

Register your instrument!  
[www.eppendorf.com/myeppendorf](http://www.eppendorf.com/myeppendorf)



# Eppendorf BioSpectrometer® basic

Manual de instrucciones

Copyright © 2019 Eppendorf AG, Germany. All rights reserved, including graphics and images. No part of this publication may be reproduced without the prior permission of the copyright owner.

## **Trademarks**

Cy® is a registered trademark of GE Healthcare UK Ltd., UK.

Hellma® is a registered trademark of Hellma GmbH & Co. KG, Germany.

Eppendorf® and the Eppendorf Brand Design are registered trademarks of Eppendorf AG, Germany.

Eppendorf BioSpectrometer®, Eppendorf SpectraZoom®, and UVette® are registered trademarks of Eppendorf AG, Germany.

Registered trademarks and protected trademarks are not marked in all cases with ® or ™ in this manual.

Protected by U.S. Patent No. 8,464,171.

## **Notice**

The software of the BioSpectrometer basic contains open source software. License information is available under *Functions > Info > Copyrights*.

## Índice

<b>1</b>	<b>Instrucciones de empleo</b> .....	<b>7</b>
1.1	Utilización de estas instrucciones .....	7
1.2	Símbolos de peligro y niveles de peligro .....	7
1.2.1	Símbolos de peligro .....	7
1.2.2	Niveles de peligro .....	7
1.3	Convención de representación .....	8
1.4	Abreviaturas .....	9
<b>2</b>	<b>Instrucciones generales de seguridad</b> .....	<b>11</b>
2.1	Uso de acuerdo con lo previsto .....	11
2.2	Requerimiento para el usuario .....	11
2.3	Peligros durante el uso previsto .....	11
2.3.1	Daños personales .....	11
2.3.2	Daños en el equipo .....	13
2.4	Información sobre la responsabilidad de producto .....	14
2.5	Indicaciones de seguridad en el equipo .....	14
<b>3</b>	<b>Descripción del producto</b> .....	<b>15</b>
3.1	Vista general del producto .....	15
3.2	Alcance de suministro .....	15
3.3	Características del producto .....	16
3.3.1	Métodos .....	16
3.3.2	Manejo .....	16
3.3.3	Emisión de resultados .....	16
3.3.4	Autocomprobación del equipo .....	16
<b>4</b>	<b>Instalación</b> .....	<b>17</b>
4.1	Preparación de la instalación .....	17
4.2	Seleccionar ubicación .....	17
4.3	Conexión del equipo a la red eléctrica .....	17
4.4	Conectar el equipo a una red .....	18
4.5	Conexión de la impresora al puerto USB .....	18
4.5.1	Impresora térmica DPU-S445 .....	18
4.6	Conexión de un ordenador o memoria USB para la exportación de datos .....	19
<b>5</b>	<b>Manejo</b> .....	<b>21</b>
5.1	Elementos de control .....	21
5.1.1	Introducción de texto .....	23
5.2	Inserción de la cubeta .....	24
5.3	Visión general de la secuencia de medición .....	25
5.3.1	Preparación de la medición .....	25
5.3.2	Secuencia de medición .....	25
5.3.3	Indicaciones importantes para las mediciones .....	29

<b>6</b>	<b>Métodos</b>	<b>31</b>
6.1	Selección del método	31
6.2	Descripción de métodos fotometría	32
6.2.1	Grupo de métodos Absorbance	32
6.2.2	Grupo de métodos Routine	33
6.2.3	Grupo de métodos Basic	34
6.2.4	Grupo de métodos Advanced	35
6.3	Parámetros de los métodos	35
6.4	Pasos de métodos	40
6.4.1	check parameters	41
6.4.2	measure standards	42
6.4.3	measure samples	43
6.4.4	Muestras de medición: Visualización de resultados	45
6.4.5	process results	50
6.4.6	Resultados de procesos: Opciones	52
6.4.7	print & export	55
6.4.8	Finalizar la serie de mediciones	58
<b>7</b>	<b>Funciones</b>	<b>59</b>
7.1	Funciones del grupo principal User	59
7.1.1	Results Memory	61
7.1.2	General Method Parameters	62
7.1.3	Absorbance Spectra Library	65
7.1.4	Device Settings	66
7.1.5	Device Calibration	68
7.1.6	Info	68
<b>8</b>	<b>Mantenimiento</b>	<b>69</b>
8.1	Limpieza	69
8.1.1	Limpieza de la cubierta del compartimento de la cubeta	70
8.2	Desinfección/Descontaminación	71
8.3	Comprobación del equipo	71
8.3.1	Comprobación de la unidad espectrométrica	71
8.3.2	Autocomprobación del equipo	75
8.4	Sustituir fusibles	76
8.5	Descontaminación antes del envío	76
<b>9</b>	<b>Solución de problemas</b>	<b>77</b>
9.1	Errores generales	77
9.2	Mensajes de error	79
9.3	Identificaciones de resultados	82
<b>10</b>	<b>Transporte, almacenaje y eliminación</b>	<b>85</b>
10.1	Transporte	85
10.2	Almacenamiento	85
10.3	Eliminación	86

<b>11 Datos técnicos</b>	<b>87</b>
11.1 Suministro de corriente	87
11.2 Condiciones del entorno	87
11.3 Peso/dimensiones	87
11.4 Propiedades fotométricas	88
11.5 Otros parámetros técnicos	89
11.6 Parámetros de aplicación	90
<b>12 Método de evaluación</b>	<b>91</b>
12.1 Valores de extinción	91
12.1.1 Valor de blanco	91
12.1.2 Corrección de fondo	91
12.1.3 Corrección de cubeta	92
12.2 Transmisión	92
12.3 Evaluación con factor o con solución patrón	93
12.4 Evaluación con curva/línea recta de solución patrón	94
12.5 Dilución	95
12.6 Procedimientos de evaluación especiales para ácidos nucleicos y proteína UV	95
12.6.1 Corrección $A_{260}$ y corrección $A_{280}$	95
12.6.2 Ratio $A_{260}/A_{280}$ y ratio $A_{260}/A_{230}$	96
12.6.3 Conversión en concentraciones molares y cantidades de ácidos nucleicos	96
12.6.4 Cálculo del factor para proteína en "General Method Parameter"	98
12.7 Procedimientos de evaluación especiales para los métodos de tinción	98
12.7.1 Cálculo del factor para el colorante a partir del coeficiente de extinción	98
12.7.2 Cálculo de la FOI	99
12.7.3 Conversión a cantidades de colorante	99
12.8 Dual wavelength	100
<b>13 Información para pedidos</b>	<b>101</b>
Certificados	103

**Índice**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

# 1 Instrucciones de empleo

## 1.1 Utilización de estas instrucciones

- ▶ Lea este manual de instrucciones completamente antes de que ponga en funcionamiento el equipo por primera vez. Si fuera necesario, lea también las instrucciones de uso de los accesorios.
- ▶ Este manual de instrucciones es parte del producto. Consérvelo en un lugar accesible.
- ▶ Incluya siempre este manual de instrucciones cuando entregue el equipo a terceros.
- ▶ Encontrará la versión actual del manual de instrucciones en otros idiomas en nuestra página de Internet [www.eppendorf.com/manuals](http://www.eppendorf.com/manuals).

## 1.2 Símbolos de peligro y niveles de peligro

### 1.2.1 Símbolos de peligro

Las indicaciones de seguridad en este manual tienen los siguientes símbolos de peligro y niveles de peligro:

	<b>Descarga eléctrica</b>		<b>Sustancias con propiedades explosivas</b>
	<b>Sustancias tóxicas</b>		<b>Punto de peligro</b>
	<b>Daños materiales</b>		

### 1.2.2 Niveles de peligro

<b>PELIGRO</b>	<i>Causará lesiones graves o incluso la muerte.</i>
<b>ADVERTENCIA</b>	<i>Puede causar lesiones graves o incluso la muerte.</i>
<b>PRECAUCIÓN</b>	<i>Puede producir lesiones ligeras o moderadas.</i>
<b>ATENCIÓN</b>	<i>Puede causar daños materiales.</i>

### 1.3 Convención de representación

Representación	Significado
1. 2.	Acciones que deben realizarse en el orden preestablecido
▶	Acciones sin un orden preestablecido
•	Lista
 o <b>sample</b>	Pulse esta tecla para realizar la acción descrita.
 o [Copy]	Pulse esta tecla programable para realizar la acción descrita.
	Información adicional

## 1.4 Abreviaturas

### A

Absorbance – Absorbancia

### DNA

Deoxyribonucleic acid – Ácido desoxirribonucleico (ADN)

### dsDNA

double stranded DNA – ADN bicatenario

### Métodos de tinción

Métodos del grupo **Dye labels** para la medición de biomoléculas teñidas con colorante

### FOI

Frecuencia de incorporación (según sus siglas en inglés): medida para la cantidad de moléculas de colorante en relación al número de nucleótidos en biomoléculas marcadas con colorante

### M

mol/L (*molar*)

### OD600

Densidad óptica con la longitud de onda 600 nm

### RNA

Ribonucleic acid – ácido ribonucleico (ARN)

### ssDNA

single stranded DNA – ADN monocatenario

### T

Transmisión: La transmitancia (T) se calcula como el cociente de I (luz emitida desde la cubeta  $I_0$  (de la luz que entra en la cubeta):  $T = I/I_0$

### UV

Radiación ultravioleta

### Vis

Visible light – luz visible

### CV

Coefficiente de variación (desviación estándar/valor medio), en tanto por ciento

**Instrucciones de empleo**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

## 2 Instrucciones generales de seguridad

### 2.1 Uso de acuerdo con lo previsto

El campo de aplicación del BioSpectrometer basic son los laboratorios de investigación especializados en biología molecular, bioquímica y biología celular. El BioSpectrometer basic está diseñado exclusivamente para el uso en interiores. Se tienen que respetar los requisitos de seguridad específicos de cada país para el uso de equipos eléctricos en laboratorios.

El BioSpectrometer basic sirve para la determinación fotométrica de la concentración de analitos en líquidos y para el registro de espectros de longitudes de onda de extinción en cubetas.

Utilice exclusivamente accesorios de Eppendorf o accesorios recomendados por Eppendorf.

### 2.2 Requerimiento para el usuario

El equipo y los accesorios sólo pueden ser manejados por personal cualificado.

Antes de la utilización, lea cuidadosamente el manual de instrucciones y las instrucciones de uso de los accesorios y familiarícese con el funcionamiento del equipo.

### 2.3 Peligros durante el uso previsto

#### 2.3.1 Daños personales



#### ¡PELIGRO! Electrocutación debida a la penetración de líquidos.

- ▶ Apague el equipo y desenchúfelo de la red de distribución eléctrica antes de empezar con la limpieza o con la desinfección.
- ▶ No deje entrar ningún líquido al interior de la carcasa.
- ▶ No efectúe ninguna limpieza o desinfección por pulverización en la carcasa.
- ▶ Solo vuelva a conectar el equipo a la red de distribución eléctrica si está completamente seco por dentro y por fuera.



#### ¡PELIGRO! Peligro de explosión.

- ▶ No utilice el equipo en salas donde se trabaje con sustancias explosivas.
- ▶ No procese con este dispositivo sustancias explosivas o que reaccionen bruscamente.
- ▶ No procese con este dispositivo sustancias que puedan crear una atmósfera explosiva.

**¡ADVERTENCIA! Electrocutación por daños en el equipo o en el cable de alimentación.**

- ▶ Solo encienda el equipo si este y el cable de alimentación no presentan ningún daño.
- ▶ Ponga únicamente en funcionamiento equipos que hayan sido instalados o reparados correctamente.
- ▶ Desconecte el equipo de la tensión de la red eléctrica en caso de peligro. Extraiga el cable de red eléctrica del equipo o del enchufe con toma a tierra. Utilice el dispositivo de separación previsto (p. ej., interruptor de emergencia en el laboratorio).

**¡ADVERTENCIA! Daño a causa de radiación ultravioleta.**

Las cubetas de microlitros como, p. ej., Hellma® TrayCell (o cubetas de microlitros de construcción similar) desvían la radiación de la fuente de luz dentro de la cubeta de modo que la radiación de la fuente de luz también puede salir por arriba si la tapa no está cerrada.

- ▶ Cerciórese de que la tapa de la cubeta de microlitros esté cerrada antes de iniciar una medición.

**¡ADVERTENCIA! Daños para la salud a causa de productos químicos tóxicos, radiactivos o agresivos, así como a causa de líquidos infecciosos y gérmenes patógenos.**

- ▶ Observe las disposiciones nacionales sobre el manejo de estas sustancias, el nivel de contención biológica de su laboratorio, así como las fichas de datos de seguridad e indicaciones de uso de los fabricantes.
- ▶ Póngase su equipo de protección personal.
- ▶ Unas prescripciones amplias respecto al manejo de gérmenes o material biológico del grupo de riesgo II o superior se encuentran en el "Laboratory Biosafety Manual" (fuente: World Health Organization, Laboratory Biosafety Manual, en la versión actualmente vigente).

**¡ADVERTENCIA! Peligro para la salud debido a equipo y accesorios contaminados.**

- ▶ Descontamine el equipo y los accesorios antes de almacenarlos o enviarlos.

**¡ATENCIÓN! Riesgos de seguridad debido a accesorios y piezas de recambio equivocados.**

Los accesorios y piezas de recambio no recomendados por Eppendorf merman la seguridad, el funcionamiento y la precisión del equipo. Por daños producidos por accesorios y piezas de recambio no recomendados por Eppendorf o por un uso incorrecto, Eppendorf queda eximido de cualquier responsabilidad o garantía.

- ▶ Utilice exclusivamente accesorios y piezas de recambio originales recomendados por Eppendorf.

### 2.3.2 Daños en el equipo

---



**¡AVISO! Daños a causa de productos químicos agresivos.**

- ▶ De ninguna manera utilice productos químicos agresivos como, por ejemplo, bases fuertes o débiles, ácidos fuertes, acetona, formaldehídos, hidrógeno halogenado o fenol con el equipo y sus accesorios.
- ▶ Limpie el dispositivo inmediatamente con un producto de limpieza suave en caso de una contaminación con un producto químico agresivo.



**¡AVISO! Daños en el equipo por gaseado con productos químicos agresivos.**

- ▶ No realice ninguna desinfección en el equipo por medio de gaseado.



**¡AVISO! Corrosión producida por productos de limpieza y desinfectantes agresivos.**

- ▶ No utilice productos de limpieza corrosivos ni disolventes agresivos o abrillantadores.
- ▶ No incube los accesorios durante un tiempo prolongado en productos de limpieza o desinfectantes agresivos.



**¡AVISO! Daños en los componentes electrónicos debido a la formación de condensación.**

Después de transportar el equipo de un entorno frío a un ambiente más caliente se puede formar líquido de condensación en el equipo.

- ▶ Después de emplazar el equipo, debe esperar por lo menos 3 h. Una vez transcurrido este tiempo, puede conectar el equipo a la red de distribución eléctrica.



**¡AVISO! Perjuicio del funcionamiento a causa de daños mecánicos.**

- ▶ Realice una comprobación del equipo tras un daño mecánico para asegurarse de que las funciones de medición y evaluación del equipo funcionan correctamente.



**¡AVISO! Daños por sobrecalentamiento.**

- ▶ No coloque el equipo cerca de fuentes de calor (p. ej., calefacción, armario de secado).
- ▶ No exponga el equipo a la radiación solar directa.
- ▶ Asegúrese de que la circulación del aire no se obstaculice. Mantenga una distancia mínima de 5 cm de todas las rendijas de ventilación.



**¡AVISO! Daños materiales debido a una aplicación equivocada.**

- ▶ Utilice el producto únicamente para el uso previsto que está descrito en el manual de instrucciones.
- ▶ Preste atención a una suficiente resistencia del material al aplicar sustancias químicas.
- ▶ En caso de dudas, consulte al fabricante de este producto.

## Instrucciones generales de seguridad

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)



### ¡AVISO! Daños causados por un embalaje incorrecto.

La empresa Eppendorf AG no asume ninguna responsabilidad por daños resultantes de un embalaje inapropiado.

- ▶ Solo almacene y transporte el equipo dentro de su embalaje original.



### ¡AVISO! Daños a causa de una limpieza inadecuada del compartimento de la cubeta.

- ▶ Limpie el compartimento de la cubeta únicamente con un bastoncillo de algodón húmedo (ver *Limpieza en pág. 69*).
- ▶ No deje que ningún líquido entre en el compartimento de la cubeta.
- ▶ No toque el interior del compartimento de la cubeta con los dedos.

## 2.4 Información sobre la responsabilidad de producto

En los siguientes casos, la protección prevista del equipo puede verse mermada. La responsabilidad por daños materiales y personales resultantes pasan a mano del operario:

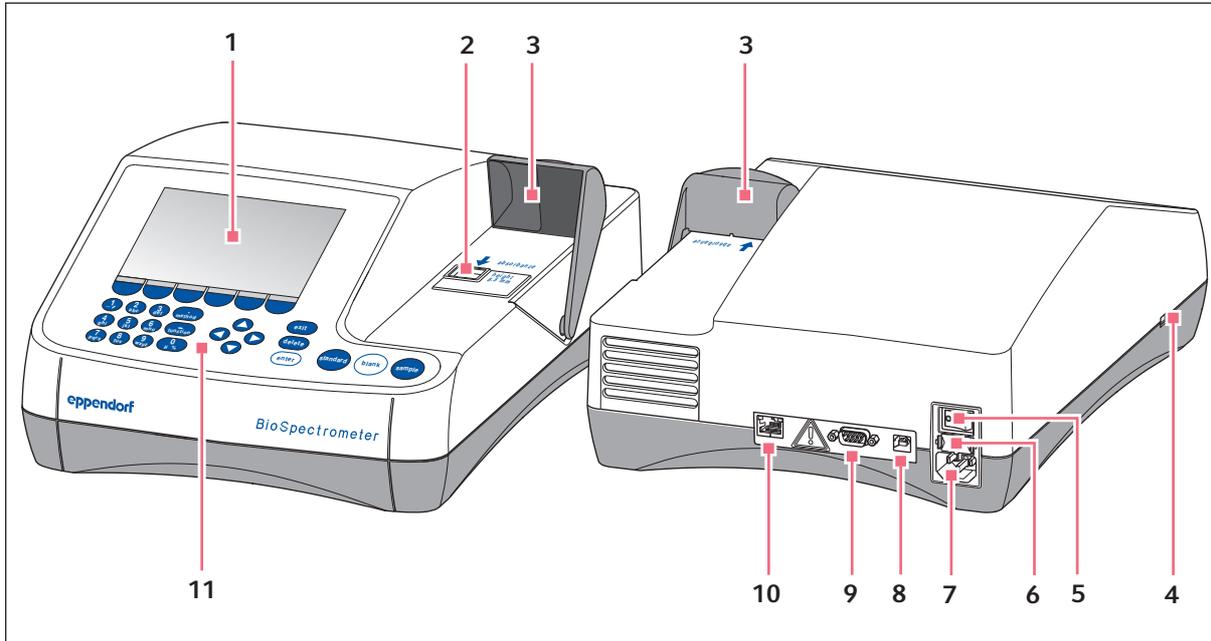
- El equipo no es utilizado según lo especificado en el manual de instrucciones.
- El equipo no es utilizado de acuerdo con el uso previsto.
- El equipo es utilizado con accesorios o consumibles no recomendados por Eppendorf AG.
- El equipo es revisado o mantenido por personas no autorizadas por Eppendorf AG.
- El usuario realiza modificaciones en el equipo sin ninguna autorización.

## 2.5 Indicaciones de seguridad en el equipo

Representación	Significado	Lugar
	Lugar peligroso ▶ Tenga en cuenta el manual de instrucciones.	Parte trasera del equipo
	Si se abre el equipo, tiene que ser calibrado nuevamente. ▶ No abrir el equipo.	Lado inferior del equipo

### 3 Descripción del producto

#### 3.1 Vista general del producto



Imag. 3-1: Vista frontal y posterior

- |   |   |
|---|---|
| 1 Indicador                               | 7 Conexión a la red                             |
| 2 Compartimento de la cubeta              | 8 Puerto USB para conexión de un ordenador (PC) |
| 3 Tapa del compartimento de la cubeta     | 9 Conexión RS-232 para impresora                |
| 4 Puerto USB para memoria USB e impresora | 10 Conector hembra de Ethernet                  |
| 5 Interruptor de red                      | 11 Elementos de control                         |
| 6 Portafusibles                           |   |

La placa de características se encuentra atrás a la izquierda en el lado inferior del equipo.

#### 3.2 Alcance de suministro

Número	Descripción
1	BioSpectrometer basic
1	Cable de alimentación
4	4 UVette Cubeta de plástico original de Eppendorf, embalada individualmente, PCR clean, Protein-free
1	Instrucciones de uso en varios idiomas

## Descripción del producto

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### 3.3 Características del producto

El BioSpectrometer basic es un espectrofotómetro UV-Vis para la medición de líquidos en cubetas en el rango de longitudes de onda de 200 nm a 830 nm. Está previsto para el uso en la investigación y el desarrollo en los campos de la biología molecular, biotecnología, bioquímica y biología celular. Puede utilizar cubetas de vidrio y de plástico en la cantidad de volumen de 1 µL a 3.000 µL.

#### 3.3.1 Métodos

Se han programado previamente múltiples métodos para la detección de la concentración de ácidos nucleicos, proteínas y ácidos nucleicos y proteínas marcados con colorante así como el método **OD 600** para la detección de la densidad de las bacterias mediante turbidimetría. Además, también se han programado plantillas de métodos para diferentes procesos de medición y evaluación (mediciones de una o varias longitudes de onda, registro de espectros, evaluaciones con factor, estándar y curva estándar). Basándose en los métodos y plantillas preprogramados se pueden crear métodos propios. Con las plantillas del grupo de métodos **Absorbance** puede medir rápidamente extinciones o espectros sin evaluaciones adicionales. En el grupo de métodos **Absorbance** también encontrará un método con el que puede determinar el grado de transmisión de una muestra.

#### 3.3.2 Manejo

Los métodos y plantillas preprogramados están resumidos en grupos claros, de los cuales puede seleccionar rápidamente su método deseado. Después de llamar el método, será guiado paso a paso a través de la secuencia de medición. Un cuadro de ayuda en el indicador le proporciona indicaciones en caso necesario. Los 3 botones de medición circulares (**standard, blank, sample**) permiten el inicio directo y rápido de una medición.

#### 3.3.3 Emisión de resultados

El BioSpectrometer basic proporciona los resultados a través de la pantalla del equipo, así como a través de una impresora que se puede adquirir a través de Eppendorf. Los resultados se pueden transferir a una memoria USB, a una impresora o directamente a un ordenador. Si el equipo se encuentra conectado a una red, los resultados pueden imprimirse en una impresora de red o enviarse por correo electrónico. No se pueden guardar los resultados en una unidad de red.

#### 3.3.4 Autocomprobación del equipo

Directamente después del encendido, el equipo comprueba automáticamente el funcionamiento correcto de la unidad espectrométrica. Para comprobar el equipo de una manera más amplia, active la función **Device calibration** (ver *Autocomprobación del equipo en pág. 75*).

## 4 Instalación

### 4.1 Preparación de la instalación

- ▶ Guarde la caja de cartón y el material de embalaje para un eventual almacenaje o para un posterior transporte seguro.
- ▶ Compruebe la integridad del suministro en base a los datos referentes al alcance de suministro. (ver *Alcance de suministro en pág. 15*)
- ▶ Compruebe que ninguna pieza presente daños de transporte.

### 4.2 Seleccionar ubicación

Seleccione el lugar de emplazamiento del BioSpectrometer basic según los siguientes criterios:

- 2 enchufes con toma de tierra para el BioSpectrometer basic y para la impresora.
- Mesa de laboratorio fija con tabla de trabajo horizontal.  
Espacio requerido por el equipo: 50 cm de ancho (con impresora: 75 cm), 50 cm de profundidad.
- Temperatura: 15 °C a 35 °C.
- Evite fluctuaciones de temperatura (p. ej., debido a ventanas abiertas).
- Evite la luz solar directa.
- Humedad: 25 % al 70 % de humedad relativa.



Preste atención de que no se encuentren objetos debajo del equipo (p. ej. hojas sueltas, cuadernos) que puedan obstaculizar el suministro de aire.

### 4.3 Conexión del equipo a la red eléctrica

1. Coloque el BioSpectrometer basic sobre una superficie de trabajo apropiada.
2. Cerciórese de que la tensión de la red y la frecuencia de la red coincidan con las indicaciones en la placa de características.
3. Conecte el equipo a la red eléctrica y enciéndalo accionando el interruptor principal.
4. Retire la lámina protectora del indicador.

## 4.4 Conectar el equipo a una red



La conexión del equipo a una red es opcional. También puede utilizar el equipo sin que esté conectado a ninguna red.

Informaciones a los ajustes de red (ver *Device Settings* en pág. 66)

### Requisitos

Cable Ethernet (RJ45)

1. Conecte el cable Ethernet con el conector hembra a la red.
2. Conecte el cable con el conector hembra Ethernet **10** (ver *Vista general del producto* en pág. 15).



