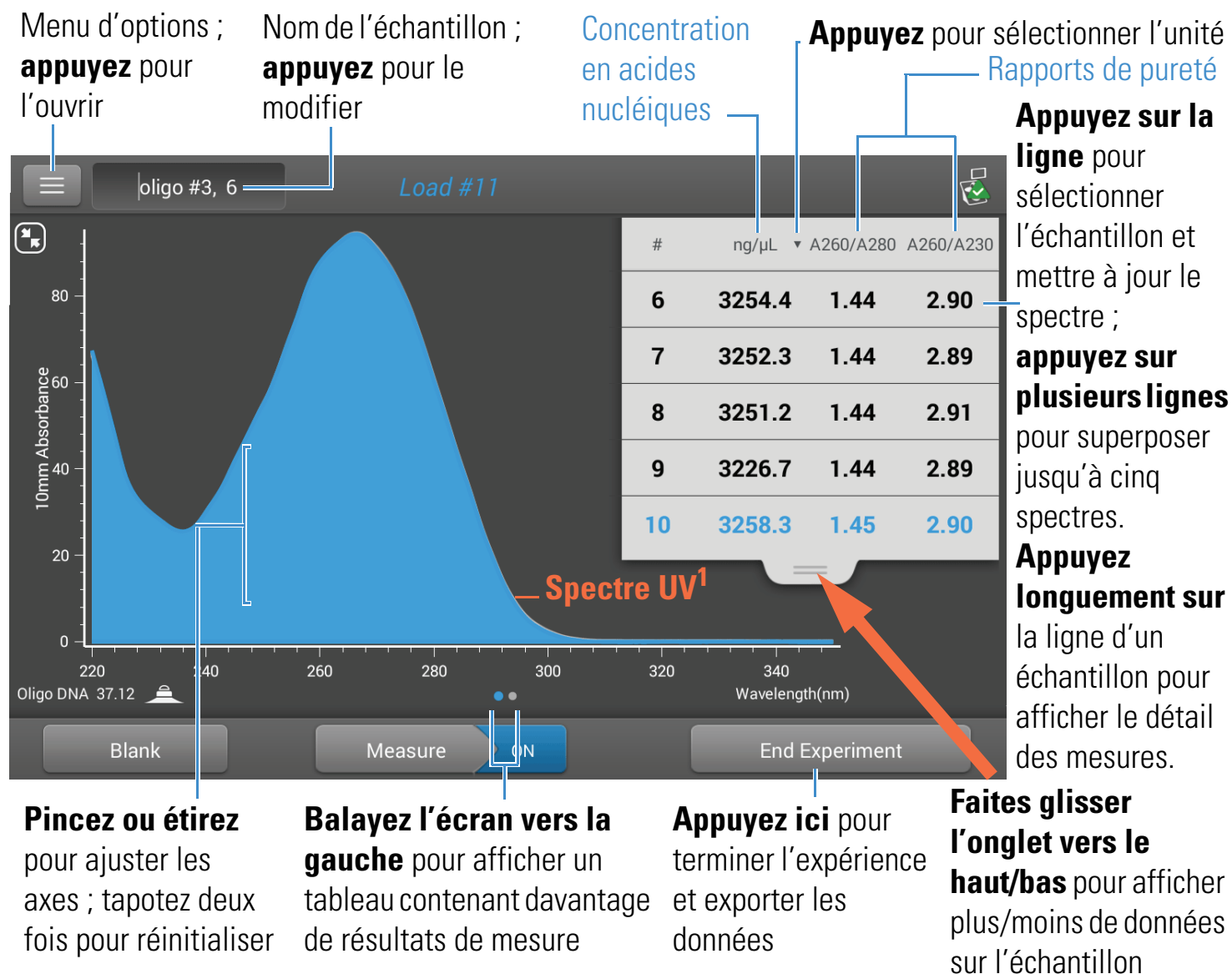
### **Sujets similaires**

- [Meilleures pratiques pour les mesures d'acides nucléiques](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par Oligo

### Écran de mesure d'Oligo ADN

Pour chaque échantillon mesuré, les applications Oligo ADN et Oligo ARN montrent le spectre d'absorbance UV et un résumé des résultats. Voici un exemple :



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

**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par Oligo ADN et Oligo ARN

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

- Détails de l'échantillon (application et méthodes d'échantillonnage utilisées, par ex., socle ou cuvette)
- [Nom de l'échantillon](#)
- Créé le (date à laquelle la mesure de l'échantillon a été réalisée)
- [Concentration en acides nucléiques](#)
- [A260/A280](#)
- [A260/A230](#)
- [A260](#)
- [A280](#)
- [Facteur](#)
- [Séquence Oligo](#)
- [Correction de la ligne de base](#)
- [État de l'agitateur](#)

**Remarque** Les cinq nucléotides qui constituent l'ADN et l'ARN présentent des rapports A260/A280 qui varient considérablement. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Rapports de pureté Oligo](#).

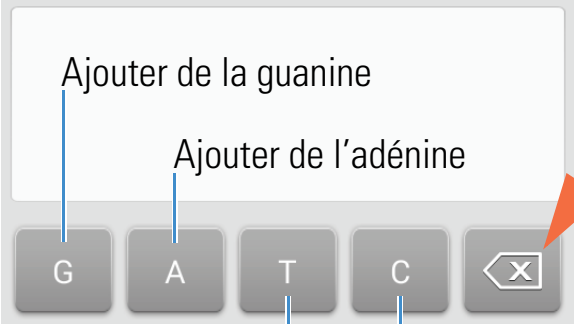
### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs des oligonucléotides](#)



## Paramètres des mesures ADN et Oligo ARN

L'écran de paramétrage Oligo s'affiche lorsque vous sélectionnez l'application Oligo ADN ou Oligo ARN à partir de l'onglet Acides nucléiques sur l'écran Page d'accueil. Pour afficher les paramètres Oligo depuis l'écran de mesure Oligo ADN ou Oligo ARN, appuyez sur  >  **Paramétrage Oligo ADN** (ou  **Paramétrage Oligo ARN**).

| Paramètre               | Options disponibles                                                                                                                                                                                   | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|-------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Séquence de bases Oligo | <p>Pour l'ADN : Utilisez les touches G, A, T et C pour spécifier la séquence de bases de l'ADN</p> <p>Pour l'ARN : Utilisez les touches G, A, U et C pour spécifier la séquence de bases de l'ARN</p> | <p>Spécifiez votre séquence de bases d'ADN ou d'ARN en touchant les touches correspondantes :</p> <div></div> <p>À chaque fois qu'une base est ajoutée à la séquence, le logiciel calcule ce qui suit :</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Facteur.</b> Constante utilisée pour calculer la concentration en oligonucléotides dans l'équation modifiée de la Loi de Beer. Elle est basée sur le coefficient d'extinction et la longueur du trajet optique :</li></ul> $f = 1/(\epsilon_{260} * b)$ <p>Où :</p> <p><b>f</b>= facteur</p> <p><b>ε</b> = coefficient d'extinction molaire à 260 nm en ng-cm/μl</p> <p><b>b</b> = longueur du trajet optique de l'échantillon en cm (0,1 cm pour les acides nucléiques mesurés avec les instruments NanoDrop One)</p> |

| Paramètre                      | Options disponibles                                                                                                                          | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|--------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                |                                                                                                                                              | <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Poids moléculaire</b> des oligonucléotides calculés à partir de la séquence de bases définie par l'utilisateur.</li> <li>• <b>Nombre de bases</b> saisi.</li> <li>• <b>Coefficient d'ext. molaire (260 nm)</b>. Coefficient d'extinction molaire (en ng-cm/μl) à 260 nm calculé à partir de la séquence de bases saisie.</li> <li>• <b>% GC</b>. Pourcentage de résidus de guanine et cytosine dans le nombre total de bases saisi.</li> </ul> |
| Correction de la ligne de base | Activé ou Désactivé<br><br>Saisissez la longueur d'onde de la correction de la ligne de base en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm) | Corrige les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant l'absorbance mesurée à la longueur d'onde de correction de la ligne de base des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée.                                                                                  |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

## Limites de détection pour les mesures Oligo ADN et Oligo ARN

Les limites de détection inférieures et les caractéristiques de reproductibilité pour les types d'échantillons d'oligonucléotides (ADNsb et ARN) sont indiquées [ici](#). Les limites de détection supérieures dépendent de la [limite d'absorbance supérieure](#) de l'instrument et des coefficients d'extinction pour les [séquences de bases](#) définies par l'utilisateur.

## Calcul des limites de détection supérieures pour les échantillons d'acides nucléiques

Pour calculer les limites de détection supérieures en ng/μl, utilisez l'équation suivante :

$$(\text{limite d'absorbance supérieure}_{\text{instrument}} * \text{coefficient d'extinction}_{\text{échantillon}})$$

Par exemple, pour une mesure d'échantillon utilisant un coefficient d'extinction de 55, l'équation ressemble à ce qui suit :

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

**Remarque** Pour les mesures effectuées avec des cuvettes d'une longueur de trajet optique de 10 mm, la limite d'absorbance supérieure est de 1,5 AU, ce qui correspond à approximativement 75 ng/μl pour l'ADNdb.

### Sujets similaires

- [Limites de détection pour toutes les applications](#)

## Calculs pour les mesures Oligo ADN et Oligo ARN

Comme d'autres applications relatives aux acides nucléiques, les applications Oligo utilisent l'équation de Beer-Lambert pour corréler l'absorbance avec la concentration sur la base du coefficient d'extinction et de la longueur du trajet optique de l'échantillon. Étant donné que les oligonucléotides sont des molécules à un brin courtes (ou des molécules plus longues de séquences se répétant), leur spectre et leur coefficient d'extinction ( $\epsilon$ ) sont étroitement dépendants de la composition et de la séquence de bases.

Les coefficients d'extinction et facteurs généralement acceptés pour l'ADN monobrin et l'ARN fournissent une estimation raisonnable pour les séquences naturelles, essentiellement randomisées, mais pas pour les séquences d'oligonucléotides synthétiques courtes. Pour que les résultats soient le plus précis possible, nous utilisons la valeur exacte de  $\epsilon_{260}$  pour calculer la concentration en oligonucléotides.

Le logiciel NanoDrop vous permet de spécifier la séquence de bases d'un oligonucléotide avant qu'il ne soit mesuré. Pour toute séquence de bases saisie, le logiciel utilise l'équation ci-contre à droite pour calculer le coefficient d'extinction.

**Conseil** : le coefficient d'extinction est spécifique de la longueur d'onde pour chaque oligonucléotide et peut être affecté par le type de tampon, la force ionique et le pH.

### Coefficients d'extinction pour les oligonucléotides

Le logiciel utilise la méthode du plus proche voisin et la formule suivante pour calculer les coefficients d'extinction molaires pour des séquences de bases d'oligonucléotides spécifiques :

$$\epsilon_{260} = \sum_{i=1}^{N-1} \epsilon_1 - \sum_{i=2}^{N-1} \epsilon_2 + \sum_{i=1}^N \epsilon_3$$

Où :

$\epsilon$  = coefficient d'extinction molaire en l/mole-cm

$\epsilon_1 = \epsilon_{\text{voisin le plus proche}}$

$\epsilon_2 = \epsilon_{\text{bases individuelles}}$

$\epsilon_3 = \epsilon_{\text{modifications, tels que les colorants fluorescents}}$

Les concentrations d'acides nucléiques calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 260 nm, le facteur utilisé et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de la ligne de base en un point unique (ou correction de l'analyse) peut aussi être appliquée.

La concentration est exprimée en unités de masse. Sur Internet, des calculateurs permettent de convertir la concentration exprimée en unités de masse en unités molaires sur la base de la séquence de l'échantillon.

Les valeurs d'absorbance à 260 nm, 280 nm et parfois 230 nm sont utilisées pour calculer les rapports de pureté pour les échantillons d'acides nucléiques mesurés. Les rapports de pureté sont sensibles à la présence de contaminants dans l'échantillon, notamment aux résidus des solvants et réactifs normalement utilisés pendant la purification des échantillons.

## Valeurs mesurées

### Absorbance A260

**Remarque :** Pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

- Les valeurs d'absorbance des acides nucléiques sont mesurées à 260 nm en utilisant le spectre normalisé. Il s'agit de la valeur A260 rapportée si Correction de la ligne de base n'est pas sélectionné.
- Si [Correction de la ligne de base](#) est sélectionné, la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction est soustraite de l'absorbance de l'échantillon à 260 nm. L'absorbance corrigée à 260 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration en acides nucléiques.

### Absorbance A230, A280

- Les valeurs d'absorbance normalisées à 230 nm, 260 nm et 280 nm sont utilisées pour calculer les rapports A260/A230 et A260/A280.

### Longueur du trajet optique de l'échantillon

- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

Les cinq nucléotides qui constituent l'ADN et l'ARN présentent des rapports A260/A280 qui varient considérablement. Les rapports A260/A280 estimés pour chaque nucléotide mesuré de manière indépendante sont fournis ci-dessous :

Guanine : 1,15  
Adénine : 4,50  
Cytosine : 1,51  
Uracile : 4,00  
Thymine : 1,47

Le rapport A260/A280 pour une séquence d'acide nucléique spécifique est approximativement égal à la moyenne pondérée des rapports A260/A280 pour les quatre nucléotides présents.

**Remarque :** l'ARN aura normalement un rapport 260/280 plus élevé à cause du rapport plus élevé de l'uracile par rapport à celui de la thymine.

### Valeurs rapportées

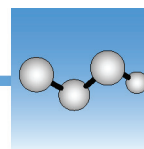
- **Concentration en acides nucléiques.** Rapportée dans l'unité sélectionnée (par ex. : ng/μl, μg/μl ou μg/ml). Les calculs sont basés sur l'équation de la Loi de Beer modifiée qui utilise la valeur d'absorbance corrigée des acides nucléiques.
- **Rapport de pureté A260/A280.** Rapport de l'absorbance corrigée à 260 nm sur l'absorbance corrigée à 280 nm.
- **Rapport de pureté A260/A230.** Rapport de l'absorbance corrigée à 260 nm sur l'absorbance corrigée à 230 nm.

**Remarque :** Les rapports de pureté traditionnels (A260/A280 et A260/A230), qui sont utilisés comme des indicateurs de la présence de divers contaminants dans les échantillons d'acides nucléiques, ne s'appliquent pas dans le cas des oligonucléotides dont la forme du spectre dépend grandement des compositions de bases. Pour plus d'informations, voir dans la marge.

### Sujets similaires

- [Calculs pour les mesures d'acides nucléiques](#)





## Mesure Protéine A280

Mesure la concentration de populations de protéines purifiées qui absorbent à 280 nm.

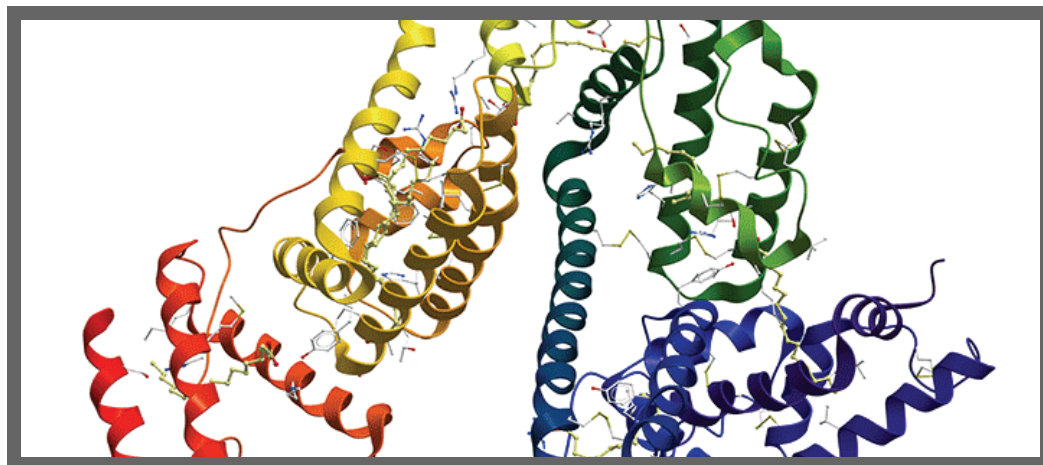
[Mesure Protéine A280](#)

[Résultats rapportés](#)

[Paramètres](#)

[Limites de détection](#)

[Calculs](#)



## Mesure de la concentration protéique à A280

Utilisez l'application Protéine A280 pour mesurer des populations de protéines purifiées qui contiennent des acides aminés tels que du tryptophane ou de la tyrosine, ou des liaisons disulfures, qui absorbent à 280 nm. Cette application indique la concentration protéique mesurée à 280 nm et un rapport d'absorbance ( $A_{260}/A_{280}$ ). Une correction de la ligne de base en un point unique peut aussi être utilisée. Cette application ne requiert pas de courbe d'étalonnage.

**Remarque** Si vos échantillons contiennent principalement des liaisons peptidiques et peu ou pas d'acides aminés, utilisez l'application [Protéine A205](#) au lieu de Protéine A280.

## Mesurer des échantillons avec Protéine A280

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).



### ❖ Mesurer un échantillon avec Protéine A280

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines** et appuyez sur **Protéine A280**.
2. Spécifiez un **type d'échantillon** et, le cas échéant, la **correction de la ligne de base**.
3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

**Conseil :** si vous utilisez une cuvette, veillez à **aligner le trajet optique de la cuvette** avec celui de l'instrument.

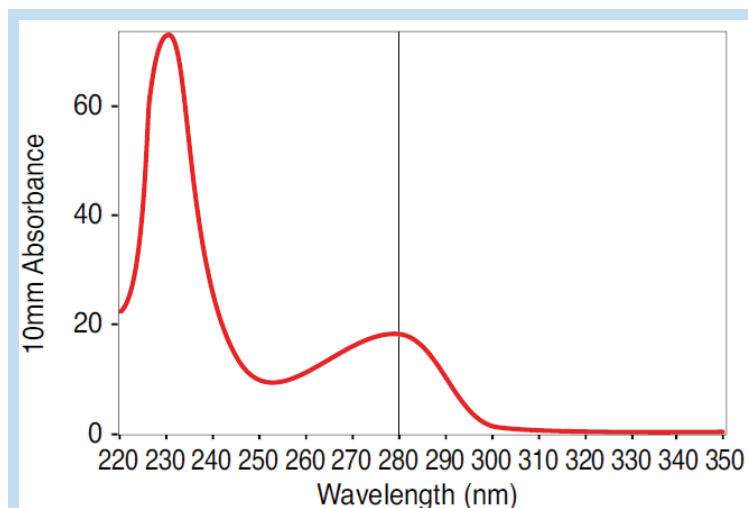
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil :** si **Blanc automatique** est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

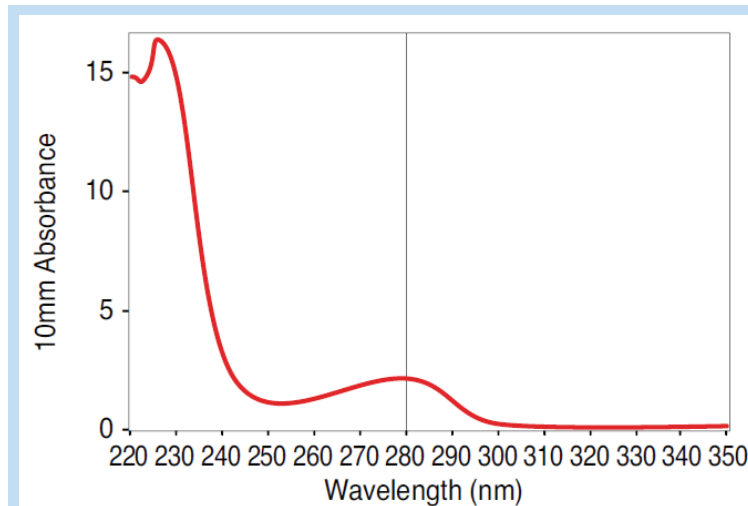
5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si **Mesure automatique** est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).

8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



**Échantillon de BSA de concentration élevée**



**Échantillon de BSA de concentration basse**

## Meilleures pratiques pour les mesures de protéines

- Isolez et purifiez les échantillons de protéines avant la mesure pour éliminer les impuretés. Selon l'échantillon, les impuretés peuvent consister en de l'ADN, de l'ARN et certains composants de la solution tampon. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Préparation des échantillons](#).

**Remarque** Les réactifs d'extraction qui contribuent à l'absorbance entre 200 nm et 280 nm influenceront sur les résultats de mesure s'ils sont présents dans les échantillons (même en quantités résiduelles).

- Vérifiez que l'absorbance de l'échantillon est comprise dans les [limites de détection d'absorbance](#) de l'instrument.
- Choix d'un blanc :
  - Pour les applications Protéine A280, Protéine A205 et Protéines et marqueurs, faites le blanc avec la même solution tampon que celle utilisée pour remettre en suspension l'analyte d'intérêt. La solution à blanc doit être d'un pH et d'une force ionique similaires à ceux de la solution d'analyte.
  - Pour les applications Protéine BCA, Protéine Bradford et Protéine Lowry, faites le blanc avec de l'eau déminéralisée (DI H<sub>2</sub>O).
  - Pour l'application Protéine Pierce 660, faites le blanc avec la solution de référence utilisée pour réaliser la courbe d'étalonnage (la solution de référence ne devrait contenir aucun des stocks de protéines d'étalonnage). Pour plus d'informations, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#).
- Exécutez un [cycle de blanc](#) pour évaluer la contribution de votre solution tampon à l'absorbance. Si le tampon montre une forte absorbance à ou près de la longueur d'onde de l'analyse (normalement 280 nm ou 205 nm), il est possible que vous deviez choisir un tampon ou une application différents, par exemple un dosage colorimétrique (par exemple, BCA ou Pierce 660). Pour plus d'informations, reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#).

**Remarque** Les tampons tels que le Triton X, le RIPA et le NDSB contribuent de manière significative à l'absorbance et ne sont pas compatibles avec les mesures A280 ou A205 directes.

- Pour les mesures de micro-volumes :
  - Vérifiez que les surfaces du socle ont été [nettoyées](#) et [conditionnées](#) correctement (les protéines ont tendance à coller aux surfaces du socle).
  - Mélangez les échantillons au vortex délicatement (mais complètement) avant de prendre une mesure. Évitez d'introduire des bulles lors du mélange et du pipetage.
  - Suivez les [meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#).
  - Utilisez un volume d'échantillon de 2 µl. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Volumes d'échantillon recommandés](#).

- Pour les mesures avec une cuvette (instruments NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement), utilisez des cuvettes compatibles et suivez les [meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#).

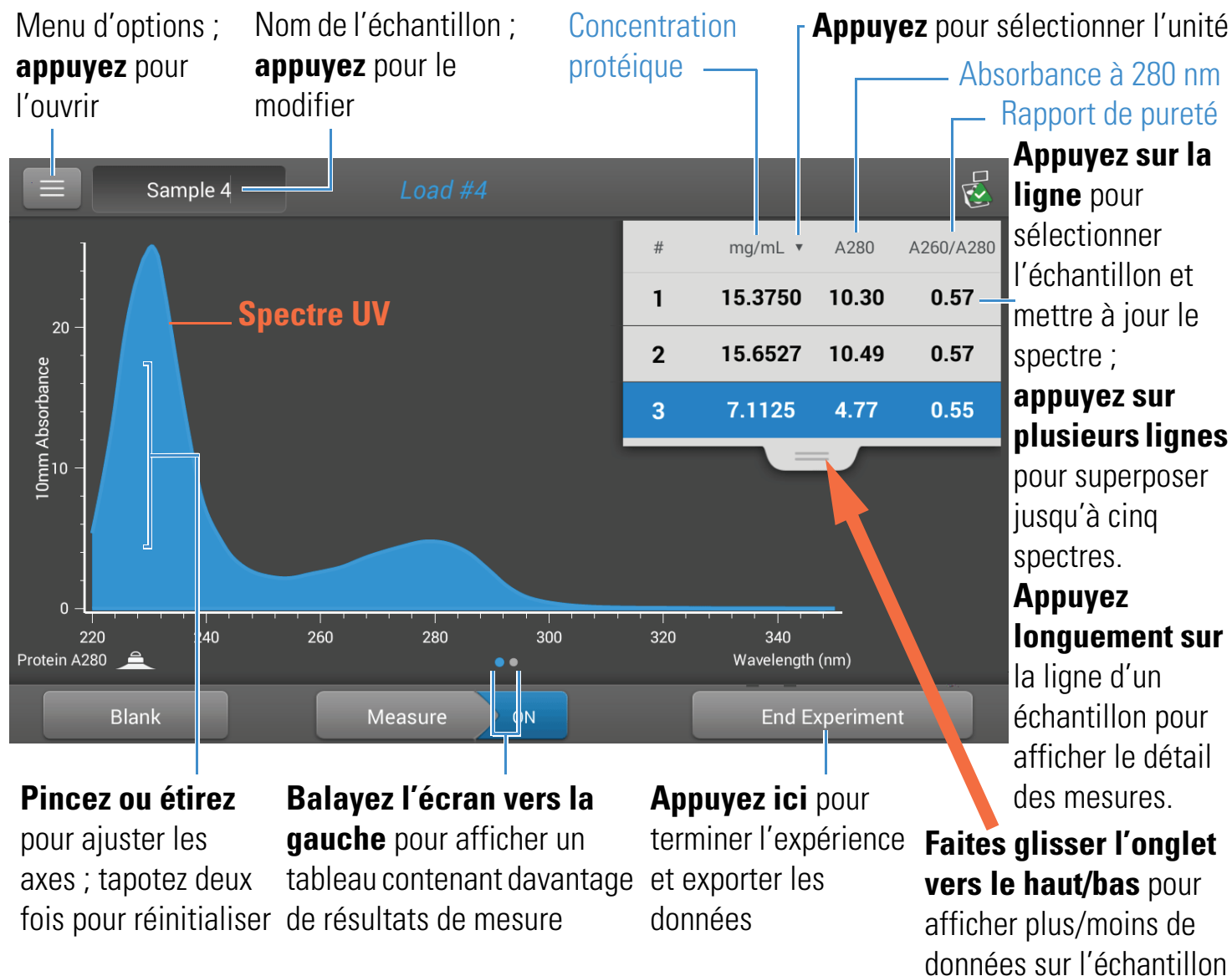
**Sujets similaires**

- [Meilleures pratiques pour les mesures de protéines](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par Protéine A280

### Écran de mesure de Protéine A280

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :



**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par Protéine A280

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

The screenshot shows the 'Sample Details' screen for 'Sample 3'. The interface is divided into two main sections: 'Sample Details' on the left and 'Protein A280' on the right. The 'Sample Details' section includes fields for 'Sample Name', 'Created on', 'Protein', 'A280', 'A260/A280', 'Sample type', and 'Baseline correction'. The 'Protein A280' section includes fields for 'Protein', 'A280', 'A260/A280', 'Sample type', and 'Baseline correction'. The 'Sample Name' field is labeled 'Sample 3'. The 'Created on' field shows '9/17/2015 10:07:57 AM'. The 'Protein' field shows '7.1125 mg/mL'. The 'A280' field shows '4.77'. The 'A260/A280' field shows '0.55'. The 'Sample type' field shows 'BSA'. The 'Baseline correction' field shows '340.00 nm' and '0.15 absorbance'. The 'OK' button is at the bottom center. The 'Sample Name' field is labeled 'Sample 3'.

Annotations and labels:

- Application**: Points to the 'Protein A280' tab.
- Méthode d'échantillonnage**: Points to the 'Pedestal' tab.
- Nom de l'échantillon ; appuyez pour le modifier**: Points to the 'Sample Name' field.
- Date/heure de la mesure**: Points to the 'Created on' field.
- Conc. protéique**: Points to the 'Protein' field.
- Absorbance à 280 nm**: Points to the 'A280' field.
- Rapport de pureté**: Points to the 'A260/A280' field.
- Type d'échantillon**: Points to the 'Sample type' field.
- Longueur d'onde de correction de la ligne de base**: Points to the '340.00 nm' field.
- Absorbance avec correction de la ligne de base**: Points to the '0.15 absorbance' field.

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs de Protéine A280](#)

## Paramètres des mesures Protéine A280

Pour afficher les paramètres de Protéine A280 depuis l'écran de mesure de Protéine A280, appuyez sur  > **Paramétrage Protéine A280**.

### Paramètres de Protéine A280

L'application Protéine A280 fournit tout un éventail d'options de types d'échantillon pour l'analyse des protéines purifiées.

Chaque type d'échantillon applique un unique coefficient d'extinction aux calculs de protéines. Si le coefficient d'extinction de l'échantillon est connu, choisissez l'option **Ɛ** + PM (molaire) ou **Ɛ**1 % (de masse) et saisissez la valeur. Sinon, calculez le coefficient d'extinction ou choisissez l'option qui correspond le mieux à la solution d'échantillon. Si vous n'avez besoin que d'une estimation approximative de la concentration et ignorez le coefficient d'extinction de l'échantillon, sélectionnez l'option de type d'échantillon 1 Abs=1 mg/ml.

**Conseil** de manière idéale, le coefficient d'extinction devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution de la protéine à l'étude d'une concentration connue utilisant le même tampon.

| Paramètre                       | Options disponibles         | Coefficient d'ext. de masse (l/gm-cm) | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|---------------------------------|-----------------------------|---------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type d'échantillon <sup>a</sup> | 1 Abs = 1 mg/mL             | Référence générale                    | Recommandé lorsque le coefficient d'extinction est inconnu et qu'une estimation approximative de la concentration en protéines est acceptable pour une solution dépourvue d'autres substances interférant. Assume qu'une solution de protéines de 0,1 % (1 mg/ml) produit 1,0 A à 280 nm (avec une longueur de trajet optique de 10 mm), soit : <b>Ɛ</b> 1 % = 10.                                                                                    |
|                                 | Sérum albumine bovine (BSA) | 6,67                                  | Calcule la concentration en protéine BSA (Sérum albumine bovine) en utilisant un coefficient d'extinction de masse ( <b>Ɛ</b> ) de 6,67 l/gm-cm à 280 nm pour une solution de BSA de 1 % (soit 10 mg/ml). Si l'on assume que le PM est de 66 400 daltons (Da), le coefficient d'extinction molaire à 280 nm pour la BSA est d'approximativement 43 824 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> .                                                             |
|                                 | IgG                         | 13,7                                  | Adapté à la plupart des anticorps mammifères (c'est-à-dire pour l'immunoglobuline G ou IgG). Calcule la concentration protéique en utilisant un coefficient d'extinction de masse ( <b>Ɛ</b> ) de 13,7 l/gm-cm à 280 nm pour une solution d'IgG à 1 % (c'est-à-dire 10 mg/ml). Si l'on assume que le PM est de 150 000 Da, le coefficient d'extinction molaire à 280 nm pour l'IgG est d'approximativement 210 000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> . |

| Paramètre                      | Options disponibles                                                                                                                          | Coefficient d'ext. de masse (l/gm-cm)                                           | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|--------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                | Lysozyme                                                                                                                                     | 26,4                                                                            | Calcule la concentration protéique en utilisant un coefficient d'extinction de masse ( <b>E</b> ) de 26,4 l/gm-cm à 280 nm pour une solution de lysozyme à 1 % (c'est-à-dire 10 mg/ml). Assume que le coefficient d'extinction molaire pour le lysozyme du blanc d'œuf est compris entre 36 000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> et 39 000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> .                                                                                                                                                 |
|                                | Autre protéine ( <b>E</b> + PM)                                                                                                              | Coefficient d'extinction molaire et poids moléculaire saisis par l'utilisateur. | Assume que la protéine a un coefficient d'extinction molaire ( <b>E</b> ) et un poids moléculaire (MW) connus, où :<br>$(E_{\text{molaire}}) \cdot 10 = (E_{\text{pour cent}}) \cdot (MW_{\text{protéine}})$<br><br>Saisissez le PM en kilodaltons (kDa) et le coefficient d'extinction molaire ( <b>E</b> ) en M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> divisé par 1000 (soit <b>E</b> /1000). Par exemple, pour une protéine qui a un coefficient d'extinction molaire de 210 000 M <sup>-1</sup> cm <sup>-1</sup> , saisissez 210. |
|                                | Autre protéine ( <b>E</b> 1 %)                                                                                                               | Coefficient d'extinction de masse saisi par l'utilisateur                       | Assume que la protéine a un coefficient d'extinction de masse connu ( <b>E</b> ). Saisissez le coefficient d'extinction de masse en l/gm-cm pour une solution de protéines de 10 mg/ml ( <b>E</b> 1 %).                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Correction de la ligne de base | Activé ou Désactivé<br><br>Saisissez la longueur d'onde de la correction de la ligne de base en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm) | S/O                                                                             | Corrige les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant l'absorbance mesurée à la longueur d'onde de correction de la ligne de base des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée.                                                                                                                     |

<sup>a</sup> Pour ajouter ou modifier une protéine personnalisée, utilisez l'Éditeur Protéines.

## Éditeur Protéines

Utilisez l'Éditeur Protéines pour ajouter une protéine personnalisée à la liste des types d'échantillon de protéines disponibles dans [Paramétrage Protéine A280](#) et [Paramétrage Protéines et marqueurs](#).

Pour afficher l'Éditeur Protéines :

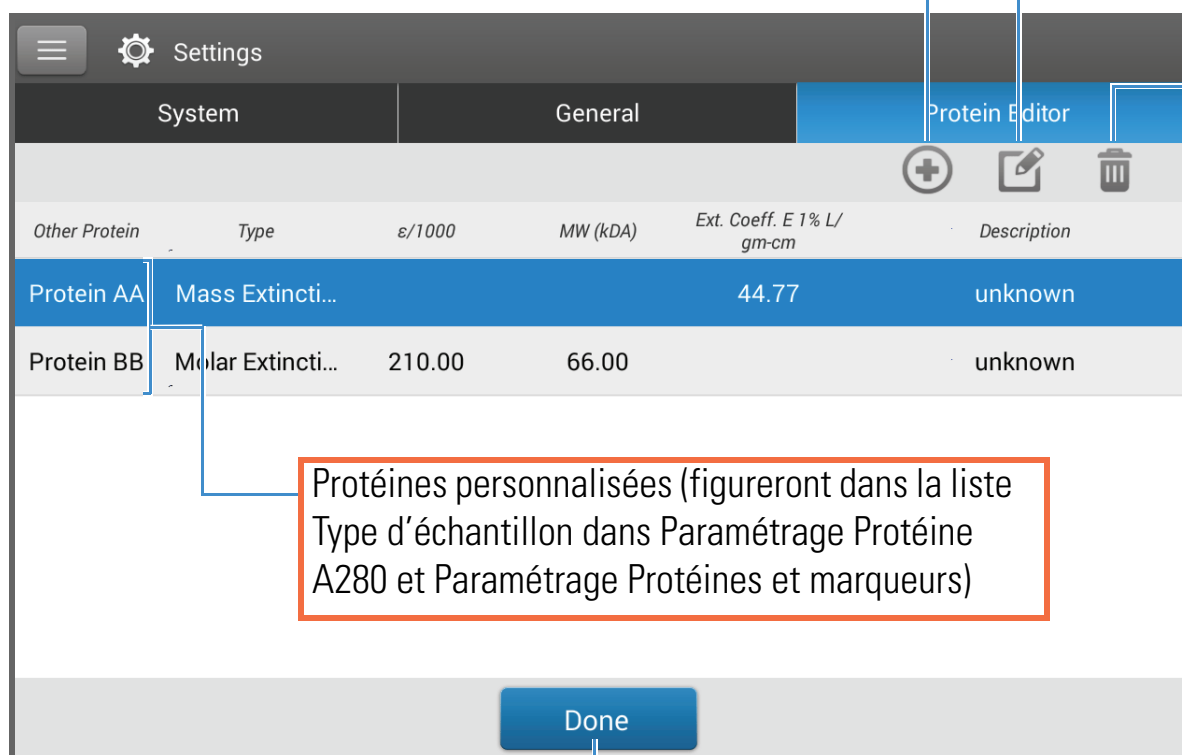
- Depuis l'écran Page d'accueil, appuyez sur  > **Éditeur Protéines**.
- Depuis l'écran de mesure Protéine A280 ou Protéines et marqueurs, appuyez sur  >  **Paramètres** > **Éditeur Protéines**.

## Éditeur Protéines

**Appuyez** ici pour ajouter une protéine personnalisée

**Appuyez** ici pour modifier la protéine personnalisée sélectionnée

**Appuyez** ici pour supprimer la protéine personnalisée sélectionnée



**Appuyez sur** ce bouton pour fermer l'Éditeur Protéines

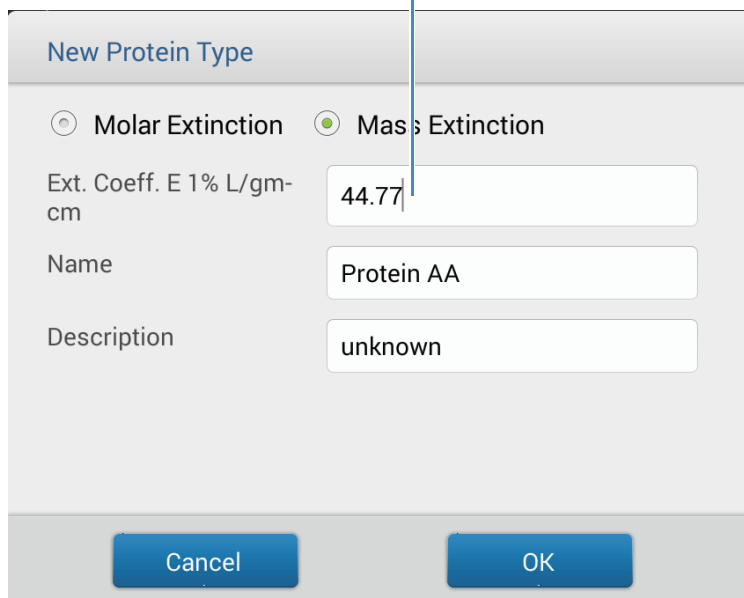
Les opérations suivantes sont disponibles à partir de l'Éditeur Protéines.



### Ajouter une protéine personnalisée

- Dans l'Éditeur Protéines, appuyez sur  pour afficher la boîte Nouveau type de protéine.
- Saisissez un **Nom** unique pour la nouvelle protéine (appuyez sur le champ pour afficher le clavier, appuyez sur **Terminé** pour fermer le clavier).
- Saisissez une **Description** pour la nouvelle protéine.
- Spécifiez si saisir le coefficient d'**Extinction molaire** ou le coefficient d'**Extinction de masse** pour la protéine personnalisée.
- Si **Extinction de masse** est sélectionné :
  - Saisissez le coefficient d'extinction de masse en l/gm-cm pour une solution de protéines de 10 mg/ml (**E**1 %).

**Appuyez sur** un champ pour afficher le clavier ; pour le fermer, appuyez sur la touche **Terminé**.



The screenshot shows a dialog box titled "New Protein Type". It has two radio buttons: "Molar Extinction" (unselected) and "Mass Extinction" (selected). Below the radio buttons are three text input fields: "Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm" with the value "44.77", "Name" with the value "Protein AA", and "Description" with the value "unknown". At the bottom of the dialog are two buttons: "Cancel" and "OK". A blue line points from the text "Appuyez sur un champ pour afficher le clavier ; pour le fermer, appuyez sur la touche Terminé." to the "Ext. Coeff. E 1% L/gm-cm" input field.

- Si **Extinction molaire** est sélectionné :
  - Saisissez le coefficient d'extinction molaire (**E**) en  $M^{-1}cm^{-1}$  divisé par 1000 (soit **E**/1000). Par exemple, pour une protéine qui a un coefficient d'extinction molaire de  $210\,000\,M^{-1}cm^{-1}$ , saisissez 210.
  - Saisissez le poids moléculaire (PM) en kilodaltons (kDa)
- Appuyez sur **OK** pour fermer la boîte Nouveau type de protéine.

Une fois que vous avez choisi OK, la nouvelle protéine personnalisée s'affiche dans la liste Type dans Paramétrage Protéine A280 et Paramétrage Protéines et marqueurs.

**Modifier une protéine personnalisée**

- Dans l'Éditeur Protéines, appuyez pour sélectionner une protéine personnalisée.
- Appuyez sur  pour afficher la boîte Nouveau type de protéine.
- Modifiez des entrées ou des paramètres.
- Appuyez sur **OK**.

**Supprimer une protéine personnalisée**

- Dans l'Éditeur Protéines, appuyez pour sélectionner une protéine personnalisée.
- Appuyez sur .

**Remarque** Supprimer une protéine personnalisée de manière définitive supprime cette protéine et toutes ses informations associées du logiciel.

**Sujets similaires**

- [Paramètres de l'instrument](#)

**Limites de détection des mesures avec Protéine A280**

Les limites de détection inférieures et les caractéristiques de reproductibilité pour les protéines BSA purifiées sont indiquées [ici](#). Les valeurs de limite de détection inférieure et de reproductibilité de la BSA s'appliquent à n'importe quel type d'échantillon de protéines. Les limites de détection supérieures dépendent de la [limite d'absorbance supérieure](#) de l'instrument et du coefficient d'extinction de l'échantillon.

**Calcul des limites de détection supérieures pour d'autres types d'échantillon de protéines (non-BSA)**

Pour calculer les limites de détection supérieures en ng/µl pour des protéines, utilisez l'équation suivante :

$$(\text{limite d'absorbance supérieure}_{\text{instrument}} / \text{coefficient d'extinction de masse}_{\text{échantillon}}) * 10$$

Par exemple, si le coefficient d'extinction de masse de l'échantillon à 280 nm est de 6,67 pour une solution à 1 % (10 mg/ml), l'équation ressemble à ce qui suit :

$$(550 / 6,67) * 10 = 824,6 \text{ (ou } \sim 825)$$

## Sujets similaires

- [Limites de détection pour toutes les applications](#)

## Calculs pour les mesures avec Protéine A280

L'application Protéine A280 utilise l'[équation de Beer-Lambert](#) pour corréler l'absorbance avec la concentration. Résoudre la Loi de Beer pour la concentration donne l'équation ci-contre à droite.

Le coefficient d'extinction d'un peptide ou d'une protéine est lié à sa composition en acides aminés tryptophane (W), tyrosine (Y) et cystéine (C).

**Conseil :** le coefficient d'extinction est spécifique de la longueur d'onde pour chaque protéine et peut être affecté par le type de tampon, la force ionique et le pH.

### Équation de Beer-Lambert (résolue pour la concentration)

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

Où :

A = absorbance UV en unités d'absorbance (AU)

$\epsilon$  = coefficient d'absorptivité dépendant de la longueur d'onde (ou coefficient d'extinction) en litres/mol-cm

b = longueur du trajet optique en cm

c = concentration en analyte en moles/litre ou molarité (M)

**Remarque :** diviser l'absorbance mesurée d'une solution d'échantillon par son coefficient d'extinction molaire donne la concentration molaire de l'échantillon. Reportez-vous à [Coefficients d'extinction publiés](#) pour plus d'informations concernant les valeurs de concentration molaire et massique.

### Coefficients d'extinction pour les protéines

À 280 nm, le coefficient d'extinction est estimé approximativement par la somme pondérée des coefficients d'extinction molaires à 280 nm des trois acides aminés constitutifs, comme décrit dans l'équation suivante :

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

Où :

$\epsilon$  = coefficient d'extinction molaire

n = nombre de chaque acide aminé résiduel

**5500, 1490 et 125** = absorptivités molaires des acides aminés à 280 nm

Cette application offre six options (indiquées ci-contre) pour sélectionner un coefficient d'extinction approprié pour chaque échantillon mesuré, à utiliser en conjonction avec la Loi de Beer pour calculer la concentration de l'échantillon.

Si le coefficient d'extinction de l'échantillon est connu, choisissez l'option **Ɛ** + PM (molaire) ou **Ɛ1** % (de masse) et saisissez la valeur. Sinon, calculez le coefficient d'extinction ou choisissez l'option qui correspond le mieux à la solution d'échantillon.

**Conseil** : de manière idéale, le coefficient d'extinction devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution de la protéine à l'étude d'une concentration connue utilisant le même tampon.

La plupart des sources rapportent les coefficients d'extinction pour les protéines mesurées à, ou près de, 280 nm dans un tampon phosphate ou un autre tampon physiologique. Ces valeurs fournissent une précision suffisante pour les évaluations de routine de la concentration en protéines.

### Options disponibles pour le coefficient d'extinction

- **1 Abs = 1 mg/ml**, où le type d'échantillon et/ou le coefficient d'extinction est inconnu (donne une estimation très approximative de la concentration protéique)
- **BSA** (sérum albumine bovine, 6,67 l/gm-cm)
- **IgG** (tout anticorps mammifère, 13,7 l/gm-cm)
- **Lysozyme** (lysozyme du blanc d'œuf, 26,4 l/gm-cm)
- **Autre protéine (Ɛ + PM)**, coefficient d'extinction molaire spécifié par l'utilisateur
- **Autre protéine (Ɛ1 %)**, coefficient d'extinction de masse spécifié par l'utilisateur

**Remarque** : Pour plus d'informations, reportez-vous à [Type d'échantillon](#).

### Coefficients d'extinction publiés

Les coefficients d'extinction publiés pour les protéines peuvent être indiqués comme suit :

- Coefficient d'absorptivité molaire dépendant de la longueur d'onde (ou d'extinction) (**Ɛ**) en  $M^{-1}cm^{-1}$
- Coefficient d'extinction de la solution en pourcentage (**Ɛ1%**) en  $(g/100\text{ ml})^{-1}cm^{-1}$  (soit une solution à 1 % ou 1 g/100 ml mesurée dans une cuvette de 1 cm )
- Valeurs d'absorbance des protéines pour les solutions à 0,1 % (soit 1 mg/ml)

**Conseil** : Évaluez attentivement les valeurs publiées pour assurer que l'unité de mesure soit appliquée correctement.

L'équation ci-contre à droite montre la relation entre le coefficient d'extinction molaire ( $\epsilon_{\text{molaire}}$ ) et le coefficient d'extinction en pourcentage ( $\epsilon 1\%$ ).

Pour déterminer la concentration (c) d'un échantillon en mg/ml, utilisez l'équation ci-contre à droite et un facteur de conversion de 10.

**Conseil :** Le logiciel NanoDrop One inclut le facteur de conversion quand il indique les concentrations de protéines.

#### Conversions entre $\epsilon_{\text{molaire}}$ et $\epsilon 1\%$

$$(\epsilon_{\text{molaire}}) * 10 = (\epsilon 1\%) * (\text{PM}_{\text{protéine}})$$

Exemple : Pour déterminer le coefficient d'extinction de la solution en pourcentage ( $\epsilon 1\%$ ) pour une protéine qui a un coefficient d'extinction molaire de  $43\,824\text{ M}^{-1}\text{cm}^{-1}$  et un poids moléculaire (PM) de 66 400 daltons (Da), réarrangez et résolvez l'équation ci-dessus comme suit :

$$\epsilon 1\% = (\epsilon_{\text{molaire}} * 10) / (\text{PM}_{\text{protéine}})$$

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

$$\epsilon 1\% = 6,6\text{ g/100 ml}$$

#### Conversions entre les g/100 ml et les mg/ml

$$C_{\text{protéine}} \text{ en mg/ml} = (A / \epsilon 1\%) * 10$$

Exemple : Si l'absorbance mesurée pour un échantillon de protéines à 280 nm relativement à la référence est de 5,8 A, la concentration en protéines peut être calculée comme suit :

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

$$C_{\text{protéine}} = (5,8 / 6,6\text{ g/100 ml}) * 10$$

$$C_{\text{protéine}} = 8,79\text{ mg/ml}$$

Les concentrations protéiques calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 280 nm, le coefficient d'extinction sélectionné (ou saisi) et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de la ligne de base en un point unique (ou correction de l'analyse) peut être appliquée.

La concentration est exprimée en unités de masse. Sur Internet, des calculateurs permettent de convertir la concentration exprimée en unités de masse en unités molaires sur la base de la séquence de l'échantillon.

Les valeurs d'absorbance à 260 nm et 280 nm sont utilisées pour calculer les rapports de pureté pour les échantillons de protéines mesurés.

Les rapports de pureté sont sensibles à la présence de contaminants dans l'échantillon, notamment aux résidus des solvants et réactifs normalement utilisés pendant la purification des échantillons.

## Valeurs mesurées

### Absorbance A280

**Remarque :** Pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

- Les valeurs d'absorbance des protéines sont mesurées à 280 nm en utilisant le spectre normalisé. Si Correction de la ligne de base n'est pas sélectionné, il s'agit de la valeur A280 rapportée et de la valeur utilisée pour calculer la concentration protéique.
- Si [Correction de la ligne de base](#) est sélectionné, la valeur d'absorbance normalisée et corrigée en fonction de la ligne de base à 280 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration protéique.

### Absorbance A260

- La valeur d'absorbance normalisée et corrigée en fonction de la ligne de base à 260 nm est également rapportée.

### Longueur du trajet optique de l'échantillon

- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

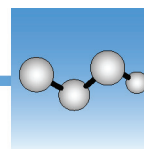
### Valeurs rapportées

- **Concentration protéique.** Rapportée dans l'unité sélectionnée (mg/ml ou µg/ml). Les calculs sont basés sur l'équation de Beer-Lambert en utilisant la valeur d'absorbance des protéines corrigée.
- **Rapport de pureté A260/A280.** Rapport de l'absorbance corrigée à 260 nm sur l'absorbance corrigée à 280 nm. Un rapport de pureté A260/A280 d'environ 0,57 est normalement accepté comme « pur » pour les protéines.

**Remarque :** bien que les rapports de pureté soient des indicateurs importants de la qualité des échantillons, le meilleur indicateur de qualité des protéines est la fonctionnalité dans l'application d'intérêt en aval (par ex., PCR en temps réel).







## Mesure Protéines et marqueurs

Mesure la concentration de protéines purifiées qui ont été marquées avec jusqu'à deux colorants fluorescents.

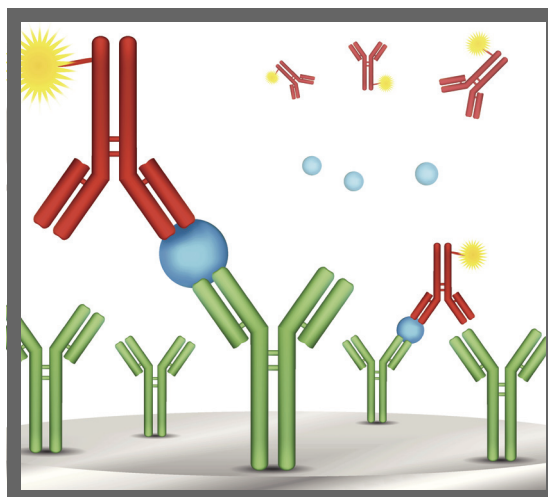
Mesurer des protéines marquées

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection

Calculs



### Mesurer des échantillons de protéines marquées

Utilisez l'application Protéines et marqueurs pour quantifier les protéines et les colorants fluorescents pour les conjugués de réseaux de protéines, ainsi que pour les métalloprotéines telles que l'hémoglobine, en utilisant les rapports de longueur d'onde. Cette application rapporte la concentration en protéines mesurée à 280 nm, un rapport d'absorbance  $A_{269}/A_{280}$ , ainsi que les concentrations et les valeurs d'absorbance mesurées des colorants, ce qui permet la détection de concentrations de colorant basses qui peuvent descendre à 0,2 picomoles par microlitre. Cette information est utile pour évaluer la conjugaison protéine/colorant (degré de marquage) en vue d'une utilisation dans des applications en aval.

## Mesurer des échantillons de protéines marquées

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer un échantillon de protéines marquées

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines** puis appuyez sur **Protéines et marqueurs**.
2. Spécifiez le **type d'échantillon** et le **type du ou des colorants** utilisés.

**Conseil** : sélectionnez un colorant dans la liste prédéfinie ou ajoutez un colorant personnalisé en utilisant l'**Éditeur Colorant/Chrom..**

3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

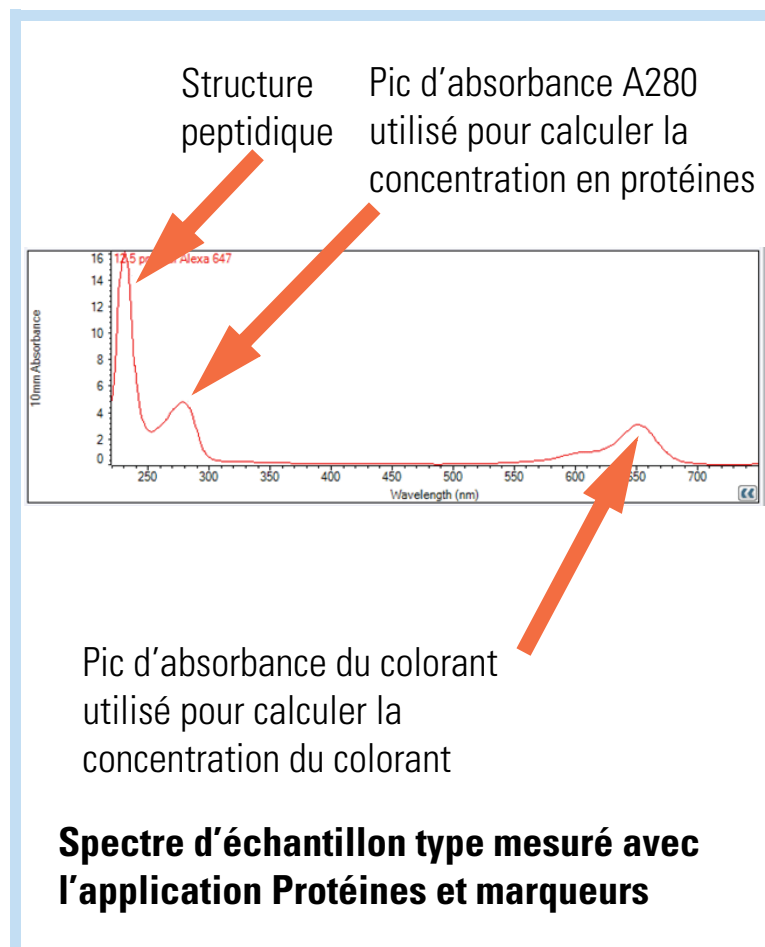
**Conseil** : si vous utilisez une cuvette, veillez à **aligner le trajet optique de la cuvette** avec celui de l'instrument.

4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil** : si **Blanc automatique** est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si **Mesure automatique** est Activé, abaissez le bras ; si **Mesure automatique** est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).
8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



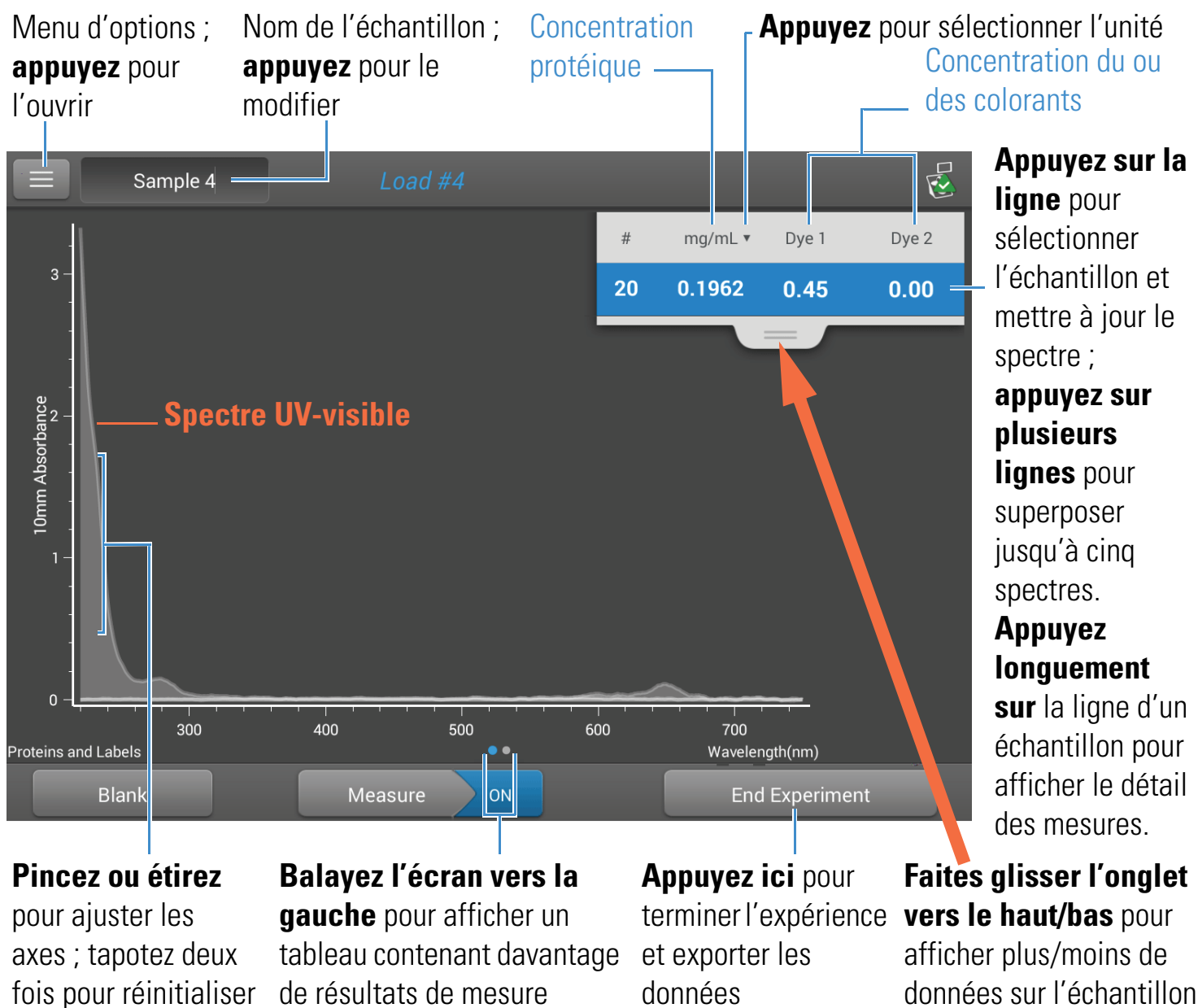
### Sujets similaires

- [Meilleures pratiques pour les mesures de protéines](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par Protéines et marqueurs

### Écran de mesure de Protéines et marqueurs

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :



### Remarque

- Une correction de la ligne de base est effectuée à 750 nm (la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par Protéines et marqueurs

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

### Valeurs rapportées par l'application Protéines et marqueurs

- Détails de l'échantillon (application et méthodes d'échantillonnage utilisées, par ex., socle ou cuvette)
- [Nom de l'échantillon](#)
- Date de création
- [Protéine](#)
- [A280](#)
- [Type d'échantillon](#)
- [Colorant 1/Colorant 2](#)
- [Correction de la pente du colorant](#)
- [Correction de l'analyse](#)

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs de Protéines et marqueurs](#)

## Paramètres des mesures Protéines et marqueurs

Pour afficher les paramètres de Protéines et marqueurs, à partir de l'écran de mesure Protéines et marqueurs, appuyez sur  > **Paramétrage Protéines et marqueurs**.

| Paramètre                                   | Options disponibles                                                                                     | Coefficient d'ext. de masse (l/gm-cm)                                                                               | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|---------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type d'échantillon <sup>a</sup>             | 1 Abs = 1 mg/mL                                                                                         | Référence générale                                                                                                  | <a href="#">Appuyez ici</a> pour une description détaillée de chacun des paramètres disponibles.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|                                             | Sérum albumine bovine (BSA)                                                                             | 6,67                                                                                                                | Chaque type d'échantillon applique un unique coefficient d'extinction aux calculs de protéines. Si le coefficient d'extinction de l'échantillon est connu, choisissez l'option <b>ε</b> + PM (molaire) ou <b>ε</b> 1 % (de masse) et saisissez la valeur. Sinon, calculez le coefficient d'extinction ou choisissez l'option qui correspond le mieux à la solution d'échantillon. Si vous n'avez besoin que d'une estimation approximative de la concentration et ignorez le coefficient d'extinction de l'échantillon, sélectionnez l'option de type d'échantillon 1 Abs=1 mg/ml. |
|                                             | IgG                                                                                                     | 13,7                                                                                                                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|                                             | Lysozyme                                                                                                | 26,4                                                                                                                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|                                             | Autre protéine ( <b>ε</b> + PM)                                                                         | Coefficient d'extinction molaire et poids moléculaire saisis par l'utilisateur                                      |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|                                             | Autre protéine ( <b>ε</b> 1 %)                                                                          | Coefficient d'extinction de masse saisi par l'utilisateur                                                           | <b>Conseil</b> : de manière idéale, le coefficient d'extinction devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution de la protéine à l'étude d'une concentration connue utilisant le même tampon.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| Correction de l'analyse <sup>b</sup>        | Activé ou Désactivé                                                                                     | S/O                                                                                                                 | Corrige la mesure d'absorbance de l'échantillon en cas de décalage causé par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction de l'analyse spécifiée de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de l'analyse. La valeur corrigée est utilisée pour calculer la concentration de l'échantillon.                                                                                                                                                                                                               |
|                                             | Saisissez la longueur d'onde de correction de l'analyse en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm) |                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| Type Colorant 1/<br>Colorant 2 <sup>c</sup> | Cy3, 5, 3.5 ou 5.5, Alexa Fluor 488, 546, 555, 594, 647 ou 660                                          | Reportez-vous à <a href="#">Éditeur Colorant/Chrom.</a> pour les valeurs spécifiques pour les différents colorants. | Sélectionnez le colorant prédéfini utilisé pour marquer le matériel d'échantillon ou un colorant ajouté en utilisant l'Éditeur Colorant/Chrom.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |

| Paramètre                                       | Options disponibles                                                | Coefficient d'ext. de masse (l/gm-cm) | Description                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|-------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Unité<br>Colorant 1/<br>Colorant 2              | picomoles/microlitre (pmol/μl), micromoles (μM) ou millimoles (mM) | Sans objet                            | Sélectionnez l'unité pour les concentrations de colorant.                                                                                                                                                                                                                       |
| Correction de la pente du colorant <sup>d</sup> | Activé ou Désactivé                                                |                                       | Corrige les mesures d'absorbance du colorant en cas de décalage causé par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant la valeur d'absorbance d'une pente de la ligne de base de 400 nm à 750 de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde d'analyse du colorant. |

<sup>a</sup> Pour ajouter ou modifier une protéine personnalisée, utilisez l'[Éditeur Protéines](#).

<sup>b</sup> Correction de l'analyse influe uniquement sur les calculs de la concentration en protéines.

<sup>c</sup> Pour ajouter un colorant personnalisé ou modifier la liste des colorants disponibles, utilisez l'[Éditeur Colorant/Chrom.](#)

<sup>d</sup> Correction de la pente du colorant influe uniquement sur les calculs de la concentration du colorant.

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)
- [Éditeur Protéines](#)
- [Éditeur Colorant/Chrom.](#)

## Limites de détection pour les mesures Protéines et marqueurs

Les limites de détection inférieures et les caractéristiques de reproductibilité pour les protéines BSA purifiées et les colorants qui sont prédéfinies dans le logiciel sont indiquées [ici](#).

Les valeurs de limite de détection inférieure et de reproductibilité de la BSA s'appliquent à n'importe quel type d'échantillon de protéines. Les limites de détection supérieures dépendent de la [limite d'absorbance supérieure](#) de l'instrument et du coefficient d'extinction de l'échantillon.



## Calcul des limites de détection supérieures pour d'autres types d'échantillon de protéines (non-BSA)

Pour calculer les limites de détection supérieures en ng/μl pour des protéines, utilisez l'équation suivante :

$$(\text{limite d'absorbance supérieure}_{\text{instrument}} / \text{coefficient d'extinction de masse}_{\text{échantillon}}) * 10$$

Par exemple, si le coefficient d'extinction de masse de l'échantillon à 280 nm est de 6,67 pour une solution à 1 % (10 mg/ml), l'équation ressemble à ce qui suit :

$$(550 / 6,67) * 10 = 824,6 \text{ (ou } \sim 825)$$

### Sujets similaires

- [Limites de détection pour toutes les applications](#)

## Calculs pour les mesures Protéines et marqueurs

Comme d'autres applications relatives aux protéines, Protéines et marqueurs utilise l'[équation de Beer-Lambert](#) pour corréler l'absorbance avec la concentration sur la base du coefficient d'extinction et de la longueur du trajet optique de l'échantillon.

Cette application offre six options (indiquées ci-contre) pour sélectionner un coefficient d'extinction approprié pour chaque échantillon mesuré, à utiliser en conjonction avec la Loi de Beer pour calculer la concentration de l'échantillon.

Si le coefficient d'extinction de l'échantillon est connu, choisissez l'option **ε** + PM (molaire) ou **ε**1 % (de masse) et saisissez la valeur. Sinon, calculez le coefficient d'extinction ou choisissez l'option qui correspond le mieux à la solution d'échantillon.

**Conseil** : de manière idéale, le coefficient d'extinction devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution de la protéine à l'étude d'une concentration connue utilisant le même tampon.

### Options disponibles pour le coefficient d'extinction

- **1 Abs = 1 mg/ml**, où le type d'échantillon et/ou le coefficient d'extinction est inconnu (donne une estimation très approximative de la concentration protéique)
- **BSA** (sérum albumine bovine, 6,67 l/gm-cm)
- **IgG** (tout anticorps mammifère, 13,7 l/gm-cm)
- **Lysozyme** (lysozyme du blanc d'œuf, 26,4 l/gm-cm)
- **Autre protéine (ε + PM)**, coefficient d'extinction molaire spécifié par l'utilisateur
- **Autre protéine (ε1 %)**, coefficient d'extinction de masse spécifié par l'utilisateur

**Remarque** : Pour plus d'informations, reportez-vous à [Type d'échantillon](#).

Les concentrations protéiques calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 280 nm, le coefficient d'extinction sélectionné (ou saisi) et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de la ligne de base en un point unique (ou correction de l'analyse) peut être appliquée.

