

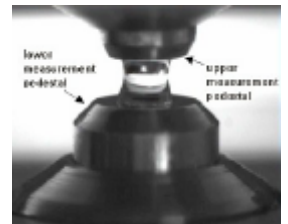
# NanoDrop操作方法 (核酸の測定)

必要サンプル量は1ulですが**1.5 ~ 2ulの方が確実**です。

サンプル量が変わっても光路長が一定のため結果の濃度は変わりません。

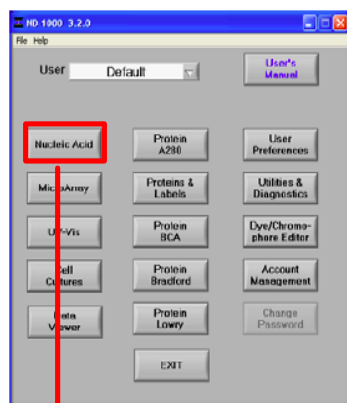
サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

± 2ng/ul程度の誤差がでます。

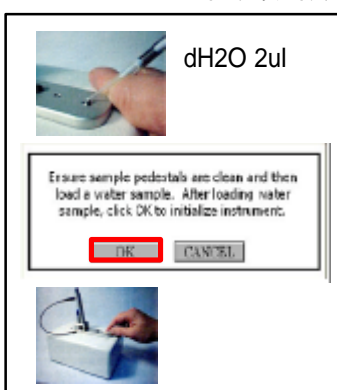


測定時にこのような水柱ができてないと正しく測れていません。

1. PCの**電源を入れる**。ND-1000ソフトウェアを起動する。
2. メインメニューが出るので**Nucleic Acid**をクリックする。
3. Initialize instrumentのメッセージが表示されるのでアームを開き、測定部をきれいにし **水をのせる**。(水の量は2ul)  
アームを閉じ **OK**を押す。
4. **Sample Type**を選択する。  
二重鎖DNA...DNA-50  
一重鎖DNA...DNA-33  
RNA...RNA-40
5. 水を拭き取り **ブランク溶液をのせBlank**を押す。  
(ふき取るときはアームの上部と下部の**両方を拭くこと**)
6. ブランク溶液を拭き取り **SampleID**を入力し **サンプルをのせMeasure**を押す。  
(波形と濃度等の結果が表示される)
7. スペクトルが必要な場合は、Print Screenで印刷する。  
一覧表示でいい場合は、サンプル測定を繰り返し、最後にPrint Reportで印刷する。  
ただし 32回の測定をした場合、自動でレポートが印刷され、結果がクリアされるので注意。  
その他の結果の出力方法はData Viewerの項目を参照して下さい。
8. 測定終了後はソフトを終了し、PCをシャットダウンし、**測定部をきれいに拭いておく**  
**70%エタノール 水 乾拭き 測定部にスポンジを挟んでおく**