### Impresora de red

El equipo reconoce de forma automática una impresora de red sujeta a los siguientes requisitos:

- La impresora se encuentra en el mismo segmento de red que el equipo.
- La impresora se apoya en el protocolo Zeroconf.
- La impresora tiene funcionalidad PostScript.

## 4.5 Conexión de la impresora al puerto USB

### 4.5.1 Impresora térmica DPU-S445

#### Requisitos

En el equipo está instalado el software de la versión 3.4.4.0 o superior.

En los ajustes de la impresora se ha seleccionado la impresora térmica DPU-S445 (ver *Device Settings* en pág. 66).

Conecte la impresora térmica DPU-S445 al puerto USB para impresoras.

1. Conecte el cable de impresora al puerto USB para impresoras **4** (ver *Vista general del producto* en pág. 15).
2. Conecte el cable de impresora con la impresora.
3. Conecte la impresora con la fuente de alimentación y el cable de alimentación suministrados (accesorios de la impresora) a la red eléctrica y encienda la impresora.

En las instrucciones de uso de la impresora encontrará indicaciones respecto a la impresora.

## 4.6 Conexión de un ordenador o memoria USB para la exportación de datos

Puede conectar una memoria USB, formateada en FAT-32, en el puerto USB 4 (ver *Vista general del producto en pág. 15*).

Alternativamente también puede conectar el equipo directamente a un ordenador vía cable USB para la exportación de datos:

### Requisitos

- PC con Windows, versión XP, SP2 o versión superior.
- Cable USB con un conector tipo A y uno tipo B, respectivamente.
- ▶ Conecte el equipo al ordenador enchufando el cable USB en el puerto USB 8 (ver *Vista general del producto en pág. 15*).



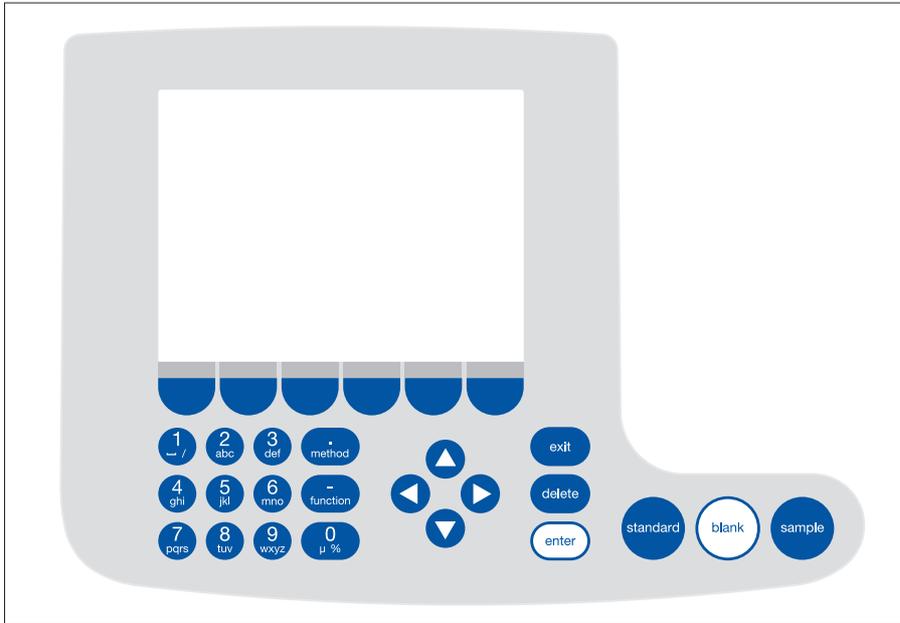
- No se requiere ningún software para PC especial para la transmisión de datos: los paquetes de datos transmitidos son registrados por el ordenador como si se tratase de una memoria USB, es decir como un soporte de datos intercambiable. Para visualizar los datos, únicamente tiene que abrir el paquete de datos registrado.
- La transferencia de datos a la memoria USB o al ordenador se inicia en el paso **print & export** (ver *print & export en pág. 55*) del método una vez finalizada la serie de mediciones.

**Instalación**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

## 5 Manejo

### 5.1 Elementos de control



Imag. 5-1: Elementos de control del BioSpectrometer basic

## Manejo

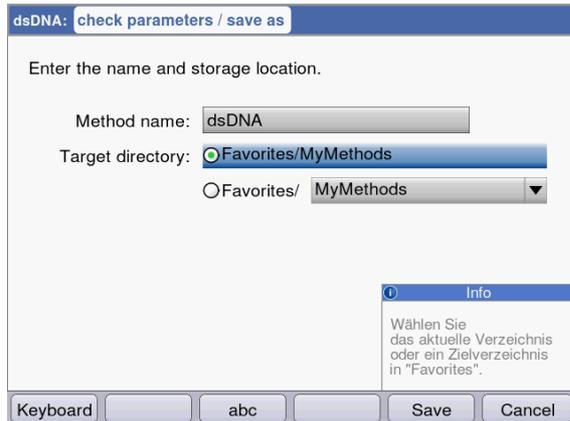
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

Tecla	Función
	<p>Teclado: introducción de texto y números.</p> <p>Teclas <b>1 a 9</b> y <b>0</b>: durante la introducción de texto usted también puede introducir letras y caracteres especiales, aparte de números, mediante pulsación repetida de una tecla. Alternativamente puede conmutar a un teclado superpuesto con [Keyboard].</p>
	<p>Fuera de los campos de entrada: llamar la selección de métodos.</p>
	<p>Fuera de los campos de entrada: llamar la selección de funciones.</p>
	<p>Tecla programable: selección de funciones.</p> <p>La asignación de la tecla cambia con el diálogo del software. La función actual es indicada en el indicador directamente encima de la tecla.</p>
	<p>Mover el cursor hacia la izquierda, derecha, hacia arriba y hacia abajo.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Navegar entre los campos de entrada.</li> <li>• Teclas de cursor  y  dentro de un campo de entradas: navegar dentro de una secuencia de caracteres.</li> <li>• Teclas  y  dentro de una indicación de resultados: navegar entre los resultados de una serie de mediciones.</li> <li>• Teclas  y  dentro de un gráfico: navegar en el eje x del gráfico para, p. ej., indicar los valores de extinción dependientes de la longitud de onda en un escaneo.</li> </ul> <p>Teclas  y  en un espectro de longitudes de onda de extinción: modificar la sección de imagen (método <b>SpectraZoom</b>) (ver Tab. en pág. 52).</p>
  	<p>Salir de la selección actual al siguiente nivel superior.</p> <p>Borrar la entrada. En una secuencia de caracteres se borra el carácter a la izquierda del cursor.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Activar el método o la función seleccionados.</li> <li>• Abrir la lista de selección.</li> <li>• Confirmar la entrada o selección.</li> </ul>
  	<p>Iniciar la medición de la solución patrón.</p> <p>Iniciar la medición del blanco.</p> <p>Iniciar la medición de la muestra.</p>

### 5.1.1 Introducción de texto

Es posible entrar texto para darle un nombre a un método o para indicar la unidad del resultado.

Limitación: para nombres de métodos sólo están permitidos números y letras, así como el guión bajo ("\_").



Introducción a través del teclado:

Con las teclas de cursor y puede navegar dentro del campo de entrada y modificar posiciones individuales en el nombre.

Teclas programables:

- [Keyboard]: visualizar el teclado.
- [abc]: cambiar entre letras en mayúscula y minúscula al introducir texto vía teclado.
- [Save]: guardar el texto introducido.
- [Cancel]: cancelar la entrada de texto.



Introducción a través del teclado superpuesto:

Con las teclas de cursor selecciona los caracteres superpuestos y los confirma pulsando la tecla **enter**. Igual que en un teclado de ordenador, usted puede conmutar con la tecla "Shift" y/o tecla fijadora entre escritura en mayúsculas y minúsculas para la siguiente y/o para todas las siguientes entradas.

Teclas programables:

- [Numbers]: cambiar a entrada vía teclado.
- [Save]: guardar el texto introducido.
- [Cancel]: cancelar la entrada de texto.

**Manejo**

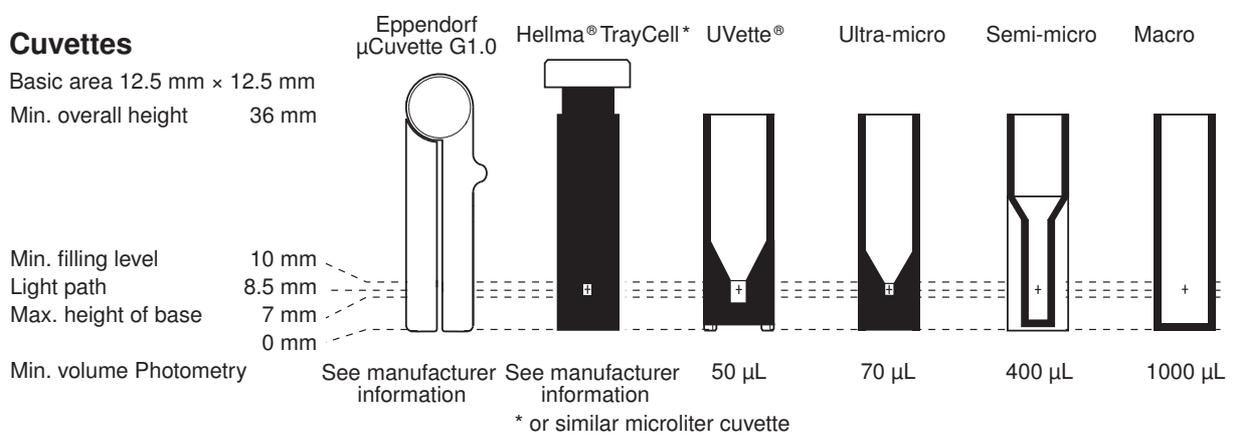
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

**5.2 Inserción de la cubeta**

En el compartimento de la cubeta puede insertar cubetas rectangulares de vidrio o plástico habituales en el mercado:

- Medidas exteriores: 12,5 mm × 12,5 mm
- Altura del recorrido óptico: 8,5 mm sobre el fondo de la cubeta
- Altura total: por lo menos 36 mm

Las cubetas tienen que ser ópticamente transparentes a la respectiva longitud de onda de medición. Para mediciones en el sector ultravioleta del espectro, Eppendorf ofrece con la UVette una cubeta de plástico que en longitudes de onda a partir de 220 nm es transparente y, por ello, también es adecuada para la medición de ácidos nucleicos.

**Requisitos**

- La cubeta está libre de contaminación causada por polvo o huellas digitales y libre de arañazos.
- El compartimento de la cubeta está libre de partículas, polvo y líquido.
- El volumen de medición en la cubeta es suficiente. Prestar atención al volumen de medición mínimo.
- La solución de medición está libre de partículas y burbujas.
- La temperatura de la cubeta se encuentra por encima de la temperatura del punto de rocío que vale para las condiciones ambientales (humedad y temperatura).



La dirección del recorrido óptico está marcada con un flecha en la carcasa.

1. Posicione la cubeta así que la ventana óptica de la cubeta muestre en dirección del recorrido óptico.
2. Al insertar la cubeta, presiónela hasta el fondo superando una ligera resistencia.

## 5.3 Visión general de la secuencia de medición

### 5.3.1 Preparación de la medición

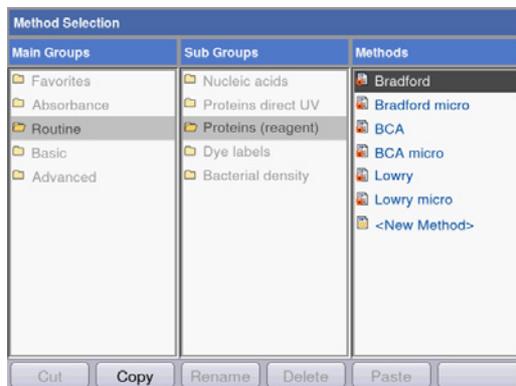
1. Encienda el equipo y también la impresora, dado el caso.  
El equipo realizará una autocomprobación (duración: aprox. 1 minuto) y mostrará la selección de métodos.
2. Ponga las cubetas a disposición para la medición (ver *Inserción de la cubeta en pág. 24*).
3. Prepare las soluciones de medición para las mediciones de los blancos, en caso necesario de las soluciones patrón y de las muestras.
4. Abra la tapa del compartimento de la cubeta. La tapa puede permanecer abierta durante las mediciones.



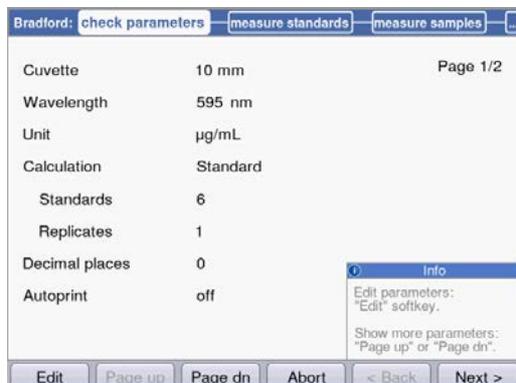
Las soluciones de medición para soluciones patrón y muestras con extinciones inferiores a 0,05 A no deben utilizarse. El límite de determinación del equipo es mucho menor, sin embargo la influencia de las perturbaciones procedentes de las soluciones de medición (p. ej., partículas, burbujas, turbiedades) en la fiabilidad de los resultados con estas extinciones tan reducidas es muy alta. Para más información, p. ej., la Userguide n° 013, consulte nuestra página de Internet [www.eppendorf.com](http://www.eppendorf.com).

### 5.3.2 Secuencia de medición

#### 5.3.2.1 Selección del método



- ▶ Seleccione con las teclas de cursor el método deseado y llámelo pulsando la tecla **enter**. En el siguiente capítulo (ver *Métodos en pág. 31*) encontrará una visión general y una descripción detallada de todos los métodos.



**Wizard:** el Wizard o asistente en el borde superior del indicador le guiará paso a paso a través del método.

**Cuadro de ayuda:** en cada paso del proceso obtendrá textos de ayuda en la parte inferior derecha del indicador.

**Teclas programables:** con las teclas programables [< Back] y [Next >] se desplazará dentro del Wizard un paso hacia adelante o un paso hacia atrás.

## Manejo

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### 5.3.2.2 Comprobación de parámetros

- Compruebe los ajustes de los parámetros. Con las teclas programables [Page dn] y [Page up] llama las páginas de la lista de parámetros. Con [Edit] modifica y guarda los parámetros.

### 5.3.2.3 Mediciones de blancos y soluciones patrón



En una evaluación sin soluciones patrón (p. ej., mediciones de ADN) no se requiere este paso de método.

	Conc. µg/mL	Abs. A <sub>595</sub>
Standard 1	100	-
Standard 2	250	-
Standard 3	500	-
Standard 4	750	-

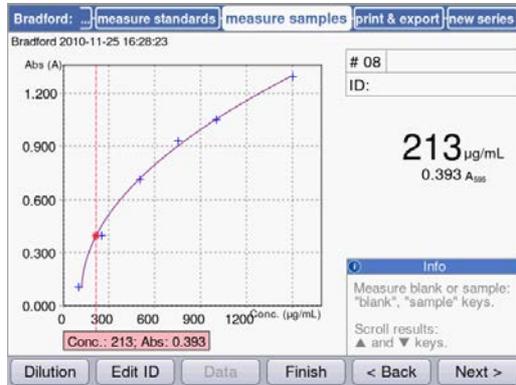
1. Mida primero un blanco (tecla **blank**).
2. Luego mida sucesivamente todas las soluciones patrón (tecla **standard**).

En el indicador está marcada la siguiente solución patrón que se tiene que medir. Con las teclas programables [Graph] y/o [Table] puede cambiar la visualización de resultados.

	Conc. µg/mL	Abs. A <sub>595</sub>
Standard 3	500	0.709
Standard 4	750	0.927
Standard 5	1000	1.047
Standard 6	1500	1.288

- Con [Next] acepta la evaluación calculada a partir de los resultados de las soluciones patrón.

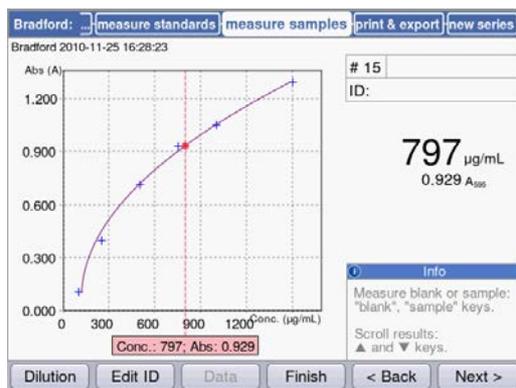
### 5.3.2.4 Medición de muestras



- ▶ Con la tecla **sample** mide sus muestras una tras otra.

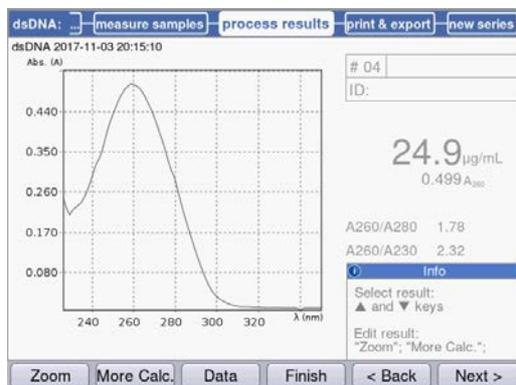
Los resultados de blancos permanecen almacenados para una serie de medición. Una nueva medición de un blanco, sin embargo, se puede realizar en cualquier momento. (En la ilustración aquí mostrada de una secuencia de medición con evaluación vía curva estándar se muestra el gráfico de la evaluación además del resultado de la muestra.)

### 5.3.2.5 Finalización de un método



1. Pulse [Finish] para finalizar la serie de mediciones y retornar a la selección de métodos.
2. Después de la finalización de todas las mediciones, apague el equipo y cierre el compartimento de la cubeta para protegerlo contra suciedad.

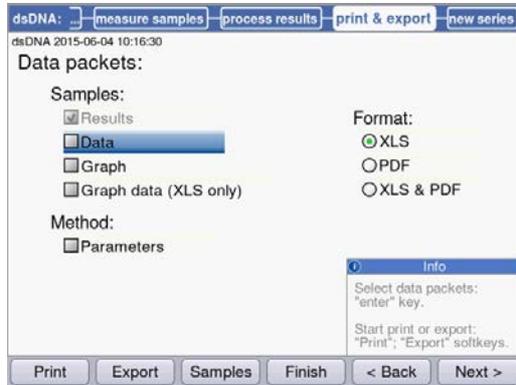
### 5.3.2.6 Opcional: Retocar los resultados



En algunos métodos tiene la posibilidad de retocar los resultados en el paso **process results**. Por ejemplo, puede utilizar la función de zoom **SpectraZoom** en los espectros.

- ▶ Seleccione con las teclas de cursor **▲** y **▼** los resultados de la serie de medición que desee retocar.

### 5.3.2.7 Impresión y exportación



1. Compile paquetes de datos para todas las muestras o para muestras seleccionadas.
2. Imprima los datos, guárdelos en una memoria USB o expórtelos a un ordenador vía cable USB o por correo electrónico.

### 5.3.3 Indicaciones importantes para las mediciones



A tener en cuenta en cada medición:

- En caso de cubetas de plástico: ¿Cuántas mediciones se pueden realizar sucesivamente y de manera fiable en la cubeta?
- Mida el blanco de la cubeta antes de realizar mediciones de muestras o de soluciones patrón para compensar el blanco del reactivo y también el de la cubeta.
- Los resultados de blancos permanecen almacenados para una serie de mediciones. Una nueva medición de blanco, sin embargo, es posible en cualquier momento, incluso entre mediciones de muestras.
- Los valores de extinción siempre se corresponden con los valores directamente medidos. El factor de dilución o de cubeta y las extinciones de fondo no se incluyen hasta llegar al cálculo del resultado posterior (ver *Valores de extinción en pág. 91*).
- Desde el inicio de una medición hasta la indicación de un resultado de medición transcurre típicamente un tiempo de aprox. 2 a 3 segundos. Si cae poca luz sobre el receptor (en caso de valores de extinción altos), el tiempo de medición puede ser prolongado automáticamente hasta 9 segundos para aumentar la precisión de la medición.
- Preste atención de que los valores de extinción medidos no excedan el límite superior del campo de medida fotométrico. En este caso deseche el resultado de la medición. El límite superior del campo de medida fotométrico no sólo depende de la longitud de onda (ver *Propiedades fotométricas en pág. 88*), sino también del blanco de la cubeta. Las ultra-microcubetas con diafragma pequeño como la **TrayCell** (Hellma) pueden tener un blanco de hasta aprox.  $A = 1$ . El campo de medida fotométrico disponible es reducido por este valor. Puede estimar el blanco de la cubeta si mide la cubeta llena de agua desmineralizada como muestra contra el compartimento de cubeta vacío como blanco. El blanco de la Eppendorf  $\mu$ Cuvette G1.0 se puede despreciar (aprox.  $A = 0$ ).
- Elimine la solución de medición completamente después de la medición y antes de que eche la siguiente solución de medición para minimizar la contaminación por arrastre. Si a causa de altas diferencias de concentraciones se espera que haya contaminación por arrastre de una muestra a la siguiente, lave la cubeta entre las mediciones.
- En caso de diferencias de temperatura entre la lámpara y el entorno puede producirse una deriva fotométrica. Por ello tiene que esperar a que un equipo proveniente de un entorno más frío alcance la temperatura ambiente.  
Evite cambios de temperatura bruscos. Realice una nueva medición de blancos en caso de series de medición prolongadas o en caso de mediciones después de un período de tiempo prolongado.

**Manejo**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

## 6 Métodos

### 6.1 Selección del método

Los métodos y las plantillas de métodos ya están preprogramados en el momento de la entrega. Los métodos están divididos en grupos principales y subgrupos.



Métodos protegidos contra escritura		Los métodos más importantes de la biología molecular. Pueden modificar los parámetros, pero luego solamente guardarlos bajo un nuevo nombre de método.
Métodos no protegidos contra escritura		Pueden modificar los parámetros de cualquier forma y, después de guardarlos, pueden empezar directamente con la medición.
Plantillas para métodos nuevos		Cada grupo de métodos contiene una plantilla que ya está preprogramada con juegos de parámetros completos para facilitar la programación de métodos nuevos. Los parámetros se pueden modificar sin ninguna restricción y luego guardar bajo un nombre nuevo.

Para llamar un método, seleccione con las teclas de cursor primero el grupo principal, luego el subgrupo y finalmente el método. Confírmelo con **enter**.

Tab. 6-1: Métodos fotométricos

<b>Absorbance</b>	Métodos para mediciones de absorbancia y transmisión rápidas y sencillas sin evaluación adicional.
<b>Routine</b>	Métodos de la biología molecular utilizados con frecuencia. Los métodos están preprogramados fijamente. Una modificación de parámetros es posible guardando el método bajo un nombre nuevo.
<b>Basic</b>	Métodos para la evaluación de mediciones de absorbancia con factor, solución patrón o curva/línea estándar.
<b>Advanced</b>	Métodos para la evaluación de procedimientos de medición de dos longitudes de onda.
<b>Favorites</b>	En <b>Favorites</b> puede crear sus propias carpetas con <b>&lt;New Folder&gt;</b> y copiar los métodos frecuentemente utilizados a estas carpetas para poder acceder a estos métodos con más rapidez.

En todas las carpetas puede crear nuevos métodos con **<New Method>**.

En **Favorites** puede crear sus propias carpetas (p. ej., para una asignación orientada a personas), renombrarlas y borrarlas.

**Métodos**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

Tab. 6-2: Teclas programables en la selección de métodos

[Cut] y [Paste]	Recortar e insertar métodos.
[Copy] y [Paste]	Copiar e insertar métodos.
[Delete]	Borrar métodos.
[Rename]	Renombrar métodos.

Puede insertar los métodos copiados o recortados o bien en otra carpeta bajo **Favorites** o bien bajo un nombre nuevo en la carpeta original. Navegue con las teclas de cursor a la columna **Methods** de la carpeta deseada y pulse [paste] para insertar el método.

## 6.2 Descripción de métodos fotometría

En este capítulo se describen los métodos y las plantillas de métodos preprogramados.

### 6.2.1 Grupo de métodos *Absorbance*

#### Single $\lambda$

- Medición de extinción en una sola longitud de onda.
- Ninguna evaluación posterior.
- Determinación de la transmisión de una muestra posible.

#### Multi $\lambda$

- Mediciones de extinción en dos a seis longitudes de onda.
- Ninguna evaluación posterior.

#### Scan

- Medición de un espectro de longitudes de onda de extinción a lo largo de un rango de longitudes de onda definido.
- Indicación de longitud de onda y extinción en el espectro mediante navegación con un cursor de longitudes de onda.
- La modificación de la sección del espectro a través de 3 diferentes variantes de zoom es posible.
- Detección de pico (Peak) posible.

