

# NanoQ Series

## 用户指南

K LAB 分光光度计  
NanoQ Series  
使用说明书

本页为预留空白页。

## 介绍

---

非常感谢您购买紫外线/可见光分光光度计NanoQ Series。

本用户指南提供了有关如何安装、操作方法、使用注意事项、附件和选件的详细信息。

请在使用设备前阅读用户指南，并按照说明使用设备。为方便使用设备的过程中查阅，请妥善保管本用户指南。

## 重要事项

---

请将本用户指南与产品一同妥善保管。

为了保障安全和正确操作，请在使用设备前详细阅读安全说明。

如果需要重新调整或安装产品，请联系K LAB客服中心。

如果用户指南丢失或损坏，请联系K LAB客服中心。

### 版权




- 分光光度计NanoQ为（株）K LAB的注册商标。
- 未经（株）K LAB公司事先同意，不得以任何方式修改或分发本手册中的所有相关材料。

## 安全注意事项

---

- 为了保障设备的安全运行，请在使用设备前详细阅读安全说明。
- 请遵守用户指南中描述的所有警告与注意事项。

本说明书中的警告和注意事项标示基准如下所示。

 警告	表示潜在的危险状况，如不遵守规定可能会导致重伤或死亡。
 注意	表示潜在的危险状况，如不遵守规定可能会导致轻伤或设备受损。
 NOTE	为确保正确使用本产品而提供的其他信息。

## 注意事项

---

### 安装场所注意事项

#### 警告

使用易燃和有毒样品时，请务必在设备安装场所安装通风装置。

#### 注意

- NanoQ Series约重3kg。安装时请慎重考虑重量。
- 安装设备的实验台必须能够承受该设备的总重量。  
宽度应至少有350mm，必须十分牢固。  
如果不慎跌落可能会导致设备受损。
- 请避免接触或暴露于腐蚀性气体当中或者安装在灰尘过多的地方。受上述不利因素影响，可能会缩短设备寿命并且难以保持设备性能。

## 注意事项

---

### 安装场所注意事项

 警告

- 请采取必要措施防止发生地震或灾害时设备掉落。
- 请检查并确认电源电压、功耗和频率等信息后再接通电源。
- 设备必须接地以预防突发事故或者漏电导致的触电事故并保障设备安全运行。
- 请勿在电源线上放置重物。请远离热源。
- 请勿以任何方式修改电源线。

### 使用注意事项

 警告

- 使用有害或具备生物感染性的样品时，请始终佩戴安全手套。
- 请勿在设备附近使用易燃喷雾剂。

## 产品保修

---

本公司按以下规定为产品提供保修服务。

### 1. 保修期

欲了解有关保修期和保修范围的更多信息，请联系K LAB客服中心。

### 2. 产品保修说明

在保修期内，如果由于设备内部缺陷（软件、硬件）导致发生故障，则免费替换零件或提供修理服务。对于存在一定使用寿命的易耗品与各种配件可能无法免费替换相同产品或者提供保修服务。

### 3. 产品保修例外事项

由于以下原因导致的故障不在保修范围之内。

- 1) 改造或者以不正确方式使用产品时
- 2) 由本公司或者指定公司以外的公司或者个人修理或者对设备做出改动时
- 3) 由于内部电脑病毒导致包括基本软件在内的数据丢失或者设备受损
- 4) 由于停电或电压突然下降导致的设备内部损坏
- 5) 由于设备本身以外的原因导致的故障
- 6) 由于在高温、潮湿、腐蚀性气体或强烈振动等恶劣环境中使用设备而导致的故障
- 7) 由于外部冲击导致的故障，包括火灾、地震或有害物质污染等

\* 如果有产品保证书等文件或者包含保修条款内容的单独协议时，则以相应文件规定为准。针对用于特殊用途的非基本规格配置产品，则另行规定保修期。

# 目录

---

## 第 1 章 . 介绍

1-1 介绍	14
1-2 界面说明	15
1-2-1 登录界面	15
1-2-2 主界面设置	16
1-2-3 Nucleic Acids 选项卡测量模式结构	19
1-2-4 Protein UV 选项卡测量模式结构	22
1-2-5 Protein Assay 选项卡测量模式结构	25
1-2-6 More Application 选项卡测量模式结构	26

## 第 2 章 . 设备设置

2-1 设备基本设置	28
2-2 测量设置	33
2-3 Pedestal Basic Use	37
2-4 Cuvette Basic Use	38

## 第 3 章 . 测量模式说明

3-1 核酸 & 蛋白质UV	40
3-2 蛋白质Assay	41
3-2-1 Calibration Curve Manager	41
3-2-2 Quantitation	42
3-3 More Applications	44
3-3-1 Kinetics	44
3-3-2 OD600	46
3-3-3 Photometric	47
3-3-4 Spectrum	48
3-3-5 ABS Ratio	49
3-3-6 Concentration	50
3-3-7 Quantitation	51

## 第 4 章 其他

4-1 其他	54
4-1-1 数据(查看/删除数据)	54
4-1-2 变更存储库	56
4-2 产品的管理	57

本页为预留空白页。

# -第1章- 介绍

1-1 介绍

1-2 界面说明

1-2-1 登录界面

1-2-2 主界面设置

1-2-3 Nucleic Acids 选项卡测量模式结构

1-2-4 Protein UV 选项卡测量模式结构

1-2-5 Protein Assay 选项卡测量模式结构

1-2-6 More Application 选项卡测量模式结构

## 1-1 介绍

---

### 第1章

非常感谢您购买NanoQ Series。

NanoQ Series是一款可简单准确地分析Nucleic Acid、Protein Analysis和紫外-可见光域吸收光谱的Bio专用分析设备。NanoQ Series的便捷界面和实时光谱测量功能能够帮助大家更加轻松、快速和准确地进行实验。NanoQ Series配有HD触摸屏LCD (7inch) , 可显示丰富的视觉信息, 电容式触摸屏功能可进一步提升操作便捷性。

此外还采用功能强大且稳定的安卓操作系统, 拥有32Gbytes存储容量, 支持利用USB存储器进行数据备份, 具有便于用户操作等优势。

#### **i** NOTE

##### **Small & Stand-Alone**

216 x 290mm(Footprint), 3kg紧凑设计, 采用主机控制方式的小型设备, 无需另行安装PC。

本使用说明书中包含使用NanoQ Series时所需的系统介绍、实验控制及数据编辑等使用方法。本使用说明书将由 (株) K LAB通过邮件或通信 (互联网、电子邮箱等) 方式持续提供更新。

## 1-2 界面设置



图 1.1

### 1-2-1 登录界面

如果已经注册了用户账户，则仅限注册账户ID与密码一致时方可登录。  
(但首次使用产品时，由于未设置账户，请在不输入密码的情况下登录。)