La concentration est exprimée en unités de masse. Sur Internet, des calculateurs permettent de convertir la concentration exprimée en unités de masse en unités molaires sur la base de la séquence de l'échantillon.

Les concentrations de colorant sont calculées à partir de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde d'analyse du colorant, du coefficient d'extinction du colorant et de la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction du colorant sous forme de droite en pente peut aussi être utilisée.

## Valeurs mesurées

### Absorbance A280

**Remarque :** la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite de toutes les longueurs d'onde du spectre. Résultat, l'absorbance à 750 nm est égale à zéro dans les spectres affichés. De plus, pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

- Les valeurs d'absorbance des protéines sont mesurées à 280 nm en utilisant le spectre normalisé et corrigé à 750 nm. Si Correction de l'analyse et Correction du colorant ne sont pas sélectionnés, il s'agit de la valeur A280 rapportée et de la valeur utilisée pour calculer la concentration protéique.
- Si [Correction de l'analyse](#) est sélectionné, la valeur d'absorbance corrigée pour 750, normalisée et corrigée pour l'analyse à 280 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration protéique.
- Si un colorant est utilisé, la valeur d'absorbance corrigée pour 750, normalisée et corrigée pour l'analyse et [corrigée pour le colorant](#) à 280 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration protéique.

### Absorbance du colorant

- Les valeurs d'absorbance de colorant sont mesurées à des longueurs d'onde spécifiques. Reportez-vous à [Éditeur Colorant/Chrom.](#) pour les longueurs d'onde d'analyse utilisées.
- Si Correction de la pente du colorant est sélectionné, une ligne de base linéaire est tracée entre 400 nm et 750 nm et, pour chaque colorant, la valeur d'absorbance de la ligne de base en pente est soustraite de la valeur d'absorbance à chaque longueur d'onde d'analyse du colorant. Les valeurs d'absorbance du colorant corrigées en fonction de la ligne de base sont rapportées et utilisées pour calculer les concentrations en colorant.

### Correction des colorants

- Les colorants prédéfinis ont des valeurs de correction pour A260 et A280. Pour les valeurs de correction utilisées, reportez-vous à [Éditeur Colorant/Chrom.](#)
- La correction du colorant A280 est soustraite de la [valeur d'absorbance A280](#) utilisée pour calculer la concentration en protéines.

### Longueur du trajet optique de l'échantillon

- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

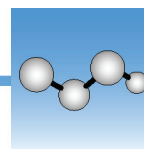
### Valeurs rapportées

- **Concentration protéique.** Rapportée dans l'unité sélectionnée (mg/ml ou µg/ml). Les calculs sont basés sur l'équation de Beer-Lambert en utilisant la valeur d'absorbance des protéines corrigée.
- **Concentration Colorant 1/Colorant 2.** Rapportée en pmol/µl. Les calculs sont basés sur l'équation de la Loi de Beer en utilisant la ou les valeurs d'absorbance du colorant corrigées en fonction de la ligne de base (pente).

### Sujets similaires

- [Équation de Beer-Lambert](#)
- [Calculs de Protéine A280](#)





## Mesure Protéine A205

Mesure la concentration de populations de protéines purifiées qui absorbent à 205 nm.

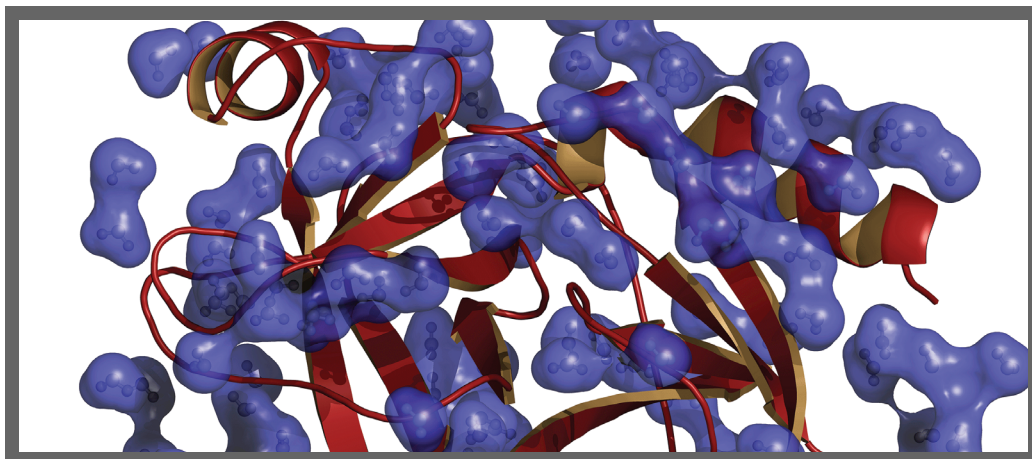
[Mesure Protéine A205](#)

[Résultats rapportés](#)

[Paramètres](#)

[Limites de détection](#)

[Calculs](#)



## Mesurer la concentration protéique à A205

Utilisez l'application Protéine A205 pour mesurer les peptides purifiés et les autres protéines qui contiennent des liaisons peptidiques, qui absorbent à 205 nm. Cette application rapporte la concentration en protéines et deux valeurs d'absorbance (A205 et A280). Une correction de la ligne de base en un point unique peut aussi être utilisée. Cette application ne requiert pas de courbe d'étalonnage.

**Remarque** Si vos échantillons contiennent principalement des acides aminés tels que du tryptophane ou de la tyrosine, ou des liaisons disulfures, utilisez l'application [Protéine A280](#) au lieu de Protéine A205.

## Mesurer des échantillons avec Protéine A205

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer un échantillon avec Protéine A205

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines**, puis appuyez sur **Protéine A205**.
2. Spécifiez un [type d'échantillon](#) et, le cas échéant, la [correction de la ligne de base](#).
3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.  
**Conseil** : si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.  
**Conseil** : si [Blanc automatique](#) est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).
5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si [Mesure automatique](#) est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).
8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.

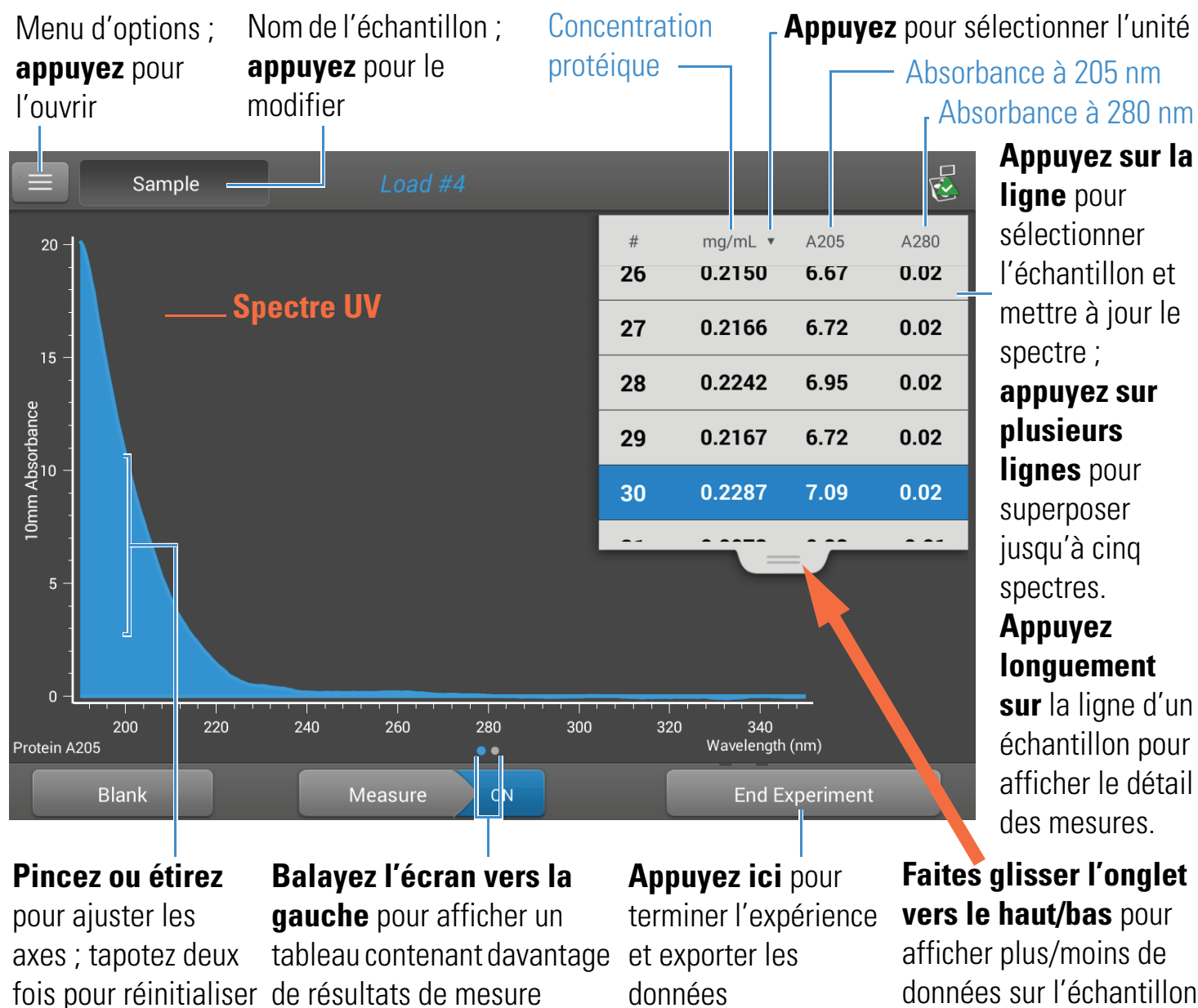
### Sujets similaires

- [Meilleures pratiques pour les mesures de protéines](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par Protéine A205

### Écran de mesure de Protéine A205

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :





**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par Protéine A205

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

Application: Protein A205

Méthode d'échantillonnage: Pedestal

Nom de l'échantillon ; appuyez pour le modifier

Sample Name: 200, 5

Created on: 8/24/2015 2:59:24 PM

Protein: 0.2287 mg/mL

A205: 7.09

A280: 0.02

Method: 31

Baseline correction: 340.00 nm 0.06 absorbance

Date/heure de la mesure

Conc. protéique

Absorbance à 205 nm

Absorbance à 280 nm

Type d'échantillon

Longueur d'onde de correction de la ligne de base

Absorbance avec correction de la ligne de base

OK

### Sujets similaires

- Fonctionnement de base de l'instrument
- Calculs de Protéine A205

## Paramètres des mesures Protéine A205

Pour afficher les paramètres de Protéine A205 depuis l'écran de mesure Protéine A205, appuyez sur  > **Paramétrage Protéine A205**.

| Paramètre                      | Options disponibles                                                                                                                          | Coefficient d'ext. de masse (l/gm-cm)                     | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|--------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type d'échantillon             | 31                                                                                                                                           | 31                                                        | Assume que $\epsilon_{0,1} \%$ (1 mg/ml) à 205 nm = 31                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|                                | Domaines d'application                                                                                                                       | $27 + 120 * (A280/A205)$                                  | Assume que $\epsilon_{0,1} \%$ (1 mg/ml) à 205 nm = $27 + 120 * (A280/A205)$                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|                                | Autre protéine ( $\epsilon_{1} \%$ )                                                                                                         | Coefficient d'extinction de masse saisi par l'utilisateur | Assume que la protéine a un coefficient d'extinction de masse connu ( $\epsilon$ ). Saisissez le coefficient d'extinction de masse en l/gm-cm pour une solution de protéines de 1 mg/ml ( $\epsilon_{0,1} \%$ ).                                                                                                                                                                                          |
| Correction de la ligne de base | Activé ou Désactivé<br><br>Saisissez la longueur d'onde de la correction de la ligne de base en nm ou utilisez la valeur par défaut (340 nm) | S/O                                                       | Corrige les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant l'absorbance mesurée à la longueur d'onde de correction de la ligne de base des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée. |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

## Calculs pour les mesures avec Protéine A205

Comme d'autres applications relatives aux protéines, Protéines A205 utilise l'équation de Beer-Lambert pour corréler l'absorbance avec la concentration sur la base du coefficient d'extinction et de la longueur du trajet optique de l'échantillon.

Cette application offre trois options (indiquées ci-contre) pour sélectionner un coefficient d'extinction approprié pour chaque échantillon mesuré, à utiliser en conjonction avec la Loi de Beer pour calculer la concentration de l'échantillon.

Si le coefficient d'extinction de l'échantillon est connu, choisissez l'option **Ɛ1 %** (massique) et saisissez la valeur. Sinon, calculez le coefficient d'extinction ou choisissez l'option qui correspond le mieux à la solution d'échantillon.

**Conseil** : de manière idéale, le coefficient d'extinction devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution de la protéine à l'étude d'une concentration connue utilisant le même tampon.

Les concentrations protéiques calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 205 nm, le coefficient d'extinction sélectionné (ou saisi) et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de la ligne de base en un point unique peut aussi être appliquée.

La concentration est exprimée en unités de masse. Sur Internet, des calculateurs permettent de convertir la concentration exprimée en unités de masse en unités molaires sur la base de la séquence de l'échantillon.

### Options disponibles pour le coefficient d'extinction

- **31**, assume que **Ɛ0,1 %** (1 mg/ml) à 205 nm = 31
- **Domaines d'application**, assume que **Ɛ0,1 %** (1 mg/ml) à 205 nm =  $27 + 120 * (A280/A205)$
- **Autre protéine**, saisissez le coefficient d'extinction de masse en l/gm-cm pour une solution protéique à 1 mg/ml (**Ɛ0,1 %**).

**Remarque** : Pour plus d'informations, reportez-vous à [Type d'échantillon](#).

### Valeurs mesurées

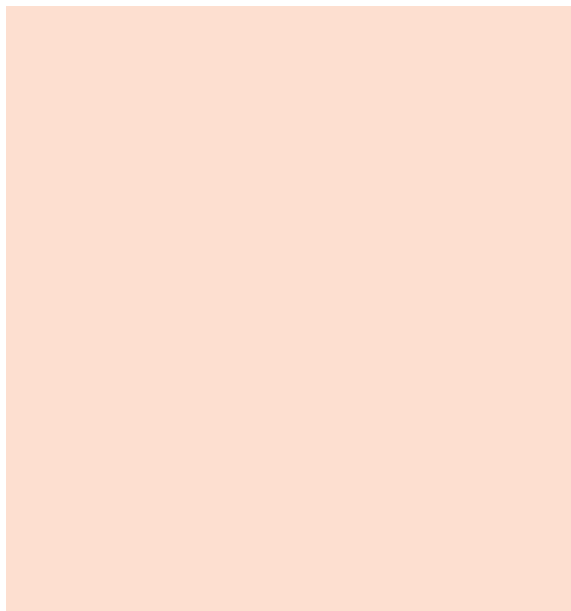
#### Absorbance A205

**Remarque** : Pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

- Les valeurs d'absorbance des protéines sont mesurées à 205 nm en utilisant le spectre normalisé. Si Correction de la ligne de base n'est pas sélectionné, il s'agit de la valeur A205 rapportée et de la valeur utilisée pour calculer la concentration protéique.
- Si [Correction de la ligne de base](#) est sélectionné, la valeur d'absorbance normalisée et corrigée en fonction de la ligne de base à 205 nm est rapportée et utilisée pour calculer la concentration protéique.

#### Absorbance A280

- La valeur d'absorbance normalisée et corrigée en fonction de la ligne de base à 280 nm est également rapportée.



### Longueur du trajet optique de l'échantillon

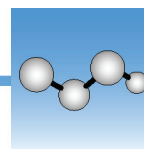
- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

### Valeurs rapportées

- **Concentration protéique.** Rapportée dans l'unité sélectionnée (mg/ml ou µg/ml). Les calculs sont basés sur l'équation de Beer-Lambert en utilisant la valeur d'absorbance des protéines corrigée.

### Sujets similaires

- [Équation de Beer-Lambert](#)
- [Calculs de Protéine A280](#)



## Mesure Protéine BCA

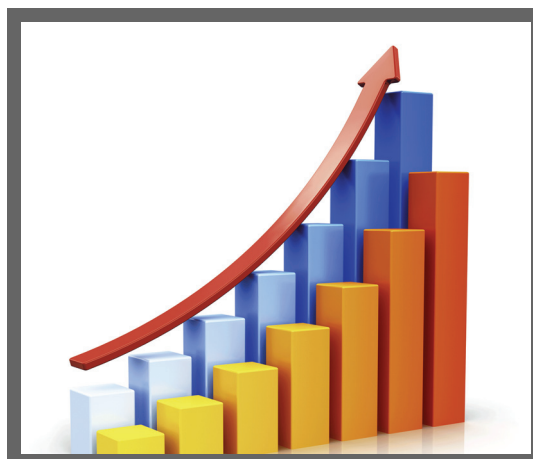
Mesure la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées en utilisant de l'acide bicinchoninic en tant que réactif de détection colorimétrique.

Mesure des protéines totales

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection



## Mesure de la concentration en protéines totales

Le dosage Protéine BCA utilise de l'acide bicinchoninic en tant que réactif de détection colorimétrique pour déterminer la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées. Cette application est pratique pour mesurer des solutions de protéines diluées en présence de composants qui montrent une absorbance significative entre 200 nm et 280 nm, ce qui ne permet pas d'effectuer des mesures de protéines directes à 280 nm ou 205 nm. Cette application mesure l'absorbance à 562 nm et utilise une courbe d'étalonnage pour calculer la concentration de protéines. Une correction de la ligne de base en un point unique est appliquée.

### Théorie du dosage Protéine BCA

Le dosage Protéine BCA utilise de l'acide bicinchoninic (BCA) en tant que réactif de détection des ions  $\text{Cu}^{+1}$ , qui se forment lorsque le  $\text{Cu}^{+2}$  est réduit par certaines protéines dans un environnement alcalin. Un produit de réaction violet est formé par la chélation de deux molécules de BCA avec un ion cuivre ( $\text{Cu}^{+1}$ ). Le chélate Cu-BCA résultant qui se forme en présence de protéines est mesuré à 562 nm et corrigé en fonction de la ligne de base en utilisant la valeur d'absorbance à 750 nm. Des kits préformulés de réactif BCA et de  $\text{CuSO}_4$  sont disponibles en nous contactant ou auprès de votre distributeur local.

## Kits et protocoles de dosage de protéines

Reportez-vous au site Internet du NanoDrop pour les kits et les protocoles à jour pour les instruments NanoDrop One. Suivez les recommandations du fabricant du kit de dosage pour tous les étalons et échantillons (inconnus). Veuillez à ce que chacun de ceux-ci soit soumis à la même synchronisation et à la même température pendant tout le dosage.

Les étalons de protéines permettant de générer une courbe d'étalonnage peuvent aussi être fournis par le fabricant du kit. Étant donné que les socles du NanoDrop One peuvent mesurer des concentrations protéiques plus élevées que les spectrophotomètres à cuvette traditionnels, il est possible que vous deviez fournir vos propres étalons de protéines de concentrations plus élevées que ceux fournis par le fabricant. Par exemple, des étalons supplémentaires peuvent être nécessaires pour assurer que la courbe d'étalonnage couvre la gamme dynamique du dosage et la gamme attendue des échantillons inconnus.

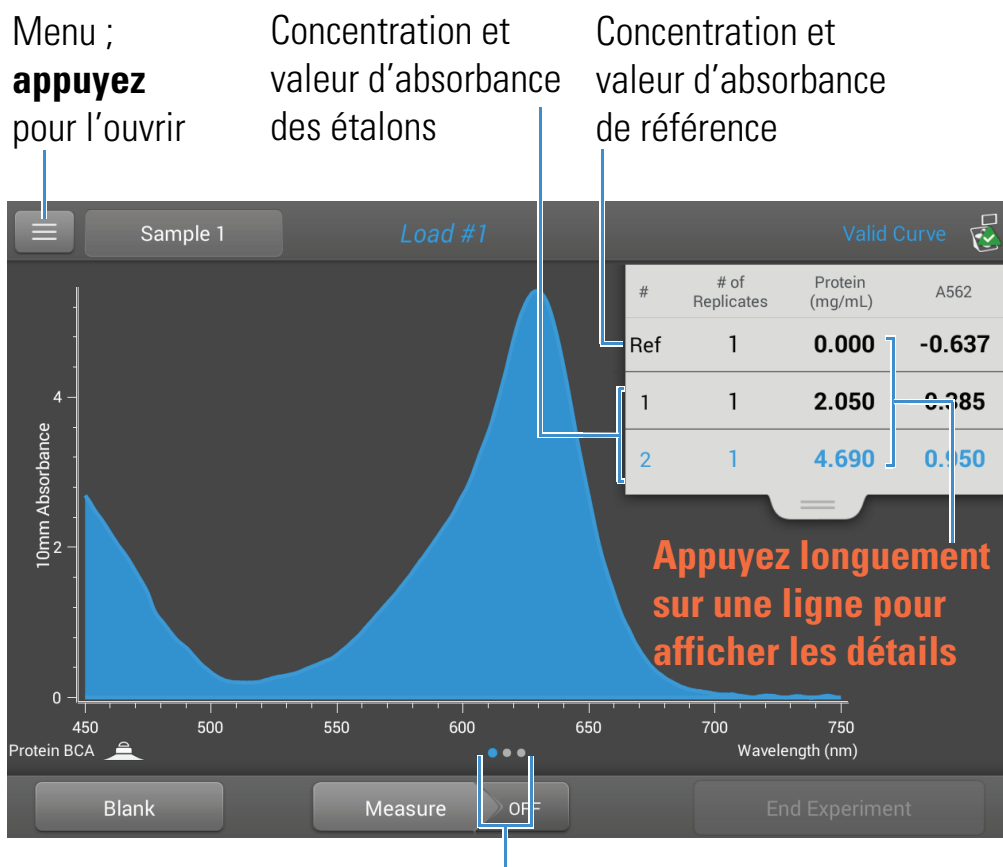
## Travailler avec les courbes d'étalonnage

Une courbe d'étalonnage est nécessaire pour les analyses de protéines colorimétriques.

- Chaque expérience requiert une nouvelle courbe d'étalonnage.
- Préparez les étalons et les échantillons inconnus de la même manière. Reportez-vous aux consignes et recommandations du fabricant du kit.
  - **Toutes les solutions de référence et d'étalons** doivent utiliser le même tampon que celui utilisé pour remettre en suspension les échantillons auquel on ajoutera le même volume de réactif ajouté aux échantillons.
  - Le **premier étalon** est une mesure de référence. La solution de référence ne doit contenir aucun des analytes d'intérêt. (la mesure de référence n'est pas la même chose que la mesure de blanc. Cette application requiert les deux).
  - La **plage de concentration des étalons** doit couvrir la gamme dynamique du dosage et la gamme attendue des échantillons inconnus. Les concentrations des analytes des échantillons ne sont pas extrapolées au-delà de la concentration de l'étalon le plus élevé.
- Utilisez l'écran de paramétrage de l'application pour saisir les valeurs de concentration des étalons et spécifier comment les étalons et les échantillons seront mesurés (nombre de réplicats, etc.).
  - Selon le paramètre **Type de courbe**, il est possible de générer une courbe d'étalonnage en utilisant deux étalons ou plus.
  - Le logiciel **a besoin d'une mesure de référence** et autorise **jusqu'à 7 étalons**.

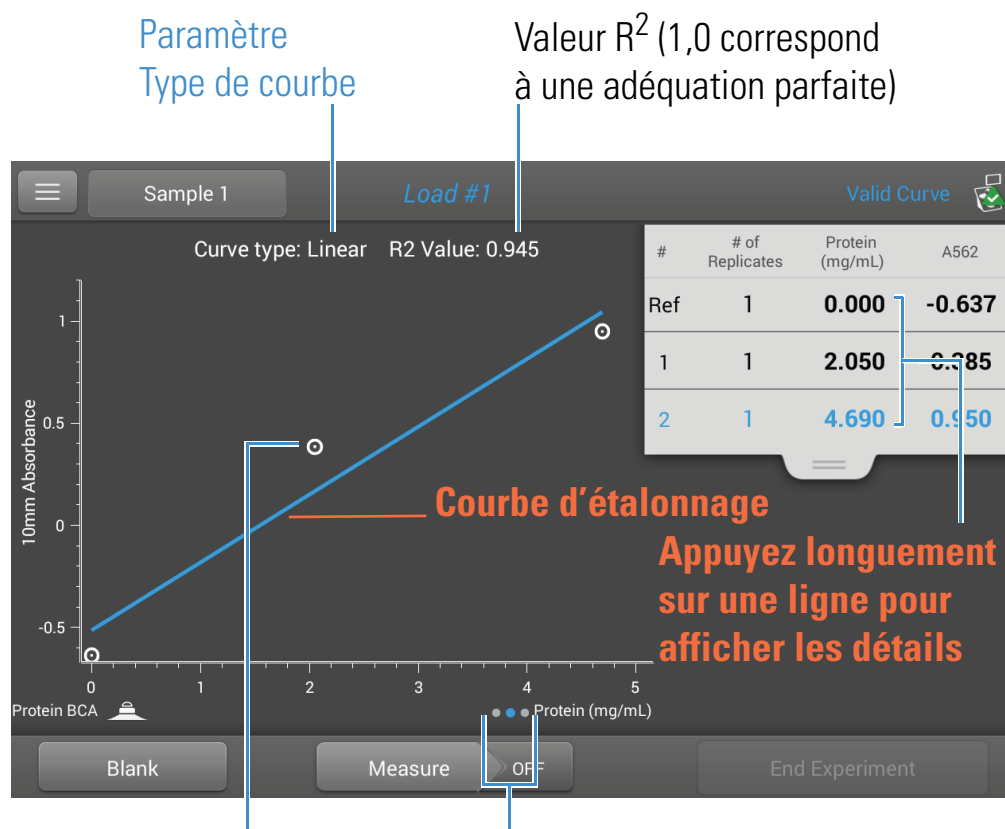
- Les **valeurs de concentration des étalons** peuvent être saisies dans n'importe quel ordre, mais les étalons doivent être mesurés dans l'ordre dans lequel ils ont été saisis ; les meilleures pratiques suggèrent cependant de mesurer les étalons de la plus basse concentration du stock d'analyte d'étalonnage à la plus haute.
- Pour tous les dosages colorimétriques à l'exception de Protéine Pierce 660, **faites le blanc** avec du DI H<sub>2</sub>O (de l'eau déminéralisée). Pour Protéine Pierce 660, faites le blanc avec la solution de référence (voir ci-dessous).
- **Mesurez la référence et tous les étalons** avant de commencer à analyser les échantillons (une fois que le premier échantillon aura été mesuré, il ne sera plus possible d'apporter des modifications à la courbe d'étalonnage).

Pendant que vous mesurez les étalons, un écran de mesure, similaire aux écrans de mesure relatifs aux échantillons, s'affiche.



**Balayez vers la gauche d'un écran**  
pour visualiser la courbe d'étalonnage.

**Balayez vers la gauche d'un écran** pour visualiser la courbe d'étalonnage telle que vous l'avez créée. Voici un exemple :



Les cercles blancs indiquent les points de données correspondant aux étalons

**Balayez vers la gauche d'un écran** pour afficher le tableau de données pour les étalons

La valeur  $R^2$  indique le degré d'adéquation avec lequel la courbe d'étalonnage correspond aux points de données (1,0 correspond à une adéquation parfaite : tous les points sont exactement sur la courbe).



**Balayez vers la gauche d'un écran** pour afficher le tableau de données pour les étalons  
Voici un exemple :



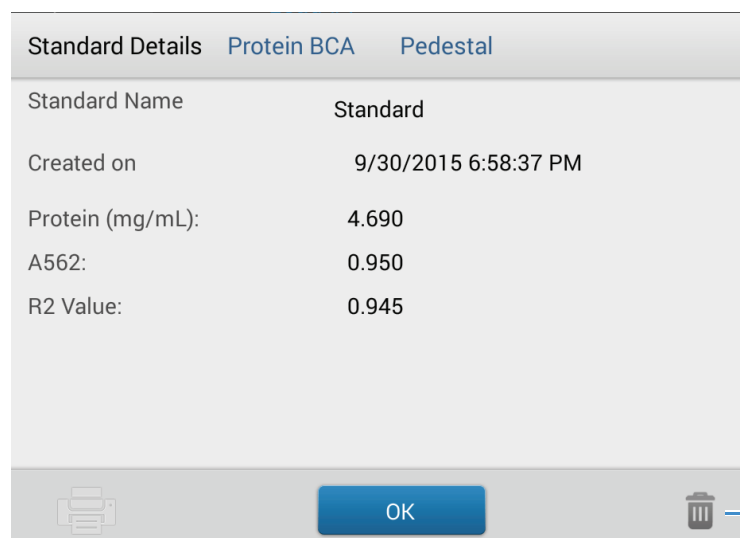
| #   | # of Replicates | Standard Name | Protein (mg/mL) | A562   |
|-----|-----------------|---------------|-----------------|--------|
| Ref | 1               | Reference     | 0.000           | -0.637 |
| 1   | 1               | Standard      | 2.050           | 0.385  |
| 2   | 1               |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

**Appuyez longuement sur une ligne pour afficher les détails**

Protein BCA

Blank Measure OFF End Experiment

**Appuyez longuement** sur une ligne dans n'importe lequel des écrans précédents pour afficher les détails relatifs à un étalon donné. Voici un exemple :

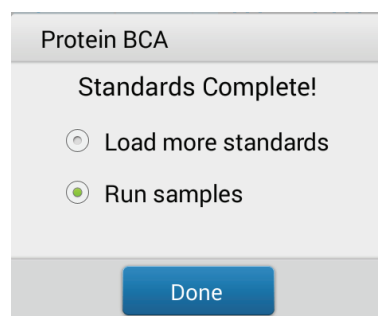


| Standard Details |                      |
|------------------|----------------------|
| Standard Name    | Standard             |
| Created on       | 9/30/2015 6:58:37 PM |
| Protein (mg/mL): | 4.690                |
| A562:            | 0.950                |
| R2 Value:        | 0.945          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

OK

**Appuyez** pour  
supprimer  
cette mesure

Une fois le nombre minimum d'étalons pour le type de courbe sélectionné mesurés, un message similaire au suivant s'affiche :



**Charger plus d'étalons** : revient à l'écran de paramétrage qui permet d'ajouter ou de modifier la valeur de concentration de n'importe quel étalon puis de mesurer l'étalon.

**Analyser les échantillons** : passe à l'écran de mesure des échantillons, ce après quoi les étalons ne peuvent plus être modifiés.

- Vous pouvez ajouter, modifier ou supprimer un étalon à tout moment avant la première mesure d'échantillon.

## Ajouter un étalon

- À partir de l'écran de mesure des étalons, appuyez sur  > **Paramétrage [nom de l'application]**.
- Appuyez sur le premier champ Concentration vide et saisissez la valeur de concentration pour le nouvel échantillon.
- Appuyez sur **Terminé**.

## Modifier un étalon

- À partir de l'écran de mesure des étalons, appuyez sur  > **Paramétrage [nom de l'application]**.
- Appuyez sur le champ Concentration et modifiez la valeur de concentration.
- Appuyez sur **Terminé**.

## Supprimer un étalon

- À partir de l'écran de mesure des étalons, l'écran de la courbe d'étalonnage ou le tableau de données des étalons, appuyez longuement sur une ligne pour afficher la boîte Détails de l'étalon.
- Appuyez sur .

L'étalon ne figure plus dans le tableau sur l'écran de mesure et sa valeur de concentration n'apparaît plus sur l'écran de paramétrage.

**Remarque** Vous pouvez utiliser cette méthode pour supprimer la mesure de référence, auquel cas vous devrez mesurer une nouvelle référence tout de suite après.

- Une fois le nombre minimum d'étalons pour le type de courbe sélectionné mesuré, le message « Courbe invalide » est remplacé par « Courbe valide » (cela se produit même si des étalons supplémentaires ont été définis mais n'ont pas encore été mesurés). Si le message « Courbe invalide » reste affiché une fois tous les étalons saisis mesurés, essayez de :
  - sélectionner un autre type de courbe ;
  - remesurer les étalons en utilisant le matériel d'étalonnage approprié.

**Indicateur Courbe valide :** Cet indicateur signale seulement que le nombre minimum de points requis a été établi pour le type de courbe sélectionné. Il ne valide pas l'intégrité de la courbe. Par exemple, des étalons supplémentaires peuvent être nécessaires pour couvrir la plage de concentration de dosage attendue.

## Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine BCA

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine BCA

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines** et appuyez sur **Protéine BCA**.
2. Spécifiez un [type de courbe](#) et le nombre de [réplicats pour chaque étalon](#) et saisissez la [concentration de chaque étalon](#).

**Conseil :** Pour ce dosage, nous vous recommandons de mettre **Type de courbe** sur « Linéaire ».

3. Mesurez le blanc :
  - pipetez 2 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc de DI H<sub>2</sub>O dans le porte-cuvette.

**Conseil :** Si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

- Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette.

4. Mesurez l'étalon de référence :

- Pipetez 2 µl de solution de référence sur le socle ou insérez la cuvette de référence (la solution de référence ne devrait contenir aucun des stocks de protéines d'étalonnage, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#) pour plus de détails).
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

5. Mesurez les étalons restants :

- Pipetez 2 µl d'étalon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'étalon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.
- Répétez les sous-étapes ci-dessus pour chaque étalon supplémentaire (quand le nombre spécifié d'étalons et de répliquats ont été mesurés, un message demande si charger davantage d'étalons ou commencer à mesurer les échantillons).
- Si vous avez terminé de mesurer les étalons, appuyez sur **Terminé** (balayez vers la gauche pour afficher la courbe d'étalonnage).

6. Mesurez les échantillons :

- Pipetez 2 µl d'échantillon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'échantillon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

7. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.

8. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.

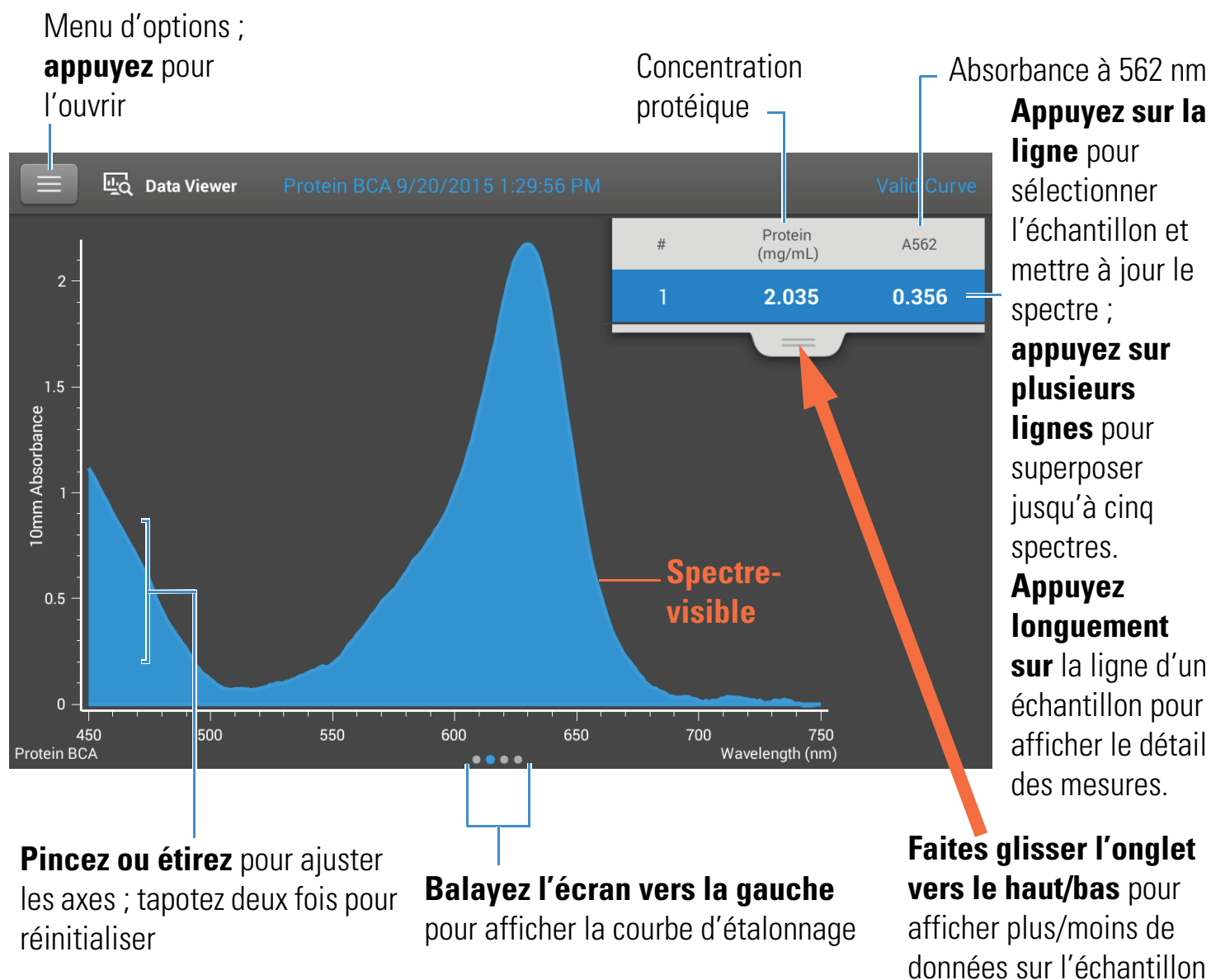
### Sujets similaires

- [Meilleures pratiques pour les mesures de protéines](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par Protéine BCA

### Écran de mesure de Protéine BCA (affiché depuis l’Afficheur de données)

Pour chaque échantillon et étalon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance visible et un résumé des résultats. La courbe d'étalonnage est également disponible en balayant vers la gauche l'écran de mesure (ou dans l'[Afficheur de données](#) comme illustré ci-dessous).



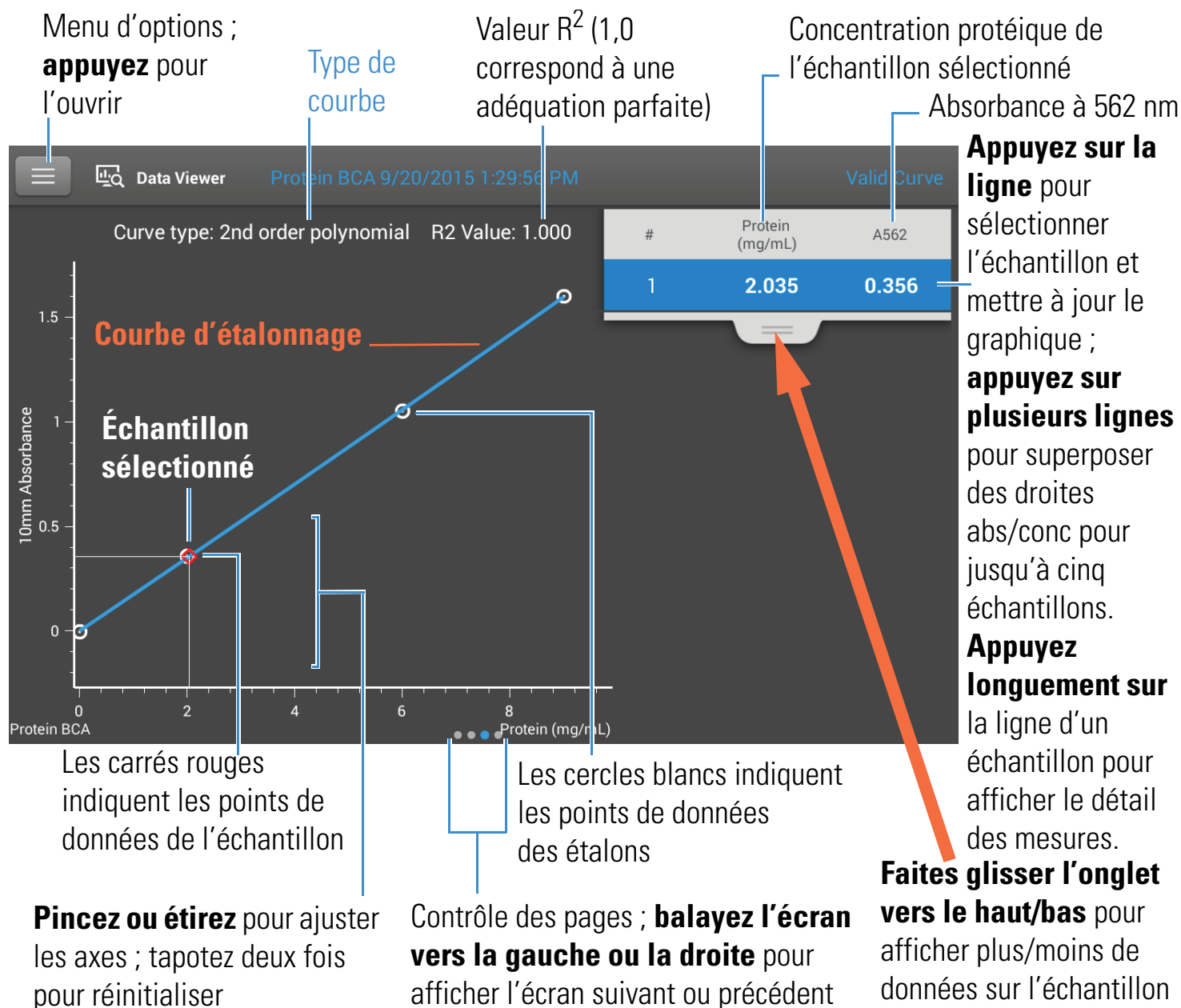
#### Remarque

- Une correction de la ligne de base est effectuée à 750 nm (la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Écran de la courbe d'étalonnage de Protéine BCA

L'écran de la courbe d'étalonnage représente graphiquement la relation entre les étalons mesurés, la courbe d'étalonnage calculée, l'absorbance mesurée et la concentration calculée d'un échantillon sélectionné. Une ligne horizontale relie la valeur d'absorbance de l'échantillon sur l'axe des Y à la courbe d'étalonnage. Une ligne verticale relie ce point à la valeur de concentration de l'échantillon sur l'axe des X.

La valeur  $R^2$  indique le degré d'adéquation avec lequel la courbe d'étalonnage correspond aux points de données (1.0 correspond à une adéquation parfaite : tous les points sont exactement sur la courbe).



## Valeurs rapportées par Protéine BCA

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure et l'écran des étalons (reportez-vous à l'image précédente) contiennent un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

Méthode d'échantillonnage

Nom de l'échantillon ; appuyez pour le modifier

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

Date/heure de la mesure

Conc. protéique

Absorbance à 562 nm

Longueur d'onde de correction de la ligne de base

Absorbance avec correction de la ligne de base

OK

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs de Protéine A280](#)



## Paramètres des mesures Protéine BCA

Pour afficher les paramètres de Protéine BCA, à partir de l'écran de mesure Protéine BCA, appuyez sur  > **Paramétrage Protéine BCA**.

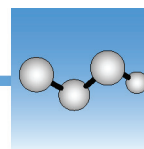
**Remarque** Vous pouvez modifier le paramètre Type de courbe lorsque vous mesurez des étalons en changeant la zone de liste dans le haut de l'écran de mesure de l'application. Vous pouvez modifier la valeur de concentration d'un étalon depuis l'écran de paramétrage de l'application. Après la mesure du premier échantillon, il n'est plus possible de changer ces paramètres.

| Paramètre      | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type de courbe | <p>Spécifiez le type d'équation utilisé pour créer la courbe d'étalonnage à partir des valeurs de concentration des étalons. Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Linéaire</b> : Tracez la courbe des moindres carrés linéaire à travers tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Interpolation</b> : Tracez une série de droites pour connecter tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 2</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 2 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins deux étalons).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 3</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 3 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins trois étalons).</li> </ul> |
| Réplicats      | <p>Saisissez le nombre de mesures de la référence ou d'un même étalon ou échantillon, qui sont utilisées pour calculer la moyenne pour produire la valeur de concentration associée.</p> <p><b>Remarque</b> : le paramètre Réplicats ne peut plus être changé une fois le premier étalon mesuré.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Étalons        | <p>Saisissez la valeur de concentration réelle de chaque étalon.</p> <p><b>Remarque</b> : les valeurs de concentration peuvent être saisies dans n'importe quel ordre, mais les étalons doivent être mesurés dans l'ordre dans lequel ils ont été saisis.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)





## Mesure Protéine Bradford

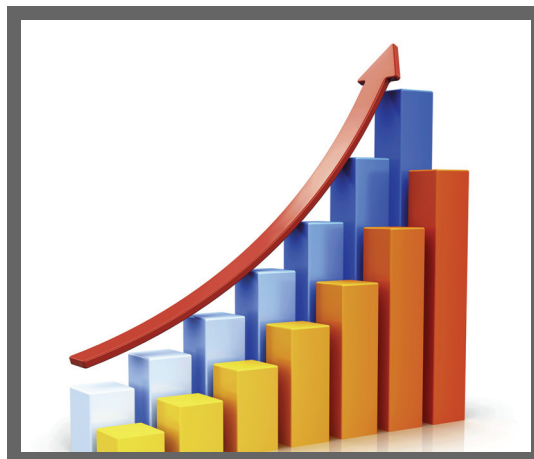
Mesure la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées en utilisant du Bleu de Coomassie (colorant) comme réactif de détection colorimétrique.

**Mesure des protéines totales**

**Résultats rapportés**

**Paramètres**

**Limites de détection**



## Mesure de la concentration en protéines totales

Le dosage Protéine Bradford utilise du bleu de Coomassie en tant que réactif de détection colorimétrique pour déterminer la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées. Cette application est pratique pour mesurer des solutions de protéines diluées qui requièrent une sensibilité de détection plus basse ou des protéines en présence de composants qui montrent une absorbance significative entre 200 nm et 280 nm, ce qui ne permet pas d'effectuer des mesures de protéines directes à 280 nm ou 205 nm. Cette application mesure l'absorbance à 595 nm et utilise une courbe d'étalonnage pour calculer la concentration de protéines. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#). Une correction de la ligne de base en un point unique est appliquée.

### Théorie du dosage Protéine Bradford

Le dosage Protéine Bradford utilise le décalage d'absorbance induit par les protéines du colorant bleu de Coomassie pour déterminer la concentration en protéines totales. Le complexe protéine-colorant lié est mesuré à 595 nm et corrigé en fonction de la ligne de base en utilisant la valeur d'absorbance à 750 nm. Des kits préformulés de mélange de réactifs stabilisés contenant du bleu de Coomassie, de l'alcool et un tensio-actif sont disponibles en nous contactant ou auprès de votre distributeur local.

Pour maximiser la fiabilité avec le dosage Protéine Bradford :

- **Travaillez rapidement et ne laissez pas les étalons ou les échantillons sédimenter plus longtemps que nécessaire.** Les agrégats colorant Coomassie-colorant et colorant Coomassie-protéine peuvent former des particules avec un temps de développement croissant, ce qui résultera en des fluctuations significatives des lectures d'absorbance.
- **Mesurez les étalons et les échantillons en triplicat** en utilisant une nouvelle aliquote pour chaque mesure. Pour les mesures avec un socle, le signal de l'analyte total (protéine-colorant) à 595 nm est limité à environ 0-0,150 A à cause de la longueur du trajet optique de 1,0 mm du socle, de la concentration en bleu de Coomassie et du pH acide.

**Remarque** Si vous avez un instrument du modèle NanoDrop One<sup>C</sup>, utiliser l'option cuvette résultera en un signal d'absorbance plus élevé.

## Kits et protocoles de dosage de protéines

Reportez-vous au site Internet du NanoDrop pour les kits et les protocoles à jour pour les instruments NanoDrop One. Suivez les recommandations du fabricant du kit de dosage pour tous les étalons et échantillons (inconnus). Veuillez à ce que chacun de ceux-ci soit soumis à la même synchronisation et à la même température pendant tout le dosage.

Les étalons de protéines permettant de générer une courbe d'étalonnage peuvent aussi être fournis par le fabricant du kit. Étant donné que les socles du NanoDrop One peuvent mesurer des concentrations protéiques plus élevées que les spectrophotomètres à cuvette traditionnels, il est possible que vous deviez fournir vos propres étalons de protéines de concentrations plus élevées que ceux fournis par le fabricant. Par exemple, des étalons supplémentaires peuvent être nécessaires pour assurer que la courbe d'étalonnage couvre la gamme dynamique du dosage et la gamme attendue des échantillons inconnus.

## Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine Bradford

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine Bradford

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines** et appuyez sur **Protéine Bradford**.
2. Spécifiez un [type de courbe](#) et le nombre de [réplicats pour chaque étalon](#) et saisissez la [concentration de chaque étalon](#).

**Conseil :** Pour ce dosage, mettez **Type de courbe** sur « Polynomiale d'ordre 2 » et **Réplicats** sur 3.

3. Mesurez le blanc :
  - pipetez 2 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc de DI H<sub>2</sub>O dans le porte-cuvette.

**Conseil :** Si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

- Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette.

4. Mesurez l'étalon de référence :

- Pipetez 2 µl de solution de référence sur le socle ou insérez la cuvette de référence (la solution de référence ne devrait contenir aucun des stocks de protéines d'étalonnage, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#) pour plus de détails).
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

5. Mesurez les étalons restants :

- Pipetez 2 µl d'étalon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'étalon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.
- Répétez les sous-étapes ci-dessus pour chaque étalon supplémentaire (quand le nombre spécifié d'étalons et de répliquats ont été mesurés, un message demande si charger davantage d'étalons ou commencer à mesurer les échantillons).
- Si vous avez terminé de mesurer les étalons, appuyez sur **Terminé** (balayez vers la gauche pour afficher la courbe d'étalonnage).

6. Mesurez les échantillons :

- Pipetez 2 µl d'échantillon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'échantillon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

7. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.

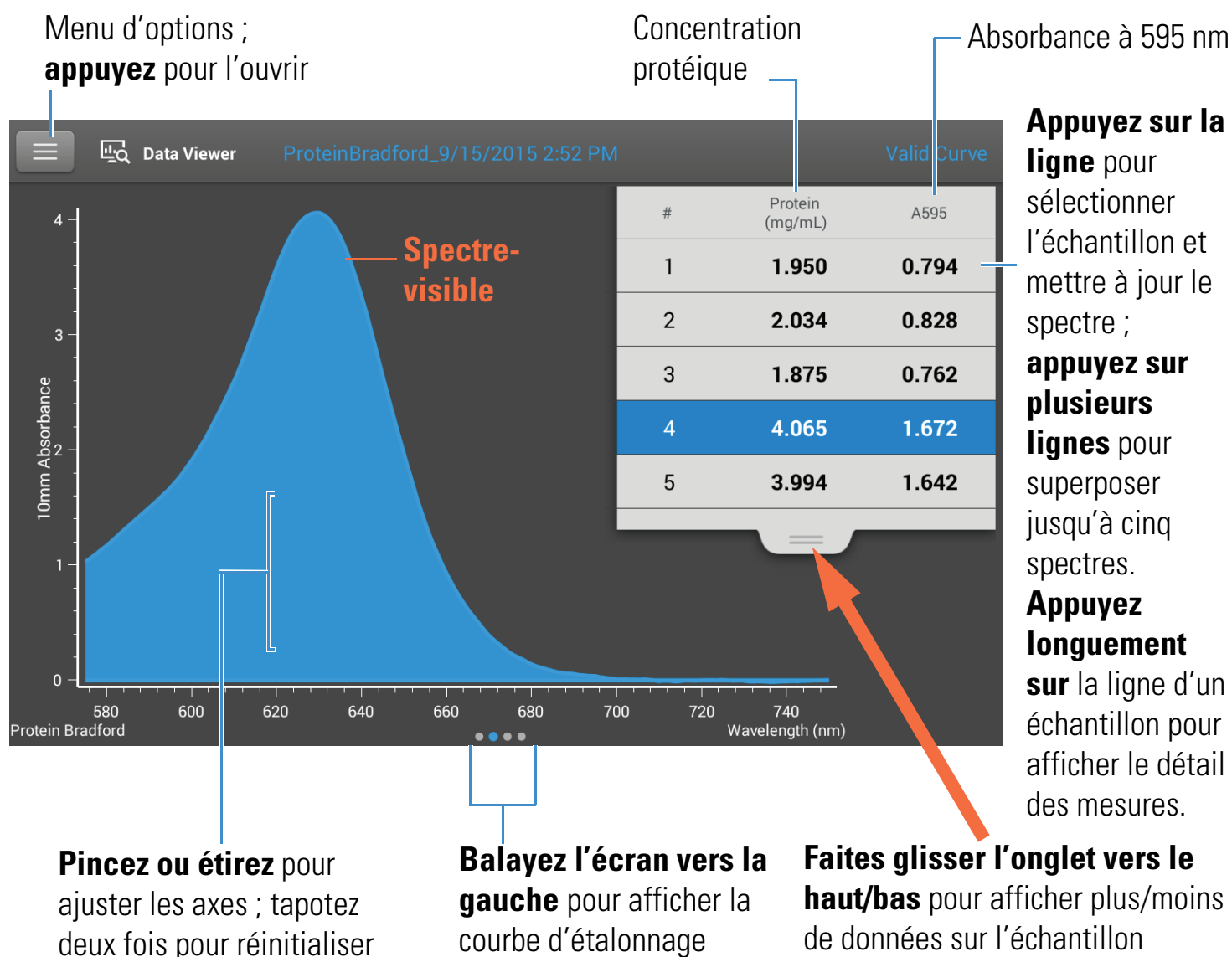
8. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.

**Sujets similaires**

- Travailler avec les courbes d'étalonnage
- Meilleures pratiques pour les mesures de protéines
- Mesurer un échantillon micro-volume
- Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette
- Préparer les échantillons et les blancs
- Fonctionnement de base de l'instrument

**Résultats rapportés par Protéine Bradford****Écran de mesure de Protéine Bradford (affiché depuis l’Afficheur de données)**

Pour chaque échantillon et étalon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance visible et un résumé des résultats. La courbe d'étalonnage est également disponible en balayant vers la gauche l'écran de mesure (ou dans l'[Afficheur de données](#) comme illustré ci-dessous).



### Remarque

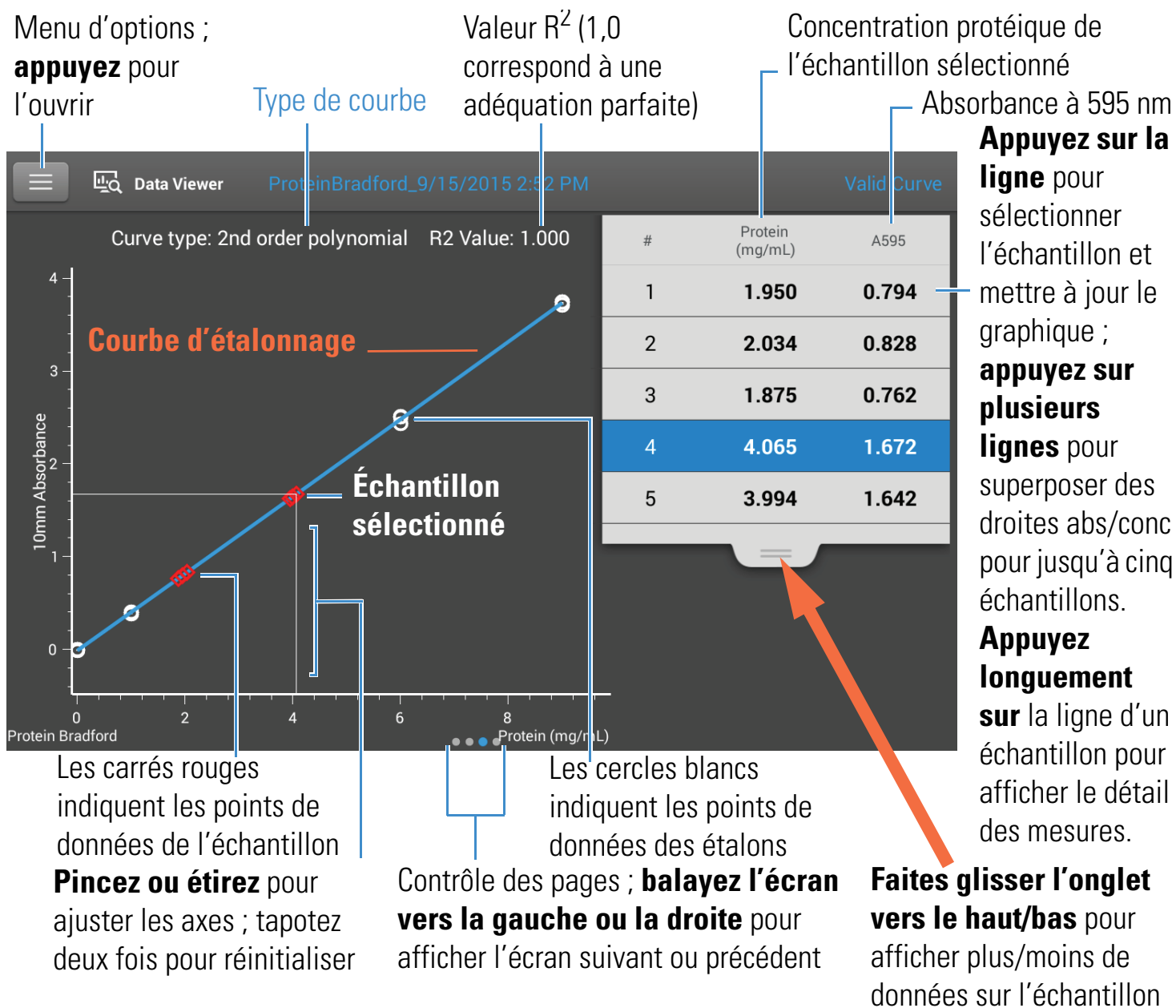
- Une correction de la ligne de base est effectuée à 750 nm (la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.



## Écran de la courbe d'étalonnage de Protéine Bradford

L'écran de la courbe d'étalonnage représente graphiquement la relation entre les étalons mesurés, la courbe d'étalonnage calculée, l'absorbance mesurée et la concentration calculée d'un échantillon sélectionné. Une ligne horizontale relie la valeur d'absorbance de l'échantillon sur l'axe des Y à la courbe d'étalonnage. Une ligne verticale relie ce point à la valeur de concentration de l'échantillon sur l'axe des X.

La valeur  $R^2$  indique le degré d'adéquation avec lequel la courbe d'étalonnage correspond aux points de données (1.0 correspond à une adéquation parfaite : tous les points sont exactement sur la courbe).

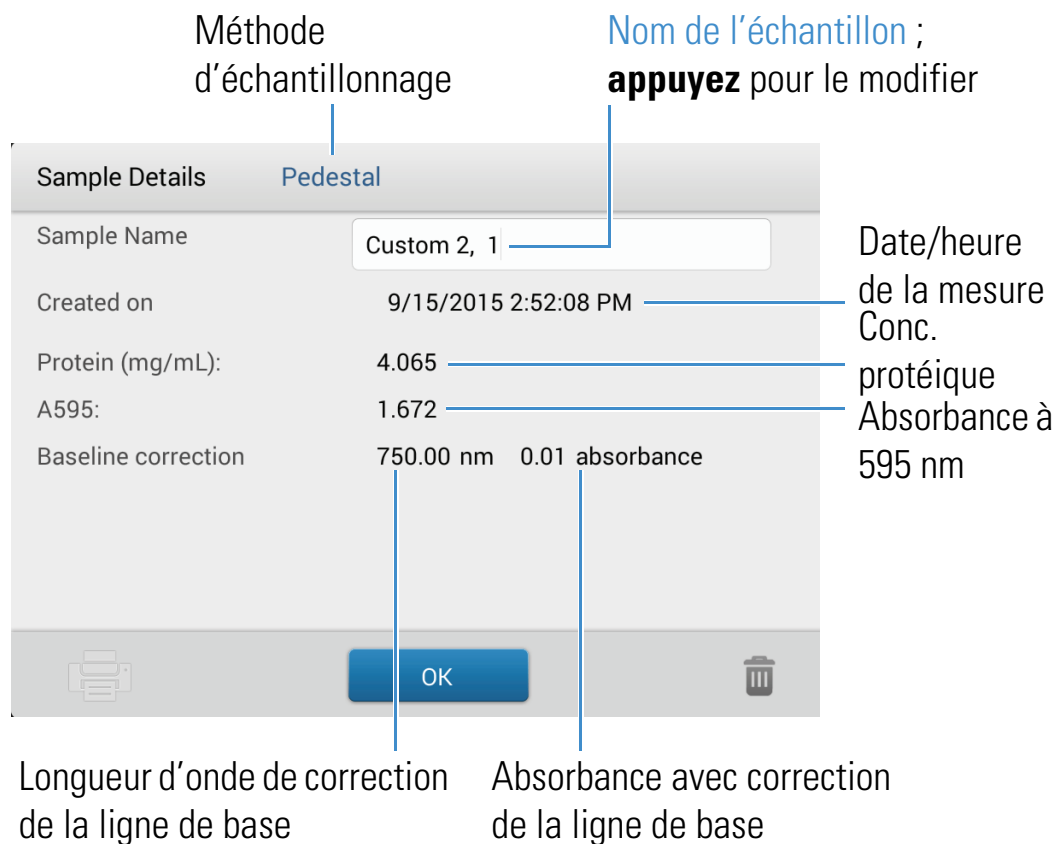


**Remarque**

- Une correction de la ligne de base est effectuée à 750 nm (la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

**Valeurs rapportées par Protéine Bradford**

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure et l'écran des étalons (reportez-vous à l'image précédente) contiennent un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :



### Sujets similaires

- [Exemple de courbe d'étalonnage](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs de Protéine A280](#)

## Paramètres des mesures Protéine Bradford

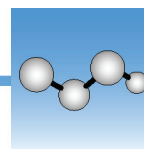
Pour afficher les paramètres de Protéine Bradford, à partir de l'écran de mesure Protéine Bradford, appuyez sur  > **Paramétrage Protéine Bradford.**

**Remarque** Vous pouvez modifier le paramètre Type de courbe lorsque vous mesurez des étalons en changeant la zone de liste dans le haut de l'écran de mesure de l'application. Vous pouvez modifier la valeur de concentration d'un étalon depuis l'écran de paramétrage de l'application. Après la mesure du premier échantillon, il n'est plus possible de changer ces paramètres.

| Paramètre      | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type de courbe | <p>Spécifiez le type d'équation utilisé pour créer la courbe d'étalonnage à partir des valeurs de concentration des étalons. Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Linéaire</b> : Tracez la courbe des moindres carrés linéaire à travers tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Interpolation</b> : Tracez une série de droites pour connecter tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 2</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 2 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins deux étalons).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 3</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 3 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins trois étalons).</li> </ul> |
| Réplicats      | <p>Saisissez le nombre de mesures de la référence ou d'un même étalon ou échantillon, qui sont utilisées pour calculer la moyenne pour produire la valeur de concentration associée.</p> <p><b>Remarque</b> : le paramètre Réplicats ne peut plus être changé une fois le premier étalon mesuré.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Étalons        | <p>Saisissez la valeur de concentration réelle de chaque étalon.</p> <p><b>Remarque</b> : les valeurs de concentration peuvent être saisies dans n'importe quel ordre, mais les étalons doivent être mesurés dans l'ordre dans lequel ils ont été saisis.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)



## Mesure Protéine Lowry

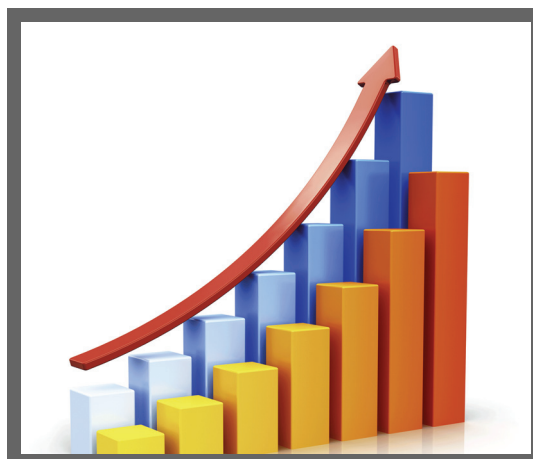
Mesure la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées en utilisant du réactif de détection colorimétrique de Folin-Ciocalteu.

**Mesure des protéines totales**

**Résultats rapportés**

**Paramètres**

**Limites de détection**



## Mesure de la concentration en protéines totales

Le dosage Protéine Lowry utilise le réactif de Folin-Ciocalteu en tant que réactif de détection colorimétrique pour déterminer la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées. Cette application est une alternative aux autres applications colorimétriques pour mesurer des solutions de protéines diluées ou des protéines en présence de composants qui montrent une absorbance significative entre 200 nm et 280 nm. Cette application mesure l'absorbance à 650 nm et utilise une courbe d'étalonnage pour calculer la concentration de protéines. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#). Une correction de la ligne de base en un point unique est appliquée.

### Théorie du dosage Protéine Lowry

Le dosage Protéine Lowry repose sur la réaction des protéines avec du sulfate de cuivre dans une solution alcaline, ce qui résulte en la formation de complexes cuivre tetradentate-protéines. Le réactif de Folin-Ciocalteu est réduit efficacement en proportion aux complexes de chélate de cuivre. Le produit bleu soluble dans l'eau de la réaction est mesuré à 650 nm et corrigé en fonction de la ligne de base en utilisant la valeur d'absorbance à 405 nm. Des kits préformulés de réactif de Folin-Ciocalteu et de  $\text{CuSO}_4$  sont disponibles en nous contactant ou auprès de votre distributeur local.

