

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



# Eppendorf BioSpectrometer® basic

Manuel d'utilisation

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*.

## Sommaire

<b>1</b>	<b>Notes d'application</b> .....	<b>7</b>
1.1	Utilisation de ce manuel .....	7
1.2	Symboles de danger et niveaux de danger .....	7
1.2.1	Symboles de danger .....	7
1.2.2	Niveaux de danger .....	7
1.3	Convention de représentation .....	8
1.4	Abréviations .....	9
<b>2</b>	<b>Consignes générales de sécurité</b> .....	<b>11</b>
2.1	Utilisation appropriée .....	11
2.2	Exigences s'appliquant à l'utilisateur .....	11
2.3	Dangers lors d'une utilisation appropriée .....	11
2.3.1	Dommages physiques .....	11
2.3.2	Dommages matériels .....	13
2.4	Remarques sur la responsabilité relative au produit .....	14
2.5	Consignes de sécurité sur l'appareil .....	14
<b>3</b>	<b>Désignation</b> .....	<b>15</b>
3.1	Aperçu des produits .....	15
3.2	Pièces incluses dans la livraison .....	15
3.3	Caractéristiques du produit .....	16
3.3.1	Méthodes .....	16
3.3.2	Commande .....	16
3.3.3	Publication du résultat .....	16
3.3.4	Auto-test de l'appareil .....	16
<b>4</b>	<b>Installation</b> .....	<b>17</b>
4.1	Préparer l'installation .....	17
4.2	Sélectionner un emplacement .....	17
4.3	Branchement de l'appareil sur le secteur .....	17
4.4	Relier l'appareil à un réseau .....	18
4.5	Raccorder l'imprimante au port USB .....	18
4.5.1	Thermo-imprimante DPU-S445 .....	18
4.6	Connexion d'un PC ou d'une clé USB pour l'exportation des données .....	19
<b>5</b>	<b>Utilisation</b> .....	<b>21</b>
5.1	Commandes .....	21
5.1.1	Saisir du texte .....	23
5.2	Mise en place de la cuve .....	24
5.3	Vue d'ensemble d'un cycle de mesure .....	25
5.3.1	Préparation de la mesure .....	25
5.3.2	Cycle de mesure .....	25
5.3.3	Remarques importantes pour les mesures .....	29

<b>6</b>	<b>Méthodes</b>	<b>31</b>
6.1	Sélection de la méthode	31
6.2	Description des méthodes utilisées en photométrie	32
6.2.1	Groupe de méthodes Absorbance	32
6.2.2	Groupe de méthodes Routine	33
6.2.3	Groupe de méthodes Basic	34
6.2.4	Groupe de méthodes Advanced	35
6.3	Paramètres des méthodes	35
6.4	Déroulement de la méthode	41
6.4.1	check parameters	42
6.4.2	measure standards	43
6.4.3	measure samples	44
6.4.4	mesurer les échantillons : Affichage des résultats	46
6.4.5	process results	51
6.4.6	résultats du processus Options	53
6.4.7	print & export	56
6.4.8	Clôturer la série de mesures	59
<b>7</b>	<b>Fonctions</b>	<b>61</b>
7.1	Fonctions du groupe principal User	61
7.1.1	Results Memory	63
7.1.2	General method parameters	64
7.1.3	Absorbance spectra library	67
7.1.4	Device settings	68
7.1.5	Device calibration	70
7.1.6	Info	70
<b>8</b>	<b>Entretien</b>	<b>71</b>
8.1	Nettoyer	71
8.1.1	Nettoyage du couvercle du puits de la cuve	72
8.2	Désinfection/Décontamination	73
8.3	Contrôle de l'appareil	73
8.3.1	Contrôle de l'unité de spectrométrie	73
8.3.2	Auto-test de l'appareil	77
8.4	Changement de fusibles	78
8.5	Décontamination avant l'expédition	78
<b>9</b>	<b>Résolution des problèmes</b>	<b>79</b>
9.1	Pannes générales	79
9.2	Messages d'erreur	81
9.3	Repérage des résultats	85
<b>10</b>	<b>Transport, stockage et mise au rebut</b>	<b>89</b>
10.1	Transport	89
10.2	Stockage	89
10.3	Mise au rebut	90