## 1-2 界面设置

### 第1章

#### 1-2-2 主界面设置

完成登录后在主界面有核酸、蛋白质UV、蛋白质Assay、查看更多4个选项卡，用户可将常用的测量模式添加到用户菜单中方便使用。\*最多可在用户菜单中添加2项

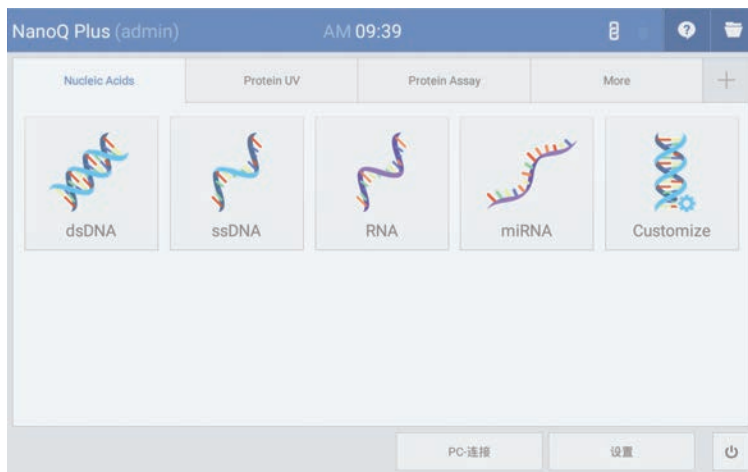


图 1.2

1.在[图1.2]菜单界面中点击[+]图标。

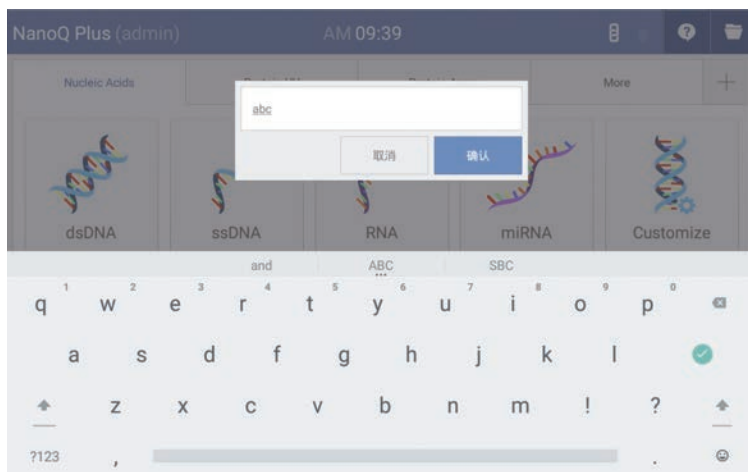


图 1.3

2.在[图1.3]用户输入窗口中输入新创建的用户菜单名称

## 1-2 界面设置



图 1.4

3.[图 1.4] 选择要添加在用户菜单中的模式，点击[确认]键。



图 1.5

4.[图 1.5]欲清除用户菜单时，在界面下端点击[删除用户菜单]。

## 1-2 界面设置



图 1.6

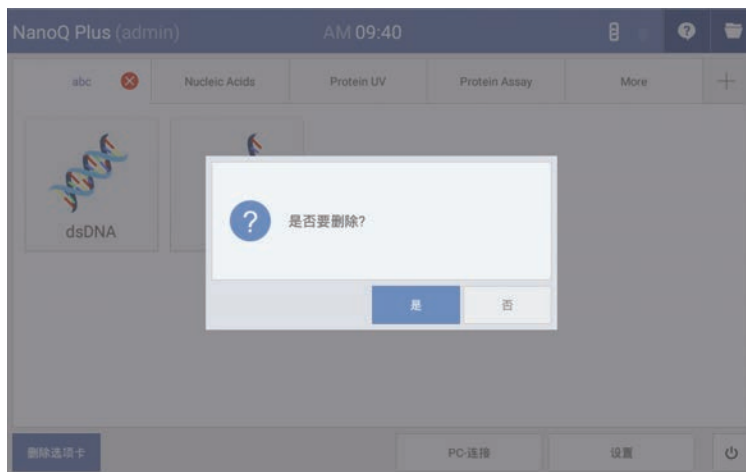


图 1.7

5.[图 1.6]、[图 1-7] 选择将要删除的用户菜单(选项卡)后, 点击下端的[删除用户菜单]键, 再点击选项卡菜单右侧生成的[X]键即可删除用户菜单

## 1-2 界面设置

### 1-2-3 核酸选项卡测量模式结构

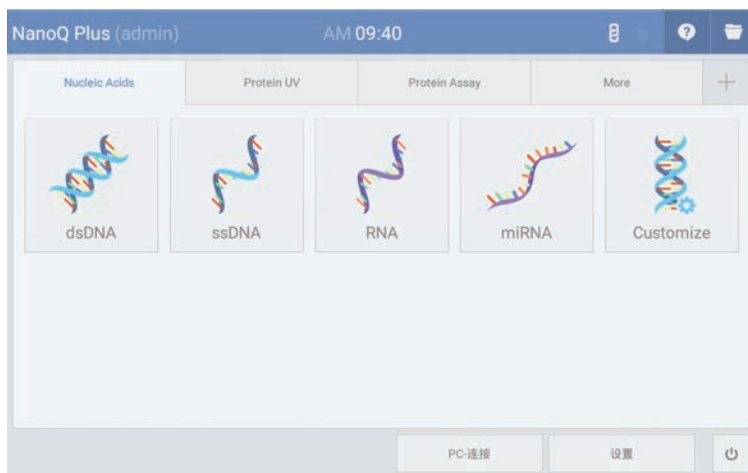


图 1.8

各模式指定波长(260nm)和Factor为固定值，除固定Factor值外，还提供Custom模式以使用户指定Factor值。这是为了除由测试员或根据测试环境在菜单中设置的样品外，便于测试各种其他样品。

测量模式	波长(nm)	Factor
dsDNA	260	50
ssDNA	260	37
RNA	260	40
miRNA	260	33
用户自定义	260	50(Default), 输入范围: 15~150

## 1-2 界面设置

### **i** NOTE

#### Nucleic Acids浓度

$$C = [A_{260} - A_b - cf_{dye} * (A_{dye} - A_b)] * e * D$$

C 核酸浓度( $ng/\mu l$ )

A<sub>260</sub> 260nm核酸浓度

A<sub>b</sub> 基线吸光度(Baseline off时为0)

e 核酸的衰减系数( $ng * cm / \mu l$ )

D 用户稀释倍数(Default 1)

Cf<sub>dye</sub> 260nm波长下染料的校正系数(Dye Correction off时为0)

#### Dye浓度

$$C_{dye} = (A_{dye} - A_b) * D * 10^6 / e_{dye}$$

C<sub>dye</sub> Dye浓度( $\mu M$ )