## Kits et protocoles de dosage de protéines

Suivez les recommandations du fabricant du kit de dosage pour tous les étalons et échantillons (inconnus). Veuillez à ce que chacun de ceux-ci soit soumis à la même synchronisation et à la même température pendant tout le dosage.

## Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine Lowry

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine Lowry

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines** et appuyez sur **Protéine Lowry**.
2. Spécifiez un [type de courbe](#) et le nombre de [réplicats pour chaque étalon](#) et saisissez la [concentration de chaque étalon](#).

**Conseil :** Pour ce dosage, nous vous recommandons de mettre **Type de courbe** sur « Polynomiale d'ordre 2 ».

3. Mesurez le blanc :
  - pipetez 2 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc de DI H<sub>2</sub>O dans le porte-cuvette.

**Conseil :** Si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

- Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette.

4. Mesurez l'étalon de référence :

- Pipetez 2 µl de solution de référence sur le socle ou insérez la cuvette de référence (la solution de référence ne devrait contenir aucun des stocks de protéines d'étalonnage, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#) pour plus de détails).
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

5. Mesurez les étalons restants :

- Pipetez 2 µl d'étalon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'étalon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.
- Répétez les sous-étapes ci-dessus pour chaque étalon supplémentaire (quand le nombre spécifié d'étalons et de répliquats ont été mesurés, un message demande si charger davantage d'étalons ou commencer à mesurer les échantillons).
- Si vous avez terminé de mesurer les étalons, appuyez sur **Terminé** (balayez vers la gauche pour afficher la courbe d'étalonnage).

6. Mesurez les échantillons :

- Pipetez 2 µl d'échantillon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'échantillon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

7. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.

8. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.

### Sujets similaires

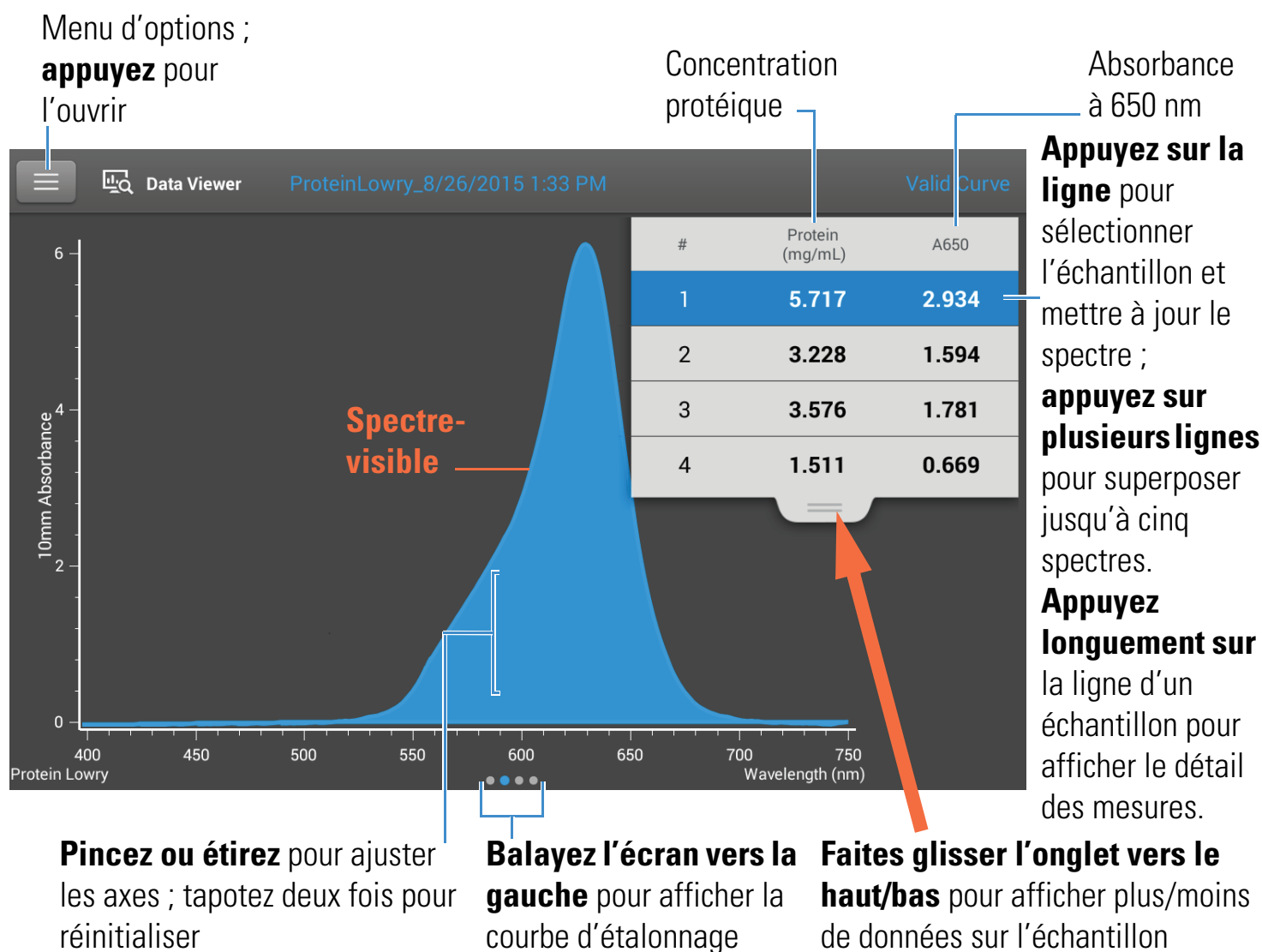
- Travailler avec les courbes d'étalonnage
- Meilleures pratiques pour les mesures de protéines
- Mesurer un échantillon micro-volume
- Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette
- Préparer les échantillons et les blancs
- Fonctionnement de base de l'instrument

## Résultats rapportés par Protéine Lowry

### Écran de mesure de Protéine Lowry (affiché depuis l’Afficheur de données)

Pour chaque échantillon et étalon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance visible et un résumé des résultats. La courbe d'étalonnage est également disponible en balayant vers la gauche l'écran de mesure (ou dans l'[Afficheur de données](#) comme illustré ci-dessous).





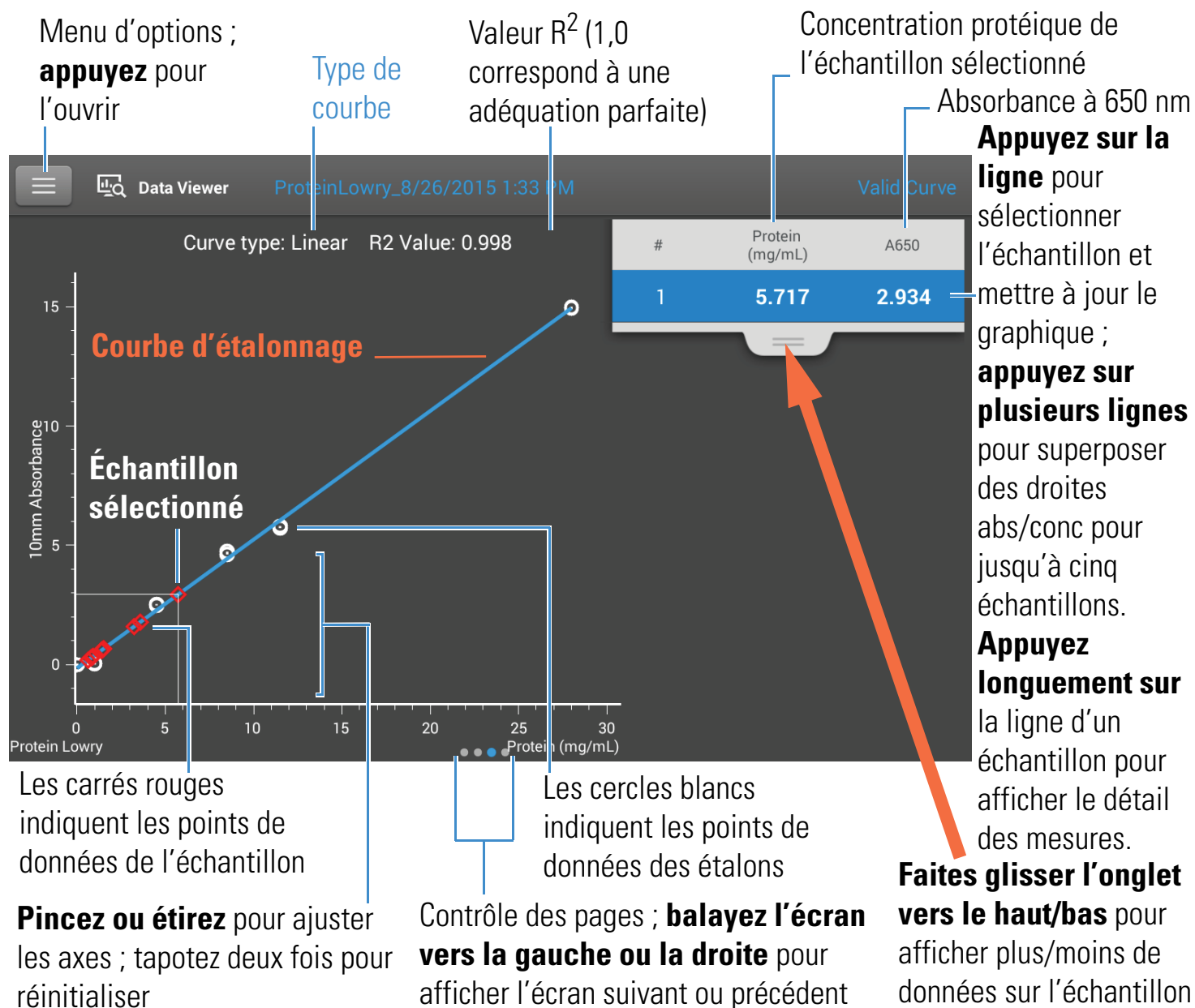
### Remarque

- Une correction de la ligne de base est effectuée à 405 nm (la valeur d'absorbance à 405 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Écran de la courbe d'étalonnage de Protéine Lowry

L'écran de la courbe d'étalonnage représente graphiquement la relation entre les étalons mesurés, la courbe d'étalonnage calculée, l'absorbance mesurée et la concentration calculée d'un échantillon sélectionné. Une ligne horizontale relie la valeur d'absorbance de l'échantillon sur l'axe des Y à la courbe d'étalonnage. Une ligne verticale relie ce point à la valeur de concentration de l'échantillon sur l'axe des X.

La valeur  $R^2$  indique le degré d'adéquation avec lequel la courbe d'étalonnage correspond aux points de données (1.0 correspond à une adéquation parfaite : tous les points sont exactement sur la courbe).



## Valeurs rapportées par Protéine Lowry

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure et l'écran des étalons (reportez-vous à l'image précédente) contiennent un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

Méthode d'échantillonnage

Nom de l'échantillon ; appuyez pour le modifier

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

Date/heure de la mesure

Conc. protéique

Absorbance à 650 nm

Longueur d'onde de correction de la ligne de base

Absorbance avec correction de la ligne de base

OK

### Sujets similaires

- [Exemple de courbe d'étalonnage](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Paramètres des mesures Protéine Lowry

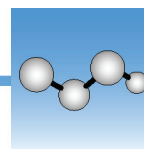
Pour afficher les paramètres de Protéine Lowry, à partir de l'écran de mesure Protéine Lowry, appuyez sur  > **Paramétrage Protéine Lowry**.

**Remarque** Vous pouvez modifier le paramètre Type de courbe lorsque vous mesurez des étalons en changeant la zone de liste dans le haut de l'écran de mesure de l'application. Vous pouvez modifier la valeur de concentration d'un étalon depuis l'écran de paramétrage de l'application. Après la mesure du premier échantillon, il n'est plus possible de changer ces paramètres.

| Paramètre      | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type de courbe | <p>Spécifiez le type d'équation utilisé pour créer la courbe d'étalonnage à partir des valeurs de concentration des étalons. Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Linéaire</b> : Tracez la courbe des moindres carrés linéaire à travers tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Interpolation</b> : Tracez une série de droites pour connecter tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 2</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 2 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins deux étalons).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 3</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 3 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins trois étalons).</li> </ul> |
| Réplicats      | <p>Saisissez le nombre de mesures de la référence ou d'un même étalon ou échantillon, qui sont utilisées pour calculer la moyenne pour produire la valeur de concentration associée.</p> <p><b>Remarque</b> : le paramètre Réplicats ne peut plus être changé une fois le premier étalon mesuré.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Étalons        | <p>Saisissez la valeur de concentration réelle de chaque étalon.</p> <p><b>Remarque</b> : les valeurs de concentration peuvent être saisies dans n'importe quel ordre, mais les étalons doivent être mesurés dans l'ordre dans lequel ils ont été saisis.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)



## Mesure Protéine Pierce 660

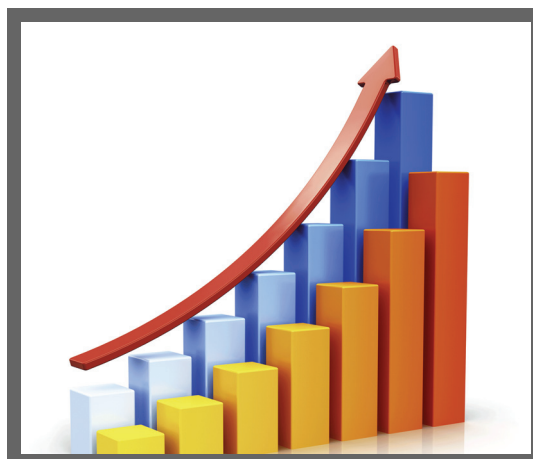
Mesure la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées en utilisant un réactif de détection colorimétrique propriétaire.

**Mesure des protéines totales**

**Résultats rapportés**

**Paramètres**

**Limites de détection**



## Mesure de la concentration en protéines totales

Le dosage Protéine Pierce 660 utilise un matériau de liaison de protéines propriétaire en tant que réactif de détection colorimétrique pour déterminer la concentration en protéines totales d'échantillons de protéines non purifiées. Cette application est adaptée aux solutions de protéines qui contiennent des concentrations élevées de détergents, en réduisant les agents et les autres réactifs communément utilisés. L'application Pierce 660 mesure l'absorbance à 660 nm et utilise une courbe d'étalonnage pour calculer la concentration en protéines (pour plus d'informations, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#)). Une correction de la ligne de base en un point unique est appliquée.

### Théorie du dosage Protéine Pierce 660

Le dosage Protéine Pierce 660 repose sur un complexe colorant-métal propriétaire qui se lie en condition acide aux protéines, ce qui cause une variation du maximum d'absorption de colorant, qui est mesuré à 660 nm. Le complexe colorant-métal est de couleur marron-rougeâtre et vire au vert lors de la liaison avec les protéines. Le changement de couleur est produit par la déprotonation du colorant à pH bas qui est facilitée par les interactions avec

les groupes d'acides aminés chargés positivement des protéines. Le colorant interagit avec les résidus basiques des protéines tels que l'histidine, l'arginine et la lysine et, en moindre mesure, la tyrosine, le tryptophane et la phénylalanine. Le produit de la réaction est mesuré à 660 nm et corrigé en fonction de la ligne de base en utilisant la valeur d'absorbance à 750 nm.

La couleur produite lors du dosage est stable et augmente en proportion à une large gamme de concentrations de protéines. Un réactif de compatibilité avec les détergents ioniques (IDCR) peut être ajouté pour accroître la compatibilité avec de grandes quantités de détergents ioniques, y compris le tampon d'échantillon Laemmli (SDS et bleu de Bromophénol). L'IDCR se dissout complètement en mélangeant bien et n'a pas d'effet sur le dosage. Des kits préformulés de complexe de liaison protéinique sont disponibles en nous contactant ou auprès de votre distributeur local. Pour les informations sur l'IDCR, reportez-vous au kit du fabricant.

## Kits et protocoles de dosage de protéines

Reportez-vous au site Internet du NanoDrop pour les kits et les protocoles à jour pour les instruments NanoDrop One. Suivez les recommandations du fabricant du kit de dosage pour tous les étalons et échantillons (inconnus). Veuillez à ce que chacun de ceux-ci soit soumis à la même synchronisation et à la même température pendant tout le dosage.

Les étalons de protéines permettant de générer une courbe d'étalonnage peuvent aussi être fournis par le fabricant du kit. Étant donné que les socles du NanoDrop One peuvent mesurer des concentrations protéiques plus élevées que les spectrophotomètres à cuvette traditionnels, il est possible que vous deviez fournir vos propres étalons de protéines de concentrations plus élevées que ceux fournis par le fabricant. Par exemple, des étalons supplémentaires peuvent être nécessaires pour assurer que la courbe d'étalonnage couvre la gamme dynamique du dosage et la gamme attendue des échantillons inconnus.

## Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine Pierce 660

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essayez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer des étalons et des échantillons avec Protéine Pierce 660

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Protéines**, puis appuyez sur **Protéine Pierce 660**.
2. Spécifiez un [type de courbe](#) et le nombre de [réplicats pour chaque étalon](#) et saisissez la [concentration de chaque étalon](#).

**Conseil :** Pour ce dosage, nous vous recommandons de mettre **Type de courbe** sur « Linéaire ».

3. Mesurez le blanc :
  - Pipetez 2 µl de solution de référence sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc de solution de référence dans le porte-cuvette (la solution de référence ne devrait contenir aucun des stocks de protéines d'étalonnage, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#) pour plus de détails).

**Conseil :** Si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

- Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette.

4. Mesurez l'étalon de référence :

- Pipetez 2 µl de solution de référence sur le socle ou insérez la cuvette de référence (la solution de référence ne devrait contenir aucun des stocks de protéines d'étalonnage, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#) pour plus de détails).
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

5. Mesurez les étalons restants :

- Pipetez 2 µl d'étalon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'étalon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.
- Répétez les sous-étapes ci-dessus pour chaque étalon supplémentaire (quand le nombre spécifié d'étalons et de répliquats ont été mesurés, un message demande si charger davantage d'étalons ou commencer à mesurer les échantillons).
- Si vous avez terminé de mesurer les étalons, appuyez sur **Terminé** (balayez vers la gauche pour afficher la courbe d'étalonnage).

6. Mesurez les échantillons :

- Pipetez 2 µl d'échantillon 1 sur le socle ou insérez la cuvette d'échantillon 1.
- Abaissez le bras pour commencer la mesure (ou appuyez sur **Mesurer** si Mesure automatique est Désactivé).
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette neuve, ou retirez la cuvette.
- Si le paramètre Réplicats est supérieur à 1, répétez la mesure.

7. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.

8. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.



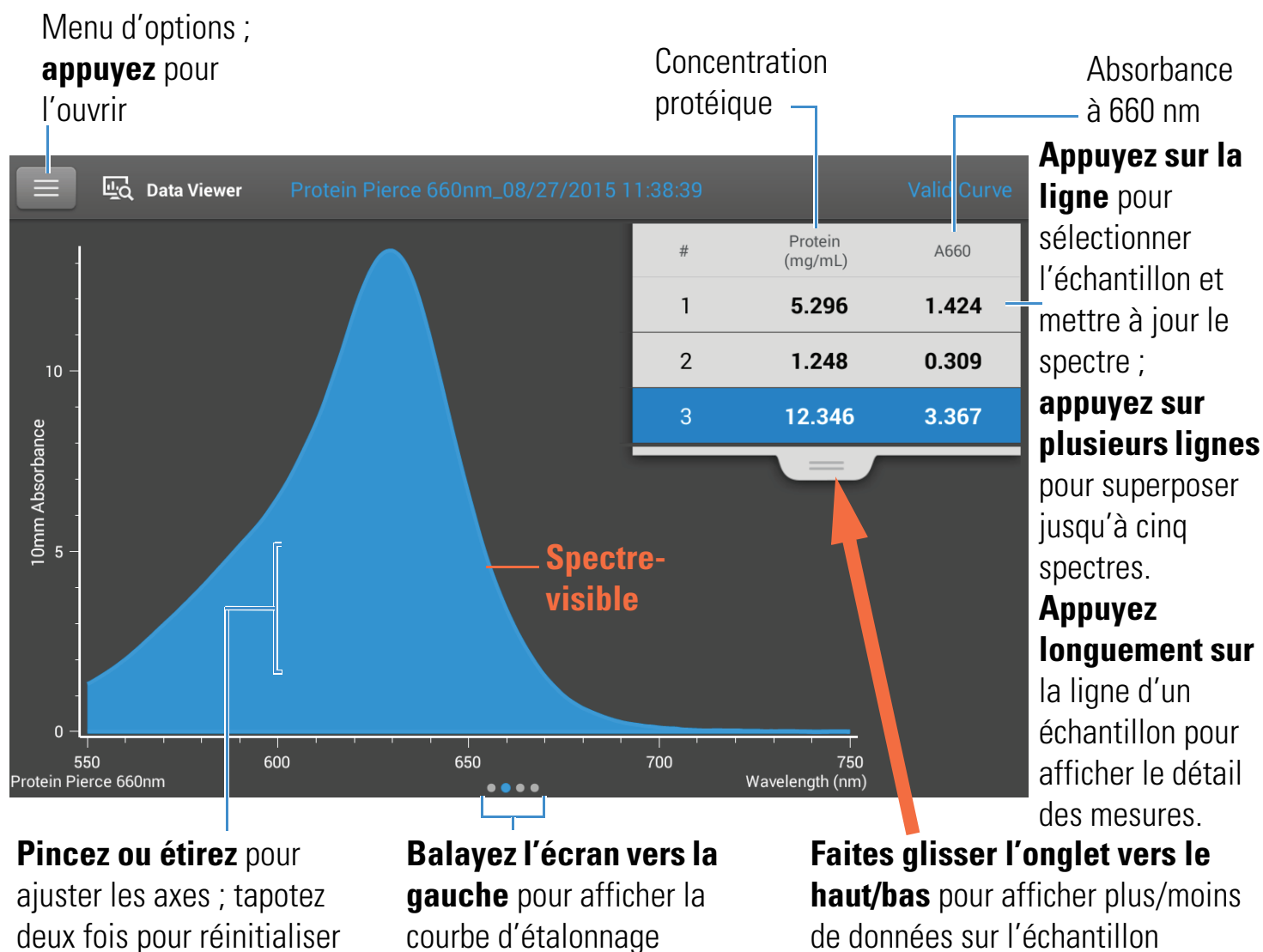
### Sujets similaires

- Travailler avec les courbes d'étalonnage
- Meilleures pratiques pour les mesures de protéines
- Mesurer un échantillon micro-volume
- Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette
- Préparer les échantillons et les blancs
- Fonctionnement de base de l'instrument

## Résultats rapportés par Protéine Pierce 660

### Écran de mesure de Protéine Pierce 660 (affiché depuis l'Afficheur de données)

Pour chaque échantillon et étalon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance visible et un résumé des résultats. La courbe d'étalonnage est également disponible en balayant vers la gauche l'écran de mesure (ou dans l'[Afficheur de données](#) comme illustré ci-dessous).



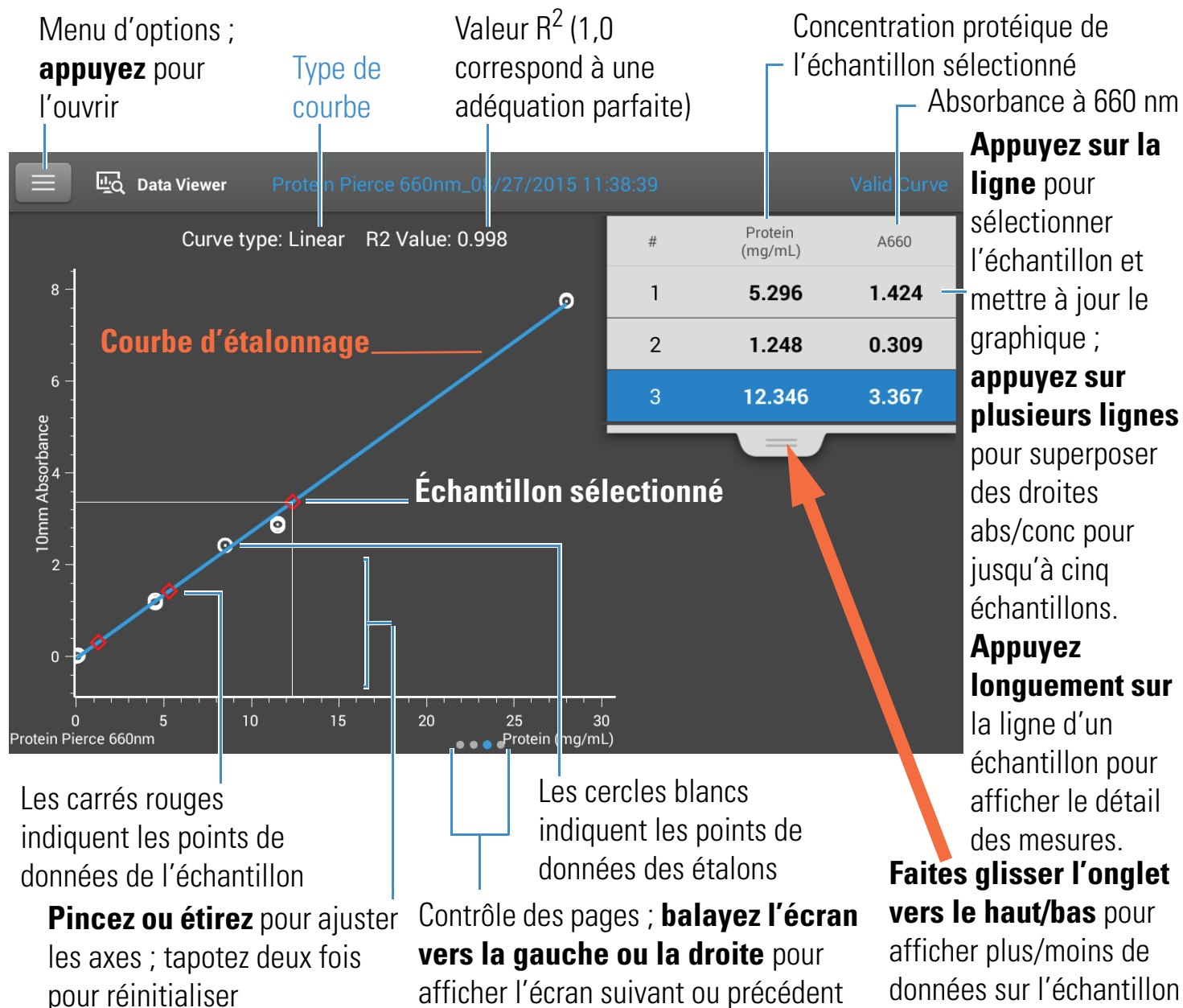
### Remarque

- Une correction de la ligne de base est effectuée à 750 nm (la valeur d'absorbance à 750 nm est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon).
- Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Écran de la courbe d'étalonnage de Protéine Pierce 660

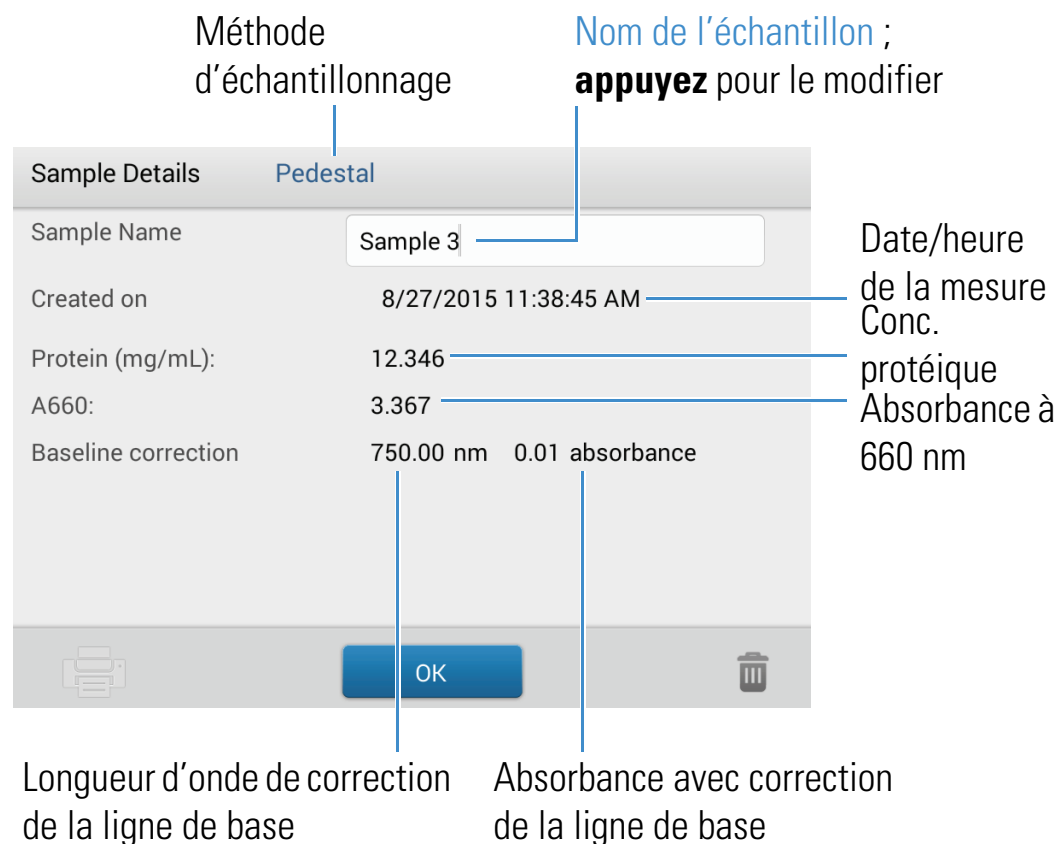
L'écran de la courbe d'étalonnage représente graphiquement la relation entre les étalons mesurés, la courbe d'étalonnage calculée, l'absorbance mesurée et la concentration calculée d'un échantillon sélectionné. Une ligne horizontale relie la valeur d'absorbance de l'échantillon sur l'axe des Y à la courbe d'étalonnage. Une ligne verticale relie ce point à la valeur de concentration de l'échantillon sur l'axe des X.

La valeur  $R^2$  indique le degré d'adéquation avec lequel la courbe d'étalonnage correspond aux points de données (1.0 correspond à une adéquation parfaite : tous les points sont exactement sur la courbe).



## Valeurs rapportées par Protéine Pierce 660

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure et l'écran des étalons (reportez-vous à l'image précédente) contiennent un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :



### Sujets similaires

- [Exemple de courbe d'étalonnage](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Paramètres des mesures Protéine Pierce 660

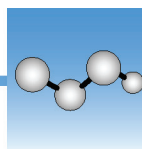
Pour afficher les paramètres de Protéine Pierce 660, à partir de l'écran de mesure Protéine Pierce 660, appuyez sur  > **Paramétrage Protéine Pierce 660**.

**Remarque** Vous pouvez modifier le paramètre Type de courbe lorsque vous mesurez des étalons en changeant la zone de liste dans le haut de l'écran de mesure de l'application. Vous pouvez modifier la valeur de concentration d'un étalon depuis l'écran de paramétrage de l'application. Après la mesure du premier échantillon, il n'est plus possible de changer ces paramètres.

| Paramètre      | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type de courbe | <p>Spécifiez le type d'équation utilisé pour créer la courbe d'étalonnage à partir des valeurs de concentration des étalons. Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Linéaire</b> : Tracez la courbe des moindres carrés linéaire à travers tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Interpolation</b> : Tracez une série de droites pour connecter tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 2</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 2 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins deux étalons).</li> <li>• <b>Polynomiale d'ordre 3</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 3 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins trois étalons).</li> </ul> |
| Réplicats      | <p>Saisissez le nombre de mesures de la référence ou d'un même étalon ou échantillon, qui sont utilisées pour calculer la moyenne pour produire la valeur de concentration associée.</p> <p><b>Remarque</b> : le paramètre Réplicats ne peut plus être changé une fois le premier étalon mesuré.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Étalons        | <p>Saisissez la valeur de concentration réelle de chaque étalon.</p> <p><b>Remarque</b> : les valeurs de concentration peuvent être saisies dans n'importe quel ordre, mais les étalons doivent être mesurés dans l'ordre dans lequel ils ont été saisis.</p> <p>Si vous voulez aussi saisir des valeurs d'absorbance mesurées au préalable pour les étalons, sélectionnez cette case à cocher :</p> <div data-bbox="472 1570 1010 1747"> <input checked="" type="checkbox"/> Absorbance data for standards can be either measured or entered manually. Uncheck this box to measure absorbance data. Check the box to manually enter the absorbance values.         </div> <p>puis saisissez les valeurs d'absorbance pour tous les étalons.</p>                                                                                                                                                                                           |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)



## Mesure DO600

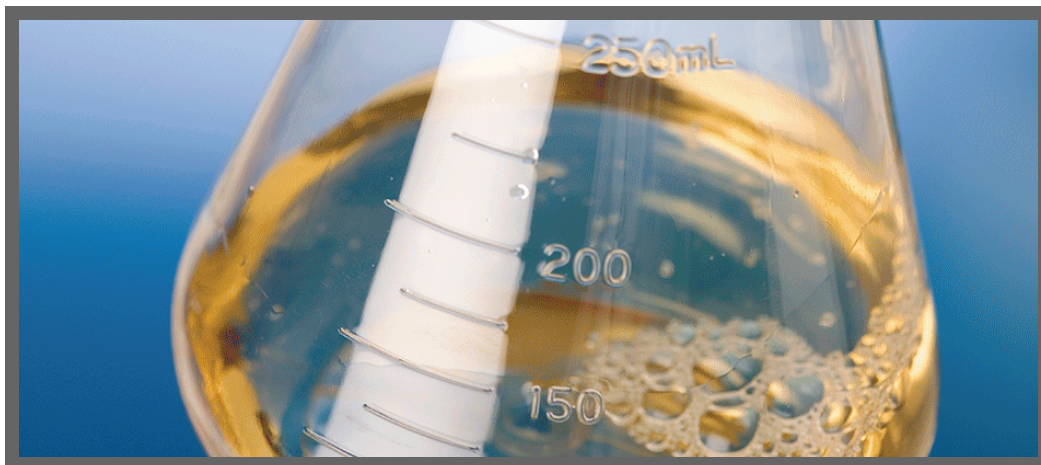
Mesure la concentration des cultures cellulaires microbiennes dans la solution en mesurant la lumière diffusée à 600 nm.

[Mesure DO600](#)

[Résultats rapportés](#)

[Paramètres](#)

[Calculs](#)



## Mesure DO600

Utilisez l'application DO600 pour surveiller le taux de croissance des cultures cellulaires bactériennes ou d'autres cultures cellulaires microbiennes en mesurant la densité optique (l'absorbance) de la culture dans le milieu de croissance à 600 nm. L'équation de Beer-Lambert et un facteur de conversion saisi par l'utilisateur sont utilisés pour relier l'absorbance à la concentration. Les valeurs de concentration peuvent être utilisées pour identifier la phase des populations de cellules cultivées, c'est-à-dire : phase de latence, phase exponentielle ou phase stationnaire.

L'application DO600 indique la concentration cellulaire en cellules/ml. Une correction de l'absorbance en un point unique peut être utilisée. Cette application ne requiert pas de courbe d'étalonnage.

**Remarque** Compte tenu de la quantité de lumière diffusée présente dans ce dosage, les valeurs d'absorbance lues sont normalement très basses.

## Théorie de l'application DO600

L'application DO600 mesure la transmission de la lumière et utilise cette valeur pour calculer l'absorbance. En spectroscopie, la lumière transmise est définie comme toute lumière qui n'est pas absorbée, réfléchi et diffusée par un échantillon.

Dans le cas des cellules vivantes, la plupart de la lumière incidente est transmise à travers l'échantillon et non pas diffusée, réfléchi ou absorbée. La quantité de lumière diffusée est faible et peut varier d'un instrument à l'autre. Résultat, les valeurs d'absorbance calculées lues sont normalement très basses.

Les valeurs d'absorbance calculées sont utilisées pour déterminer la densité des cellules dans les solutions en cellules/ml. Les concepts et formules physiques qui lient les propriétés optiques des cellules vivantes à la concentration sont les suivants :

- Les cellules, qui ont un indice de réfraction différent du milieu environnant, réfléchissent et diffusent de manière aléatoire la lumière en dehors du trajet optique incident. La quantité de la diffusion est proportionnelle à la densité des cellules dans l'échantillon.
- L'équation de Beer est utilisée pour relier l'absorbance à la concentration. Pour plus de détails, reportez-vous à [Calculs pour les mesures DO600](#).
- Pour les lectures avec cuvette avec l'instrument NanoDrop One, les lectures d'absorbance précises sont normalement comprises dans la plage qui va de 0,04 A à 1,5 A. Des dilutions en série de l'échantillon sont normalement nécessaires pour amener les lectures d'absorbance dans cette plage.
- Toutes les mesures doivent être faites avec le même type de spectrophotomètre et de méthode (par ex., socle ou cuvette) car la quantité de lumière diffusée capturée varie selon la configuration optique. Lorsque vous utilisez un spectrophotomètre ou une méthode différent, calculez et appliquez un facteur de conversion pour les résultats rapportés. Par exemple, pour comparer les lectures de diamètre externe en utilisant le socle par rapport à ces mêmes diamètres avec une cuvette, vous pouvez calculer un facteur de conversion comme suit :

$$\text{Facteur de conversion} = \text{Diamètre externe cuvette} / \text{Diamètre externe socle}$$



## Meilleures pratiques pour les mesures DO600

- Vérifiez que l'échantillon entre dans les [limites de détection d'absorbance](#) de l'instrument.
- Faites le blanc avec le milieu de croissance ou de culture dans lequel les cellules d'intérêt sont suspendues.
- Exécutez un [cycle de blanc](#) pour évaluer la contribution de votre solution de milieu à l'absorbance. Si la solution de milieu montre une forte absorbance à, ou près de, la longueur d'onde de l'analyse (600 nm), il est possible que vous deviez choisir une solution de milieu ou une application différentes. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#).
- Effectuez des dilutions comme nécessaire pour assurer que les cultures d'échantillon ne dépassent pas la gamme dynamique linéaire du dosage avant que la culture n'atteigne la phase stationnaire. La gamme linéaire dépend largement de la configuration optique et, par conséquent, diffère pour les mesures effectuées avec le socle et celle effectuées avec une cuvette. Pour déterminer la gamme linéaire :
  - Mesurez une série de dilutions en utilisant une jeune culture nocturne (~16 h) de la souche microbienne.
  - Représentez graphiquement les mesures DO600 en fonction du facteur de dilution.

La limite de détection supérieure est la valeur DO600 mesurée à laquelle il cesse d'y avoir une corrélation linéaire entre les facteurs de dilution et les lectures DO600.
- Mélangez les échantillons délicatement mais complètement juste avant de prendre une aliquote pour la mesure.
- Pour les mesures de micro-volumes :
  - Vérifiez que les surfaces du socle ont été [nettoyées](#) et [conditionnées](#) correctement
  - Évitez d'introduire des bulles lors du mélange et du pipetage.
  - Commencez rapidement la mesure pour éviter toute sédimentation ou évaporation.
  - Suivez les [meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#).
  - Utilisez un volume d'échantillon de 2 µl. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Volumes d'échantillon recommandés](#).
  - Pour les échantillons dilués qui font preuve d'une faible absorbance à 600 nm, utilisez une autre longueur d'onde, par exemple 400 nm, pour mesurer l'absorbance, ou utilisez des mesures avec cuvette au lieu de mesures de micro-volumes.
- Pour les mesures avec la cuvette (instruments NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement) :
  - Utilisez des cuvettes propres en plastique, verre ou quartz.
  - Suivez les [meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#).
  - N'utilisez pas la fonctionnalité d'[agitation](#) automatique pour ce dosage.

## Mesurer des échantillons avec D0600

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer un échantillon avec DO600

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **DO600** et appuyez sur **DO600**.
2. Spécifiez le [facteur de conversion du nombre de cellules](#) et une [seconde longueur d'onde surveillée](#) ou la [correction de l'absorbance](#), le cas échéant.
3. Pipetez 2 µl de solution à blanc (c'est-à-dire, de la solution de milieu dans laquelle les cellules d'intérêt sont suspendues) sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette du blanc dans le porte-cuvette.  
**Conseil** : si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.
4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.  
**Conseil** : si [Blanc automatique](#) est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).
5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si [Mesure automatique](#) est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).
8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.

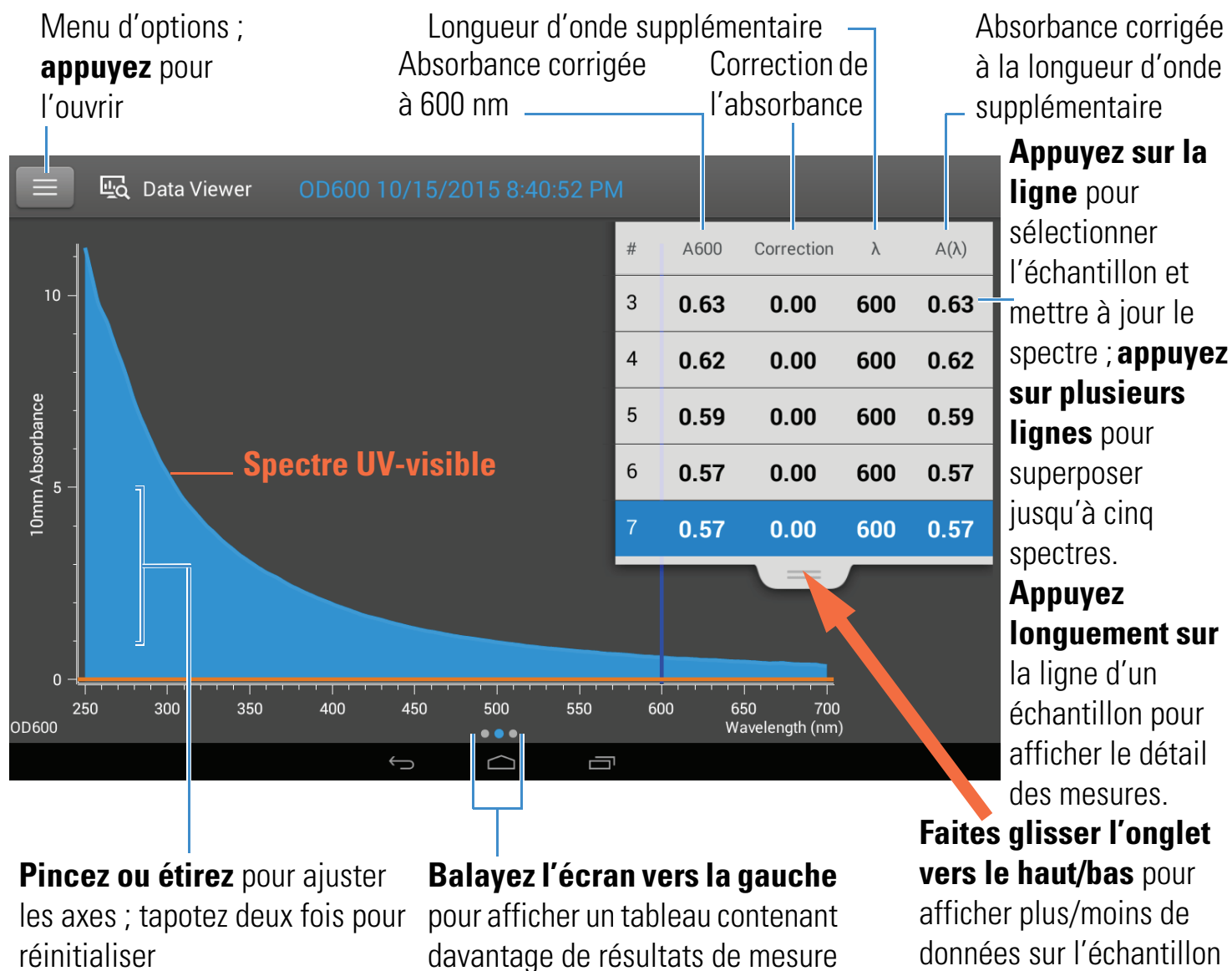
### Sujets similaires

- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par D0600

### Écran de mesure de D0600 (affiché depuis l’Afficheur de données)

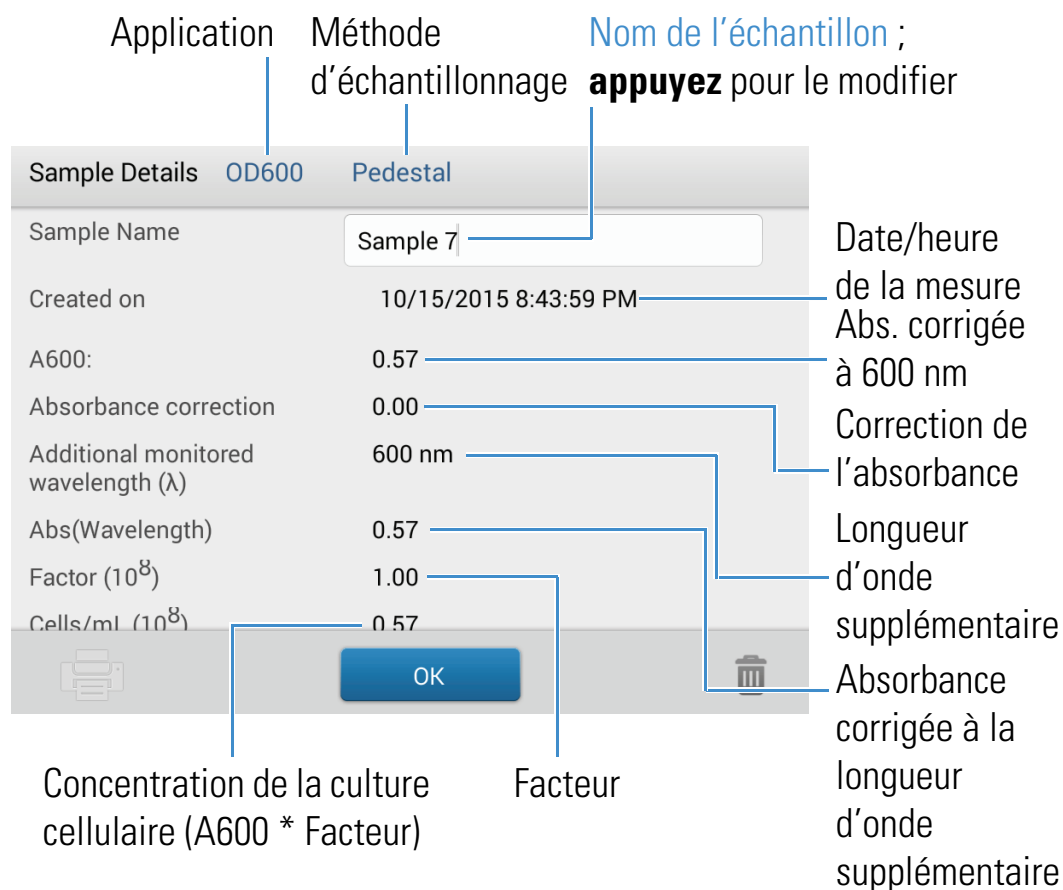
Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :



**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par DO600

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :



### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)
- [Calculs DO600](#)

## Paramètres des mesures DO600

Pour afficher les paramètres DO600, depuis l'écran de mesure DO600, appuyez sur  > **Paramétrage DO600**.

| Paramètre                                               | Options disponibles                          | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|---------------------------------------------------------|----------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Correction de l'absorbance                              | Valeur d'absorbance entre 0 et 300 A         | <p>Correction de l'absorbance définie par l'utilisateur. Saisissez la correction de l'absorbance pour le spectre affiché. Cela peut être utile, par exemple, pour corriger le décalage de la ligne de base causé par une différence entre la solution de milieu utilisée pour le blanc sur l'instrument et le milieu utilisé pour mettre en suspension l'échantillon de culture cellulaire, et parce que la lumière diffusée produit normalement un décalage.</p> <p>La valeur de correction de l'absorbance est soustraite des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde dans le spectre de l'échantillon (toutes les valeurs d'absorbance affichées sont des valeurs corrigées).</p>                                                                                                                                                                                                                                   |
| Longueur d'onde surveillée supplémentaire ( $\lambda$ ) | Toute longueur d'onde entre 250 nm et 700 nm | <p>Longueur d'onde définie par l'utilisateur Saisissez une longueur d'onde supplémentaire à mesurer si désiré (c'est utile pour les échantillons dilués qui font preuve d'une faible absorbance à 600 nm).</p> <p>Si une longueur d'onde alternative est spécifiée, utilisez cette équation pour calculer la concentration cellulaire :</p> $c = A(\lambda) * \text{facteur}(\lambda)$ <p>Où :</p> <p><math>c</math> = concentration d'analyte en cellules/ml</p> <p><math>A(\lambda)</math> = absorbance UV-visible à la longueur d'onde spécifiée en unités d'absorbance (A)</p> <p><math>\text{facteur}(\lambda) = 1/(\epsilon(\lambda) * b)</math> en ml/cellule-cm</p> <p>Où :</p> <p><math>\epsilon(\lambda)</math> = coefficient d'absorption molaire (ou coefficient d'extinction) à la longueur d'onde spécifiée</p> <p><math>b</math> = longueur du trajet optique en cm (1,0 cm pour les instruments NanoDrop One)</p> |

| Paramètre                                              | Options disponibles | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|--------------------------------------------------------|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Facteur de conversion du nombre de cellules ( $10^8$ ) | Tout nombre         | <p>Facteur défini par l'utilisateur. Le facteur généralement accepté pour le type de cellule mesuré ou un facteur dérivé empiriquement en utilisant une solution de cellules d'étude à une concentration connue en utilisant le même milieu.</p> <p>La valeur, <math>1 \times 10^8</math>, correspond au facteur généralement accepté pour la plupart des suspensions de cellules bactériennes telles que l'E. coli.</p> <p><b>Conseil :</b> le facteur est spécifique de la longueur d'onde pour chaque type de cellules et peut être affecté par le type de milieu utilisé pour les mesures. De manière idéale, le facteur devrait être déterminé de manière empirique en utilisant une solution des cellules à l'étude d'une concentration connue en utilisant le même milieu.</p> |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

## Calculs pour les mesures D0600

De manière similaire aux applications relatives aux acides nucléiques, l'application D0600 utilise pour calculer la concentration des échantillons une [modification de l'équation de Beer-Lambert](#) dans laquelle le coefficient d'extinction et la longueur du trajet optique sont combinés en un « facteur ».

L'application D0600 offre un facteur spécifié par l'utilisateur, qui s'utilise en conjonction avec la Loi de Beer pour calculer la concentration de l'échantillon. Si le facteur est connu, saisissez le facteur. Sinon, utilisez  $1 \times 10^8$ , qui correspond au facteur généralement accepté pour la plupart des suspensions de cellules bactériennes telles que l'E. Coli.

Les concentrations cellulaires calculées sont basées sur la valeur d'absorbance à 600 nm, le facteur utilisé et la longueur du trajet optique de l'échantillon. Une correction de l'absorbance en un point unique peut être appliquée.

### Valeurs mesurées

#### Absorbance A600

**Remarque :** Pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

- Les valeurs d'absorbance des cultures cellulaires sont mesurées à 600 nm en utilisant le spectre normalisé. Si aucune Correction de l'absorbance n'est spécifiée, il s'agit de la valeur A600 rapportée et de la valeur utilisée pour calculer la concentration cellulaire.
- Si une [Correction de l'absorbance](#) est spécifiée, la valeur d'absorbance à 600 nm corrigée (absorbance) et normalisée est rapportée et utilisée pour calculer la concentration cellulaire.

#### $A(\lambda)$ absorbance

- La valeur d'absorbance corrigée (absorbance) et normalisée à toute [Longueur d'onde surveillée supplémentaire](#) ( $\lambda$ ) est également rapportée.

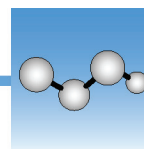
#### Longueur du trajet optique de l'échantillon

- Pour les mesures de micro-volumes, le logiciel sélectionne la longueur de trajet optique optimale (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse.
- Pour les mesures avec une cuvette, la longueur du trajet optique est déterminée par le paramètre Longueur du trajet optique de la cuvette dans le logiciel (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)).
- Les spectres et les valeurs d'absorbance affichés sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.

### Valeurs rapportées

**Concentration cellulaire.** Rapportée en cellules/ml. Les calculs sont basés sur l'équation de Beer-Lambert en utilisant la valeur d'absorbance A600 corrigée.





## Mesure personnalisée

Exécute une méthode de mesure personnalisée créée en utilisant le logiciel NanoDrop One Viewer.

[Mesure Méthode personnalisée](#)

[Supprimer une méthode personnalisée](#)

[Résultats rapportés](#)



## Mesurer en utilisant une méthode personnalisée

Utilisez l'application Personnalisée pour exécuter une méthode définie par l'utilisateur créée en utilisant le logiciel NanoDrop One Viewer exécuté sur un ordinateur personnel. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Créer une méthode personnalisée](#).

## Charger une méthode personnalisée

Les méthodes personnalisées peuvent être uniquement créées sur un ordinateur personnel exécutant le logiciel NanoDrop One Viewer. Si vous souhaitez exécuter une méthode personnalisée et enregistrer les résultats de la mesure sur l'instrument, la méthode doit également être présente sur l'instrument. (C'est la seule manière d'exécuter une méthode personnalisée si votre instrument n'est pas connecté à l'ordinateur à l'aide d'un câble Ethernet ou par l'intermédiaire d'un réseau sans fil).

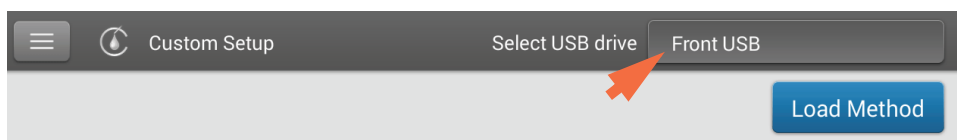
**Remarque** Si l'ordinateur est connecté à l'instrument à l'aide d'un câble Ethernet ou par l'intermédiaire d'un réseau sans fil, les méthodes personnalisées peuvent être présentes sur l'ordinateur et les résultats des mesures seront enregistrés dans la base de données de cet ordinateur. Pour de plus amples informations, reportez-vous à « Configurer la connexion Ethernet » ou « Configurer la connexion Wi-Fi » dans [Installer l'instrument](#).

### Charger des méthodes personnalisées sur l'instrument

1. Exportez la méthode à partir de l'ordinateur personnel e copiez le fichier de méthode dans la racine d'un dispositif USB portable comme une clé USB.

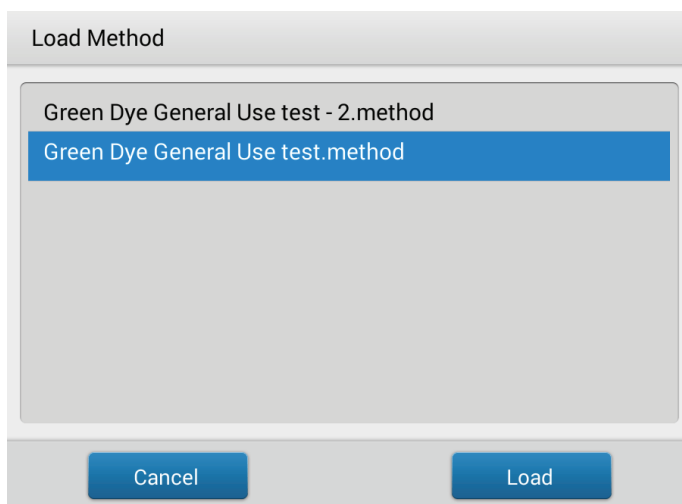
Les fichiers de méthode ont l'extension de nom de fichier « .method. »

2. Connectez le dispositif USB à un des ports USB de l'instrument.
3. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Personnalisée** et appuyez sur **Personnalisée**.
4. Utilisez la zone de liste dans le haut de l'écran pour indiquer le port USB utilisé.



5. Appuyez sur **Charger la méthode**.

Une boîte de message indique les méthodes NanoDrop One disponibles sur le dispositif USB sélectionné.



6. Tapez un ou plusieurs noms de méthode dans la zone Charger la méthode pour sélectionner les méthodes à charger.
7. Appuyez sur **Charger**.

## Mesurer en utilisant une méthode personnalisée

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irréversibles.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

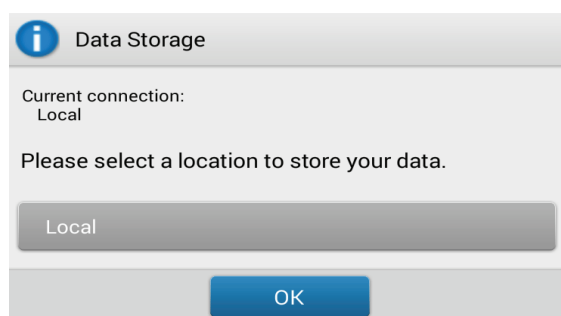
### Avant de commencer...

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

### ❖ Mesurer un échantillon en utilisant une méthode personnalisée

1. Veillez à ce que la méthode soit présente au même emplacement que la base de données dans laquelle vous souhaitez enregistrer les résultats des mesures (reportez-vous à [Charger une méthode personnalisée](#) pour plus de détails).
2. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Personnalisée** et appuyez sur **Personnalisée**.

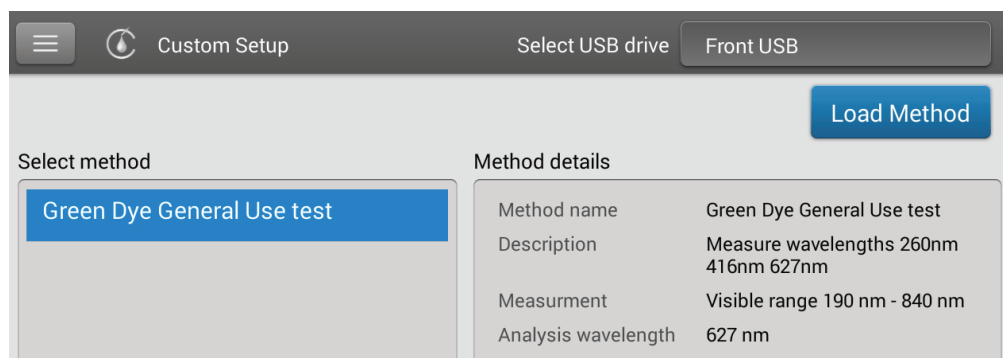
Si l'instrument dispose d'une connexion Ethernet ou sans fil à un ordinateur personnel (PC), la boîte de message de Stockage des données s'affiche.



- Pour exécuter une méthode personnalisée qui est chargée sur l'instrument et enregistrer tous les résultats des mesures ultérieures dans la base de données de l'instrument, définissez le stockage des données sur **Local** (reportez-vous à l'exemple ci-dessus).
- Pour exécuter une méthode personnalisée qui est présente sur un ordinateur personnel connecté à l'instrument à l'aide d'un câble Ethernet et enregistrer tous les résultats des mesures ultérieures dans la base de données de cet ordinateur, définissez le stockage des données sur **Connexion directe au PC** (reportez-vous à « Configurer la connexion Ethernet » dans [Installer l'instrument](#) pour de plus amples informations).

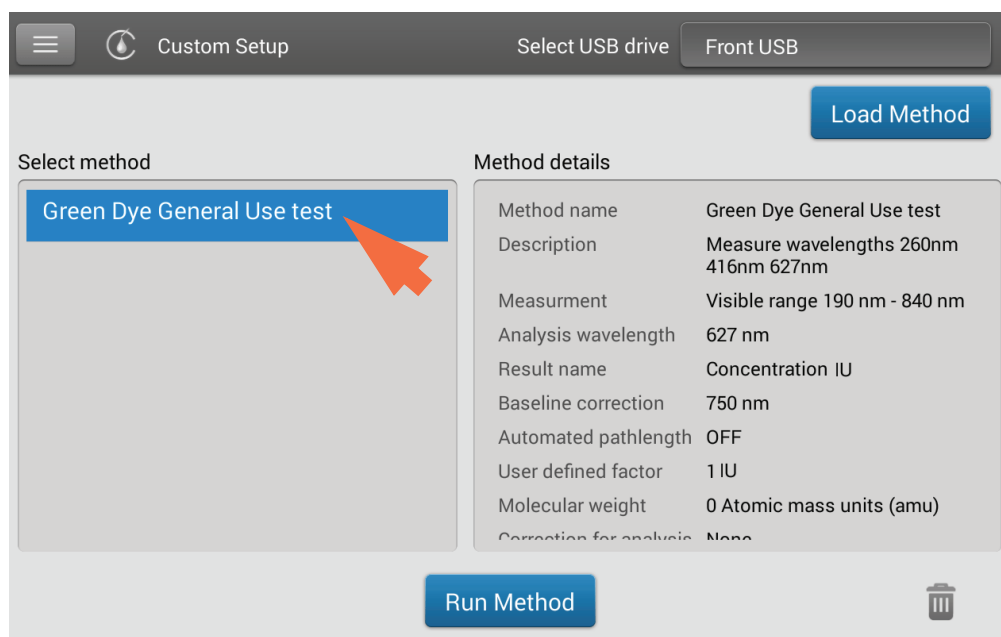
- Pour exécuter une méthode personnalisée qui est présente sur un ordinateur personnel connecté à l'instrument par l'intermédiaire d'un réseau sans fil et enregistrer tous les résultats des mesures ultérieures dans la base de données de cet ordinateur, définissez le stockage des données sur le **nom attribué à l'ordinateur** (reportez-vous à « Configurer la connexion Wi-Fi » dans [Installer l'instrument](#) pour de plus amples informations).

Après avoir appuyé sur **OK**, la boîte Paramétrage personnalisé (local ou distant) s'affiche.



- Si le stockage des données est défini sur **Local** (voir à l'étape précédente), la boîte Paramétrage personnalisé affiche uniquement les méthodes personnalisées qui sont présentes sur l'instrument (reportez-vous à [Charger une méthode personnalisée](#) pour de plus amples informations).
- Si le stockage des données est défini sur **Connexion directe au PC** (Ethernet) ou un **nom d'ordinateur** spécifique (sans fil), la boîte Paramétrage personnalisé affiche uniquement les méthodes personnalisées qui sont présentes sur l'ordinateur câblé (Ethernet) ou spécifié (sans fil) (reportez-vous à [Créer une méthode personnalisée](#) pour de plus amples informations).

3. Dans la boîte Sélectionner la méthode, appuyez sur une méthode pour la sélectionner pour l'exécuter.



Les informations relatives à la méthode sélectionnée s'affichent dans la boîte Détails de la méthode.

4. Appuyez sur **Exécuter la méthode**.
5. Suivez les instructions à l'écran pour mesurer un échantillon.

### Sujets similaires

- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Créer une méthode personnalisée](#)
- [Installer l'instrument](#)
- [Exporter une méthode personnalisée](#)

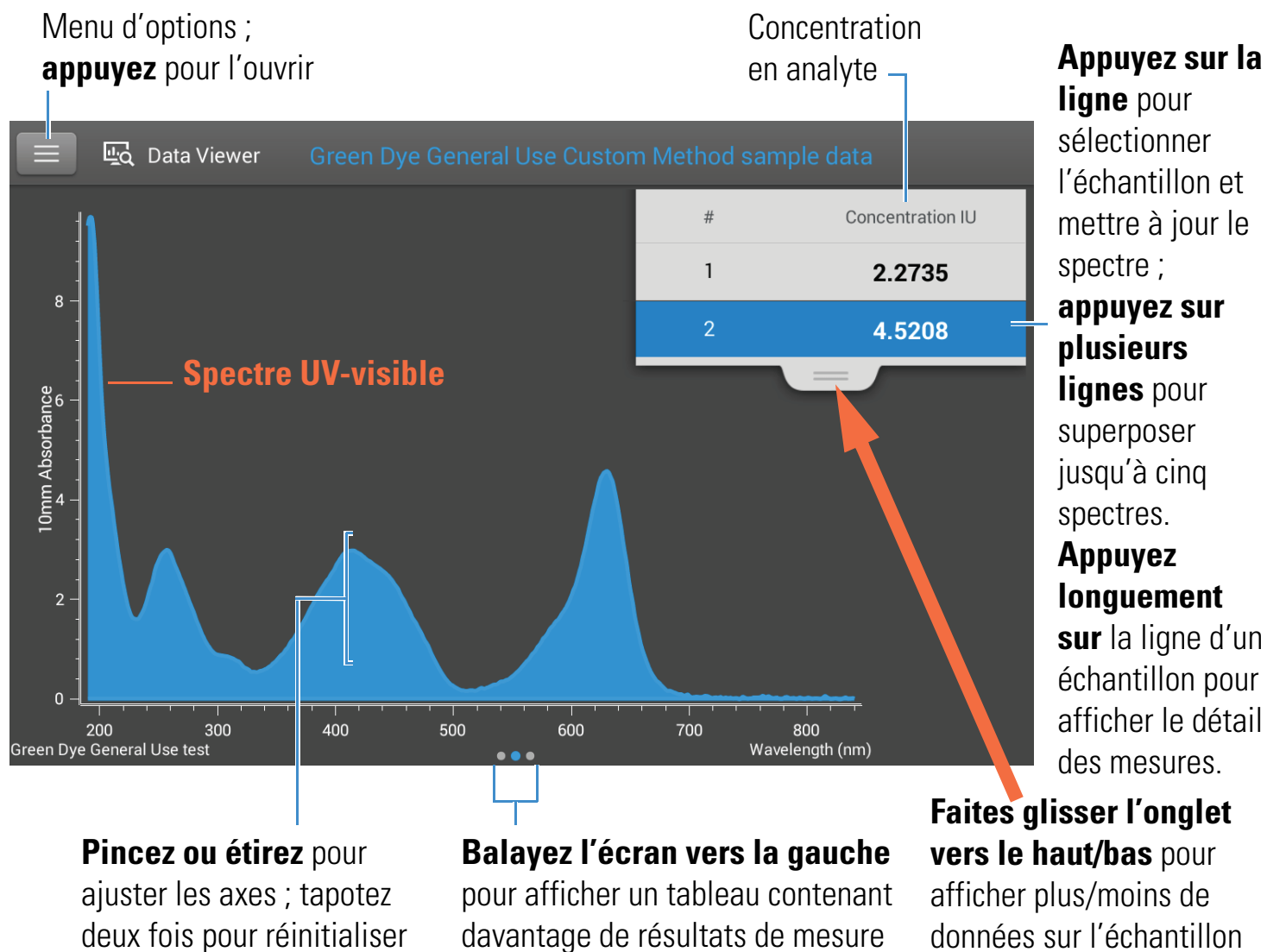
## Supprimer une méthode personnalisée

- Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Personnalisée** et appuyez sur **Personnalisée**.
- Dans la boîte Sélectionner la méthode, appuyez sur une méthode pour la sélectionner et la supprimer.
- Appuyez sur .