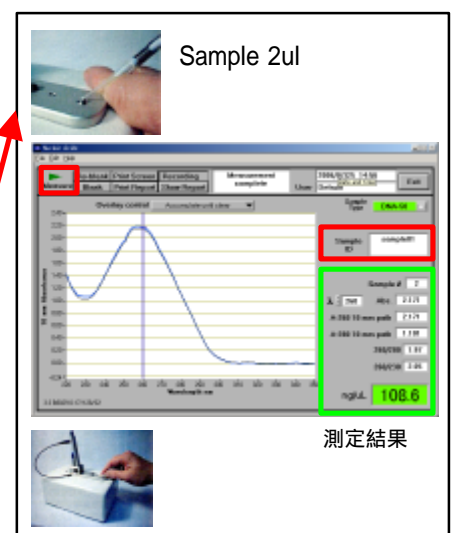
イニシャライズ



ブランク測定

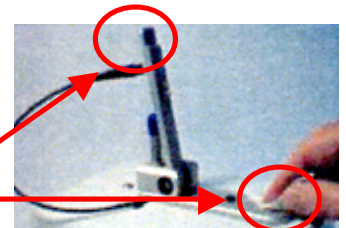


サンプル測定



測定結果

ここを拭き取る

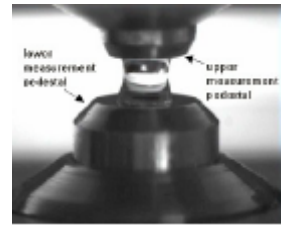


# NanoDrop操作方法 (スペクトルの測定)

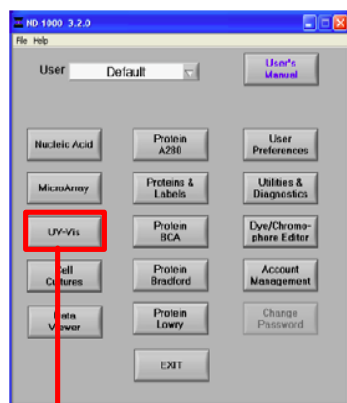
必要サンプル量が1ulのものでも1.5 ~ 2ulの方が確実です。

サンプルは自然乾燥していきますので測定部にのせた後はすぐに測定して下さい。

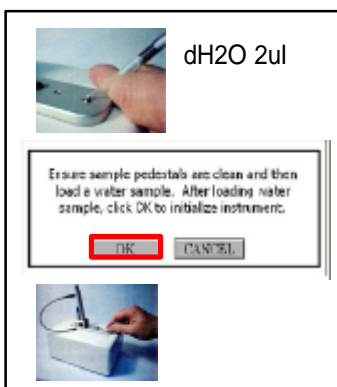
1. PCの電源を入れる。ND-1000ソフトウェアを起動する。
2. メインメニューが出るのでUV-Visをクリックする。
3. Initialize instrumentのメッセージが表示されるのでアームを開き、測定部をきれいにし、水をのせる。  
アームを閉じ OKを押す。(水の量は2ul)
4. 水を拭き取り、ブランク溶液をのせBlankを押す。  
(ふき取るときはアームの上部と下部の両方を拭くこと)
5. ブランク溶液を拭き取り、SampleIDを入力。  
吸光度を見たい場所に 1, 2のバーを移動させ、サンプルをのせMeasureを押す。  
(波形と吸光度等の結果が表示される)
6. スペクトルが必要な場合は、Print Screenで印刷する。  
一覧表示でいい場合は、サンプル測定を繰り返し、最後にPrint Reportで印刷する。  
ただし、32回の測定をした場合、自動でレポートが印刷され、結果がクリアされるので注意。  
その他の結果の出力方法はData Viewerの項目を参照して下さい。
7. 測定終了後はソフトを終了し、PCをシャットダウンし、測定部をきれいに拭いておく。  
サンプルが溶ける適切な溶液 水 乾拭き 測定部にスポンジを挟んでおく