A<sub>dye</sub> 染料峰值波长的吸光度

A<sub>b</sub> 基线吸光度(Baseline off时为0)

e<sub>dye</sub> 染料的衰减系数 $M^{-1} * cm^{-1}$

D 用户稀释倍数(Default 1)

#### Frequency of Incorporation (FOI)

$$FOI = 327 * (A_{dye} - A_b) * 10^6 / (e_{dye} * [(A_{260} - A_b) - cf_{dye} * (A_{dye} - A_b)] * e)$$

FOI Frequency of Incorporation (dye per 1,000 bases)

A<sub>dye</sub> 染料的吸光度

A<sub>b</sub> 基线吸光度(Baseline off时为0)

e<sub>dye</sub> 染料的衰减系数 $M^{-1} * cm^{-1}$

A<sub>260</sub> 260nm 波长吸光度

cf<sub>dye</sub> 260nm波长下染料的校正系数(Dye Correction off时为0)

e 核酸的衰减系数( $ng * cm / \mu l$ )

## 1-2 界面设置

---

**i** NOTE

**Ratio**

$$A_{260}/A_{280} \text{ ratio} = (A_{260} - A_b) / (A_{280} - A_b)$$

$$A_{260}/A_{230} \text{ ratio} = (A_{260} - A_b) / (A_{230} - A_b)$$

A<sub>260</sub>    260nm波长吸光度

A<sub>280</sub>    280nm波长的吸光度

A<sub>b</sub>      基线吸光度(Baseline off时为0)

A<sub>230</sub>    230nm波长的吸光度

## 1-2 界面设置

### 第1章

#### 1-2-4 蛋白质UV选项卡测量模式结构

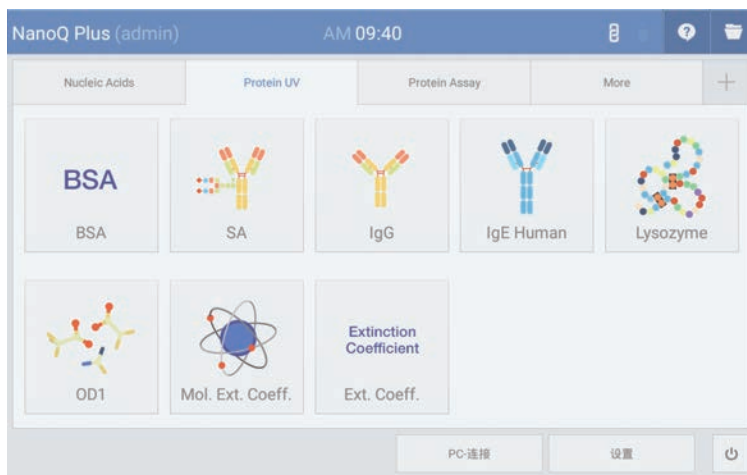


图 1.9

测量模式	波长(nm)	Factor	MW(物质质量)
BSA	280	1.5	66400
SA	280	1.49 (Mouse)	66000 (Mouse)
		1.72 (Human)	69365 (Human)
IgG	280	0.71 (Mouse)	160000 (Mouse)
		0.74 (Human)	150000 (Human)
IgE Human	280	0.65	190000
Lysozyme	280	0.38	14300
OD1	280	1	-
Mol.Ext. Coeff.	280	e1 : MW (default: 66,400 g/mol)	-
Ext. Coeff.	280	e2 : Mol. Ext. Coeff. (default: 44,289 M <sup>-1</sup> *cm <sup>-1</sup> )	-
		e: Ext. Coeff. (default: 0.667 l/g*cm)	-

在蛋白质UV选项卡中共支持8个模式，如上表所示，各模式的测量波长（280nm）和Factor为固定值。

## 1-2 界面设置

**i** NOTE**Protein浓度**

(General)  $C = [A_{280} - A_b - cf\_dye * (A_{dye} - A_b)] * e * D$

(Mol. Ext, Coeff模式)  $C = [(A_{280} - A_b) - cf\_dye * (A_{dye} - A_b)] * e1 / e2 * D$

(Ext. Coeff模式)  $C = [(A_{280} - A_b) - cf\_dye * (A_{dye} - A_b)] * (1 / e) * D$

C 蛋白质浓度(mg/ml)

A<sub>280</sub> 280nm波长的吸光度

A<sub>b</sub> 基线吸光度(Baseline off时为0)

cf<sub>dye</sub> 280nm波长下染料的校正系数(Dye Correction off时为0)

A<sub>dye</sub> 染料峰值波长的吸光度

e 核酸的衰减系数(g\*cm/l)

D 用户稀释倍数(Default 1)

e1 蛋白质的物质质量(MW, g/mol)

e2 蛋白质的摩尔吸光系数(M<sup>-1</sup>\*cm<sup>-1</sup>)

**Dye浓度**

$C_{dye} = (A_{dye} - A_b) * D * 10^6 / e_{dye}$

C<sub>dye</sub> Dye浓度(μM)

A<sub>dye</sub> 染料峰值波长的吸光度

A<sub>b</sub> 基线吸光度(Baseline off时为0)

e<sub>dye</sub> 染料的衰减系数M<sup>-1</sup>\*cm<sup>-1</sup>

D 用户稀释倍数(Default 1)

## 1-2 界面设置

**i** NOTE

### Degree of Labeling (DOL)

$$DOL = (A_{dye} - A_b) * (MW/e) / [(A_{280} - A_b) - cf_{dye} * (A_{dye} - A_b)] * e_{dye}$$

DOL Degree of labeling/dye per protein ratio

A<sub>dye</sub> 染料峰值波长的吸光度

A<sub>b</sub> 基线吸光度(Baseline off时为0)

e 核酸的衰减系数(g\*cm/l)

A<sub>280</sub> 280nm波长的吸光度

cf<sub>dye</sub> 280nm波长下染料的校正系数(Dye Correction off时为0)

e<sub>dye</sub> 染料的衰减系数M<sup>-1</sup>\*cm<sup>-1</sup>

## 1-2 界面设置

### 1-2-5 蛋白质Assay测量模式结构

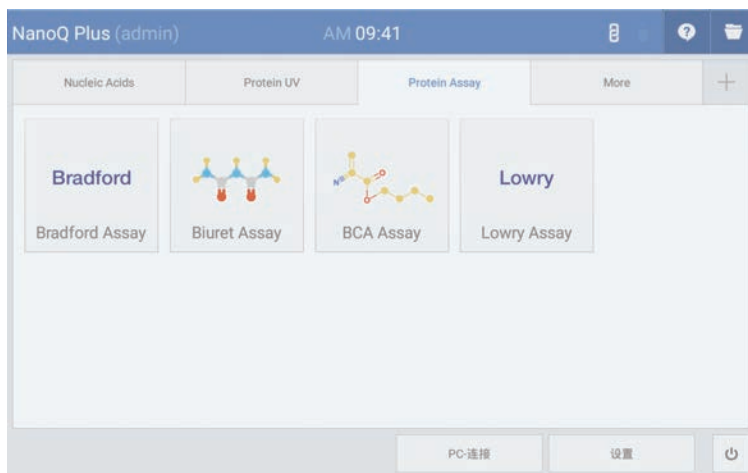


图 1.10

测量模式	波长(nm)	Factor
Bradford Assay	595	-
Biuret Assay	546	-
BCA Assay	562	-
Lowry Assay	750	-