## Résultats rapportés par Méthode personnalisée

### Écran de mesure de Méthode personnalisée (affiché depuis l’Afficheur de données)

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d’absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :



**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Résultats rapportés par Méthode personnalisée

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :

Nom de l'échantillon ;  
**appuyez** pour le  
modifier

Méthode  
d'échantillonnage

Nom de la méthode

Sample DetailsGreen Dye General Use testPedestal

Sample Name

Sample 2

Created on

9/22/2015 6:41:24 PM

Concentration

4.5208 IU

Analysis wavelength

627 nm

Factor

1 IU

Baseline correction

750 nm 0.00 absorbance

Formula results

A627 4.521 OD  
A260 2.927 OD  
A416 2.977 OD  
Dilution (660/627) 0.647

Date/heure  
de la mesure

Concentration  
en analyte

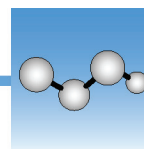
Détails de la  
méthode

OK

### Sujets similaires

- Fonctionnement de base de l'instrument





## Mesure UV-Vis

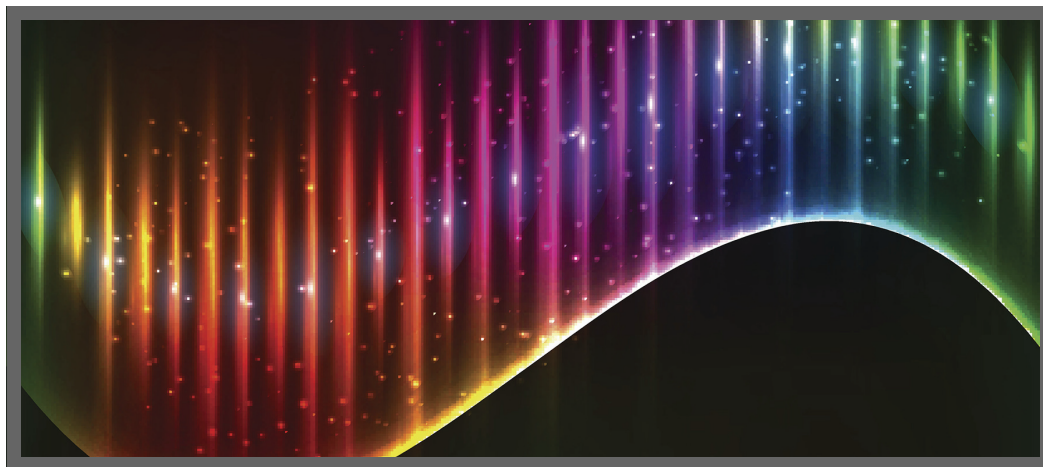
Mesure l'absorbance d'un quelconque échantillon à un maximum de 40 longueurs d'onde dans les régions ultraviolette (UV) et visible du spectre.

Mesure UV-Vis

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection



## Mesure UV-Vis

L'application UV-Vis permet à l'instrument de fonctionner comme un spectrophotomètre conventionnel. L'absorbance de l'échantillon est affichée à l'écran de 190 nm à 850 nm. Jusqu'à 40 longueurs d'onde peuvent être désignées pour la surveillance de l'absorbance et une inclusion dans le rapport. Un ajustement de la longueur du trajet optique automatisée et une correction de la ligne de base en un point unique peuvent également être utilisés.

## Effectuer des mesures UV-Vis

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

**Avant de commencer...**

Avant de prendre des mesures avec l'instrument NanoDrop One, relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur. Au minimum, essuyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Nettoyage des socles](#).

**❖ Mesurer un échantillon en utilisant l'application UV-Vis**

1. Dans l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet **Personnalisée** et appuyez sur **UV-Vis**.
2. Spécifiez jusqu'à [40 longueurs d'onde à surveiller](#) (vous pouvez également les spécifier plus tard si souhaité) et si un ajustement de la longueur du trajet optique automatisée et une correction de la ligne de base seront utilisés.
3. Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez le bras, ou insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette.

**Conseil** : si vous utilisez une cuvette, veillez à [aligner le trajet optique de la cuvette](#) avec celui de l'instrument.

4. Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

**Conseil** : si [Blanc automatique](#) est Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras (cette option n'est pas disponible pour les mesures avec une cuvette).

5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.
6. Pipetez 1 à 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez le bras, ou insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette.
7. Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Socle : si [Mesure automatique](#) est Activé, abaissez le bras ; si Mesure automatique est Désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Cuvette : Appuyez sur **Mesurer**.

Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, le spectre et les valeurs rapportées s'affichent (reportez-vous à la partie suivante).

8. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
9. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve, ou retirez la cuvette de blanc.

## Meilleures pratiques pour les mesures UV-Vis

- Vérifiez que l'absorbance de l'échantillon est comprise dans les [limites de détection d'absorbance](#) de l'instrument.
- Faites le blanc en utilisant la même solution tampon que celle utilisée pour remettre en suspension l'analyte d'intérêt. La solution à blanc doit être d'un pH et d'une force ionique similaires à ceux de la solution d'analyte.
- Exécutez un [cycle de blanc](#) pour évaluer la contribution de votre solution tampon à l'absorbance. Si le tampon montre une forte absorbance à ou près de la longueur d'onde de l'analyse, il est possible que vous deviez choisir un tampon ou une application différent(e). Pour plus d'informations, reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#).
- Pour les mesures de micro-volumes :
  - Vérifiez que les surfaces du socle ont été [nettoyées](#) et [conditionnées](#) correctement
  - Vérifiez que les échantillons sont homogènes avant de réaliser une mesure. Évitez d'introduire des bulles lors du mélange et du pipetage.
  - Suivez les [meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#).
  - Utilisez un volume d'échantillon de 1 à 2 µl. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Volumes d'échantillon recommandés](#).
- Pour les mesures avec une cuvette (instruments NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement), utilisez des cuvettes compatibles et suivez les [meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#).

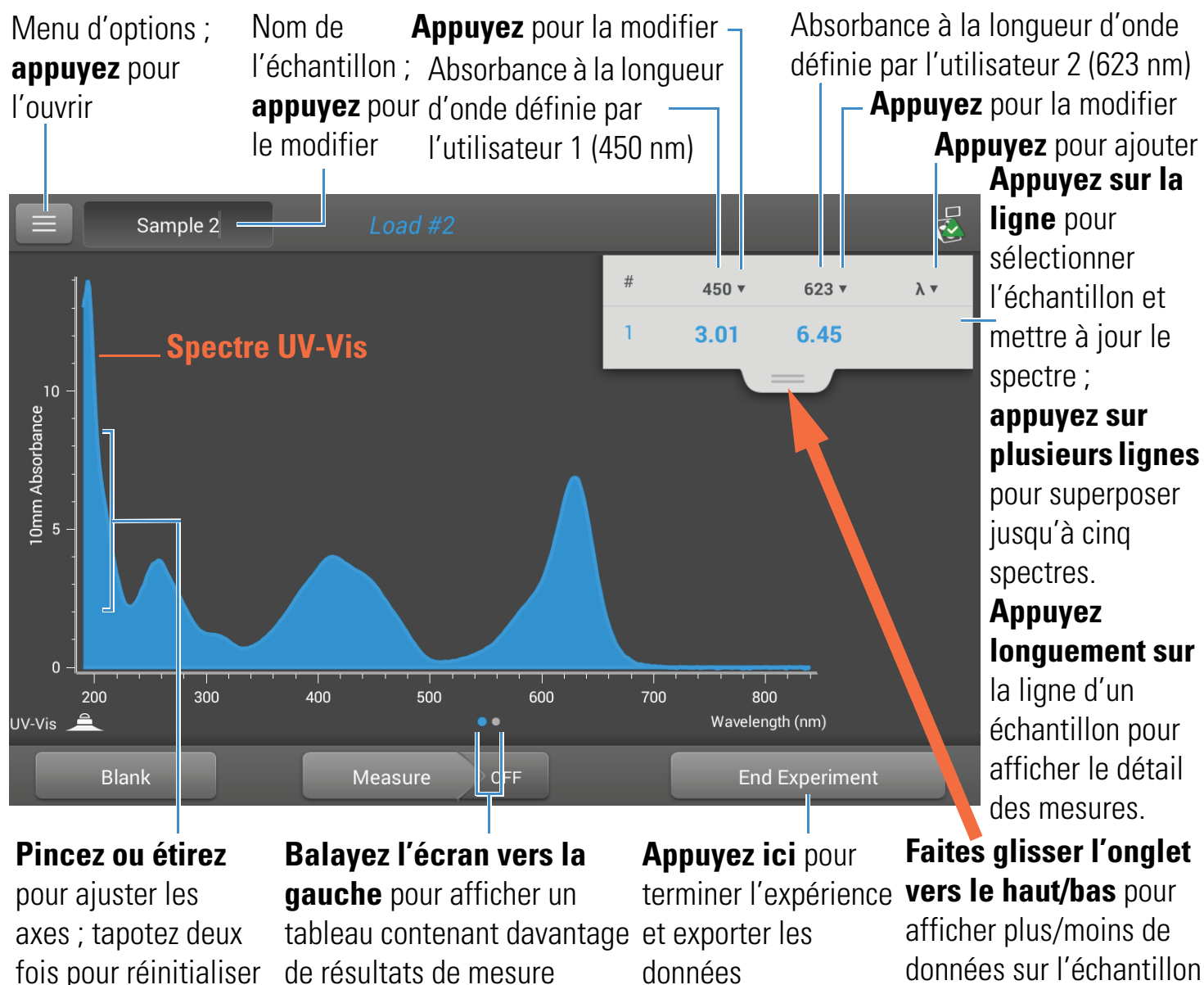
### Sujets similaires

- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Résultats rapportés par UV-Vis

### Écran de mesure UV-Vis

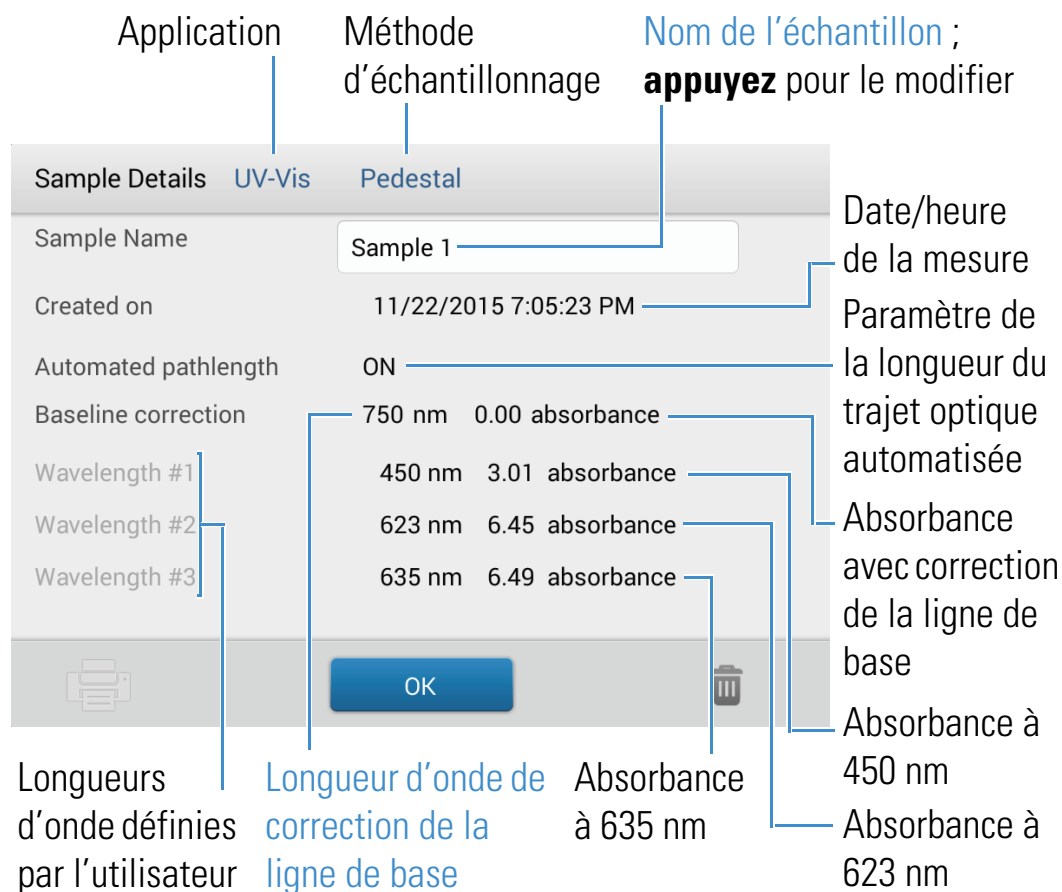
Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance et un résumé des résultats. Voici un exemple :



**Remarque** Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Valeurs rapportées par UV-Vis

L'écran initial qui s'affiche après chaque mesure (reportez-vous à l'image précédente) contient un résumé des valeurs rapportées. Pour visualiser toutes les valeurs rapportées, appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon. Voici un exemple :



**Remarque** Faites défiler vers le haut pour afficher les valeurs d'absorbance des longueurs d'onde définies par l'utilisateur supplémentaires.

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Paramètres des mesures UV-Vis

Pour afficher les paramètres UV-Vis, à partir de l'écran de mesure UV-Vis, appuyez sur  > **Paramétrage UV-Vis**.

| Paramètre                              | Options disponibles                                                    | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|----------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Longueurs d'onde surveillées           | Saisissez jusqu'à 40 longueurs d'onde comprises entre 190 nm et 850 nm | <p><b>Longueurs d'onde définies par l'utilisateur devant être mesurées et rapportées au temps de l'analyse.</b> Les valeurs d'absorbance pour les trois premières longueurs d'onde saisies s'affichent dans l'écran de <a href="#">mesure</a>. Pour afficher les valeurs d'absorbance de 8 longueurs d'onde surveillées, balayez l'écran de mesure vers la gauche pour afficher le <a href="#">Tableau des données</a>. Pour afficher toutes les longueurs d'onde surveillées, appuyez longuement sur la ligne d'un échantillon pour afficher l'écran <a href="#">Détails échantillon</a> (faites défiler vers le haut pour afficher les valeurs d'absorbance des longueurs d'onde définies par l'utilisateur supplémentaires).</p> <p><b>Remarque :</b> si la correction de la ligne de base est sélectionnée, toutes les valeurs d'absorbance affichées sont les valeurs corrigées.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Longueur du trajet optique automatisée | Activé ou Désactivé (affecte uniquement les mesures sur socle)         | <p><b>Sélection de la longueur du trajet optique automatisée (optionnel).</b> Permet au logiciel d'utiliser la longueur de trajet optique du socle optimale (plus courte) pour des échantillons fortement concentrés afin d'empêcher toute saturation du détecteur (reportez-vous à <a href="#">Limites de détection</a> pour plus de détails).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Si elle est sélectionnée, la longueur de trajet optique plus courte est utilisée lorsqu'une longueur d'onde comprise entre 220 nm et 850 nm possède une valeur d'absorbance équivalente sur 10 mm de 12,5 ou plus. Pour des longueurs d'onde comprises entre 190 nm et 219 nm, la longueur de trajet optique plus courte est utilisée lorsqu'une longueur d'onde dans cette plage possède une valeur d'absorbance équivalente sur 10 mm de 10 ou plus.</li> <li>• Si elle n'est pas sélectionnée, la longueur de trajet optique du socle est restreinte à 10 mm pour toutes les longueurs d'onde.</li> </ul> <p><b>Remarque :</b> dans tous les cas, les valeurs d'absorbance affichées ont été normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.</p> |

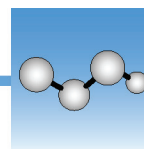
| Paramètre                      | Options disponibles                                                                                                                          | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|--------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Correction de la ligne de base | Activé ou Désactivé<br><br>Saisissez la longueur d'onde de la correction de la ligne de base en nm ou utilisez la valeur par défaut (750 nm) | Corrige les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant l'absorbance mesurée à la longueur d'onde de correction de la ligne de base des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée. |

### Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)







## Mesure cinétique

Effectuez des mesures cinétiques en fonction du temps à l'aide du porte-cuvette (instruments modèle NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement).

Mesure cinétique

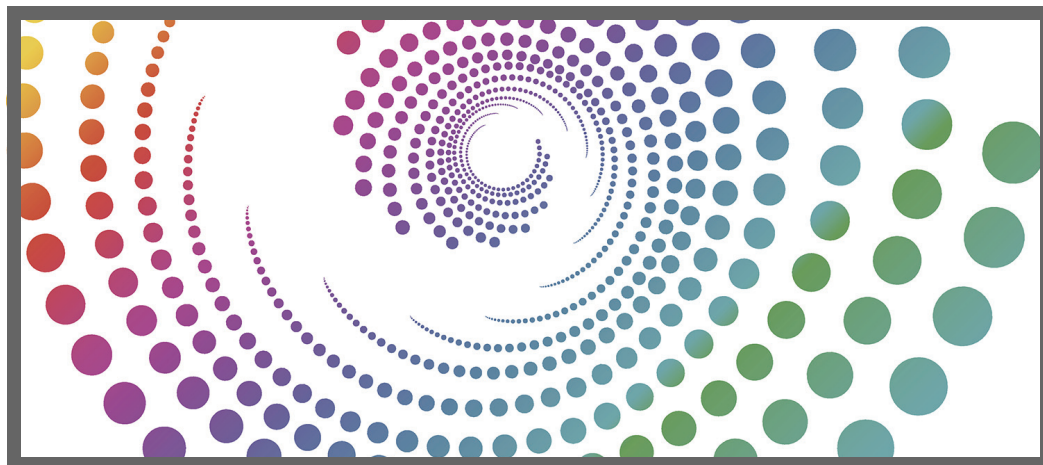
Créer une méthode cinétique

Modifier une méthode cinétique

Résultats rapportés

Paramètres

Limites de détection



## Mesure cinétique

L'instrument modèle NanoDrop One<sup>C</sup> peut être utilisé pour effectuer des mesures cinétiques en fonction du temps sur des échantillons dans des cuvettes. Jusqu'à 3 longueurs d'onde comprises entre 190 nm et 850 nm peuvent être désignées pour une surveillance continue de l'absorbance à des intervalles définis par l'utilisateur dans jusqu'à 5 phases. Les mesures avec une cuvette offrent une **limite de détection** inférieure étendue, un élément chauffant à 37 °C en option et un micro-agitateur.

**Remarque** Le bras de l'instrument peut être relevé pour les mesures avec une cuvette, ce qui vous permet d'ajouter des réactifs à la solution d'échantillon si désiré.

## Effectuer des mesures cinétiques

### AVIS

- Pour éviter tout dommage dû à des déversements, conservez les récipient contenant des liquides loin de l'instrument.
- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irréversibles.

### ❖ Mesurer un échantillon en utilisant l'application Cinétique

1. Dans l'écran Page d'accueil de l'instrument, sélectionnez l'onglet **Cinétique** et appuyez sur l'icône **Cinétique**.

L'écran Paramétrage cinétique s'affiche. S'il existe une ou plusieurs méthodes cinétiques à l'emplacement de stockage des données actuellement sélectionné, elles seront affichées dans la boîte Sélectionner la méthode. Une description de la méthode sélectionnée s'affiche dans la boîte Détails de la méthode.

**Kinetics Setup**

Select method

- Test1
- Test2
- Test3**

Method details

Method name: Test3

Description:

Measurement range: UV range 190 nm - 350 nm

Wavelengths to monitor: 250 nm 260 nm 325 nm

Number of stages: 2

Time unit: Time (seconds)

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

Create Method Edit Method Run Method

2. Sélectionnez une méthode :

- Sélectionnez une méthode existante en appuyant sur le **nom de la méthode** dans la boîte Sélectionner la méthode.
- [Créez une nouvelle méthode](#) en appuyant sur **Créer une méthode**, en spécifiant les [paramètres de la méthode](#) et en choisissant **Enregistrer la méthode**.
- [Modifiez une méthode existante](#) en appuyant sur le **nom de la méthode** et en choisissant **Modifier la méthode**.

3. Spécifiez les options de la cuvette comme le chauffage ou l'agitation en appuyant sur  > **Paramètres** (reportez-vous à [Paramètres généraux](#) pour plus de détails).

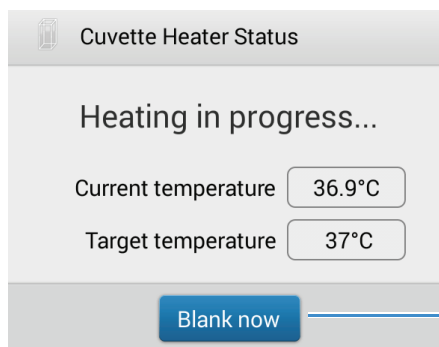
**Remarque** : si la longueur du trajet optique de votre cuvette n'est pas 10 mm, spécifiez la longueur de trajet optique correcte dans les Paramètres généraux.

4. Appuyez sur **Exécuter la méthode**.

5. Faites le blanc :

- Remplissez la cuvette propre et sèche de suffisamment de solution à blanc pour couvrir le [trajet optique de l'instrument](#).
- Relevez le bras de l'instrument et insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette, en veillant à aligner le trajet optique de la cuvette avec le trajet optique de l'instrument.
- Appuyez sur **Faire le blanc**

Si vous sélectionnez **Chauffer la cuvette à 37 °C** dans [Paramètres généraux](#), un message s'affiche pour vous indiquer la température actuelle et attend que l'élément chauffant atteigne la température cible avant de commencer les mesures :



Pour contourner la période d'attente et commencer la mesure du blanc immédiatement, appuyez sur **Faire le blanc maintenant.**

- Attendez que la mesure du blanc se termine puis retirez la cuvette.

**Remarque :** la température cible de l'élément chauffant n'est pas réglable.

#### 6. Mesurez un échantillon :

- Remplissez la cuvette propre et sèche de suffisamment de solution d'échantillon pour couvrir le [trajet optique](#).
- Insérez la cuvette d'échantillon dans le porte-cuvette, en veillant à aligner les trajets optiques.
- Appuyez sur **Mesurer**

Si vous sélectionnez **Chauffer la cuvette à 37 °C** dans [Paramètres généraux](#), un message s'affiche pour vous indiquer la température actuelle et attend que l'élément chauffant atteigne la température cible avant de commencer les mesures :

**Remarque :** Vous pouvez ajouter des réactifs à la solution d'échantillon à tout moment pendant la mesure.

Utilisez le bouton **Pause** au bas de l'écran de mesure pour mettre l'expérience en pause (si vous devez terminer l'expérience prématurément, appuyez sur **Stop**)



- Attendez que toutes les phases de mesure soient terminées.
- Retirez la cuvette et nettoyez-la conformément aux consignes du fabricant.

Les résultats de chaque mesure dans chaque intervalle sont affichés en temps réel. Lorsque toutes les phases sont terminées, les [spectres et les valeurs rapportées](#) pour l'intégralité de l'expérience sont affichées.

7. Lorsque vous avez terminé l'examen des données, appuyez sur **Fin de l'expérience**. Chaque expérience enregistrée contient un ensemble de mesures cinétiques complet basé sur la méthode sélectionnée.

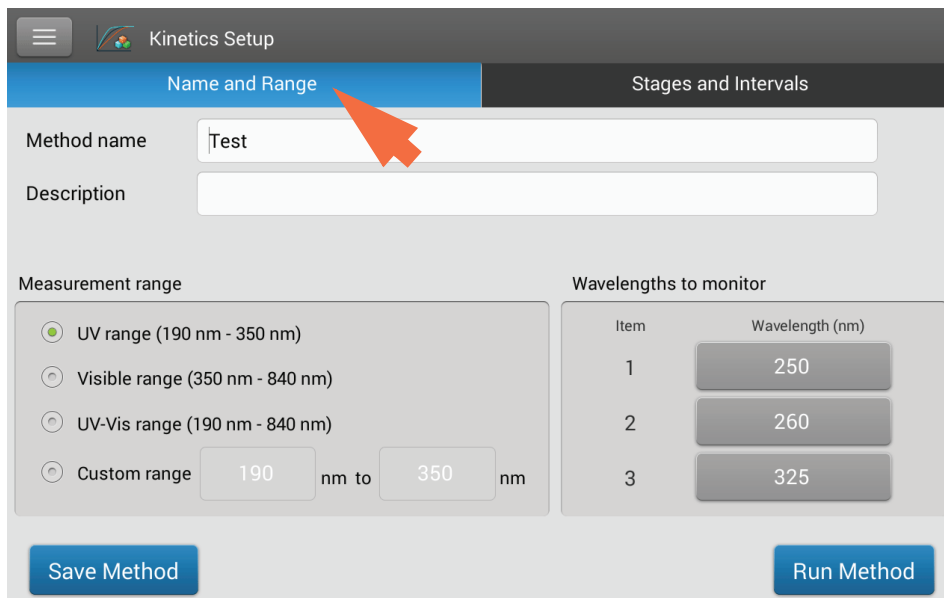
## Sujets similaires

- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Créer une méthode cinétique

Les méthodes cinétiques peuvent être créées et exécutées sur l'instrument NanoDrop One uniquement. Toutefois, une fois que la méthode a été créée, elle peut être enregistrée dans la base de données NanoDrop One sur l'instrument local, ou dans la base de données NanoDrop Viewer sur un PC connecté. Créer une nouvelle méthode cinétique :

- À partir de l'écran Page d'accueil, appuyez sur l'onglet **Cinétique** > application **Cinétique**
- Appuyez sur **Créer une méthode** (les paramètres de la méthode sont affichés lorsque l'onglet **Nom et plage** est sélectionné).



The screenshot shows the 'Kinetics Setup' application interface. The 'Name and Range' tab is selected, indicated by a blue header and an orange arrow pointing to the 'Method name' field. The 'Method name' field contains the text 'Test'. Below it is a 'Description' field. The 'Measurement range' section has four radio button options: 'UV range (190 nm - 350 nm)' (selected), 'Visible range (350 nm - 840 nm)', 'UV-Vis range (190 nm - 840 nm)', and 'Custom range'. The 'Custom range' option has input fields for '190' nm to '350' nm. The 'Wavelengths to monitor' section contains a table with three rows and two columns: 'Item' and 'Wavelength (nm)'. The table lists three wavelengths: 250, 260, and 325 nm.

| Item | Wavelength (nm) |
|------|-----------------|
| 1    | 250             |
| 2    | 260             |
| 3    | 325             |

At the bottom of the screen are two buttons: 'Save Method' and 'Run Method'.

- Saisissez le **Nom de la méthode** et une **Description** (si désiré), sélectionnez **Plage de mesure** et spécifiez jusqu'à trois **Longueurs d'onde à suivre**.

- Appuyez sur l'onglet **Phases et intervalles** (les paramètres des phases et des intervalles sont affichés).

**Kinetics Setup**

Stages and Intervals

Number of stages: 3 Time unit: Seconds

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

Visual timeline: 0 to 9 (Stage 1), 9 to 15 (Stage 2), 15 to 30 (Stage 3). Total duration: 30.

Save Method Run Method

- Sélectionnez le **Nombre de phases** et l'**Unité de temps** (minutes ou secondes).
- Pour chaque phase, spécifiez le **N° d'intervalle**, les **Intervalles** et les quelconques **Délais** entre les phases.

Les lignes et les encadrés de couleur à droite sont une représentation visuelle des phases spécifiées. Les **lignes** de couleur montrent les temps de début et de fin de chaque phase ; les **encadrés** de couleur correspondent au délai spécifié et au nombre d'intervalles pour chaque phase.

- Pour enregistrer la méthode et revenir au menu Cinétique, appuyez sur **Enregistrer la méthode**.

**Remarque** La méthode est enregistrée à l'emplacement de stockage des données actuellement sélectionné (instrument local ou PC connecté).

- Pour exécuter la méthode, appuyez sur **Exécuter la méthode**.

### Sujets similaires

- [Modifier une méthode cinétique](#)

## Modifier une méthode cinétique

Les méthodes cinétiques peuvent être modifiées sur l'instrument NanoDrop One uniquement. Modifier une méthode cinétique existante :

- Si l'instrument dispose d'un PC connecté (Ethernet ou Wi-Fi), veillez à ce que le stockage des données soit défini à l'emplacement correct pour la méthode cinétique que vous souhaitez modifier.
- À partir de l'écran Page d'accueil, appuyez sur l'onglet **Cinétique** > application **Cinétique**
- Sélectionnez une méthode en appuyant sur le nom de la méthode dans la boîte Sélectionner la méthode.
- Appuyez sur **Modifier la méthode**.
- Modifiez les [paramètres de la méthode](#) à votre gré.
- Appuyez sur **Enregistrer la méthode** pour enregistrer vos modifications.
- Appuyez sur **Exécuter la méthode** pour exécuter la méthode mise à jour.

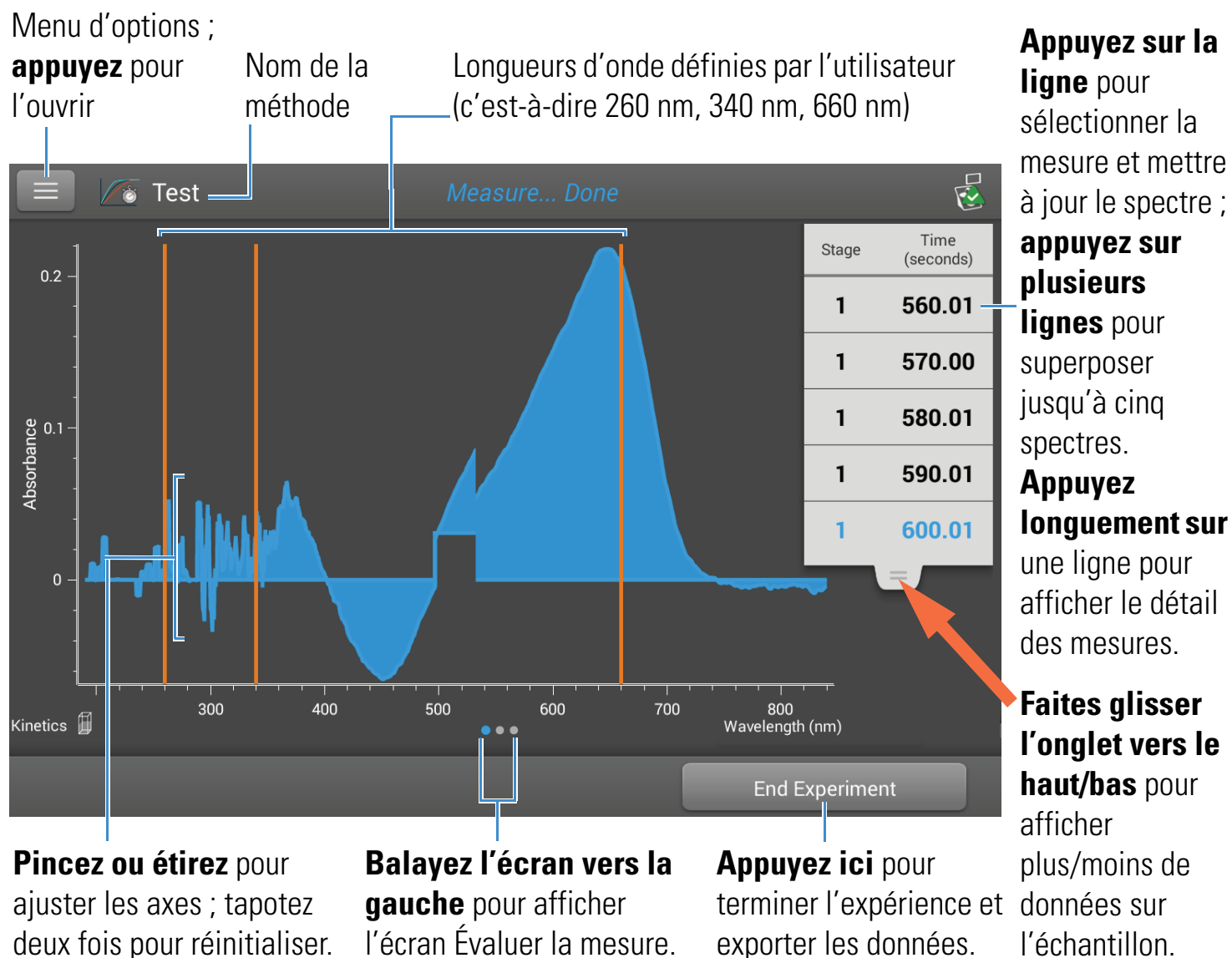
### Sujets similaires

- [Créer une méthode cinétique](#)

## Résultats rapportés par Cinétique

### Écran de mesure de l'absorbance

L'écran de mesure de l'absorbance apparaît immédiatement après avoir appuyé sur Mesure dans l'expérience de cinétique. Cet écran montre le spectre d'absorbance pour chaque mesure, avec la longueur d'onde sur l'axe X et l'absorbance sur l'axe Y. Les lignes verticales indiquent les longueurs d'onde spécifiées à surveiller. La liste à droite montre le temps pendant lequel chaque mesure a été prise dans chaque phase spécifiée (faites glisser l'onglet vers le bas pour afficher plus d'entrées). Chaque élément de la liste de droite est associé à un spectre d'absorbance correspondant à gauche. L'illustration ci-dessous met en avant les fonctionnalités disponibles.



**Remarque** Pour les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à un équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.



## Écran Évaluer la mesure

Pour afficher l'écran Évaluer la mesure, balayez l'écran de mesure de l'absorbance (voir ci-dessus) vers la gauche. L'écran Évaluer la mesure montre l'absorbance d'un échantillon mesurée à chaque longueur d'onde définie par l'utilisateur au cours du temps, avec le temps sur l'axe X et l'absorbance sur l'axe Y. Les mesures prises à chaque longueur d'onde spécifiée sont présentées dans une couleur unique. Une légende montrant les longueurs d'onde surveillées et leurs couleurs attribuées apparaît dans l'angle supérieur gauche de l'écran.

Longueurs d'onde définies par l'utilisateur



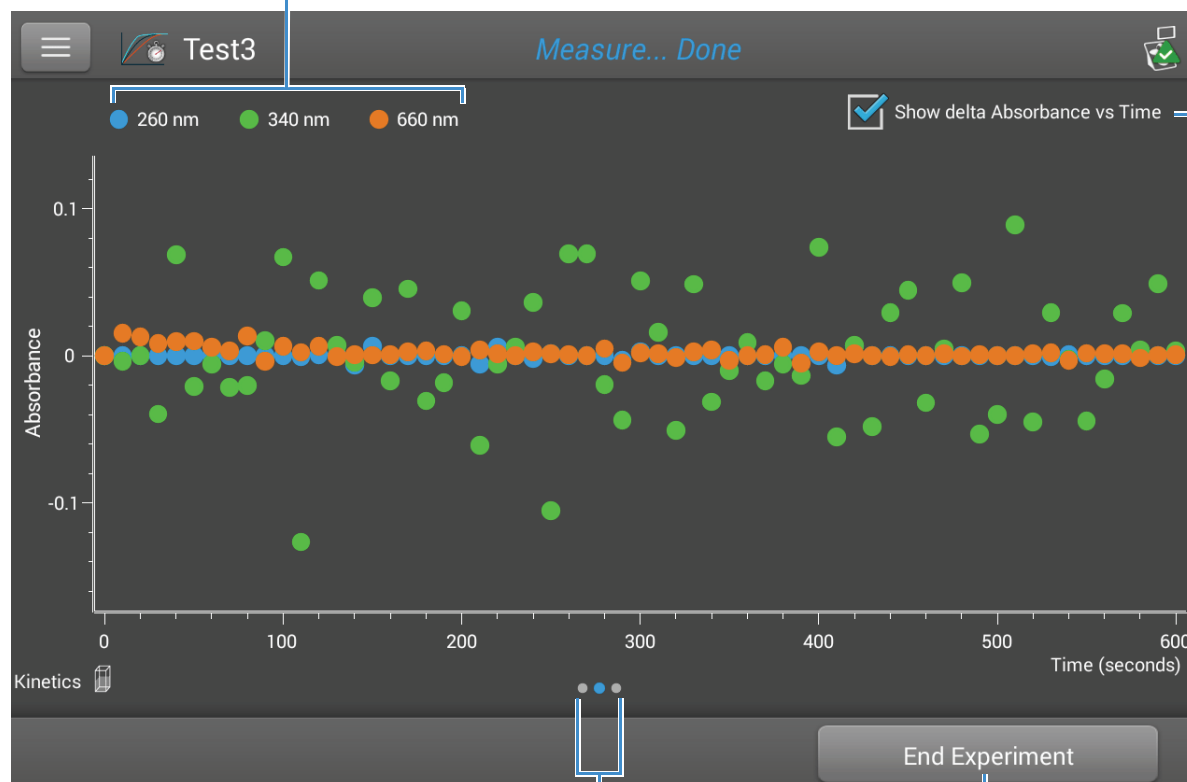
**Appuyez ici** pour mettre à jour le graphique et afficher la modification de l'absorbance mesurée au cours du temps (voir l'exemple ci-dessous)

**Balayez l'écran vers la gauche** pour afficher le tableau des données ; **balayez l'écran vers la droite** pour revenir à l'écran de mesure de l'absorbance

**Appuyez ici** pour terminer l'expérience et exporter les données

Appuyez sur **Affiche le delta d'absorbance en fonction du temps** pour afficher la modification de l'absorbance mesurée au cours du temps, où chaque point de données est la différence d'absorbance par rapport à la mesure précédente.

Longueurs d'onde définies par l'utilisateur



**Appuyez ici** pour mettre à jour le graphique et afficher l'absorbance mesurée au cours du temps (voir l'exemple ci-dessous)

**Balayez l'écran vers la gauche** pour afficher le tableau des données ; **balayez l'écran vers la droite** pour revenir à l'écran de mesure de l'absorbance

**Appuyez ici** pour terminer l'expérience et exporter les données

## Tableau de données

Pour afficher le tableau de données, balayez l'écran Évaluer la mesure (voir ci-dessus) vers la gauche. Chaque ligne du tableau montre les valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde définies par l'utilisateur, à une phase et un temps donnés. Faites défiler vers le bas pour afficher les informations relatives aux mesures qui ne sont pas visibles. L'illustration ci-dessous met en avant les fonctionnalités disponibles.

Numéro de la mesure      Phase      Temps de la mesure (cliquez pour spécifier l'unité)      Valeurs d'absorbance pour chaque longueur d'onde définie par l'utilisateur

| #  | 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 |

**Appuyez longuement sur** une ligne pour afficher le détail des mesures

**Balayez l'écran vers la gauche** pour revenir à l'écran Évaluer la mesure

**Appuyez ici** pour terminer l'expérience et exporter les données

## Détails des mesures

Pour afficher les détails d'une mesure, à partir de l'écran de mesure de l'absorbance ou du tableau des données, appuyez longuement sur la ligne de mesure. Voici un exemple :

Application utilisée

Méthode d'échantillonnage

Numéro de la mesure

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

 Imprimer cet écran

OK

Revenir à l'écran précédent

 Supprimer cette mesure

Longueurs d'onde définies par l'utilisateur

Détails de la méthode (faire défiler vers le haut pour afficher plus)

Date/heure de la mesure

Phase de la mesure

Temps de la mesure

Absorbance à 260 nm

Absorbance à 340 nm

Absorbance à 660 nm

### Sujets similaires

- [Fonctionnement de base de l'instrument](#)

## Paramètres des mesures cinétiques

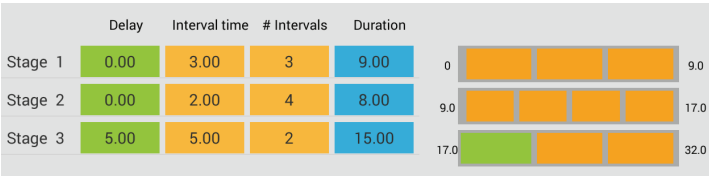
Pour afficher les paramètres cinétiques, à partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur **Cinétique** (onglet) > **Cinétique** (méthode), et appuyez sur **Créer une méthode** ou sélectionnez une méthode et appuyez sur **Modifier une méthode**. Vous pouvez également afficher les paramètres à partir d'un quelconque écran de mesure cinétique en appuyant sur  > **Paramétrage cinétique**.

**Remarque** Si l'instrument dispose d'un PC connecté (Ethernet ou Wi-Fi), les méthodes cinétiques peuvent être localisées dans la base de données NanoDrop One sur l'instrument local, ou dans la base de données NanoDrop Viewer sur un PC connecté. Utilisez la boîte de stockage des données pour sélectionner la base de données active et suivez les étapes pour afficher les méthodes cinétiques qui sont stockées à cet emplacement et leurs paramètres associés.

Les paramètres apparaissent sous deux onglets : « Nom et plage » et « Phases et intervalles ». Pour de plus amples détails, reportez-vous au tableau ci-dessous.

| Onglet       | Paramètre                    | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|--------------|------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Nom et plage | Nom de la méthode            | <b>Saisissez un nom</b> pour cette méthode (ce nom apparaît dans la boîte <a href="#">Paramétrage cinétique</a> une fois que la méthode a été enregistrée).                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|              | Description                  | Saisissez une <b>description</b> détaillée pour cette méthode, si désiré, tel que le type d'échantillons, les réactifs ajoutés, etc.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|              | Plage de mesure              | <b>Sélectionnez la plage spectrale</b> dans laquelle la méthode acquerra les données. Options disponibles : <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ultra-violet uniquement (190 nm - 350 nm)</li> <li>• Visible uniquement (350 nm - 850 nm)</li> <li>• Ultra-violet et visible (190 nm - 850 nm)</li> <li>• Personnalisée (spécifiez les points de début et de fin en nanomètres)</li> </ul> <b>Remarque</b> : Pour les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à un équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm. |
|              | Longueurs d'onde surveillées | <b>Saisissez jusqu'à 3 longueurs d'onde</b> devant être mesurées et rapportées au temps de l'analyse.<br><br><b>Remarque</b> : Toutes les longueurs d'onde spécifiées doivent être comprises dans la <a href="#">plage de mesure</a> sélectionnée.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |

| Onglet                | Paramètre        | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|-----------------------|------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Phases et intervalles | Nombre de phases | <p><b>Spécifiez jusqu'à 5 phases</b> pour les mesures cinétiques. Chaque phase peut comporter des paramètres de Délai, Intervalles et N° d'intervalle uniques.</p> <p><b>Remarque :</b> de nombreuses mesures cinétiques ne comprennent qu'une seule phase. Des phases supplémentaires ne sont nécessaires que lorsqu'une variation de l'intervalle de la phase ou de la durée est nécessaire.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|                       | Unité de temps   | Sélectionnez l' <b>unité</b> des mesures en fonction du temps (secondes ou minutes).                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|                       | Phase 1, 2, etc. | <p>Spécifiez les paramètres disponibles pour chaque phase :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Délai.</b> Permet de spécifier un délai avant le début d'une phase.</li> <li>• <b>Intervalles.</b> Permet de spécifier l'intervalle de temps entre les mesures prises pendant cette phase (le minimum est 2 secondes). La première mesure est effectuée lorsque la phase commence (ou au terme du délai si un Délai est spécifié).</li> </ul> <p><b>Remarque :</b> si deux phases ou plus sont spécifiées avec un Délai défini sur zéro, deux mesures sont effectuées en même temps (la mesure au début de la nouvelle phase chevauche directement celle effectuée à la fin de la phase précédente).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>N° d'intervalle.</b> Permet de spécifier le nombre de mesures de l'absorbance à effectuer dans cette phase.</li> </ul> <p><b>Remarque :</b> étant donné que la première mesure est prise lorsque la phase commence, le nombre de mesures rapportées pour chaque phase sera le paramètre <b>N° d'intervalle</b> plus 1.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Durée.</b> Ce paramètre affiche le temps total requis pour cette phase, incluant un quelconque délai et tous les intervalles spécifiés.</li> </ul> |

| Onglet | Paramètre | Description                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|--------|-----------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |           | <p>Les <b>lignes</b> de couleur à droite (voir l'image ci-dessous) montrent les temps de début et de fin de chaque phase ; les <b>encadrés</b> de couleur à droite correspondent au délai spécifié et au nombre d'intervalles pour chaque phase.</p>  <p>Si aucun délai n'est spécifié, les mesures de l'absorbance sont prises au début et à la fin de chaque phase, et après chaque intervalle spécifié. Si un délai est spécifié, comme dans la phase 3 ci-dessus, la première mesure est effectuée au début du premier intervalle. Si l'unité est en secondes, comme dans l'exemple ci-dessus, un total de 11 mesures sont prises aux temps suivants sur une période de 32 secondes :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Phase 1 : 0, 3, 6 et 9 secondes</li> <li>• Phase 2 : 9, 11, 13, 15 et 17 secondes</li> <li>• Phase 3 : 22, 27 et 32 secondes</li> </ul> <p><b>Remarque :</b> les expériences cinétiques sont limitées à 1000 mesures. Cela signifie que le nombre total de mesures de tous les intervalles dans toutes les phases doit être inférieur à 1000. Pour des expériences relativement longues, veuillez à disposer d'un espace disque disponible suffisant sur l'instrument ou l'ordinateur.</p> |

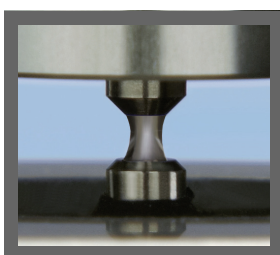
## Sujets similaires

- [Paramètres de l'instrument](#)

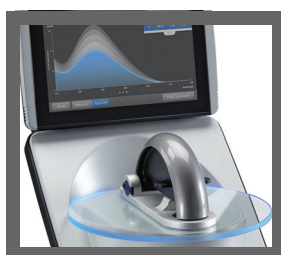




## Centre de formation



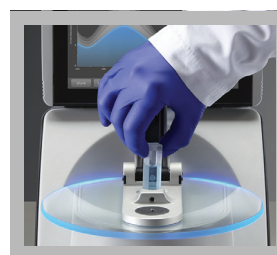
**Fonctionnement  
de l'instrument**



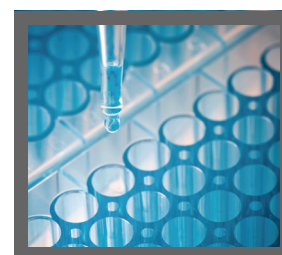
**Installer  
l'instrument**



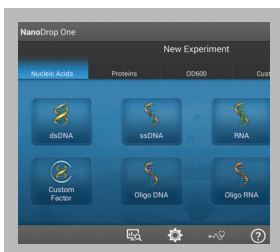
**Mesurer un  
échantillon  
micro-volume**



**Mesurer en  
utilisant une  
cuvette**



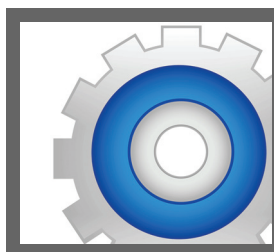
**Préparer les  
échantillons et  
les blancs**



**Fonctionnement  
de base de  
l'instrument**



**Acclaro Sample  
Intelligence**



**Paramètres de  
l'instrument**



**NanoDrop One  
Viewer**



**Multimédia**

## Échantillonnage de micro-volumes — Fonctionnement

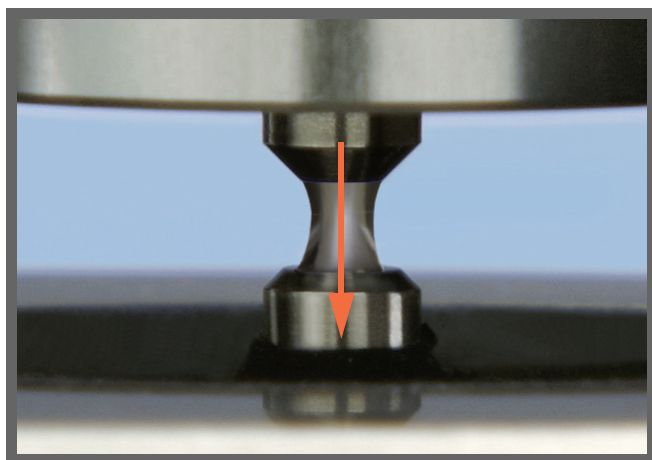
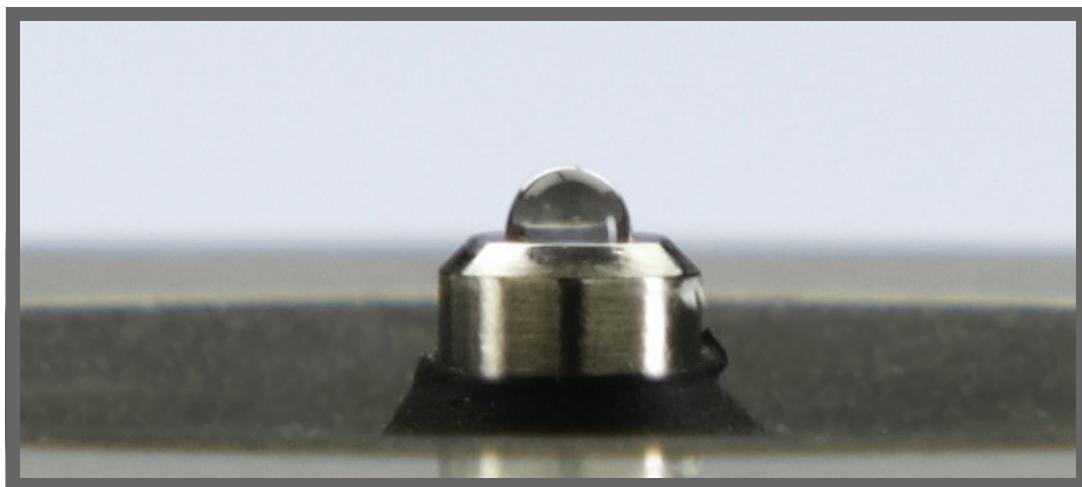
Tension superficielle

Spectre d'absorbance

Absorbance de l'échantillon

Concentration de l'échantillon

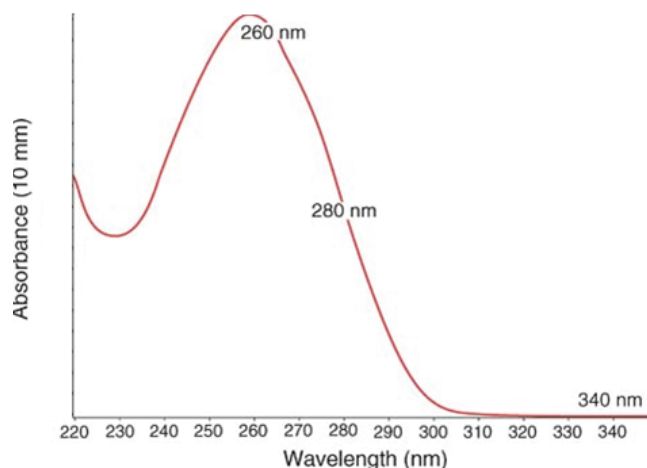
Correction de la ligne de base



### Tension superficielle

Le spectrophotomètre NanoDrop One utilise la tension superficielle pour maintenir un petit volume d'échantillon entre deux socles. Son système de rétention d'échantillon breveté permet de mesurer des échantillons hautement concentrés sans devoir les diluer.

Un câble en fibre optique intégré dans le socle supérieur est relié à une source lumineuse au Xénon. Un second câble intégré dans le socle inférieur est relié à un détecteur. Lorsque le bras de l'instrument est abaissé, l'échantillon forme une colonne liquide, qui remplit essentiellement le vide entre les deux câbles en fibre optique.



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

### Équation de Beer-Lambert

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

Où :

**A** = absorbance UV en unités d'absorbance (A)

**ε** = coefficient d'absorptivité dépendant de la longueur d'onde (ou coefficient d'extinction) en litres/mol-cm

**b** = longueur du trajet optique en cm

**c** = concentration en analyte en moles/litre ou molarité (M)

## Spectre d'absorbance

La lumière passe à travers la colonne liquide et atteint le détecteur, qui génère un spectre d'absorbance en fonction de la longueur d'onde. Le spectre montre la quantité de lumière absorbée par les molécules de l'échantillon à chacune des longueurs d'onde mesurées.

**Remarque** : pour empêcher toute évaporation, qui affecte la précision des mesures, fermez rapidement le bras après avoir chargé un échantillon ou un blanc.

L'exemple ci-contre montre un spectre d'absorbance type obtenu avec un échantillon d'acides nucléiques. Le spectre est mesuré de 190 nm à 850 nm. La gamme affichée peut varier pour chaque application.

## Absorbance de l'échantillon

Lorsque le blanc est fait, le spectre de référence obtenu avec la solution à blanc est enregistré en mémoire. Pour chaque mesure d'échantillon, les intensités de l'échantillon ainsi que celles du blanc sont utilisées pour calculer l'absorbance de l'échantillon conformément à l'équation ci-contre.

## Concentration de l'échantillon

L'équation de Beer-Lambert (la Loi de Beer) indiquée ci-contre est utilisée pour corréler l'absorbance de l'échantillon avec la concentration.

La longueur du trajet optique est la distance entre les deux socles, qui varie en temps réel pendant chaque mesure. Cette technique de longueur du trajet optique à détermination automatique donne des résultats de concentration précis sur une vaste gamme dynamique.

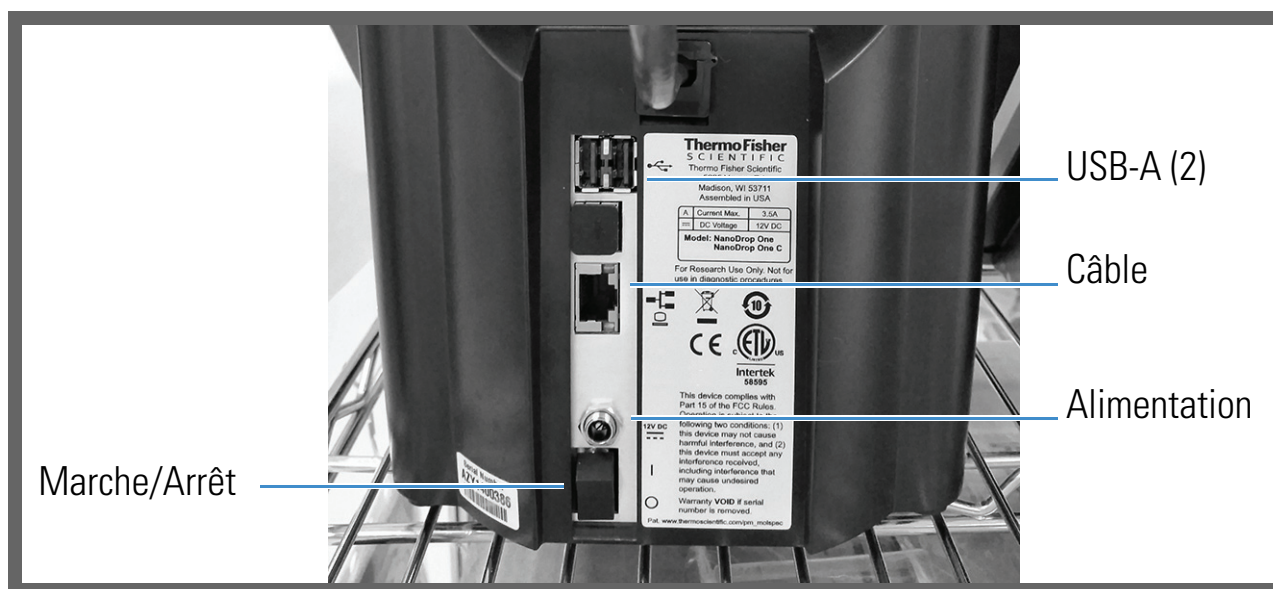
## Correction de la ligne de base

Pour certaines applications, l'instrument peut être configuré pour appliquer une correction de la ligne de base à chaque mesure pour minimiser les éventuels décalages causés par les particules de diffusion de la lumière dans les spectres de l'échantillon. La correction soustrait la valeur d'absorbance à une longueur d'onde de référence qui est proche de zéro de la valeur d'absorbance à chaque longueur d'onde du spectre, essentiellement « en ancrant » le spectre à zéro unités d'absorbance à la longueur d'onde de référence.

### Sujets similaires

- [Modèles d'instrument et caractéristiques](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Calculs pour les mesures d'acides nucléiques](#)
- [Calculs pour les mesures avec Protéine A280](#)

## Installer l'instrument



## Brancher le système



**ATTENTION** Évitez tout risque de choc électrique. Toute prise murale utilisée doit comporter une broche de mise à la terre. Le fil de terre doit être un fil ne transportant pas de courant et doit être raccordé à la terre sur le tableau de distribution principal.

Branchez le cordon d'alimentation fourni à une prise de courant à broche de mise à la terre.  
[Appuyez ici](#) pour plus d'informations.

## Raccorder un accessoire

Pour raccorder une imprimante compatible ou un autre accessoire compatible tel qu'un clavier USB et/ou une souris à l'instrument, utilisez n'importe lequel des ports USB de l'instrument (en façade, à droite/gauche, derrière). Reportez-vous à [Accessoires](#) pour toute information sur les accessoires compatibles avec les instruments NanoDrop One.

## Configurer les connexions Bluetooth

Utilisez la technologie Bluetooth™ pour connecter l'instrument à un ou plusieurs dispositifs d'entrée Bluetooth (sans fil) tel qu'un clavier, une souris ou un lecteur de codes-barres Bluetooth.

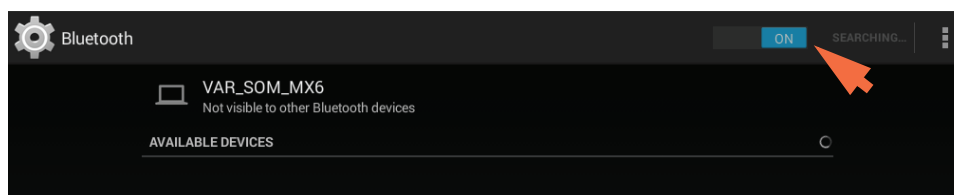
**Remarque** Veillez à ce que le dispositif soit compatible « Bluetooth », et non simplement « sans fil ». Tous les dispositifs Bluetooth sont sans fil mais les dispositifs sans fil ne sont pas tous dotés de la technologie Bluetooth.

### Configurer les connexions Bluetooth sur l'instrument

- À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur  (**Paramètres**).
- Appuyez sur l'onglet **Système**.
- Appuyez sur **Bluetooth** (si le Bluetooth est désactivé, le bouton en haut à droite est défini sur « Désactivé » et aucun dispositif d'entrée Bluetooth n'est affiché).

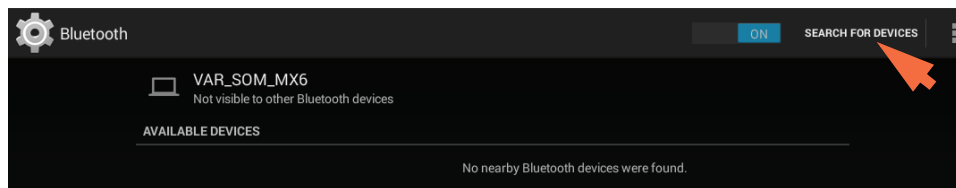


- Appuyez sur le bouton **Désactivé** pour activer la connectivité Bluetooth (le bouton devient bleu, passe à « Activé », et le logiciel recherche automatiquement les dispositifs d'entrée Bluetooth disponibles)

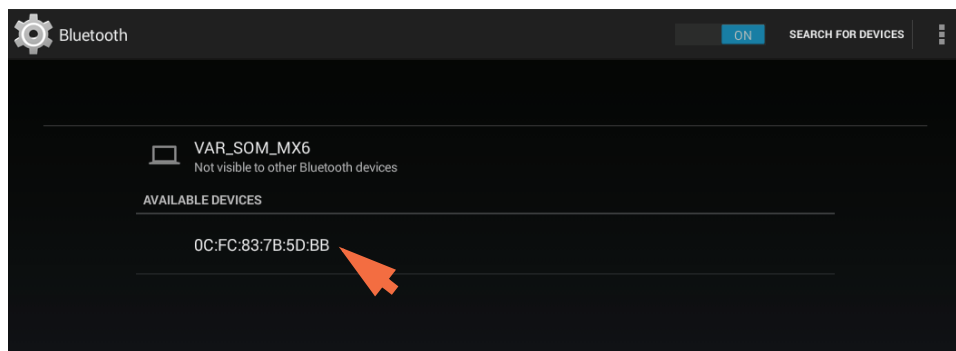


Si aucun dispositif Bluetooth n'est détecté, le message « Aucun dispositif Bluetooth n'a été détecté » s'affiche au bout de quelques secondes.

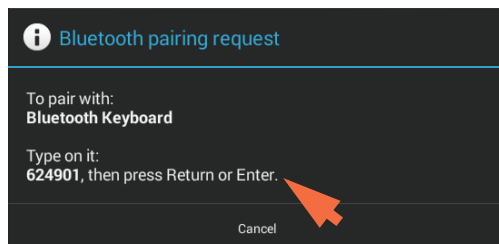
- Pour **ajouter un dispositif Bluetooth**, suivez les instructions du fabricant pour connecter le dispositif (par exemple, en maintenant un bouton enfoncé) et appuyez sur **Rechercher des dispositifs** sur l'instrument).



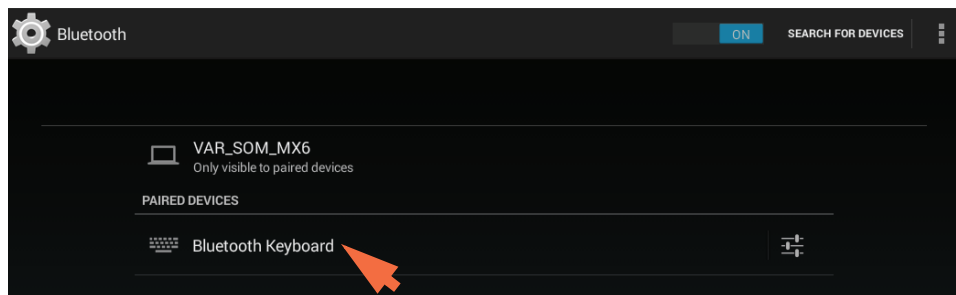
Le nom du dispositif devrait apparaître dans la liste des Dispositifs disponibles.



- Pour connecter le dispositif, **appuyez sur son nom** dans la liste des Dispositifs disponibles (une demande de connexion similaire à celle illustrée ci-dessous peut s'afficher).

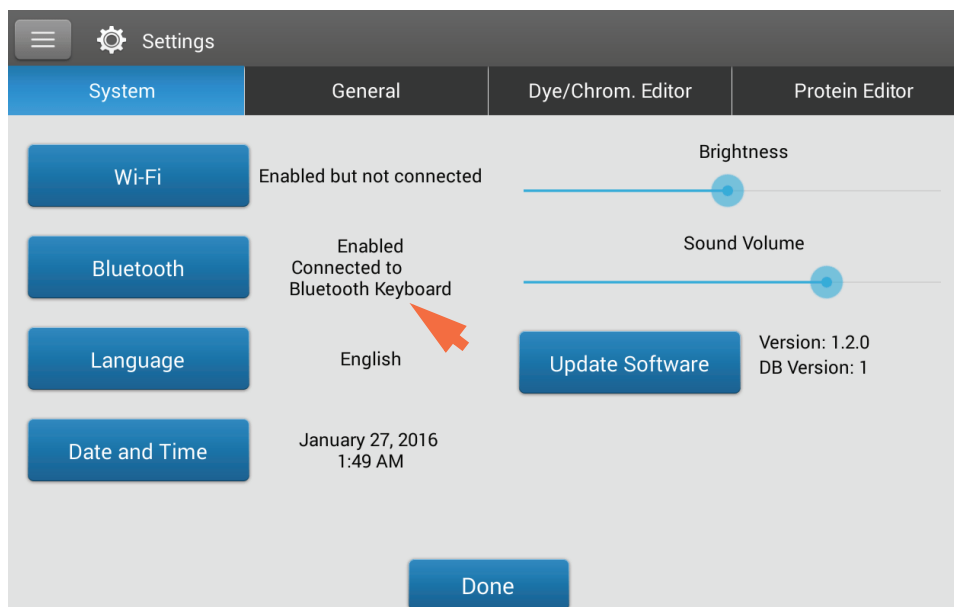


- **Suivez les instructions** pour connecter le dispositif.