## 6.2.2 Grupo de métodos *Routine*

Los métodos del grupo *Routine* están preprogramados como métodos fijos. Por ello, si se modifican parámetros de método en los métodos preprogramados de manera fija, tiene que darse un nombre nuevo al respectivo método.

### Nucleic acids

- Determinación de la concentración de ácidos nucleicos mediante medición a 260 nm y evaluación vía factor.
- Diferentes métodos de ácidos nucleicos como dsDNA o RNA están preprogramados. Los parámetros se diferencian por el factor.
- Método preprogramado para cubetas de microlitros: Medición de ADN en volúmenes de muestra en el rango de microlitros con un paso óptico de 1 mm (con cubetas de microlitros como Eppendorf  $\mu$ Cuvette G1.0 o Hellma® TrayCell).
- Se muestra la siguiente información adicional acerca de la pureza del ácido nucleico medido, la cual se puede extraer de los parámetros de medición en caso necesario:
  - Ratio A260/A280, Ratio A260/A230
  - Espectro de longitudes de onda de extinción del ácido nucleico
  - Extinción de la longitud de onda de fondo (preajuste: 320 nm; la extinción del ácido nucleico puro debería ser de aproximadamente cero)
- La corrección de turbidez parcial vía parámetro **Background** está preajustada.
- Una conversión de las concentraciones en concentraciones molares, así como (tras entrada de volumen de la muestra) en cantidades de ácido nucleico es posible (paso de método: **process results**).

### Proteins direct UV

- Determinación de la concentración de proteínas a través de una medición a 280 nm y evaluación vía factor o solución patrón.
- Métodos preprogramados para la emisión directa de las extinciones como resultado (*Protein A 280*), así como para la evaluación vía coeficiente de extinción específico de la albúmina (*Albumin A 280*).
- Método preprogramado para cubetas de microlitros: Medición de ADN en volúmenes de muestra en el rango de microlitros con un paso óptico de 1 mm (con cubetas de microlitros como Eppendorf  $\mu$ Cuvette G1.0 o Hellma® TrayCell).
- Se muestra la siguiente información adicional acerca de la pureza de la proteína medida, la cual se puede extraer de los parámetros de medición en caso necesario:
  - Espectro de longitudes de onda de extinción de la proteína
  - Extinción de la longitud de onda de fondo (preajuste: 320 nm; la extinción de la proteína pura debería ser aquí aprox. cero).
- La corrección de turbidez parcial vía parámetro **Background** está preajustada.
- En la programación de métodos se importa el factor correspondiente mediante la simple selección de la proteína de una lista predeterminada. La definición de los factores se realiza por separado en las funciones del grupo **Gen. method param.** Diferentes proteínas están preprogramadas en **Gen. method param.**. Puede añadir otras proteínas más.

### Proteins (with reagent)

- Determinación de la concentración de proteínas mediante medición según reacciones de color y evaluación vía soluciones patrón o factor (típico: evaluación con curva de solución patrón).
- Los métodos *Bradford*, *Bradford micro*, *Lowry*, *Lowry micro*, *BCA* y *BCA micro* ya están preprogramados. Según el fabricante del reactivo tal vez se tenga que modificar el parámetro "Curve fit" (tipo de curva de solución patrón).

## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### Dye labels

- Para biomoléculas marcadas con colorante: Determinación de la concentración de la biomolécula (ácido nucleico o proteína) mediante medición a 260 y/o 280 nm y del colorante en un solo procedimiento de medición.
- Evaluación con factor. Aparte de la biomolécula también se pueden medir paralelamente hasta dos colorantes a dos distintas longitudes de onda.
- Además evaluación de la frecuencia de incorporación del colorante (FOI). Selección entre dos diferentes métodos de cálculo de FOI.
- Métodos ya preprogramados: *ssDNA*, marcado con *Cy 3* y/o *Cy 5*.
- La corrección de la influencia del espectro del colorante sobre la exactitud de la medición de las biomoléculas es posible.
- Una corrección de turbiedad parcial a través del parámetro **Background** es posible.
- Información adicional sobre la pureza del ácido nucleico medido: Ratio A260/A280 y ratio A260/A230 (valores de ratio solamente para ácidos nucleicos), espectro de longitudes de onda de extinción.
- En la programación de métodos se importan diversos parámetros correspondientes como longitudes de onda de medición y factores de evaluación a partir de unas listas predeterminadas mediante simple selección de la biomolécula y del colorante. La definición de estos parámetros se realiza por separado en las funciones del grupo **Gen. method param.** Diferentes ácidos nucleicos, proteínas y colorantes están preprogramados en **Gen. method param.** Puede añadir otros ácidos nucleicos, proteínas y colorantes más.
- Solo para ácidos nucleicos marcados: Una conversión de las concentraciones en concentraciones molares, así como (tras entrada de volumen de la muestra) en cantidades de ácido nucleico y tinte es posible (paso de método: **process results**).

### Bacterial density

- Medición de la turbiedad para determinar la densidad de bacterias.
- La medición a 600 nm ya está preprogramada.
- Información adicional: Espectro de longitud de onda de extinción.



La medición de densidad de bacterias en 600 nm no es ninguna medición absoluta. Existen diversos factores que pueden influir en el resultado de la medición. Las informaciones detalladas se encuentran en nuestra página de Internet [www.eppendorf.com](http://www.eppendorf.com)

## 6.2.3 Grupo de métodos *Basic*

### Factor, Standard

- Medición en una longitud de onda y evaluación vía factor o solución patrón.
- Los métodos para la evaluación vía factor y solución patrón están preprogramados.
- Visualización del espectro de longitudes de onda de emisión
- Una corrección de turbiedad parcial a través del parámetro **Background** es posible.

### Calibration curve

- Medición en una longitud de onda y evaluación posterior con una serie de 2 a 12 soluciones patrón.
- Diversos procedimientos de evaluación ("Curve fit") como regresión lineal y regresión no lineal son seleccionables.
- Visualización gráfica y tabular de los resultados de la solución patrón.
- Es posible utilizar la última evaluación de solución patrón almacenada.
- Un método para la evaluación con curva de solución patrón está preprogramado.

## 6.2.4 Grupo de métodos *Advanced*

### Dual wavelength

- Medición en dos longitudes de onda y evaluación de los valores de extinción medidos mediante dos fórmulas básicas (sustracción, división)
- Es posible definir variantes de las fórmulas básicas.
- El resultado se puede evaluar con un factor, una solución patrón o una serie estándar.
- Los métodos para el cálculo mediante sustracción y división, así como la posterior evaluación con factor están preprogramados.

## 6.3 Parámetros de los métodos

En este capítulo se explican los parámetros para la programación de los métodos. El orden de los parámetros así como es indicado en el equipo puede variar ligeramente en unos pocos métodos en comparación con el orden en la tabla para representar los parámetros en la pantalla de una manera más clara. La tabla representa la totalidad de los parámetros que están disponibles para los diferentes métodos. Para cada método solamente se requiere una pequeña parte de estos parámetros que son representados en la pantalla.

Parámetro	Entrada	Explicación
Cubeta	Selección: 10   5   2   1   0,5   0,2   0,1 mm	Recorrido óptico de la cubeta. Los valores de absorbancia siempre son convertidos automáticamente por el equipo a un espesor de capa de 10 mm de una cubeta estándar (ver <i>Valores de extinción en pág. 91</i> ). Por ello, factores como "50" para el cálculo de concentraciones de dsDNA no tienen que ser modificados por usted cuando modifique el parámetro <b>Cuvette</b> .
No. of wavelengths	Entrada de valores: Rango: de 2 a 6.	Solo para el grupo de métodos <b>Multi λ</b> . Número de las longitudes de onda en las que se debe medir.
Wavelength	Entrada de valores: Longitud de onda de medición en nm. Rango: de 200 a 830 nm.	Longitud de onda de medición: basándose en la absorbancia medida en esta longitud de onda se calcula la concentración. En los grupos de métodos <b>Multi λ</b> y <b>Dual wavelength</b> se introduce más de una longitud de onda. Para algunos grupos de métodos (p.ej. <b>Nucleic acids</b> y <b>Proteins direct UV</b> ) las longitudes de onda están preprogramadas fijamente. En el grupo de métodos <b>Dye labels</b> no introduce las longitudes de onda de medición individualmente durante los pasos del método. Los factores se importan automáticamente de la función <b>General Method Parameters</b> a través de la simple selección de biomolécula y colorante.

## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

Parámetro	Entrada	Explicación
Unit	Selección: mg/mL   µg/mL   ng/ mL   pg/mL   µg/µL   mg/dL   µmol/mL   nmol/mL   pmol/mL   pmol/µL   U   U/mL   U/L   %   Abs   A/min Libre programabilidad adicional de otras unidades en la función <b>General Method Parameters/Units.</b> Máx. 7 dígitos.	Unidad para el resultado de concentración. La selección está limitada en los métodos fijamente preprogramados del grupo <b>Routine</b> a unidades que son útiles para estos métodos.
Formula type	Selección: division   subtraction	Solo para el grupo de métodos <b>Dual wavelength.</b> Tipo de fórmula para el cálculo de las extinciones en las dos longitudes de onda antes de la evaluación con factor o solución patrón.
Fórmula: a	Entrada de valores: Valor para a en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 dígitos incluyendo el punto decimal.	Solo para el grupo de métodos <b>Dual wavelength.</b> Valor para a en la fórmula: $[(a*A1) / (b*A2)] * c + d$ y $[(a*A1) - (b*A2)] * c + d.$
Fórmula: b	Entrada de valores: Valor para b en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 dígitos incluyendo el punto decimal.	Solo para el grupo de métodos <b>Dual wavelength.</b> Valor para b en la fórmula: $[(a*A1) / (b*A2)] * c + d$ y $[(a*A1) - (b*A2)] * c + d.$
Fórmula: c	Entrada de valores: Valor para c en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 dígitos incluyendo el punto decimal.	Solo para el grupo de métodos <b>Dual wavelength.</b> Valor para c en la fórmula: $[(a*A1) / (b*A2)] * c + d$ y $[(a*A1) - (b*A2)] * c + d.$
Fórmula: d	Entrada de valores: Valor para d en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 dígitos incluyendo el punto decimal.	Solo para el grupo de métodos <b>Dual wavelength.</b> Valor para d en la fórmula: $[(a*A1) / (b*A2)] * c + d$ y $[(a*A1) - (b*A2)] * c + d.$
Calculation	Selección: Factor   Standard	Procedimiento de evaluación para el cálculo de la concentración de la muestra a partir de la absorbancia medida.

<b>Parámetro</b>	<b>Entrada</b>	<b>Explicación</b>
Factor	Entrada de valores: Factor. Límite: máx. 6 dígitos incluyendo el punto decimal.	Factor para la conversión de valores de absorbancia en concentración. En los siguientes grupos de métodos también es posible introducir factores negativos: <b>Dual wavelength, Factor</b> . En el grupo de métodos <b>Dye labels</b> los factores no se introducen individualmente durante los pasos del método. Los factores se importan automáticamente de la función <b>General Method Parameters</b> a través de la simple selección de biomolécula y colorante.
Protein	Selección: Lista de tipos de proteína que están incluidos en la función <b>General Method Parameters/Proteins</b> .	Solo para los grupos de métodos <b>Dye labels</b> y <b>Proteins direct UV</b> . En la selección de la proteína también se importa de la función <b>General Method Parameters/Proteins</b> el allí programado parámetro correspondiente <b>Factor</b> .
Standards	Entrada de valores: Número de soluciones patrón. Rango: de 1 al 12.	Número de las diferentes concentraciones patrón para la evaluación con soluciones patrón. En algunos métodos, el área para el número de soluciones patrón está limitada a un área más pequeña que del 1 al 12.
Replicates	Entrada de valores: Número de réplicas por solución patrón. Rango: de 1 a 3.	Número de las mediciones de repetición para las diferentes concentraciones patrón.
Std. Conc.	Entrada de valores: Valores de concentración de las soluciones patrón. Límite: máx. 6 dígitos incluyendo el punto decimal.	Según el número de soluciones patrón, este parámetro se ofrece para todas las soluciones patrón (p. ej.: Std. Conc. 1, Std. Conc. 2, ...).
Decimal places	Entrada de valores: Número de partes decimales para el resultado. Rango: de 0 a 3.	Número de partes decimales para el resultado de concentración calculado.
Dye 1	Selección: Lista de colorantes que están incluidos en la función <b>General Method Parameters/Dyes</b> .	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . En la selección del colorante también se importan de la función <b>General Method Parameters/Dyes</b> los parámetros allí programados que corresponden al colorante: factor, longitud de onda, factores de corrección para la medición a 260 y/o 280 nm (véase la descripción del siguiente parámetro).

**Métodos**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

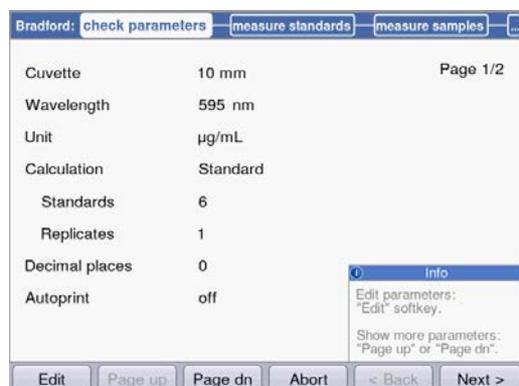
Parámetro	Entrada	Explicación
Correct A260 1	Selección: on   off	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . Corrección de la influencia del espectro del colorante sobre la absorbancia en la longitud de onda de medición de la biomolécula (260 y/o 280 nm). Los espectros de los colorantes tienen en parte una absorbancia reducida a 260 y 280 nm. Estas extinciones falsifican los cálculos para los ácidos nucleicos y/o las proteínas de estos métodos. Para minimizar esta falsificación se utilizan factores de corrección, siempre y cuando estos se conocen para los respectivos colorantes. Si el parámetro es activado, el factor de corrección es importado de la función <b>General Method Parameters/Dyes</b> .
Correct A 280 1	Selección: on   off	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . Para la explicación, véase la descripción del parámetro arriba mencionado <b>Correct A 260 1</b> .
Dye 2 active	Selección: on   off	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . Existe la posibilidad de medir paralelamente un segundo colorante. Aplicación: marcación de una biomolécula con dos colorantes.
Dye 2	Selección: Lista de colorantes que están incluidos en la función <b>General Method Parameters/Dyes</b> .	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> en la medición de 2 colorantes. Selección del segundo colorante (vgl. Parameter <b>Dye 1</b> ).
Correct A260 2	Selección: on   off	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> en la medición de 2 colorantes. Análogamente al parámetro <b>Correct A 260 1</b> .
Correct A 280 2	Selección: on   off	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> en la medición de 2 colorantes. Análogamente al parámetro <b>Correct A 280 1</b> .
Show scan	Selección: on   off	En la medición de muestras, indicación de un escaneo (gráfico de longitud de onda de absorbancia) adicionalmente al resultado.
Start $\lambda$	Entrada de valores: Longitud de onda en nm. Rango: de 200 a 830 nm.	Longitud de onda inicial para el registro del escaneo.
Stop $\lambda$	Entrada de valores: Longitud de onda en nm. Rango: de 200 a 830 nm. El valor tiene que ser mayor que el valor para <b>Start <math>\lambda</math></b> .	Longitud de onda de detención para el registro del escaneo.

Parámetro	Entrada	Explicación
A260/A280	Selección: on   off	Solo para ácidos nucleicos. En la medición de muestras, indicación de la ratio A260/A280 adicionalmente al resultado.
A260/A230	Selección: on   off	Solo para ácidos nucleicos. En la medición de muestras, indicación de la ratio A260/A230 adicionalmente al resultado.
FOI	Selección: none   dye/kb   pmole/ µg	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . En la medición de muestras, indicación de FOI adicionalmente al resultado. La FOI (frecuencia de incorporación) es una medida para el número de moléculas de colorante incorporadas en el ácido nucleico por molécula del ácido nucleico. Las unidades son "dye/kb" (moléculas de colorante por 1000 bases) o "pmole/µg" (pmol de colorante por µg de ácido nucleico). "none": ningún cálculo de la FOI.
Background	Selección: on   off	Antes del cálculo del resultado de una muestra se resta la absorbancia de una longitud de onda de fondo, en la que el analito a medir debe mostrar la absorbancia cero, de la absorbancia de la longitud de onda de medición. Aplicación frecuente: corrección de turbiedad parcial en la medición de ácidos nucleicos (longitud de onda de fondo para ello: 320 nm o 340 nm).
Wavelength	Longitud de onda en nm. Rango: de 200 a 830 nm.	Longitud de onda en la que se va a medir el fondo. En forma pura, el analito a medir debería tener aquí el valor de absorbancia cero.
Background for dyes	Selección: on   off	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . Aplicación de la corrección de fondo a la medición del colorante (véase el parámetro <b>Background</b> ).
Wavelength	Longitud de onda en nm. Rango: de 200 a 830 nm.	Solo para el grupo de métodos <b>Dye labels</b> . Longitud de onda en la que se debe medir el fondo para el colorante. En forma pura, no contaminada, el colorante a medir debería tener en esta longitud de onda el valor de absorbancia cero.
Autoprint	Selección: on   off	Impresión de un resultado de medición con la impresora térmica directamente después de la medición. Solamente se imprimen los datos de resultado esenciales. Para la emisión de datos más detallados, puede reunir los paquetes de datos deseados en el paso de método <b>print &amp; export</b> al final de la serie de mediciones e imprimirlos.
Transmisión	Selección: on   off	Si se selecciona el parámetro <b>Calculate Transmission</b> , se muestra la transmisión (en %) de la muestra.

## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### 6.4 Pasos de métodos



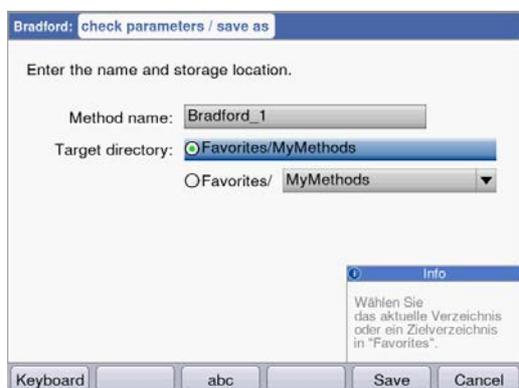
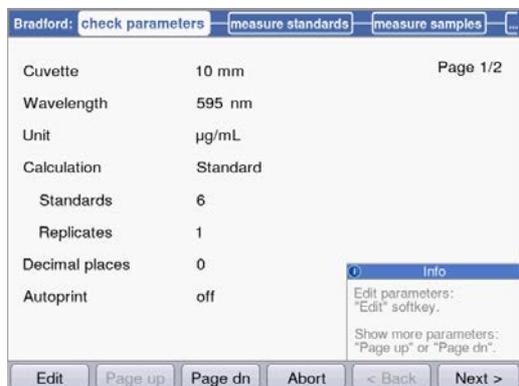
El asistente ("Wizard") en el borde superior de la pantalla le guiará a través de los pasos del método. El paso de método activo está resaltado.

Un método comprende un máximo de 5 pasos. El paso activo es resaltado ópticamente. Después del último paso **print & export** de una serie de mediciones se ofrece como paso adicional el inicio de una nueva serie de mediciones. Esta comienza de nuevo con la medición de las muestras.

Paso de método	Explicación
<b>check parameters</b>	Comprobar los parámetros del método. Realizar una modificación en caso necesario.
<b>measure standards</b>	Sólo en métodos con una evaluación de solución patrón: Medir y evaluar soluciones patrón. Es posible un uso alternativo de la última evaluación de solución patrón guardada.
<b>measure samples</b>	Medición de muestras
<b>process results</b>	Solo en algunos métodos: Retocar los resultados, p. ej., zoom de ampliación/reducción de gráficos de escaneos.
<b>print &amp; export</b>	Reunir los paquetes de datos para la impresión o exportación de los datos.

Con las teclas programables [Next >] y [< Back] navega entre los pasos del método. Con [Abort] y [Finish] puede cancelar y/o finalizar la secuencia de medición. El nombre de esta tecla programable cambia de [Abort] a [Finish] después de la primera medición de una muestra.

### 6.4.1 check parameters



#### Teclas programables

- [Page dn] y [Page up]: Para cambiar de página entre las 1 a 3 páginas de parámetros.
- [Edit]: Conmutar al modo de edición de parámetros.

#### Modo de edición de parámetros:

Los parámetros modificados están marcados con un asterisco rojo, mientras la modificación aún no ha sido guardada.

#### Teclas programables

- [Save] y [Save as]: Guardar las modificaciones. Con [Save as] tiene que darle un nombre nuevo al método. Eso siempre es el caso cuando modifica los métodos del grupo **Routine** preprogramados por Eppendorf.
- [Cancel]: Salir del modo de edición sin guardar los cambios.

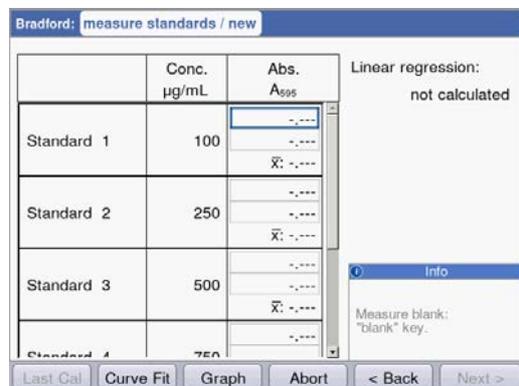
Guardar el método bajo un nombre nuevo:

Puede guardar el método o bien en la misma carpeta de donde llamó el método o bien en el grupo de métodos **Favorites** en una carpeta libremente seleccionable.

Puede introducir el nombre (máximo 20 caracteres) a través de un teclado superpuesto (tecla programable [Keyboard]) o directamente a través del teclado (ver *Introducción de texto en pág. 23*).

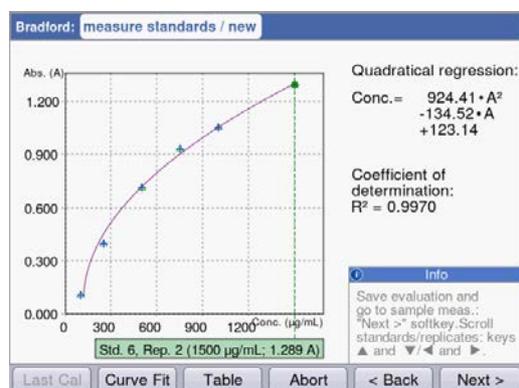
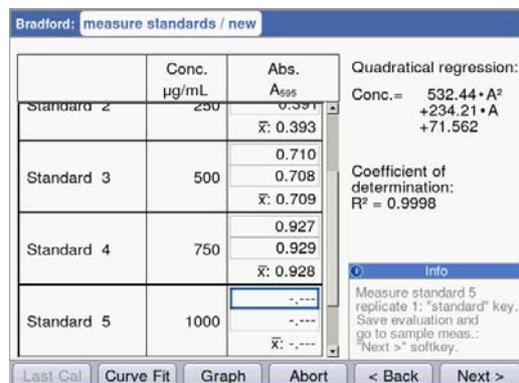
Después de guardar los datos retornará a la pantalla **check parameters**.

## 6.4.2 measure standards



### Teclas programables

- [Last call]: Llamar la última evaluación estándar guardada para este método para utilizarla para mediciones de muestras.
- [Curve fit]: Seleccionar el procedimiento para la evaluación de solución patrón. También puede modificar el procedimiento posteriormente, siempre y cuando el resultado no haya sido guardado. En el capítulo "Procedimientos de evaluación" (ver *Evaluación con curva/línea recta de solución patrón en pág. 94*) encontrará indicaciones respecto a la selección del procedimiento de evaluación.
- [Graph]: Cambiar a la representación gráfica de los resultados de solución patrón.



### Teclas programables

- [Table]: Cambiar la representación de la tabla de los resultados de solución.
- [Next >]: Guardar la evaluación de solución patrón y cambiar a la medición de muestras.

La primera solución patrón a medir está marcada en la pantalla. Después del blanco (tecla **blank**), mida todas las soluciones patrón una tras otra (tecla **standard**).

Si mide más de una réplica por solución patrón, se calculará y mostrará automáticamente la media para cada solución patrón.

Con las teclas de cursor ▲ y ▼ también puede seleccionar unas soluciones patrón determinadas para la medición. Una nueva medición de soluciones patrón individuales también es posible de esta manera.

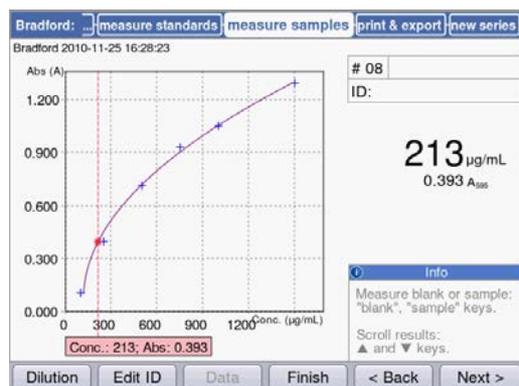
En cuanto se disponga del mínimo número de resultados para la evaluación con el procedimiento seleccionado (Curve fit), el resultado de evaluación es visualizado en la parte derecha de la pantalla. Entonces es posible realizar un almacenamiento anticipado de la evaluación y cambiar a la medición de muestras por medio de la tecla [Next >].