蛋白质Assay是在蛋白质中添加特定试剂着色后，通过标准曲线分析浓度的方法。

每种测量模式的测量波长固定，根据浓度创建标准曲线后即可测量浓度。

## 1-2 界面设置

### More Application 选项卡测量模式结构

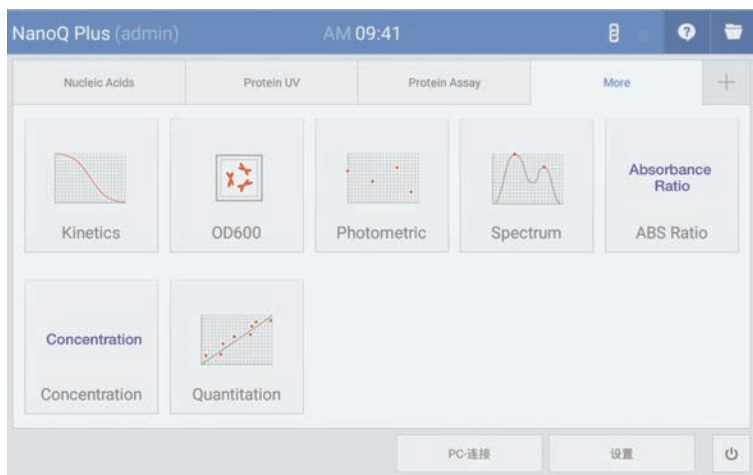


图 1.11

More Application选项卡支持通用紫外-可见分光光度计中常用的各种测量模式。

测量模式	模式说明	其他
Kinetics	测量吸光度随时间发生的变化 - 时间范围: 1~300 min - 时间间隔: 10~3600 sec - 延迟时间: 0~3600 sec	* 最多可选择5个波长  * 最多可选择20个波长  * 最多可添加20个吸光度比值
OD600	测量600nm的Optical Density(测量Cell时使用) - Smoothing : off, 11, 21, 61 - Correction factor: 0~10.000	
Photometric	测量单一或多波长吸光度 - 最多可选择20个波长	
Spectrum	测量吸光光谱 - 提供Smoothing、Peak/Valley功能	
ABS ratio	测量两个波长的吸光度比值	
Concentration	测量样品的浓度 - 利用衰减系数、稀释倍数、吸光度计算浓度	
Quantitation	利用标准曲线进行定量分析	

# -第 2 章 - 设备设置

2-1 设备基本设置

2-2 测量设置

2-3 Pedestal Basic Use

2-4 Cuvette Basic Use

## 2-1 设备基本设置

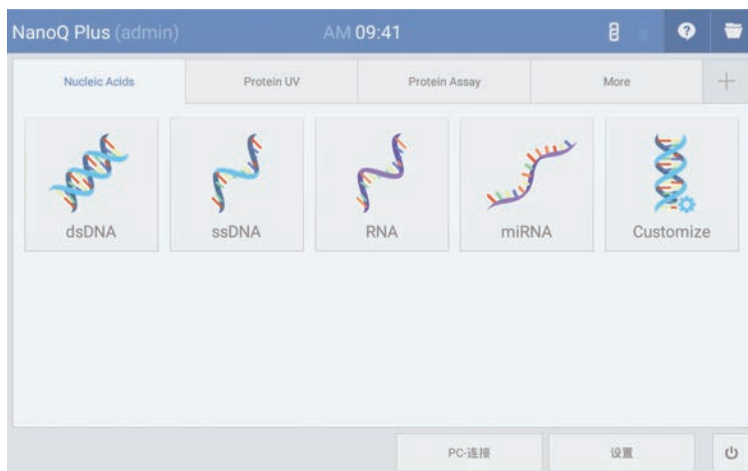


图 2.1



图 2.2

[图 2.1] 在主界面中点击[设置]键，进入设备设置界面。

[图 2.2] 可在将要更改的设置菜单中设置或确认一般、声音、账户、远程存储库、信息等。

## 2-1 设备基本设置



图 2.3 [更改语言]

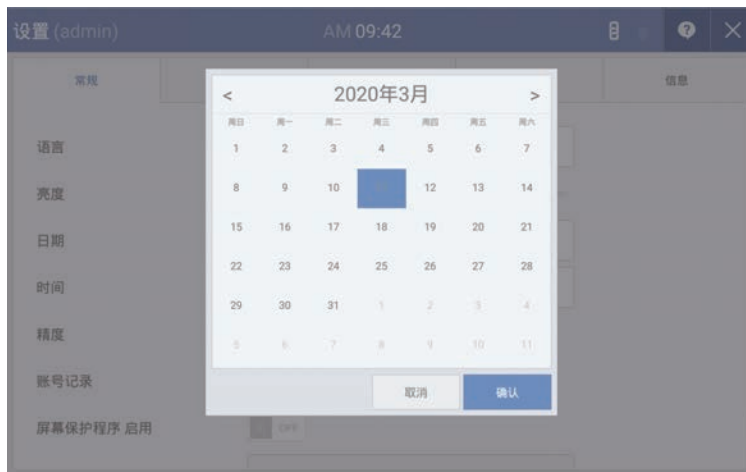


图 2.4 [更改日期]

## 2-1 设备基本设置

第2章



图 2.5 [更改时间]



图 2.6 [设置界面屏保激活(待机模式)时间]

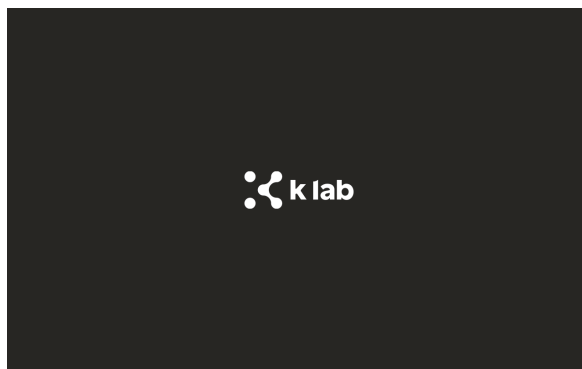


图 2.6.1 界面屏保

## 2-1 设备基本设置



图 2.7 [声音设置]