**Remarque** Si votre dispositif Bluetooth ne se connecte pas, redémarrez le dispositif puis répéter les étapes ci-dessus pour le connecter à l'instrument (essayez également de désactiver puis de réactiver le Bluetooth). Une fois le dispositif connecté, il le restera même après un redémarrage de l'instrument.

- Appuyez sur **Précédent** (l'état du Bluetooth s'affiche à droite du bouton Bluetooth).

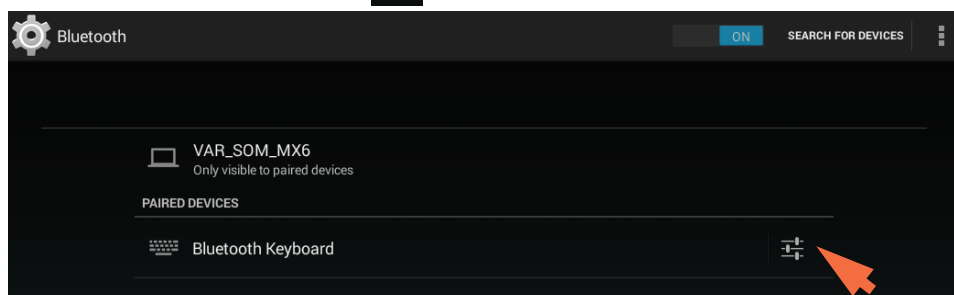


- Répétez les étapes ci-dessus pour ajouter un autre dispositif Bluetooth ou appuyez sur **Terminé** pour fermer les Paramètres.

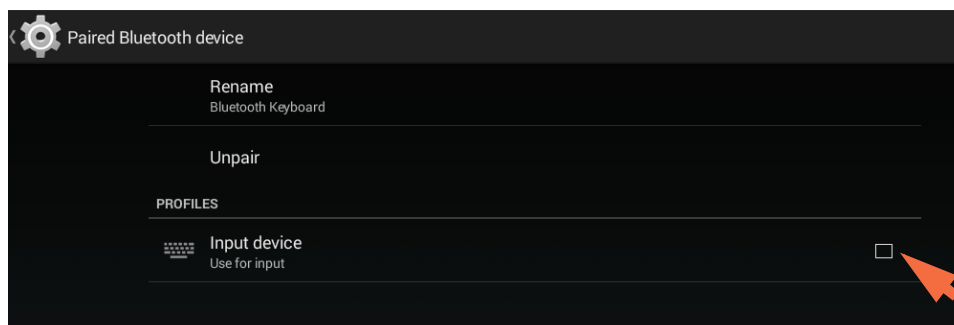
### Désélectionner un dispositif d'entrée Bluetooth

Vous pouvez cesser d'utiliser un dispositif Bluetooth d'entrée sans pour autant le déconnecter. Ceci permet aux autres utilisateurs de le resélectionner facilement pour l'utiliser. Par exemple, si plusieurs dispositifs d'entrée Bluetooth sont connectés, tel qu'un clavier et un lecteur de codes-barres, suivez les étapes ci-dessous pour sélectionner les dispositifs à utiliser ou pour désélectionner les dispositifs que vous ne souhaitez pas utiliser.

- À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur .
- Appuyez sur l'onglet **Système**.
- Appuyez sur **Bluetooth**.
- Pour désélectionner un dispositif Bluetooth connecté tel qu'un clavier, appuyez sur son bouton **Profils** .



- Désélectionnez **Utiliser comme entrée** en décochant la case associée.



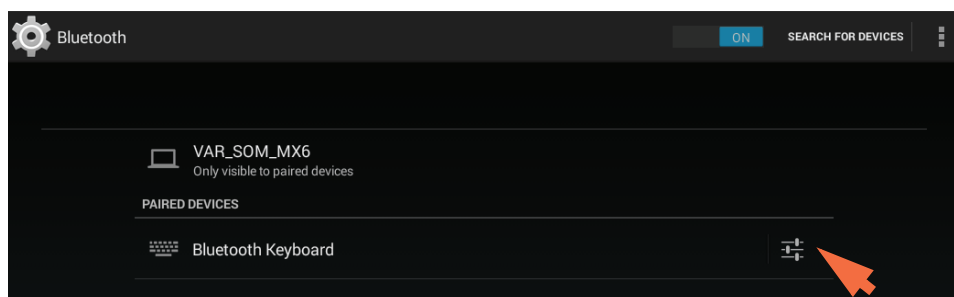
- Appuyez sur **Dispositif Bluetooth connecté** en haut à gauche pour revenir à l'écran précédent.
- Appuyez sur **Précédent** pour revenir aux paramètres Système.
- Appuyez sur **Terminé** pour fermer les Paramètres.

#### Remarque

- Si aucun dispositif Bluetooth n'est sélectionné, l'instrument utilise le clavier de l'écran tactile intégré pour les entrées.
- Pour resélectionner le dispositif, suivez les étapes ci-dessus et sélectionnez la case à cocher Utiliser comme entrée du dispositif.

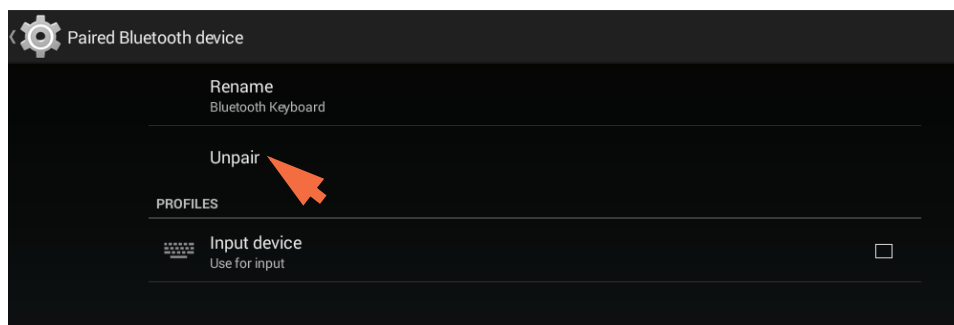
#### Déconnecter le dispositif Bluetooth

- À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur .
- Appuyez sur l'onglet **Système**.
- Appuyez sur **Bluetooth**.
- Pour déconnecter un dispositif Bluetooth connecté, appuyez sur son bouton Profils .

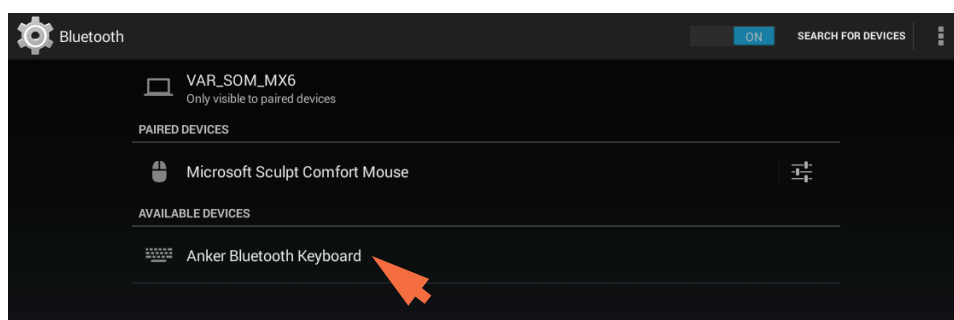




- Appuyez sur **Déconnecter**.



Le dispositif n'apparaît plus dans la liste des « Dispositifs connectés » mais reste affiché dans la liste des Dispositifs disponibles.



- Appuyez sur **Précédent** pour revenir aux paramètres Système.
- Appuyez sur **Terminé** pour fermer les Paramètres.

## Configurer la connexion Ethernet

Le port Ethernet de l'instrument peut être utilisé pour installer une connexion câblée entre l'instrument et un ordinateur personnel (ou PC). L'ordinateur connecté peut ensuite être utilisé pour stocker ou afficher les données acquises avec l'instrument NanoDrop One. (Le [logiciel NanoDrop One Viewer](#) doit être installé sur l'ordinateur).

Outils nécessaires :

- Câble Ethernet standard (droit) (CAT 5e ou plus récente recommandée)

**Remarque** Si l'ordinateur est un modèle plus ancien, un câble Ethernet croisé peut s'avérer nécessaire. La plupart des modèles d'ordinateurs récents détectent automatiquement et sont compatibles avec les deux types de câbles. Toutefois, un câble droit offrira les meilleures performances.

### Configurer la connexion Ethernet

- Connectez le câble Ethernet entre le port Ethernet situé sur le panneau arrière de l'instrument (reportez-vous à l'illustration ci-dessus) et le port Ethernet de l'ordinateur.

## Configurer les connexions sans fil

Utilisez le Wi-Fi™ pour connecter l'instrument à un ordinateur distant via un réseau local sans fil (WLAN). L'ordinateur distant peut ensuite être utilisé pour stocker ou afficher les données acquises avec un instrument NanoDrop One.

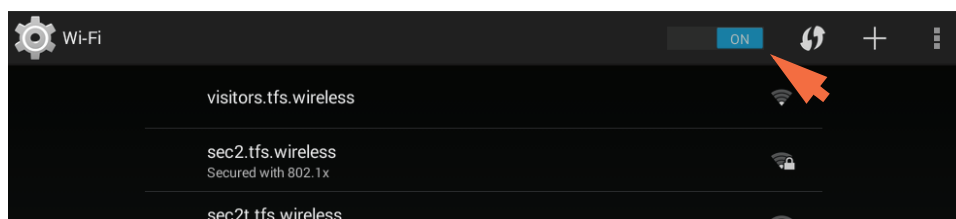
**Remarque** Pour [stocker ou afficher les données acquises sur un ordinateur connecté](#) à l'aide du Wi-Fi, le logiciel NanoDrop One Viewer doit être installé sur l'ordinateur distant et ce dernier doit être configuré pour permettre le stockage de données Wi-Fi. L'instrument doit également être connecté au réseau hôte de l'ordinateur distant et le Wi-Fi doit être activé.

### Sélectionner le réseau Wi-Fi sur l'instrument

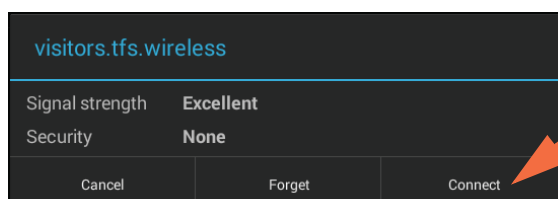
- À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur  (Paramètres).
- Appuyez sur l'onglet **Système**.
- Appuyez sur **Wi-Fi** (si le Wi-Fi est désactivé, le bouton en haut à droite est défini sur « DÉSACTIVÉ » et aucun réseau sans fil n'est affiché).



- Appuyez sur le bouton pour activer le Wi-Fi et afficher les réseaux Wi-Fi disponibles.

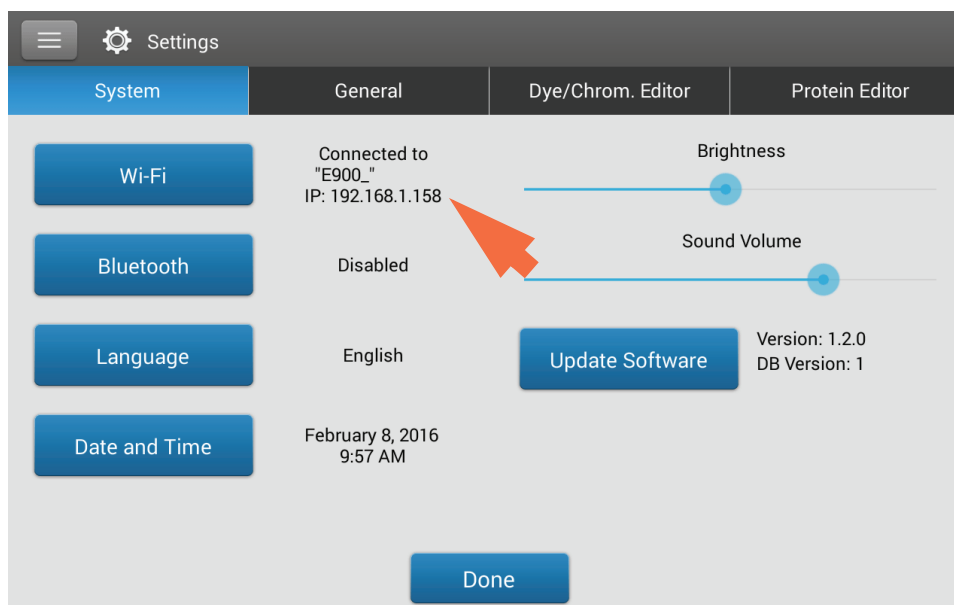


- Sélectionnez le réseau hôte Wi-Fi de l'ordinateur distant et appuyez sur **Connecter** (exemple ci-dessous).



- Appuyez sur **Précédent** pour quitter la configuration du Wi-Fi (si la connexion est établie, l'instrument reçoit une adresse IP (protocole Internet) qui apparaît à droite du bouton Wi-Fi, comme dans l'exemple ci-dessous).

**Remarque** Certains réseaux Wi-Fi peuvent exiger une identité, un mot de passe ou d'autres informations avant de pouvoir s'y connecter, ou peuvent être anonymes (c'est-à-dire qu'ils doivent être recherchés par leur nom). Pour plus d'informations, contactez l'administrateur système de votre site de travail.



- Notez l'adresse IP (vous devrez la saisir sur l'ordinateur distant dans la partie suivante).
- Appuyez sur **Terminé** pour quitter les Paramètres.

### Configurer le stockage des données par connexion Wi-Fi sur l'ordinateur distant

- À partir de l'ordinateur distant, ouvrez le logiciel **NanoDrop One Viewer**.
- Choisissez **Fichier** (menu) > **Configurer un stockage de donnée par connexion Wi-Fi** (l'écran suivant s'affiche).

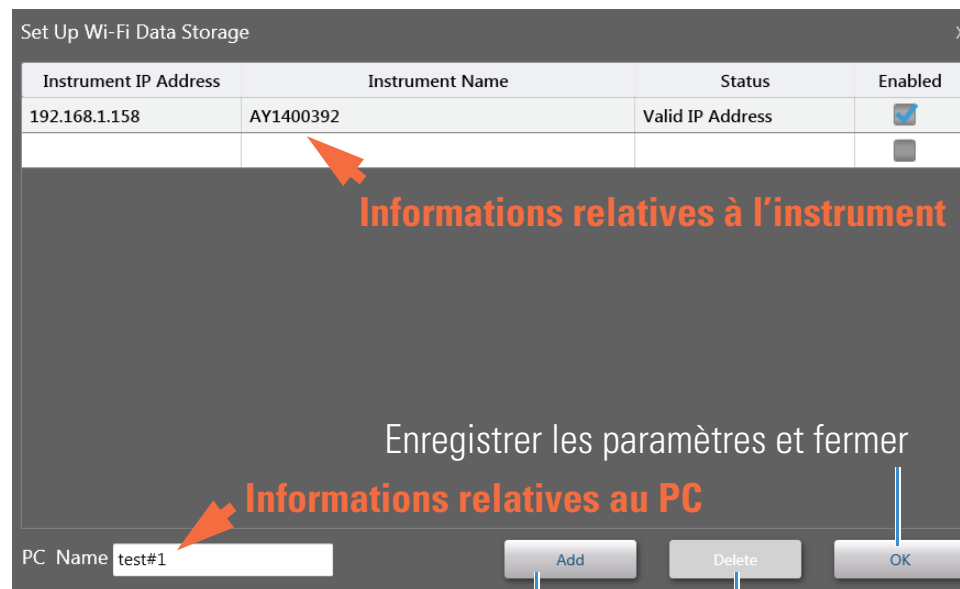
Set Up Wi-Fi Data Storage

| Instrument IP Address | Instrument Name | Status | Enabled                  |
|-----------------------|-----------------|--------|--------------------------|
|                       |                 |        | <input type="checkbox"/> |

PC Name

- Saisissez les informations suivantes :
  - **Adresse IP de l'instrument** (affichée sur l'instrument dans **Paramètres > Système**, reportez-vous à la partie précédente ; si l'adresse IP est valide, la colonne **État** affiche la mention « Adresse IP valide »).
  - Saisissez le **Nom de l'instrument** unique (au cas où plusieurs instruments sont connectés au même réseau dans le même laboratoire).
  - Veillez à ce que la case **Activé** soit cochée sur l'instrument (reportez-vous à l'exemple ci-dessous).

- Saisissez le **Nom du PC**, par exemple le nom attribué à l'ordinateur ou un nom de votre choix (le nom saisi apparaît dans la zone de liste « sélectionner un emplacement d'enregistrement des données » de l'instrument (reportez-vous à la partie suivante).



**Ajouter** une connexion Wi-Fi  
(avec un nouvel instrument)

**Supprimer** une connexion  
Wi-Fi sélectionnée

- Pour configurer un autre instrument, appuyez sur **Nouveau** puis répétez les étapes ci-dessus.

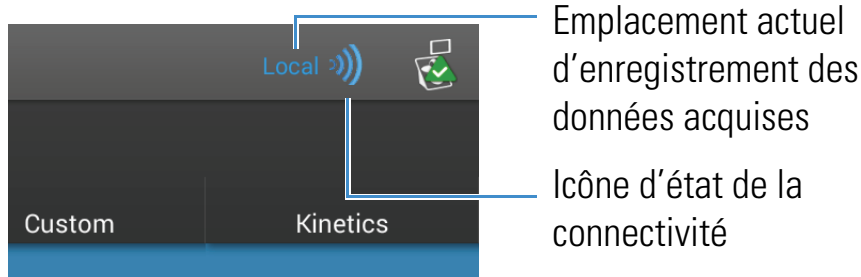
**AVIS** Vous pouvez ajouter plusieurs adresses Wi-Fi à cette liste afin de faciliter les changements d'ordinateurs. Toutefois, pour garantir l'intégrité des données, une seule connexion Wi-Fi doit être activée pendant l'acquisition des données.

- Pour supprimer un élément de la liste, appuyez sur la ligne pour la sélectionner puis sur **Supprimer**.
- Une fois terminé, choisissez **OK** pour fermer la configuration du stockage des données par connexion Wi-Fi.

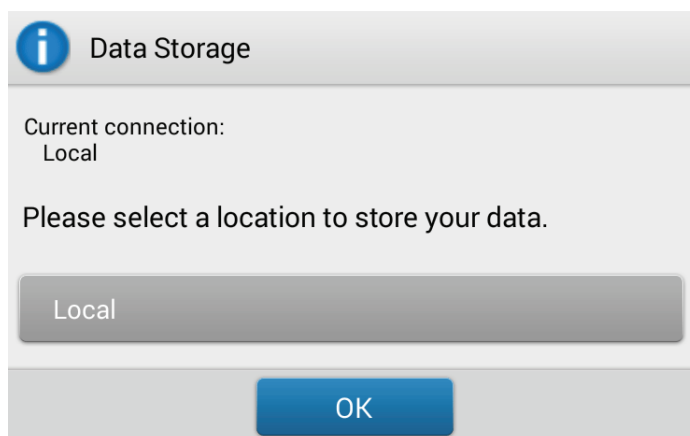
## Sélectionner l'emplacement d'enregistrement des données acquises

- À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur l'icône **d'état de la connectivité** 

**Remarque** L'icône d'état de la connectivité est uniquement active, c'est-à-dire bleue, lorsque l'instrument est connecté à un ordinateur personnel (PC) à l'aide d'un [câble Ethernet](#) ou via un réseau sans fil correctement configuré, comme dans l'exemple ci-dessous.



La boîte de message de stockage des données s'affiche comme dans l'exemple ci-dessous.

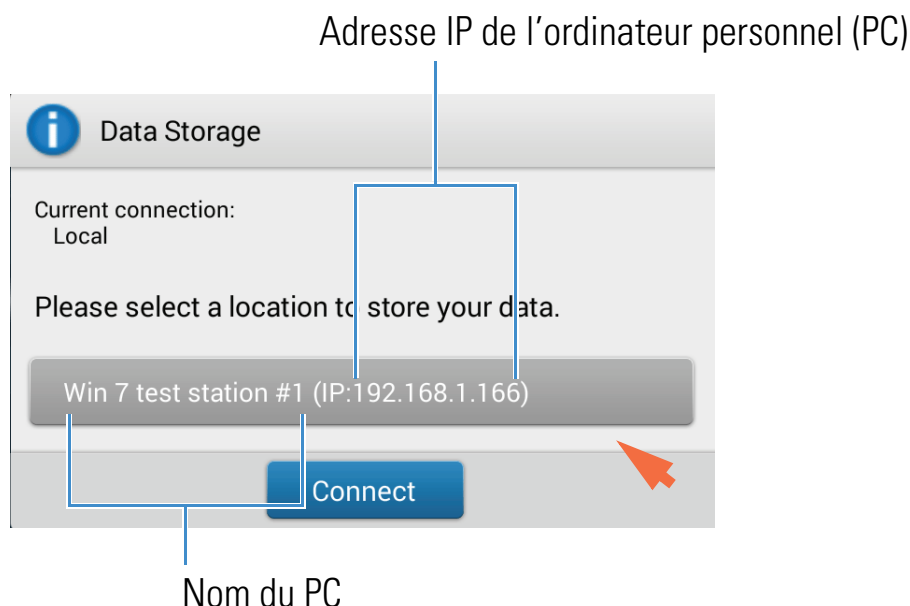


- Sélectionnez une option disponible ci-dessous :
  - Pour stocker tous les résultats des mesures acquises ultérieurement dans la base de données NanoDrop One sur l'instrument uniquement, définissez le stockage des données sur **Local** (voir l'exemple ci-dessus).

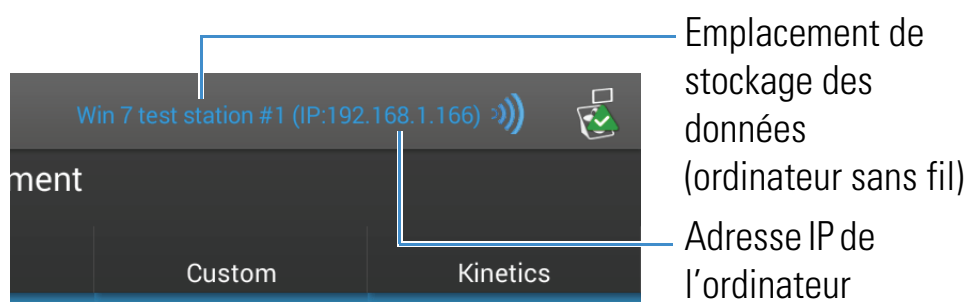
- Pour stocker tous les résultats des mesures acquises ultérieurement dans la base de données NanoDrop One Viewer sur un ordinateur connecté à l'instrument à l'aide d'un câble Ethernet, définissez le stockage des données sur **Connexion directe au PC\*** (reportez-vous à [Configurer la connexion Ethernet](#) pour plus de détails).
- Pour stocker tous les résultats des mesures acquises ultérieurement dans la base de données NanoDrop One Viewer sur un ordinateur connecté à l'instrument via un réseau sans fil, définissez le stockage des données sur le **nom attribué à l'ordinateur\*** (reportez-vous à [Configurer les connexions Wi-Fi](#) pour plus de détails).

\* les options Ethernet et sans fil listées ci-dessus stockeront également les données sur l'instrument (données de secours).

Voici un exemple d'ordinateur de destination avec une configuration sans fil sélectionnée pour le stockage des données.



- Appuyez sur **Connecter** (ou **OK** si la connexion a déjà été établie) pour fermer la boîte de message (le nouvel emplacement de stockage des données apparaît à côté de l'icône d'état de la connectivité).



Tous les résultats des mesures acquises ultérieurement sont enregistrés dans la base de données NanoDrop Viewer sur l'ordinateur sélectionné, et dans la base de données NanoDrop One sur l'instrument local.

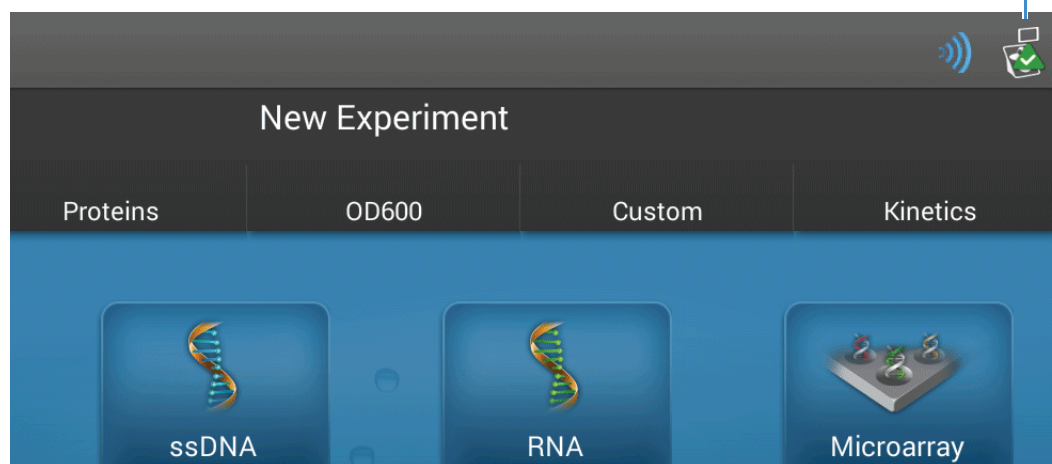
#### Remarque

- Le logiciel NanoDrop One Viewer n'a pas à être en cours d'exécution pour que les données de l'instrument soient enregistrées dans la base.
- Si la connexion sans fil ou Ethernet est interrompue pendant une mesure, le stockage des données se fait sur l'instrument local sans aucune perte de données.
- Les [méthodes personnalisées](#) et les [méthodes cinétiques](#) doivent être présentes sur l'ordinateur connecté lorsque les données sont configurées pour un stockage distant.
- Lorsque l'instrument est connecté à un ordinateur à l'aide d'un câble Ethernet ou via un réseau sans fil, l'icône Afficheur de données sur l'écran Page d'accueil de l'instrument n'est pas disponible. (Vous ne pouvez pas utiliser l'instrument pour afficher la base de données NanoDrop One sur un ordinateur connecté.)

## Évaluer la connectivité de l'instrument

L'icône d'état du système, en haut à droite de l'écran Page d'accueil de l'instrument, permet de rapidement évaluer l'état de la connectivité de l'instrument, notamment la connectivité Bluetooth, Ethernet et Wi-Fi :

Appuyer pour afficher l'état de la connectivité





### Afficher l'état de la connectivité

- Appuyez sur  dans l'écran Page d'accueil de l'instrument pour ouvrir la boîte d'état du système

Emplacement de la base de données dans laquelle l'instrument stocke actuellement les données (Local (instrument) ou PC connecté)

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

État Wi-Fi

État Bluetooth

- Appuyez sur **OK** pour quitter l'état du système.

## Spécifications de fonctionnement

L'instrument fonctionne de manière fiable lorsque l'environnement ambiant est conforme à ces caractéristiques :

- températures de fonctionnement : 5 °C - 35 °C (41 °F - 95 °F)
- humidité relative (sans condensation) : 20-80 %

Placez l'instrument loin des ouïes d'aération et des ventilateurs d'évacuation pour minimiser l'évaporation.

**Remarque** Si l'instrument fonctionne dans la limite basse de la plage d'humidité recommandée, utilisez un volume d'échantillon adéquat pour éviter toute évaporation.

Une fois l'instrument installé, vous pouvez le laisser sous tension.

#### Sujets similaires

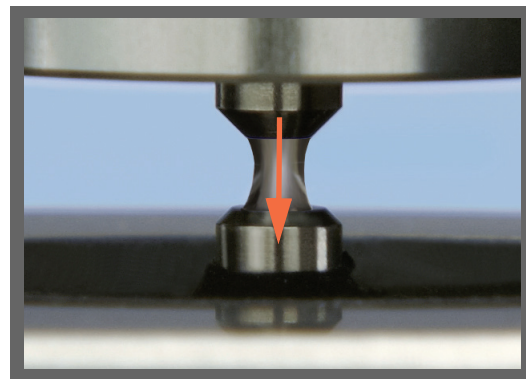
- [Mesures de sécurité et précautions d'utilisation](#)
- [Modèles d'instrument et caractéristiques](#)
- [Accessoires en option](#)
- [Paramètres de l'instrument](#)

## Mesurer un échantillon micro-volume

Le spectrophotomètre NanoDrop One utilise la tension superficielle pour maintenir un petit volume d'échantillon entre deux socles. Son système de rétention d'échantillon breveté permet de mesurer des échantillons hautement concentrés sans devoir les diluer. [Appuyez ici](#) pour plus de détails.

### Consommables nécessaires

- Spectrophotomètre NanoDrop One ou NanoDrop One<sup>C</sup>
- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- Pipeteur de précision étalonné (0–2 µl)
- Matériel échantillon remis en suspension dans une solution tampon appropriée (reportez-vous à [Préparation des échantillons](#))
- Solution tampon pure pour le blanc (reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#) ou regardez la formation multimédia [Qu'est-ce qu'un blanc ?](#))



## Meilleures pratiques pour les mesures de micro-volumes

### Nettoyage des socles pour le fonctionnement quotidien

- Avant la première mesure, nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve.
- **Exécutez un cycle de blanc** pour vérifier que les socles sont propres.
- Après chaque mesure, nettoyez les deux socles avec une lingette de laboratoire neuve pour éviter toute rémanence.
- Après chaque ensemble de mesures, nettoyez les socles avec du DI H<sub>2</sub>O (reportez-vous à [Nettoyer les socles entre deux utilisateurs](#)).
- **Reconditionnez les socles** régulièrement pour qu'ils conservent leur propriété hydrophobe.



### 3 Centre de formation

Mesurer un échantillon micro-volume

#### Pipetage des échantillons

- Utilisez les **volumes d'échantillon recommandés** pour que la colonne liquide se forme correctement.
- Utilisez un pipeteur de précision étalonné (plage de volumes 0–2 µl) avec des embouts de précision bien ajustés à faible rétention pour appliquer le matériel d'échantillon sur l'instrument pour la mesure.

Si vous utilisez un pipeteur peu précis (0-10 µl), utilisez des volumes d'échantillon de 2 µl.

- Utilisez un nouvel embout pour chaque aliquote de blanc et d'échantillon.
- Utilisez une nouvelle aliquote d'échantillon pour chaque mesure.
- Si des solvants ont utilisés, vérifiez qu'ils sont compatibles avec les socles (reportez-vous à « Solvants compatibles » dans **Matières dangereuses**).



#### Volumes d'échantillon recommandés

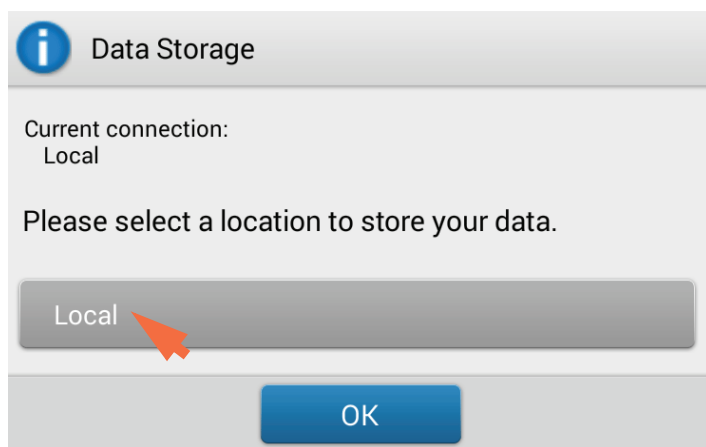
| Application                                                                       | Volume d'échantillon |
|-----------------------------------------------------------------------------------|----------------------|
| Acide nucléique (solution aqueuse)                                                | 1 µl <sup>a</sup>    |
| Protéine purifiée                                                                 | 2 µl                 |
| Autres applications pour les protéines telles que les méthodes de Bradford ou BCA | 2 µl                 |
| Suspensions cellulaires microbiennes                                              | 2 µl                 |

<sup>a</sup> Utilisez 2 µl pour les échantillons qui contiennent des substances susceptibles de réduire la tension superficielle comme des tensioactifs.

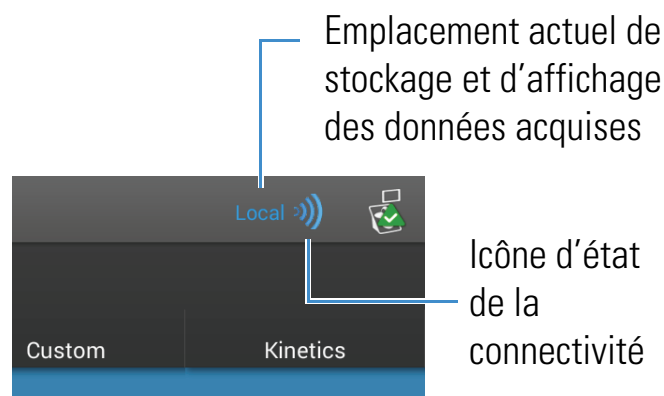
## Mesurer un échantillon micro-volume

### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

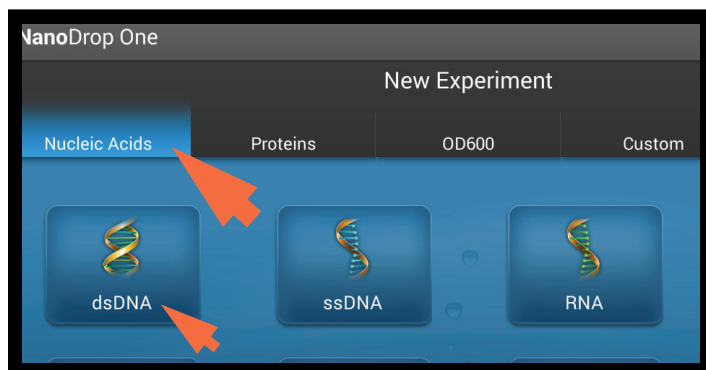


1. Si l'instrument dispose d'une connexion **Ethernet** ou **sans fil** à un ordinateur personnel (PC), l'icône d'état de la connectivité est bleue et montre **l'emplacement actuellement sélectionné pour stocker et afficher les données acquises avec l'instrument**.



Si l'icône d'état de la connectivité est bleue, **appuyez sur l'icône** et paramétrez **Stockage des données** sur Local, comme illustré à gauche.

2. À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, sélectionnez l'onglet d'une application, par exemple Acides nucléiques, et appuyez sur le nom d'une application, par exemple ADNdb ou ARN.





### 3 Centre de formation

#### Mesurer un échantillon micro-volume



3. Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.



4. Faites le blanc :

- Pipetez 1 à 2 µl de solution à blanc sur le socle inférieur et abaissez rapidement le bras.
- Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

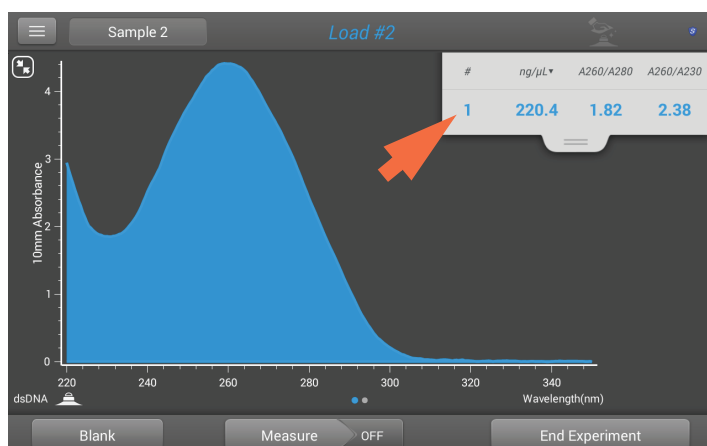
**Conseil :** Si **Blanc automatique** indique Activé, la mesure du blanc commence automatiquement lorsque vous abaissez le bras.

- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette de laboratoire.



5. Mesurez le premier échantillon :

- Pipetez 1 à 2 µl de solution d'échantillon sur le socle et abaissez rapidement le bras (reportez-vous à **Volumes d'échantillon recommandés** pour plus d'informations).
- Commencez la mesure de l'échantillon :
  - Si **Mesure automatique** est activé, abaissez le bras.
  - Si Mesure automatique est désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
- Lorsque la mesure de l'échantillon est terminée, les spectres et les valeurs rapportées s'affichent.



Si un de ces symboles figure en regard de l'ID de l'échantillon, appuyez dessus pour afficher des alertes ou des informations supplémentaires sur la mesure.



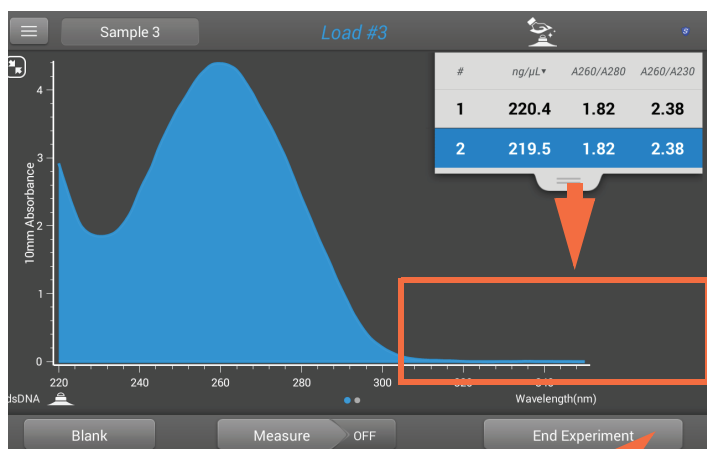
Informations sur les contaminants disponibles



Assistance technique à la demande disponible



Résultat invalide



Appuyez ici pour terminer l'expérience

6. Pour mesurer un autre échantillon :

- Relevez le bras.
- Nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.
- Chargez l'échantillon suivant et abaissez rapidement le bras.
- Lancez la mesure de l'échantillon.
- Attendez que la mesure soit terminée.

Le nouveau spectre remplace le précédent sur l'afficheur de spectres et les nouvelles valeurs rapportées s'affichent sous les précédentes dans le tableau (faites glisser l'onglet vers le bas pour afficher les deux ensembles de données).

### 3 Centre de formation

Mesurer un échantillon micro-volume

End Experiment

Experiment Name:  
dsDNA 9\_1\_2015 4\_00\_24 AM

Add Identifier

Appuyez ici pour afficher le clavier ; pour le fermer, appuyez sur la touche Terminé

Export data to USB drive:  
Front USB

Experiment Print

Appuyez ici pour mesurer plus d'échantillons

Appuyez ici pour terminer l'expérience et l'enregistrer

7. Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons :

- Appuyez sur **Fin de l'expérience**.
- Saisissez un nom pour l'expérience (appuyez sur la zone **Nom de l'expérience**, utilisez le clavier affiché pour saisir le nom, appuyez sur la touche **Terminé**) ou conservez le nom d'expérience par défaut.
- Appuyez sur
- Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.

Si vous en avez terminé avec l'instrument pour la journée, nettoyez les socles avec du DI H2O (reportez-vous à [Nettoyer les socles entre deux utilisateurs](#)).

Les données acquises sont automatiquement enregistrées sous une expérience du nom saisi. Dans la configuration par défaut, les expériences sont stockées dans une base de données sur l'instrument local en fonction de la date d'acquisition, du nom de l'expérience, de l'[application utilisée](#) et des éventuelles étiquettes attribuées (reportez-vous à [Gérer les identifiants sur l'instrument](#)).

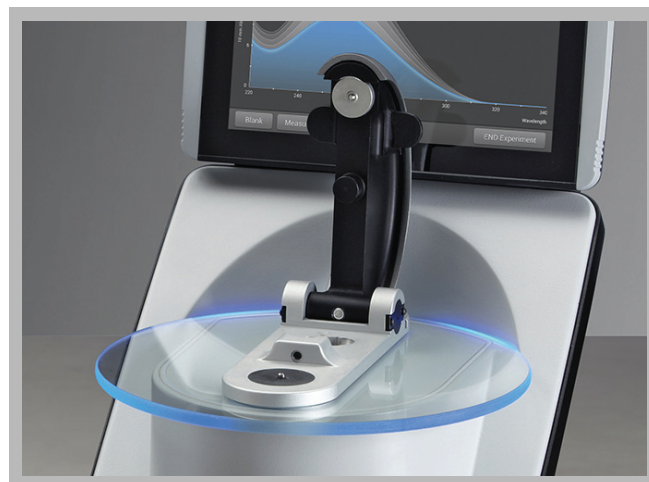
### Sujets similaires

- [Échantillonnage de micro-volumes — Fonctionnement](#)
- [Limites de détection d'absorbance](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Mesure automatique et blanc automatique](#)
- [Acclaro Sample Intelligence](#)
- [Nettoyage des socles](#)
- [Faire une recherche dans la base de données des expériences](#)
- [Export Data](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)



## Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette

Le spectrophotomètre NanoDrop One<sup>C</sup> comprend un porte-cuvette pour la mesure d'échantillons dilués, dosages colorimétriques, cultures cellulaires et études cinétiques. Le système à cuvette offre une [limite de détection](#) inférieure étendue, un élément chauffant à 37 °C en option et un micro-agitateur.



### Consommables nécessaires

- Spectrophotomètre NanoDrop One<sup>C</sup>
- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- Deux [cuvettes compatibles](#)
- Matériel échantillon remis en suspension dans une solution tampon appropriée (reportez-vous à [Préparation des échantillons](#))
- Solution tampon pure pour le blanc (reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#) ou regardez la formation multimédia [Qu'est-ce qu'un blanc ?](#))

## Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette

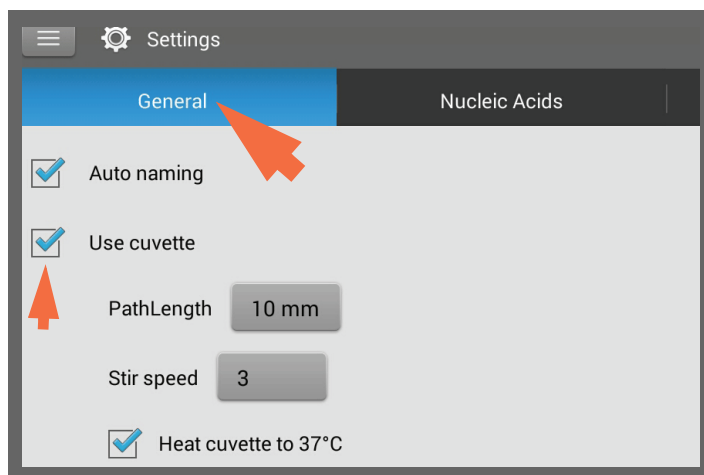
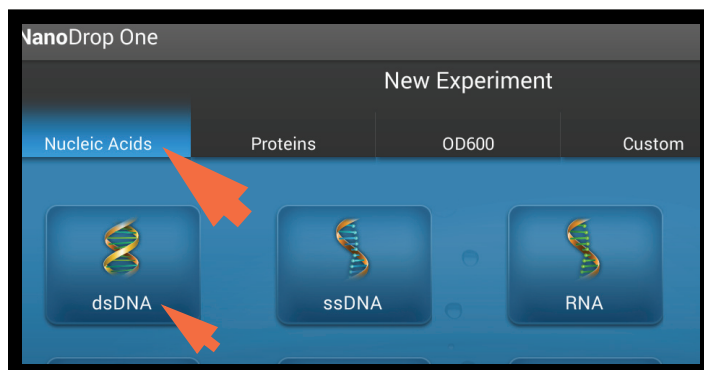
- Le bras de l'instrument peut être indifféremment relevé ou abaissé pour les mesures avec une cuvette.
- Utilisez des cuvettes de 10 mm, 5 mm, 2 mm ou 1 mm de maximum 48 mm de haut.
- Nettoyez et essuyez la cuvette après chaque mesure.
- Utilisez des cuvettes qui ne présentent pas de rayures et évitez de laisser des empreintes digitales qui pourraient influencer sur les résultats.
- Utilisez des cuvettes en quartz ou en plastique résistant aux UV pour mesurer les échantillons avec des longueurs d'onde d'analyse dans la plage UV (<340 nm).
- Les cuvettes micro, semi-micro et ultra-micro doivent être masquées.
- Remplissez les cuvettes avec suffisamment de solution à blanc ou d'échantillon pour couvrir le trajet optique de l'instrument (le faisceau de l'échantillon de 2 mm se trouve à 8,5 mm au-dessus du fond de la cuvette).
- Relevez le bras de l'instrument et vérifiez que le porte-cuvette ne contient pas de débris.
- Lorsque vous insérez des cuvettes en quartz ou en plastique masquées, alignez le trajet optique de la cuvette avec le trajet optique de l'instrument.



## Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette

### AVIS

- Pour éviter tout dommage dû à des déversements, conservez les récipient contenant des liquides loin de l'instrument.
- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.



1. À partir de l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet d'une application, par exemple Acides nucléiques et appuyez sur le nom d'une application, par exemple ADNdb ou ARN.

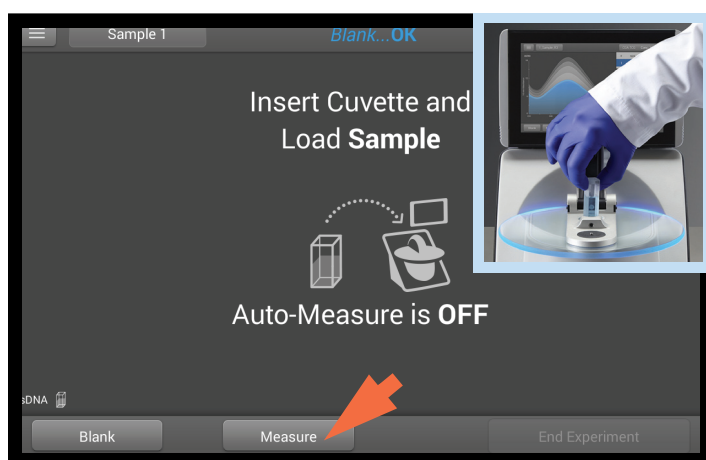
2. Spécifiez les options de la cuvette :

- À partir de l'écran Page d'accueil, appuyez sur  (Paramètres).
- Appuyez sur **Général**.
- Sélectionnez **Utiliser la cuvette**.
- Mettez **Longueur du trajet optique** sur la longueur du trajet optique (largeur) de la cuvette (consultez le fabricant de la cuvette pour les caractéristiques).
- Réglez l'agitateur et l'élément chauffant si désiré.
- Appuyez sur **Terminé**.

Pour plus de détails, reportez-vous à [Paramètres généraux](#).

### 3 Centre de formation

Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette



#### 3. Faites le blanc :

- Remplissez la cuvette propre et sèche de suffisamment de solution à blanc pour couvrir le **trajet optique de l'instrument**.
- Relevez le bras de l'instrument et insérez la cuvette à blanc dans le porte-cuvette, en veillant à aligner le trajet optique de la cuvette avec le trajet optique de l'instrument.
- Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.

#### 4. Mesurez un échantillon :

- Remplissez une cuvette propre à la même hauteur avec la solution de l'échantillon.
- Remplacez la cuvette à blanc par celle de l'échantillon, en veillant à aligner les trajets optiques.
- Appuyez sur **Mesurer**.
- Attendez que la mesure soit terminée.
- Retirez la cuvette.
- Nettoyez la cuvette en fonction des consignes du fabricant.

#### Sujets similaires

- [Modèles d'instrument et caractéristiques](#)
- [Limites de détection d'absorbance](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Acclaro Sample Intelligence](#)
- [Paramètres de l'instrument](#)
- [Faire une recherche dans la base de données des expériences](#)
- [Exporter des données](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)

# Préparer les échantillons et les blancs

## Préparation des échantillons

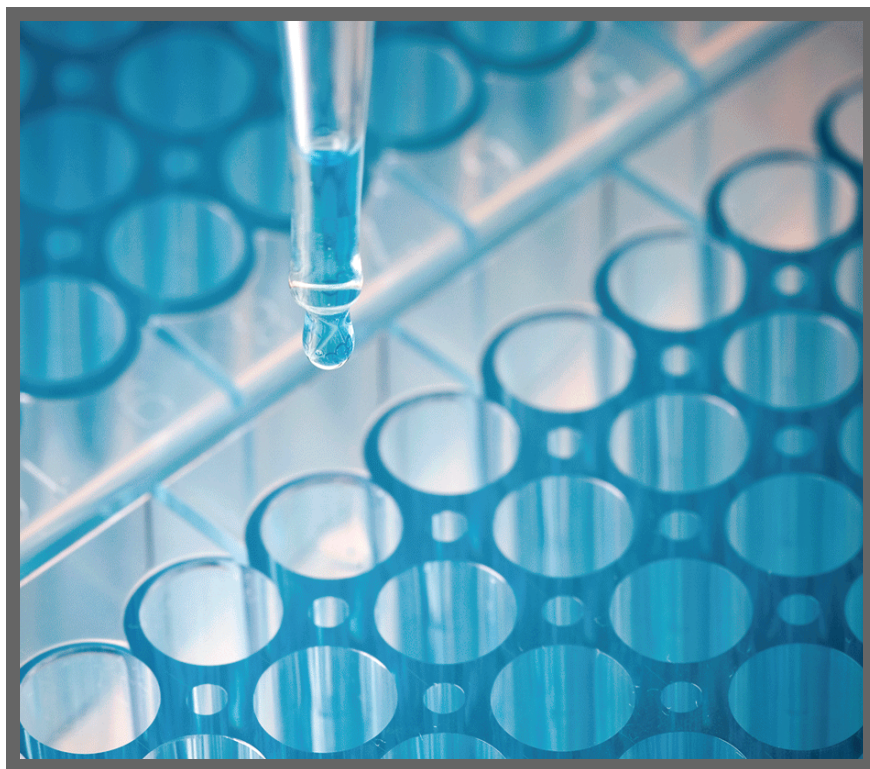
- Isolez et purifiez les échantillons avant de les mesurer avec l'instrument. Vous pouvez utiliser pour cela les kits d'isolation d'échantillons que l'on trouve dans le commerce ou un protocole maison. Après la purification, l'analyte d'intérêt est normalement dissous dans une solution tampon aqueuse avant d'être mesuré.

**Conseil :** toute molécule qui absorbe la lumière à la longueur d'onde de l'analyse contribuera à la valeur d'absorbance totale utilisée pour calculer la concentration de l'échantillon.

- Vérifiez que la concentration finale de l'analyte est comprise dans les [limites de détection d'absorbance](#) de l'instrument.
- Pour les mesures de micro-volumes, mélangez les échantillons au vortex délicatement (mais complètement) avant de prendre une mesure.

**Conseil :** Faites chauffer des échantillons hautement concentrés ou de grosses molécules, comme l'ADN génomique ou Lambda, à 63 °C (145 °F) avant de les mélanger au vortex.

- Évitez d'introduire des bulles lors du mélange et du pipetage. Pour plus d'informations, regardez la formation multimédia [Effets des bulles dans les échantillons](#).



**Remarque** Il est possible que l'analyse des échantillons dissous dans des solvants extrêmement volatiles comme de l'hexane fonctionne mieux avec l'[option d'échantillonnage en cuvette](#) (instrument NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement).



## Choisir et mesurer un blanc

Le tampon utilisé pour remettre en suspension un analyte d'échantillon peut contribuer à l'absorbance. Faire le blanc minimise la contribution à l'absorbance due aux composants du tampon de la mesure de l'échantillon. Le spectre d'échantillon obtenu représente l'absorbance du seul analyte d'intérêt. Pour plus d'informations, regardez la formation multimédia

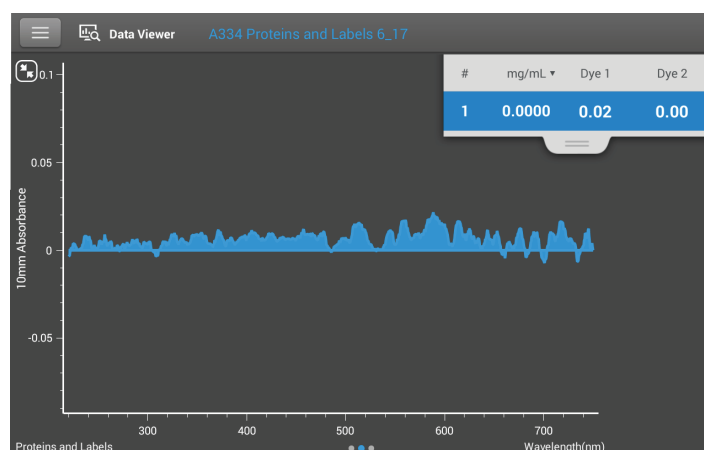
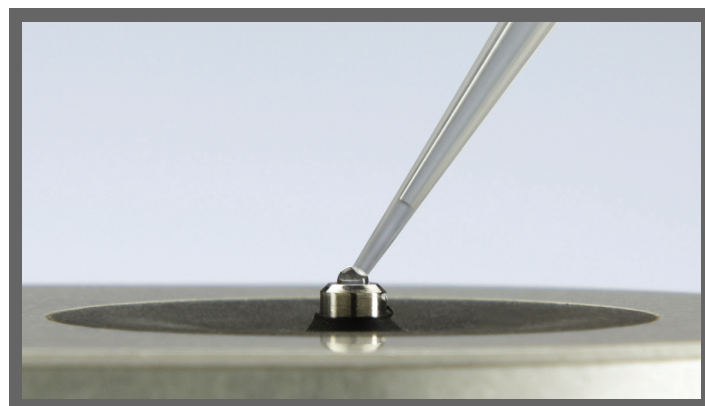
[Qu'est-ce qu'un blanc ?](#)

### Pour de meilleurs résultats :

- Pour la plupart des applications, faites le blanc en utilisant la même solution tampon que celle utilisée pour remettre en suspension l'analyte d'intérêt. La solution à blanc doit être d'un pH et d'une force ionique similaires à ceux de la solution d'analyte. Pour plus détails, reportez-vous à « Mesurer des échantillons » dans l'application utilisée.
- Faites le blanc avant chaque ensemble d'échantillons. Il n'est pas nécessaire de faire le blanc avant chaque mesure d'échantillon sauf si les échantillons sont dissous dans des solutions tampons différentes.
- Faites le blanc toutes les 30 minutes.
- Exécutez un [cycle de blanc](#) pour évaluer l'adéquation de votre solution à blanc avant de l'utiliser pour effectuer des mesures d'échantillons. Pour une démonstration rapide, regardez la formation multimédia [Évaluer l'adéquation d'une solution à blanc](#).

Le spectre obtenu ne devrait pas varier de plus de 0,04 A (équivalent à 10 mm) à travers le spectre, en particulier à la longueur d'onde de l'analyse comme dans l'exemple ci-contre à droite.

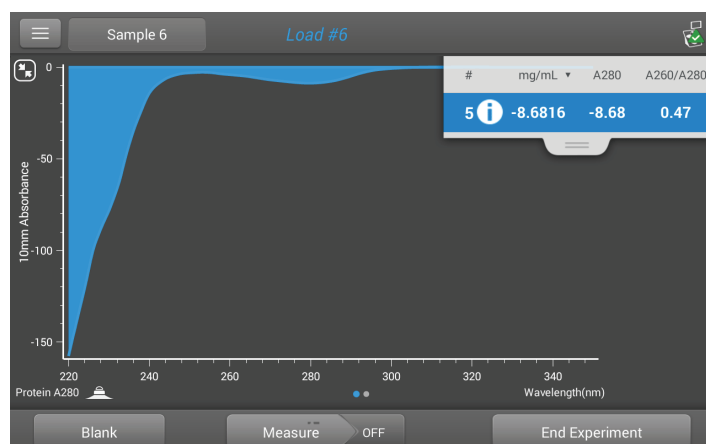
Si le spectre obtenu est supérieur à 0,04 A autour de la longueur d'onde de l'analyse, la solution tampon en question risque d'interférer avec les analyses d'échantillons, en particulier pour les échantillons présentant une faible concentration. Consultez les détails ci-dessous.



**Bon tampon à blanc (abs. mesurée < 0,04)**

### Problèmes associés au blanc

- Il restait des résidus d'échantillon sur le socle ou dans la cuvette avant la mesure du blanc. Les spectres d'échantillon obtenus risquent de donner des valeurs d'absorbance négatives, ce qui indique que l'absorbance du blanc était supérieure à celle de l'échantillon dans cette région du spectre.
- L'absorbance de la mesure de blanc est supérieure à celle de l'échantillon inconnu à la longueur d'onde de l'analyse. Si la composition du tampon utilisé comme blanc diffère de celle de celui utilisé pour remettre en suspension l'échantillon, les résultats de la mesure seront inexacts.
- On a utilisé par inadvertance l'échantillon pour faire le blanc. Les spectres d'échantillon obtenus risquent de donner des valeurs d'absorbance négatives ou, dans certains cas, de ressembler à une image miroir d'un spectre d'acides nucléiques ou des protéines purs typique comme dans l'exemple ci-contre.



**La solution d'échantillon de protéines utilisée pour faire le blanc donne un spectre « image miroir »**

### Solutions en cas de problèmes de blanc

- Nettoyez et/ou reconditionnez complètement les deux socles, puis :
  - exécutez de nouveau le cycle de blanc ; ou
  - faites un nouveau blanc en utilisant une nouvelle aliquote de la solution tampon appropriée, puis mesurez une nouvelle aliquote de l'échantillon inconnu.
- Pour la plupart des applications, faites le blanc en utilisant la même solution tampon que celle utilisée pour remettre en suspension l'analyte d'intérêt. La solution à blanc doit être d'un pH et d'une force ionique similaires à ceux de la solution d'analyte. Pour plus détails, reportez-vous à « Mesurer des échantillons » dans l'application utilisée.
- Si les problèmes de blanc persistent, utilisez une application susceptible d'être plus appropriée comme une analyse de fluorescence en utilisant le NanoDrop 3300 ou un dosage colorimétrique si vous mesurez des protéines.

## Exécuter un cycle de blanc

Exécutez un cycle de blanc pour vérifier que :

- l'instrument fonctionne normalement (avec une ligne de base plate) ;
- les socles sont propres (c'est-à-dire qu'il ne reste pas de matériel échantillon desséché sur les socles) ;
- la contribution à l'absorbance de la solution tampon que vous envisagez d'utiliser pour les analyses d'échantillons.

### Consommables nécessaires

- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- Pipeteur de précision étalonné (0–2 µl)
- Solution tampon pour l'évaluation

### ❖ Exécuter un cycle de blanc

Pour une démonstration rapide, regardez la formation multimédia [Évaluer l'adéquation d'une solution à blanc](#).

#### AVIS

- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irréversibles.
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.

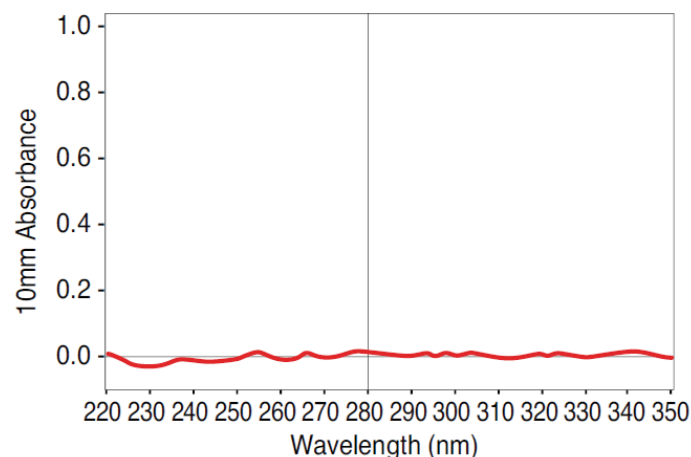


1. À partir de l'écran Page d'accueil, sélectionnez l'onglet d'une application, par exemple Acides nucléiques et appuyez sur le nom d'une application, par exemple ADNdb ou ARN.
2. Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.
3. Faites un blanc avec de l'eau :
  - Pipetez exactement 1 µl d'eau déminéralisée (DI H<sub>2</sub>O) sur le socle inférieur puis abaissez le bras.
  - Appuyez sur **Blanc** et attendez que la mesure soit terminée.
  - Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette de laboratoire.
4. Mesurez la solution tampon :
  - Pipetez 1 à 2 µl de solution tampon sur le socle et abaissez le bras.
  - Commencez la mesure de l'échantillon :
    - Si **Mesure automatique** est activé, abaissez le bras.
    - Si Mesure automatique est désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.
  - Attendez que la mesure soit terminée.

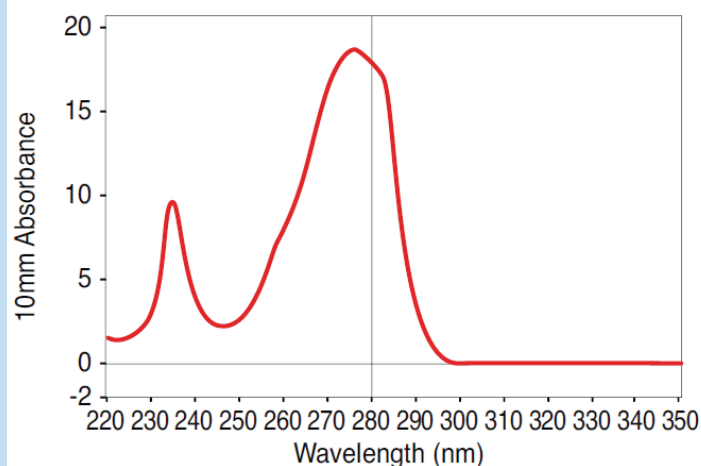
Le spectre obtenu ne devrait pas varier de plus de 0,04 A par rapport à la ligne de base à la longueur d'onde de l'analyse (260 nm pour les acides nucléiques ; 280 nm pour les protéines).

Si votre spectre ne remplit pas ces critères, répétez les étapes 2 à 4.

Si le spectre ne rentre toujours pas dans les spécifications, reportez-vous à [Solutions en cas de problèmes de blanc](#).
5. Lorsque vous avez terminé le cycle de blanc, appuyez sur **Fin de l'expérience**.
6. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.



**Exemple de spectre de tampon approprié pour un dosage de protéines avec Protéine A280**

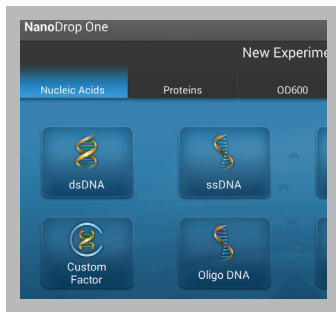


**Exemple de spectre de tampon non-approprié pour un dosage de protéines avec Protéine A280**

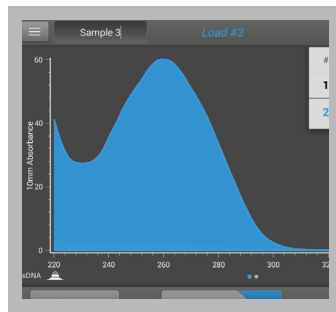
#### Sujets similaires

- [Limites de détection d'absorbance](#)
- [Effets des bulles dans les échantillons](#)
- [Qu'est-ce qu'un blanc ?](#)
- [Évaluer l'adéquation d'une solution à blanc](#)
- [Entretien des socles](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)

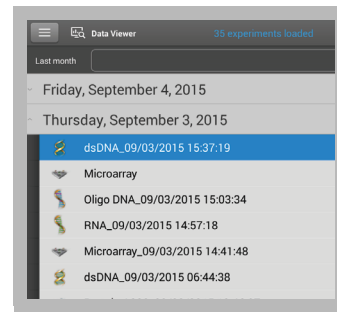
## Fonctionnement de base de l'instrument



**Écran Page d'accueil**



**Écrans de mesure**



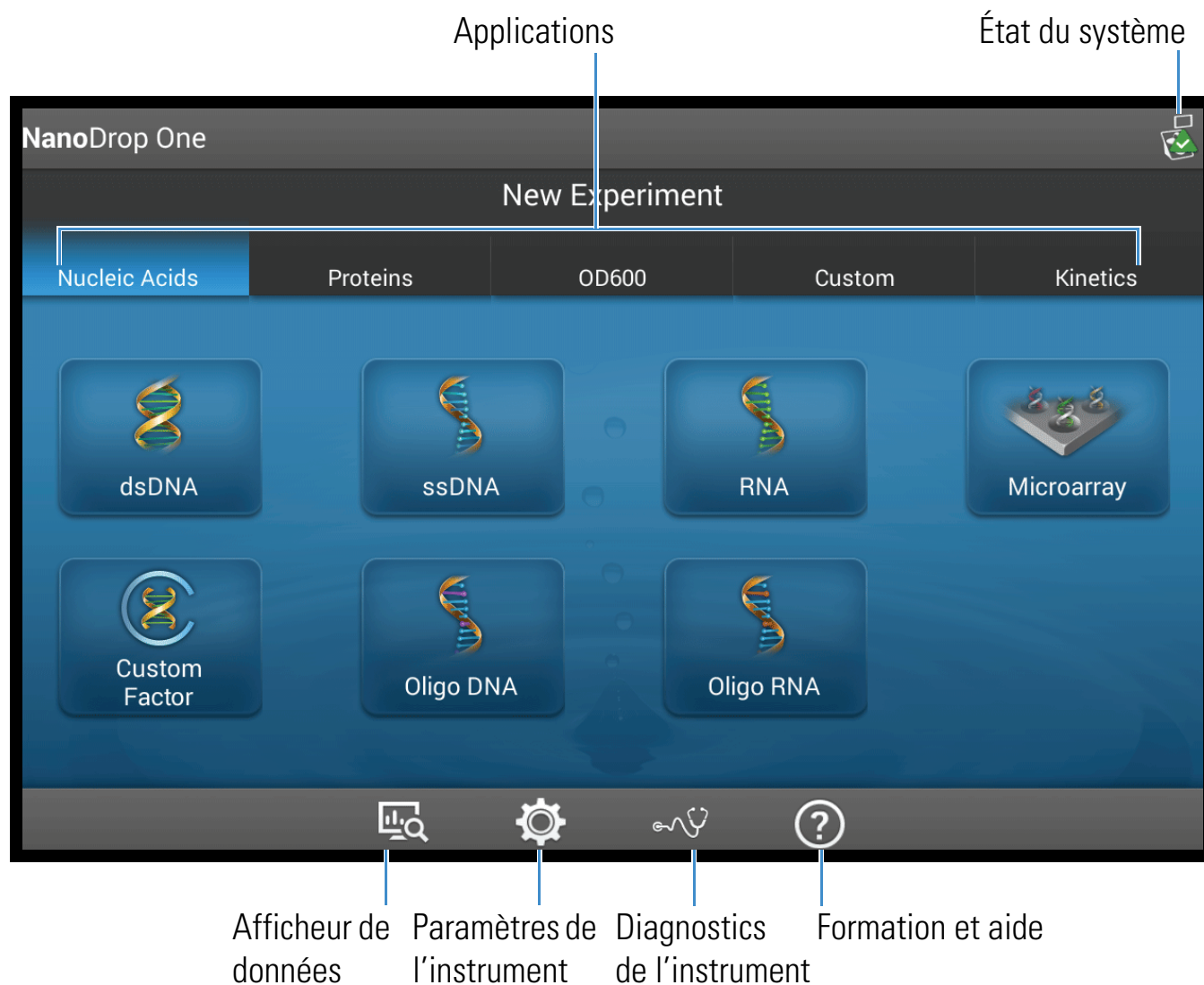
**Afficheur de données**



**Opérations générales**

## Écran Page d'accueil du NanoDrop One

Les opérations suivantes sont disponibles sur l'écran Page d'accueil du NanoDrop One.