<b>11</b>	<b>Données techniques</b> .....	<b>91</b>
11.1	Alimentation électrique .....	91
11.2	Conditions ambiantes .....	91
11.3	Poids/dimensions .....	91
11.4	Propriétés photométriques .....	92
11.5	Paramètres techniques supplémentaires .....	93
11.6	Paramètres d'application .....	94
<b>12</b>	<b>Procédés d'évaluation</b> .....	<b>95</b>
12.1	Valeurs d'absorbance .....	95
12.1.1	Blanc .....	95
12.1.2	Correction d'arrière-plan .....	95
12.1.3	Correction de la cuve .....	96
12.2	Transmission .....	96
12.3	Évaluation avec facteur ou standard .....	97
12.4	Évaluation avec courbe / droite de standards .....	98
12.5	Dilution .....	99
12.6	Procédés d'évaluation spéciaux pour acides nucléiques et protéine UV .....	99
12.6.1	Correction $A_{260}$ et correction $A_{280}$ .....	99
12.6.2	Rapport $A_{260}/A_{280}$ et rapport $A_{260}/A_{230}$ .....	100
12.6.3	Conversion en concentrations molaires et quantités d'acides nucléiques .....	100
12.6.4	Calcul du facteur pour la protéine dans « General Method Parameter » .....	102
12.7	Procédures d'évaluation spéciales pour méthodes Dye .....	102
12.7.1	Calcul du facteur pour le colorant du coefficient d'extinction .....	102
12.7.2	Calcul de la FOI .....	103
12.7.3	Calcul des quantités de colorant .....	103
12.8	Dual wavelength .....	104
<b>13</b>	<b>Nomenclature de commande</b> .....	<b>105</b>
	<b>Certificats</b> .....	<b>107</b>



# 1 Notes d'application

## 1.1 Utilisation de ce manuel

- ▶ Lisez intégralement le présent manuel d'utilisation avant de procéder à la première mise en service de l'appareil. Observez également les notices d'utilisation des accessoires.
- ▶ Ce manuel d'utilisation fait partie du produit. Conservez-le bien accessible.
- ▶ Lorsque vous remettez l'appareil à un tiers, pensez toujours à joindre le manuel d'utilisation.
- ▶ La version actuelle du manuel d'utilisation est disponible dans d'autres langues sur notre site Internet [www.eppendorf.com/manuals](http://www.eppendorf.com/manuals).

## 1.2 Symboles de danger et niveaux de danger

### 1.2.1 Symboles de danger

Les consignes de sécurité de ce manuel contiennent les symboles de danger et niveaux de danger suivants :

	<b>Risque d'électrocution</b>		<b>Substances explosibles</b>
	<b>Substances toxiques</b>		<b>Zone dangereuse</b>
	<b>Dommages matériels</b>		

### 1.2.2 Niveaux de danger

<b>DANGER</b>	<i>Va entraîner des blessures graves ou la mort.</i>
<b>AVERTISSEMENT</b>	<i>Peut entraîner des blessures graves ou la mort.</i>
<b>ATTENTION</b>	<i>Peut causer des blessures de légère à moyenne gravité.</i>
<b>AVIS</b>	<i>Peut causer des dégâts matériels.</i>

**Notes d'application**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

**1.3 Convention de représentation**

Représentation	Signification
1. 2.	Actions dans l'ordre indiqué
▶	Actions sans ordre indiqué
•	Liste
 ou <b>sample</b>	Actionnez cette touche pour procéder à la manipulation décrite.
 ou [Copy]	Actionnez cette touche programmable pour procéder à la manipulation décrite.
	Informations supplémentaires

## 1.4 Abréviations

### A

Absorbance – Extinction

### DNA

Deoxyribonucleic acid – acide désoxyribonucléique (ADN)

### dsDNA

double stranded DNA – ADN à double brin

### Méthodes Dye

Méthodes du groupe **Dye labels** pour la mesure de biomolécules marquées au colorant

### FOI

Frequency of Incorporation, fréquence d'incorporation : Exprime la quantité de molécules de colorant par rapport au nombre de nucléotides dans les biomolécules marquées au colorant

### M

mol/L (*molaire*)

### OD600

Densité optique à une longueur d'onde de 600 nm

### RNA

Ribonucleic acid – Acide ribonucléique (ARN)

### ssDNA

single stranded DNA – ADN simple brin

### T

Transmission : La perméabilité à la lumière appelée transmission (Test le quotient de I (lumière sortant de la cuvette) et de I<sub>0</sub> (lumière entrant dans la cuvette) :  $T = I/I_0$ )