图 2.8 [账户设置]

## 2-1 设备基本设置

第2章



图 2.8.1 [远程存储库]



图 2.9 [信息]

## 2-2 测量设置

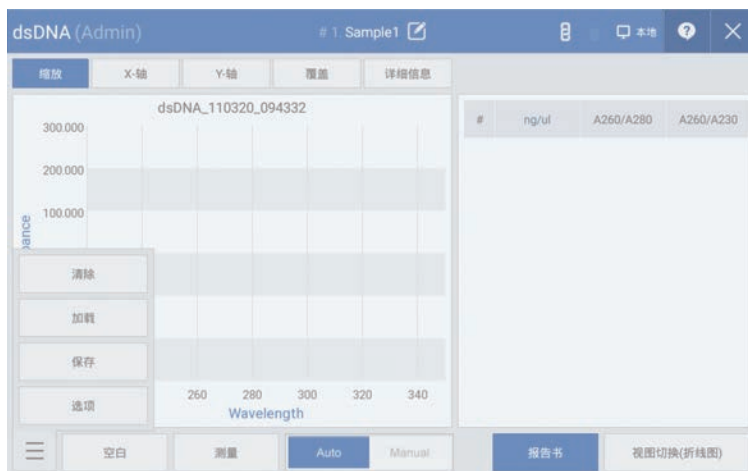


图 2.10

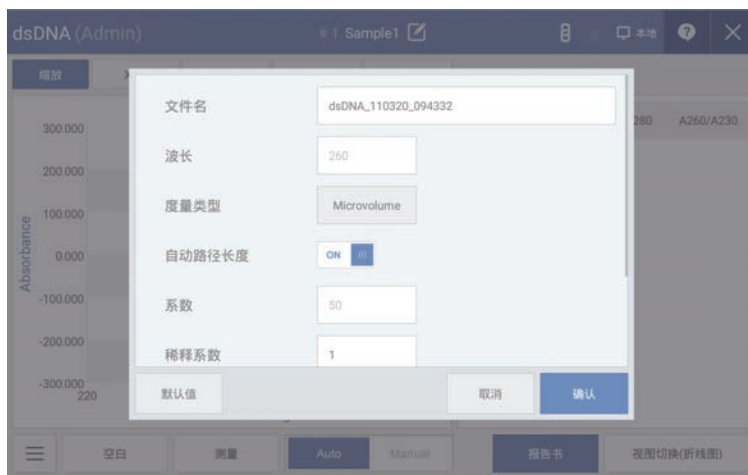


图 2.11

[图 2.10] 进入测量模式点击左侧下端图标后，点击[设置]键。

[图 2.11] 可确认测量波长和系数值，并可变更文件名称、测量类型、稀释系数、修改标准线、染料等设置。

## 2-2 测量设置

第2章



图 2.12 [更改测量类型与光路长度]



图 2.13 [更改稀释系数]

## 2-2 测量设置



图 2.14 [标准线修改设置]



图 2.15.1 [更改染料设置]

## 2-2 测量设置

第2章



图 2.15.2 [更改染料设置]



图 2.16 [染料校正设置]

## 2-3 Pedestal Basic Use

利用吸管取1~2  $\mu\text{l}$ 样品。将吸管置于样品部(Pedestal)上后，不要让水滴破裂，保持水滴模样正确加载样品。



图 2.17

按下基线/测量键，进行测量，界面中将显示测量值。测量后用试验用湿巾轻轻擦拭样品部(Pedestal)和外罩部(Quartz Window)。为了进一步清洗，将蒸馏水加在样品部(Pedestal)和外罩部(Quartz Window)上，用试验用湿巾轻轻擦拭，污染较多时请反复清洗。



图 2.18



图 2.19

### 警告

样品量低于 $1.0\mu\text{l}$ 或高于 $2.0\mu\text{l}$ 时，样品无法在样品部(Pedestal)正确定位，可能会导致测量值不准确。样品浓度过低( $10\text{ng}/\mu\text{l}$ 以下，以dsDNA为准)或过高( $10000\text{ng}/\mu\text{l}$ 以上，以dsDNA为准)时，可能会降低测量者的精确度，请浓缩或稀释至适当范围后再进行测量。

## 2-4 Cuvette Basic Use

NanoQ Series可在[设置]中更改所有测量模式的测量类型，使用10mm规格的标准Cuvette。光路高度距底面起为8.5mm，选择Cuvette时，需确认高度和光路长度。



图 2.20



图 2.21

准备欲放入样品的Cuvette。根据光路高度选择Sample size。将Cuvette放入方格支架中。放入Cuvette时，确认光线通过的Cuvette部位是否被污染，如果被污染，用试验用湿巾擦拭干净。确认光线通过Cuvette的方向，将Cuvette透明部分置于光路中。按下基线/测量键，完成测量，显示测量值。完成测量后，移除Cuvette。\*在Cuvette Cell支架中光束通过的方向为自下而上的方向。插入Cell时，请注意方向。

# -第3章-

## 测量模式说明

- 3-1 核酸 & 蛋白质UV
- 3-2 蛋白质Assay
  - 3-2-1 Calibration Curve Manager
  - 3-2-2 Quantitation
- 3-3 More Applications
  - 3-3-1 Kinetics
  - 3-3-2 OD600
  - 3-3-3 Photometric
  - 3-3-4 Spectrum
  - 3-3-5 ABS Ratio
  - 3-3-6 Concentration
  - 3-3-7 Quantitation

## 3-1 核酸 & 蛋白质UV

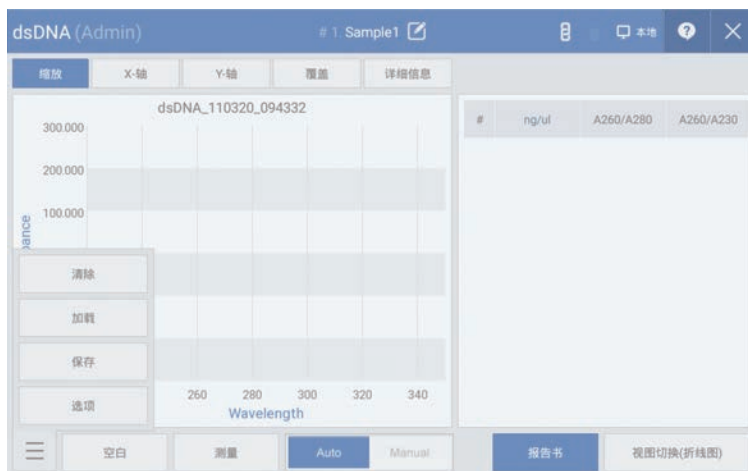


图 3.1

核酸吸光度在260nm条件下为最大值，故测量DNA、RNA时，在260nm条件下测量的值乘以50、33、40等固定Factor值，即可计算dsDNA、ssDNA、RNA的浓度值。