## Applications

Le NanoDrop One offre une large gamme d'applications pour mesurer des échantillons avec l'instrument. Pour sélectionner une application, appuyez sur **l'onglet d'une application**, par exemple acides nucléiques, puis appuyez sur le **nom d'une application**, par exemple DNAdB.

[Appuyez ici](#) pour afficher des informations détaillées sur les différentes applications disponibles.

## État du système

Appuyez sur  dans l'écran Page d'accueil de l'instrument pour ouvrir la boîte d'état du système. Voici un exemple :

System Status

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

Licenses

OK

Les informations disponibles sont décrites ci-dessous.

|                                     |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|-------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Type d'instrument                   | Modèle de l'instrument (NanoDrop One ou NanoDrop One <sup>C</sup> )                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| Numéro de série                     | Numéro de série de l'instrument                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| État instrument                     | État actuel de l'instrument                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| Emplacement de stockage des données | <div>Indique l'emplacement de la base de données dans laquelle l'instrument stocke actuellement les données. Les options suivantes sont disponibles :</div> <div><div><div></div>Local (instrument)</div><div><div></div>PC connecté* (ordinateur personnel connecté par un câble Ethernet ou un réseau sans fil)</div></div> <div>* les options Ethernet et sans fil listées ci-dessus stockent également les données sur l'instrument (données de secours).</div> |
| État Wi-Fi                          | État des connexions Wi-Fi de l'instrument (« Connecté à... », « Activé mais non connecté » ou « Désactivé »)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| État Bluetooth                      | État des connexions Bluetooth de l'instrument (« Connecté à... », « Activé-[liste des dispositifs connectés] » ou « Désactivé »)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| Version du produit logiciel         | Version du logiciel NanoDrop One installée                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

|                           |                                                                                 |
|---------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|
| Révision plate-forme      | Révision de la plate-forme pour la prise en charge des instruments NanoDrop One |
| Version du microprogramme | Version du microprogramme installé de l'instrument                              |
| Révision Android          | Version personnalisée d'Android                                                 |
| Version Android           | Version du système d'exploitation Android installée                             |

## Afficheur de données

Appuyez sur  sur l'écran Page d'accueil pour afficher les données acquises plus tôt aujourd'hui, la semaine dernière, le mois dernier, les six derniers mois, l'année dernière ou dans une plage de date spécifique. [Appuyez ici](#) pour obtenir de plus amples informations sur l'Afficheur de données sur l'instrument.

**Remarque** L'instrument vous permettra uniquement d'afficher les données présentes dans sa base de données NanoDrop One locale. Lorsque l'instrument est connecté à un ordinateur à l'aide d'un câble Ethernet ou via un réseau sans fil, l'icône Afficheur de données sur l'écran Page d'accueil de l'instrument n'est pas disponible.

## Paramètres de l'instrument

Appuyez sur  sur l'écran Page d'accueil pour accéder aux réglages généraux de l'instrument comme le WiFi et l'utilisation de cuvettes. [Appuyez ici](#) pour des informations détaillées sur tous les paramètres disponible pour l'instrument.

## Diagnostics de l'instrument

Appuyez sur  sur l'écran Page d'accueil pour vérifier le fonctionnement de l'instrument. Les diagnostics de l'instrument doivent être lancés régulièrement en fonction du [programme d'entretien](#) recommandé. [Appuyez ici](#) pour savoir comment exécuter les diagnostics disponibles pour l'instrument.

## Formation et aide

Appuyez sur  sur l'écran Page d'accueil pour accéder à ce système d'aide. Le logiciel NanoDrop One est fourni avec une offre de formation et d'assistance complète. [Appuyez ici](#) pour savoir comment naviguer jusqu'aux informations disponibles.

### Sujets similaires

- [Applications](#)
- [Installer l'instrument](#)
- [Afficheur de données du NanoDrop One](#)
- [Paramètres de l'instrument](#)
- [Diagnostics de l'instrument](#)
- [À propos de ce système d'aide](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)

## Écrans de mesure du NanoDrop One

Les opérations suivantes sont disponibles sur tous les écrans de mesure des différentes applications.

Menu d'options ;  
**appuyez** pour l'ouvrir

Nom de l'échantillon ;  
**appuyez** pour le modifier

Résultats de mesure ;  
pour plus de détails,  
reportez-vous à [Applications](#)

Alerte relative à une mesure ;  
**appuyez** pour en savoir plus

**Appuyez sur la ligne** pour sélectionner l'échantillon et mettre à jour le spectre ;  
**appuyez sur plusieurs lignes** pour superposer jusqu'à cinq spectres.  
**Appuyez longuement** sur la ligne d'un échantillon pour afficher le détail des mesures.

**Faites glisser l'onglet vers le haut/bas** pour afficher plus/moins de données sur l'échantillon

Longueur du trajet optique de l'échantillon

Spectre d'absorbance UV pour l'échantillon sélectionné

| # | ng/μL  | A260/A280 | A260/A230 |
|---|--------|-----------|-----------|
| 1 | 96.2   | 1.97      | 1.04      |
| 2 | 3005.4 | 1.80      | 2.20      |

10mm Absorbance

Wavelength (nm)

dsDNA

Blank

Measure

CN

End Experiment

**Appuyez ici** pour faire le blanc

**Appuyez ici** pour mesurer la solution d'échantillon

Mesure automatique

**Appuyez ici** pour terminer l'expérience et exporter les données

Application sélectionnée

**Pincez ou étirez** pour ajuster les axes

Contrôle des pages ; **balayez l'écran vers la gauche** pour afficher un tableau contenant plus de résultats de mesure



## Menu

Appuyez sur  dans n'importe quel écran de mesure pour afficher les options de menu disponibles :

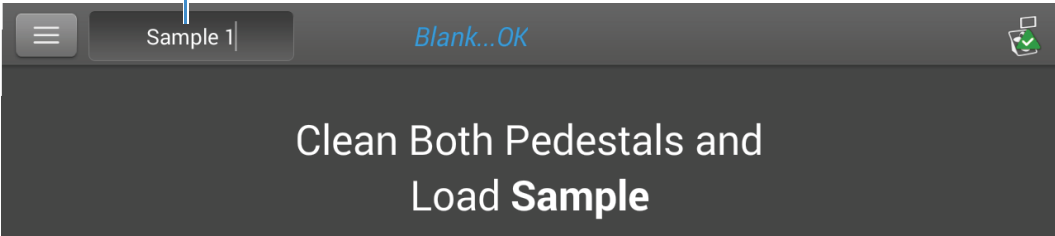
|                           |                                                                     |
|---------------------------|---------------------------------------------------------------------|
| Page d'accueil            | Retourne à l'écran Page d'accueil du NanoDrop One                   |
| Paramétrage [application] | Affiche ou change les paramètres pour l'application sélectionnée    |
| Paramètres                | Afficher ou modifier les <a href="#">paramètres de l'instrument</a> |
| Imprimer                  | <a href="#">Imprimer</a> les résultats de mesure sélectionnés       |

## Nom de l'échantillon

Appuyez sur le champ Nom de l'échantillon dans n'importe quel écran de mesure pour modifier le nom de l'échantillon.

Lorsque Nom automatique est Activé (reportez-vous à [Paramètres généraux](#)), chaque échantillon se voit attribuer automatiquement un nom d'échantillon composé d'un nom de base par défaut suivi d'un numéro unique croissant en partant de « 1 ». Cette option s'affiche pour la première fois après la première mesure de blanc et avant la première mesure d'échantillon dans chaque expérience comme indiqué ci-dessous.

Nom par défaut de l'échantillon ; appuyez dessus pour le modifier



Dans cet exemple, le premier échantillon serait appelé « Sample 1 », le deuxième « Sample 2 » et ainsi de suite. Vous pouvez modifier le nom de base par défaut et écraser n'importe quel nom d'échantillon.

**Remarque** Si vous modifiez le nom de base de l'échantillon pendant une expérience alors que Nom automatique est sélectionné, les numéros d'ID d'échantillon attribués recommencent.

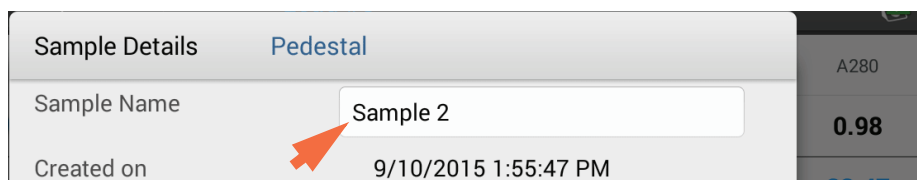
#### Modifier le nom par défaut d'un échantillon

Après avoir fait le blanc et avant de mesurer le premier échantillon :

- Appuyez sur le champ **Nom de l'échantillon** pour afficher le clavier.
- Saisissez un nouveau nom de base.
- Appuyez sur la touche **Terminé**.

#### Modifier le nom de l'échantillon

- Depuis l'écran Page d'accueil, appuyez sur  pour ouvrir l'Afficheur de données.
- Sélectionnez l'expérience.
- **Balayez vers la gauche** pour afficher le tableau des données.
- Appuyez longuement sur le **nom de l'échantillon** pour afficher la boîte Détails de l'échantillon.
- Appuyez sur le champ **Nom de l'échantillon** pour afficher le clavier.



- Saisissez le nouveau nom de l'échantillon.
- Appuyez sur la touche **Terminé**.

## Résultats des mesures

Les types de résultats qui s'affichent dans les écrans de mesure dépendent de l'application sélectionnée. Pour plus de détails, reportez-vous à :

Applications > [groupe d'applications] > Mesurer [nom de l'application] > Résultats rapportés

Voici un exemple pour l'[ADNdb](#).

## Spectre d'absorbance

Pour chaque échantillon mesuré, cette application montre le spectre d'absorbance UV ou UV-Visible et un résumé des résultats. L'axe vertical indique l'absorbance en unités d'absorbance (A). L'axe horizontal indique la longueur d'onde en nm.

## Longueur du trajet optique de l'échantillon

Toutes les applications affichent la longueur du trajet optique de l'échantillon le long de l'axe vertical du spectre. Les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard sont normalisées à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10,0 mm.

## Alertes relatives aux mesures

La technologie [Acclaro™ Sample Intelligence](#) dont sont dotés les instruments NanoDrop One fournit des fonctionnalités importantes pour vous aider à évaluer l'intégrité des échantillons. Appuyez sur l'icône Sample Intelligence dans le logiciel pour afficher les informations correspondantes. Pour plus d'informations, appuyez sur un lien ci-dessous.



L'[Analyse des contaminants](#) est disponible pour faciliter la qualification d'un échantillon avant de l'utiliser dans des applications en aval.



Une [assistance technique à la demande](#) est disponible pour les mesures présentant des concentrations atypiques ou très basses.



[Alerte en cas de résultats invalides](#)

## Blanc

Appuyez sur **Blanc** pour faire le blanc pour l'expérience sélectionnée.

Vous devez faire le blanc avant chaque groupe d'échantillons similaires. La solution à blanc est normalement le tampon pur qui a été utilisé pour remettre en suspension l'échantillon. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Choisir et mesurer un blanc](#).

## Mesurer

Appuyez sur **Measure** pour mesurer un échantillon pour l'expérience sélectionnée.

Les échantillons doivent être isolés et préparés correctement pour pouvoir être mesurés avec l'instrument et la concentration doit être comprise dans les limites de détection d'absorbance de l'instrument. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Préparation des échantillons](#) et à [Mesurer un échantillon micro-volume](#) ou [Mesurer un échantillon avec une cuvette](#) et [Limites de détection d'absorbance](#).

**Remarque** Le bouton **Mesurer** est activé à la fin d'une mesure de blanc valide.

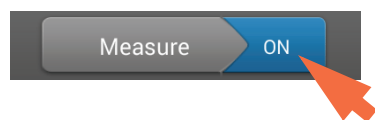
## Mesure automatique et blanc automatique

Accélérez les analyses d'échantillon avec les fonctionnalités Mesure automatique et Blanc automatique du NanoDrop One, qui permettent à l'instrument de commencer la mesure dès que vous abaissez le bras de l'instrument. Ces options éliminent le besoin de répéter les opérations Mesurer et Blanc pour les grands lots d'échantillons.

**Remarque** Mesure automatique et Blanc automatique ne sont disponibles que pour les mesures de micro-volumes.

### Mesure automatique

Pour sélectionner ou désélectionner la mesure automatique, depuis n'importe quel écran de mesure d'échantillon, appuyez sur le bouton **Activé** ou **Désactivé** sur la droite du bouton Mesurer.



### Blanc automatique

Pour sélectionner ou désélectionner la mesure automatique, depuis n'importe quel écran de mesure d'échantillon, appuyez sur le bouton **Activé** ou **Désactivé** sur la droite du bouton Blanc.



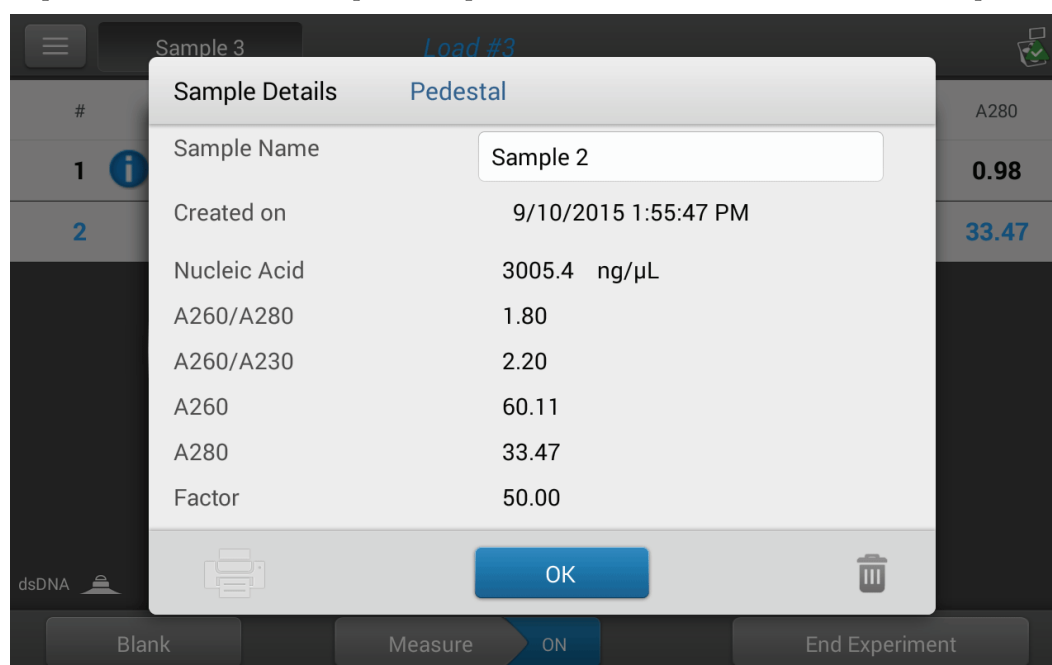
## Fin de l'expérience

Appuyez sur **Fin de l'expérience** lorsque vous êtes prêt à nommer et enregistrer votre expérience, et ajoutez une étiquette pour vous aider à retrouver l'expérience plus tard (reportez-vous à [Gérer les identifiants sur l'instrument](#)) ou [Exporter les données](#).

**Remarque** Le bouton **Fin de l'expérience** est activé à la fin de la première d'échantillon.

## Détails de l'échantillon

Appuyez longuement sur la **ligne de l'échantillon** dans un écran de mesure ou un [tableau de données](#) pour afficher les détails de l'échantillon, à savoir tous les résultats de mesure disponibles et les détails correspondants pour l'échantillon sélectionné. Voici un exemple :



**Remarque** Vous pouvez aussi [modifier le nom de l'échantillon](#) à partir de la boîte Détails de l'échantillon.

## Tableaux de données

Balayez vers la gauche dans un écran de mesure pour afficher le tableau de données de l'expérience en cours. Le tableau de données contient les résultats de mesure de tous les échantillons de l'expérience. L'illustration ci-dessous met en avant les fonctionnalités disponibles.

Menu d'options ; **appuyez** pour l'ouvrir

Nom de l'échantillon ; **appuyez** pour le modifier

Résultats de mesure ; pour plus de détails, reportez-vous à [Applications](#)

Alerte relative à une mesure ; appuyez pour en savoir plus

**Appuyez sur la ligne** pour sélectionner l'échantillon ; **appuyez longuement** sur la ligne pour les détails de l'échantillon

| # | 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 |

Application utilisée

Contrôle des pages ; **balayez l'écran vers la droite** pour revenir à l'écran de mesure

### Sujets similaires

- [Mesure d'acides nucléiques](#)
- [Mesure de protéines](#)
- [Paramètres de l'instrument](#)
- [Imprimer des données](#)

- [Acclaro Sample Intelligence](#)
- [Préparer les échantillons et les blancs](#)
- [Faire une recherche dans la base de données des expériences](#)
- [Exporter des données](#)
- [Mesurer un échantillon micro-volume](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)

## Afficheur de données du NanoDrop One

L’Afficheur de données ouvre la base de données qui stocke les données des échantillons mesurées avec l’instrument. Les données sont enregistrées en fonction de leur date d’acquisition, du nom de l’expérience, de l’[application utilisée](#) et des étiquettes attribuées (reportez-vous à [Gérer les identifiants](#)).

Depuis l’Afficheur de données, vous pouvez localiser et sélectionner une expérience pour visualiser les données de mesure qu’elle contient ou [exporter](#) des expériences sélectionnées vers tout un éventail d’emplacements et formats.

Les opérations suivantes sont disponibles à partir de l’Afficheur de données.

Menu d'options ;  
**appuyez** pour  
l'ouvrir

Filtre de  
plage de  
temps

Rechercher une expérience  
ou modifier le filtre de plage  
temporelle

Sélectionner les  
expériences à exporter  
ou supprimer

| Last week                    |                     |
|------------------------------|---------------------|
| Tuesday, September 8, 2015   | 4 experiments found |
| Monday, September 7, 2015    | 1 experiment found  |
| Sunday, September 6, 2015    | 1 experiment found  |
| Saturday, September 5, 2015  | 3 experiments found |
| Friday, September 4, 2015    | 1 experiment found  |
| Thursday, September 3, 2015  | 2 experiments found |
| Wednesday, September 2, 2015 | 6 experiments found |

**Appuyez sur une ligne** pour afficher les expériences acquises à cette date ; **appuyez sur une expérience** pour l'ouvrir

## Ouvrir l’Afficheur de données

Lorsque vous recueillez un échantillon ou plusieurs d’affilée, après avoir appuyé sur Fin de l’expérience, les données acquises sont enregistrées automatiquement dans une expérience sous un nom d’expérience. Dans la configuration par défaut, les expériences sont stockées dans une base de données NanoDrop One sur l’instrument local en fonction de la date d’acquisition, du nom de l’expérience, de l’[application utilisée](#) et des éventuelles étiquettes attribuées.

Utilisez l’Afficheur de données pour ouvrir la base de données de l’instrument local et afficher les spectres acquis et les données correspondantes d’une quelconque expérience à tout moment.



Ouvrir la base de données des résultats de mesures sur l'instrument

- Pour ouvrir la base de données NanoDrop One sur l'instrument, appuyez sur  (Afficheur de données) dans l'écran Page d'accueil de l'instrument.

**Remarque** L'icône Afficheur de données n'est pas disponible sur l'écran Page d'accueil de l'instrument lorsque ce dernier est connecté à un ordinateur à l'aide d'un câble Ethernet ou via un réseau sans fil (voir [Installer l'instrument](#) pour plus de détails).

Menu

Appuyez sur  dans l'Afficheur de données pour afficher les options de menu disponibles

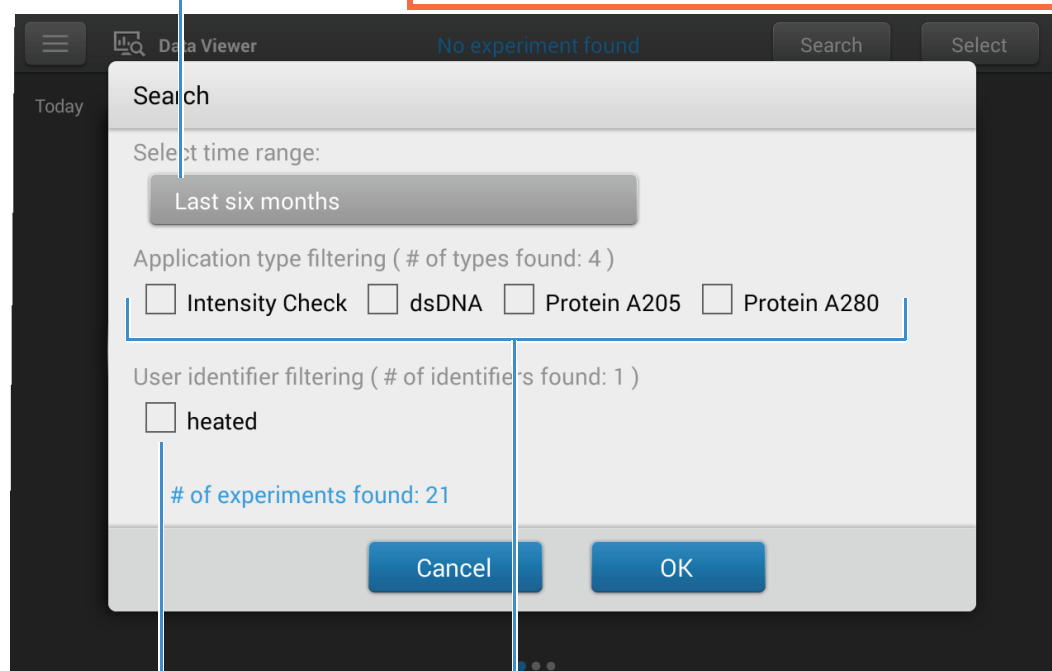
|                |                                                                                             |
|----------------|---------------------------------------------------------------------------------------------|
| Page d'accueil | Retourne à l'écran Page d'accueil du NanoDrop One                                           |
| Paramètres     | Afficher ou modifier les <a href="#">paramètres de l'instrument</a>                         |
| État du disque | Affiche l'espace restant disponible pour le stockage des données de mesure sur l'instrument |

## Faire une recherche dans la base de données des expériences

Appuyez sur **Rechercher** dans l’Afficheur de données pour explorer la [base de données sélectionnée](#) à la recherche d’une expérience ou pour modifier la plage temporelle ou d’autres filtres de recherche. La base de données est filtrée en utilisant les paramètres actuels définis dans la boîte Rechercher. Les filtres incluent la période, le type d’application et les éventuelles étiquettes définies par l’utilisateur (reportez-vous à [Gérer les identifiants](#) pour des informations sur l’ajout et la suppression des étiquettes). Voici un exemple :

**Appuyez** pour changer le filtre de période

Changez un filtre et appuyez sur **OK** pour afficher la liste à jour des expériences



**Appuyez** pour sélectionner ou désélectionner les étiquettes définies par l’utilisateur

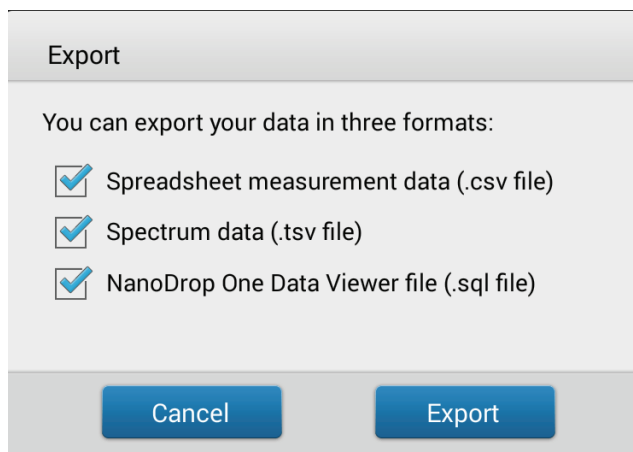
**Appuyez** pour sélectionner or désélectionner les filtres d’application

## Exporter des expériences sélectionnées

Utilisez **Sélectionner** dans l’Afficheur de données pour sélectionner les expériences à exporter.

### Exporter des expériences sélectionnées

- Appuyez sur une **ligne** dans l’Afficheur de données pour lister les expériences acquises à cette date, ou utilisez la fonctionnalité [Rechercher](#) pour trouver l’expérience.
- Insérez le dispositif de mémoire USB dans un port USB disponible sur l’instrument (en façade, à droite/gauche, derrière).
- Appuyez sur **Sélectionner**.
- Appuyez pour sélectionner une ou plusieurs expériences à exporter (appuyez de nouveau pour désélectionner une expérience).
- Appuyez sur **Exporter**.
- Sélectionnez un ou plusieurs formats pour l’exportation (reportez-vous à « Exporter des données » dans [Opérations générales](#) pour plus de détails).



- Appuyez sur **Exporter**.
- Après l’affichage du message « Exportation réussie ! », appuyez sur **OK**.

## Supprimer des expériences sélectionnées

Utilisez **Sélectionner** dans l’Afficheur de données pour sélectionner les expériences à supprimer.

### Supprimer des expériences sélectionnées

- Appuyez sur une **ligne** dans l’Afficheur de données pour lister les expériences acquises à cette date, ou utilisez la fonctionnalité [Rechercher](#) pour trouver l’expérience désirée.
- Appuyez sur **Sélectionner**.

- Appuyez pour sélectionner une ou plusieurs expériences à supprimer (appuyez de nouveau pour désélectionner une expérience).
- Appuyez sur **Supprimer** puis sur **OK**.

**AVIS** Les données supprimées ne peuvent pas être récupérées.

## Ouvrir une expérience et afficher les données associées

Utilisez l’Afficheur de données pour trouver et ouvrir une expérience et visualiser les données de mesure qu’elle contient.

### Ouvrir une expérience

- Appuyez sur une **ligne** dans l’Afficheur de données pour lister les expériences acquises à cette date, ou utilisez la fonctionnalité [Rechercher](#) pour trouver l’expérience désirée.
- Appuyez sur le **nom d’une expérience** pour ouvrir cette expérience.

Voici un exemple :

Les mesures de neuf expériences ont été réalisées à cette date

| Data Viewer                      |                     | 35 experiments loaded | Search | Select         |
|----------------------------------|---------------------|-----------------------|--------|----------------|
| Last month                       |                     |                       |        |                |
| Friday, September 4, 2015        | 8 experiments found |                       |        |                |
| Thursday, September 3, 2015      | 9 experiments found |                       |        |                |
| dsDNA_09/03/2015 15:37:19        |                     |                       |        | 8 measurements |
| Microarray                       |                     |                       |        | 7 measurements |
| Oligo DNA_09/03/2015 15:03:34    |                     |                       |        | 7 measurements |
| RNA_09/03/2015 14:57:18          |                     |                       |        | 7 measurements |
| Microarray_09/03/2015 14:41:48   |                     |                       |        | 9 measurements |
| dsDNA_09/03/2015 06:44:38        |                     |                       |        | 2 measurements |
| Protein A280_09/02/2015 19:46:07 |                     |                       |        | 3 measurements |

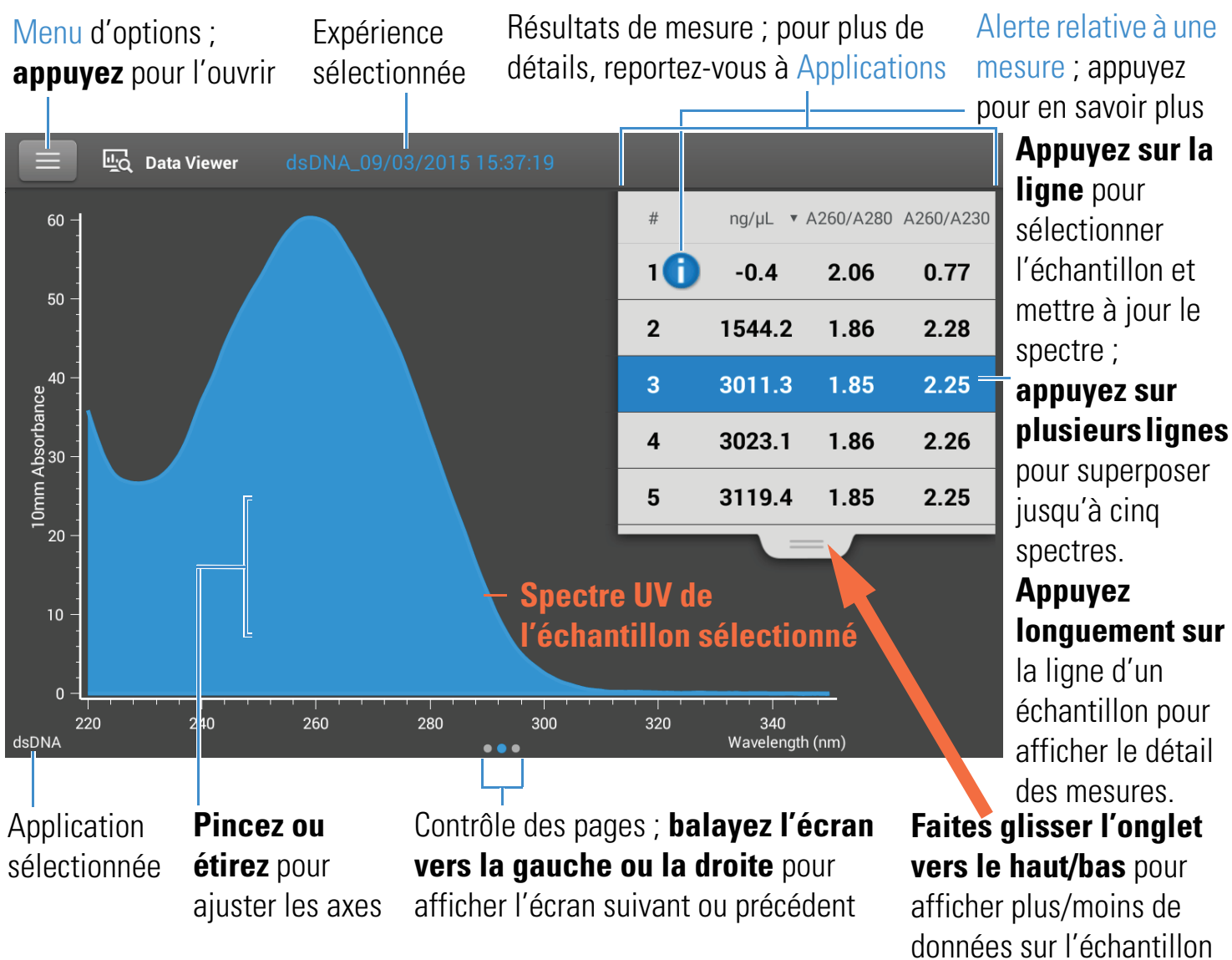
**Appuyez** pour ouvrir cette expérience ; **appuyez longuement** pour afficher les détails de l’expérience, étiquettes attribuées comprises.

L'Afficheur de données fournit les données de mesure sous forme de **données spectrales** et de **tableaux de données**, qui ressemblent à ce que vous voyez à la fin d'une mesure.

**Remarque** Les données affichées dépendent de l'application utilisée pour mesurer les échantillons (des acides nucléiques dans ces exemples). Pour plus d'informations, reportez-vous aux détails de l'**application**.

### Données spectrales —

Lorsque vous ouvrez une expérience, le logiciel affiche le spectre d'absorbance UV ou UV-Visible et le résumé des données associées correspondant à la première mesure d'échantillon, de manière très similaire à ce que vous voyez pendant une mesure. L'illustration ci-dessous décrit les fonctionnalités disponibles.



**Tableau de données** —

Balayez vers la gauche dans un écran de données spectrales pour afficher le tableau de données de l'expérience en cours. Le tableau de données contient les résultats de mesure de tous les échantillons de l'expérience. L'illustration ci-dessous décrit les fonctionnalités disponibles.

**Menu d'options ; appuyez pour l'ouvrir**

**Expérience sélectionnée**

**Appuyez pour sélectionner l'unité**

Résultats de mesure ; pour plus de détails, reportez-vous à [Applications](#)

**Alerte relative à une mesure ; appuyez pour en savoir plus**

**Appuyez sur la ligne pour sélectionner échantillon ; appuyer longuement sur la ligne pour le détail de l'échantillon.**

| # | 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 |

dsDNA

**Application utilisée**

**Contrôle des pages ; balayez l'écran vers la droite pour afficher les écrans précédents (2).**

**Menu**

Appuyez sur à partir de n'importe quel écran de données spectrales ou de tableau de données pour afficher les options de menu disponibles.

|                        |                                                                                                                                                                                                      |
|------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Page d'accueil         | Retourne à l'écran Page d'accueil du NanoDrop One                                                                                                                                                    |
| Gérer les identifiants | Permet d'ajouter ou de supprimer des étiquettes pour l'expérience sélectionnée pour pouvoir la retrouver plus facilement (reportez-vous à <a href="#">Gérer les identifiants sur l'instrument</a> ). |

|                |                                                                                                                                                                            |
|----------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Exporter       | Exporte l'expérience sélectionnée sur un dispositif USB.                                                                                                                   |
| Imprimer       | Imprime des résultats de mesure sélectionnés (l'option Imprimer ne s'affiche que lorsqu'un ou plusieurs résultats de mesure sont sélectionnés dans le tableau de données). |
| Paramètres     | Afficher ou modifier les paramètres de l'instrument                                                                                                                        |
| État du disque | Affiche l'espace restant disponible pour le stockage des données de mesure sur l'instrument                                                                                |

### Sujets similaires

- Paramètres de l'instrument
- Faire une recherche dans la base de données des expériences
- Exporter des données
- Imprimer des données

## Opérations générales du NanoDrop One

Les opérations suivantes sont disponibles sur tous les écrans de mesure ou à partir de l'Afficheur de données.

### Gérer les identifiants (sur l'instrument)

Vous pouvez ajouter un ou plusieurs « identifiants » (c'est-à-dire, des étiquettes ou des balises de métadonnées) à une expérience pour pouvoir la retrouver plus facilement. Vous pouvez ajouter ces étiquettes depuis le logiciel NanoDrop One qui tourne sur l'instrument ou depuis le logiciel NanoDrop One Viewer installé sur un ordinateur personnel (reportez-vous à [Gérer les identifiants sur un PC](#)).

Utilisez l'Afficheur de données pour ajouter des étiquettes aux expériences, attribuer des étiquettes existantes, afficher les étiquettes attribuées et retirer ou supprimer des étiquettes sur l'instrument. Vous pouvez filtrer la liste des expériences de l'Afficheur de données en fonction de une ou plusieurs étiquettes définies par l'utilisateur.

#### Étiqueter une nouvelle expérience au moment de l'enregistrement

- Après avoir mesuré le dernier échantillon, appuyez sur .
- Dans Fin de l'expérience, appuyez sur le champ **Ajouter un identifiant**.
- Utilisez le clavier qui s'affiche pour saisir l'étiquette et appuyez sur .

- Appuyez sur la touche **Terminé**.
- Appuyez sur **Fin de l'expérience**.

#### Étiqueter une expérience dans l’Afficheur de données

- Depuis l’écran Page d’accueil, appuyez sur  pour ouvrir l’Afficheur de données.
- Appuyez pour ouvrir une expérience.
- Appuyez sur  et choisissez **Gérer les identifiants**.
- Dans la boîte Gérer les identifiants, appuyez sur le champ **Ajouter un identifiant**.
- Utilisez le clavier qui s’affiche pour saisir l’étiquette et appuyez sur .
- Appuyez sur la touche **Terminé**.
- Appuyez sur **OK**.

#### Afficher les étiquettes attribuées pour une expérience

- Depuis l’écran Page d’accueil, appuyez sur  pour ouvrir l’Afficheur de données.
- Appuyez longuement sur l’expérience sélectionnée pour afficher les Détails de l’expérience.

#### Trouver des expériences étiquetées

- Depuis l’écran Page d’accueil, appuyez sur  pour ouvrir l’Afficheur de données.
- Appuyez sur **Rechercher**.
- Dans la boîte Rechercher, sélectionnez la plage de dates, sélectionnez l’application (seules les applications qui ont des données associées sont indiquées), sélectionnez un ou plusieurs identifiants dans liste déroulante et appuyez sur **OK**.

#### Supprimer une étiquette

- Depuis l’écran Page d’accueil, appuyez sur  pour ouvrir l’Afficheur de données.
- Appuyez pour ouvrir une expérience.
- Appuyez sur  et choisissez **Gérer les identifiants**.
- Dans la boîte Gérer les identifiants, sélectionnez étiquette et appuyez sur .
- Appuyez sur **OK**.



## Exporter des mesures sélectionnées

Vous pouvez exporter les données de mesure d'une ou plusieurs expériences lorsque vous enregistrez cette ou ces expériences ou, par la suite, à partir de l'[Afficheur de données](#).

**Remarque** Les données exportées pendant un enregistrement sont toujours enregistrées dans une base de données (locale ou distante, en fonction du paramètre de stockage des données ; reportez-vous à [Sélectionner l'emplacement de stockage ou d'affichage des données acquises](#) pour de plus amples informations).

Les données de mesure peuvent être exportées dans trois formats :

- sous la forme d'un fichier de valeurs séparées par des virgules (.csv), contenant les résultats et les détails de la mesure ;
- sous la forme d'un fichier de valeurs séparées par des tabulations (.tsv), contenant les coordonnées x,y de chaque point de données spectral ;
- sous la forme d'un fichier NanoDrop One Viewer (.sql), contenant les résultats et les détails de la mesure qui peuvent être importés dans le [logiciel NanoDrop One Viewer](#) exécuté sur un ordinateur personnel.

Les noms des fichiers sont les mêmes que les [noms des expériences](#). Les fichiers sont stockés dans un dossier nommé « NanodropOne » suivi du numéro de série de l'instrument (utilisez [État du système](#) pour afficher le nom de l'instrument).

Si vous sélectionnez plusieurs expériences à exporter aux formats CSV et TSV, chacune des expériences exportées aura un fichier CSV ou TSV correspondant. Si l'option SQL est aussi sélectionnée, le fichier SQL exporté contient toutes les expériences sélectionnées.

Vous pouvez ouvrir les fichiers CSV ou TSV dans n'importe quel tableur ou logiciel de traitement de texte. Voici un exemple de plusieurs résultats de mesure d'échantillon au format CSV :

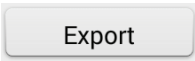
|   | A               | B           | C            | D         | E         | F     | G    | H                   | I             | J |
|---|-----------------|-------------|--------------|-----------|-----------|-------|------|---------------------|---------------|---|
| 1 | Date            | Sample Name | 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 |                 |             |              |           |           |       |      |                     |               |   |

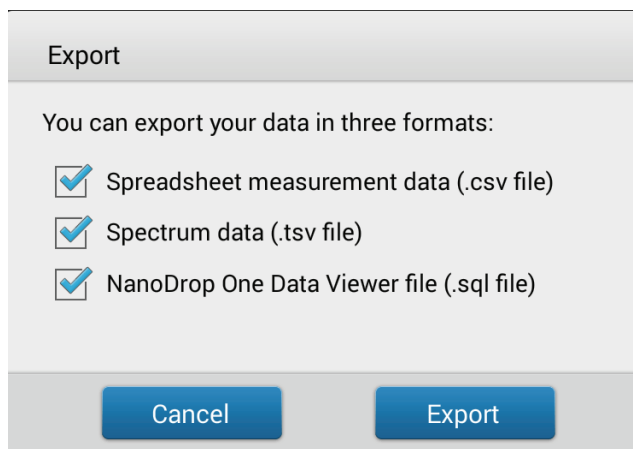
**Remarque** Les types de données exportés dépendent de l'application utilisée pour mesurer les échantillons (des acides nucléiques dans cet exemple). Pour plus d'informations, reportez-vous aux détails de l'[application](#).

Vous ne pouvez ouvrir les fichiers SQL qu'en utilisant notre logiciel NanoDrop One Viewer et uniquement après que le fichier a été importé.

Les données peuvent être exportées sur un dispositif USB connecté à n'importe lequel des ports USB de l'instrument (en façade, à droite/gauche, derrière), puis transférées sur un ordinateur sur lequel un tableau ou un programme de traitement de texte (pour les fichiers CSV et TSV) ou l'application NanoDrop One Viewer (pour les fichiers SQL) est installé.

#### Exporter les données à la fin de l'expérience

- Insérez le dispositif de mémoire USB dans un port USB disponible sur l'instrument (en façade, à droite/gauche, derrière).
- Lorsque vous avez terminé de mesurer les échantillons, appuyez sur .
- Dans la boîte Fin de l'expérience, appuyez sur .
- Sélectionnez un ou plusieurs formats pour l'exportation (voir ci-dessus pour plus de détails).

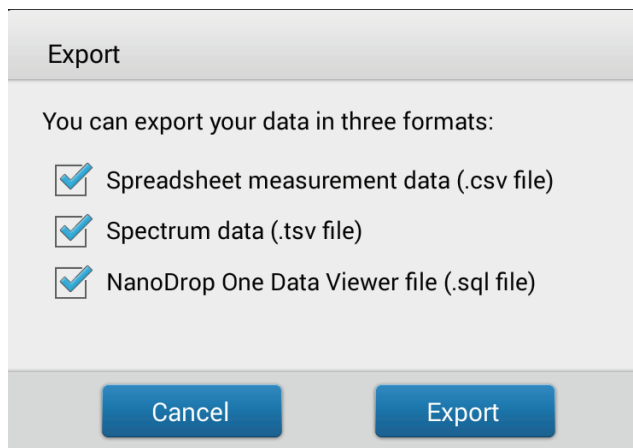


- Appuyez sur **Exporter**.
- Après l'affichage du message « Exportation réussie ! », appuyez sur **OK**.
- Supprimez le dispositif USB.
- Appuyez sur **Fin de l'expérience**.

#### Exporter des données à partir de l'Afficheur de données

- Depuis l'écran Page d'accueil, appuyez sur  pour ouvrir l'Afficheur de données.
- Appuyez sur une **ligne** dans l'Afficheur de données pour lister les expériences acquises à cette date, ou utilisez la fonctionnalité **Rechercher** pour trouver l'expérience.
- Insérez le dispositif de mémoire USB dans un port USB disponible sur l'instrument (en façade, à droite/gauche, derrière).
- Appuyez sur **Sélectionner**.
- Appuyez pour sélectionner une ou plusieurs expériences à exporter (appuyez de nouveau pour désélectionner une expérience).

- Appuyez sur **Exporter**.
- Sélectionnez un ou plusieurs formats pour l'exportation (voir ci-dessus pour plus de détails).



- Appuyez sur **Exporter**.
- Après l'affichage du message « Exportation réussie ! », appuyez sur **OK**.

## Supprimer des mesures sélectionnées

Vous pouvez supprimer une mesure d'échantillon d'une expérience.

**AVIS** Les données supprimées ne peuvent pas être récupérées.

### Supprimer des données d'un écran de mesure

- Appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon pour afficher la boîte Détails de l'échantillon.
- Appuyez sur .

### Supprimer des données de l'Afficheur de données

- Depuis l'écran Page d'accueil, appuyez sur  pour ouvrir l'Afficheur de données.
- Appuyez sur une **ligne** dans l'Afficheur de données pour lister les expériences acquises à cette date, ou utilisez la fonctionnalité [Rechercher](#) pour trouver l'expérience désirée.
- Appuyez longuement sur la ligne de l'échantillon pour afficher la boîte Détails de l'échantillon.
- Appuyez sur .

## Imprimer des mesures sélectionnées

Raccordez une [imprimante compatible](#) à l'instrument pour imprimer rapidement les résultats des mesures, y compris les données spectrales et les détails des échantillons, pour les insérer dans un cahier de laboratoire ou les poster sur un tableau électronique.

### Imprimer des données d'un écran de mesure

- Une fois que vous avez mesuré un échantillon, affichez les résultats de la mesure à imprimer tels que les données spectrales ou le tableau de données (reportez-vous à [Écrans de mesure du NanoDrop One](#)).
- Appuyez pour sélectionner une ou plusieurs lignes d'échantillon à imprimer (appuyez de nouveau pour désélectionner une ligne d'échantillon).
- Appuyez sur  et choisissez  **Imprimer**.
- Dans la boîte Imprimer les informations, choisissez **OK**.

Une étiquette est imprimée pour chaque mesure sélectionnée.

### Imprimer des données à partir de l'Afficheur de données

- Depuis l'écran Page d'accueil, appuyez sur  pour ouvrir l'Afficheur de données.
- Appuyez sur une **ligne** dans l'Afficheur de données pour lister les expériences acquises à cette date, ou utilisez la fonctionnalité [Rechercher](#) pour trouver l'expérience désirée.
- Appuyez sur le **nom d'une expérience** pour ouvrir cette expérience.
- À partir des [données spectrales](#) ou du [tableau de données](#) d'un écran de mesure ou à partir de l'[Afficheur de données](#), appuyez pour sélectionner une ou plusieurs lignes d'échantillon à imprimer (appuyez de nouveau pour désélectionner une ligne d'échantillon).
- Appuyez sur  et choisissez  **Imprimer**.
- Dans la boîte Imprimer les informations, choisissez **OK**.

Une étiquette est imprimée pour chaque mesure sélectionnée.

### Imprimer les détails d'un échantillon

- À partir des [données spectrales](#) ou du [tableau de données](#) d'un écran de mesure ou à partir de l'[Afficheur de données](#), appuyez longuement sur une ligne d'échantillon pour ouvrir la boîte Détails de l'échantillon.

| Sample Details | Pedestal            |
|----------------|---------------------|
| Sample Name    | Sample 3            |
| Created on     | 9/3/2015 3:34:32 PM |
| Nucleic Acid   | 3011.3 ng/μL        |
| A260/A280      | 1.85                |
| A260/A230      | 2.25                |
| A260           | 60.23               |
| A280           | 32.51               |
| Factor         | 50.00               |



OK



- Appuyez sur .
  - Dans la boîte Imprimer les informations, choisissez **OK**.
- Une étiquette est imprimée pour cette mesure.

### Sujets similaires

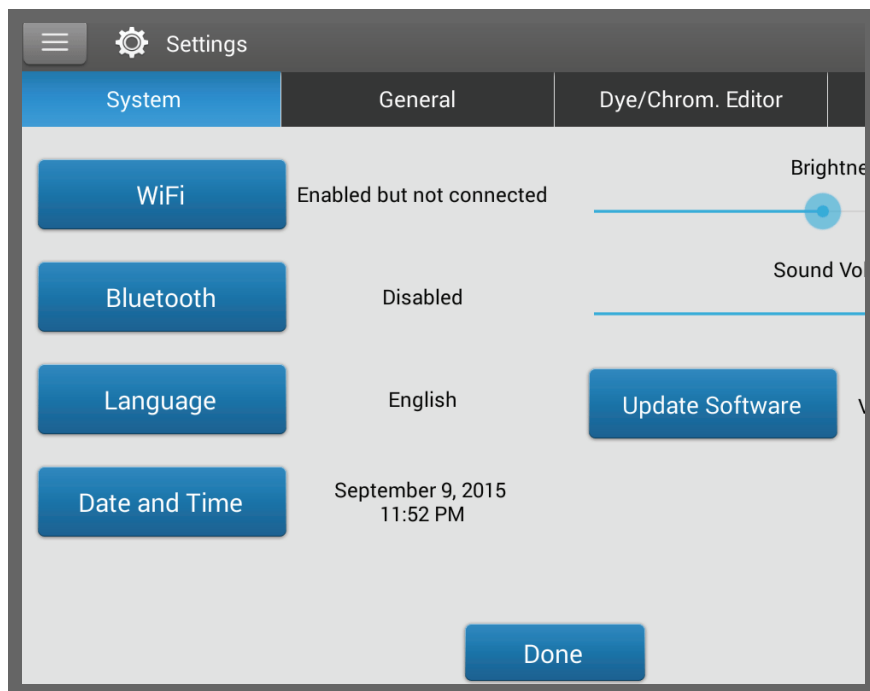
- [Paramètres de l'instrument](#)
- [Afficheur de données du NanoDrop One](#)
- [Faire une recherche dans la base de données des expériences](#)
- [Sélectionner les expériences à exporter ou supprimer](#)
- [Ouvrir une expérience](#)

## Paramètres de l'instrument

### Afficher ou changer les paramètres de l'instrument

- À partir de l'écran Page d'accueil, appuyez sur 
- - ou -
- À partir d'un [écran de mesure](#) quelconque ou de l'[Afficheur de données](#), appuyez sur  et choisissez  **Paramètres**.

Les paramètres suivants de l'instrument sont disponibles :



## Paramètres Système

Les options suivantes sont disponibles :

### Wi-Fi

[Permet de configurer la connexion au réseau local sans fil \(WLAN\)](#) sur l'instrument.

### Bluetooth

[Permet de configurer des connexions Bluetooth](#) à des dispositifs d'entrée sans fil pour l'instrument, tel qu'un clavier sans fil, une souris ou un lecteur de codes-barres.

### Langue

Permet de sélectionner la langue d'affichage du logiciel NanoDrop One et de tout dispositif d'entrée connecté tel qu'un clavier, une souris ou un lecteur de codes-barres.

**Avis :** pour que le changement de langue devienne effectif, il faut redémarrer le logiciel.

## **Date et heure**

**Date et heure automatiques** : synchronise la date et l'heure de l'instrument avec le réseau disponible.

**Fusau horaire automatique** : synchronise le fuseau horaire de l'instrument avec le réseau disponible.

**Régler la date** : réglez manuellement la date de l'instrument (cette option est désactivée lorsque Automatic Date & Time est sélectionné).

**Régler l'heure** : réglez manuellement l'heure de l'instrument (cette option est désactivée lorsque Automatic Date & Time est sélectionné).

**Sélectionner le fuseau horaire** : sélectionnez manuellement le fuseau horaire de l'instrument (cette option est désactivée quand Fusau horaire automatique est sélectionné).

**Utiliser le format sur 24h** : utilise le format d'heure sur 24 heures.

**Choisissez le format de la date** : choisissez un format de date disponible.

## **Luminosité**

Permet de régler la luminosité sur l'écran tactile de l'instrument

## **Volume sonore**

Permet de régler le volume sur l'écran tactile de l'instrument

## **Mise à niveau logicielle**

Permet de mettre à jour le logiciel NanoDrop One via le dispositif USB connecté à l'instrument ; si le dispositif USB connecté contient plusieurs fichiers de mise à jour, vous pouvez choisir les fichiers pour la mise à jour (reportez-vous à [Mise à niveau logicielle](#) pour plus de détails).

**Version** : version du logiciel d'exécution de l'instrument NanoDrop One actuellement installé sur cet instrument.

**Version de la base de données** : version de la base de données NanoDrop One sur cet instrument.

## Paramètres généraux

Les options suivantes sont disponibles :

|                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|----------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Nom automatique</b>     | Attribue les noms d'échantillon automatiquement en utilisant un nom de base suivi d'un nom de base par défaut suivi d'un numéro unique croissant en partant de « 1 ». Utilise le nom de base par défaut (« Sample ») ou un nom de base spécifié par l'utilisateur. Pour plus de détails, reportez-vous à <a href="#">Nom de l'échantillon</a> .                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
| <b>Utiliser la cuvette</b> | <p>Sélectionnez le mode d'échantillonnage avec cuvette (disponible uniquement pour le modèle d'instrument NanoDrop One<sup>C</sup>). Lorsque cette option est sélectionnée, les options supplémentaires suivantes sont disponibles :</p> <p><b>Longueur du trajet optique</b> : Saisissez la <a href="#">longueur du trajet optique (largeur) de la cuvette</a> avant de faire le blanc ou réaliser des mesures d'échantillon avec des cuvettes (consultez le fabricant de la cuvette pour les caractéristiques de la cuvette).</p> <p><b>Vitesse d'agitation</b> : Si vous utilisez l'agitation automatique, introduisez la barre de micro-agitation dans la cuvette d'échantillon et réglez la Vitesse d'agitation (les niveaux 1 à 6 correspondent à une plage qui va de 10 tr/min à 850 tr/min avec une accélération contrôlée partant de zéro).</p> <p><b>Chauffer la cuvette à 37 °C</b> : Sélectionnez cette option si les cuvettes d'échantillon doivent être chauffées. L'élément chauffant porte la cuvette de la température ambiante à 37 °C à la vitesse de 5 °C/minute.</p> |

## Éditeur Colorant/Chrom.

Utilisez l'[Éditeur Colorant/Chrom.](#) pour ajouter un colorant personnalisé à la liste des colorants disponibles dans [Paramétrage Microarray](#) ou [Paramétrage Protéines et marqueurs](#). Vous pouvez aussi spécifier quels sont les colorants disponibles dans cette liste.



## Éditeur Protéines

Utilisez l'[Éditeur Protéines](#) pour ajouter une protéine personnalisée à la liste des protéines disponibles dans l'application [Protéine A280](#).

### Sujets similaires

- [Installer l'instrument](#)
- [Mise à niveau logicielle](#)
- [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#)
- [Configurer la connexion Ethernet](#)
- [Éditeur Colorant/Chrom.](#)
- [Éditeur Protéines](#)

## Acclaro Sample Intelligence

La technologie Acclaro Sample Intelligence dont sont dotés les instruments NanoDrop One fournit les fonctionnalités exclusives suivantes pour vous aider à évaluer l'intégrité des échantillons :



L'analyse des contaminants pour faciliter la qualification d'un échantillon avant de l'utiliser dans des applications en aval.



L'assistance technique à la demande pour les mesures de concentration atypique ou très basse.



Les Alertes en cas de résultats invalides (un capteur de colonne contrôle s'il n'y a pas de bulles ou de particules réfléchissantes qui pourraient compromettre les résultats de la mesure).



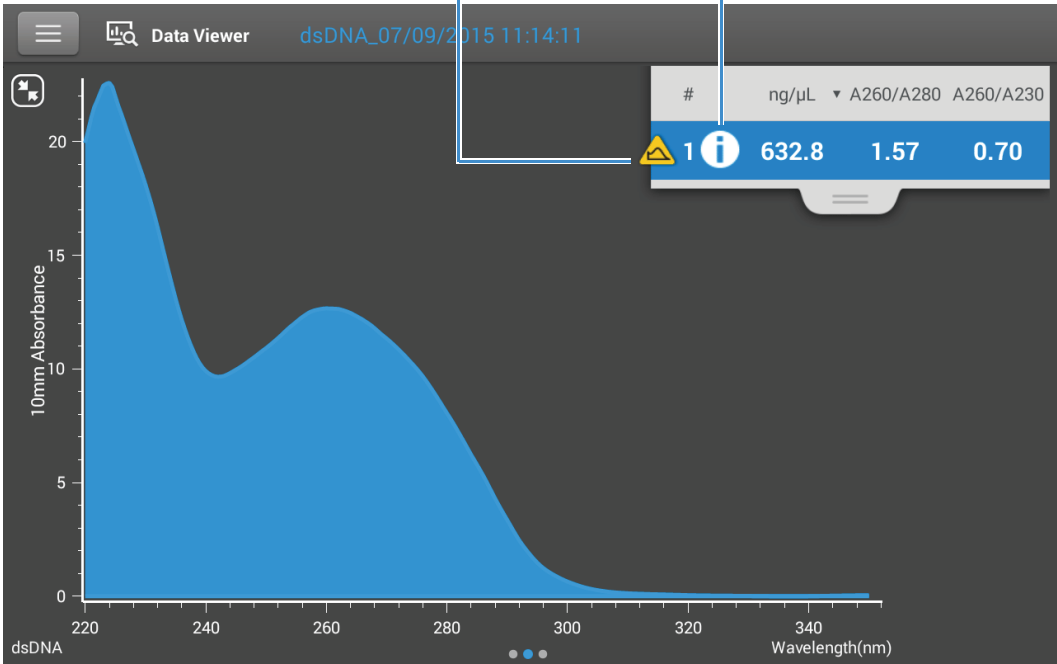
Utilisez ces ressources intégrées pour un dépannage rapide en cas de problème de mesure et pour prendre des décisions éclairées concernant l'utilisation, la repurification ou la prise d'autres mesures en présence d'un résultat d'échantillon anormal. La fonctionnalité Sample Intelligence sert aussi de ressource pour des études ultérieures et d'outil d'apprentissage pour les utilisateurs nouveaux ou débutants.

## Afficher les informations d'Acclaro Sample Intelligence

Les mesures qui incluent une analyse des contaminants ou des informations techniques sont automatiquement signalées par un indicateur (reportez-vous aux exemples ci-dessous). Appuyez sur l'icône pour consulter les données ou informations associées.

L'analyse des contaminants est disponible pour cette mesure

Des informations techniques sont disponibles pour cette mesure



Les icônes s'affichent à côté des **résultats de mesure** (voir-ci-dessus), dans le **tableau de données** et dans l'**Afficheur de données** (voir-ci-dessous).

| # | 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 |

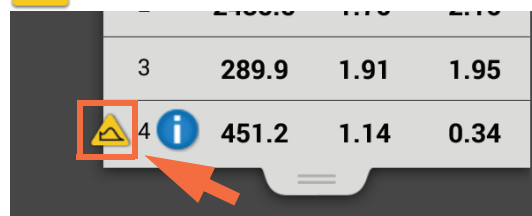
Les icônes de ces trois emplacements sont actives ; les informations restent associées aux données indéfiniment, même après l'exportation de ces dernières.

## Analyse des contaminants

Pour les applications ADNdb, ARN et Protéine A280, le logiciel NanoDrop One commence automatiquement une analyse spectrale pour plusieurs contaminants connus pendant la mesure. Voici quelques exemples de contaminants connus :

- Pour l'ADNdb et l'ARN, il mesure :
  - Dans la région d'analyse : protéines et phénol
  - Il détecte aussi la présence de guanidine HCl et d'isothiocyanate de guanidinium
- Pour les protéines, il mesure :
  - Dans la région d'analyse : acides nucléiques et phénol

Si les contaminants sont identifiés dans un échantillon, l'icône « Analyse des contaminants »  s'affiche sur la gauche des résultats de mesure.



|   |                                                                                   |                                                                                   |                 |
|---|-----------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------|-----------------|
| 3 | 289.9                                                                             | 1.91                                                                              | 1.95            |
| 4 |  |  | 451.2 1.14 0.34 |

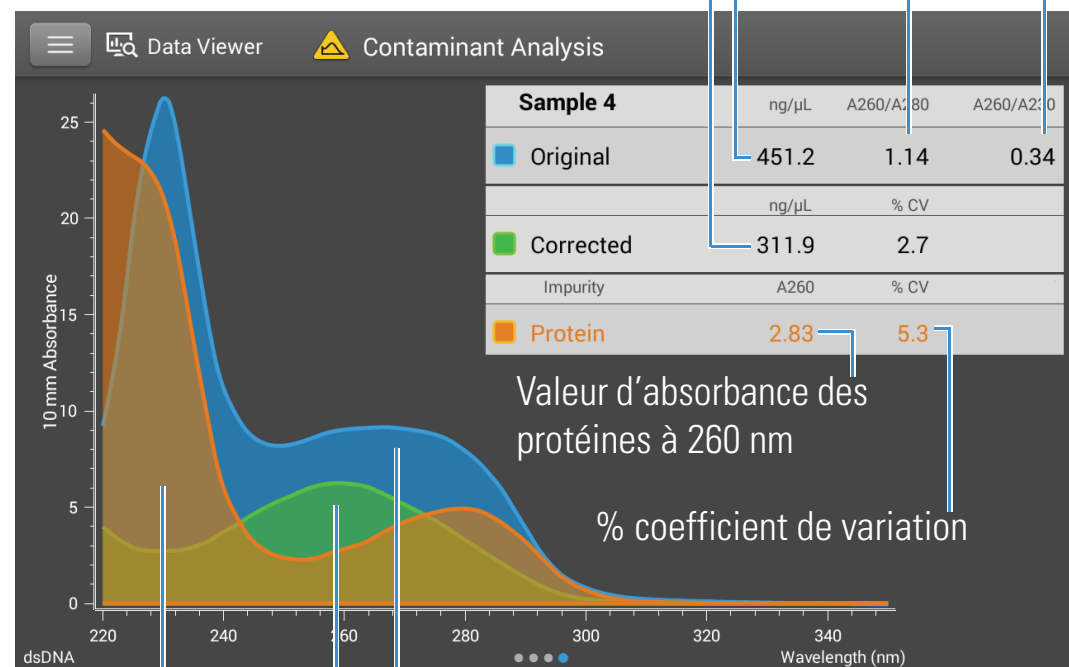
Appuyez sur l'icône pour afficher l'analyse des contaminants et les informations associées.

Voici un exemple des résultats d'une analyse des contaminants des acides nucléiques qui contient suffisamment de contaminants (protéines) pour influencer sur les résultats des mesures.

### Rapports de pureté hors plage

Concentration en acides nucléiques originale<sup>1</sup>

Concentration en acides nucléiques corrigée<sup>2</sup>



Spectre des protéines

Spectre d'acides nucléiques original

Spectre d'acides nucléiques corrigé

<sup>1</sup> Basé sur l'absorbance totale de l'échantillon (échantillon plus contaminant)

<sup>2</sup> Basé sur l'absorbance corrigée de l'échantillon (échantillon moins contaminant)

Étant donné que les protéines absorbent la lumière près des longueurs d'onde de l'analyse pour l'acide nucléique (230 nm, 260 nm, et 280 nm), la présence de protéines dans l'échantillon d'acides nucléiques indiqué ci-dessus a fait sortir les rapports A260/A280 et A260/A230 de la plage et entraîné l'indication d'une concentration en acides nucléiques plus élevée que la valeur réelle. Le logiciel identifie les impuretés (protéines) et rapporte ce qui suit :

- la valeur d'absorbance corrigée en fonction de la ligne de base (2,83) à la longueur d'onde de l'analyse (260 nm) ;

- le % de coefficient de variation pour le résultat de la mesure (incertitude x 100/résultat de la mesure = 5,3 % ; un % de CV élevé indique que le résultat de la mesure est proche de la limite de détection de l'instrument ou la présence d'un composant interférent) ;
- la concentration en acides nucléiques d'origine (451,2 ng/μl), qui est basée sur l'absorbance totale corrigée en fonction de la ligne de base (échantillon plus contaminant) à la longueur d'onde de l'analyse ;
- la concentration en acides nucléiques corrigée (311,9 ng/μl), qui est basée sur l'absorbance corrigée (échantillon moins contaminant) à la longueur d'onde de l'analyse.

### Théorie de l'analyse des contaminants

Les mesures d'absorbance UV et UV-Visible sont utilisées pour quantifier les échantillons d'acides nucléiques et de protéines à, respectivement, 260 nm et 280 nm. L'analyse est basée sur le fait que l'absorbance totale d'une solution de mélange à une longueur d'onde donnée est égale à la somme des valeurs d'absorbance des différents composants du mélange.

Un des problèmes de cette méthode est que de nombreux matériaux utilisés au cours du processus d'extraction peuvent absorber dans différentes régions à travers le spectre. Lorsque ces contaminants sont présents dans un échantillon, ils peuvent interférer avec l'analyse en augmentant artificiellement l'absorbance à la longueur d'onde d'intérêt, ce qui résulte en une surestimation de la concentration en analytes.

Traditionnellement, les rapports de pureté sont utilisés pour détecter la présence de contaminants susceptibles d'influer sur les applications en aval. Les rapports de pureté ne fournissent cependant pas toujours un tableau complet de la contamination possible. Lorsqu'un rapport de pureté sort de la plage attendue, la qualité du profil spectral fait souvent l'objet d'un examen.

Notre technologie Acclaro applique une approche quantitative de l'analyse des contaminants. Acclaro utilise des algorithmes mathématiques sophistiqués pour analyser les données spectrales afin d'identifier de probables contaminants dans un échantillon et supprime la contribution due à ces contaminants des résultats de l'échantillon. Cela résulte en une valeur de concentration plus précise de l'analyte d'intérêt et une analyse plus qualitative du niveau de contamination.