Representación gráfica de la evaluación de solución patrón.

Con las teclas de cursor ▲ y ▼ puede navegar entre las soluciones patrón para visualizar los resultados. Si hay más de una réplica por solución patrón, puede cambiar entre los resultados de las réplicas con ▲ y ▼. En la representación gráfica también puede seleccionar y medir soluciones patrón individuales o medirlas nuevamente.

### 6.4.3 measure samples

Con la tecla **sample** mide sus muestras una tras otra. Los resultados de blanco permanecen almacenados para una serie de mediciones, pero una medición de blanco nueva es posible en cualquier momento. Con las teclas ▲ y ▼ puede navegar entre los resultados de muestras obtenidos hasta el momento en la serie de mediciones.



Indicación de resultados:

- El resultado de la concentración (6 dígitos con coma flotante) es resaltado claramente.
- Con gráfico: El resultado se encuentra en la parte derecha de la pantalla.
- Sin gráfico: El resultado se encuentra en el centro de la pantalla.
- Además del resultado también se muestra el valor de extinción que sirve de base de forma más pequeña.

#### Otros datos

- arriba a la derecha; 1ra línea:  
Número de muestra: Es un número consecutivo y es puesto a "1" para cada serie de mediciones nuevas.  
Dilución de la muestra (si es que se ha indicado)
- arriba a la derecha; 2da línea:  
Identificación de la muestra (**ID**) (si es que se ha indicado)
- arriba a la izquierda:  
Nombre del archivo bajo el cual los datos son exportados como archivo Excel en el paso de método **print and export** (ver en pág. 55).

#### Teclas programables

- [Dilution]: Introducir la dilución de la muestra.
- [Edit ID]: Introducir la identificación de la muestra
- [Data]: Indicar los datos de resultados adicionales (no en todos los métodos).
- [Finish]: Finalizar la serie de mediciones y retornar a la selección de métodos.

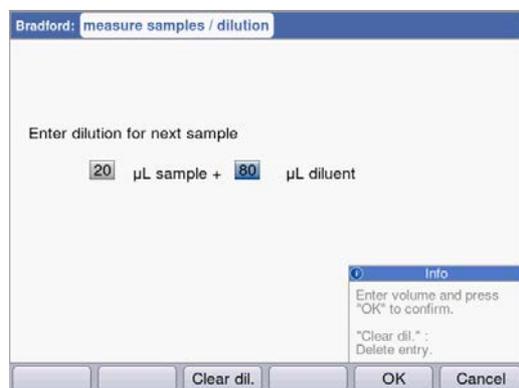


Los valores de extinción mostrados equivalen siempre a los valores directamente medidos. El factor de dilución o de cubeta, así como las extinciones de fondo no se incluyen hasta el siguiente cálculo de resultados (ver *Valores de extinción en pág. 91*).

## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### Introducir la dilución



La tecla programable [Dilution] estará activada después de haberse medido el blanco (tecla **blank**).

1. Presione la tecla programable [Dilution].
2. Introduzca los volúmenes para la muestra (máximo 3 dígitos) y para el tampón de dilución (máximo 4 dígitos).

Los siguientes resultados de las muestras son multiplicados por el equipo con el factor de dilución calculado.

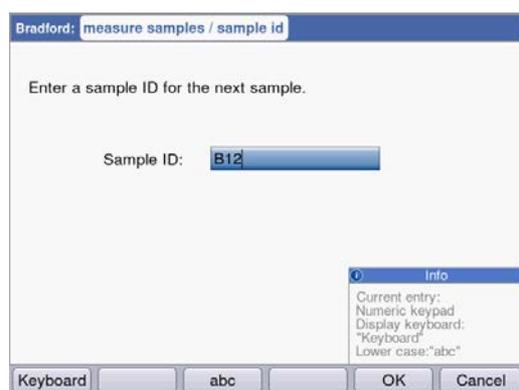
### Teclas programables

- [Clear dil.]: Borrar los valores para la dilución de muestras.
- [OK]: Confirmar la dilución de muestras y retornar a la medición de muestras.
- [Cancel]: Cancelar la entrada y retornar a la medición de muestras.

La dilución se utilizará para todos los resultados de muestras siguientes hasta que se modifique haciendo una entrada nueva.

### Introducir la identificación de la muestra

La identificación (ID) se aplica para el siguiente resultado de muestra. Al introducir un ID, aparece el último ID que se introdujo para poder introducir rápidamente unos ID consecutivos. No es posible asignar dos veces el mismo ID dentro de una serie de mediciones.



1. Presione la tecla programable [Edit ID].
2. Introduzca el ID de la muestra (máximo 12 dígitos).

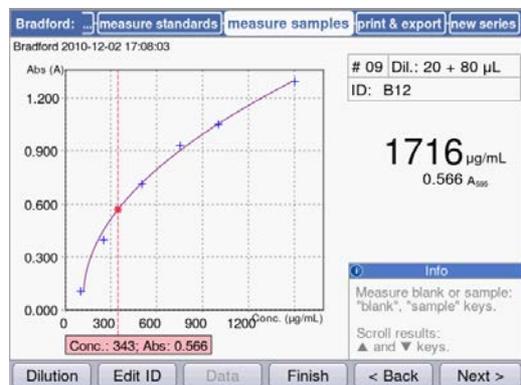
Alternativas para la entrada de texto:

- Teclado: Pulsando la tecla repetidas veces se pasa por las posibilidades de entrada de esta tecla.
- Visualizar teclado con tecla programable [Keyboard]: Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.

### Teclas programables

- [Keyboard]: superponer el teclado en la pantalla.
- [abc]: conmutar entre letras mayúsculas y minúsculas al introducir texto vía teclado.
- [OK]: Confirmar la entrada del ID y retornar a la medición de muestras.
- [Cancel]: Cancelar la entrada y retornar a la medición de muestras.

Resultado con dilución e ID



Resultado con dilución e ID de la muestra.

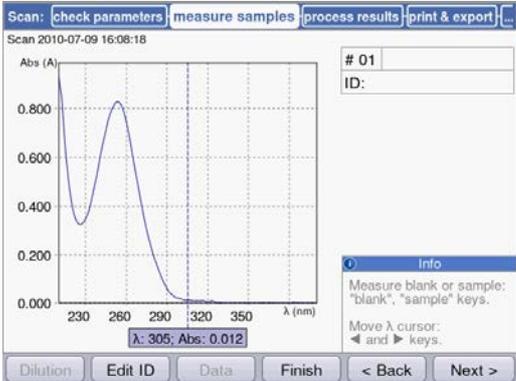
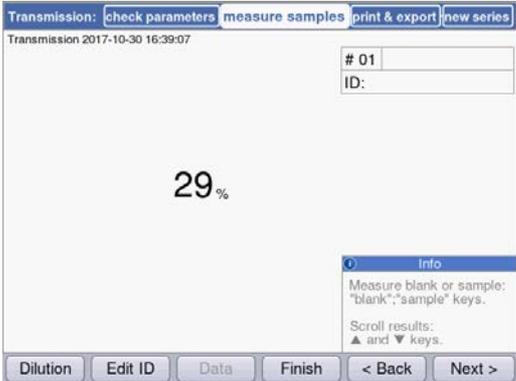
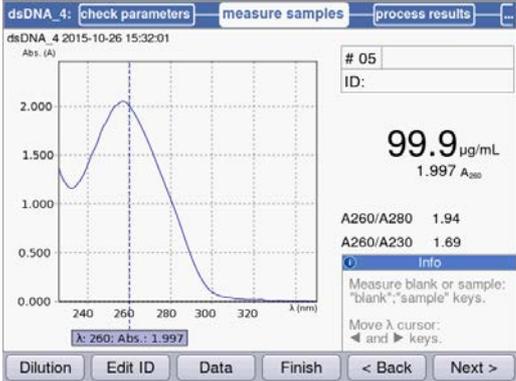
6.4.4 Muestras de medición: Visualización de resultados

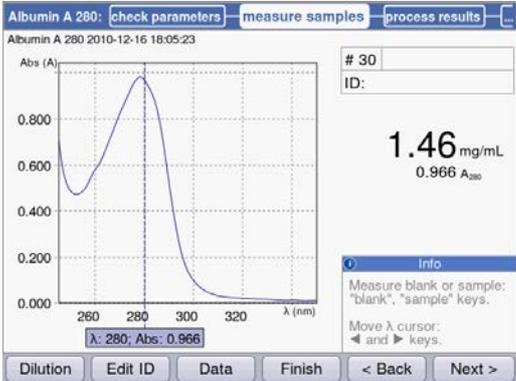
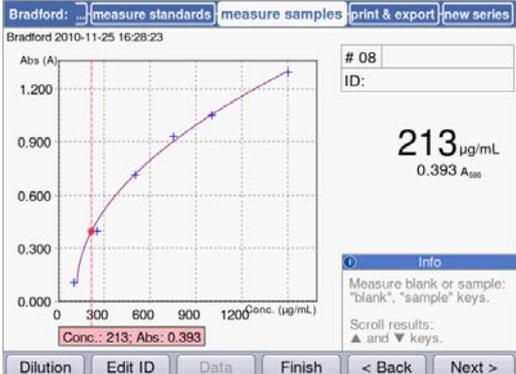
En esta sección obtendrá para todos los grupos de métodos una representación de indicaciones de resultados típicas, así como una visión general de otros datos de resultados que puede acceder a través de la tecla programable [Data].

Grupo de métodos	Indicación de resultados	Explicación
<b>Grupo principal Absorbance</b>		
<p>Single λ</p>	<p>The screenshot shows the Single λ measurement software interface. It displays the result 4.390 A<sub>340</sub> and 0.439 A<sub>340 1 mm</sub>. The interface includes navigation buttons: Dilution, Edit ID, Data, Finish, &lt; Back, and Next &gt;.</p>	<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Extinción en esa longitud de onda de medición</li> <li>• Solo en caso de dilución o uso de una cubeta que no sea de 10 mm: Indicación adicional del valor de extinción antes de la conversión.</li> </ul>
<p>Multi λ</p>	<p>The screenshot shows the Multi λ measurement software interface. It displays four results: λ 1: 0.349 A<sub>230</sub>, λ 2: 0.735 A<sub>200</sub>, λ 3: 0.187 A<sub>280</sub>, and λ 4: 0.006 A<sub>320</sub>. The interface includes navigation buttons: Dilution, Edit ID, Data, Finish, &lt; Back, and Next &gt;.</p>	<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Extinciones en las longitudes de onda de medición</li> </ul> <p>Datos adicionales (tecla programable [Data]):</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Solo en caso de dilución o uso de una cubeta que no sea de 10 mm: Valor de absorbancia antes de la conversión.</li> </ul>

## Métodos

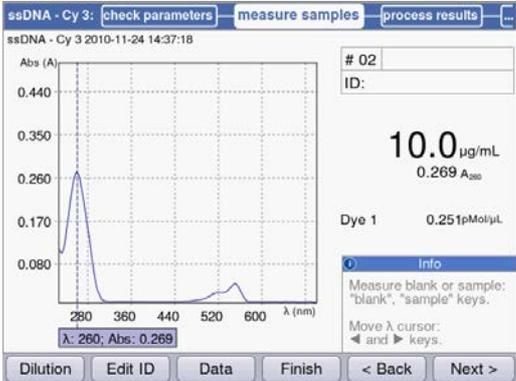
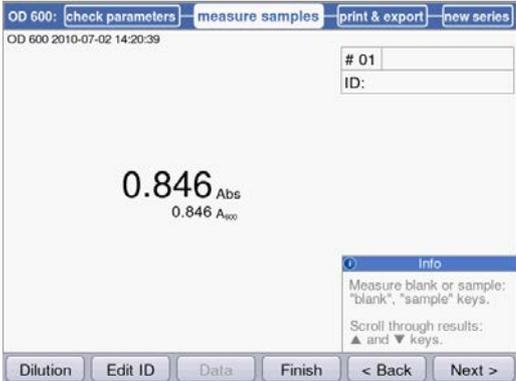
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

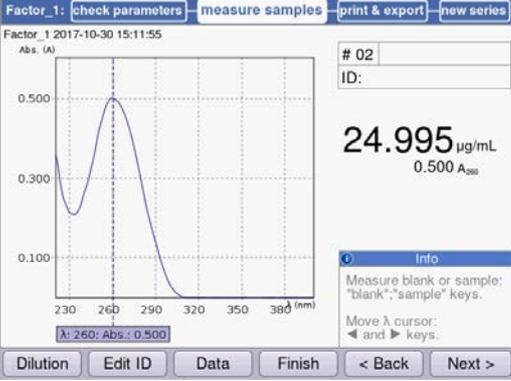
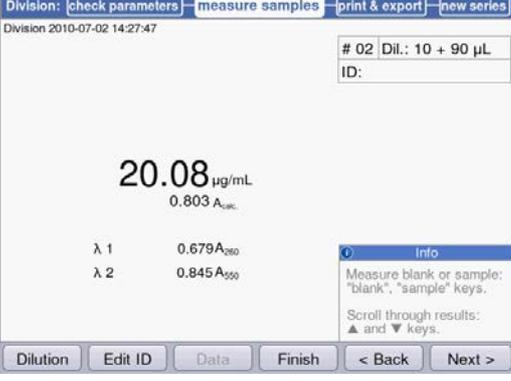
Grupo de métodos	Indicación de resultados	Explicación
Scan		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Scan (gráfico con indicación de extinción-longitud de onda)</li> <li>• Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con ◀ y ▶.</li> </ul>
Transmission		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Transmisión de la muestra en [%]</li> <li>• Los resultados de cubetas con un espesor de capa menor que 10 mm son marcados.</li> </ul>
<b>Grupo principal Routine</b>		
Nucleic acids		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición</li> <li>• Se puede desactivar en los parámetros: Ratio A260/A280</li> <li>• Se puede desactivar en los parámetros: Ratio A260/A230.</li> <li>• Se puede desactivar en los parámetros: Escaneo.</li> </ul> <p>Navegue en el gráfico entre los puntos de medición que se pueden utilizar para el cálculo del resultado con ◀ y ▶.</p> <p>Datos adicionales (tecla programable [Data]).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Valor de extinción para 280 nm.</li> <li>• Valor de extinción para 230 nm.</li> <li>• Valor de extinción para la longitud de onda de fondo.</li> </ul>

Grupo de métodos	Indicación de resultados	Explicación
<b>Proteins direct UV</b>		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición</li> <li>• Se puede desactivar en los parámetros: Escaneo. Navegue en el gráfico entre los puntos de medición que se pueden utilizar para el cálculo del resultado con ◀ y ▶.</li> </ul> <p>Datos adicionales (tecla programable [Data]).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Valor de extinción para 260 nm.</li> <li>• Valor de extinción para la longitud de onda de fondo.</li> </ul>
<b>Proteins (with reagent)</b>		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición.</li> <li>• En caso de evaluación con serie estándar: Gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.</li> </ul>

**Métodos**

Eppendorf Biospectrometer® basic  
Español (ES)

Grupo de métodos	Indicación de resultados	Explicación
<p><b>Dye labels</b></p>		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultados de concentración con extinción en la longitud de onda de medición de la biomolécula.</li> <li>• Si está activado en los parámetros: Escaneo. Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con  y .</li> </ul> <p>Datos adicionales (tecla programable [Data]).</p> <p>Si se activaron los parámetros correspondientes:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ratio A260/A280 y ratio A260/A230.</li> <li>• Valores de extinción para 280 nm y 230 nm, así como para la longitud de onda de medición del colorante.</li> <li>• Valor FOI.</li> <li>• Valores de extinción para las longitudes de onda de fondo.</li> </ul> <p>En la medición de proteínas marcadas con colorante no se indican las ratios y la FOI.</p>
<p><b>Bacterial density</b></p>		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultado calculado con extinción en la longitud de onda de medición.</li> <li>• Si está activado en los parámetros: Escaneo. Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con  y .</li> </ul>

Grupo de métodos	Indicación de resultados	Explicación
<b>Grupo principal <i>Basic</i></b>		
Factor, standard		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición.</li> <li>• Si está activado en los parámetros: Escaneo. Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con  y .</li> <li>• Con la tecla programable [Data] se muestran los valores de extinción para las longitudes de onda de fondo.</li> </ul>
Calibration curve	Análogamente a <i>Proteins (with reagent)</i> (véase arriba)	<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición.</li> <li>• Gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.</li> </ul>
<b>Grupo principal <i>Advanced</i></b>		
Dual wavelength		<p>Indicación de resultados:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Resultados de la concentración: Se calcula a partir de <math>A_{calc}</math>, con factor o evaluación de solución patrón.</li> <li>• <math>A_{calc}</math>: se calcula con la fórmula definida en los parámetros a partir de las extinciones medidas en las dos longitudes de onda.</li> <li>• Valores de extinción que se midieron en las dos longitudes de onda de medición.</li> </ul> <p>Datos adicionales (tecla programable [Data]). Si se activaron los parámetros correspondientes:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Valor de extinción para la longitud de onda de fondo.</li> </ul>

## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### 6.4.5 process results

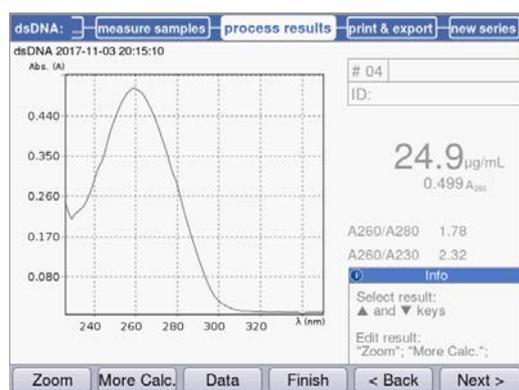
Después de la medición de muestras siguen en el modo de parámetro dos pasos opcionales: **process results** y **print & export**.

En el paso **process results** puede retocar los resultados en algunos de los métodos. Ejemplo: Modificación de la sección del espectro de un escaneo.

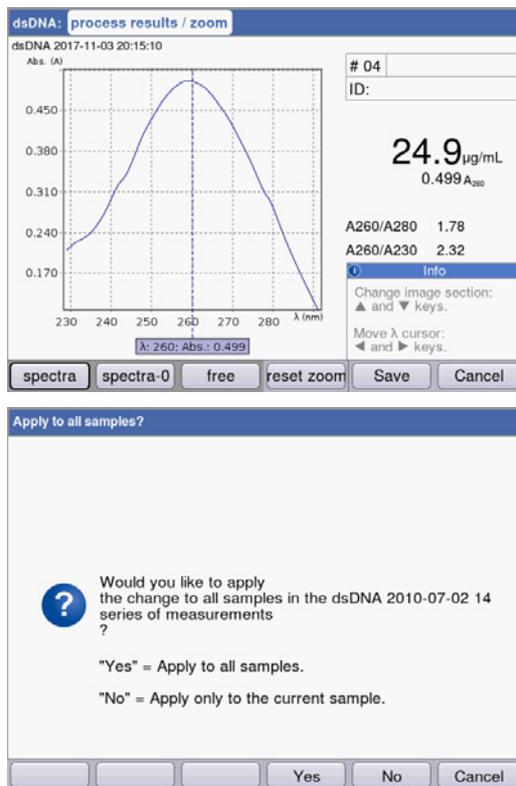
Igual que en la indicación de resultados, puede navegar entre los resultados de las muestras de la serie de mediciones con las teclas de cursor **▲** y **▼** y seleccionar deliberadamente resultados para su retoque.

Tab. 6-3: Opciones: Visión general

Opción	Explicación	Disponible en el método
Zoom	Modificar la limitación de los ejes en el gráfico de extinción-longitud de onda para limitar la representación a secciones ampliadas del gráfico.	Básicamente todos los métodos a los que se ofrece el parámetro <b>Scan</b> y que ha sido activado. <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Multi <math>\lambda</math></b></li> <li>• <b>Scan</b></li> <li>• <b>Nucleic acids</b></li> <li>• <b>Proteins direct UV</b></li> <li>• <b>Dye labels</b></li> </ul>
More calculations	Convertir los resultados de concentraciones en concentraciones molares, así como en cantidades totales (tras introducción de un volumen).	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Nucleic acids</b></li> <li>• <b>Dye labels</b> (con ácidos nucleicos como biomolécula)</li> </ul>
Peak detection	Detectar picos en espectros de longitudes de onda de extinción.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Scan</b></li> </ul>



Las opciones para el retoque se ofrecen en las dos teclas programables de la izquierda. En este ejemplo: [Zoom] y [More Calculations].



Después de las modificaciones puede salir del modo actual con las dos teclas programables de la derecha:

- [Save]: Guardar la modificación y retornar al paso de método **process results**.
- [Cancel]: Cancelar y retornar al paso de método **process results**.

Después de guardar las modificaciones, puede transferirlas con [Yes] a todas las muestras de la serie de mediciones.

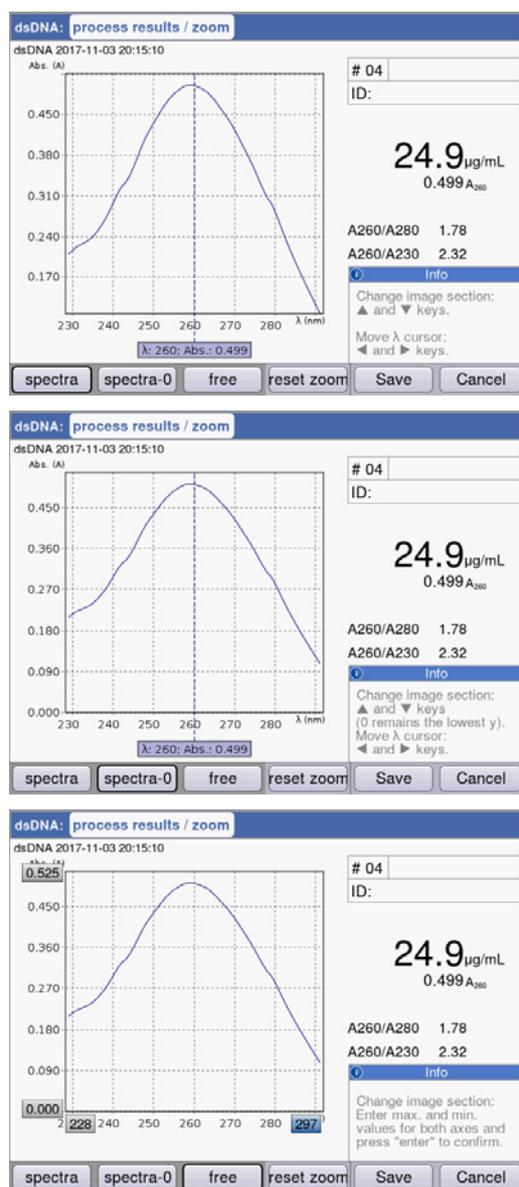
## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### 6.4.6 Resultados de procesos: Opciones

#### Zoom

Presione la tecla programable [Zoom] y seleccione una de las siguientes variantes.



Variante [spectra]:

- Con las teclas del cursor  $\leftarrow$  y  $\rightarrow$ : Mover el cursor de longitudes de onda. Este determina el centro para el zoom en el eje X.
- Con las teclas del cursor  $\uparrow$  y  $\downarrow$ : Ampliar y reducir gradualmente la sección mostrada del eje X según el procedimiento SpectraZoom. La sección mostrada del eje Y es adaptada automáticamente en cada paso de modo que el máximo y el mínimo de los datos representados aprovechan la sección óptimamente.

Variante [spectra-0]:

Se corresponde con la variante [spectra] con una excepción:

El límite inferior de la sección representada del eje Y equivale siempre a "0 A".

Variante [free]:

Los límites de intervalos se pueden introducir libremente para ambos ejes.

Navegación entre los campos de entrada con las teclas de cursor ( $\leftarrow$ ,  $\downarrow$ ,  $\rightarrow$ ,  $\uparrow$ ).

En las 3 variantes se retorna a la representación inicial del espectro con la tecla programable [reset zoom].

## More calculations

Presione la tecla programable [More calc.].

dsDNA: process results / more calc.  
dsDNA 2012-05-01 17:04:47

Entries:  
Total volume of sample: 100 µL  
Molecular mass: 297 basepairs, 196 kDa

Calculations:  
dsDNA: 6.0 µg/mL  
0.6 µg total amount in sample  
30.7 pmol/mL  
3.1 pmol total amount in sample

# 13  
ID:

6.0 µg/mL  
0.120 A<sub>260</sub>

Info  
Press "enter" to confirm.  
Result:  
Total amounts or molar concentrations.

Save Cancel

ssDNA - Cy 3: process results / more calc.  
ssDNA - Cy 3 2010-11-29 12:08:12

Entries:  
Total volume of sample: 50 µL  
Molecular mass: 300 bases, 0 kDa

Calculations:  
ssDNA: 9.0 µg/mL  
0.5 µg total amount in sample  
Cy3: 0.214 pMol/µL  
10.7 pmol total amount in sample

# 03  
ID:

9.0 µg/mL  
0.244 A<sub>260</sub>

Dye 1 0.214 pMol/µL

Info  
Press "enter" to confirm.  
Result:  
Total amounts or molar concentrations.