### UV

Rayon ultraviolet

### Vis

Visible light – lumière visible

### VK

Coefficient de variation (écart standard / valeur médiane), exprimé en pourcentage

**Notes d'application**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

## 2 Consignes générales de sécurité

### 2.1 Utilisation appropriée

Le BioSpectrometer basic est spécifié pour les laboratoires de recherche spécialisés en biologie moléculaire, biochimie et biologie cellulaire. Le BioSpectrometer basic a été conçu uniquement pour les applications réalisées à l'intérieur. Respectez les directives nationales et locales sur la sécurité des appareils électriques utilisés en laboratoire.

Le BioSpectrometer basic permet de déterminer la concentration photométrique des analytes liquides et d'enregistrer les spectres de longueurs d'onde d'absorbance des cuves.

N' utilisez que des accessoires et des pièces de rechange authentiques, recommandés par Eppendorf.

### 2.2 Exigences s'appliquant à l'utilisateur

L'appareil et les accessoires ne doivent être utilisés que par un personnel spécialisé formé.

Avant l'utilisation, lisez soigneusement le manuel d'utilisation et la notice d'utilisation des accessoires et familiarisez-vous avec le mode de fonctionnement de l'appareil.

### 2.3 Dangers lors d'une utilisation appropriée

#### 2.3.1 Dommage physique



#### **DANGER ! Risque d'électrocution causée par l'infiltration de liquide.**

- ▶ Mettez l'appareil à l'arrêt et débranchez la fiche secteur avant de commencer les travaux d'entretien et de nettoyage.
- ▶ Empêchez tout liquide de pénétrer à l'intérieur du boîtier.
- ▶ Ne nettoyez pas le boîtier avec un spray nettoyant/désinfectant.
- ▶ Branchez l'appareil au secteur seulement quand il est complètement sec à l'intérieur et à l'extérieur.



#### **DANGER ! Risque d'explosion.**

- ▶ N'utilisez pas l'appareil dans des pièces où des matières explosives sont manipulées.
- ▶ Ne travaillez pas avec cet appareil sur des matières explosives ou fortement réactives.
- ▶ Ne travaillez pas avec cet appareil sur des matières susceptibles de créer une atmosphère explosive.



**AVERTISSEMENT ! Risque d'électrocution pour cause d'appareil ou de câble secteur endommagé.**

- ▶ N'enclenchez l'appareil que si l'appareil et le câble secteur sont intacts.
- ▶ Mettez uniquement en service les appareils qui ont été installés dans les règles de l'art ou ont fait l'objet d'une maintenance.
- ▶ En cas de danger, mettez l'appareil hors tension. Débranchez la fiche secteur de l'appareil ou de la prise de courant avec terre. Utilisez le dispositif de sectionnement prévu (par ex. interrupteur d'arrêt d'urgence au sein du laboratoire).



**AVERTISSEMENT ! Dommages causés par un rayonnement UV.**

Les cuves en microlitres comme p.ex. Hellma® TrayCell (ou les cuves en microlitres de type similaire) dévient le rayonnement de la source lumineuse à l'intérieur de la cuve, de manière à ce que la source lumineuse puisse s'échapper par le haut lorsque le couvercle n'est pas fermé.

- ▶ Avant de démarrer une mesure, assurez-vous que le couvercle est bien placé sur la cuve en microlitres.



**AVERTISSEMENT ! Dangers pour la santé à cause de substances chimiques toxiques, radioactives ou agressives ainsi que de liquides infectieux et de germes pathogènes.**

- ▶ Observez les réglementations nationales relatives au maniement de ces substances, le niveau de sécurité biologique de votre laboratoire ainsi que les fiches de données de sécurité et les modes d'emploi des fabricants.
- ▶ Portez des équipements de protection individuelle.
- ▶ Consultez les réglementations sur la manipulation des germes ou des substances biologiques du groupe à risque II ou plus, indiquées dans le « Laboratory Biosafety Manual » (source : World Health Organisation, Laboratory Biosafety Manual, dans la version en vigueur).



**AVERTISSEMENT ! Risque pour la santé à cause d'appareil et d'accessoires contaminés.**

- ▶ Décontaminez l'appareil et les accessoires avant de les stocker ou de les retourner.