Étant donné que le spectre d'un composé pur est unique à ce composé, le spectre d'un mélange de matériaux pour la plupart connus qui ont peu d'interactions peut être décomposé mathématiquement en les spectres de ses composants et les composants peuvent être identifiés. L'algorithme d'analyse des contaminants utilise une région spectrale étroite (220 à 285 nm) autour de la longueur d'onde d'analyse (260 nm pour les acides nucléiques, 280 nm pour les protéines) pour déterminer la contribution à l'absorbance de contaminants connus possibles (protéines ou acides nucléiques et phénol) qui absorbent dans cette région. L'ensemble du spectre est analysé pour déterminer la présence d'autres contaminants possibles tels que la guanidine HCl et/ou l'isothiocyanate de guanidinium, qui sont des réactifs courants utilisés pour la purification des acides nucléiques.

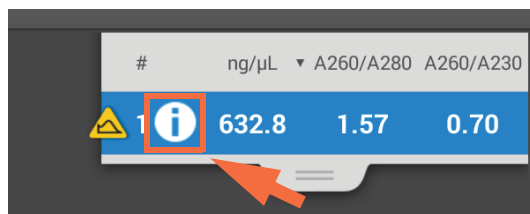
**Remarque** Obtenir des résultats d'analyse de contaminants cohérents de haute qualité dépend de la qualité des spectres d'échantillon mesurés, qui dépend de l'état de maintenance de l'instrument. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Programme d'entretien](#).

## Assistance technique à la demande

Pour les applications ADNdb et Protéine A280, le logiciel NanoDrop One surveille toutes les mesures d'échantillon pour contrôler qu'il n'y ait pas de contaminants ou d'autres anomalies susceptibles d'influer sur la mesure. Voici des exemples de caractéristiques mesurées :

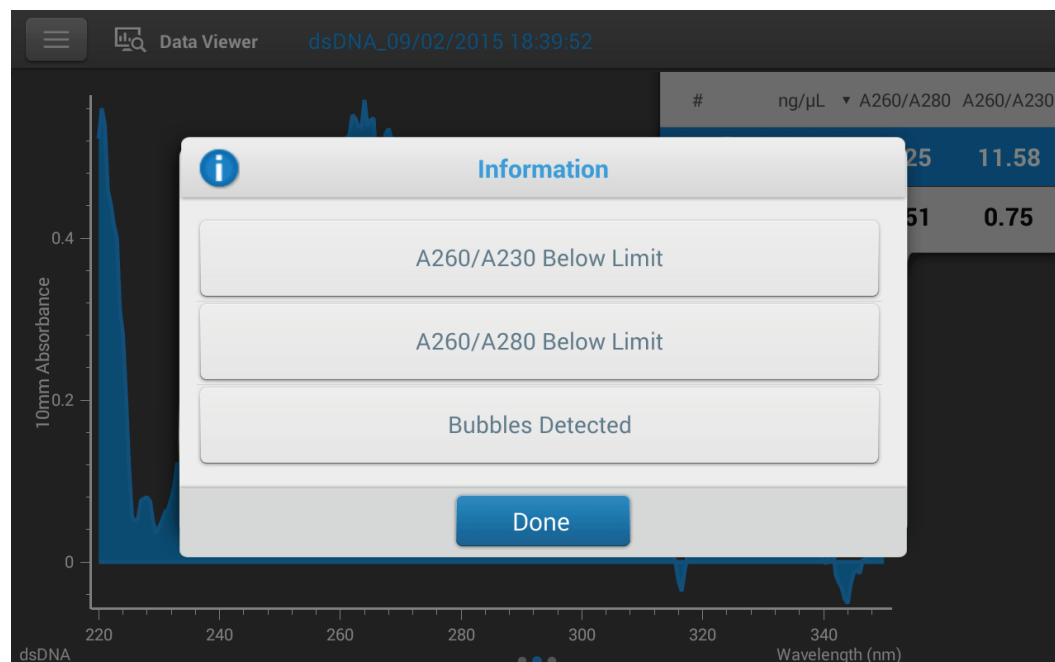
- Les rapports d'absorbance, qui indiquent la présence de composés pouvant interférer avec les mesures d'échantillon (on parle aussi de « rapports de pureté »). Pour plus d'informations, regardez la formation multimédia [Qu'est-ce qu'un rapport de pureté ?](#).
- Les bulles, pour contrôler qu'il n'y ait pas de bulles ou de matériaux réfléchissants dans un échantillon ou un blanc. Pour plus d'informations, regardez la formation multimédia [Effets des bulles dans les échantillons](#).

Si des informations techniques sont disponibles, l'icône « information »  s'affiche à gauche des résultats de mesure.



Appuyez sur l'icône pour afficher les informations.

Voici les résultats d'une analyse d'acides nucléiques pour laquelle deux rapports de pureté mesurés sont en-dessous de la valeur attendue et l'échantillon contenait suffisamment de bulles pour éventuellement influencer sur les résultats de mesure.



Appuyez sur un bouton d'information pour plus d'informations. Voici les informations fournies pour l'erreur relative aux bulles :

The screenshot shows the Acclaro Sample Intelligence app interface. The top bar includes a back arrow, an information icon, the text 'Acclaro Sample Intelligence', and a 'Done' button. Below the top bar is a navigation bar with icons for a list, a sample, a home screen, and search. The main content area is titled 'Bubbles Detected' and features a 'Learn more' button with a graduation cap icon. Below this, the text reads: 'These measurement results may be invalid. Possible causes:'. This is followed by a list of causes:

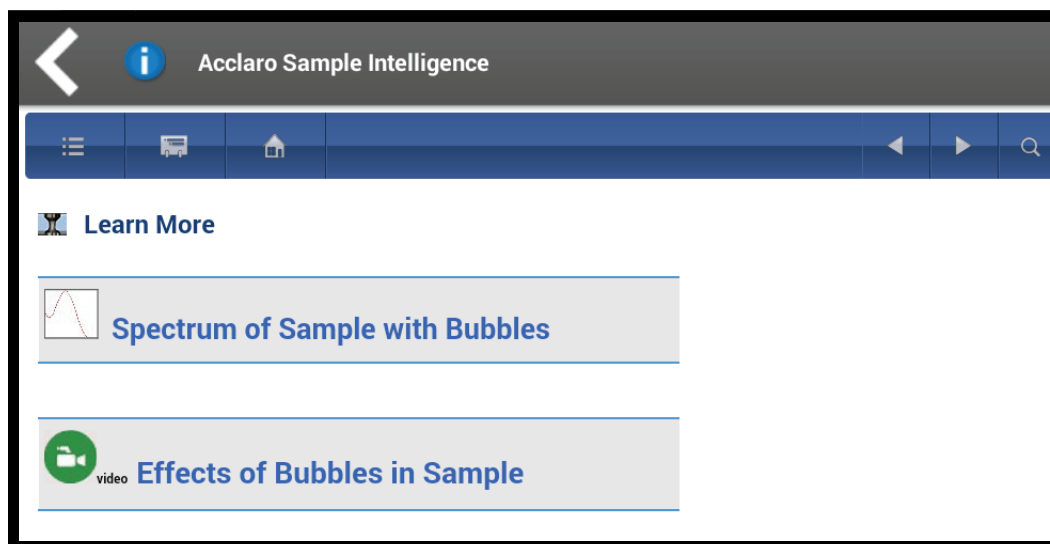
- Bubbles in sample or blank, which can cause poor liquid column formation and diffract UV light. Both issues will impact reproducibility.
- Particulates in sample or blank, which can diffract UV light and affect reproducibility.

Below the list, the text reads: 'Possible solutions:'. This is followed by a list of solutions:

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



Appuyez sur **Pour en savoir plus** pour afficher le niveau d'information suivant qui, dans le cas de cet exemple, contient un lien vers une vidéo de formation multimédia.



## Alertes en cas de résultats invalides

Le logiciel NanoDrop One utilise un capteur d'image intégré pour surveiller toutes les mesures pour déceler les conditions (par exemple une colonne de liquide interrompue) qui sont susceptibles d'invalider les résultats.

Après une alerte pour résultats invalides, l'icône Résultats invalides  s'affiche et la mesure est arrêtée. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Dépannage](#).

### Sujets similaires

- [Écrans de mesure du NanoDrop One](#)
- [Afficheur de données du NanoDrop One](#)
- [Programme d'entretien](#)
- [Entretien des socles](#)
- [Dépannage](#)

## Logiciel NanoDrop One Viewer

Le logiciel NanoDrop One Viewer vous donne la flexibilité de travailler avec les données acquises avec l'instrument NanoDrop One sur votre site et à votre rythme. Utilisez le logiciel Viewer pour :

- afficher ou imprimer des données acquises en utilisant l'instrument NanoDrop One sur un ordinateur personnel ;
- créer, modifier, importer et supprimer des méthodes de mesure personnalisées ;
- explorer facilement le système NanoDrop One Help à la recherche d'informations.

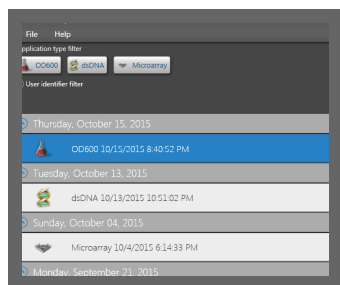
Les données peuvent être importées depuis l'instrument à tout moment (reportez-vous à [Importer des données de l'instrument](#) ci-dessous) ou être enregistrées directement sur un ordinateur connecté à la fin de chaque mesure (reportez-vous à « Configurer la connexion Ethernet » ou « Configurer les connexions Wi-Fi » dans [Installer l'instrument](#) pour plus de détails).

### Installer le logiciel Viewer

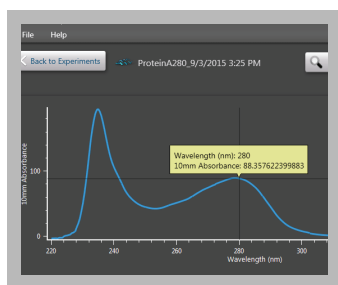
Le logiciel Viewer peut être installé sur n'importe quel ordinateur qui exécute le système d'exploitation Windows™. [Reportez-vous à notre site Web](#) pour les versions compatibles du logiciel Windows.

#### ❖ Télécharger et installer le logiciel Viewer

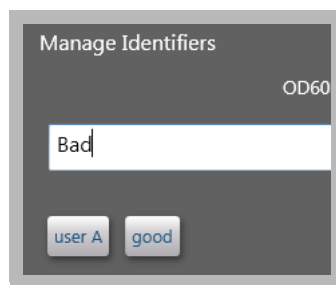
1. À partir d'un PC compatible connecté à Internet, utilisez le navigateur Web de votre choix pour naviguer jusqu'à notre site Internet.
2. Sur notre site Internet, repérez les logiciels NanoDrop One à télécharger, sélectionnez si télécharger le logiciel NanoDrop One Viewer et suivez les instructions pour télécharger le programme d'installation et le lancer.



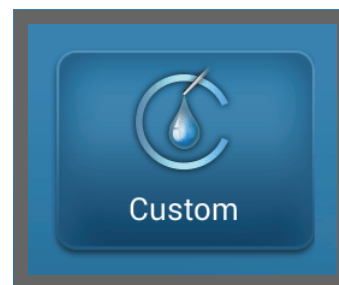
**Écran Page d'accueil**



**Gérer les données**



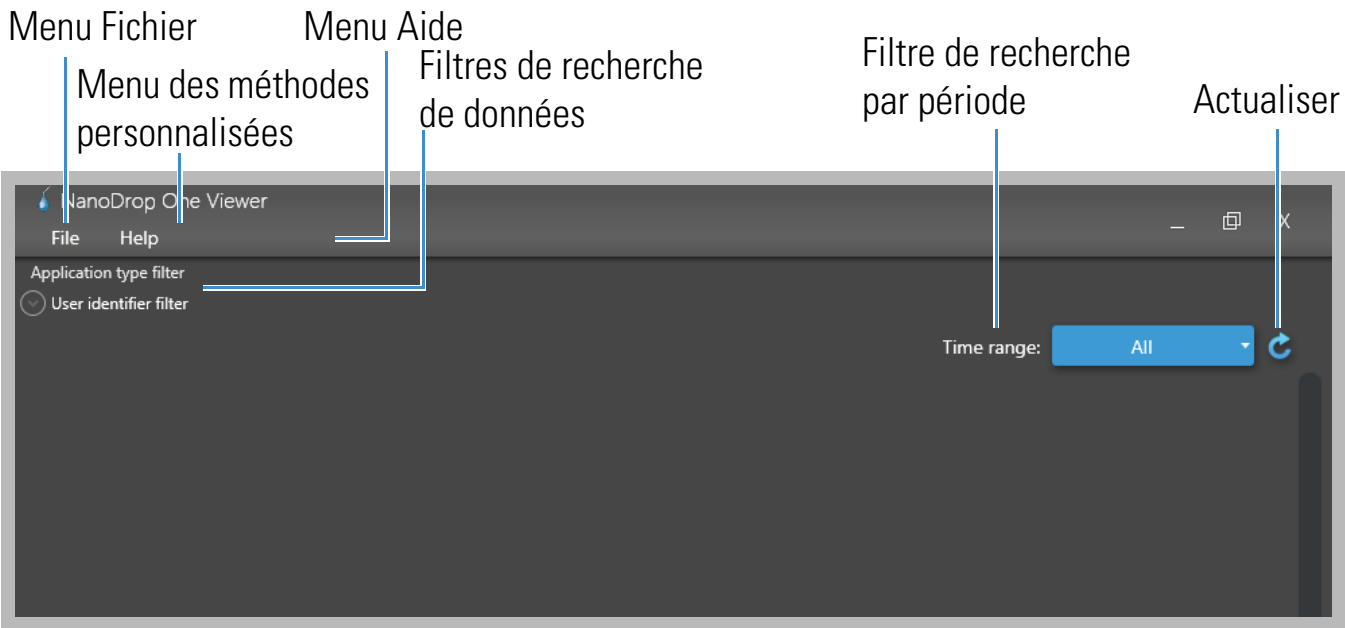
**Gérer les identifiants**



**Gérer les méthodes personnalisées**

## Écran Page d'accueil de Viewer

Une fois installé, le logiciel Viewer s'ouvre sur un écran vierge s'il n'y a pas de méthodes personnalisées ou de données enregistrées ou importées dans sa base de données. Les opérations suivantes sont disponibles sur l'écran Page d'accueil de Viewer.



### Menu Fichier

Options du menu Fichier :

|                                                      |                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Importer des données                                 | Pour <a href="#">importer des expériences</a> de l'instrument                                                                                                                                                                                                                |
| Configurer un stockage de donnée par connexion Wi-Fi | Permet de configurer cet ordinateur comme un emplacement de stockage de données potentiel pour les échantillons mesurés avec l'instrument (reportez-vous à « Configurer les connexions Wi-Fi » dans <a href="#">Installer l'instrument</a> pour de plus amples informations. |
| Quitter                                              | Ferme le logiciel Viewer                                                                                                                                                                                                                                                     |

## Menu des méthodes personnalisées

Option du menu des méthodes personnalisées :

### Gérer les méthodes personnalisées

Permet de créer, importer, modifier et supprimer des méthodes personnalisées, qui peuvent être utilisées pour acquérir des données avec l'instrument en utilisant les paramètres personnalisés disponibles

## Menu Aide

Option du menu Aide :

### Site Internet du NanoDrop One

Ouvre un navigateur Internet local, s'il est disponible, et navigue jusqu'au site Internet du NanoDrop One

### Aide

Affiche tout le système Aide du NanoDrop One y compris les informations détaillées sur l'instrument, le logiciel NanoDrop One et le logiciel Viewer

### À propos de

Affiche les numéros de version du logiciel NanoDrop One Viewer

## Filtres de recherche de données

Filtres permettant d'explorer la base de données de Viewer sur cet ordinateur en fonction de l'application utilisée ou d'identifiants attribués par l'utilisateur. Pour désactiver les filtres de recherche de données, vérifiez qu'aucun des boutons n'est sélectionné. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Explorer la base de données de Viewer](#).

## Filtre de recherche par période

Filtre permettant d'explorer la base de données de Viewer en fonction de la date d'acquisition des expériences (par exemple, les six derniers mois ou une plage de dates spécifique). Pour désactiver le filtre de période, mettez-le sur **Tous**. Pour plus d'informations, reportez-vous à [Explorer la base de données de Viewer](#).

## Actualiser

Met à jour la liste des expériences et des résultats de mesures dans le logiciel Viewer une fois que de nouvelles données ont été **importées**.

## Menu contextuel

Cliquez avec le bouton droit sur une expérience pour afficher les options de menu supplémentaires suivantes :

|                         |                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|-------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Exporter expérience     | Permet d'exporter les spectres et les résultats de mesures sélectionnées dans plusieurs formats.                                                                                                                                                                                             |
| Gérer les identifiants  | Permet d'ajouter des étiquettes définies par l'utilisateur aux expériences, d'afficher les étiquettes attribuées et de retirer ou supprimer des étiquettes                                                                                                                                   |
| Détails de l'expérience | Permet d'afficher des informations sur l'expérience ouverte, y compris le type d'application, la date et l'heure de la mesure, le nombre de mesures, le numéro de série de l'instrument, les numéros de la version du logiciel et du microprogramme et les éventuelles étiquettes attribuées |
| Supprimer l'expérience  | Supprimer une expérience sélectionnée                                                                                                                                                                                                                                                        |

**Avis :** Les données supprimées ne peuvent pas être récupérées.

## Gérer des expériences et les données associées

Utilisez le logiciel Viewer pour ouvrir et afficher les spectres stockés et les données associées d'une quelconque expérience qui a été exportée depuis l'instrument puis a été importée vers le PC, ou qui a été enregistrée directement sur le PC immédiatement après la mesure. Les expériences sont stockées dans une base de données sur l'ordinateur en fonction de la date d'acquisition, du nom de l'expérience, de l'**application utilisée** et des éventuelles **étiquettes attribuées**.

## Importer des expériences

Vous pouvez importer des données acquises avec l'instrument NanoDrop One dans le logiciel NanoDrop One Viewer installé sur un ordinateur personnel, afin d'afficher ou d'imprimer les données là où vous vous trouvez et à votre gré.

### Remarque

- Les données doivent d'abord être exportées de l'instrument à un dispositif de mémoire USB portable dans le format de base de données (SQL) (reportez-vous à « Exporter des données » dans [Opérations générales](#) pour plus de détails).
- Pour savoir comment enregistrer des données directement sur un ordinateur personnel à la fin de chaque mesure, reportez-vous à « Configurer la connexion Ethernet » ou « Configurer les connexions Wi-Fi » dans [Installer l'instrument](#).

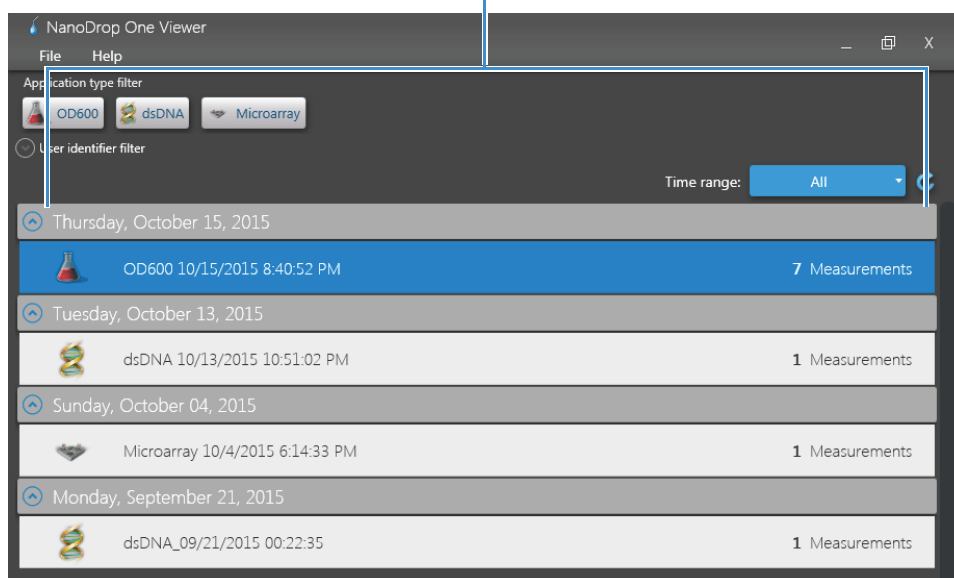
### Importer des expériences dans le logiciel Viewer

- Connectez le dispositif de mémoire USB portable contenant le fichier SQL exporté sur l'ordinateur personnel sur lequel le logiciel NanoDrop One Viewer est installé.
- Depuis le logiciel Viewer, choisissez **Fichier > Importer des données**
- Naviguez jusqu'au dispositif USB portable, sélectionnez le fichier SQL exporté et choisissez **Ouvrir**.

**Remarque** Par défaut, les fichiers exportés sont stockés sur le dispositif de mémoire USB dans un dossier nommé « NanodropOne » suivi du numéro de série de l'instrument.

- Les expériences du NanoDrop One stockées dans le fichier SQL sont ajoutées à l'écran Page d'accueil de Viewer. Voici un exemple :

## Expériences importées



## Faire une recherche dans la base de données de Viewer

Une liste d'expériences qui correspondent aux paramètres de filtre actuels s'affiche dans l'écran Page d'accueil de Viewer. Les filtres incluent la période, le type d'application et les éventuelles étiquettes définies par l'utilisateur (reportez-vous à [Gérer les identifiants sur un PC](#) pour des informations sur l'ajout et la suppression d'étiquettes).

### Faire une recherche dans la liste des expériences

Pour explorer la liste des expériences, changez un paramètre de filtre sur l'écran Page d'accueil de Viewer. La liste est mise à jour automatiquement. Les filtres suivants sont disponibles :

- **Type d'application.** Seules les applications auxquelles des expériences sont associées dans la base de données de Viewer sont disponibles. Pour lister uniquement les expériences acquises en utilisant l'application DO600, par exemple, sélectionnez **DO600** sous le filtre Type d'application (les boutons de filtre sélectionnés sont de couleur bleue). Pour désactiver le filtre Type d'application, vérifiez qu'aucun des boutons n'est sélectionné.
- **Identifiant utilisateur.** Seules les étiquettes attribuées à des expériences dans la base de données de Viewer sont disponibles. Pour lister uniquement les expériences qui contiennent l'étiquette « Good », par exemple, sélectionnez **Good** sous le filtre Identifiant utilisateur (les boutons de filtre sélectionnés sont de couleur bleue). Pour désactiver le filtre Identifiant utilisateur, vérifiez qu'aucun des boutons n'est sélectionné.

- **Période.** Pour lister uniquement les expériences acquises pendant une période donnée (au cours des six derniers mois, par exemple), sélectionnez cette période dans la liste déroulante. Pour désactiver le filtre de période, mettez-le sur **Tous**.

Voici un exemple de nom de filtrage de la base de données :

**Cliquez** pour sélectionner ou désélectionner les filtres d'application

Changez un filtre pour afficher la liste à jour des expériences

**Cliquez** pour ouvrir et sélectionner le filtre de période

The screenshot shows the NanoDrop One Viewer application window. At the top, there is a menu bar with 'File' and 'Help'. Below the menu bar, there are three filter buttons: 'OD600', 'dsDNA' (which is highlighted with an orange arrow and labeled 'Filtre sélectionné'), and 'Microarray'. Below these, there is a 'User identifier filter' section with two buttons: 'user A' and 'good'. To the right of these filters, there is a 'Time range' dropdown menu set to 'Last six months'. Below the filters, there is a list of experiments. The first entry is 'Tuesday, October 13, 2015' followed by 'dsDNA 10/13/2015 10:51:02 PM' and '1 Measurements'. The second entry is 'Monday, September 21, 2015' followed by 'dsDNA\_09/21/2015 00:22:35' and '1 Measurements'.

**Cliquez** pour sélectionner ou désélectionner les filtres relatifs aux étiquettes définies par l'utilisateur

Liste filtrée d'expériences



## Ouvrir une expérience et afficher les données associées

Utilisez le logiciel Viewer pour ouvrir les expériences stockées dans la base de données de Viewer pour afficher, imprimer ou exporter les spectres et les données associées. L'écran Page d'accueil de Viewer affiche une liste d'expériences qui correspondent aux paramètres de filtre actuels.

### Ouvrir une expérience

- Utilisez les filtres disponibles pour trouver l'expérience (reportez-vous à [Faire une recherche dans la base de données de Viewer](#) pour plus de détails).
- Double-cliquez sur le nom de l'expérience dans la liste des expériences filtrées (l'expérience s'ouvre et le logiciel affiche l'écran de mesure).

Ces options sont disponibles depuis l'écran de mesure de Viewer.

Retourne à l'écran  
Page d'accueil de  
Viewer

Volet du  
spectre

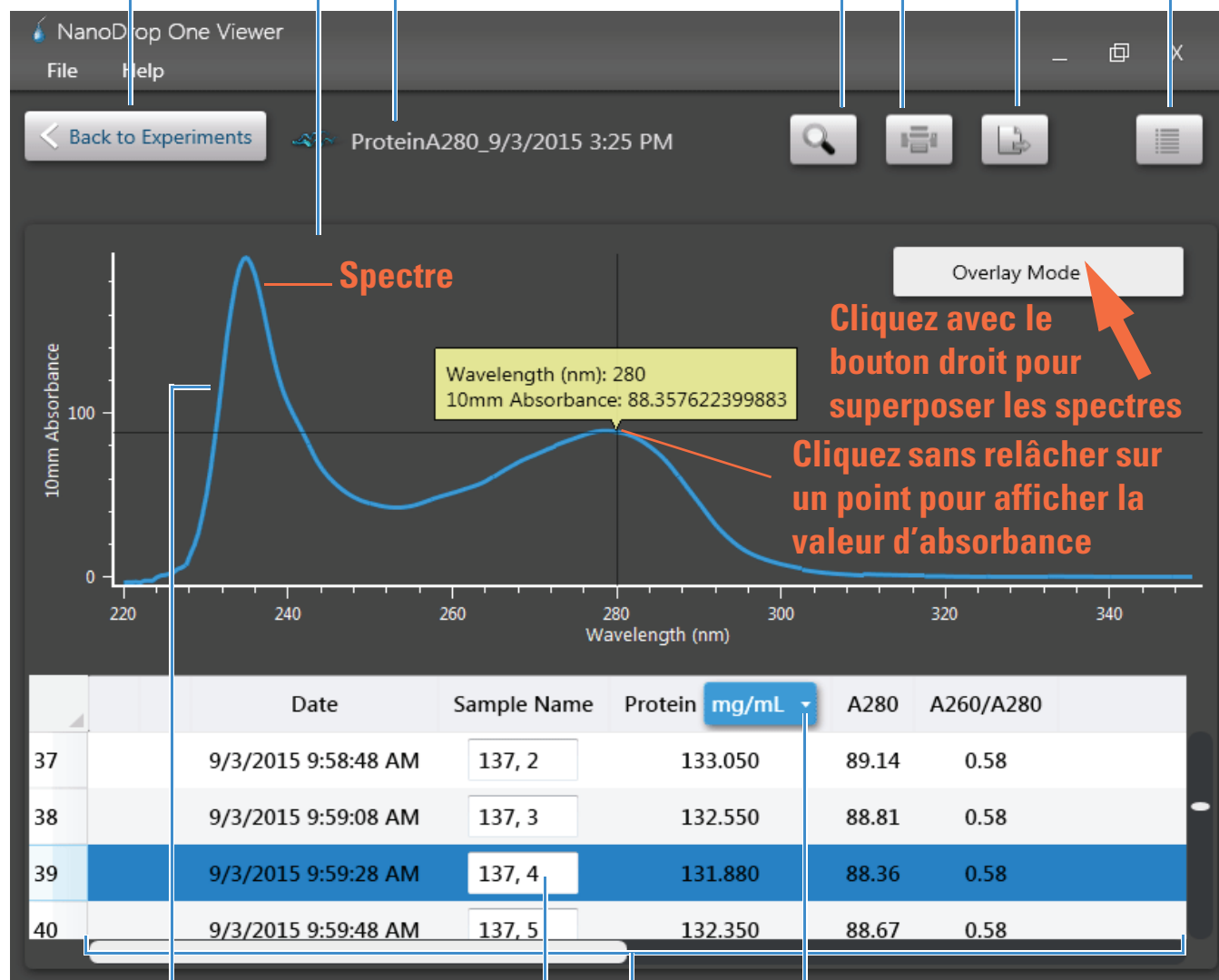
Nom de l'expérience

Imprimer

Détails de l'expérience

Gérer les identifiants

Exporter



Cliquez avec le  
bouton droit pour  
superposer les spectres  
Cliquez sans relâcher sur  
un point pour afficher la  
valeur d'absorbance

Cliquez pour modifier le  
nom de l'échantillon

Cliquez pour changer  
l'unité affichée

Utilisez la molette de la souris pour  
développer ou réduire le spectre ;  
double-cliquez pour le réinitialiser

Détails des mesures (reportez-vous aux différentes  
[Applications](#) pour plus d'informations)

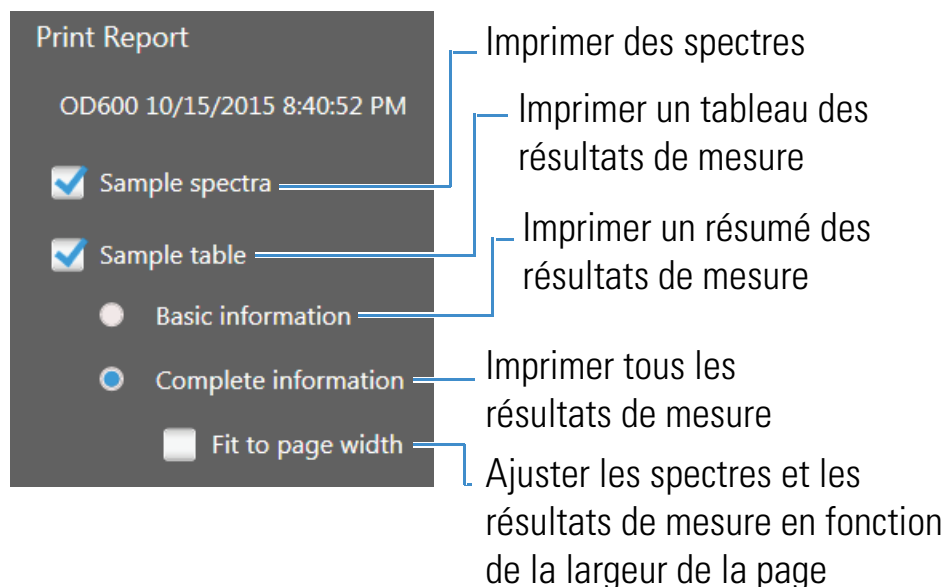
## Imprimer des données

Vous pouvez imprimer des mesures sélectionnées dans une expérience ouverte en utilisant les outils d'impression standard de Windows.

### Imprimer des mesures sélectionnées

- Ouvrez l'expérience.
- Cliquez pour sélectionner une mesure à imprimer (utilisez Maj.+Cliquez ou un cliquer-glisser pour sélectionner des mesures consécutives ; Ctrl+Cliquez pour sélectionner des mesures non consécutives).
- Cliquez sur .

La fenêtre Imprimer le rapport s'affiche avec un aperçu de la première page, et les options suivantes :



Les options d'impression standard de Windows suivantes sont également disponibles :

- Mise en page (permet de sélectionner la taille du papier et de régler les marges et l'orientation)
- Aperçu avant impression (permet de prévisualiser toutes les pages)
- Cliquez sur **Imprimer**.
- Sélectionnez une imprimante.
- Cliquez sur **Imprimer**.

## Exporter des données

Vous pouvez exporter les spectres et les résultats de mesures sélectionnées dans les formats suivants :

- les résultats des mesures uniquement dans un fichier de tableur CSV (valeurs séparées par une virgule) ;
- les données spectrales (la valeur d'absorbance à chaque longueur d'onde) uniquement dans un fichier de tableur TSV (valeurs séparées par une tabulation) ;
- les données spectrales dans un fichier TSV et les résultats de mesure dans un fichier CSV ;
- le fichier (.sql) de la base de données NanoDrop One contenant les spectres et les résultats des mesures qui peut être ouvert à partir de l'instrument ou du logiciel NanoDrop One Viewer ;
- les données spectrales dans un fichier de tableau CML (.xml).

Les noms des fichiers sont les mêmes que les [noms des expériences](#). Vous pouvez ouvrir les fichiers CSV, TSV ou XML dans n'importe quel tableur ou logiciel de traitement de texte. Vous ne pouvez ouvrir les fichiers SQL qu'en utilisant notre logiciel NanoDrop One Viewer et uniquement après que le fichier a été importé. Vous pouvez aussi ouvrir le fichier XML avec un lecteur de fichiers XML.

### Exporter des mesures sélectionnées

- Ouvrez l'expérience.
- Cliquez pour sélectionner une mesure à imprimer (utilisez Maj.+Cliquez pour sélectionner des mesures consécutives ; Ctrl+Cliquez pour sélectionner des mesures non consécutives).
- Cliquez sur .
- dans la boîte Exporter les expériences.
  - Naviguez jusqu'à un emplacement pour enregistrer les données exportées.
  - Mettez **Enregistrer sous le type** sur le format désiré (voir les descriptions des options disponibles ci-dessus).
- Choisissez **Enregistrer**.

**Remarque** La fonction d'exportation des données n'est pas disponible dans le logiciel NanoDrop One Viewer lorsque l'ordinateur est connecté à l'instrument à l'aide d'un câble Ethernet.

## Supprimer des données

Vous pouvez supprimer une expérience de la base de données de l'afficheur.

### Supprimer une expérience sélectionnée

- Utilisez les filtres disponibles pour trouver l'expérience (reportez-vous à [Faire une recherche dans la base de données de Viewer](#) pour plus de détails).
- Cliquez avec le bouton droit sur le nom de l'expérience dans la liste des expériences filtrées.
- Choisissez **Supprimer l'expérience**.

**AVIS** Les données supprimées ne peuvent pas être récupérées.

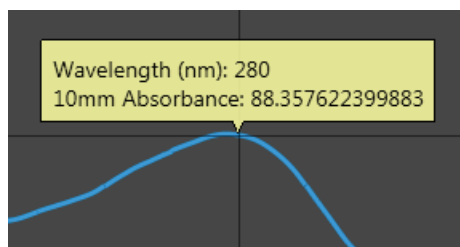
## Trouver les valeurs d'absorbance sur un spectre

Vous pouvez visualiser facilement la valeur d'absorbance qui correspond à une longueur d'onde dans un spectre affiché.

### Trouver les valeurs d'absorbance sur un spectre

- Ouvrez l'expérience.
- Sélectionnez la mesure.
- Cliquez sans relâcher sur le point sur le spectre affiché.

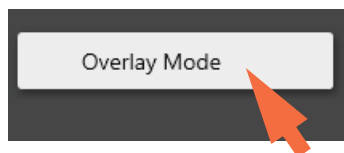
La longueur d'onde et la valeur d'absorbance correspondante s'affichent dans une boîte de message surgissante :



**Remarque** Vous pouvez aussi faire glisser la souris le long de l'axe des X pour afficher les valeurs d'absorbance en séquence.

## Superposer les spectres

Si vous voulez afficher les spectres de toutes les mesures de l'expérience superposés l'un sur l'autre dans le volet des spectres, ouvrez l'expérience, cliquez avec le bouton droit dans le volet des spectres et sélectionnez **Mode Superposition**. Les spectres s'affichent dans un éventail de couleurs.



**Remarque** Pour afficher plusieurs spectres sélectionnés les uns sur les autres sans utiliser le Mode Superposition, sélectionnez simplement les mesures dans l'expérience ouverte.

## Développer ou réduire les spectres affichés

Après avoir ouverte une expérience, vous pouvez utiliser la **molette de la souris** pour développer ou réduire un ou plusieurs spectres affichés le long des axes X et Y.

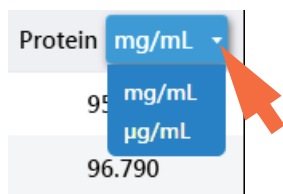
Pour réinitialiser les deux axes, double-cliquez sur le volet spectral.

## Changer les unités de concentration

Plusieurs applications offrent un choix d'unités de concentration.

### Changer les unités de concentration de l'expérience sélectionnée

- Ouvrez l'expérience.
- Utilisez le menu déroulant, si disponible, dans le tableau de mesure pour changer l'unité affichée.



Une fois les unités changées, tous les résultats de concentration rapportés sont recalculés pour les nouvelles unités.

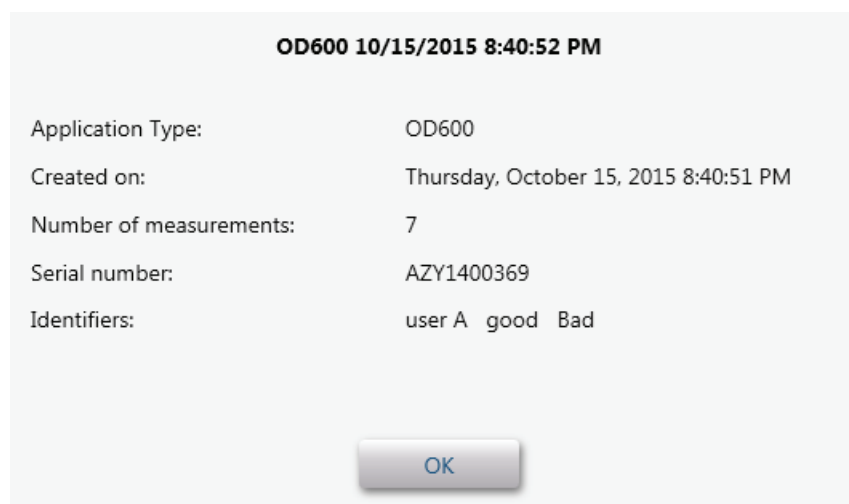
## Afficher les détails de l'expérience

Vous pouvez afficher des informations sur l'expérience ouverte, y compris le type d'application, la date et l'heure de la mesure, le nombre de mesures, le numéro de série de l'instrument et les éventuelles étiquettes attribuées.

### Afficher les détails de l'expérience

- Ouvrez l'expérience.
- Cliquez sur .

Voici un exemple :



## Gérer les identifiants sur un PC

Vous pouvez ajouter un ou plusieurs « identifiants » (c'est-à-dire, des étiquettes ou des balises de métadonnées) à une expérience pour pouvoir la retrouver plus facilement. Vous pouvez ajouter des étiquettes à partir du logiciel NanoDrop One exécuté sur l'instrument (reportez-vous à [Gérer les identifiants sur l'instrument](#)) ou à partir du logiciel NanoDrop One Viewer installé sur un ordinateur personnel.

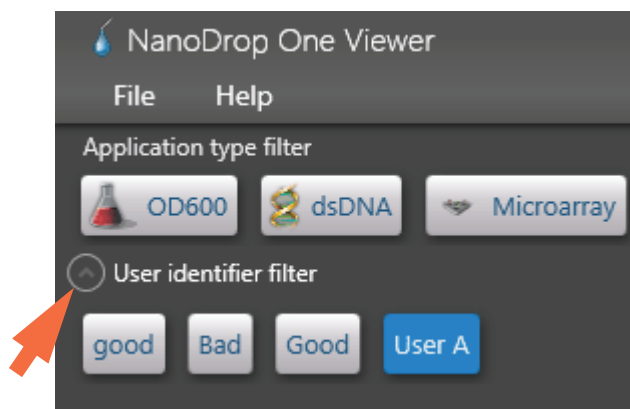
Utilisez le logiciel Viewer pour ajouter des étiquettes aux expériences, attribuer des étiquettes existantes, afficher les étiquettes attribuées et retirer ou supprimer des étiquettes sur un ordinateur personnel. Vous pouvez filtrer la liste des expériences en fonction de une ou plusieurs étiquettes définies par l'utilisateur.

## Afficher ou masquer les boutons de filtrage par identifiant utilisateur

Les filtres relatifs aux identifiants utilisateur peuvent être affichés ou (si vous en avez beaucoup) cachés pour allouer davantage d'espace à la liste des expériences.

### Afficher les boutons de filtre par identifiant utilisateur

- Cliquez sur la flèche adjacente de sorte qu'elle pointe vers le haut.



### Masquer les boutons de filtre par identifiant utilisateur

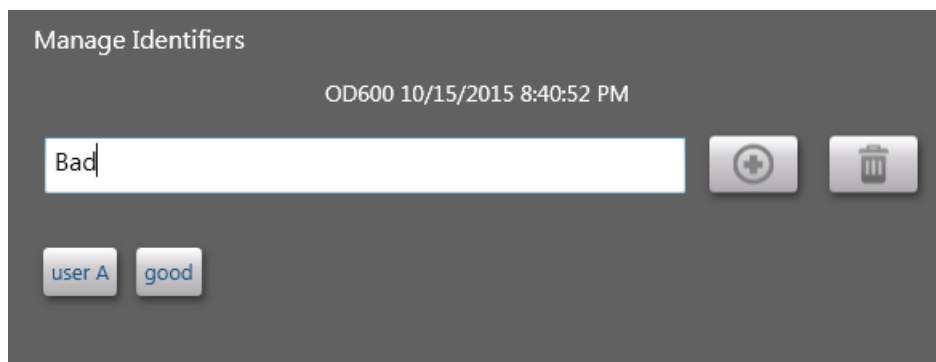
- Cliquez sur la flèche adjacente de sorte qu'elle pointe vers le bas.

## Étiqueter une expérience dans Viewer

Vous pouvez utiliser le logiciel Viewer pour ajouter des étiquettes définies par l'utilisateur aux expériences. La liste des expériences peut ensuite être filtrée sur la base de ces étiquettes (reportez-vous à [Trouver une expérience étiquetée](#) pour plus de détails).

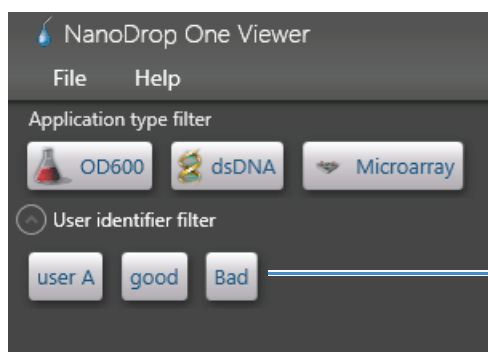
### Ajouter une étiquette à une expérience

- À partir de l'écran Page d'accueil de Viewer, cliquez avec le bouton droit sur une expérience dans la liste des expériences et choisissez **Gérer les identifiants**.
- Dans la boîte Gérer les identifiants, saisissez une étiquette et appuyez sur  ou sur la touche Entrée (une nouvelle étiquette s'affiche sous la zone de saisie).





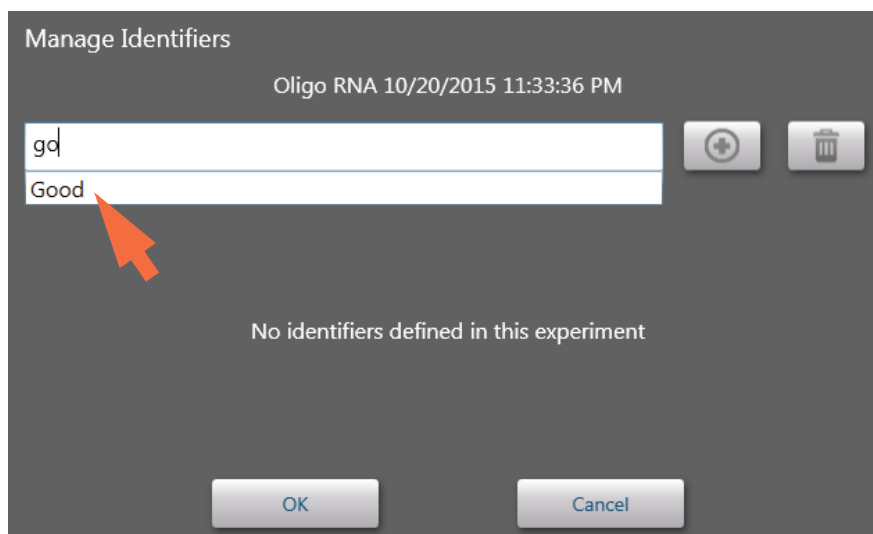
- Choisissez **OK** (la nouvelle étiquette s’affiche dans le groupe Filtre par identifiant utilisateur sur l’écran Page d’accueil de Viewer).



Nouvelle étiquette

### Attribuer une étiquette existante à une expérience

- À partir de l’écran Page d’accueil de Viewer, cliquez avec le bouton droit sur une expérience dans la liste des expériences et choisissez **Gérer les identifiants**.
- Dans la zone Gérer les identifiants, commencez à saisir le nom de l’étiquette existante (le nom actuel de l’étiquette existante s’affiche sous la boîte de saisie).



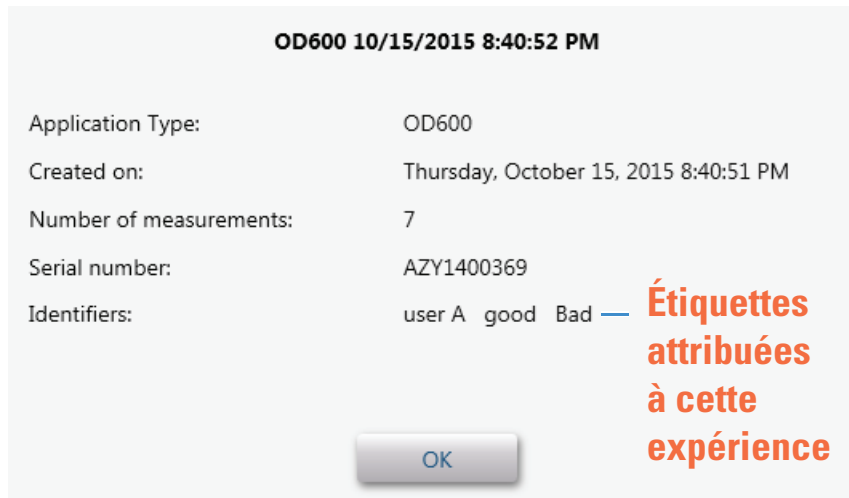
- Sélectionnez l’étiquette existante autoremplie et choisissez **OK** (l’étiquette existante est ajoutée à l’expérience sélectionnée).

## Afficher les étiquettes attribuées à une expérience

Vous pouvez utiliser le logiciel Viewer pour voir toutes les étiquettes définies par l'utilisateur attribuées à une expérience.

### Afficher les étiquettes attribuées

- À partir de l'écran Page d'accueil de Viewer, cliquez avec le bouton droit sur une expérience dans la liste des expériences et choisissez **Détails de l'expérience**.



- Choisissez **OK**.

## Trouver des expériences étiquetées

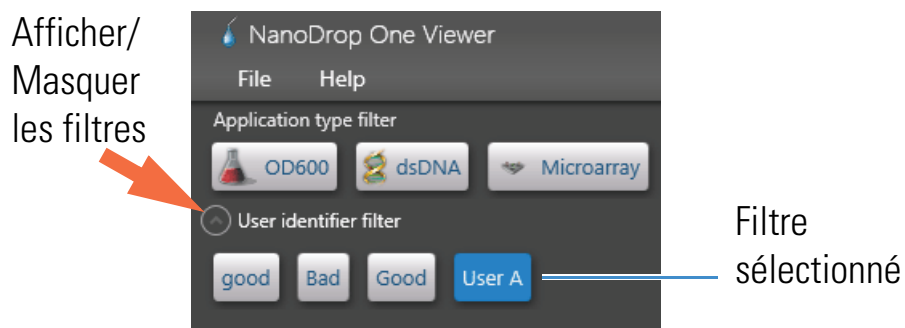
Vous pouvez utiliser le logiciel Viewer pour trouver des expériences présentant des étiquettes définies par l'utilisateur. La base de données est automatiquement filtrée en utilisant les paramètres de filtre actuels.

### Trouver des expériences qui ont des étiquettes définies par l'utilisateur particulières

Depuis l'écran Page d'accueil de Viewer, définissez les filtres de recherche :

- Désélectionnez tous **Filtres par type d'application**, si désiré, de sorte à ce que les expériences acquises avec toutes les applications soient listées.
- Définissez le filtre de Période, si désiré (seules les expériences acquises dans la plage sélectionnée sont listées).
- Cliquez sur chaque bouton de **Filtre par identifiant utilisateur** pour le sélectionner (les boutons de filtre sélectionnés sont de couleur bleue).

Si les boutons sont cachés, cliquez sur la flèche adjacente pour les afficher).



La liste des expériences est filtrée et mise à jour automatiquement de sorte que seules les expériences qui correspondent aux filtres sélectionnés soient listées.

## Supprimer une étiquette

Vous pouvez utiliser le logiciel Viewer pour supprimer facilement une étiquette définie par l'utilisateur d'une expérience. Une étiquette supprimée reste dans la liste Filtre par identifiant utilisateur si elle est encore attribuée à d'autres expériences.

### Supprimer une étiquette

- À partir de l'écran Page d'accueil de Viewer, cliquez avec le bouton droit sur une expérience dans la liste des expériences et choisissez **Gérer les identifiants**.
- Dans la boîte Gérer les identifiants, sélectionnez un ou plusieurs boutons d'étiquette (les boutons d'étiquette sélectionnés sont de couleur bleue).
- Appuyez sur  (la ou les étiquettes sélectionnées apparaissent sous la boîte de saisie).
- Choisissez **OK**.

**Remarque** Pour supprimer une étiquette définie par l'utilisateur du logiciel, vous devez la retirer de toutes les expériences auxquelles elle est attribuée.

## Gérer les méthodes personnalisées

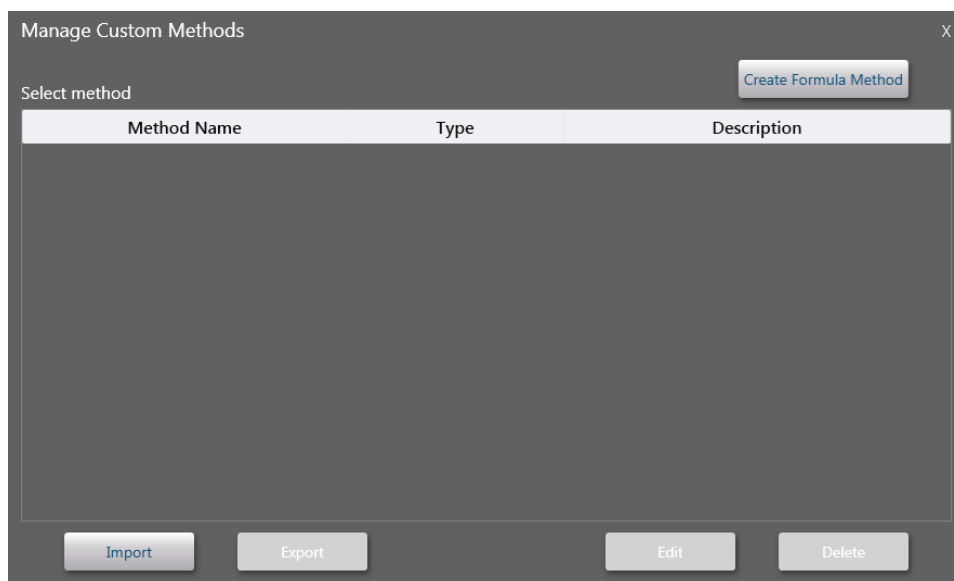
Le logiciel Viewer est l'outil que vous devez utiliser pour créer et gérer des méthodes personnalisées, qui contiennent des paramètres définis par l'utilisateur qui peuvent être utilisés pour acquérir des données avec l'instrument. Les méthodes personnalisées peuvent être créées avec ou sans étalons.

## Créer une méthode personnalisée

Créez la méthode à utiliser pour les mesures d'échantillon avec des paramètres définis par l'utilisateur.

### Créer une nouvelle méthode personnalisée

- À partir de l'écran Page d'accueil de Viewer, choisissez **Méthodes personnalisées** (menu) > **Gérer les méthodes personnalisées**.



- Dans la zone Gérer les méthodes personnalisées, choisissez l'une des options suivantes :
  - **Créer une méthode avec formule** (si votre méthode ne comporte pas d'étalons)
  - **Créer une méthode de courbe d'étalonnage** (si votre méthode comporte des étalons)

- Dans la fenêtre des paramètres, saisissez le **Nom de la méthode** (ce nom s’affiche dans la boîte Paramétrage personnalisé sur l’instrument une fois que la méthode a été transférée dessus).

The screenshot shows the 'NanoDrop One Viewer' application window. The 'Method name' field is set to 'Custom Method 1'. Below it, the 'Description (optional)' field is empty. The 'Measurement range' section has four radio buttons: 'UV range (190 nm - 350 nm)' (selected), 'Visible range (350 nm - 840 nm)', 'UV-Vis range (190 nm - 840 nm)', and 'Custom range' (with input fields for 190 nm and 350 nm). The 'Choose factor / extinction coefficient at 1 cm pathlength' section has two radio buttons: 'User defined factor' (selected) with a value of 10 and units of ng/μl, and 'Extinction coefficient' (with input fields for value and units). The 'Molecular weight' field is empty with units of Atomic mass units (ar). The 'Baseline correction' checkbox is unchecked. The 'Automated pathlength' checkbox is unchecked. The 'Analysis wavelength' is set to 340 nm. The 'Result Name' is 'Concentration' with units of ng/μl. The 'Correction for analysis wavelength' section has three radio buttons: 'None' (selected), 'Single point' (with input fields for value and units), and 'Sloping baseline' (with input fields for value and units). The 'Formula table (optional)' section contains a table with one row: 'deb' with the equation 'A(260)/A(230)\*50-3+5' and units 'IU'. There are 'Add', 'Edit', and 'Delete' buttons next to the table.

## Paramétrer une méthode personnalisée pour la sélection Créer une méthode avec formule

- Saisissez une **Description** détaillée de la méthode, si désiré.
- Spécifiez comment calculer et rapporter les résultats de la méthode :
  - si la méthode ne comporte pas d’étalons, spécifiez le **facteur ou coefficient d’extinction de l’analyte** (saisissez « 1 » pour rapporter les mesures de l’absorbance uniquement)

This close-up shows the 'Choose factor / extinction coefficient at 1 cm pathlength' section. The 'User defined factor' radio button is selected, with a value of 10 and units of ng/μl. The 'Extinction coefficient' radio button is unselected, with empty input fields for value and units. The 'Molecular weight' field is empty with units of Atomic mass units (ar).

- si la méthode comporte des étalons, saisissez le **nom** et la **concentration** de chaque étalon et sélectionnez le type d'ajustement de courbe

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

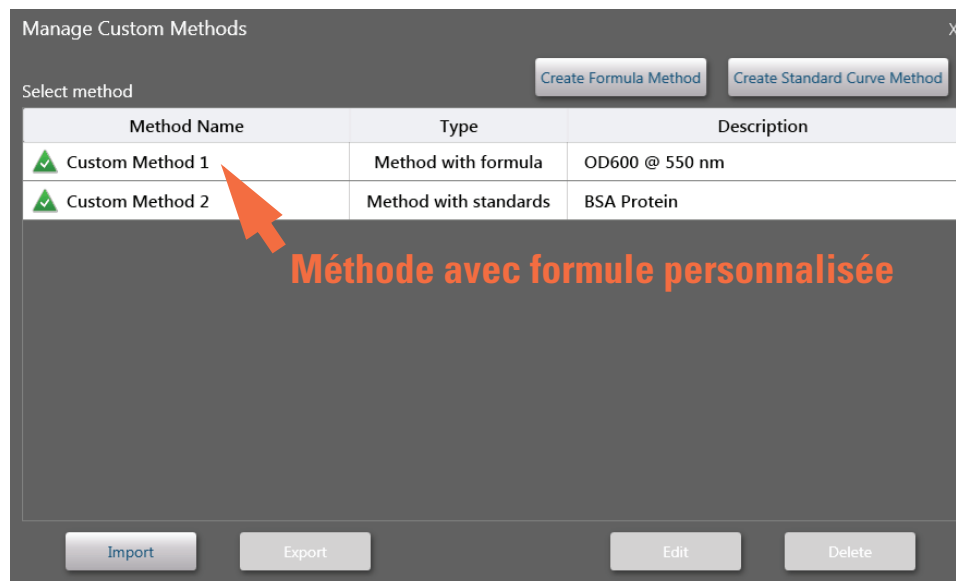
- Saisissez ou choisissez les **paramètres personnalisés** restants selon les besoins (voir ci-dessous).
- Choisissez **Enregistrer**.

**Remarque** Si cette icône  s'affiche en regard du bouton Enregistrer au lieu d'une icône de coche verte, la méthode est invalide car elle contient une erreur. Survolez l'icône avec votre souris pour afficher les solutions suggérées.

Si une icône de coche verte apparaît en haut de la méthode, appuyez sur **Fermer** pour quitter le paramétrage de la méthode.

### Afficher ou modifier une méthode personnalisée

- Choisissez **Méthodes personnalisées** (menu) > **Gérer les méthodes personnalisées** (les méthodes existantes sont listées dans la boîte Sélectionner la méthode avec leur type (formule ou étalons) et Description :



### Paramètres des méthodes personnalisées

Les paramètres suivants sont disponibles pour créer des méthodes personnalisées.

| Paramètre       | Options disponibles                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|-----------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Plage de mesure | <p>Sélectionnez la plage spectrale dans laquelle la méthode acquerra les données.<br/>Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ultra-violet uniquement (190 nm - 350 nm)</li> <li>• Visible uniquement (350 nm - 850 nm)</li> <li>• Ultra-violet et visible (190 nm - 850 nm)</li> <li>• Personnalisée (spécifiez les points de début et de fin en nanomètres)</li> </ul> <p><b>Remarques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Si une <a href="#">Correction de la ligne de base</a> et/ou une <a href="#">Correction de la longueur d'onde de l'analyse</a> sont utilisées, assurez-vous que la plage spectrale sélectionnée inclut la correction de la ligne de base et/ou la longueur d'onde de correction de l'analyse spécifiées.</li> <li>• Pour les mesures d'absorbance de micro-volumes et les mesures prises avec des cuvettes non standard (de dimensions autres que 10 mm), les spectres sont normalisés à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm.</li> </ul> |

| Paramètre                    | Options disponibles                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Longueur d'onde de l'analyse | <p>Permet de surveiller l'absorbance à la longueur d'onde spécifiée (saisir la longueur d'onde en nanomètres).</p> <p><b>Remarque :</b> La longueur d'onde spécifiée doit être comprise dans la <a href="#">plage de mesure</a> sélectionnée.</p> <p>Les résultats de la mesure ou la concentration seront calculés automatiquement en utilisant la valeur d'absorbance à la longueur d'onde spécifiée et en appliquant le type de méthode sélectionné (facteur ou courbe d'étalonnage).</p> |
| Nom du résultat              | <p>Saisissez un nom descriptif pour le résultat de concentration calculé (par exemple, « Acide nucléique ») et utilisez la liste déroulante adjacente pour sélectionner l'unité appropriée. Le nom du résultat s'affiche sous la forme d'un titre de colonne pour la valeur de concentration rapportée.</p>                                                                                                                                                                                  |



| Paramètre | Options disponibles |
|-----------|---------------------|
|-----------|---------------------|

Facteur ou coefficient d'extinction à la longueur de trajet optique de 1 cm (méthodes avec formule uniquement)

Spécifiez si utiliser le facteur ou le coefficient d'extinction pour calculer le résultat de concentration :

Choose factor / extinction coefficient at 1 cm pathlength

☒ User defined factor 10 ng/μl

☐ Extinction coefficient

Molecular weight Atomic mass

- **Facteur défini par l'utilisateur.** Saisissez le **facteur** pour un trajet optique de 1 cm et utilisez la liste déroulant adjacente pour sélectionner l'**unité** appropriée. L'équation ci-dessous montre comment le facteur est utilisé pour calculer la concentration de l'échantillon :

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

Où :

c = concentration de l'analyte

A = absorbance en unités d'absorbance (A)

f = facteur (typiquement 1/ε, où ε = coefficient d'absorptivité molaire dépendant de la longueur d'onde ou coefficient d'extinction)

b = longueur du trajet optique en cm (déterminée au moment de la mesure, puis normalisée à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm (1 cm)).

- **Coefficient d'extinction et poids moléculaire.** Saisissez le **coefficient d'extinction** pour une longueur de trajet optique de 1 cm et utilisez la liste déroulante adjacente pour sélectionner l'**unité** appropriée. L'équation ci-dessous montre comment le coefficient d'extinction est utilisé pour calculer la concentration de l'échantillon :

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

Où :

c = concentration de l'analyte

A = absorbance en unités d'absorbance (A)

ε = coefficient d'absorptivité molaire dépendant de la longueur d'onde ou coefficient d'extinction

b = longueur du trajet optique en cm (déterminée au moment de la mesure, puis normalisée à l'équivalent d'une longueur de trajet optique de 10 mm (1 cm))

| Paramètre | Options disponibles                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|-----------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|           | <b>Remarques :</b> <ul style="list-style-type: none"><li>• Consultez la documentation produit pour toutes informations sur les facteurs et les coefficients d'extinction de matériaux spécifiques.</li><li>• Pour configurer une méthode qui ne rapporte que les mesures d'absorbance, sélectionnez Facteur ou Coefficient d'extinction avec le facteur ou le coefficient d'extinction sur « 1 ».</li><li>• Si l'unité spécifiée pour le facteur ou le coefficient d'extinction est basée sur la masse (par ex., mg/ml) et que l'unité spécifiée pour le résultat du calcul est basée sur la molarité (par ex. mol/μl) ou vice versa, saisissez le <b>poids moléculaire</b> et utilisez la liste déroulante adjacente pour sélectionner l'<b>unité</b> appropriée.</li></ul> |

| Paramètre | Options disponibles |
|-----------|---------------------|
|-----------|---------------------|

|                                                      |                          |
|------------------------------------------------------|--------------------------|
| Étalons (méthodes de courbe d'étalonnage uniquement) | Définissez les étalons : |
|------------------------------------------------------|--------------------------|

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

- Saisissez le nom et la concentration d'analyte de chaque étalon et une référence, si désiré :
  - Selon le paramètre Type de courbe, il est possible de générer une courbe d'étalonnage en utilisant deux étalons ou plus. (Le logiciel **autorise une référence et jusqu'à 7 étalons.**)
  - **Toutes les solutions de référence et d'étalons** doivent utiliser le même tampon que celui utilisé pour remettre en suspension les échantillons auquel on ajoutera le même volume de réactif ajouté aux échantillons.
  - Le **premier étalon** peut être une mesure de référence. La solution de référence ne doit contenir aucun des analytes d'intérêt. (La mesure de référence n'est pas la même chose que la mesure du blanc.)
  - Les **valeurs de concentration des étalons** peuvent être saisies dans n'importe quel ordre, mais les étalons doivent être mesurés dans l'ordre dans lequel ils ont été saisis ; les meilleures pratiques suggèrent cependant de mesurer les étalons de la plus basse concentration du stock d'analyte d'étalonnage à la plus haute.
  - La **plage de concentration des étalons** doit couvrir la gamme dynamique du dosage et la gamme attendue des échantillons inconnus. Les concentrations des analytes des échantillons ne sont pas extrapolées au-delà de la concentration de l'étalon le plus élevé.