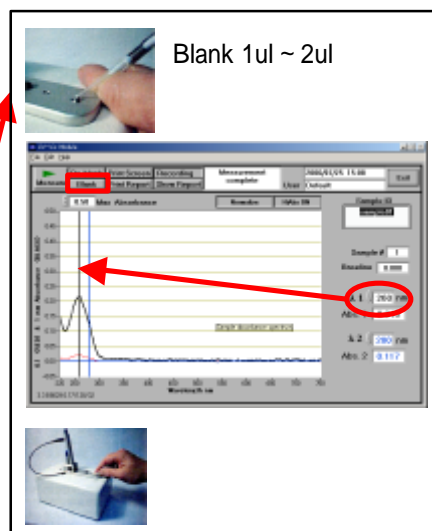
測定時にこのような水柱ができてないと正しく測れていません。



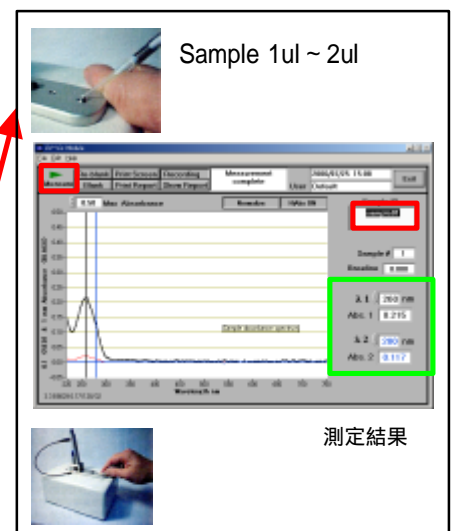
イニシャライズ



ブランク測定



サンプル測定



測定結果

# NanoDrop操作方法 (蛋白の測定 Protein A280法)

必要サンプル量は2ulです。

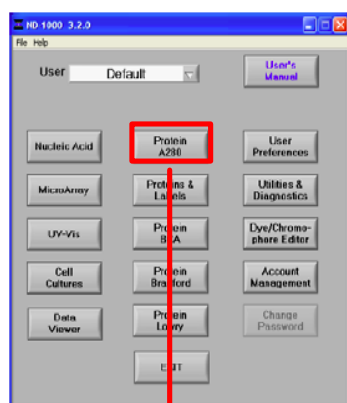
サンプルは自然乾燥していきますので測定部にのせた後はすぐに測定して下さい。

蛋白は測定方法により大きな誤差が生じます。事前にご自分のサンプルにあった測定方法をよく調べて最適な測定方法でご使用下さい。

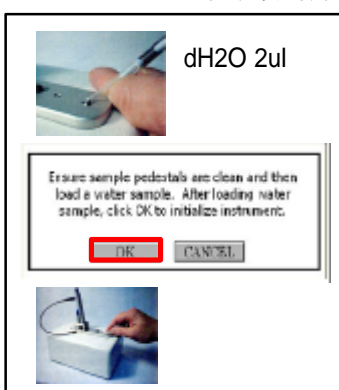


測定時にこのような水柱ができてないと正しく測れていません。

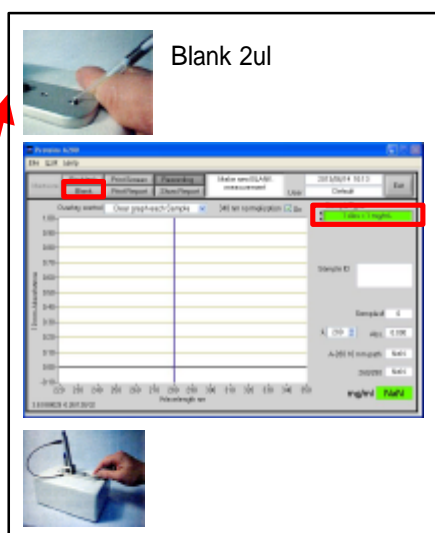
1. PCの電源を入れる。ND-1000ソフトウェアを起動する。
2. メインメニューが出るのでProtein A280をクリックする。
3. Initialize instrumentのメッセージが表示されるのでアームを開き、測定部をきれいにし、水をのせる。(水の量は2ul)アームを閉じ、OKを押す。
4. **自分のサンプルにあったSample Typeを選択**する。  
 1ABS=1mg/ml...係数なし  
 BSA,IgG,Lysozyme...選択した蛋白をリファレンスとする係数(6.7 13.7,26.4)で補正  
 Other Protein...自分で係数を指定 (詳しくは原本マニュアルを見て下さい)  
**【重要】結果が大きく変わります**
5. 水を拭き取り、**ブランク溶液をのせBlank**を押す。  
 (ふき取るときはアームの上部と下部の両方を拭くこと)
6. ブランク溶液を拭き取り、**SampleIDを入力し、サンプルをのせMeasure**を押す。  
 (波形と濃度等の結果が表示される)
7. スペクトルが必要な場合は、Print Screenで印刷する。  
 一覧表示でいい場合は、サンプル測定を繰り返し、最後にPrint Reportで印刷する。  
 ただし 32回の測定をした場合、自動でレポートが印刷され、結果がクリアされるので注意。  
 その他の結果の出力方法はData Viewerの項目を参照して下さい。
8. 測定終了後はソフトを終了し、PCをシャットダウンし、**測定部をきれいに拭いておく**。  
**サンプルが溶ける適切な溶液 水 乾拭き 測定部にスポンジを挟んでおく**