**ATTENTION ! Défaut de sécurité en raison d'accessoires et de pièces de rechange erronés.**

Les accessoires et pièces de rechange non recommandés par Eppendorf ont un effet négatif sur la sécurité, la fonction et la fidélité de l'appareil. Eppendorf décline toute responsabilité pour les dommages causés par des accessoires ou pièces de rechange non recommandés ou par une utilisation incorrecte.

- ▶ N'utilisez que des accessoires et des pièces de rechange recommandés par Eppendorf.

### 2.3.2 Dommages matériels

---



**AVIS ! Dommages pour cause de substances chimiques agressives.**

- ▶ Empêchez tout contact de l'appareil et des accessoires avec des produits chimiques agressifs tels que des bases faibles ou fortes, des acides faibles ou forts, l'acétone, le formaldéhyde, les hydrocarbures chlorés ou le phénol.
- ▶ Si l'appareil est contaminé par des substances chimiques agressives, nettoyez-le immédiatement avec un détergent neutre.



**AVIS ! Dommage matériel suite à l'injection de gaz avec des produits chimiques agressifs.**

- ▶ Ne désinfectez pas l'appareil par injection de gaz.



**AVIS ! Corrosion provoquée par des détergents et des désinfectants agressifs.**

- ▶ N'utilisez aucun produit d'entretien décapant ni produit de polissage abrasif ou contenant une solution aggressive.
- ▶ N'incubez pas les accessoires trop longtemps dans des détergents et des désinfectants agressifs.



**AVIS ! Dommages aux composants électroniques dus à la condensation.**

Du condensat peut se former dans l'appareil quand ce dernier a été transporté d'un environnement frais vers un environnement plus chaud.

- ▶ Après avoir déposé l'appareil, attendez au moins 3 h. Branchez l'appareil au secteur seulement après.



**AVIS ! Fonction entravée par des dommages mécaniques.**

- ▶ Après un endommagement mécanique de l'appareil, assurez-vous par le biais d'un contrôle que les fonctions de mesure et d'évaluation de l'appareil fonctionnent correctement.



**AVIS ! Dommages par surchauffe.**

- ▶ Ne placez pas l'appareil à proximité de sources de chaleur (par ex. chauffage, étuve).
- ▶ N'exposez pas l'appareil à un rayonnement solaire direct.
- ▶ Assurez-vous que l'air circule correctement. N'encombrez pas l'espace autour des grilles d'aération à une distance minimale de 5 cm.



**AVIS ! Dommages matériels suite à une application incorrecte.**

- ▶ N'utilisez le produit que pour l'utilisation appropriée décrite dans le manuel d'utilisation.
- ▶ Lors de l'utilisation de substances chimiques, veillez à une résistance suffisante des matériaux.
- ▶ En cas de doute, adressez-vous au fabricant de ce produit.



**AVIS ! Dommages causés par un emballage inadéquat.**

Eppendorf AG ne se porte pas garante d'un emballage inadéquat.

- ▶ Pour stocker et transporter l'appareil, utilisez seulement l'emballage d'origine.



**AVIS ! Dommages liés à un nettoyage incorrect du puits de cuve.**

- ▶ Nettoyez le puits de cuve uniquement avec du coton imbibé. (voir *Nettoyer à la page 71*)
- ▶ Ne laissez pénétrer aucun liquide à l'intérieur du puits de cuve.
- ▶ N'introduisez pas le doigt à l'intérieur du puits de cuve.

## 2.4 Remarques sur la responsabilité relative au produit

Dans les cas suivants, la protection prévue de l'appareil peut être altérée. La responsabilité en matière de dommages matériels et corporels revient alors au propriétaire :

- L'appareil n'est pas utilisé de manière conforme au manuel d'utilisation.
- L'appareil n'est pas utilisé de manière conforme à l'utilisation appropriée.
- L'appareil est utilisé avec des accessoires ou des consommables qui ne sont pas recommandés par Eppendorf AG.
- L'appareil est utilisé, entretenu ou remis en état par des personnes qui ne sont pas autorisées par Eppendorf AG.
- L'utilisateur a procédé à des modifications interdites sur l'appareil.