Pour plus d'informations, reportez-vous à [Travailler avec les courbes d'étalonnage](#).

| Paramètre                                     | Options disponibles                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|-----------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                               | <ul style="list-style-type: none"> <li>Sélectionnez le type d'ajustement de courbe.</li> </ul> <p>Spécifiez le type d'équation utilisé pour créer la courbe d'étalonnage à partir des valeurs de concentration des étalons. Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li><b>Linéaire</b> : Tracez la courbe des moindres carrés linéaire à travers tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li><b>Interpolation</b> : Tracez une série de droites pour connecter tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins un étalon).</li> <li><b>Polynomiale d'ordre 2</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 2 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins deux étalons).</li> <li><b>Polynomiale d'ordre 3</b> : Tracez la polynômiale d'ordre 3 des moindres carrés en utilisant tous les étalons mesurés (requiert une mesure de référence et au moins trois étalons).</li> </ul> |
| Correction de la ligne de base                | <p>Sélectionnez cette option pour corriger le décalage causé par les particules de diffusion de la lumière en soustrayant la valeur d'absorbance à un point spécifié de la ligne de base. Spécifiez ensuite la longueur d'onde pour la correction de la ligne de base.</p> <p><b>Remarque</b> : Le logiciel soustrait la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée des valeurs d'absorbance à toutes les longueurs d'onde du spectre de l'échantillon. Résultat, l'absorbance du spectre de l'échantillon est égale à zéro à la longueur d'onde de correction de la ligne de base spécifiée.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Correction de la longueur d'onde de l'analyse | <p>Utilisez cette option pour spécifier la correction de l'absorbance uniquement à la longueur d'onde de l'analyse. Options disponibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li><b>Aucun</b>. Pas de correction de la longueur d'onde de l'analyse.</li> <li><b>Point unique</b>. Saisissez la longueur d'onde pour la correction de l'analyse. La valeur d'absorbance à la longueur d'onde de correction d'analyse spécifiée est soustraite de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de l'analyse. La valeur corrigée est utilisée pour calculer la concentration de l'échantillon.</li> <li><b>Pente de la ligne de base</b>. Entrez deux longueurs d'onde qui définissent la pente de la ligne de base pour la correction de l'analyse. La valeur d'absorbance de la pente de la ligne de base à la longueur d'onde d'analyse est soustraite de la valeur d'absorbance à la longueur d'onde de l'analyse. La valeur corrigée est utilisée pour calculer la concentration de l'échantillon.</li> </ul>               |

| Paramètre                                     | Options disponibles                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|-----------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Longueur d'onde du trajet optique automatisée | <p>Influe uniquement sur les mesures de micro-volumes.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Lorsque que Longueur d'onde du trajet optique automatisée est sélectionné, le logiciel sélectionne le trajet optique optimal (entre 1,0 mm et 0,03 mm) sur la base de l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse. Par exemple, lorsque l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde de l'analyse est inférieure ou égale à 12,5 (équivalente à une longueur de trajet optique de 10 mm), la longueur de trajet optique plus longue optimale est utilisée. Lorsque l'absorbance de l'échantillon est supérieure à 12,5, la longueur de trajet optique plus courte optimale est utilisée. Cette option est recommandée pour les échantillons qui sont hautement absorbants à la longueur d'onde de l'analyse (elle peut être à l'origine d'une sensibilité réduite lorsque les spectres d'échantillon ont un pic d'absorbance important qui n'est pas à la longueur d'onde de l'analyse).</li> </ul> <p><b>Remarque :</b> Lorsque la longueur d'onde de l'analyse est comprise entre 190 nm et 219 nm, la longueur de trajet optique plus longue optimale est utilisée lorsque l'absorbance de l'échantillon est inférieur ou égale à 10 (équivalente à une longueur de trajet optique de 10 mm), et la longueur de trajet optique plus courte optimale est utilisée lorsque l'absorbance de l'échantillon est supérieure à 10.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Lorsque Longueur d'onde du trajet optique automatisée est désélectionné, le logiciel utilise une longueur de trajet optique de 1 mm quelle que soit l'absorbance de l'échantillon. Cela peut déterminer la saturation du réducteur (ce qui résultera en des pics en escalier) pour les échantillons très absorbants (par ex., ~15 A à l'équivalent d'un trajet optique de 10 mm).</li> </ul> |

| Paramètre                          | Options disponibles                                                                                                                                |
|------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Tableau de formules<br>(en option) | Utilisez le Tableau de formules pour spécifier les résultats rapportés supplémentaires, par exemple un rapport de pureté, pour chaque échantillon. |

Formula table (optional)

| Name | Equation | Units |
|------|----------|-------|
|      |          |       |

Predefined  
Add  
Edit  
Delete

Options disponibles :

- **Prédéfini.** Sélectionnez parmi une liste de formules prédéfinies, qui peuvent être utilisées telles quelles ou être modifiées, et choisissez **Ajouter**. La formule prédéfinie est listée dans le Tableau de formules.
- **Ajouter.** Permet de créer des formules pour la méthode actuelle.  
Options disponibles :
  - **Nom de la formule.** Saisissez un nom pour la formule. Après une mesure, ce nom apparaît dans les écrans Tableau de données et Détails de l'échantillon.
  - **Formule.** Saisissez une formule valide (voir les règles et exemples ci-dessous). Après une mesure, la valeur mesurée ou calculée est rapportée dans les écrans Tableau de données et Détails de l'échantillon.
  - **Unité.** Saisissez une unité pour le résultat rapporté. Après une mesure, cette unité apparaît dans les écrans Tableau de données et Détails de l'échantillon.
- **Modifier.** Permet de modifier une formule sélectionnée pour la méthode actuelle.
- **Supprimer.** Permet de supprimer une formule sélectionnée pour la méthode actuelle.

| Paramètre                     | Options disponibles                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|-------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Règles relatives aux formules | <p>Les formules personnalisées peuvent inclure les opérateurs et fonctions suivants :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Trajet()</b>. Retourne la longueur du trajet optique de l'échantillon en cm.</li> <li>• <b>A(nm)</b>. Retourne l'absorbance de l'échantillon à la longueur d'onde spécifiée (par exemple, saisissez A(650) pour ajouter l'absorbance mesurée à 650 nm à votre équation).</li> <li>• <b>Opérateurs</b> : + (ajouter), - (soustraire), * (multiplier), / (diviser).</li> <li>• <b>Fonctions</b> : Log(x), Pow(x,y).</li> </ul> <p><b>Remarques</b> : Suivez les règles supplémentaires suivantes pour toutes les langues :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Utilisez le point « . » comme séparateur décimal pour les nombres en virgule flottante et en double virgule flottante.</li> <li>• Utilisez la virgule « , » comme séparateur de liste (par exemple, « POW(2,8) »).</li> <li>• N'utilisez pas la virgule « , » comme séparateur de groupes pour les grands nombres (par exemple, saisissez 1000 et non pas 1,000).</li> </ul> |

## Copier une méthode personnalisée

Pour créer une méthode personnalisée similaire à une méthode existante, enregistrez la méthode existante sous un nouveau nom puis modifiez la nouvelle méthode.

### Copier une méthode personnalisée

- À partir de la boîte Gérer les méthodes personnalisées, sélectionnez une méthode personnalisée.
- Choisissez **Modifier**.
- Choisissez **Enregistrer sous**.
- Entrez le nouveau **Nom de la méthode** et sa **Description** (facultatif).

## Exécuter une méthode personnalisée

Si vous souhaitez exécuter une méthode personnalisée et enregistrer les résultats des mesures sur l'instrument, la méthode doit également être présente sur l'instrument (reportez-vous à [Charger une méthode personnalisée](#) pour plus de détails). (C'est la seule manière d'exécuter une méthode personnalisée si votre instrument n'est pas connecté à l'ordinateur à l'aide d'un câble Ethernet ou via un réseau sans fil).

**Remarque** Si l'ordinateur est connecté à l'instrument à l'aide d'un câble Ethernet ou via un réseau sans fil, les méthodes personnalisées peuvent être présentes sur l'ordinateur et les résultats des mesures seront enregistrés dans la base de données NanoDrop One Viewer sur cet ordinateur. Pour de plus amples informations, reportez-vous à « Configurer la connexion Ethernet » ou « Configurer les connexions Wi-Fi » dans [Installer l'instrument](#).

## Exporter une méthode personnalisée

Exportez une méthode personnalisée afin de l'exécuter et de stocker les résultats des mesures sur l'instrument NanoDrop One.

- À partir de la boîte Gérer les méthodes personnalisées, sélectionnez une méthode personnalisée.

**Remarque** Si cette icône  s'affiche en regard du nom de la méthode dans la boîte Gérer les méthodes personnalisées, la méthode est invalide car elle contient une erreur. Survolez l'icône avec votre souris pour afficher les solutions suggérées.

- Choisissez **Exporter** (si la méthode est invalide, un message d'erreur s'affiche ; les erreurs doivent être corrigées pour pouvoir exporter la méthode).
- Dans la boîte Exporter méthode personnalisée, choisissez **Enregistrer** (la méthode est exportée dans le fichier de méthode (\*extension de nom de fichier .method) dans un format propriétaire, le dossier par défaut « C:\[nom utilisateur]\My Documents\Thermo\NanoDrop One »)

Pour transférer la méthode sur l'instrument NanoDrop One, copiez le fichier de méthode sur un dispositif USB puis chargez la méthode (reportez-vous à [Charger une méthode personnalisée](#) pour plus de détails).



## Importer une méthode personnalisée

Réimportez une méthode personnalisée sur un ordinateur exécutant le logiciel NanoDrop One Viewer afin de modifier les paramètres de la méthode.

- À partir de la boîte Gérer les méthodes personnalisées, choisissez **Importer**.
- Localisez et sélectionnez le fichier « .method ».
- Choisissez **Ouvrir** (la méthode importée est ajoutée à la fin de la liste Sélectionner la méthode).

## Modifier une méthode personnalisée

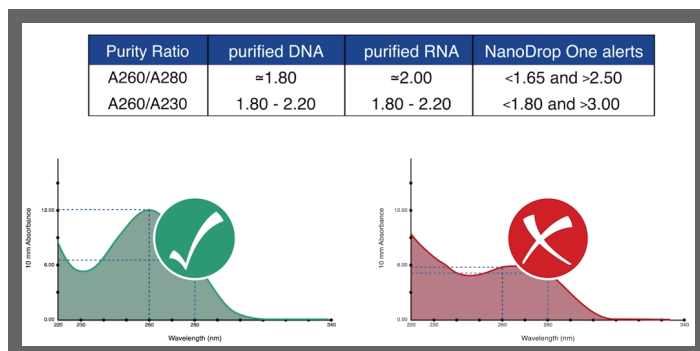
Modifiez une méthode personnalisée pour en modifier les paramètres.

- À partir de la boîte Gérer les méthodes personnalisées, sélectionnez une méthode personnalisée.
- Choisissez **Modifier**.
- Modifiez les paramètres de la méthode à votre gré.
- Choisissez **Enregistrer**.

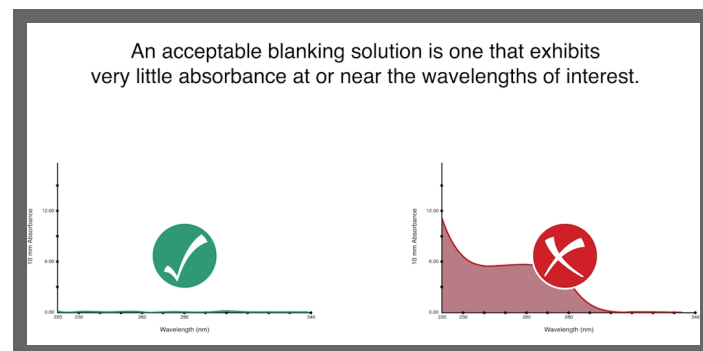
## Supprimer une méthode personnalisée

- À partir de la boîte Gérer les méthodes personnalisées, sélectionnez une méthode personnalisée.
- Choisissez **Supprimer**.
- Après le message de confirmation, choisissez **Oui**.

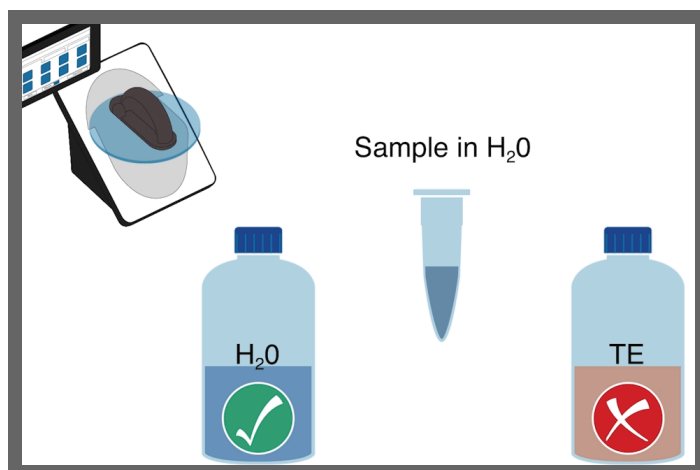
## Multimédia



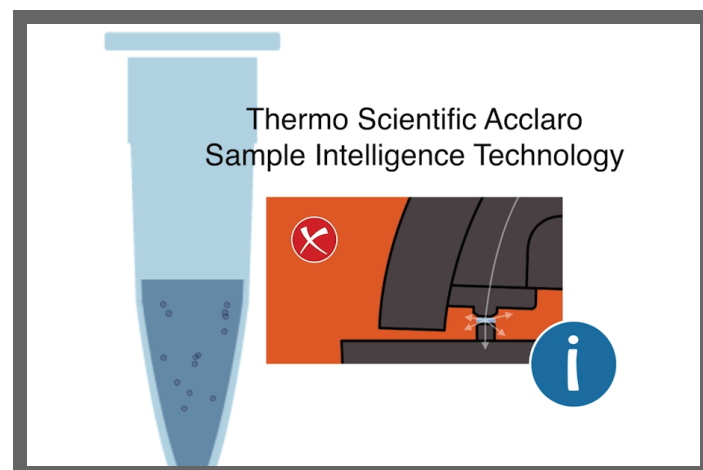
Qu'est-ce qu'un rapport de pureté ?



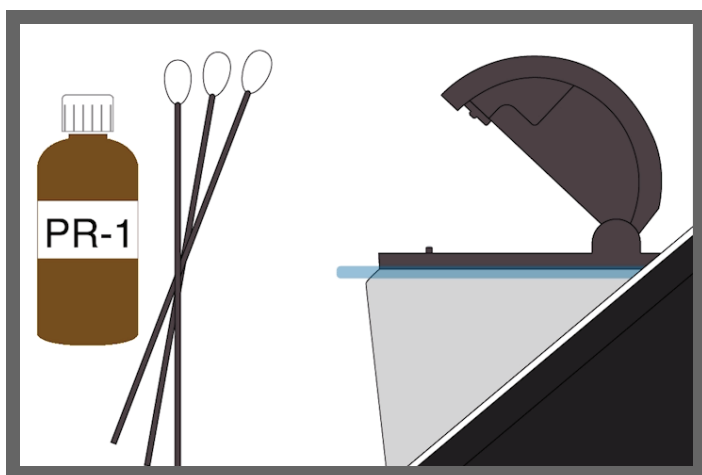
Évaluer l'adéquation d'une solution à blanc



Qu'est-ce qu'un blanc ?



Effets des bulles dans les échantillons



### Nettoyage et reconditionnement des socles



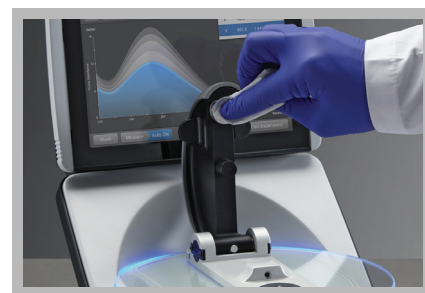
## Entretien de l'instrument



**Programme d'entretien**



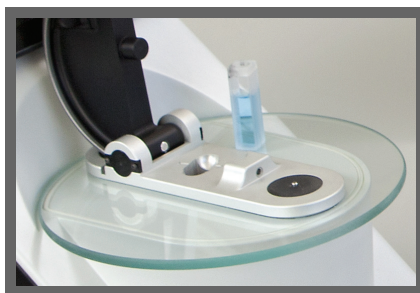
**Nettoyer l'écran tactile**



**Entretien des socles**



**Décontaminer**



**Système avec cuvette**



**Diagnostics de l'instrument**

# Programme d'entretien

## Entretien quotidien

- Nettoyer les socles avec de l'eau déminéralisée

## Entretien périodique

- Nettoyer l'écran tactile
- Nettoyer les socles avec du HCl à 0,5 M
- Reconditionner les socles



## Tous les 6 mois

- Reconditionner les socles
- Exécuter la [Vérification de l'intensité](#)
- Exécuter la [Vérification de la performance](#)
- Exécuter la [Vérification des images du socle](#)

Si vous rencontrez un problème avec votre système, consultez les informations de dépannage. Si le problème persiste, contactez-nous. Si vous vous trouvez en dehors des États-Unis et du Canada, veuillez contacter votre distributeur local.

Si votre instrument a besoin d'entretien ou d'une réparation, [contactez-nous](#) ou contactez votre distributeur local.

## Nettoyage de l'écran tactile

**AVIS** Pour éviter d'endommager définitivement l'écran tactile, vous ne devez pas :

- le nettoyer avec un matériau abrasif comme un essuie-tout en papier ;
- exercer une pression excessive ;
- vaporiser du liquide directement sur l'écran tactile ;
- mettre du lubrifiant sur le mécanisme qui fait coulisser l'écran tactile.

### Nettoyer l'écran tactile

Essayez délicatement l'écran tactile avec une lingette non-pelucheuse douce, par exemple en microfibre.

Si nécessaire, utilisez un produit spécial écran LCD et suivez les recommandations du fabricant.

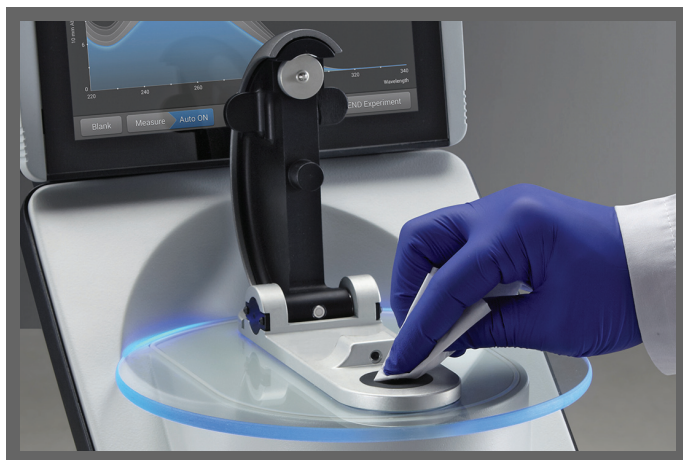
### Sujets similaires

- [Nettoyer les socles](#)
- [Reconditionner les socles](#)
- [Décontaminer l'instrument](#)



## Entretien des socles

Les socles doivent être entretenus régulièrement pour assurer l'intégrité des mesures. Les échéances et les procédures de nettoyage et de reconditionnement des socles sont indiquées ci-dessous.



**Nettoyer les socles**



**Reconditionner les socles**



## Nettoyage des socles

Pour éviter toute rémanence et contamination croisée, nettoyez les socles avant de faire le blanc pour la première fois ou avant la première mesure d'échantillon, ainsi qu'à la fin de chaque mesure. Un nettoyage supplémentaire (voir ci-dessous) ou un [reconditionnement](#) peuvent être nécessaires dans le cadre de l'entretien périodique.

### AVIS

- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.
- Pour éviter tout dommage dû à des déversements, conservez les récipient contenant des liquides loin de l'instrument.
- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.
- N'essayez pas de retirer la membrane qui entoure le socle car elle est fixée de façon inamovible à l'instrument.
- Ne laissez pas de HCl, d'alcool, d'eau de Javel, d'acétone ou d'autres solvants en contact avec la membrane pendant plus d'une minute car ils pourraient détendre les joints. Si la membrane se détend, [contactez-nous](#).

**Remarque** Les solutions contenant des détergents ou de l'alcool isopropylique peuvent détériorer la condition des socles. Si elles sont requises pour des analyses d'échantillons, faites-les suivre immédiatement de 3 à 5 µl de DI H<sub>2</sub>O.

## 4 Entretien de l'instrument

### Entretien des socles

### Consommables nécessaires

- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- Eau déminéralisé (DI H<sub>2</sub>O)
- Pour un nettoyage complet : [Kit PR-1](#) ou HCl à 0,5 M

### Nettoyer les socles entre deux mesures

Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.

### Nettoyer les socles entre deux utilisateurs

1. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette de laboratoire.
2. Pipetez 3 à 5 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur.
3. Abaissez le bras et attendez 2 à 3 minutes.
4. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.

**Conseil :** lorsqu'un nettoyage complet est requis (par exemple, pour retirer des résidus d'échantillon secs restés sur les socles), remplacez le HCl à 0,5 M par du DI H<sub>2</sub>O dans la procédure ci-dessus et enchaînez avec 3 à 5 µl de DI H<sub>2</sub>O. Vous pouvez aussi [reconditionner les socles](#) en utilisant le composé PR-1.



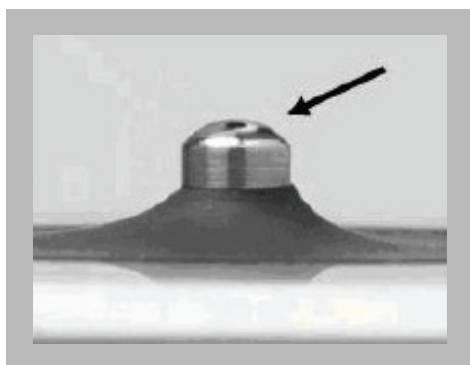
### Sujets similaires

- [Reconditionner les socles](#)
- [Nettoyer l'écran tactile](#)
- [Décontaminer l'instrument](#)

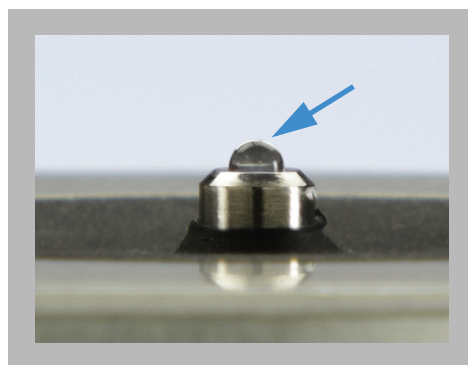
## Reconditionnement des socles

Les surfaces des socles peuvent perdre leurs propriétés « conditionnées » dans le temps, en particulier après des mesures avec de l'alcool isopropylique ou des solutions qui contiennent des tensioactifs ou des détergents, par exemple du [réactif de Bradford](#). Avec un socle non-conditionné, les gouttelettes risquent de « s'aplatir » sur le socle inférieur et d'empêcher la colonne liquide de se former correctement à l'abaissement du bras. Le spectre obtenu risque d'être « approximatif » ou « en escalier ».

Si les échantillons s'aplatissent sur le socle (au lieu de former une gouttelette bien ronde) ou si la colonne liquide est rompue pendant une mesure, reconditionnez les socles.



**Socle non conditionné**  
(la gouttelette s'aplatit)



**Socle conditionné correctement**  
(la gouttelette est bien ronde)

## Consommables nécessaires

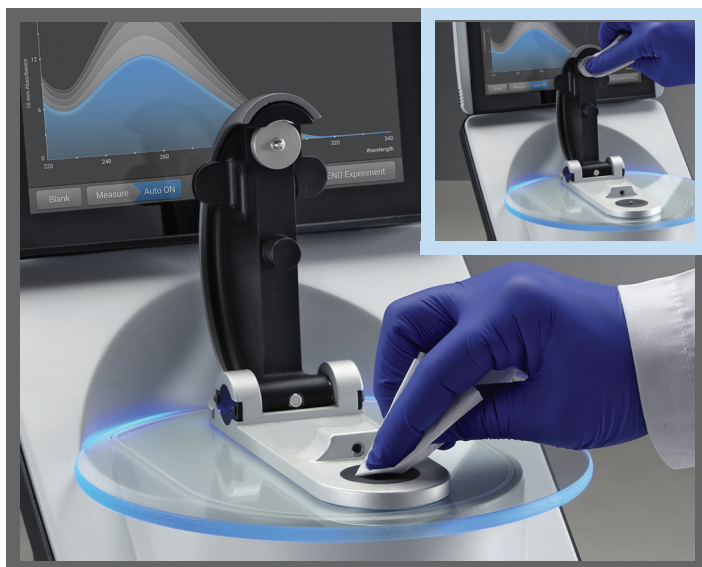
- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- [Kit de reconditionnement de socles PR-1](#) (disponible en nous contactant ou en contactant un distributeur)
- Pipeteur de précision étalonné (0–2 µl)
- Air comprimé (spray)

## Reconditionner les socles



1. Ouvrez le récipient du composé PR-1 et utilisez l'applicateur fourni pour retirer une quantité de la taille d'une tête d'épingle du composé.
2. Appliquez une couche fine uniforme de composé de reconditionnement sur la surface des socles supérieur et inférieur.

Attendez 30 secondes que le composé PR-1 sèche.



3. Pliez en quatre une lingette de laboratoire et utilisez-la pour tamponner énergiquement la surface de chacun des socles.

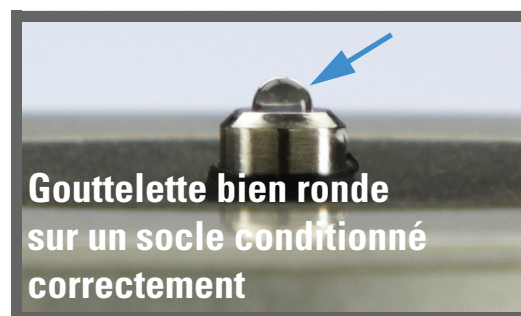
**Avis :** soutenez le bras de l'instrument d'une main pendant que vous tamponnez le socle supérieur pour éviter d'abîmer le bras.

**Conseil :** la présence de résidus noirs sur la lingette est normale.

4. Répétez l'étape 3 avec une nouvelle lingette pliée jusqu'à ce que tous les résidus soient éliminés des socles et que la lingette soit propre.
5. Utilisez un spray à air comprimé pour retirer tous les résidus de papier des socles.



6. Pipetez 1 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur.  
Le DI H<sub>2</sub>O doit former une gouttelette ronde.



**Conseil** Le composé de reconditionnement de socles PR-1 est la manière la plus simple de reconditionner les socles. Si vous n'avez pas de kit PR-1, suivez les étapes ci-après :

1. Relevez le bras de l'instrument et pipetez 3 µl de HCl à 0,5 M sur le socle inférieur.
2. Abaissez le bras et attendez 2 à 3 minutes.
3. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette de laboratoire.
4. Pipetez 3 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur.
5. Abaissez le bras et attendez 2 à 3 minutes.
6. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.

**AVIS** : soutenez le bras de l'instrument d'une main pendant que vous tamponnez le socle supérieur pour éviter d'abîmer le bras.

7. Pliez en quatre une lingette de laboratoire et utilisez-la pour tamponner énergiquement la surface de chacun des socles à au moins 50 reprises.
8. Utilisez un spray à air comprimé pour retirer tous les résidus de papier des socles.

### Sujets similaires

- [Kit de reconditionnement de socle PR-1](#)
- [Nettoyer les socles](#)
- [Nettoyer l'écran tactile](#)
- [Décontaminer l'instrument](#)

## Décontamination de l'instrument

Décontaminez l'instrument après la mesure d'échantillons qui contenaient des [matières dangereuses](#) et avant de nous retourner l'instrument pour l'entretien ou une réparation.

**Remarque** Si votre instrument nécessite un entretien ou une réparation, [contactez-nous](#) ou contactez votre distributeur local.

### AVIS

- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.
- Pour éviter tout dommage dû à des déversements, conservez les récipient contenant des liquides loin de l'instrument.
- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémédiables.
- N'essayez pas de retirer la membrane qui entoure le socle car elle est fixée de façon inamovible à l'instrument.
- Ne laissez pas de HCl, d'alcool, d'eau de Javel, d'acétone ou d'autres solvants en contact avec la membrane pendant plus d'une minute car ils pourraient détendre les joints. Si la membrane se détend, [contactez-nous](#).

### Consommables nécessaires

- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- Eau déminéralisé (DI H<sub>2</sub>O)
- Solution d'hypochlorite de sodium à 0,5 % (dilution 1:10 pour l'eau de Javel commerciale, préparée fraîche)
- Pipeteur



## Décontaminer les socles

1. Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.
2. Pipetez 2 à 3 µl de solution d'eau de Javel diluée (reportez-vous à [Consommables nécessaires](#)) sur le socle inférieur.
3. Abaissez le bras et attendez 2 à 3 minutes.
4. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.
5. Pipetez 3 à 5 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur.
6. Abaissez le bras et attendez 2 à 3 minutes.
7. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.



## Décontaminer les surfaces de l'instrument

1. Humidifiez un chiffon ou une lingette de laboratoire doux et propre avec la solution d'eau de Javel diluée (reportez-vous à [Consommables nécessaires](#)) et utilisez-le pour essuyer délicatement les surfaces extérieures de l'instrument.
2. Utilisez un chiffon ou une lingette propre imbibé de DI H<sub>2</sub>O pour retirer la solution d'eau de Javel.



### Sujets similaires

- [Nettoyer les socles](#)
- [Reconditionner les socles](#)
- [Nettoyer l'écran tactile](#)

## Entretien du système d'échantillonnage à cuvette

Le système d'échantillonnage à cuvette n'est fourni qu'avec le modèle d'instrument NanoDrop One<sup>C</sup>. Pour plus d'informations sur les cuvettes compatibles, reportez-vous à [Mesurer un échantillon en utilisant une cuvette](#).

**Remarque** Nettoyez et essuyez les cuvettes après chaque mesure. Utilisez des cuvettes qui ne présentent pas de rayures et évitez de laisser des empreintes digitales qui pourraient influencer sur les résultats.

**AVIS** N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irrémediables.

### Entretien du système d'échantillonnage à cuvette

- Laissez le bras de l'instrument fermé quand l'instrument n'est pas utilisé.
- Utilisez un spray à air comprimé pour retirer toute poussière du porte-cuvette.
- Nettoyez les éventuelles éclaboussures dans le porte-cuvette avec une lingette de laboratoire neuve.

Pour le nettoyage et l'entretien des cuvettes, suivez les recommandations du fabricant de la cuvette.



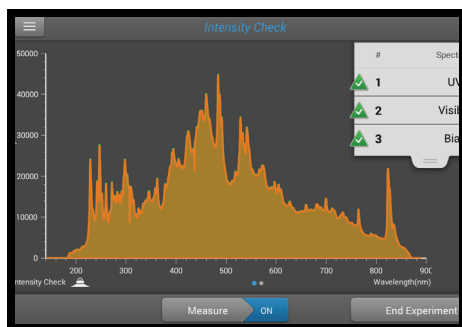
### Sujets similaires

- [Mesurer un échantillon avec une cuvette](#)
- [Meilleures pratiques pour les mesures avec une cuvette](#)

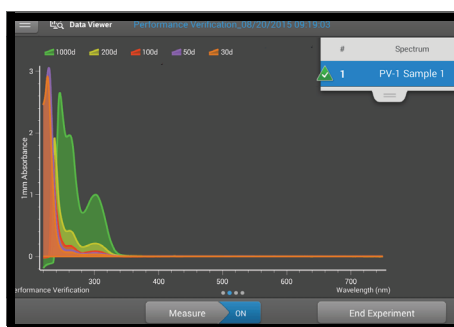


## Diagnostics de l'instrument

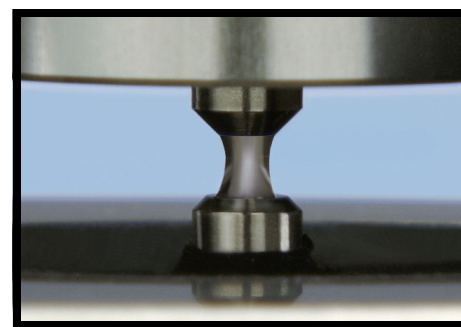
Tous les six mois, exécutez les vérifications de performance et de qualité pour vérifier le fonctionnement de l'instrument.



**Vérification de l'intensité**



**Vérification de la performance**



**Vérification des images du socle**

## Vérification de l'intensité

Exécutez la vérification de l'intensité tous les six mois pour vérifier le fonctionnement des composants internes de l'instrument. Le test mesure l'intensité de la lumière de la source au xénon à travers l'instrument pour vérifier que le débit, la précision de la longueur d'onde et le décalage entrent dans les spécifications. Si l'instrument est doté d'un porte-cuvette (modèle NanoDrop One<sup>C</sup> uniquement), le test est répété automatiquement en utilisant le trajet optique de la cuvette.

### Consommables nécessaires

- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses

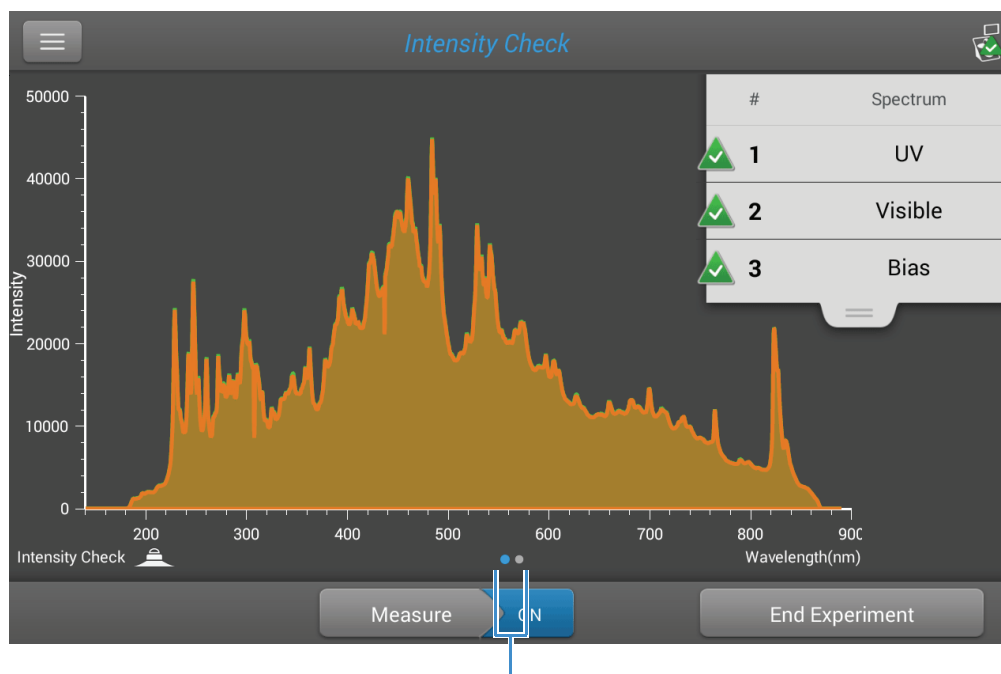
## Exécuter la vérification de l'intensité

1. Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.
2. Pour l'instrument modèle NanoDrop One<sup>C</sup>, retirez la cuvette du porte-cuvette.
3. Abaissez le bras.

4. À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur  (Diagnostics) puis sur **Vérification de l'intensité**.

5. Appuyez sur **Mesurer** et attendez que la mesure soit terminée.

Voici un exemple d'écran de résultats de la vérification de l'intensité.

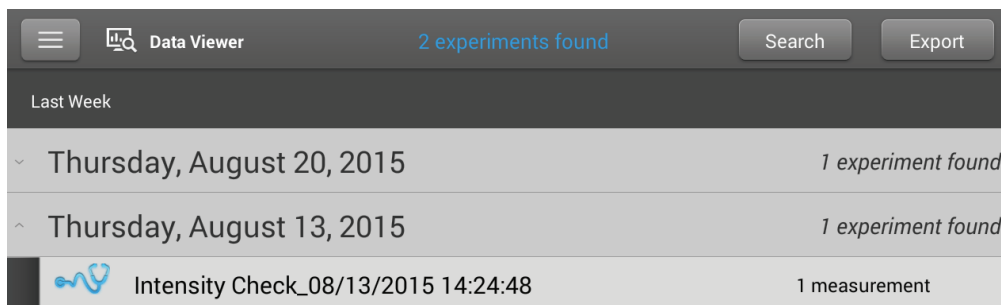


**Balayez l'écran vers la gauche**  
pour afficher les résultats détaillés

6. Pour réexécuter la vérification de l'intensité, appuyez sur **Mesurer**.

7. Quand vous avez terminé, appuyez sur **Fin de l'expérience**.

Une fois le test terminé, les résultats sont disponibles dans l'Afficheur de données (reportez-vous à l'exemple ci-dessous). Pour plus de détails, reportez-vous à [Gérer les identifiants sur l'instrument](#).



The screenshot shows the 'Data Viewer' interface. At the top, it says '2 experiments found'. Below this, there is a list of experiments under the heading 'Last Week'.

| Date                      | Experiment Name                     | Count              |
|---------------------------|-------------------------------------|--------------------|
| Thursday, August 20, 2015 |                                     | 1 experiment found |
| Thursday, August 13, 2015 |                                     | 1 experiment found |
|                           | Intensity Check_08/13/2015 14:24:48 | 1 measurement      |

## Interpréter les résultats de la vérification de l'intensité

Si un des indicateurs suivants :

- UV
- Visible
- Décalage

Présente un triangle jaune à la place des coches vertes indiquées ci-dessus, [nettoyez les socles avec de l'eau déminéralisée](#), puis répétez la Vérification de l'intensité.

S'il y a un triangle jaune à côté de l'indicateur Décalage, vérifiez que la pièce entre dans les spécifications de température données pour l'instrument.

Si la Vérification de l'intensité échoue de nouveau, [contactez-nous](#) !

### Sujets similaires

- [Vérification de la performance](#)
- [Vérification des images du socle](#)

## Vérification de la performance

Exécutez la Vérification de la performance tous les six mois pour confirmer que la précision de la longueur du trajet optique entre dans les spécifications.

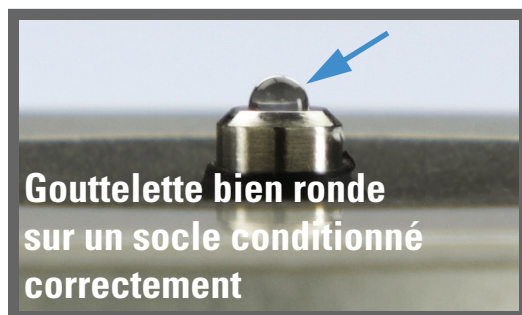
### Consommables nécessaires

- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses
- Eau déminéralisé (DI H<sub>2</sub>O)
- Pipeteur de précision étalonné (0–2 µl)
- [Solution de vérification de performance PV-1](#) (étalon photométrique liquide disponible uniquement en nous contactant ou en contactant un distributeur)
- Gants de laboratoire

**Remarque** La solution PV-1 est fournie sous la forme d'une ampoule à usage unique. Avant d'ouvrir l'ampoule, secouez-la énergiquement, puis attendez que tout le liquide redescende dans la partie inférieure de l'ampoule. Une fois l'ampoule ouverte, son contenu doit être utilisé dans l'heure qui suit. Pipetez directement le liquide de l'ampoule : ne transférez pas la solution.

### Avant de commencer

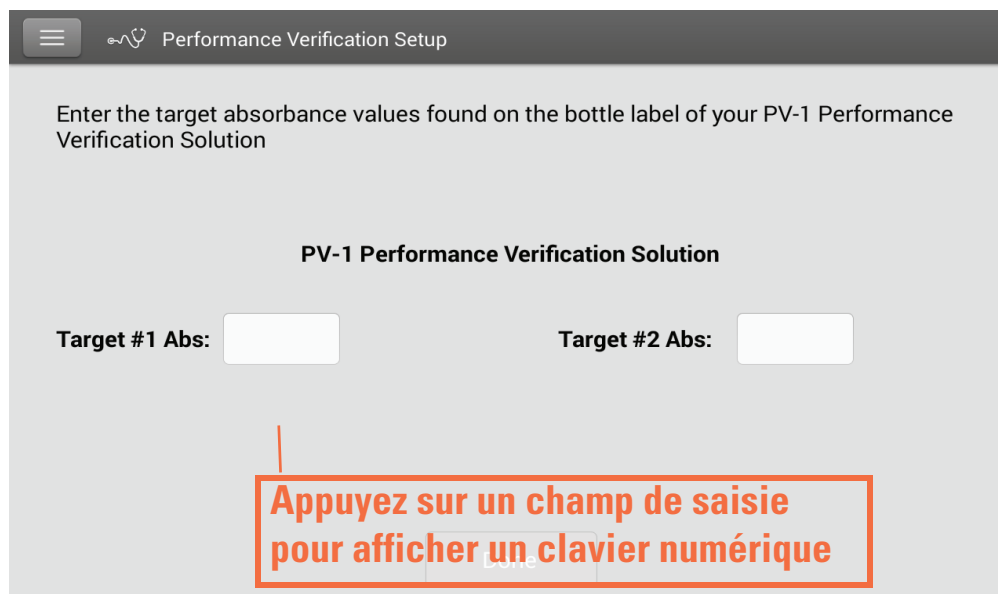
Commencez par vérifier que les socles sont conditionnés correctement. Pour tester le conditionnement des socles, nettoyez les socles avec une lingette de laboratoire neuve, puis pipetez 1 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur. La gouttelette doit être bien ronde comme illustré ci-dessus. Si ce n'est pas le cas, [reconditionnez les deux socles](#).



## Exécuter la vérification de la performance

1. À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur  (Diagnostics) puis sur **Vérification de la performance**.

Un message demande les valeurs d'absorbance cibles.



2. Saisissez chacune des valeurs d'absorbance cibles spécifiques du lot d'après l'étiquette de l'ampoule de PV-1 dans le champ de saisie correspondant et appuyez sur **Terminé**.
3. Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.
4. Pipetez 1 µl de DI H<sub>2</sub>O sur le socle inférieur, abaissez le bras, puis appuyez sur **Blanc**.
5. Relevez le bras et nettoyez les deux socles avec une nouvelle lingette.

**Remarque** Secouez énergiquement l'ampoule de solution PV-1, attendez que tout le liquide redescende dans la partie inférieure de l'ampoule, puis suivez les pratiques standard pour l'ouvrir.

6. Pipetez 1 µl de solution PV-1 sur le socle inférieur et commencez la mesure de l'échantillon :

- Si **Mesure automatique** est activé, abaissez le bras.
- Si **Mesure automatique** est désactivé, abaissez le bras et appuyez sur **Mesurer**.

Après la mesure, le logiciel affiche les résultats. Voici un exemple d'écran de résultats de la vérification de la performance.

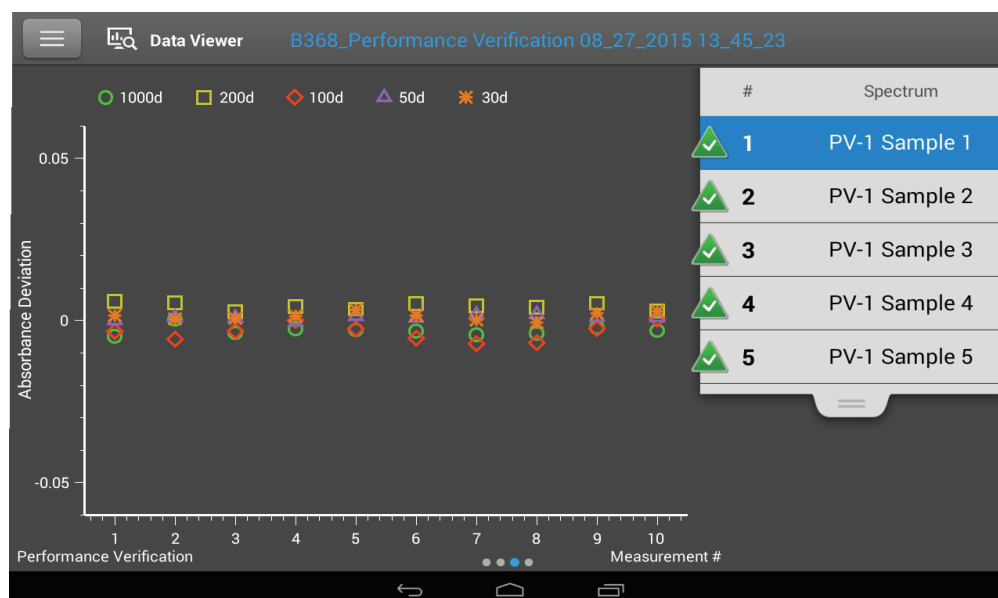
Longueurs de trajet optique mesurées



**Balayez l'écran vers la gauche**  
pour afficher les résultats détaillés

- Répétez l'étape 6 pour mesurer la solution PV-1 neuf fois de plus en utilisant une nouvelle aliquote de 1  $\mu$ l pour chaque mesure et en nettoyant les deux socles après chaque mesure.

Après chaque mesure, le résultat d'un nouvel échantillon s'ajoute à l'affichage. Balayez l'écran vers la gauche pour visualiser un résumé de 10 résultats d'échantillons.

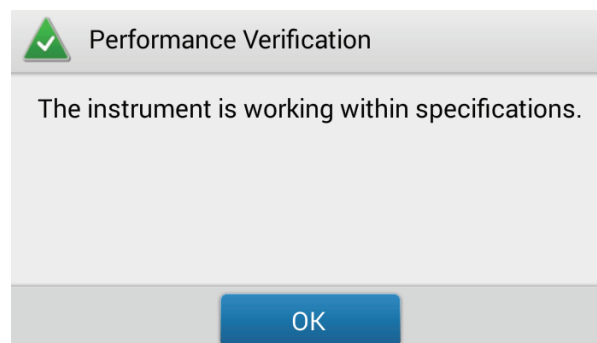


Balayez l'écran vers la gauche de nouveau pour visualiser des détails de mesure supplémentaires, ainsi que le résultat général du test.

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

## Résultat du test de performance

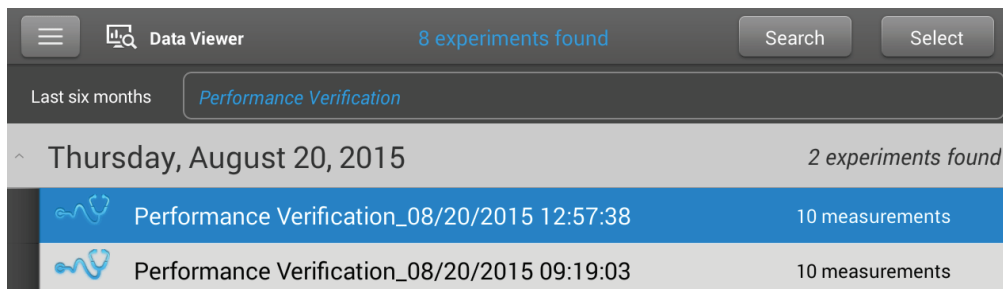
Après la dixième mesure, un message indique si l'instrument a réussi la vérification de la performance ou a échoué :



- Si l'instrument a échoué, répétez immédiatement l'étape 6 en utilisant dix aliquotes de 2 µl de solution PV-1.

9. Lorsque vous avez terminé, appuyez sur **Fin de l'expérience** et [nettoyez les deux socles avec 3 à 5 µl de DI H<sub>2</sub>O](#).

Une fois le test terminé, les résultats sont disponibles dans l’Afficheur de données (reportez-vous à l’exemple ci-dessous). Pour plus de détails, reportez-vous à [Gérer les identifiants sur l'instrument](#).



The screenshot shows the 'Data Viewer' interface. At the top, it says '8 experiments found' with 'Search' and 'Select' buttons. Below is a filter bar with 'Last six months' and a search box containing 'Performance Verification'. The main table lists data for 'Thursday, August 20, 2015', with '2 experiments found'. Two entries are shown, each with a stethoscope icon, a timestamp, and '10 measurements'.

| Thursday, August 20, 2015 |                                              | 2 experiments found |
|---------------------------|----------------------------------------------|---------------------|
|                           | Performance Verification_08/20/2015 12:57:38 | 10 measurements     |
|                           | Performance Verification_08/20/2015 09:19:03 | 10 measurements     |

## Interpréter les résultats de la vérification de la performance

Si votre instrument échoue lors de la vérification de la performance alors que vous avez répété les dix mesures en utilisant des aliquotes de 2 µl, [contactez-nous](#) !

### Sujets similaires

- [Solution de vérification de performance PV-1](#)
- [Intensity Check](#)
- [Vérification des images du socle](#)



## Vérification des images du socle

Exécutez périodiquement la vérification des images du socle pour vérifier le capteur de colonne de l'instrument qui surveille de possibles erreurs telles qu'une colonne vide ou la présence de bulles dans un échantillon. La Vérification des images du socle peut être utilisée à des fins de contrôle qualité de routine. Elle fournit également des informations de diagnostic importantes si un composant du système tombe en panne.

### Consommables nécessaires

- Lingettes de laboratoire non-pelucheuses

## Exécuter la vérification des images du socle

1. Relevez le bras de l'instrument et nettoyez les socles supérieur et inférieur avec une nouvelle lingette de laboratoire.
2. Abaissez le bras.
3. À partir de l'écran Page d'accueil de l'instrument, appuyez sur  (Diagnostics) puis sur **Vérification des images du socle**.
4. Appuyez sur **Mesurer**.

L'instrument exécute une série de tests pour vérifier la position du socle et la qualité de l'image. Les résultats s'affichent une fois les mesures terminées. Une coche verte indique que l'instrument a réussi la Vérification des images du socle.

5. Quand vous avez terminé, appuyez sur **Fin de l'expérience**.

## Interpréter les résultats de la vérification des images du socle

Si la Vérification des images du socle résulte en l'affichage d'un triangle jaune au lieu d'une coche verte, suivez les instructions à l'écran pour corriger les problèmes possibles. Réexécutez ensuite la Vérification des images du socle. Si l'instrument échoue de nouveau, [contactez-nous](#) !

### Sujets similaires

- [Vérification de la performance](#)
- [Vérification de l'intensité](#)

## Mesures de sécurité et précautions d'utilisation



Informations sur la sécurité



Précautions d'utilisation



**AVIS** Veillez à ce que toutes les personnes qui utilisent ce système lisent au préalable le manuel de sécurité.

## Précautions d'utilisation



**ATTENTION** Ne retirez pas le capot de l'instrument. Retirer le capot exposerait l'utilisateur à des arêtes coupantes et les câbles en fibre optique fragiles seraient exposés. La garantie de l'instrument est nulle si le capot a été retiré.

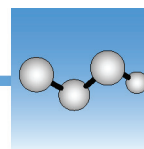
Les spectrophotomètres NanoDrop One sont conçus pour fonctionner à l'intérieur dans un environnement conformes à nos caractéristiques. Pour plus de détails, reportez-vous au guide de préparation du site de votre instrument.

Prenez les précautions suivantes pour éviter d'endommager votre spectrophotomètre NanoDrop pendant l'utilisation :

- Utilisez un cordon d'alimentation mis à la terre approprié pour votre alimentation électrique. Si le cordon d'alimentation est incompatible ou s'il est endommagé, [contactez-nous](#).
- Ne retirez pas le capot de l'instrument.
- La plaque sous l'ensemble du bras est en verre trempé. Le verre de l'écran LCD est issu d'un procédé de trempage chimique et thermique. Tous deux sont robustes et se cassent difficilement. Cependant, s'il arrivait que la plaque ou l'écran se fissure ou se casse, contactez-nous pour son remplacement.
- Utilisez des solvants qui sont compatibles avec l'instrument (reportez-vous à [Matières dangereuses](#))
- N'utilisez pas d'acide fluorhydrique sur les socles. Les ions fluorure corroderaient irrémédiablement les câbles de fibre optique de quartz.
- Pour éviter tout dommage dû à des déversements, conservez les récipient contenant des liquides loin de l'instrument.
- N'utilisez pas de burette ou de flacon pulvérisateur sur ou à proximité de l'instrument car les liquides s'écouleraient dans l'instrument et pourraient causer des dommages irréversibles.
- N'essayez pas de retirer la membrane qui entoure le socle car elle est fixée de façon inamovible à l'instrument.
- Ne laissez pas de HCl, d'alcool, d'eau de Javel, d'acétone ou d'autres solvants en contact avec la membrane pendant plus d'une minute car ils pourraient détendre les joints. Si la membrane se détend, [contactez-nous](#).







## Informations sur la sécurité

Avant d'utiliser un instrument NanoDrop One, veuillez lire les informations de sécurité et suivre les recommandations qu'elles contiennent pour le système.

### Avis de sécurité et spéciaux

Dans de nombreux cas, les informations relatives à la sécurité sont apposées sur l'instrument lui-même. Ce symbole indique que des informations supplémentaires sur la sécurité figurent dans la documentation et que la non-observance des mesures de sécurité pourrait entraîner des blessures.



**AVERTISSEMENT** Indique une situation dangereuse qui, si elle n'est pas évitée, peut entraîner la mort ou des blessures graves.



**ATTENTION** Indique une situation dangereuse qui, si elle n'est pas évitée, peut entraîner des blessures légères ou modérées.

**AVIS** Suivez les instructions précédées de cette mention afin d'éviter d'endommager le matériel système ou de perdre des données.

**Remarque** Contient des informations supplémentaires utiles.

Le tableau ci-après répertorie les symboles de sécurité et les instructions connexes qui peuvent figurer dans la documentation utilisateur.

| Symboles                                                                                                                                                                | Instructions                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                                                                        | Ce symbole est un signal d'obligation. Il sert à indiquer qu'une action doit être effectuée afin d'éviter un danger.                                                                                                                                                                                                       |
|                                                                                        | Ce symbole est un signal d'interdiction. Le pictogramme figurant dans ce symbole sert à avertir l'utilisateur des actions qui ne doivent pas être effectuées ou doivent être interrompues.                                                                                                                                 |
|                                                                                        | Ceci est le signal d'avertissement général. Le non-respect des mesures de sécurité peut entraîner des blessures.                                                                                                                                                                                                           |
|       | <b>Évitez tout risque de choc électrique.</b> La présence d'un de ces symboles indique un risque de choc électrique à proximité. Seules des personnes qualifiées peuvent effectuer les procédures correspondantes.                                                                                                         |
|                                                                                        | <b>Évitez tout risque d'incendie.</b> Ne testez pas d'échantillons explosifs ou inflammables. Lisez et suivez scrupuleusement les instructions qui y sont associées.                                                                                                                                                       |
|   | <b>Évitez toute irritation / lésion oculaire.</b> Si vous voyez ces symboles, il y a un risque d'exposition à la lumière ultraviolette, susceptible d'endommager vos yeux si vous ne portez pas de lunettes de sécurité.                                                                                                   |
|                                                                                      | <b>Évitez tout danger biologique.</b> Cette icône informe d'un danger biologique dans la zone. Lisez et suivez scrupuleusement les instructions qui y sont associées.                                                                                                                                                      |
|                                                                                      | <b>Évitez les brûlures chimiques.</b> Ce symbole vous signale un risque d'irritation cutanée. Portez des gants pour manipuler les produits chimiques toxiques, cancérogènes, mutagènes, corrosifs ou irritants. Utilisez toujours des récipients homologués et des procédures adéquates pour la mise au rebut des déchets. |

| Symbole                                                                             | Description                       |
|-------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------|
| ~                                                                                   | Courant alternatif                |
|  | Borne de mise à la terre ou masse |
|  | Courant continu                   |
|  | Borne de protection               |
|  | Borne du châssis                  |
|  | Fusible                           |



| Symbole                                                                           | Description  |
|-----------------------------------------------------------------------------------|--------------|
|  | Sous tension |
|  | Hors tension |

## À la réception du système



**AVERTISSEMENT** Évitez toute lésion corporelle. Si cet équipement est utilisé de façon non conforme aux indications de la documentation qui l'accompagne, la protection fournie par l'instrument peut être compromise.



**ATTENTION** Évitez toute lésion corporelle. Exécutez *uniquement* les procédures décrites dans la documentation. Si d'autres problèmes surviennent, contactez-nous. Toutes les autres interventions doivent être effectuées par du personnel dûment formé.



**ATTENTION** Évitez tout risque de choc électrique. Ne retirez pas le capot de l'instrument. Toutes les interventions doivent être effectuées par du personnel dûment formé.

À la réception du système, contrôlez que l'extérieur du carton d'emballage ne présente pas de signes d'endommagement. En cas de dommage apparent, contactez-nous pour savoir comment procéder.

- Amenez le carton d'expédition à l'emplacement où l'appareil sera installé au moins 24 heures avant son installation.

### AVIS

- À l'intérieur du carton d'expédition, l'instrument est enveloppé dans un sac plastique hermétique pour conserver l'unité sèche.
- Attendez 24 heures pour ouvrir le sac, le temps que l'instrument atteigne la température ambiante. Si vous ouvrez le sac avant que l'instrument n'atteigne la température ambiante, l'humidité risque de se condenser sur les composants optiques et de les endommager de manière irréversible.
- Maintenez toujours l'instrument en position verticale.

La garantie ne couvre pas :

- les dommages imputables à des techniques de déplacement inadéquates ;
- les dommages dus au retrait du sac plastique hermétique avant que l'instrument n'arrive à température ambiante.

**Remarque** Il est important que tous les services système soient installés avant l'arrivée de l'instrument. Ces installations doivent être conformes à tous les codes du bâtiment et de sécurité locaux.

## Levage ou déplacement de l'instrument

Pour éviter tout risque de blessures, utilisez les techniques de levage appropriées lors du levage ou du déplacement de l'instrument ou d'autres composants du système.

## Caractéristiques électriques et sécurité

L'électricité du système doit provenir de sources exclusives et sans coupure. Il ne doit pas y avoir de chutes ni de brusques variations de tension, glissements de fréquence ou autres perturbations de ligne susceptibles d'influer sur la fiabilité des résultats.

Si vous doutez de la qualité de l'alimentation électrique sur le site choisi ou si le système doit être installé dans un environnement d'industrie lourde, nous recommandons de vérifier la qualité de l'alimentation électrique avant de procéder à l'installation. Pour plus d'informations, contactez l'assistance technique ou votre fournisseur d'électricité.



**ATTENTION** Évitez tout risque de choc électrique.

- Seule une personne qualifiée utilisant des appareils de mesure adéquats doit vérifier la tension secteur, le courant et la fréquence.
- Seuls nos représentants du service après-vente formés et certifiés doivent tenter d'entretenir un composant qui porte ce symbole.
- Si le capot de protection d'un composant système semble endommagé, arrêtez le système et protégez-le contre toute mise en marche involontaire. Après l'expédition, examinez toujours le capot de protection à la recherche de déformations dues au transport.
- Même si l'instrument a été débranché de toute source d'alimentation électrique, il se peut que les condensateurs demeurent chargés pendant jusqu'à 30 secondes et produisent un choc électrique.
- Ne laissez pas de liquide couler sur l'instrument ou sur une surface depuis laquelle il pourrait pénétrer dans l'instrument.
- N'essayez pas de retirer le capot de l'instrument.

**Mise à la terre**



**ATTENTION** Évitez tout risque de choc électrique. Toute prise murale utilisée doit comporter une broche de mise à la terre. Le fil de terre doit être un fil ne transportant pas de courant et doit être raccordé à la terre sur le tableau de distribution principal.

## Cordons d'alimentation

Assurez-vous d'utiliser un cordon d'alimentation mis à la terre approprié pour votre alimentation secteur. Si le cordon d'alimentation que vous avez reçu n'est pas approprié pour le système électrique du site choisi ou s'il est endommagé, contactez-nous.

### Accessoires de conditionnement de ligne

Ces onduleurs diminuent les risques d'arrêt du système en cas de panne électrique ailleurs dans le bâtiment. Aux États-Unis, nous pouvons aussi livrer des conditionneurs de ligne 120 volts (l'alimentation est alors assurée exempte de chutes de tension, surtensions ou autres perturbations). Vous pouvez trouver localement des conditionneurs de ligne pour un fonctionnement en 220 volts. Pour tout renseignement sur les conditionneurs de ligne et les onduleurs, contactez l'assistance technique.

### Spécifications de l'alimentation électrique

Le tableau ci-dessous donne les caractéristiques de l'alimentation électrique. Pour toute question relative à ces caractéristiques, contactez le représentant du service après-vente de votre zone.

| Conditions requises    | Caractéristiques techniques                                                                                                                                |
|------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Courant d'entrée       | 5 A (max.)                                                                                                                                                 |
| Tension d'entrée       | 100-240 VCA                                                                                                                                                |
| Fréquence du secteur   | 50-60 Hz                                                                                                                                                   |
| Perturbations de ligne | Les chutes de tension, les surtensions et les autres perturbations de ligne ne doivent pas dépasser 10 % de la tension d'entrée (même pour un demi-cycle). |
| Bruit                  | < 2 V (mode commun)<br>< 20 V (mode normal)                                                                                                                |

### Consommation électrique

En règle générale, la puissance disponible doit être supérieure de 50 % à la puissance consommée normalement par le système (accessoires inclus). Le tableau ci-dessous indique la consommation électrique et la dissipation thermique maximale du spectromètre et de ses accessoires (ces valeurs sont approximatives).

| Article    | Consommation électrique | Dissipation de chaleur max. |
|------------|-------------------------|-----------------------------|
| Instrument | 60 W                    | 205 BTU/h                   |

## Sécurité contre les risques d'incendie et de brûlure

**AVIS** Ne positionnez pas l'instrument d'une façon qui rendrait l'interrupteur d'alimentation difficile à utiliser ou l'alimentation et le cordon d'alimentation durs d'accès.

Pour éviter les risques de brûlure et d'incendie ou d'explosion :

- Procédez avec précaution lors de l'analyse d'échantillons inflammables ou explosifs (consultez le chapitre « Matières dangereuses »).
- Ne bloquez jamais les événements de l'instrument ou de son bloc d'alimentation.
- Utilisez uniquement des alimentations de rechange parfaitement compatibles choisies parmi celles que nous proposons.

## Sécurité optique

Cet instrument a été conçu avec un boîtier protecteur pour éviter d'exposer l'utilisateur à la lumière ultraviolette.



**AVERTISSEMENT** Évitez toute lésion corporelle. Ne regardez jamais la lampe lorsqu'elle est allumée.

## Matières dangereuses

De nombreuses méthodes de spectroscopie standard sont basées sur l'utilisation de solvants. D'autres incluent des échantillons corrosifs ou pressurisés à l'état gazeux.

### Solvants volatiles et échantillons inflammables



**ATTENTION** Évitez toute lésion corporelle. Ne laissez pas de solvants ni d'échantillons inflammables à proximité de l'instrument. Assurez-vous que l'espace de travail est bien ventilé.

### Solvants compatibles

La plupart des solvants normalement utilisés dans les laboratoires de sciences de la vie sont compatibles avec les socles en fibre optique de tous les spectrophotomètres NanoDrop. Cependant, les propriétés de pression de vapeur élevée de certains solvants peuvent gêner quelque peu les mesures de petits volumes quand le socle est utilisé pour des mesures sur n'importe lequel des instruments NanoDrop. Si vous mesurez des échantillons présentant des pressions de vapeur élevées, utilisez un instrument prévu pour mesurer des échantillons dans des cuvettes.

Les solvants suivants peuvent être utilisés sur les socles de tous les instruments NanoDrop.

**AVIS** Le déversement de ces solvants sur des surfaces autres que les socles peut endommager l'instrument.

- |               |               |                            |
|---------------|---------------|----------------------------|
| • Méthanol    | • Éthanol     | • n-propanol               |
| • Isopropanol | • Butanol     | • Acétone                  |
| • Éther       | • Chloroforme | • Tétrachlorure de carbone |

- |             |                          |                                            |
|-------------|--------------------------|--------------------------------------------|
| • DMSO      | • DMF                    | • Acétonitrile                             |
| • THF       | • Toluène                | • Hexane                                   |
| • Benzène   | • Hydroxyde de sodium    | • Hypochlorite de sodium<br>(eau de Javel) |
| • HCl dilué | • HNO <sub>3</sub> dilué | • Acide acétique dilué                     |

Il est recommandé d'essuyer tous les solvants corrosifs du socle immédiatement après la fin de la mesure. Il est aussi recommandé à l'utilisateur de terminer une série de mesures par un échantillon de dH<sub>2</sub>O pour s'assurer de ne pas laisser par inadvertance de solvants sur le socle.

La membrane qui entoure le socle du NanoDrop est fixée de façon inamovible à l'instrument. N'essayez pas de retirer la membrane ni de rompre le joint. Évitez toute exposition prolongée de la membrane au HCl, à l'alcool, l'eau de Javel, l'acétone ou d'autres solvants car l'adhésif qui fixe le joint pourrait s'abîmer. Si le joint se détend, contactez-nous.

**AVIS** Les différentes formes de l'acide fluorhydrique (HF) sont toutes incompatibles car l'ion fluorure corroderait le câble de fibre optique.

### **Matières présentant un danger biologique ou radioactives et agents infectieux**

Les échantillons biologiques tels que les tissus, les liquides corporels, les agents infectieux et le sang humain ou animal peuvent potentiellement transmettre des maladies infectieuses. Portez un équipement de protection approprié. Le personnel doit être formé conformément à la réglementation applicable et aux exigences de la société avant de travailler avec du matériel potentiellement infectieux. Suivez les protocoles du Programme de sécurité biologique de votre société pour travailler avec et / ou manipuler du matériel potentiellement infectieux.



**AVERTISSEMENT** Réduisez le risque associé aux échantillons potentiellement infectieux :

- Ne renversez pas d'échantillons sur les composants de l'instrument.
- En cas d'éclaboussure, désinfectez immédiatement les surfaces externes en suivant les protocoles de votre laboratoire.

Les instruments, accessoires, composants ou autres matériels associés ne doivent pas être mis au rebut ni retournés à nous-mêmes ou à d'autres fabricants d'accessoires s'ils ont été contaminés par du matériel présentant un risque biologique ou radioactif, ou par des agents infectieux, ou tous autres matériels et / ou conditions qui pourraient présenter un risque pour la santé des employés ou un risque de blessure. Pour toute question sur les conditions de décontamination, contactez l'assistance technique.

## À propos de ce système d'aide

### Conventions employées

Les mesures de sécurité et les autres informations importantes utilisent le format suivant :



**ATTENTION** Indique une situation dangereuse qui, si elle n'est pas évitée, peut entraîner des blessures légères ou modérées.

**AVIS** Suivez les instructions précédées de cette mention afin d'éviter d'endommager le matériel système ou de perdre des données.

**Remarque** Contient des informations supplémentaires utiles.

**Conseil** Fournit des informations utiles qui peuvent simplifier l'exécution d'une tâche.

## **Information concernant les marques commerciales**

DYMO et LabelWriter sont des marques, commerciales ou déposées, de Newell Rubbermaid aux États-Unis et/ou dans d'autres pays.

Wi-Fi est une marque, commerciale ou déposée, de Wi-Fi Alliance aux États-Unis et/ou dans d'autres pays.

Bluetooth est une marque, commerciale ou déposée, de Bluetooth Special Interest Group.

Windows est une marque, commerciale ou déposée, de Microsoft Corporation aux États-Unis et/ou dans d'autres pays.

Toutes les autres marques commerciales appartiennent à Thermo Fisher Scientific inc. et à ses filiales.

© 2015-2016 Thermo Fisher Scientific Inc. Tous droits réservés.



## Contacter l'assistance technique

### **Pour obtenir une assistance technique aux États-Unis, contactez :**

Thermo Fisher Scientific  
3411 Silverside Road  
Bancroft Building, Suite 100  
Wilmington, DE 19810 États-Unis

Téléphone : 302 479 7707

Appel gratuit : 1 877 724 7690 (U.S.A. et Canada uniquement)

Fax : 302 792 7155

E-mail : [nanodrop@thermofisher.com](mailto:nanodrop@thermofisher.com)

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



### **Pour obtenir une assistance technique internationale, contactez :**

Contactez votre distributeur local. Pour les informations de contact, visitez le site :

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

Si vous rencontrez un problème avec votre système, consultez les informations de dépannage. Si le problème persiste, contactez-nous. Si vous vous trouvez en dehors des États-Unis et du Canada, veuillez contacter votre distributeur local.

Si votre instrument nécessite un entretien ou une réparation, contactez-nous ou contactez votre distributeur local.