按键说明	
设置	设置测量环境。
导入	导入已保存的数据。
保存	保存测量数据。
基线	测量空白样品。
测量	测量样品并显示结果。
更改视图(图像)	可在图形+数据、图形、数据三种视图模式中转换。
报告书	以报告书形式显示测量结果。
放大	启用放大图像功能。
X、Y轴	可更改X、Y轴间距。
清除	清除所有测量数据。
详细事项	可确认最终详细测量结果。
重叠查看	可叠加测量结果并显示于图形上。

### 测量顺序

- 1.运行[图 3.1]的[设置]，设置测量环境。
- 2.加载空白样品后，按下[图3.1]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后，按下[图 3.1]中的[测量]，进行测量。

## 3-2 蛋白质Assay

### 3-2-1 标准曲线管理



图 3.2

按键说明	
新建	创建新标准曲线。
修改	修改此前拟定的标准曲线。
删除	删除此前拟定的标准曲线。
更改视图(图像)	可在图形+数据、图形、数据三种视图模式中转换。
可选	选择标准曲线，转换至测量模式。
放大	启用放大图像功能。

## 3-2 蛋白质Assay

### 3-2-2 Quantitation

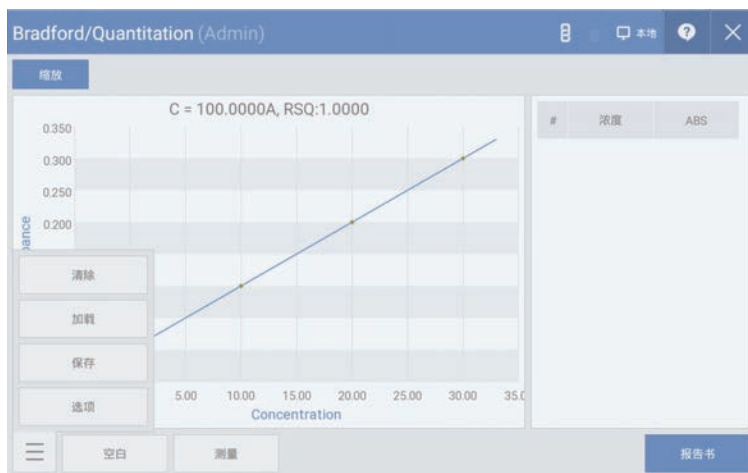


图 3.3

按键说明	
设置	设置测量环境。
导入	导入已保存的数据。
保存	保存测量数据。
基线	测量空白样品。
测量	测量样品后，显示结果。
报告书	以报告书形式显示测量结果。
放大	启用放大图像功能。
清除	清除所有测量数据。

#### 测量顺序

- 1.在[图 3.2]中选择将要使用的标准曲线。\*无已创建的标准曲线时，请参考“标准曲线创建方法”
- 2.加载空白样品后，按下[图3.3]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载将要测量的样品后，按下[图 3.3]中的[测量]，进行测量。

## 3-2 蛋白质Assay

**i** NOTE

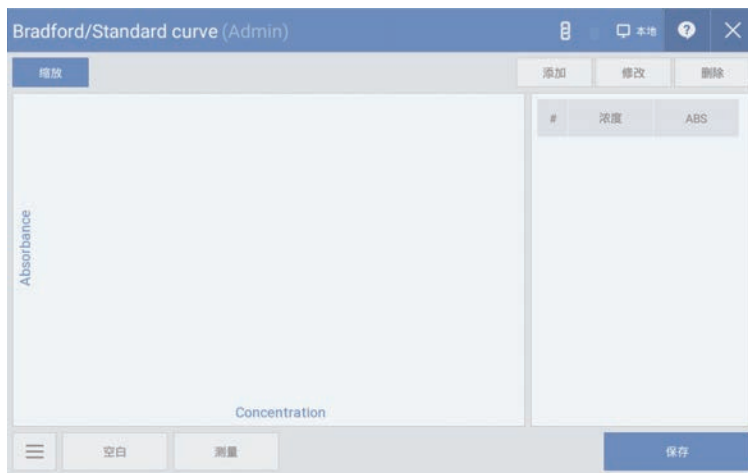


图 3.4

1. 按下[图 3.2]的[新建]按键，转换至标准曲线模式。
2. 运行[图 3.4]界面下端的[设置]，设置测量环境。
3. 按下[图 3.4]的[添加]键，反复输入欲测量的标准样品浓度。
  - 需要测量时：仅在输入栏中输入浓度
  - 已了解吸光度时：同时输入浓度和吸光度后，执行第8项操作
4. 加载空白样品后，按下[基线]测量零点。
5. 利用蒸馏水擦拭空白样品。
6. 加载第一个标准样品后，按下[测量]键，进行测量。
7. 按第3项中输入的标准样品数量反复执行第5项和第6项。
8. 确认已完成的标准曲线后，按下[保存]键保存标准曲线。

## 3-3 More Applications

### 3-3-1 Kinetics



图 3.5

Kinetics是测量在特定波长条件下样品吸光度随时间变化的模式。设置测量时间、间隔、延迟等后进行测量。

按键说明	
设置	设置测量环境。
导入	导入已保存的数据。
保存	保存测量数据。
基线	测量空白样品。
测量	测量样品后，显示结果。
更改视图(图像)	可在图形+数据、图形、数据三种视图模式中转换。
报告书	以报告书形式显示测量结果。
放大	启用放大图像功能。
重叠查看	可叠加测量结果并显示于图形上。
线性	用线性回归曲线显示测量数据。
R <sup>2</sup>	显示线性回归曲线的R <sup>2</sup> 值。
X轴	设置X轴的范围。
Y轴	设置Y轴的范围。
清除	清除所有测量数据。

---

### 测量顺序

- 1.选择[图 3.5]的[设置], 设置测量环境。
- 2.加载空白样品后, 按下[图3.5]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后, 按下[图 3.5]中的[测量], 进行测量。

## 3-3 More Applications

### 3-3-2 OD600

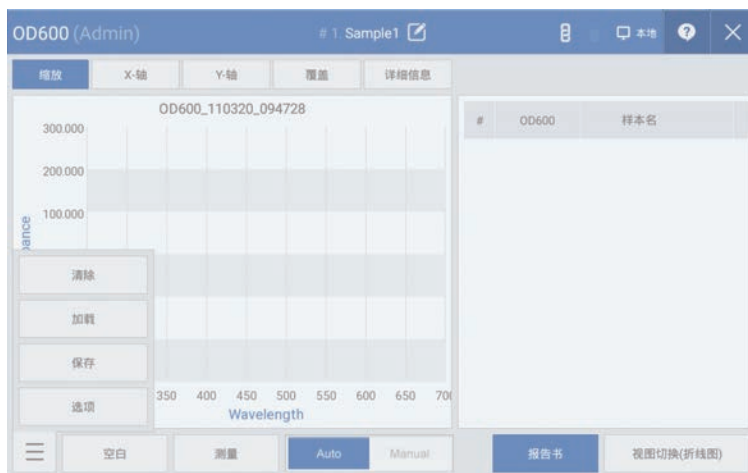


图 3.6

OD600是在600nm条件下测量Optical Density的模式，通常用作表现细菌或其他细胞值的测试方法。在NanoQ Series中可利用10mm Cuvette测量600nm条件下的OD值。

