Laboratorio 01

# Spettroscopia d'assorbimento









L.M. in Ingegneria Biomedica – A.A. 22/23

# Laboratorio di fotonica per la medicina

**Prof. Marco Consales** 

### **Benedetta Masone**

<u>b.masone@studenti.unimol.it</u> – mat.177470

### **Martina Rainone**

m.rainone@studenti.unimol.it - mat.177471

### **Fabrizio Ravelli**

f.ravelli@studenti.unimol.it - mat.177085

# **INDICE**

- 1. Introduzione teorica
- 2. Strumentazione utilizzata
- 3. Procedura operativa
- 4. Analisi dati
- 5. Analisi dei risultati e conclusioni

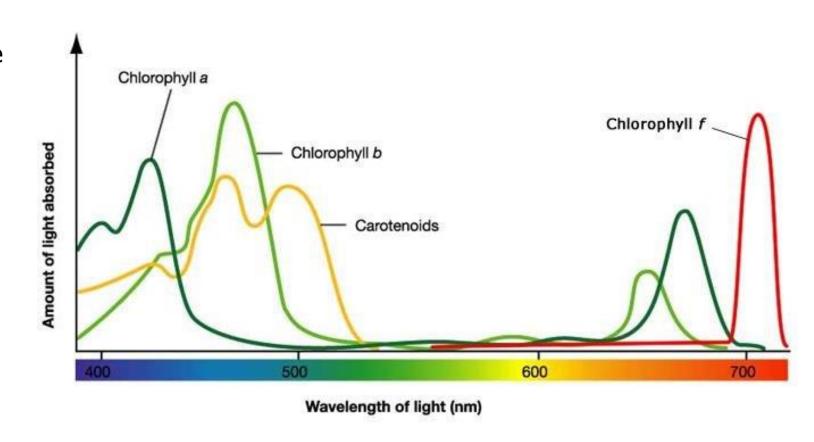
## INTRODUZIONE TEORICA

La spettroscopia studia l'interazione luce-materia.

Permette di effettuare analisi qualitative e quantitative.

### **LEGGE DI BEER-LAMBERT**

$$A = \varepsilon \cdot c \cdot l$$



STRUMENTAZIONE UTILIZZATA

- Spettroscopio Termofisher NanoDrop One-C
- **Pippetor**
- Vortex





**Detector Type** Display Dimensions (L x W x H)

Languages **Light Source** 

Spectral Bandwidth

Voltage

Wavelength Range

2048-element CMOS Linear Image Sensor

7 in. High Definition Color Display, 1280 x 800 pixels

20 x 25.4 x 32.3 cm (8 x 10 x 12.7 in.)

English, French, German, Spanish, Polish, Chinese, Japanese, Korean

Xenon Flash

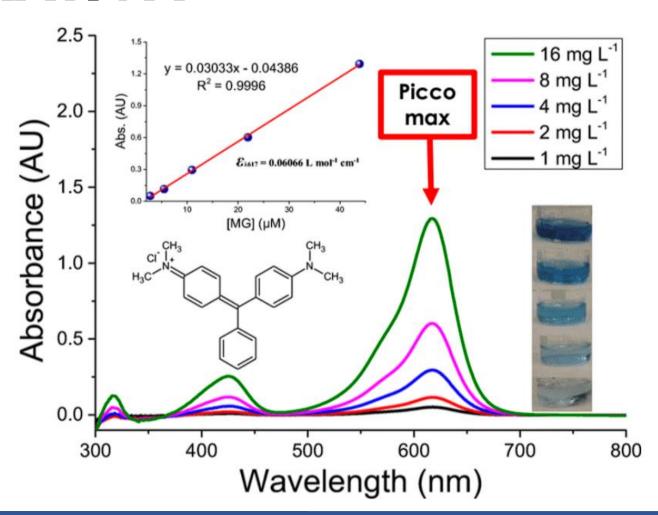
12 VDC

≤1.8 nm (FWHM at Hg 254 nm)