## 2.5 Consignes de sécurité sur l'appareil

Représentation	Signification	Emplacement
	Zone dangereuse ▶ Respectez le manuel d'utilisation.	Verso de l'appareil
<div style="border: 1px solid black; border-radius: 10px; padding: 5px; width: fit-content;"> <p>Gerät nach dem Öffnen justieren!</p> <p>Adjust device after opening!</p> </div>	Si l'appareil est ouvert, vous devez le réajuster. ▶ Ne pas ouvrir l'appareil.	Bas de l'appareil

### 3 Désignation

#### 3.1 Aperçu des produits

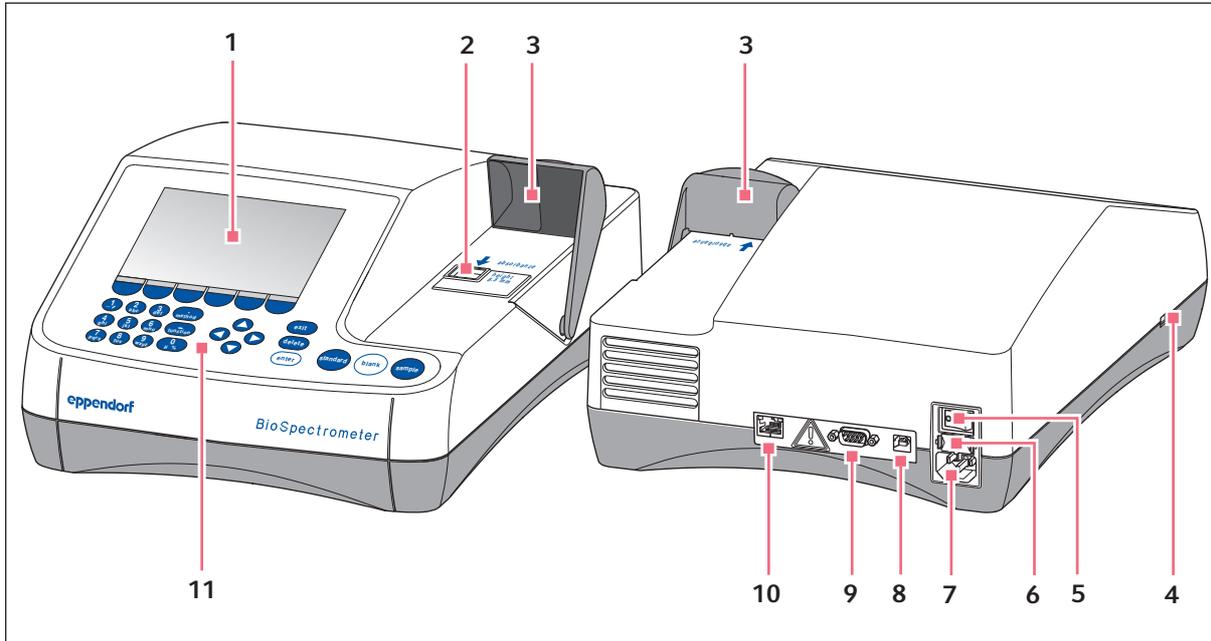


Fig. 3-1: Vue avant et arrière

- |                                       |                                   |
|---------------------------------------|-----------------------------------|
| 1 Ecran                               | 7 Branchement sur le secteur      |
| 2 Puits de cuve                       | 8 Port USB pour PC                |
| 3 Cache du puits de cuve              | 9 Port RS-232 de l'imprimante     |
| 4 Port USB pour clé USB et imprimante | 10 Prise de raccordement Ethernet |
| 5 Interrupteur général                | 11 Commandes                      |
| 6 Porte-fusibles                      |                                   |

La plaque d'identification se trouve à l'arrière gauche, sur l'envers de l'appareil.

#### 3.2 Pièces incluses dans la livraison

Nbre de	Description
1	BioSpectrometer basic
1	Câble secteur
4	4 UVettes Cuve en plastique authentique Eppendorf, emballage individuel, PCR clean, Protein-free
1	Manuel d'utilisation, plurilingues

**Désignation**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### 3.3 Caractéristiques du produit

Le BioSpectrometer basic est un spectrophotomètre UV-VIS pour la mesure de liquides dans des cuves sur la plage de longueurs d'onde allant de 200 nm à 830 nm. Il est prévu pour l'utilisation dans le développement et la recherche en biotechnologies, en biochimie et en biologie cellulaire. Il est spécifié pour des cuves en verre et en plastique d'un volume de 1 µL à 3000 µL.