Save Cancel

### Grupo de métodos **Nucleic acids**:

- Tras entrada de la masa molar (alternativamente en bases/pares de bases o en kDa): Convertir el resultado de la concentración en concentración molar.
- Tras entrada del volumen de la muestra: Calcular la cantidad total de la muestra.

### Grupo de métodos **Dye labels**:

#### Ácido nucleico:

- Tras entrada de la masa molar (alternativamente en bases/pares de bases o en kDa): Convertir el resultado de la concentración en concentración molar.
- Tras entrada del volumen de la muestra: Calcular la cantidad total de la muestra.

#### Colorante:

- Tras la entrada del volumen de la muestra: Calcular la cantidad total de la muestra.



- Para **dsDNA** se supone que se trata de un ácido nucleico bicatenario al calcular la concentración molar. Para los métodos **ssDNA**, **RNA** y **Oligo** se supone que se trata de un ácido nucleico monocatenario.
- Para métodos que fueron programados en el grupo principal **Routine**, grupo de métodos **Nucleic acids**, mediante **<New Method>**, siempre se parte de ácidos nucleicos bicatenarios para el cálculo de la concentración molar.

## Métodos

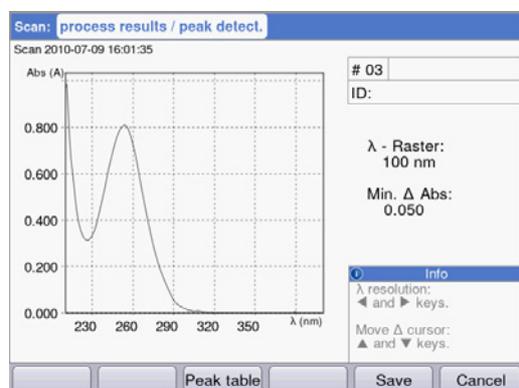
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### Peak detection

Presione la tecla programable [Peaks]. Para la detección de picos (Peak) puede variar dos criterios:

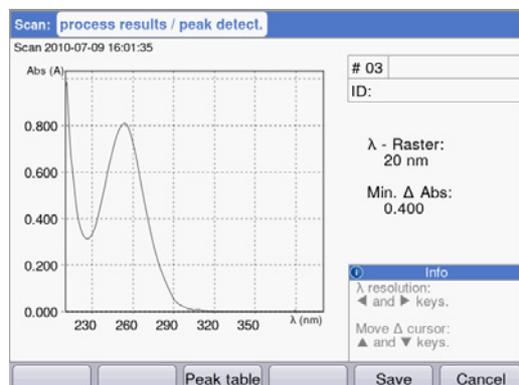
- **Trama  $\lambda$ :** Trama de evaluación en la escala de longitudes de onda para la detección de picos (p. ej. 10 nm).  
Ejemplo 10 nm: Se evalúa la sección del espectro de -5 nm a +5 nm en relación al pico a detectar.
- **Mín.  $\Delta$  Abs:** Mínima diferencia entre el pico a detectar y la extinción más baja en la trama de evaluación. Al mismo tiempo ningún valor de extinción en la trama debe ser superior al valor del pico (p. ej.: 0,5).

### Ejemplos:



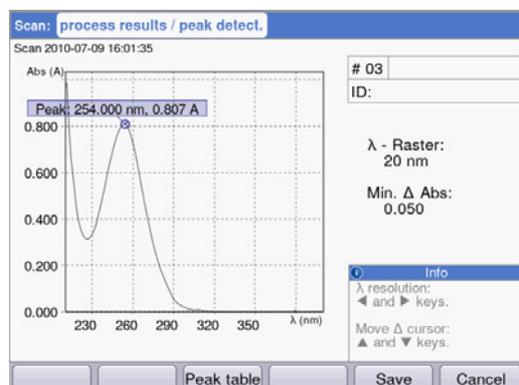
Trama  $\lambda$ : 100 nm, mín.  $\Delta$  Abs: 0,050:

El pico no es detectado porque la trama  $\lambda$  es demasiado grande: Las extinciones en el borde izquierdo de la trama son más grandes que la extinción del pico.



Trama  $\lambda$ : 20 nm, mín.  $\Delta$  Abs: 0,200:

El pico no es detectado, porque el valor predeterminado para **Mind.  $\Delta$  Abs** es demasiado grande. La diferencia de la extinción del pico y la extinción más baja en la trama es inferior a 0,2 A.



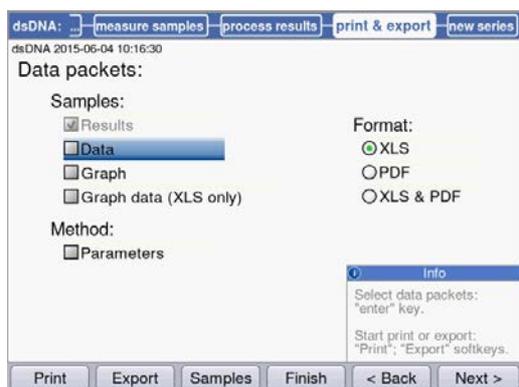
Trama  $\lambda$ : 20 nm, mín.  $\Delta$  Abs: 0,050:

El pico es detectado.

### 6.4.7 print & export

En el último paso de método opcional, puede reunir paquetes de datos para todas las muestras o para muestras seleccionadas de una serie de mediciones:

- para imprimirlos en la impresora
- para la exportación a una memoria USB
- para la exportación de un cable USB directamente a un PC
- para la exportación por correo electrónico



#### Seleccionar los paquetes de datos

- Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.

#### Seleccionar formato

- XLS: Exportar como tabla de Excel.
- PDF: Exportar o imprimir como PDF.

#### Teclas programables

- [Print]: Iniciar una impresión.
- [Export]: Iniciar una exportación.
- [Sample]: Seleccionar resultados de muestras individuales.

#### Seleccionar los paquetes de datos

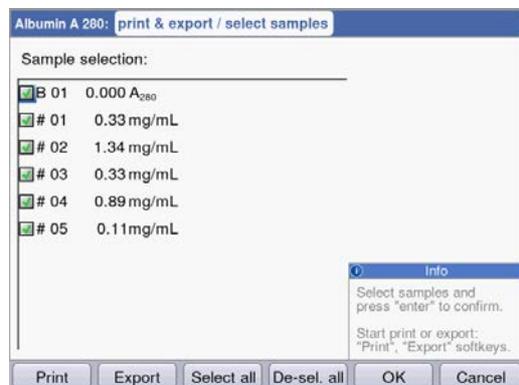
Results	Datos de resultado primarios; no seleccionables, porque siempre son transferidos.
Data	Datos de resultado adicionales que se muestran durante la medición en los indicadores de resultados al pulsar la tecla programable [Data].
Graph	Espectro de longitud de onda de extinción.
Graph data	Los datos numéricos básicos para el gráfico. "export only": Sólo para la exportación, no disponible para la impresión.
Parameters	Parámetros de los métodos
Standards/Results	Datos de resultados de la evaluación de solución patrón.
Standards/Graph	(Sólo en evaluaciones de solución patrón con varias soluciones patrón: gráfico de extinción-concentración.)

En función del método y del ajuste de los parámetros solamente se proporcionan los paquetes de datos disponibles respectivamente.

## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### Seleccionar resultados de muestras individuales



### Seleccionar muestras

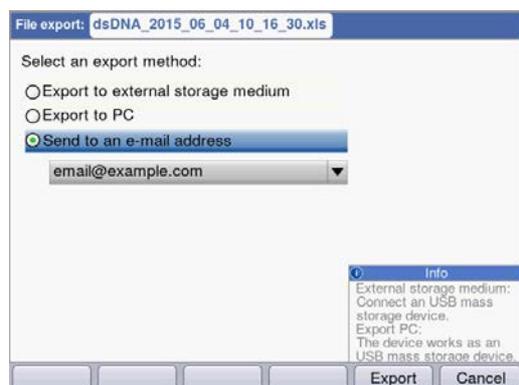
- Presione la tecla programable [Samples] para llamar la selección de muestras.
- Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.

### Teclas programables

- [Select all]: Seleccionar todas las muestras
- [De-Sel. all]: Deseleccionar selección.

### Iniciar una exportación

Los datos se transfieren como archivos en Excel (.xls) o en PDF. Los archivos de Excel se pueden leer con versiones de Excel a partir de Excel 97. Para cada uno de los paquetes de datos seleccionados se creará una hoja de cálculo en el programa Excel. El nombre del archivo está compuesto por el nombre del método, la hora y la fecha de la serie de mediciones.



### Seleccionar la variante de exportación

- Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.
- Export to external storage medium: Guardar los datos en una memoria USB. Si no está conectada una memoria USB, la primera variante no es seleccionable.
- Export to PC: Guardar los datos en un PC.
- Export via email: Enviar los datos a una dirección de correo electrónico.

### Exportación a una memoria USB

1. Inserte una memoria USB, formateada con FAT32, en el puerto USB **4** (ver *Vista general del producto en pág. 15*).
2. Inicie con [Export] la "Exportación a un soporte de datos externo".

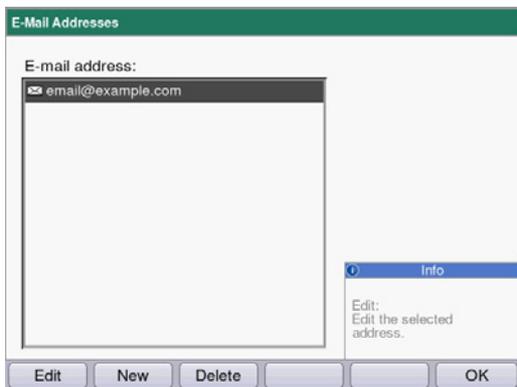
### Exportación a un PC

Requisitos del PC: Sistema operativo Windows XP, SP2 o una versión superior.

1. Conecte el equipo a un ordenador conectando el cable USB al puerto USB **8** (ver *Vista general del producto en pág. 15*).
2. Cerciórese en caso de una exportación repetida que los datos anteriormente exportados al disco duro del ordenador hayan sido almacenados, ya que si no serían sobrescritos por la nueva exportación.
3. Inicie con [Export] la "Exportación a un PC".
4. El paquete de datos exportado es mostrado en su ordenador como soporte de datos intercambiable con el nombre "eppendorf". Abra el archivo en esta unidad y guárdelo en el disco duro.

### Exportar a una dirección de correo electrónico

1. Seleccione de la lista una dirección de correo electrónico o seleccione "Edit", para configurar una nueva dirección de correo electrónico.
2. Inicie con [Export] el "Envío a una dirección de correo electrónico".



### Editar direcciones de correo electrónico

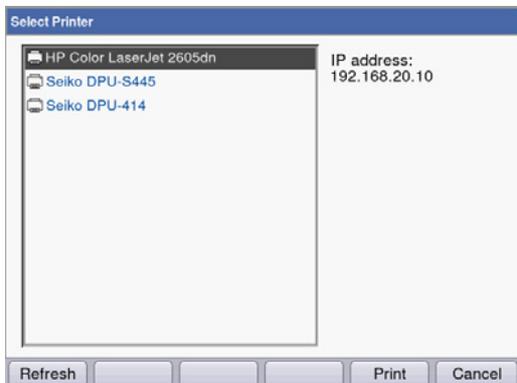
- Seleccione en la lista desplegable "Edit" y confirme con el botón **enter**. Se abrirá una nueva ventana en la que se puede editar las direcciones de correo electrónico.
- [Edit]: Editar dirección de correo electrónico.
- [New]: Añadir una nueva dirección de correo electrónico.
- [Delete]: Borrar dirección de correo electrónico.

### Iniciar una impresión

Los datos pueden imprimirse con una impresora conectada a la red o a un cable USB.



Si el equipo se encuentra conectado a una red, se mostrarán y reconocerán de forma automática todas las impresoras compatibles en la red. Si no existe ninguna conexión a la red, solo podrá escoger la impresora conectada con USB.



1. Seleccione la impresora.
2. Inicie con [Print] la impresión de los datos.

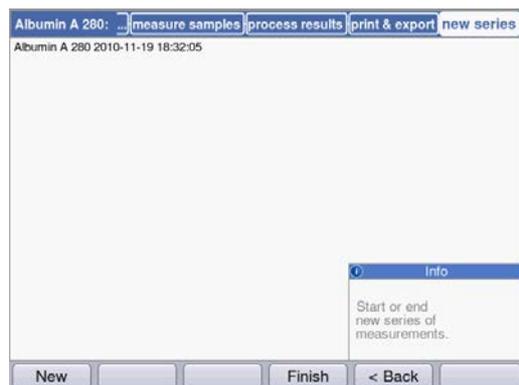
## Métodos

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

### 6.4.8 Finalizar la serie de mediciones

Después del último paso de método **print & export** puede iniciar una nueva serie de mediciones con el método seleccionado o seleccionar un nuevo método.

#### Finalizar la serie de mediciones e iniciar una nueva serie de mediciones



- Tecla programable [Next >]: Llamar el paso de método **new series**
- Tecla programable [New]: Llamar el paso de método **measure samples** e iniciar una nueva serie de mediciones.

#### Finalizar la serie de mediciones y seleccionar un nuevo método

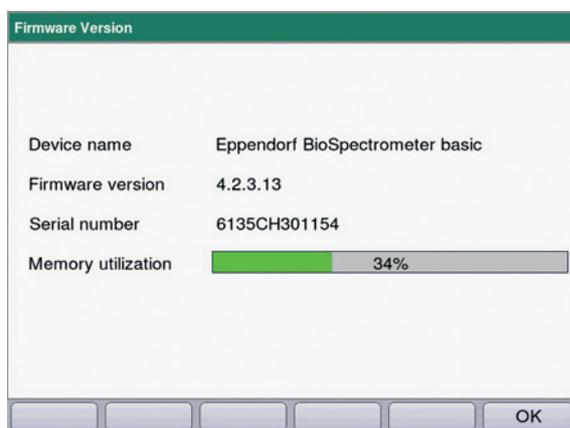
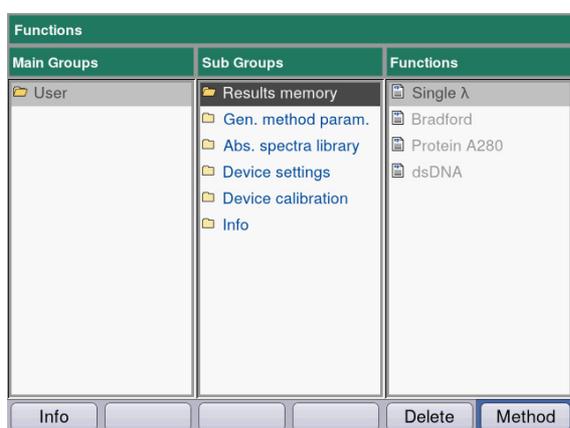
- Tecla programable [Finish]: Finalizar la serie de mediciones y llamar la selección de métodos.

## 7 Funciones

### 7.1 Funciones del grupo principal *User*

Con la tecla **function** o la tecla programable [Function] accede a un menú con funciones como ajustes del equipo o consulta de resultados almacenados.

Las funciones se encuentran dentro de 3 columnas, igual que en la selección de métodos. Las funciones en el grupo principal *User* son accesibles para usted. Igual que en la selección de métodos, se navega con las teclas de cursor para seleccionar primero el subgrupo deseado y luego la función deseada. Con **enter** activa la función.



Tecla programable [Info]:

- Versión de firmware
- Número de serie del BioSpectrometer basic
- Utilización de memoria actual

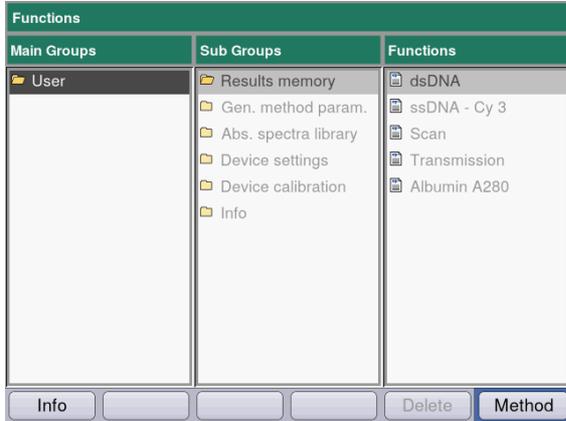
## Funciones

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

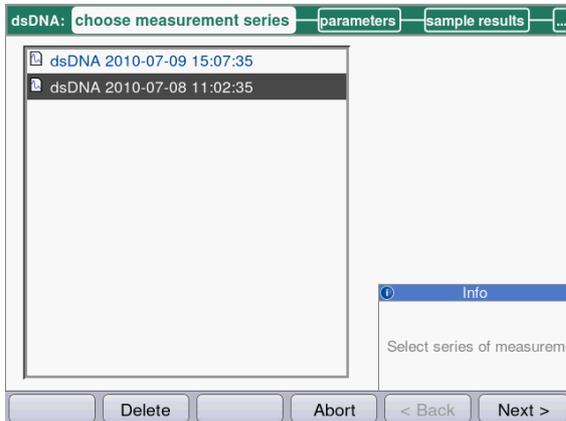
Tab. 7-1: Visión general de las funciones

Subgrupo	Explicación
<b>Results memory</b>	<p>Mostrar valores almacenados.</p> <p>Los resultados se pueden consultar estando estructurados por métodos y por series de medición y se pueden imprimir, exportar y borrar de la memoria.</p> <p>Es posible borrar series de medición individuales, todas las series de medición de un método o toda la memoria de resultados.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Para borrar el método y todas las series de medición correspondientes, pulse la tecla programable <b>Delete</b>.</li> <li>▶ Confírmelo con <b>enter</b>.</li> </ul>
<b>General method parameters</b>	<p>Los parámetros que se pueden utilizar para diversos métodos, están almacenados de manera central en el área <b>Functions</b>.</p> <p>Los parámetros ajustados en fábrica no se pueden borrar.</p> <p>Los parámetros nuevos creados se pueden modificar libremente.</p> <p>En el paso de método <b>Check parameters</b> se pueden seleccionar fácilmente los parámetros que abarcan varios sectores a través de casillas de selección.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Proteins, Nucleic acids, Dyes</b> contienen parámetros que se utilizan para métodos de los grupos <b>Dye labels</b> y <b>Proteins direct UV</b>.</li> <li>• <b>Units</b>: Unidades para resultados de concentración que se pueden utilizar para muchos métodos.</li> </ul>
<b>Absorbance spectra library</b>	<p>Espectros de longitudes de onda de extinción de sustancias importantes, p. ej., ADN.</p> <p>Los espectros sirven de información y se pueden utilizar para la comparación con el espectro de un resultado de muestra.</p>
<b>Device settings</b>	Ajustes de equipo editables, p. ej., idioma.
<b>Device calibration</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Posibilidad de comprobar el espectrofotómetro. Para ello necesita un juego de filtros de Eppendorf.</li> </ul>
<b>Info</b>	Licencias de código abierto.

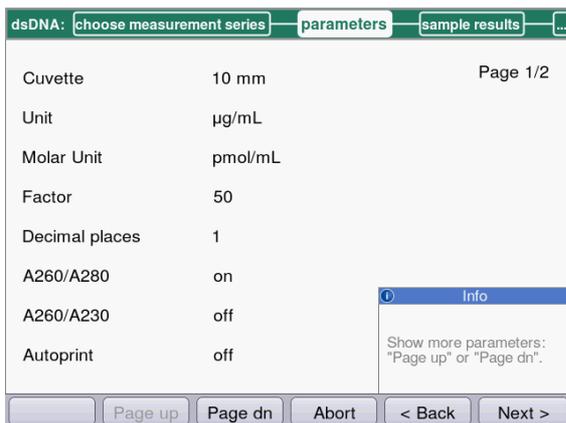
### 7.1.1 Results Memory



- ▶ Seleccione en la columna derecha el método, cuyos resultados guardados desea consultar.
- ▶ Para borrar el método y todas las series de medición correspondientes, pulse la tecla programable **Delete**.
- ▶ Confírmelo con enter.



- ▶ Seleccione la serie de mediciones deseada con ayuda de las teclas de cursor.
- ▶ Para borrar el método y todas las series de medición correspondientes, pulse la tecla programable **Delete**.
- ▶ Confírmelo con enter.

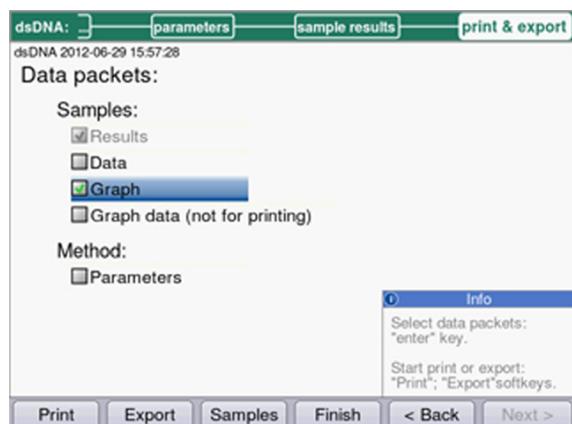


Igual como en los pasos de un método, usted aquí también puede navegar por orden a través de los indicadores de los parámetros, de las soluciones patrón, de los resultados de muestras y, finalmente, a través de los paquetes de datos para la impresión y exportación.

La asignación de las teclas programables se corresponde con la asignación en los pasos del método.

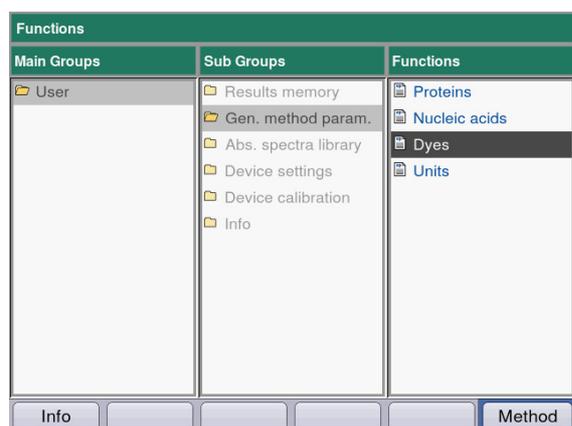
## Funciones

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

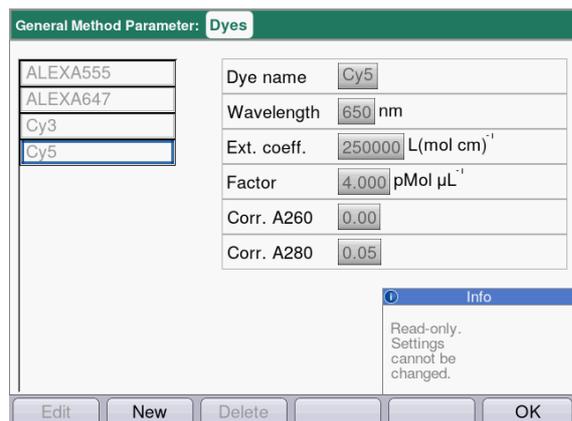


- ▶ Si desea imprimir o exportar resultados, seleccione los paquetes de datos. El procedimiento para imprimir y exportar, así como el significado de las teclas de función corresponden al paso de método **print & export**.

### 7.1.2 General Method Parameters



- ▶ Seleccione en la columna derecha el grupo de parámetros, en el cual desea editar parámetros.
- ▶ Confírmelo con enter.



En este ejemplo se han juntado grupos de parámetros para diversas tinciones (componentes de colorantes para los métodos de tinción) y se han guardado bajo un nombre cada uno. Bajo este nombre se puede importar el grupo de parámetros deseado al programa de método al editar un método de tinción.

Las tinciones disponibles de fábrica están protegidas contra escritura y no se pueden editar ni borrar.

Indicador:

- izquierda: nombre de la tinción. Seleccione con y .
- derecha: parámetros correspondientes

#### Teclas programables

- [Edit]: Editar el grupo de parámetros seleccionado.
- [New]: Crear un nuevo grupo de parámetros.
- [Delete]: Borrar el grupo de parámetros seleccionado.
- [OK]: Retornar a la selección de funciones.

- ▶ Para editar un grupo de parámetros, seleccione con ▲ y ▼ el parámetro a editar.
- ▶ Confírmelo con enter.

### Teclas programables

- [OK]: Guardar la entrada y retornar a la selección de grupos de parámetros.
- [Cancel]: Retornar a la selección de grupos de parámetros sin modificación alguna.

Al programar un método de los grupos de métodos **Dye labels** o **Proteins direct UV** puede acceder a las entradas hechas en **General Method Parameter**:

Seleccione el nombre del colorante para importar el grupo de parámetros correspondiente al programa de métodos. A través de la selección "edit" en el parámetro "Nucleic acid" también puede acceder directamente a la función **General Method Parameter** y visualizar o editar allí los parámetros.