イニシャライズ



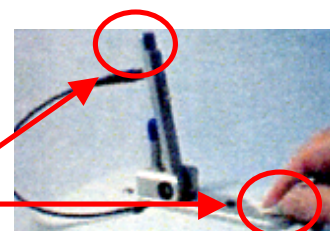
ブランク測定



サンプル測定



ここを拭き取る



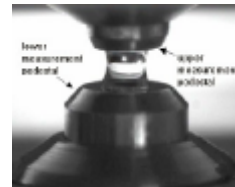
# NanoDrop操作方法 (蛋白の測定)

Protein BCA、Lowry、Bradford、Pierce 660 nm法 **【共通】**(説明、画面はBradfordです)

必要サンプル量は**2ul**です。

サンプルは自然乾燥していきますので**測定部にのせた後はすぐに測定**して下さい。

蛋白は測定方法により大きな誤差が生じます。事前にご自分のサンプルにあった測定方法をよく調べて最適な測定方法でご使用下さい。



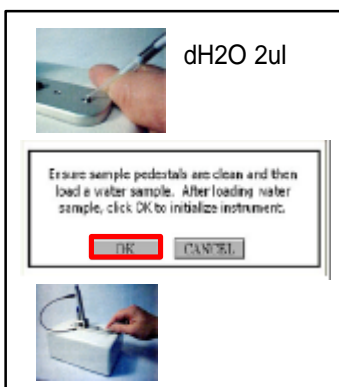
測定時にこのような水柱ができてないと正しく測れていません。

1. PCの**電源を入れる**。ND-1000ソフトウェアを起動する。
2. メインメニューが出るので**使用する測定モード**(Protein Bradford)をクリックする。
3. Initialize instrumentのメッセージが表示されるのでアームを開き、測定部をきれいにし、**水をのせる**。(水の量は2ul)アームを閉じ、**OK**を押す。
4. 水を拭き取り、**濃度0の液をのせ**、Referenceをクリックし**Measure**を押す。  
複数回の平均を取りたい場合はそのままMeasureを押す。(Max5回)
5. **Standard1**をクリックし、濃度を入力する。液を拭き取り、**STD1の液をのせ**、**Measure**を押す。  
複数回の平均を取りたい場合はそのままMeasureを押す。(Max5回)  
同様の操作で検量線に必要なSTDサンプルを全て測る。
6. View Standard Curveをクリックして検量線を確認し、Exitで閉じる。  
検量線がよくない場合はReset All Standardで測り直し。
7. Sampleタブをクリックし、液を拭き取り、**SampleIDを入力し、サンプルをのせ****Measure**を押す。  
(波形と濃度等の結果が表示される)  
スペクトルが必要な場合は、Print Screenで印刷する。  
一覧表示でいい場合は、サンプル測定を繰り返し、最後にPrint Reportで印刷する。  
ただし、xx回の測定をした場合、自動でレポートが印刷され、結果がクリアされるので注意。  
その他の結果の出力方法はData Viewerの項目を参照して下さい。
8. 測定終了後はソフトを終了し、PCをシャットダウンし、**測定部をきれいに拭いておく**  
**サンプルが溶ける適切な溶液 水 乾拭き 測定部にスポンジを挟んでおく**