#### 3.3.1 Méthodes

De nombreuses méthodes de détermination des concentrations d'acides nucléiques, protéines, et acides nucléiques et protéines marqués par colorant ainsi que la méthode **OD 600** de détermination de la densité bactérienne par la mesure de l'opacité sont déjà préprogrammées. Des modèles de méthode pour différents procédés de mesure et d'évaluation (mesures d'une et plusieurs longueurs d'onde, enregistrements de spectres, procédés cinétiques, évaluations avec facteur, standard et courbe standard) sont également préprogrammés. Des méthodes personnalisées peuvent être créées à partir des méthodes et modèles préprogrammés. Avec les modèles du groupe de méthodes **Absorbance**, vous pouvez mesurer rapidement des extinctions ou des spectres sans évaluation supplémentaire. Dans le groupe de méthodes **Absorbance**, vous trouverez aussi une méthode qui vous permettra de déterminer le degré de transmission d'un échantillon.

#### 3.3.2 Commande

Les méthodes et modèles préprogrammés sont clairement regroupés par groupes, vous permettant de faire une sélection rapide de la méthode souhaitée. Une fois que vous avez appelé la méthode, vous êtes clairement guidé étape par étape à travers le cycle de mesure. En cas de besoin, des conseils peuvent être affichés dans une fenêtre d'aide. Les 3 touches de mesure rondes (**standard, blanc, échantillon**) permettent un démarrage rapide et direct de la mesure.

#### 3.3.3 Publication du résultat

Le BioSpectrometer basic délivre les résultats sur l'écran ou sur une imprimante disponible auprès d'Eppendorf. Par l'intermédiaire du port USB, vous pouvez transférer les données de résultats de l'appareil sur une clé USB, une imprimante ou directement sur votre PC. Si l'appareil est relié à un réseau, il est possible d'imprimer ou d'envoyer par e-mail les résultats sur une imprimante en réseau. Il n'est pas possible d'enregistrer les résultats sur un lecteur réseau.

#### 3.3.4 Auto-test de l'appareil

Directement après la mise en marche, l'appareil contrôle automatiquement le fonctionnement du module de spectrométrie. Pour procéder à un contrôle complet de l'appareil, utilisez la fonction **Device calibration** (voir *Auto-test de l'appareil à la page 77*).

## 4 Installation

### 4.1 Préparer l'installation

- ▶ Conservez l'emballage et le matériau d'emballage en vue d'un transport ultérieur ou d'un stockage.
- ▶ A l'aide de la liste jointe à la livraison, vérifiez qu'il ne manque rien (voir *Pièces incluses dans la livraison* à la page 15).
- ▶ Vérifiez que les pièces de l'appareil n'ont pas été endommagées lors du transport.

### 4.2 Sélectionner un emplacement

Sélectionnez un site approprié pour le BioSpectrometer basic en tenant compte des critères suivants :

- 2 prises avec terre pour le BioSpectrometer basic et pour l'imprimante.
- Paillasse fixe avec plan de travail horizontal.  
Dimensions de l'appareil : largeur 50 cm (avec imprimante : 75 cm), profondeur 50 cm.
- Température : de 15 °C à 35 °C.
- Évitez les écarts de température (par ex. fenêtre ouverte).
- Évitez toute exposition directe au soleil.
- Humidité de l'air : humidité relative comprise entre 25 % et 70 %.



Veillez à ne déposer aucun objet sous l'appareil (par ex. feuilles détachées, cahiers) susceptibles de gêner le flux d'air.

### 4.3 Branchement de l'appareil sur le secteur

1. Déposez le BioSpectrometer basic sur une surface de travail adaptée.
2. Assurez-vous que la tension du courant et la fréquence du courant correspondent aux indications de la plaque signalétique.
3. Branchez l'appareil au réseau électrique et allumez-le avec l'interrupteur général.
4. Retirez le film de protection de l'affichage.

## 4.4 Relier l'appareil à un réseau



La connexion de l'appareil avec un réseau est optionnelle. Vous pouvez aussi exploiter l'appareil sans connexion réseau.