## Funciones

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

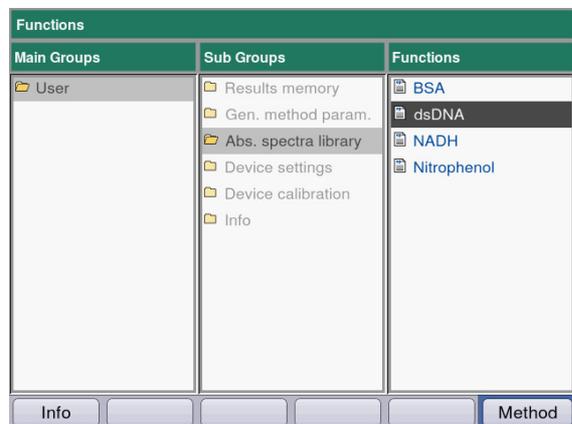
Tab. 7-2: Parámetros en General Method Parameter

Parámetro	Explicación
<b>Proteins</b>	Estos parámetros son cargados en los parámetros de método al seleccionar una proteína durante la programación de un método del grupo <b>Dye labels</b> o <b>Proteins direct UV</b> . Los parámetros programados de fábrica están protegidos contra escritura y no se pueden editar ni borrar.
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Protein name</li> <li>• Factor</li> <li>• <math>A_{0,1\%}</math></li> <li>• Ext.coeff.</li> <li>• Molecular mass</li> </ul>	Aparte del nombre y de la longitud de onda, también puede introducir los siguientes datos para definir el factor para el cálculo de la concentración a partir de la extinción: Factor o $A_{0,1\%}$ o coeficiente de extinción y masa molar.
<b>Nucleic acids</b>	Estos parámetros se cargan en los parámetros del método al seleccionar un ácido nucleico durante la programación de un método del grupo <b>Dye labels</b> . Los parámetros programados de fábrica están protegidos contra escritura y no se pueden editar ni borrar.
<ul style="list-style-type: none"> <li>• NA name</li> <li>• Factor</li> <li>• Double-stranded</li> </ul>	El factor se utiliza para calcular la concentración a partir de la extinción. El parámetro Double-stranded tiene influencia sobre el cálculo de la concentración molar del ácido nucleico (ver <i>Conversión en concentraciones molares y cantidades de ácidos nucleicos en pág. 96</i> )
<b>Dyes</b>	Estos parámetros se cargan en los parámetros del método al seleccionar un colorante (Dyes) durante la programación de un método del grupo <b>Dye labels</b> . Los parámetros programados de fábrica están protegidos contra escritura y no se pueden editar ni borrar.
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Dye name</li> <li>• Wavelength</li> <li>• Ext.coeff.</li> <li>• Factor</li> <li>• Corr. A260</li> <li>• Corr. A280</li> </ul>	Aparte del nombre, también puede introducir los siguientes datos para definir el factor para el cálculo de la concentración a partir de la extinción: Factor o coeficiente de extinción. Los factores de corrección para las extinciones a 260 y/o 280 nm se utilizan cuando la función de corrección está activada en los parámetros del método. Encontrará más información en el capítulo sobre la evaluación (ver <i>Corrección <math>A_{260}</math> y corrección <math>A_{280}</math> en pág. 95</i> ).
<b>Units</b>	Puede seleccionar una unidad de todas las unidades disponibles durante la programación de parámetros de método. Las unidades que se utilizan en métodos preprogramados aparecen sobre fondo gris y no se pueden borrar.
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Unit</li> </ul>	Introducir una unidad aún no programada para el resultado de concentración.

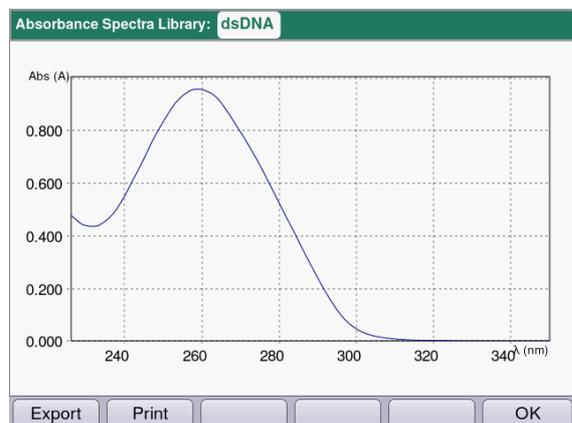


- Las características para proteínas que no han sido preprogramadas de fábrica se pueden determinar en el banco de datos expasy: <http://www.expasy.org/tools/protparam.html>.
- También puede encontrar una tabla con valores  $A_{1\%}$  para muchas proteínas en: C.N.Pace et al., Protein Science (1995), 4: 2411–2423 (tabla 5). Los valores  $A_{1\%}$  se tienen que multiplicar por 0,1 para obtener los valores  $A_{0,1\%}$  necesarios.

### 7.1.3 Absorbance Spectra Library



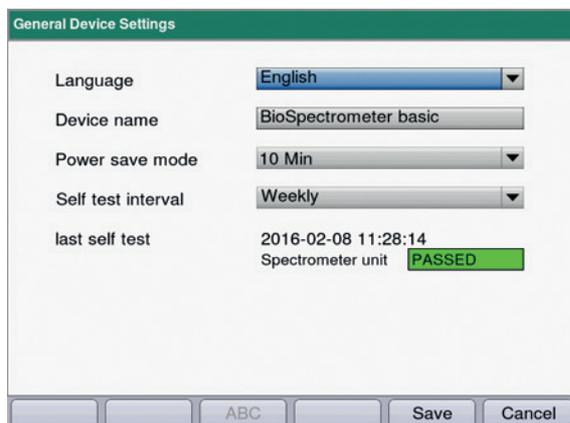
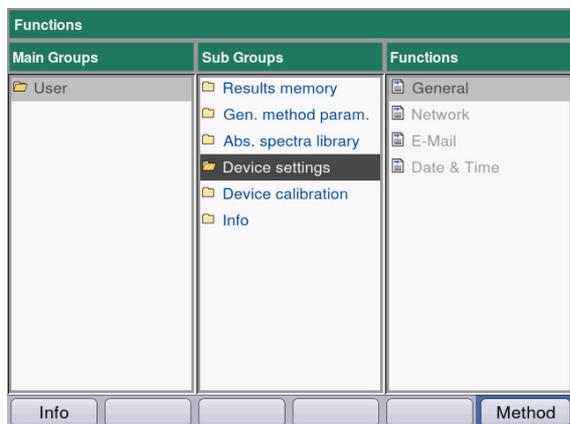
En la columna derecha selecciona el espectro que desea llamar y lo confirma con **enter**.



#### Teclas programables

- [Export] y [Print]: Exportar a una memoria USB o a un ordenador (vía cable USB) y/o imprimir (ver *print & export en pág. 55*).
- [OK]: Retornar a la selección de funciones.

## 7.1.4 Device Settings



Los siguientes ajustes se pueden adaptar:

### Device Settings

- General
- Network
- E-Mail
- Date and Time

### General Device Settings

- Seleccionar idioma: alemán, inglés, francés, español, italiano, japonés\*).
- Nombre del equipo
- Ajustar el intervalo de tiempo para la activación del modo de ahorro de energía.
- Ajustar la frecuencia de la autocomprobación automática después de la activación del equipo.
- Se muestra la información acerca de la última autocomprobación.

\*) Si se cambia el idioma, p. ej., al japonés, también se cambia el tipo de letra. Esto puede conducir a que algunas partes del texto no sean mostradas correctamente.

- ▶ Apague el equipo y vuelva a encenderlo. Después del reinicio del equipo, todos los idiomas se mostrarán correctamente.

### Teclas programables

- [Save]: Guardar modificaciones y retornar a la selección de funciones.
- [Cancel]: Retornar a la selección de grupos de parámetros sin modificación alguna.

### Network Settings

Pregunte a su administrador cuáles son los ajustes necesarios.

- Seleccionar si los ajustes de IP se deberán efectuar automáticamente vía DHCP. Los ajustes de IP también se pueden introducir manualmente.
  - Dirección IP
  - Máscara de subred
  - Puerta de enlace estándar
- Seleccionar si los ajustes de DNS se deberán efectuar automáticamente vía DHCP (solamente disponible si los ajustes de IP se adquieren automáticamente vía DHCP). Los siguientes ajustes de DNS se pueden introducir manualmente:
  - Servidor DNS primario
  - Servidor DNS secundario

### Teclas programables

- [MAC Info]: Información sobre ajustes de la red informática.
- [Save]: Guardar modificaciones y retornar a la selección de funciones.
- [Cancel]: Retornar a la selección de grupos de parámetros sin modificación alguna.

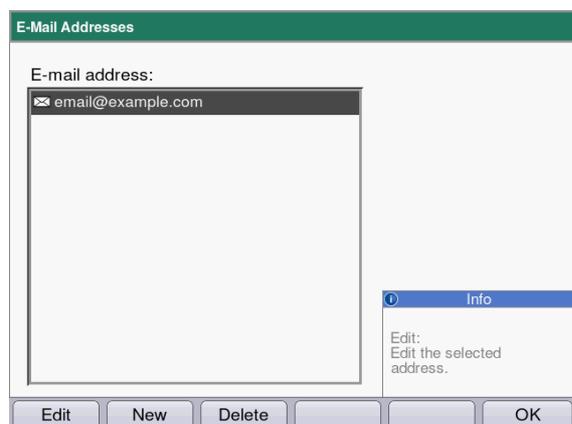
### Email Settings

Pregunte a su administrador cuáles son los ajustes necesarios.

- Servidor SMTP: Introducir el servidor de correo electrónico.
- Introducir el puerto.
- Remitente: Introducir el nombre del equipo.
- Utilizar la autenticación SMTP: Si se requiere una autenticación, se tiene que indicar un nombre de usuario y una contraseña.
- Dirección de correo electrónico del destinatario: Lista con direcciones de correo electrónico.

## Funciones

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

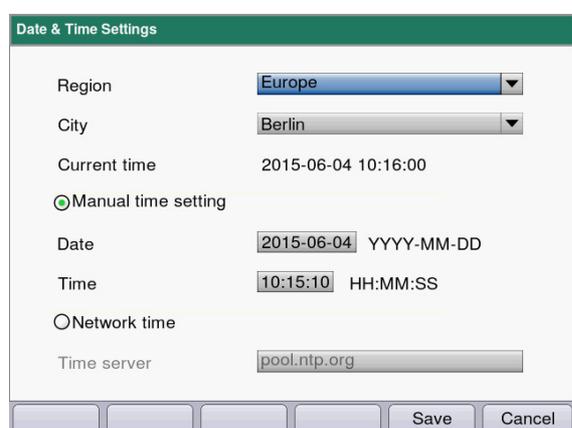


### Editar direcciones de correo electrónico

- Seleccione en la lista desplegable "Edit" y confirme con el botón **enter**.  
Se abrirá una nueva ventana en la que se puede editar las direcciones de correo electrónico.

### Teclas programables

- [Edit]: Editar dirección de correo electrónico.
- [New]: Añadir una nueva dirección de correo electrónico.
- [Delete]: Borrar dirección de correo electrónico.



### Date and Time Settings

- Seleccionar la región.
- Seleccionar la ciudad.
- Indicación de la hora actual
- Ajuste manual de la hora: Introducir la fecha y hora.
- Hora de la red informática  
Servidor horario: Indicar el servidor horario deseado.

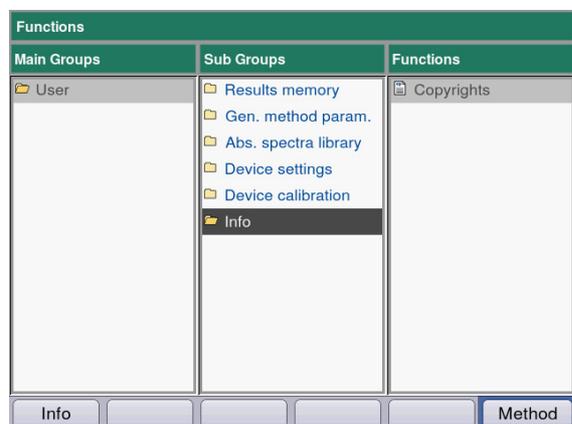
### Teclas programables

- [Save]: Guardar las modificaciones y retornar a la selección de funciones.
- [Cancel]: Retornar a la selección de grupos de parámetros sin modificación alguna.

## 7.1.5 Device Calibration

La comprobación del equipo está descrita por separado (ver *Comprobación del equipo en pág. 71*).

## 7.1.6 Info



Bajo el punto de menú **Copyright** encontrará información sobre licencias para software de fuentes abiertas.

## 8 Mantenimiento

### 8.1 Limpieza

---



**¡PELIGRO! Electrocción debida a la penetración de líquidos.**

- ▶ Apague el equipo y desenchúfelo de la red de distribución eléctrica antes de empezar con la limpieza o con la desinfección.
- ▶ No deje entrar ningún líquido al interior de la carcasa.
- ▶ No efectúe ninguna limpieza o desinfección por pulverización en la carcasa.
- ▶ Solo vuelva a conectar el equipo a la red de distribución eléctrica si está completamente seco por dentro y por fuera.



**¡AVISO! Corrosión producida por productos de limpieza y desinfectantes agresivos.**

- ▶ No utilice productos de limpieza corrosivos ni disolventes agresivos o abrillantadores.
- ▶ No incube los accesorios durante un tiempo prolongado en productos de limpieza o desinfectantes agresivos.

- 
1. Limpie las superficies con un paño humedecido en un detergente suave.

#### **Limpieza del compartimento de la cubeta**

2. Limpie el compartimento de la cubeta únicamente con un bastoncillo de algodón libre de hilachas humedecido en etanol o isopropanol. Evite que entre líquido en el compartimento de la cubeta. Si fue necesario humedecerlo con agua para eliminar la suciedad, debe utilizar un nuevo bastoncillo de algodón humedecido en etanol o isopropanol para acelerar el secado del compartimento de la cubeta.

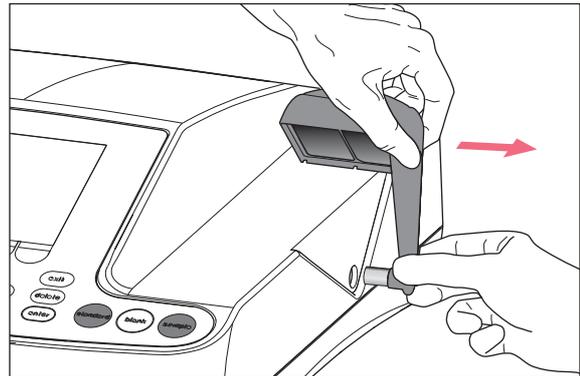
### 8.1.1 Limpieza de la cubierta del compartimento de la cubeta

Si no solamente quiere limpiar la superficie de la cubierta del compartimento de la cubeta, la cual se puede acceder con facilidad, también puede desmontar la cubierta.



- ▶ No enjuague la cubierta del compartimento de la cubeta en un producto de limpieza.
- ▶ Limpie la cubierta del compartimento de la cubeta de la manera descrita.

1. Levante la cubierta del compartimento de la cubeta con una mano.
2. Sujete la cubierta con la otra mano a la altura del pasador y jale la cubierta hacia la derecha hasta que el pasador haya salido por completo.



- Jale la cubierta hacia la derecha en un ángulo de 90 grados.

3. Limpie la cubierta con un paño o un bastoncillo de algodón libre de hilachas previamente humedecido en un producto de limpieza suave.
4. Vuelva a introducir el pasador en la carcasa hasta el tope.  
El pasador desaparece por completo en la carcasa.



Si no va a utilizar el fotómetro, cierre el compartimento de la cubeta con la cubierta azul para protegerlo contra polvo y otras contaminaciones.

## 8.2 Desinfección/Descontaminación



**¡PELIGRO! Electrocuación debida a la penetración de líquidos.**

- ▶ Apague el equipo y desenchúfelo de la red de distribución eléctrica antes de empezar con la limpieza o con la desinfección.
- ▶ No deje entrar ningún líquido al interior de la carcasa.
- ▶ No efectúe ninguna limpieza o desinfección por pulverización en la carcasa.
- ▶ Solo vuelva a conectar el equipo a la red de distribución eléctrica si está completamente seco por dentro y por fuera.

1. Limpie el aparato con un detergente suave antes de la desinfección (ver *Limpieza en pág. 69*).
2. Seleccione un método de desinfección que cumpla con las determinaciones legales y directrices vigentes para su área de aplicación.
3. Utilice, p. ej., alcohol (etanol, isopropanol) o desinfectantes que contengan alcohol.
4. Limpie las superficies con un paño que haya humedecido previamente con un desinfectante suave.
5. Si es necesario desmontar la tapa del compartimento de la cubeta para realizar la desinfección, debe proceder de la manera descrita para desmontar y montarla (ver *Limpieza de la cubierta del compartimento de la cubeta en pág. 70*).
6. Puede desinfectar la tapa desmontada del compartimento mediante desinfección por pulverización.

## 8.3 Comprobación del equipo

### Condiciones:

- Atenerse a las condiciones ambientales (ver *Condiciones del entorno en pág. 87*).
- Realizar la comprobación a aprox. 20 °C. Evitar fluctuaciones de temperatura (p. ej., debido a ventanas abiertas).
- Solo extraer el filtro brevemente de su caja y protegerlo contra contaminación o deterioro.
- Proteger el filtro contra polvo, calor, líquido y vapores agresivos.
- Al comprobar la unidad espectrométrica: la etiqueta adhesiva del filtro utilizado señala hacia adelante.
- El compartimento de la cubeta está libre de suciedad.

### 8.3.1 Comprobación de la unidad espectrométrica

Para comprobar la exactitud fotométrica y la veracidad de las longitudes de onda, Eppendorf ofrece un juego de filtros (juego de filtros de referencia BioSpectrometer). El juego contiene un filtro de blanco A0 y tres filtros A1, A2 y A3 para comprobar la exactitud fotométrica, así como 3 filtros para comprobar la veracidad de las longitudes de onda en el rango de 260 nm a 800 nm. Las extinciones de los filtros se miden comparándolos con el filtro de blanco A0. Aparte de la información sobre la exactitud, también obtendrá información sobre la precisión: a partir de las 15 mediciones que se realizan por cada longitud de onda no solo se calcula el valor medio, sino también el coeficiente de variación (el valor cv).

## Mantenimiento

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

Para la medición, inserte primero el filtro de blanco (para la medición del blanco) y luego inserte los filtros de prueba y las cubetas en el compartimento de la cubeta. Los valores de absorbancia medidos para los filtros de prueba son comparados con el margen de valores permisible. Los valores límite para el margen de valores permisible de cada filtro están impresos en una tabla en la tapa de la caja de filtros.

Si desea documentar los valores, puede imprimirlos o exportarlos después de la medición. Como máximo se pueden guardar hasta 12 controles. Si la memoria se encuentra llena, los valores se sobrescribirán en los controles más antiguos.

### BioSpectrometer reference filter set

**eppendorf**

Function : Device calibration/Spectrometer unit

Order No./Best. Nr.: 6135 928.001

Set No./Satz Nr.:956

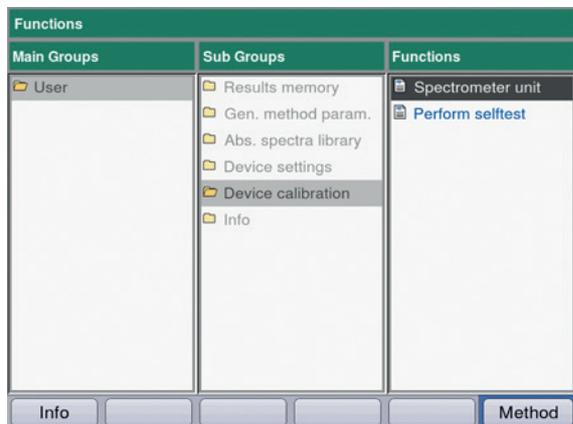
Limits measured against Blank A 0 at approx. 20°C Grenzwerte gemessen gegen Blank A 0 bei ca. 20°C							
SN: 6135	914.956	916.956	917.956	937.956	921.956	922.956	923.956
Filter Type	Blank A 0	Sample 260 nm	Sample 280 nm	Sample 800 nm	Sample A 1	Sample A 2	Sample A 3
Limiting values (A)/Grenzwerte (E)							
260 nm	0.000	1.481-1.730	--	--	0.147-0.171	0.824-0.875	1.495-1.587
280 nm	0.000	--	1.053-1.315	--	0.142-0.166	0.829-0.880	1.478-1.569
320 nm	0.000	--	--	--	0.137-0.161	0.853-0.906	1.473-1.564
405 nm	0.000	--	--	--	0.136-0.160	0.907-0.963	1.465-1.555
550 nm	0.000	--	--	--	0.141-0.165	0.923-0.980	1.373-1.458
562 nm	0.000	--	--	--	0.141-0.165	0.922-0.979	1.365-1.450
595 nm	0.000	--	--	--	0.140-0.164	0.918-0.975	1.344-1.427
700 nm	0.000	--	--	--	0.138-0.162	0.907-0.963	1.288-1.368
800 nm	0.000	--	--	1.056-1.233	0.136-0.160	0.896-0.952	1.249-1.326
Random error of wavelength Zufällige Messabweichung der Wellenlänge				Random error of photometer Zufällige Messabweichung des Photometers			
Limiting values CV (%) / Grenzwerte VK (%)							
260 - 405 nm	≤ 3.0 %			≤ 3.0 %		≤ 2.0 %	≤ 1.5 %
550 - 800 nm	≤ 3.0 %			≤ 3.0 %		≤ 2.0 %	≤ 3.0 %
Filter auf NIST® rückführbar / Filter traceable to NIST®							
<p><u>Wavelength and photometric characterization of filters:</u> All characterizations are performed on a Cary 100 Bio reference UV/Vis spectrophotometer, serial number EL 99023107. The instrument is requalified regularly by the manufacturer, and is confirmed and documented to perform within manufacturer's specifications.</p> <p><u>Wellenlängen- und photometrische Bestimmung der Filter:</u> Alle Messungen werden auf einem Cary 100 Bio Referenz UV/Vis Spektrophotometer, Seriennummer EL 99023107 durchgeführt. Dieses Instrument wird regelmäßig vom Hersteller requalifiziert und die spezifikationsgemäße Funktion dokumentiert.</p>							
				21.12.2017 _____ Signature Unterschrift			

6135 928.028-03

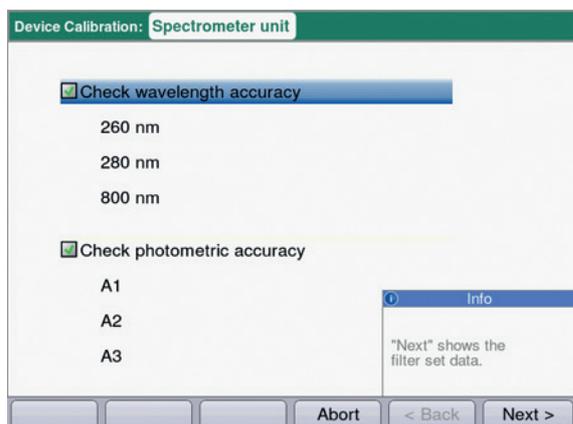
Imag. 8-1: Lado interior de la tapa de la caja de filtros (muestra)

### 8.3.1.1 Realizar comprobación a la exactitud fotométrica

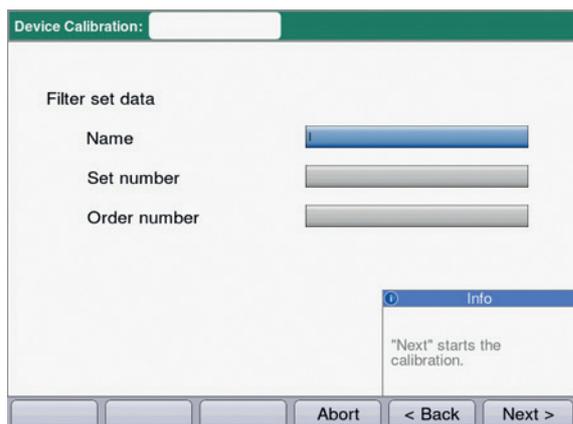
1. Seleccione en el grupo **Device calibration** la función **Spectrometer unit** y confírmela con **enter**.



2. Seleccione si desea comprobar la veracidad de las longitudes de onda, la exactitud fotométrica o ambas. Confírmelo con **enter**.  
3. Conmute con [Next >] al paso siguiente.