スペクトルが必要な方は  
File-Print Window又はSave Window

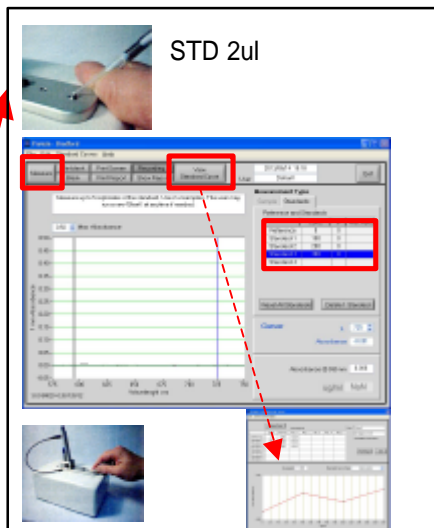


イニシャライズ



dH2O 2ul

スタンダード測定



STD 2ul

サンプル測定



Sample 2ul

測定結果



# NanoDrop操作方法 (Data Viewer )

各測定モードからShow ReportをクリックするとData Viewerに移ります。

Data Viewerには測定を開始してからのスペクトルと結果一覧が残っています。

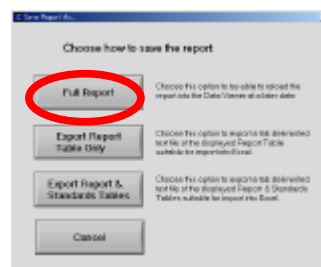
## データの保存、データシートをExcelファイルにする

1. Reports - Save Report

2. Full Reportで全ての情報が保存されます。

Table OnlyとStandards Tablesはテキストデータになります。

Full ReportはそのままExcelで開きます。うまく開かないときはファイル名を~.xlsに変更して下さい。



## 過去のデータの読み込み

Reports - Load Report

(Excel用に名前を変更していると開けません。ファイル名を~.ndvに変更して下さい。)

## データシートの印刷

1. Reportのタブをクリックしてデータシートを表示させます。

2. Reports - Print Reportで「通常使うプリンタに設定」されているプリンタにプリントアウトされます。

(通常使うプリンタを切り替えるとPDFにもできます。)

## スペクトルの印刷

1. Plotsのタブをクリックしてスペクトルを表示させます。

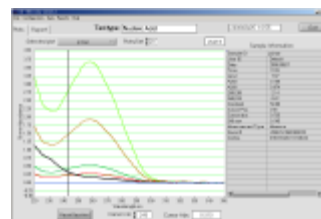
2. File - Print Window で「通常使うプリンタに設定」されているプリンタにプリントアウトされます。

(通常使うプリンタを切り替えるとPDFにもできます。)

任意のスペクトルを選びたい場合は、データ保存 読み込み 不要データの削除を行って下さい。

## スペクトルを画像ファイル(JPEG)として保存

PlotsのタブでFile - Save Window

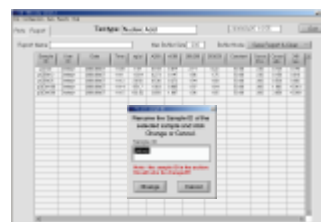


## SampleIDの変更

1. Reportのタブをクリックしてデータシートを表示させます。

2. 編集したいデータをクリックします。

3. Data - Rename Selected. 新しい名前を入力してChange.



## データの削除

Reportのタブの不要データをクリック。 Data - Delete Selected

(Data - Delete All Samplesをすると全てのサンプルが消えます。)

## データの並び替え

Reports - Sort Report

並び替えに使う項目を選択してOK。

ナノドロップのホームページよりND-1000のプログラムをダウンロードしセットアップするとData Viewerとして使用できます。 <http://www.nanodrop.com/>

# NanoDrop操作方法 (Data Viewer2 )

Nanodropは特にデータを保存しなくても測定データが全て残っています。

過去のデータを呼び出したい場合はDataViewerを使って次の方法で読み込んで下さい。

## データのインポート

1. Data - Import Samples

核酸データの場合

2. Directory tree で Default - Nucleic Acid - Nucleic Acid yyyy mm dd.ndj をクリック。  
(yyyy mm dd は測定日、他のモードで測定した場合はNucleic Acid フォルダが別の名前になります)

その測定日全てのデータを読み込む場合は、Nucleic Acid yyyy mm dd.ndj を選択した状態で

>>> Select >>> を押す。

サンプルを選択したい場合は、Nucleic Acid yyyy mm dd.ndj の下にあるサンプル名を選択して

>>> Select >>> を押す。

Selected Samples に必要なサンプルがリストアップされたら Import & Return を押す。