#### 测量顺序

- 1.选择[图 3.6]的[设置]，设置测量环境。
- 2.加载空白样品后，按下[图3.6]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后，按下[图 3.6]中的[测量]，进行测量。

## 3-3 More Applications

### 3-3-3 Photometric

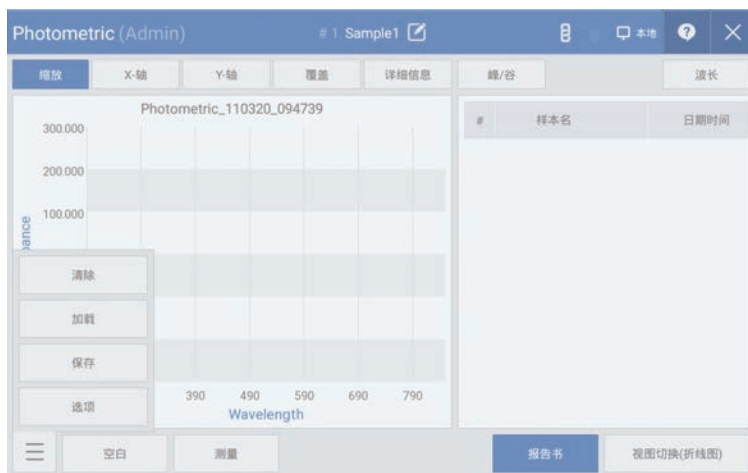


图 3.7

Photometric模式是测量特定波长的单纯吸光度时使用的模式。最多可同时测量20个波长的吸光度。

#### 测量顺序

- 1.选择[图 3.7]的[设置], 设置测量环境。
- 2.加载空白样品后, 按下[图3.7]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后, 按下[图 3.7]中的[测量], 进行测量。

## 3-3 More Applications

### 3-3-4 Spectrum

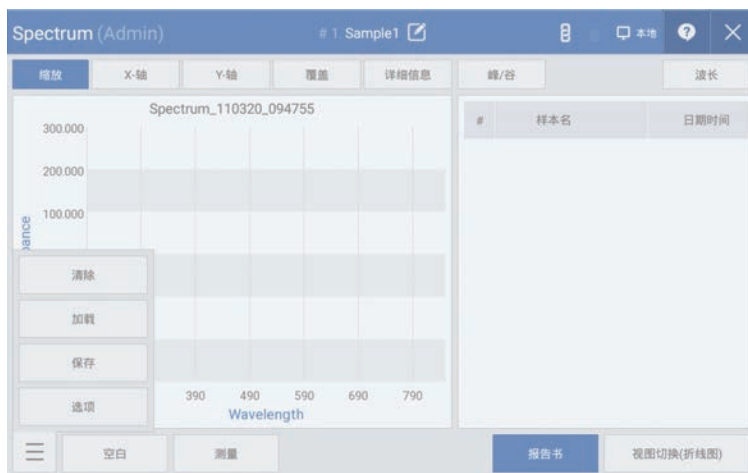


图 3.8

Spectrum模式是供用户确认所需波长范围光谱的模式。可在190nm至850nm范围内设置欲测量的波长范围进行测量。

#### 测量顺序

- 1.选择[图 3.8]的[设置], 设置测量环境。
- 2.加载空白样品后, 按下[图3.8]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后, 按下[图 3.8]中的[测量], 进行测量。

## 3-3 More Applications

### 3-3-5 ABS Ratio



图 3.9

在Absorbance Ratio模式中可计算样品的2种特定波长的吸光度比值。

最多可同时测量20个波长的吸光度比值。

#### 测量顺序

- 1.选择[图 3.9]的[设置], 设置测量环境。
- 2.加载空白样品后, 按下[图3.9]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后, 按下[图 3.9]中的[测量], 进行测量。

## 3-3 More Applications

### 3-3-6 Concentration

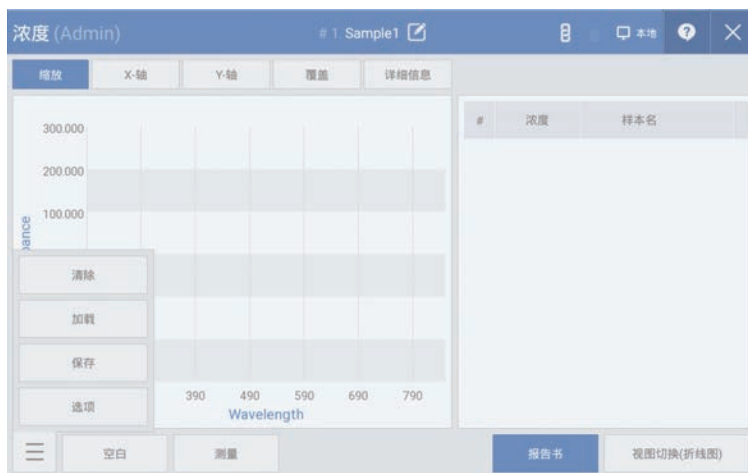


图 3.10

在Concentration模式中可利用特定波长下样品的吸光度来计算浓度。吸光度乘以特定factor值可获得浓度。用户可通过[设置]自行输入factor值。

#### 测量顺序

- 1.选择[图 3.10]的[设置]，设置测量环境。
- 2.加载空白样品后，按下[图3.10]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后，按下[图 3.10]中的[测量]，进行测量。