Informations sur les paramètres réseau. (voir *Device settings* à la page 68)

Prérequis

Câble Ethernet (RJ45)

1. Brancher le câble Ethernet sur la prise du réseau.
2. Brancher le câble Ethernet sur la prise Ethernet **10** (voir *Aperçu des produits* à la page 15)



### Imprimante réseau

L'imprimante réseau est reconnue automatiquement par l'appareil dans les conditions suivantes :

- L'imprimante se trouve dans le même segment du réseau que l'appareil.
- L'imprimante applique le protocole Zeroconf.
- L'imprimante est compatible PostScript

## 4.5 Raccorder l'imprimante au port USB

### 4.5.1 Thermo-imprimante DPU-S445

Prérequis

L'appareil est équipé de la version du logiciel 3.4.4.0 ou plus.

L'imprimante thermique DPU-S445 est sélectionnée dans les paramètres d'imprimante (voir *Device settings* à la page 68).

Connectez la thermo-imprimante DPU-S445 au port USB de l'imprimante.

1. Reliez le câble de l'imprimante au port USB de l'imprimante **4** (voir *Aperçu des produits* à la page 15).
2. Reliez le câble de l'imprimante à l'imprimante.
3. Connectez l'imprimante au secteur à l'aide du bloc d'alimentation et du câble secteur fourni (accessoires de l'imprimante) et enclenchez-la.

Pour en savoir plus, veuillez consulter le manuel d'utilisation de l'imprimante.

## 4.6 Connexion d'un PC ou d'une clé USB pour l'exportation des données

Vous pouvez connecter une clé USB, **format FAT-32**, au port USB **4** (voir *Aperçu des produits à la page 15*).

Vous pouvez également connecter directement l'appareil à un PC au moyen d'un câble USB pour exporter les données :

### Prérequis

- PC avec Windows, version XP, SP2 ou une version supérieure.
- Câbles USB avec chacun une prise de type A et une prise de type B.
- ▶ Connectez directement l'appareil à un PC au moyen d'un câble USB au niveau du port USB **8** (voir *Aperçu des produits à la page 15*).



- Vous n'avez besoin d'aucun logiciel PC particulier pour le transfert des données : les paquets de données transférés sont reconnus par le PC de la même manière qu'une clé USB, comme un support de données amovible. Pour visionner les données, il vous suffit d'ouvrir le paquet de données annoncé.
- Le transfert de données sur une clé USB ou sur le PC se fait une fois la série de mesures terminée, à l'étape de l'application **print & export** (voir *print & export à la page 56*).