4. Rellene los campos de entrada. Los datos son opcionales.  
5. Conmute con [Next >] al paso siguiente.

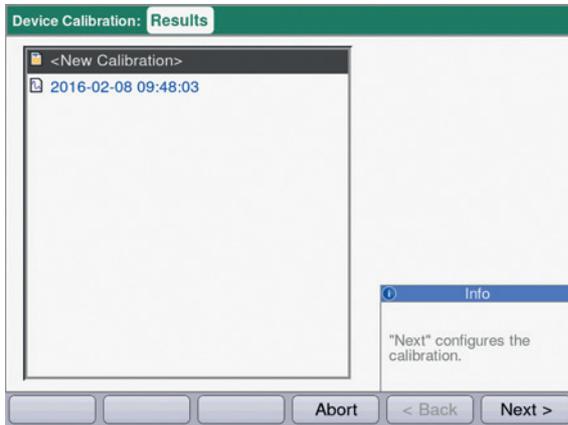


## Mantenimiento

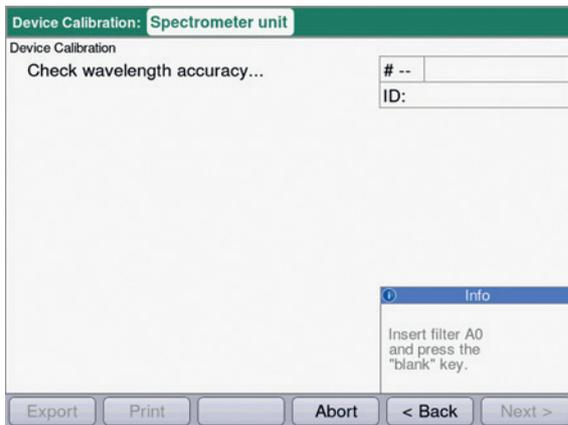
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)



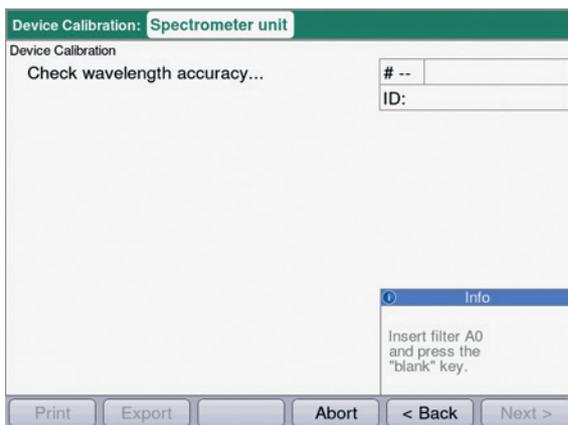
- Si se realiza la calibración por primera vez, se omite el paso 6.
- Si ya se ha realizado la calibración, se mostrarán los resultados de la última calibración.



6. Seleccione <New Calibration> e inicie con [Next >] la nueva calibración.



7. Siga la indicación en la ventana *Info* y, a continuación, mida el filtro de valor vacío A0.



8. Después inicie el valor vacío A0 con el primer filtro de prueba.  
En la caja de información se muestra el filtro de prueba esperado (aquí: SAMPLE 260).

Device Calibration: Spectrometer unit		
Device Calibration 2016-02-08 09:48:03		
Check photometric accuracy...		# 06
		ID: SAMPLE A3
Wavelength	Mean	CV
260 nm	1.917 A	0.2 %
280 nm	1.847 A	0.3 %
320 nm	1.751 A	0.3 %
405 nm	1.661 A	0.3 %
550 nm	1.502 A	0.3 %
562 nm	1.489 A	0.2 %
595 nm	1.456 A	0.4 %
700 nm	1.376 A	0.6 %
800 nm	1.309 A	1.1 %

Info  
Select results:  
▲ and ▼ keys.

Print Export Finish < Back Next >

9. Indicación de resultados tras medición de los 3 filtros de prueba para comprobar la exactitud fotométrica.

Con las teclas ▲ y ▼ puede volver a ver los resultados de los diversos filtros de prueba.

#### Teclas programables

- [Finish]: Finalizar prueba.
- [Export]: Exportar resultados como PDF.
- [Print]: Imprimir resultados.

10. Compare los valores medios y los valores cv con la tabla suministrada.

En caso de que los valores medidos no coincidan con el margen de valores permisible, diríjase al servicio técnico de Eppendorf.

### 8.3.2 Autocomprobación del equipo

Puede ajustar la frecuencia de la autocomprobación (duración aprox. 1 minuto) por medio de la función **Device settings** (ver *Device Settings en pág. 66*). El ajuste de fábrica para el **Intervalo de autocomprobación** es "semanalmente".

En la autocomprobación se comprueban los siguientes puntos:

- Comprobación del detector
  - Determinación del error de medición aleatorio en todo el espectro disponible
- Comprobación de la fuente de luz
  - Comprobación de la energía máximamente disponible de la fuente de luz y de la calidad del recorrido óptico a través del equipo
  - Determinación del error de medición aleatorio de una señal en el sensor de referencia
  - Determinación de la altura de la señal en el sensor de referencia
  - Determinación separada de la intensidad de la luz en la parte ultravioleta del espectro
- Determinación del error de medición sistemático y aleatorio de la longitud de onda
  - Posición de un pico de intensidad en la parte ultravioleta del espectro
  - Precisión de la posición de un pico de intensidad en la parte ultravioleta del espectro

► Seleccione en el grupo **Device calibration** la función **Perform selftest** y confírmelo con **enter**.

Una vez transcurrida la autocomprobación, el indicador muestra el siguiente mensaje: **PASSED**.

Si el indicador muestra el mensaje **FAILED**, la autocomprobación ha fallado. Si este error no se deja solucionar (ver *Mensajes de error en pág. 79*), diríjase al servicio técnico de Eppendorf.

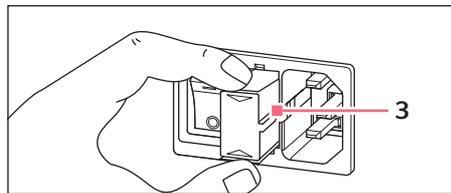
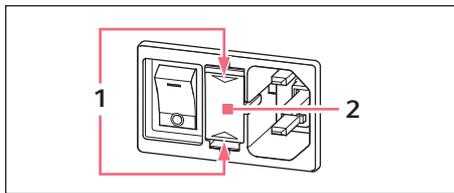
## 8.4 Sustituir fusibles



**¡PELIGRO! Descarga eléctrica.**

- ▶ Apague el dispositivo y desconecte el enchufe de la red eléctrica antes de empezar con el mantenimiento o la limpieza.

El portafusible se encuentra entre la hembrilla de conexión a la red eléctrica y el interruptor de la red.



1. Extraiga el conector de red.
2. Presione los resortes de plástico **1** arriba y abajo y extraiga por completo el portafusible **2**.
3. Sustituya los fusibles defectuosos vuelva a insertar el portafusible. Preste atención a la posición correcta del riel guía **3**.

## 8.5 Descontaminación antes del envío

Cuando envíe el equipo en caso de reparación al servicio técnico autorizado o en el caso de eliminación del mismo a su concesionario, tenga en cuenta lo siguiente:



**¡ADVERTENCIA! Peligro para la salud debido a la contaminación del equipo.**

1. Tenga en cuenta las indicaciones del certificado de descontaminación. Encontrará estas indicaciones como archivo PDF en nuestra página de Internet ([www.eppendorf.com/decontamination](http://www.eppendorf.com/decontamination)).
2. Descontamine todas las piezas que desee enviar.
3. Adjunte al envío el certificado de descontaminación completamente relleno.

**9 Solución de problemas**  
**9.1 Errores generales**

Error	Causa posible	Solución
<p>Los resultados de medición no son precisos.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Fecha de caducidad del reactivo excedida.</li> <li>• Reactivo no preparado correctamente.</li> <li>• Pipeteo incorrecto.</li> <li>• Desarrollo de la incubación antes de la medición incorrecto.</li> <li>• Cubeta sucia.</li> <li>• Cubeta no llenada completamente y sin burbujas con la solución de medición.</li> <li>• Turbiedades en la solución de medición.</li> <li>• El espectrofotómetro deriva.</li> <li>• Compartimento de la cubeta sucio.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Cerciórese de que el reactivo aún no haya caducado y que sea preparado correctamente.</li> <li>▶ Utilice para la preparación, si es que se necesita, agua desmineralizada limpia que tenga la calidad adecuada.</li> <li>▶ Cerciórese de que la pipeta esté calibrada y que pipetee correctamente.</li> <li>▶ Si el método requiere una incubación antes de la medición, asegúrese de que la temperatura y la duración de la incubación sean respetadas exactamente.</li> <li>▶ Limpie y lave la cubeta. Preste atención al cambiar la cubeta que la ventana óptica de la cubeta no se ensucie y no sea tocada con los dedos.</li> <li>▶ Si la ventana de la cubeta está manchada con huellas dactilares, límpiela mediante frotamiento con un paño libre de pelusa humedecido en etanol o isopropanol.</li> <li>▶ Cerciórese de que se alcance el volumen mínimo de la cubeta que se requiere para una medición y que la solución de medición no contenga burbujas.</li> <li>▶ Centrifugue las soluciones de medición turbias que contengan partículas y utilice el sobrenadante claro.</li> <li>▶ Diríjase al servicio técnico de Eppendorf.</li> <li>▶ Aténgase a las condiciones ambientales prescritas.</li> <li>▶ Evite grandes fluctuaciones de temperatura.</li> <li>▶ Limpie el compartimento de la cubeta.</li> </ul>

**Solución de problemas**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

Error	Causa posible	Solución
Los resultados de medición son incorrectos.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Método programado de forma errónea.</li> <li>• Solución patrón no preparada correctamente.</li> <li>• La extinción del reactivo deriva.</li> <li>• La cubeta no está posicionada correctamente.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Cerciórese de que los parámetros del método hayan sido introducidos correctamente.</li> <li>▶ Cerciórese de que se utilice la solución patrón correcta y que la solución de medición sea preparada correctamente para la solución patrón.</li> <li>▶ En una extinción del reactivo inestable y métodos de punto final: en la medición de una larga serie de muestras debe medir el blanco del reactivo no solamente al comienzo, sino también durante la serie de muestras. En caso de deriva del valor del blanco, el reactivo no es apropiado para mediciones libres de errores y debe sustituirse por un reactivo nuevo.</li> <li>▶ Posicione la cubeta en el compartimento de tal forma que las ventanas ópticas señalen en dirección del recorrido óptico.</li> <li>▶ Haz de luz de la fotometría: de atrás hacia adelante</li> </ul>

## 9.2 Mensajes de error

Las indicaciones de mensajes de error se pueden abandonar pulsando la tecla programable [OK].

Los errores de sistema requieren una evaluación por parte del servicio técnico. Estos errores son visualizados en inglés (**System error ...**). En estos casos diríjase, por favor, al servicio técnico. Otros mensajes de error, en los que usted mismo puede tomar medidas para su solución, están explicados en la siguiente tabla.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
Fallo en la autocomprobación.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La cubierta del compartimento de la cubeta estaba abierta durante la autocomprobación.</li> <li>• El compartimento de la cubeta no estaba vacío durante la autocomprobación.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Repita la autocomprobación con el compartimento de la cubeta vacío y cerrado.</li> </ul>
	<ul style="list-style-type: none"> <li>• El equipo está defectuoso.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Diríjase al servicio técnico de Eppendorf.</li> </ul>
No fue posible exportar el fichero.	En la exportación de datos: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Memoria USB mal formateada o defectuosa.</li> <li>• Memoria USB extraída demasiado temprano del equipo (durante la exportación).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Formatear la memoria USB de nuevo o reemplazarla.</li> <li>▶ Volver a conectar la memoria USB y repetir la exportación.</li> </ul>
No fue posible inicializar la impresora.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Impresora no conectada o apagada.</li> <li>• Impresora mal configurada.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Conectar la impresora y encenderla.</li> <li>▶ Configurar la impresora nuevamente. Los ajustes de la impresora para una configuración correcta están especificados en la descripción de la instalación (ver <i>Conexión de la impresora al puerto USB en pág. 18</i>).</li> </ul>
Medición de blancos: la intensidad en uno de los píxeles con influencia sobre una longitud de onda principal, secundaria o de escaneo es demasiado baja.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La solución de blanco utilizada para la medición del blanco tiene una extinción demasiado alta.</li> <li>• Solución de blanco turbia o equivocada.</li> <li>• En escaneos: el rango de longitudes de onda es demasiado grande, ya que la muestra absorbe fuertemente en una parte del rango de longitudes de onda.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Comprobar la solución de blanco y medir el blanco nuevamente, dado el caso.</li> <li>▶ En escaneos: adaptar el rango de longitudes de onda al espectro de la muestra.</li> </ul>
El nombre introducido no es válido.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Error en la entrada de nombres. Diversas causas son posibles. Para determinar la causa concreta, prestar atención a la información en el cuadro de ayuda.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Véase la información en el cuadro de ayuda.</li> </ul>

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
Ya existe un método (o una carpeta, tinción, proteína, ácido nucleico, unidad) con este nombre.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• El nombre con el cual se quiere almacenar el método ya ha sido utilizado para otro método en la misma carpeta.</li> <li>• Este mensaje también aparece cuando se editan nombres que ya han sido otorgados a una carpeta o (bajo <b>General Method Parameter</b>) a un ácido nucleico (colorante, proteína, unidad de concentración).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Modificar el nombre.</li> </ul>
Los siguientes valores de parámetro no están definidos en <b>General Method Parameter</b> :	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Al abrir un método, cuyo parámetro recurre a <b>General Method Parameter</b>, se ha constatado que por lo menos un parámetro (colorante, ácido nucleico, proteína, unidad) ya no existe allí, es decir, que probablemente ha sido borrado.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Seleccione otro parámetro de la lista existente. Si es necesario, programe una nueva entrada en la lista en <b>General Method Parameter</b> para poder recurrir a ella al programar un nuevo método.</li> </ul>
El valor del parámetro marcado con * no está definido en los Gen. Meth. Param. Por favor, corrija el parámetro.	<p>Este mensaje de error aparece al editar parámetros de método.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• El parámetro no está definido en <b>General Method Parameter</b>.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Seleccione otro parámetro de la lista existente. Si es necesario, programe una nueva entrada en la lista en <b>General Method Parameter</b> para poder recurrir a ella al programar un nuevo método.</li> </ul>
Intervalo de zoom inválido.	<p>En el proceso de zoom con entrada libre de límites (tecla programable [Free]):</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Los valores han caído por debajo de los límites inferiores del intervalo de zoom.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Introduzca los valores de tal forma que el intervalo no caiga por debajo de los límites del rango de 0,02 A y 10 nm.</li> </ul>
Las concentraciones de solución patrón introducidas no ascienden y/o descienden monótonamente. Por favor, corregir las concentraciones de solución patrón.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Véase el texto de error.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Introducir las concentraciones de solución patrón de tal forma que la primera solución patrón obtenga la concentración más baja y las siguientes concentraciones de solución patrón formen una secuencia ascendente.</li> </ul>
Por lo menos dos concentraciones de solución patrón son idénticas. Por favor, corregir las concentraciones de solución patrón.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Véase el texto de error.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Introducir las concentraciones de solución patrón de tal forma que la primera solución patrón obtenga la concentración más baja y las siguientes concentraciones de solución patrón formen una secuencia ascendente.</li> </ul>

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
¡Los valores de medición no son estrictamente monótonos!	<ul style="list-style-type: none"> <li>Error en la medición de una serie de soluciones patrón: los valores de extinción medidos de la serie no ascienden o descienden continuamente.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Repita las mediciones de solución patrón o borre el resultado de solución patrón medido erróneamente.</li> </ul>
No es posible introducir el ID.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Fallo en la introducción del ID de la muestra. Diversas causas son posibles. Para determinar la causa concreta, prestar atención a la información en el cuadro de ayuda.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Véase la información en el cuadro de ayuda.</li> </ul>
No es posible indicar la dilución.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Fallo en la introducción de la dilución. Diversas causas son posibles. Para determinar la causa concreta, prestar atención a la información en el cuadro de ayuda.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Véase la información en el cuadro de ayuda.</li> </ul>
El cálculo no es posible, ya que se está dividiendo entre cero. El resultado de la extinción o el parámetro Formula "b" es cero.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En la evaluación de un método del tipo <b>División</b> (grupo de métodos <b>Longitud de onda dual</b>) se tuvo que dividir entre un resultado de extinción con valor "cero". Esto no es permisible matemáticamente.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Compruebe los reactivos y muestras utilizados y repita la medición.</li> <li>No introduzca "cero" como valor para el parámetro Formula <b>b</b>.</li> </ul>
Sólo se puede realizar una medición más en esta serie de mediciones. Se ha alcanzado el máximo número de mediciones en una serie de mediciones.	<ul style="list-style-type: none"> <li>El número de mediciones en una serie de mediciones está limitado a 99.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Después de 99 mediciones se tiene que iniciar una nueva serie de mediciones.</li> </ul>
¡Intervalo de zoom no válido!	<p>Fallo en el paso de método <b>process results</b> en el modo zoom.</p> <p>Rango de zoom permisible para la escala de longitudes de onda:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Intervalo de longitud de onda por lo menos 10 nm</li> <li>Entradas de longitudes de onda sólo dentro del rango programado en los parámetros para el método.</li> </ul> <p>Rango de zoom permisible para la escala de extinción:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Intervalo de extinción por lo menos 0,02 A</li> <li>Límite superior e inferior para el intervalo de extinción +3 A y/o -3 A</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Observe los límites mencionados durante la aplicación del zoom.</li> </ul>

### 9.3 Identificaciones de resultados

Las advertencias y mensajes de error referentes a los resultados aparecen en el cuadro de ayuda en la parte inferior derecha del indicador. En caso de advertencias, el fondo del encabezamiento del cuadro de ayuda es de color amarillo, y en caso de mensajes de error es rojo.

Advertencias: decida usted bajo consideración de la advertencia indicada si el resultado le sirve de algo.

Mensajes de error: no se muestra ningún resultado; el motivo es indicado en el mensaje de error.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
La curva estándar no es monótona. Por favor, seleccionar otro Curve Fit.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En la evaluación de una curva de solución patrón con los métodos <b>Curve Fit</b> "spline interpolation", "quadratical regression" o "cubical regression" no se obtuvo ningún resultado aprovechable.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Seleccionar otro método <b>Curve Fit</b>.</li> </ul>
Algunos valores de extinción en longitudes de onda secundarias son demasiado altos y no son indicados.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En por lo menos una longitud de onda secundaria la extinción se encontraba por encima del campo de medida.</li> <li>Las longitudes de onda secundarias no se utilizan para el cálculo del resultado de concentración, sino para otros fines. Por ejemplo el método <b>dsDNA</b>: extinción a 280 nm para el cálculo de <b>Ratio 260/280</b>.</li> <li>Turbiedades en la solución de medición</li> <li>Mediciones en los límites del campo de medida fotométrico.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Cuando los valores de extinción de las longitudes de onda secundarias son relevantes: diluir la muestra y/o eliminar la turbiedad por medio de centrifugación y repetir la medición.</li> </ul>
El resultado se encuentra fuera del rango de las concentraciones de solución patrón.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En métodos con evaluación vía curvas de solución patrón (métodos de evaluación no lineales): el resultado de la muestra se encuentra fuera del rango de las concentraciones de solución patrón por un valor de hasta 5 %.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Aceptar el resultado de medición o medir la muestra nuevamente bajo condiciones en las que el resultado se encuentre dentro del rango de las concentraciones de solución patrón (diluir la muestra o modificar las concentraciones de solución patrón y volver a medir).</li> </ul>
El coeficiente de determinación es < 0,8.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En métodos con evaluación de series de solución patrón vía métodos de regresión: el coeficiente de determinación para la evaluación de regresión indica que hay una desviación considerable de los puntos de medición de la recta de regresión.</li> <li>Turbiedades en la solución de medición.</li> <li>Mediciones en los límites del campo de medida fotométrico.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Aceptar el resultado de la evaluación de solución patrón o medir las soluciones patrón nuevamente.</li> <li>Prestar atención de que las soluciones de medición sean claras.</li> </ul>

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
El coeficiente de determinación para la evaluación de regresión de la serie de solución patrón es < 0,8.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En métodos con evaluación de series de solución patrón vía métodos de regresión: la advertencia aparece después de mediciones de muestras, cuando la evaluación de regresión de la serie de solución patrón no fue lineal, pero el usuario acepta la evaluación de la solución patrón.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Utilizar los resultados de las muestras con la reserva mencionada o medir la serie de solución patrón y las muestras nuevamente.</li> </ul>
Escaneo: algunas extinciones medidas son demasiado altas y no son indicadas.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En por lo menos una longitud de onda del escaneo la extinción se encontraba por encima del campo de medida.</li> <li>Turbiedades en la solución de medición.</li> <li>Mediciones en los límites del campo de medida fotométrico.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Cuando los campos no indicados del escaneo son relevantes: diluir la muestra y/o eliminar la turbiedad por medio de centrifugación y repetir la medición.</li> </ul>
La extinción en la long. de onda de medición es demasiado alta.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Turbiedades en la solución de medición.</li> <li>Las superficies ópticas de la cubeta están sucias.</li> <li>Cubeta introducida al revés en el compartimento de la cubeta.</li> <li>La extinción de la solución de medición es demasiado elevada.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Medir nuevamente bajo consideración de las posibles causas.</li> </ul>
El resultado calculado es negativo.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Solución de medición mal preparada.</li> <li>Factor introducido erróneamente (signo equivocado).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Medir nuevamente bajo consideración de las posibles causas.</li> </ul>
Por lo menos uno de los resultados es negativo.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En métodos con varios resultados (p. ej., <b>Dye labels</b>).</li> <li>Solución de medición mal preparada.</li> <li>Factor introducido erróneamente (signo equivocado).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Medir nuevamente bajo consideración de las posibles causas.</li> </ul>
El resultado tiene más de 6 posiciones predecimales.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Concentración de muestra muy elevada.</li> <li>La unidad de concentración no coincide con el rango esperado de la concentración de la muestra.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Diluir la muestra y medir nuevamente.</li> <li>Modificar la unidad de concentración (parámetro <b>Unit</b>) y medir nuevamente.</li> </ul>
El resultado se encuentra por más de 5 % fuera del rango de las concentraciones de solución patrón.	<ul style="list-style-type: none"> <li>En métodos con evaluación vía curvas de solución patrón (método de evaluación no lineal): El resultado de la muestra se encuentra por más de 5 % fuera del rango de las concentraciones de solución patrón.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Medir la muestra nuevamente bajo condiciones en las que el resultado se encuentre dentro del rango de las concentraciones de solución patrón (diluir la muestra, modificar las concentraciones de solución patrón y volver a medir).</li> </ul>

## Solución de problemas

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
<ul style="list-style-type: none"> <li>• El cálculo no es posible, ya que se está dividiendo entre cero. El valor de extinción es cero.</li> <li>• Error en el cálculo. División entre cero.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• En la evaluación se tuvo que dividir entre un resultado de extinción con el valor "cero". Esto no es permisible matemáticamente. Ejemplos: cálculo de un factor en la calibración de punto final; cálculo de una relación 260/280 en mediciones de ácidos nucleicos.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Compruebe los reactivos y muestras utilizados y repita la medición.</li> </ul>
<p>El cálculo no es posible, ya que se está dividiendo entre cero. El resultado de la extinción o el parámetro Formula <b>b</b> es cero.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• En la evaluación de un método del tipo <b>División</b> (grupo de métodos <b>Longitud de onda dual</b>) se tuvo que dividir entre un resultado de extinción con valor "cero". Esto no es permisible matemáticamente.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Compruebe los reactivos y muestras utilizados y repita la medición.</li> <li>▶ No introduzca "cero" como valor para el parámetro Formula <b>b</b>.</li> </ul>

## 10 Transporte, almacenaje y eliminación

### 10.1 Transporte

- ▶ Utilice el embalaje original para el transporte.

	Temperatura del aire	Humedad relativa	Presión atmosférica
Transporte general	-25 °C – 60 °C	10 % – 95 %	30 kPa – 106 kPa
Transporte aéreo	-40 °C – 55 °C	10 % – 95 %	30 kPa – 106 kPa

### 10.2 Almacenamiento

	Temperatura del aire	Humedad relativa	Presión atmosférica
En embalaje de transporte	-25 °C – 55 °C	25 % – 75 %	70 kPa – 106 kPa
Sin embalaje de transporte	-5 °C – 45 °C	25 % – 75 %	70 kPa – 106 kPa

### 10.3 Eliminación

Si debe eliminar el producto, debe tener en cuenta las normativas relevantes.

#### **Información sobre la eliminación de dispositivos eléctricos y electrónicos en la Comunidad Europea:**

Dentro de la Comunidad Europea, la eliminación de dispositivos eléctricos está regulada por normativas nacionales basadas en la directiva de la UE 2012/19/UE sobre equipos eléctricos y electrónicos (RAEE).

De acuerdo con estas normativas, los dispositivos suministrados después del 13 de agosto de 2005 en el ámbito "business-to-business", al que pertenece este producto, no pueden eliminarse como desechos municipales ni domésticos. Para documentarlos, los dispositivos han sido marcados con la identificación siguiente:



Como las normativas de eliminación pueden variar de un país a otro dentro de la UE, póngase en contacto con su distribuidor, en caso necesario.