## 3-3 More Applications

### 3-3-7 Quantitation

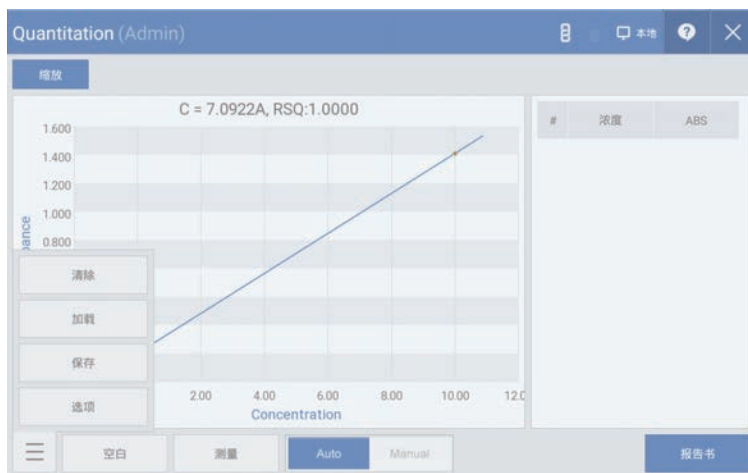


图 3.11

在Quantitation Mode中可利用标准曲线来计算未知样品的浓度。

利用Standard Curve Calibration Manager可选择 / 添加 / 修改 / 删除标准曲线。

#### 测量顺序

- 1.在[图 3.11]中选择将要使用的标准曲线。\*无已创建的标准曲线时，请参考“标准曲线创建方法”
- 2.加载空白样品后，按下[图3.11]的[基线]测量零点。
- 3.利用蒸馏水擦拭空白样品。
- 4.加载样品后，按下[图 3.11]中的[测量]，进行测量。

本页为预留空白页。

# -第4章-

## 其他

4-1 其他

4-1-1 数据(查看/删除数据)

4-1-2 变更存储库

4-2 产品的管理

## 4-1 其他

### 4-1-1 数据(查看/删除数据)

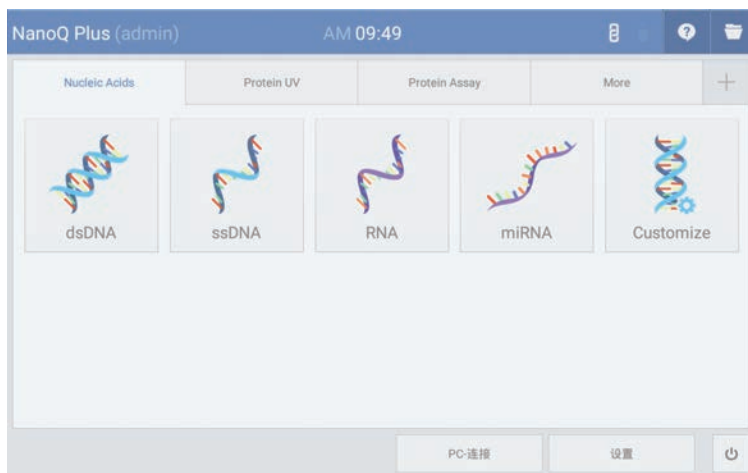


图 4.1



图 4.2

[图 4.1] 点击主界面右侧上端的[文件浏览器]图标，将出现如[图 4.2]所示的文件浏览器窗口。在文件浏览器窗口中可搜索之前保存的数据文件，还可使用创建新文件夹、复制、粘贴、删除功能。



图 4.3

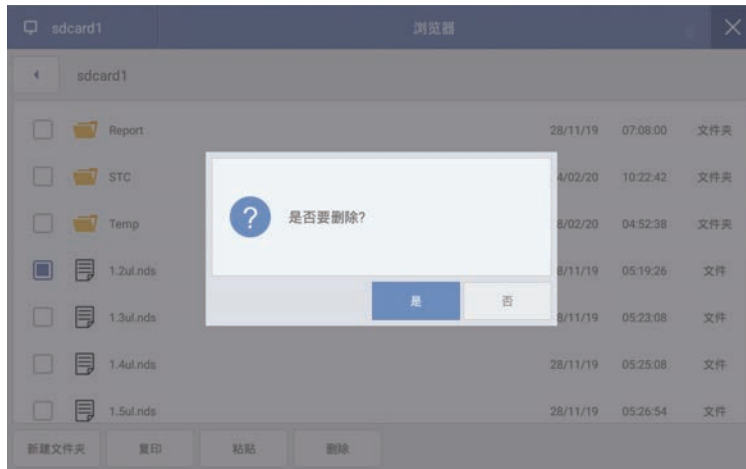


图 4.4

[图 4.3] 按下[新文件夹]键即可创建新文件夹。

[图 4.4] 选定将要复制数据/删除、清除的文件夹或文件后，按下[复制]/[删除]键，即可复制/删除选定的文件夹或文件。

## 4-1 其他

### 4-1-2 变更存储库



图 4.5

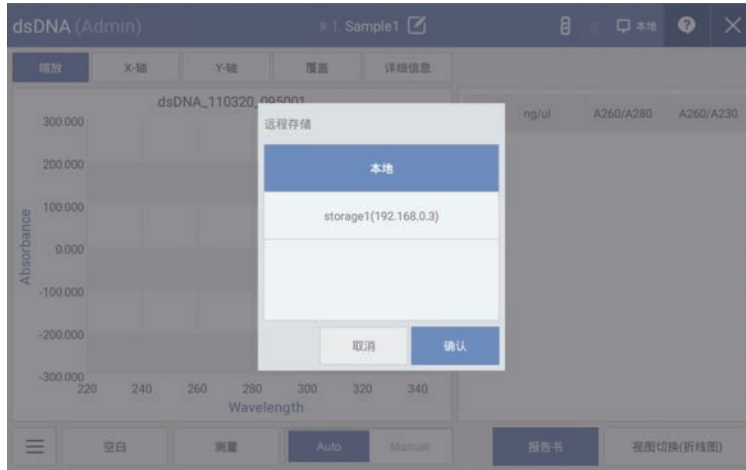


图 4.6

[图 4.5]点击测量界面右侧上端的[远程存储库]图标，将出现如[图 4.6]所示的远程存储库窗口。选择远程存储库后，即可在远程存储库中保存所有测量数据。如果要编辑远程存储库，在[2-1 设备基本设置]中选择远程存储库选项卡即可。

## 4-2 产品的管理

---

每次完成样品测量后，必须利用DW (Distilled water)清洗，保持样品部(Pedestal)和外罩部(Quartz window)清洁。



图 4.7

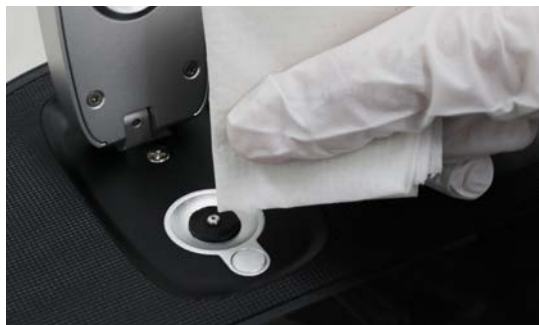


图 4.8

长时间未清洗或测量高浓度样品时，必须在样品部(Pedestal)和外罩部(Quartz window)加载 $2\mu\text{l}$ 的DW(Distilled Water)后放置2~3分钟，再用试验用湿巾擦拭干净，才能有效防止因测试人员间的样品混入等导致的测量误差。