190 to 850 nm

# PROCEDURA OPERATIVA

- 1. Preparazione dei campioni a diversa concentrazione
- 2. Misurazione assorbanza intrinseca del solvente e della cuvette
- 3. Acquisizione dello spettro di assorbimento per ogni sample
- 4. Determinazione del picco di assorbanza
- 5. Calcolo della retta di calibrazione.
- Individuazione della concentrazione incognita

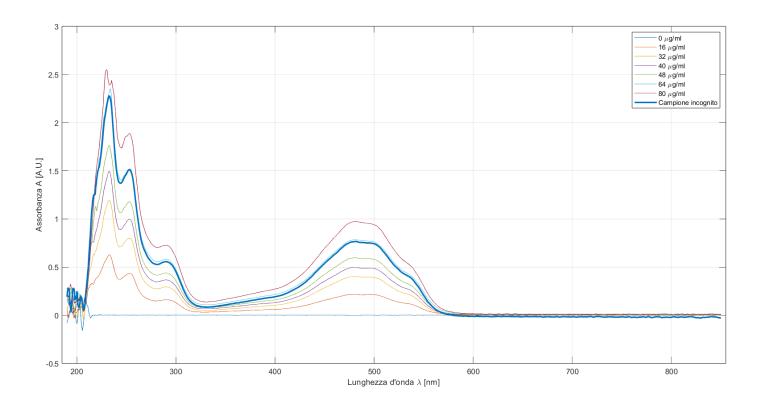


# **ANALISI DATI**

L'analisi dei dati è stata eseguita sul software MATLAB R2022b.

### Ambiente di analisi:

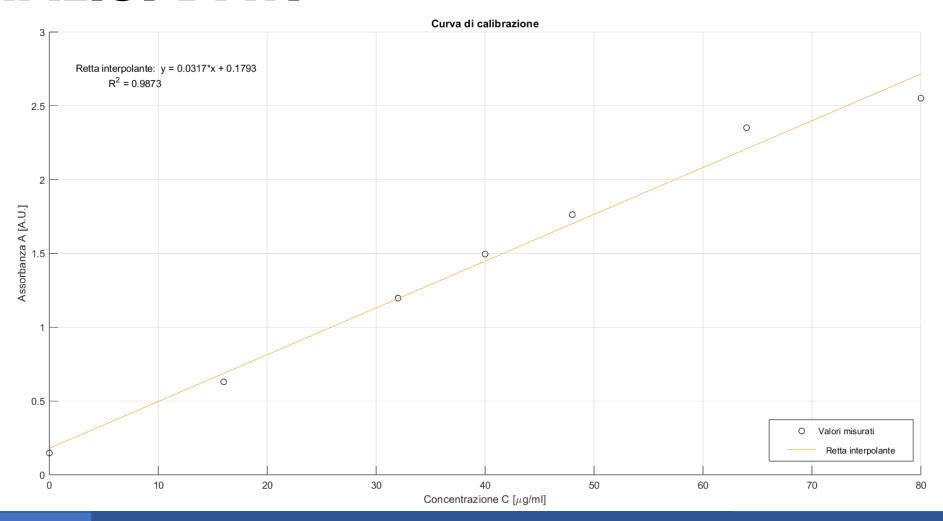
- CPU AMD Ryzen 5 3500U
- Memoria RAM 8 GB



```
for i = 1 : 7
    [maxx(i), idx(i)] = max(A_calib(:,i));
end
```

%% Calcolo del polinomio interpolante Concentrazione-Assorbanza
p = polyfit(concentrations, maxx, 1);

# **ANALISI DATI**



# ANALISI DEI RISULTATI E CONCLUSIONI

La concentrazione incognita è stata ricavata tramite la funzione *polyval*, tenendo conto del fattore di diluizione di 5000.

```
c = 5000 * polyval(p_inv, max_unknow);
>> c
c =
0.3292 [g/ml]
```