## 11 Datos técnicos

### 11.1 Suministro de corriente

Suministro de tensión	100 V a 240 V $\pm$ 10 %, 50 Hz a 60 Hz
Categoría de sobretensión	II
Grado de ensuciamiento	2
Consumo de potencia	Máxima potencia posible según la placa indicadora de tipo: 25 W aprox. 15 W durante el manejo aprox. 5 W con pantalla atenuada
Corte de electricidad admisible	aprox. 10 ms a 90 V aprox. 20 ms a 230 V
Clase de protección	I
Fusibles	T 2,5 A/250 V, 5 mm x 20 mm (2 unidades)

### 11.2 Condiciones del entorno

Funcionamiento	Temperatura ambiente: 15 °C a 35 °C Humedad relativa: 25 % a 70 % Presión atmosférica: 86 kPa a 106 kPa
Presión atmosférica	Utilización hasta una altura de 2.000 m sobre el nivel del mar

Proteger contra la luz solar directa.

### 11.3 Peso/dimensiones

Peso	5 kg
Dimensiones	Ancho: 295 mm Profundidad: 400 mm Altura: 150 mm
Espacio requerido	Ancho: 500 mm (con impresora térmica: 750 mm) Profundidad: 500 mm

**Datos técnicos**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

**11.4 Propiedades fotométricas**

Principio de medición	Espectrofotómetro de absorción de un solo haz con haz de referencia
Fuente de luz	Lámpara de destello de xenón
Descomposición espectral	Rejilla cóncava holográfica con corrección de aberraciones
Receptor de radiación	Matriz de fotodiodos CMOS
Longitudes de onda	200 nm a 830 nm
Selección de la longitud de onda	En función del método, libremente seleccionable
Ancho de banda espectral	$\leq 4$ nm
Ancho de paso más pequeño	1 nm
Error de medición sistemático de la longitud de onda	$\pm 1$ nm
Error de medición aleatorio de la longitud de onda	$\leq 0,5$ nm
Rango de medición fotométrico	0 A a 3,0 A con 260 nm
Exactitud de lectura	$\Delta A = 0,001$
Error de medición aleatorio del fotómetro	$\leq 0,002$ con $A = 0$ $\leq 0,005$ (0,5 %) con $A = 1$
Error de medición sistemático del fotómetro	$\pm 1$ % con $A = 1$
Porcentaje de destellos parásitos	$< 0,05$ %

## 11.5 Otros parámetros técnicos

Material de las cubetas	Para mediciones en el rango UV: Vidrio de sílice o plástico transparente a la luz UV (UVette de Eppendorf, 220 nm a 1600 nm) Para mediciones en el rango visible: Vidrio o plástico
Compartimento de la cubeta	12,5 mm × 12,5 mm, no calefactado
Altura total de las cubetas	Mín. 36 mm
Altura del haz de luz en la cubeta	8,5 mm
Teclado	22 teclas de membrana 6 teclas de membrana como teclas programables
Emisión de resultados	Extinción, transmisión, concentración, escaneo (espectro de longitudes de onda de extinción) Otros datos adicionales dependientes del método (ratio, FOI, extinciones de fondo)
Display	Pantalla TFT de 5,7", VGA
Idiomas de la guía del operador	Inglés, francés, español, italiano, alemán, japonés
Interfaces	USB Master: Para memoria USB y impresora térmica DPU-S445 USB Slave: Para conexión a un PC Interfaz serial RS 232: Para impresora térmica DPU-414 Interfaz de Ethernet RJ45: Para conexión a una red Los equipos conectados tienen que cumplir los requisitos de seguridad según la norma IEC 60950-1.

## 11.6 Parámetros de aplicación

Métodos	<p>Métodos preprogramados y libremente programables para todos los procedimientos de medición y evaluación:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mediciones de extinción en una o varias longitudes de onda, escaneos</li> <li>• Medición de transmisión en una longitud de onda</li> <li>• Ácidos nucleicos y proteínas, OD600, métodos de tinción (medición paralela de biomolécula y marca de colorante)</li> <li>• Métodos con evaluación vía factor, solución patrón y serie estándar</li> <li>• Método de dos longitudes de onda con evaluación por sustracción y división</li> </ul>
Evaluación en función del método	<p>Extinción, concentración vía factor y solución patrón. Concentración vía serie estándar:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Regresión lineal</li> <li>• Regresión no lineal (polinomio de 2do y 3er grado)</li> <li>• Evaluación de Spline</li> <li>• Interpolación lineal (evaluación de punto a punto)</li> </ul> <p>Cálculos de extinción vía sustracción y división Datos adicionales para ácidos nucleicos: Ratio 260/280 y 260/230; concentración molar, ganancia total Datos adicionales para métodos de tinción: FOI (frequency of incorporation, densidad de marcaje) Escaneos: Zoom, evaluación de picos</p>
Memoria de métodos	> 100 programas de métodos
Memoria de valores de medición y memoria de calibración	<p>Memoria para &gt; 1 000 resultados con todos los datos de la evaluación del resultado y de la solución patrón, número de la muestra, nombre de la muestra, fecha y el juego de parámetros utilizado del programa de método</p> <p>(El número de los resultados almacenados depende del número de los métodos almacenados.)</p>

## 12 Método de evaluación

Este capítulo describe los métodos de evaluación disponibles en los programas de métodos, así como el cálculo de una dilución a través del software del dispositivo.



Tenga en cuenta al comparar los resultados de medición con resultados de otros fotómetros/ espectrofotómetros que los valores pueden depender del ancho de banda de los dispositivos. En los siguientes casos las diferencias pueden ser considerables:

- El espectro de extinción muestra en la longitud de onda de medición un pico estrecho.
- La medición no se realiza en el máximo, sino en el flanco de un pico.

Por ello, verifique la exactitud del método mediante medición de soluciones patrón.

### 12.1 Valores de extinción

Los valores de extinción se muestran como  $A_{XXX}$  (las XXX representan la longitud de onda). Estas indicaciones equivalen siempre a los valores directamente medidos, es decir, sin correcciones que se incorporan en la posterior evaluación como, p.ej., correcciones para espesores de capa ópticos de la cubeta o correcciones de fondo.

#### 12.1.1 Valor de blanco

Todos los valores de extinción se refieren siempre al blanco medido la última vez. Por ello, una medición del blanco es obligatoria al comienzo de cada serie de mediciones y también es posible en cualquier momento durante una serie de mediciones. En el caso ideal, la medición del blanco debería poder compensar todas las posibilidades de influencia sobre el valor de extinción de la solución de medición. Por ello, el blanco se debería medir con la misma solución tampón utilizada para la medición de la muestra, así como en la misma cubeta como el valor de la muestra, a menos que las cubetas utilizadas para la medición del blanco y de la muestra hayan sido sintonizadas ópticamente, es decir, tengan el mismo valor de extinción en la longitud de onda de medición.

#### 12.1.2 Corrección de fondo

Aplicación principal: corrección parcial de falsificaciones de la extinción en mediciones de ácidos nucleicos debido a turbiedades en la solución de medición. Por ejemplo, la extinción a 320 nm, la cual debería encontrarse aprox. en 0 A en ácidos nucleicos puros, es restada de la extinción a 260 nm, que es la longitud de onda de medición para ácidos nucleicos.

$$A_{XXX,corrBkgr} = A_{XXX} - A_{Bkgr}$$

$A_{XXX, korrBkgr}$  = extinción corregida aritméticamente en la longitud de onda XXX nm.

$A_{XXX}$  = extinción medida en la longitud de onda XXX nm.

$A_{Bkgr}$  = extinción medida en la longitud de onda de fondo.

**Método de evaluación**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

**12.1.3 Corrección de cubeta**

Todos los valores de extinción que se incorporan en los cálculos de resultados, están normalizados a un espesor de capa de la cubeta de 10 mm. Si se utiliza una cubeta con otro espesor de capa, este espesor de capa se tiene que definir en el parámetro **Cuvette**. En este caso, las extinciones medidas son corregidas a resultados de medición con una cubeta con un espesor de capa de 10 mm antes de la conversión a resultados de muestras.

**Esta corrección se aplica a:**

- Métodos con evaluación vía factor.
- Métodos del grupo **Absorbance**, en donde solamente se emiten valores de extinción.

**La corrección no se aplica a:**

- Métodos con evaluación vía soluciones patrón, ya que esto presupone que las soluciones patrón y las muestras son medidas en cubetas con el mismo espesor de capa.
- Cálculos con división: método **Division** (grupo de métodos **Dual wavelength**), así como cálculo de ratios como  $A_{260}/A_{280}$  (en mediciones de ácidos nucleicos).

$$A_{XXX,corrCuv} = A_{XXX} \times \frac{10}{Cuv}$$

$A_{XXX, korrCuv}$  = extinción corregida aritméticamente en la longitud de onda XXX nm.

$A_{XXX}$  = extinción medida en la longitud de onda XXX nm.

$Cuv$  = espesor de capa de la cubeta.

**12.2 Transmisión**

En el grupo de métodos **Absorbance** se puede determinar también la transmisión porcentual (T%) junto con la absorbancia.

$$T [\%] = 10^{-A} \times 100$$

A = Absorbancia

T = Transmisión

### 12.3 Evaluación con factor o con solución patrón

$$C = A \times F$$

$C$  = concentración calculada.

$A$  = extinción.

$F$  = factor.

El factor está programado en la lista de parámetros y se puede modificar. Se refiere siempre al grosor de la cubeta de 10 mm. Si modifica el parámetro **Cuvette**, esta modificación será considerada por el equipo al calcular el resultado. No tiene que modificar el factor para la evaluación.

Si modifica la unidad de la concentración, sin embargo, tiene que prestar atención a que el factor esté adaptado a la unidad seleccionada.

El factor o bien es introducido directamente como parámetro en el método de evaluación "Factor" o bien es calculado en el método de evaluación "Solución patrón" (evaluación con una concentración patrón):

$$F = \frac{C_S}{A_S}$$

$F$  = factor calculado.

$C_S$  = concentración de la solución patrón (introducida como parámetro).

$A_S$  = extinción medida de la solución patrón.

Si se programó medición múltiple (2 ó 3 réplicas) para la solución patrón, se forma el promedio de las extinciones medidas de las réplicas y se utiliza como  $A_S$ .

## 12.4 Evaluación con curva/línea recta de solución patrón

Si se realiza la evaluación con más de una solución patrón, es posible seleccionar con [Curve fit] en el paso de método **measure standards/new** los siguientes métodos de evaluación para la curva/línea recta de solución patrón:

Método de evaluación	Descripción	Mínimo número de puntos estándar requerido
linear interpolation	Conexión lineal de punto a punto en el gráfico de concentración y extinción de la evaluación de solución patrón.	Mínimo 2 soluciones patrón.
linear regression	Regresión polinomial para polinomio de primer grado.	Mínimo 3 soluciones patrón.
quadratical regression	Regresión polinomial para polinomio de segundo grado.	Mínimo 4 soluciones patrón.
cubical regression	Regresión polinomial para polinomio de tercer grado.	Mínimo 5 soluciones patrón.
spline interpolation	Interpolación mediante splines cúbicos naturales.	Mínimo 3 soluciones patrón.

Para métodos de regresión se puede seleccionar además que la línea recta de regresión (curva de regresión) pase por el punto cero.



- Utilice para líneas rectas de calibración el método "linear regression".
- Pruebe en trayectos en curva qué método de evaluación (regresión cuadrática, regresión cúbica, interpolación spline) resulta ser la función mejor adecuada para la evaluación de solución patrón. La interpolación spline une los puntos de medición por medio de polinomios cúbicos, mientras que los métodos de regresión colocan una función cuadrática y/o cúbica de tal modo entre los puntos de medición que para los puntos de medición resulten unas desviaciones relativamente pequeñas de la función.
- En los métodos de regresión también se muestra el coeficiente de determinación (coefficient of determination) como medida para la dispersión de los puntos de medición en torno a la función calculada, aparte de la ecuación de regresión calculada. Con un valor de  $< 0,8$  para el coeficiente de determinación, el resultado estará provisto de una advertencia.
- Si la primera solución patrón tiene la concentración "0", seleccione el ajuste para que la línea recta de regresión (curva de regresión) pase por el punto cero.
- En caso de que ninguno de los métodos recomendados para trayectos en curva produzca resultados satisfactorios, seleccione el método "linear interpolation".

## 12.5 Dilución

Las diluciones introducidas en el paso de método **measure samples** son tomadas en consideración en el cálculo del resultado:

$$C_{Dil,korr} = C \times \frac{V_P + V_{Dil}}{V_P}$$

$C_{Dil,korr}$  = resultado convertido con el factor de dilución

$V_P$  = volumen de la muestra en la solución de medición

$V_{Dil}$  = volumen del diluyente en la solución de medición

## 12.6 Procedimientos de evaluación especiales para ácidos nucleicos y proteína UV

Este apartado se ocupa de la evaluación de ácidos nucleicos y/o proteínas en los grupos de métodos **Nucleic acids** y **Proteins direct UV**, así como de componentes biomoleculares correspondientes del grupo de métodos **Dye labels**.

### 12.6.1 Corrección $A_{260}$ y corrección $A_{280}$

Aplicación: corrección de la influencia de la absorbancia de colorante sobre la absorbancia de ácidos nucleicos y/o proteínas a 260 y 280 nm en los métodos del grupo **Dye labels**.

La aplicación del procedimiento de evaluación se puede activar en los parámetros **Correct A260** y/o **Correct A280**.

$$A_{XXX,corr} = A_{XXX} - CF \times A_{YYY}$$

$A_{XXX,corr}$  = absorbancia corregida aritméticamente en la longitud de onda 260 nm y/o 280 nm

$A_{XXX}$  = absorbancia medida en la longitud de onda 260 nm y/o 280 nm

$CF$  = factor de corrección para la longitud de onda 260 nm y/o 280 nm (los dos factores de corrección para 260 nm y para 280 nm son específicos para un colorante y se programan en **General Method Parameter: Dyes** en el rango **Funciones (Functions)**).

$A_{YYY}$  = absorbancia medida en la longitud de onda del colorante.



Los valores de absorbancia mostrados en los indicadores de resultados son los valores de absorbancia directamente medidos y no corregidos.

**Método de evaluación**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Español (ES)

**12.6.2 Ratio A260/A280 y ratio A260/A230**

Aplicación: información acerca de la pureza del ácido nucleico medido. En los parámetros de método está activada la evaluación del ratio **A260/A280** y **A260/A230**.

"Ratio" denomina el cociente de las extinciones medidas en las longitudes de onda mencionadas.

Valores de bibliografía para los valores "ratio" en ácidos nucleicos puros:

**A260/A280**

- ADN: De 1,8 a 1,9
  - ARN: De 1,9 a 2,0
- (Current Protocols in Molecular Biology, 1994)

**A260/A230**

Para la ratio A260/A230 se encuentran diferentes indicaciones en la bibliografía respecto a ácidos nucleicos puros:

- ADN: De 2,3 a 2,5
- (The Nucleic Acids, 1955)
- ADN: 1,9
- (Current Protocols in Molecular Biology, 1994)

Los valores dependen fuertemente del valor del pH. Por ello, los ácidos nucleicos no se deberían medir en agua, sino en una solución tampón con un valor pH de 7 a 7,2 (p.ej., solución tampón TE).

**12.6.3 Conversión en concentraciones molares y cantidades de ácidos nucleicos**

La conversión solamente se puede aplicar para ácidos nucleicos y métodos de tinción con ácidos nucleicos como componente biomolecular. La conversión se efectúa en el paso de método **process results/More calculations**.

**12.6.3.1 Cálculo de la cantidad**

Aplicación: cálculo de la cantidad (masa) de ácido nucleico en todo el volumen de la muestra.

$$M = C \times V_{P,gesamt}$$

$M$  = cantidad total calculada (masa) del ácido nucleico en el recipiente de la muestra. Unidad:  $\mu\text{g}$ .

$C$  = concentración del ácido nucleico calculada a partir de la medición. Unidad:  $\mu\text{g/mL}$  o  $\text{ng}/\mu\text{L}$ .

$V_{P,gesamt}$  = volumen total de la muestra en el recipiente de la muestra. Introduzca este valor en **More calculations**. Unidad:  $\mu\text{L}$ .

### 12.6.3.2 Cálculo de la concentración molar

Aplicación: cálculo de la concentración molar del ácido nucleico a partir de la concentración en masa y la masa molar relativa. La masa molar o bien se introduce directamente o bien es calculada por el equipo a partir del número de bases y/o pares de bases por molécula de ácido nucleico introducido.

$$C_{Mol} = \frac{C \times 10^3}{MM}$$

$C_{Mol}$  = concentración molar calculada del ácido nucleico. Unidad: pmol/mL.

$C$  = concentración en masa del ácido nucleico calculada a partir de la medición. Unidad: µg/mL o ng/µL.

$MM$  = masa molar relativa. Unidad: kDa

En caso de que en **More calculations** se introdujo el número de bases y/o pares de bases por molécula de ácido nucleico en lugar de la masa molar relativa, la  $MM$  se calculará a partir del número de bases y/o pares de bases:

Para **dsDNA**:

$$MM = bp \times 2 \times 330 \times 10^{-3}$$

Para **ssDNA, RNA, Oligo**:

$$MM = b \times 330 \times 10^{-3}$$

$MM$  = masa molar relativa calculada; unidad: kDa

$bp$  = número introducido de los pares de bases por molécula

$b$  = número introducido de las bases por molécula



- Para **dsDNA** se supone que se trata de un ácido nucleico bicatenario al calcular la concentración molar. Para los métodos **ssDNA, RNA y Oligo** se supone que se trata de un ácido nucleico monocatenario.
- Para métodos que fueron programados en el grupo principal **Routine**, grupo de métodos **Nucleic acids**, mediante **<New Method>**, siempre se parte de ácidos nucleicos bicatenarios para el cálculo de la concentración molar.

### 12.6.4 Cálculo del factor para proteína en "General Method Parameter"

Este apartado solamente vale para el cálculo del componente de proteína en los grupos de métodos **Dye labels** y **Proteins direct UV**. En estos grupos de métodos se selecciona el componente de proteína en los parámetros (ver *Parámetros de los métodos en pág. 35*). Al componente de proteína le está asignado un factor que se introduce en la función **General Method Parameter/Proteins** para cada proteína. Alternativamente al factor también se puede introducir o bien  $A_{0.1\%}$  o bien el coeficiente de absorbancia más la masa molar de la proteína. En este caso, el factor se calcula del siguiente modo:

$$F_P = \frac{1}{A_{0.1\%}}$$

$F$  = factor para la proteína; unidad: g/L.

$A_{0.1\%}$  = absorbancia de la proteína a una concentración de 0,1 % (1 g/L).

Al entrar el coeficiente de absorbancia molar y la masa molar relativa de la proteína, es posible calcular  $A_{0.1\%}$  a partir de allí:

$$A_{0.1\%} = \frac{\varepsilon_P}{MM_P}$$

$\varepsilon_P$  = coeficiente de absorbancia molar de la proteína; unidad:  $\text{cm}^{-1}\text{M}^{-1}$ .

$MM_P$  = masa molar relativa de la proteína; unidad: Da (introducción en **General Method Parameter** en kDa).

## 12.7 Procedimientos de evaluación especiales para los métodos de tinción

### 12.7.1 Cálculo del factor para el colorante a partir del coeficiente de extinción

En los métodos de tinción se calcula la concentración del colorante con un factor de la extinción medida (ver *Evaluación con factor o con solución patrón en pág. 93*). El factor se introduce en la función **General Method Parameter/Dyes** para cada colorante. Alternativamente a la entrada del factor también se puede introducir el coeficiente de extinción. En este caso se calcula el factor de la siguiente manera:

$$F_{Dye} = \frac{10^6}{\varepsilon_{Dye}}$$

$F$  = factor para el colorante; unidad:  $\text{pmol}/\mu\text{L}$ .

$\varepsilon$  = coeficiente de extinción para el colorante; unidad:  $\text{cm}^{-1}\text{Mol}^{-1}\text{L}$ .

### 12.7.2 Cálculo de la FOI

Como valor para la relación entre moléculas de colorante y cantidad de nucleótidos en el ácido nucleico se calcula e indica la frecuencia de incorporación (FOI) en los métodos de tinción. El cálculo se puede seleccionar para dos diferentes unidades de resultado:

**Unidad MOLÉCULAS dye/kb**

$$FOI = \frac{A_{YYY}}{\epsilon_{Dye}} \times \frac{10^6 \times MM_{nt}}{A_{XXX} \times F_{NA}}$$

**Unidad pmol/μg ADN (y/o ARN)**

$$FOI = \frac{A_{YYY}}{\epsilon_{Dye}} \times \frac{10^9}{A_{XXX} \times F_{NA}}$$

$A_{YYY}$  = extinción del colorante.

$A_{XXX}$  = extinción del ácido nucleico.

$MM_{nt}$  = masa molar media de los nucleótidos: 330 g/mol.

$F_{NA}$  = factor para el cálculo del ácido nucleico.

$\epsilon_{Dye}$  = coeficiente de extinción para el colorante; unidad:  $\text{cm}^{-1}\text{M}^{-1}$ .

### 12.7.3 Conversión a cantidades de colorante

El cálculo de la cantidad (masa) de colorante en todo el volumen de la muestra se realiza en el paso de método **process results/More calculations**.

$$M = C \times V_{P, total}$$

$M$  = cantidad total calculada (masa) del colorante en el tubo de muestra. Unidad: pmol.

$C$  = concentración del colorante calculada a partir de la medición. Unidad: pmol/μL.

$V_{P, total}$  = volumen total de la muestra en el tubo de muestra; es introducido por el usuario en **More calculations**. Unidad: μL.

## 12.8 Dual wavelength

Para métodos del grupo **Dual Wavelength** se pueden compensar las extinciones que se midieron en dos longitudes de onda antes de que la extinción calculada sea incorporada en la siguiente evaluación con factor o solución patrón.

Para determinar la extinción calculada, es posible definir una evaluación mediante división o mediante sustracción en los parámetros:

$$A_{calc} = \frac{a \times A_1}{b \times A_2} \times c + d$$

$$A_{calc} = [(a \times A_1) - (b \times A_2)] \times c + d$$

$A_1, A_2$  = extinciones medidas.

$a, b, c, d$  = factores que se introducen en los parámetros. También se pueden introducir números negativos.

### 13 Información para pedidos

Nº de pedido (Internacional)	Nº de pedido (Norteamérica)	Descripción
6135 000.009 6135 000.017	– 6135000017	<b>Eppendorf BioSpectrometer basic</b> 230 V/50 – 60 Hz, conector de la red de distribución Europa 120 V/50 – 60 Hz, conector de la red de distribución América
6135 928.001	6135928001	<b>Juego de filtros de referencia BioSpectrometer</b> juego de filtros para verificar la exactitud fotométrica y el error sistemático de longitudes de onda (según NIST)
6138 000.018	6138000018	<b>Eppendorf µCuvette G1.0</b> Microcubeta Eppendorf para Eppendorf BioPhotometer y BioSpectrometer
6135 011.000 6135 010.004 6135 012.007	6135010004	<b>Thermal Printer DPU-S445</b> Incluye fuente de alimentación y cable de impresora 230 V, EU 115 V/110V, USA, JP 230 V, UK
0013 021.566	952010409	<b>Thermo paper</b> 5 rolls
0030 106.300	952010051	<b>Eppendorf UVette 220 nm – 1 600 nm</b> Original Eppendorf plastic cuvette, PCR clean, Protein-free 50 - 2 000 µL, 80 pieces, individually packaged
0030 106.318	952010069	<b>Eppendorf UVette routine pack 220 nm – 1 600 nm</b> Eppendorf Quality 50 - 2 000 µL, 200 pieces, reclosable box
0030 079.345	0030079345	<b>Eppendorf macro Vis Cuvettes</b> 10 × 100 pieces
0030 079.353	0030079353	<b>Eppendorf semi-micro Vis Cuvettes</b> 10 × 100 pieces
0030 119.851	0030119851	<b>Eppendorf Cuvette Rack</b> 36 locations, for glass and plastic cuvettes, numbered locations 2 pieces, polypropylene, autoclavable



# Declaration of Conformity

The product named below fulfills the requirements of directives and standards listed. In the case of unauthorized modifications to the product or an unintended use this declaration becomes invalid.

**Product name:**

Eppendorf BioSpectrometer® basic

**Product type:**

Photometer

**Relevant directives / standards:**

2014/35/EU: EN 61010-1

UL 61010-1, CAN/CSA C22.2 No. 61010-1

2014/30/EU: EN 55011, EN 61326-1

2011/65/EU: EN 50581

**Date:** December 28, 2015



Management Board



Portfolio Management

**Your local distributor:** [www.eppendorf.com/contact](http://www.eppendorf.com/contact)  
Eppendorf AG · 22331 Hamburg · Germany  
[eppendorf@eppendorf.com](mailto:eppendorf@eppendorf.com)

Eppendorf® and the Eppendorf logo are registered trademarks of Eppendorf AG, Germany.  
U.S. Design Patents are listed on [www.eppendorf.com/ip](http://www.eppendorf.com/ip).  
All rights reserved, incl. graphics and pictures. Copyright 2015 © by Eppendorf AG.

[www.eppendorf.com](http://www.eppendorf.com)

ISO 9001  
Certified

ISO  
13485  
Certified

ISO  
14001  
Certified





# Evaluate Your Manual

Give us your feedback.  
[www.eppendorf.com/manualfeedback](http://www.eppendorf.com/manualfeedback)