**Installation**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

## 5 Utilisation

### 5.1 Commandes

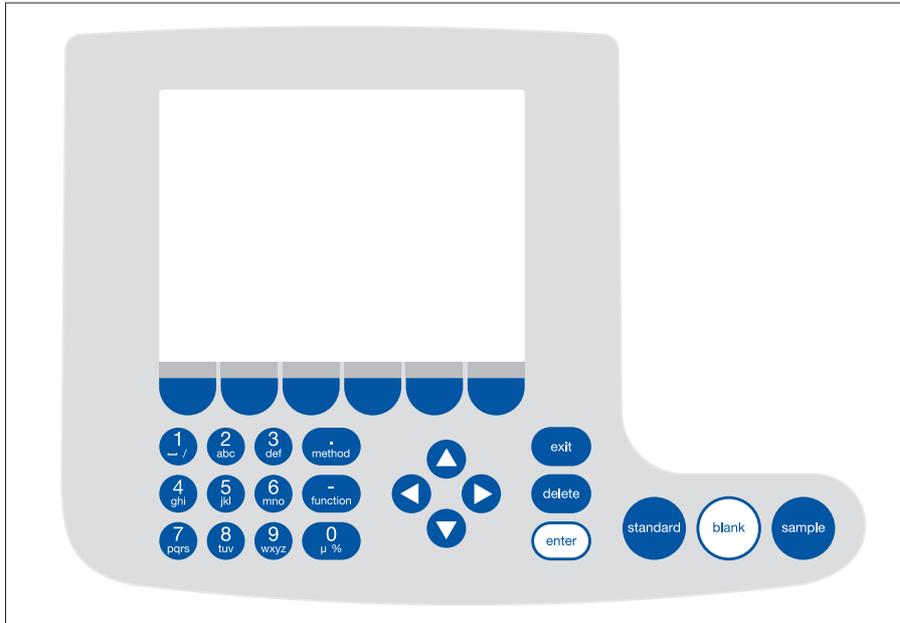


Fig. 5-1: Commandes du BioSpectrometer basic

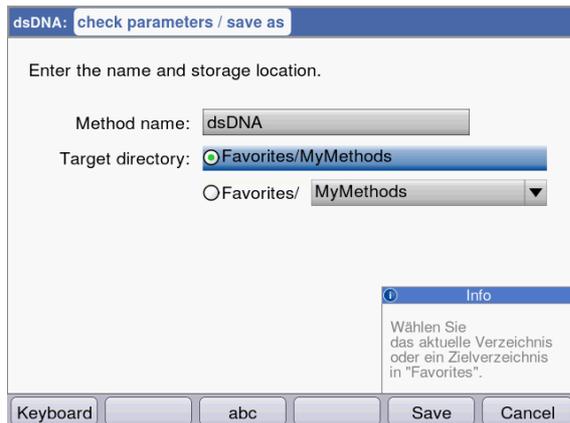
## Utilisation

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Touche	Fonction
	<p>Clavier : entrée de texte et de chiffres.</p> <p>Touches <b>1</b> à <b>9</b> et <b>0</b> : Vous pouvez entrer des chiffres, des lettres et des symboles en appuyant plusieurs fois sur la touche. Vous pouvez également faire apparaître un clavier en appuyant sur [Keyboard].</p>
 	<p>En dehors des zones d'entrée : appelez la sélection d'applications.</p> <p>En dehors des zones d'entrée : appelez la sélection de fonctions.</p>
	<p>Touche programmable : sélectionnez les fonctions.</p> <p>L'affectation des touches change avec le dialogue du logiciel. La fonction actuelle est indiquée sur l'affichage juste au-dessus de la touche.</p>
	<p>Déplacer le curseur vers la gauche, la droite, le haut, le bas.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Naviguer entre les champs de saisie.</li> <li>• Touches curseur  et  dans une zone d'entrée : naviguer dans la séquence de caractères.</li> <li>• Touches  et  dans l'affichage des résultats : naviguer entre les résultats de la série de mesures.</li> <li>• Touches  et  dans un graphique : naviguer dans l'axe X du graphique pour afficher par ex. les valeurs d'absorbance d'un balayage déterminées à partir d'une longueur d'onde définie.</li> </ul>
  	<p>Quitter la sélection actuelle pour le niveau juste au-dessus.</p> <p>Supprimer l'entrée. À l'intérieur d'une chaîne de caractères, le caractère situé à gauche du curseur est effacé</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Appeler l'application ou la fonction sélectionnée.</li> <li>• Ouvrir la liste de sélection.</li> <li>• Confirmer la saisie ou la sélection.</li> </ul>
  	<p>Démarrer la mesure standard.</p> <p>Démarrer la mesure témoin.</p> <p>Démarrage d'une mesure d'échantillon.</p>

### 5.1.1 Saisir du texte

Vous pouvez saisir du texte lors de l'attribution des noms d'application et des unités de mesure des résultats. Attention : Les noms des méthodes ne doivent contenir que des chiffres et des lettres, ainsi que le tiret bas "\_".



Saisie avec le bloc de touches :

Vous pouvez naviguer dans le champ de saisie et modifier des positions dans le nom avec les touches curseur et .

Touches programmables :

- [Keyboard]: afficher le clavier.
- [abc]: passer des lettres majuscules aux lettres minuscules. Ne concerne que les entrées faites sur le clavier.
- [Save]: enregistrer le texte entré.
- [Cancel]: abandonner l'entrée.



Saisie avec le clavier affiché :

Vous sélectionnez les caractères affichés avec les touches curseur, et confirmez à chaque fois avec la touche **enter**. Comme sur un clavier PC, vous pouvez choisir entre majuscule et minuscule pour votre ou vos prochaine(s) saisie(s) en appuyant sur la touche "Shift", ou la touche de blocage.

Touches programmables :

- [Numbers]: passer aux entrées effectuées sur le clavier.
- [Save]: enregistrer le texte saisi.
- [Cancel]: abandonner l'entrée.

## Utilisation

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### 5.2 Mise en place de la cuve

Des cuves rectangulaires usuelles en verre ou en plastique peuvent être mises en place dans le support de cuve :

- Dimensions externes : 12,5 mm × 12,5 mm
- Hauteur du trajet optique : 8,5 mm au-dessus du fond de la cuve
- Hauteur totale : au moins 36 mm

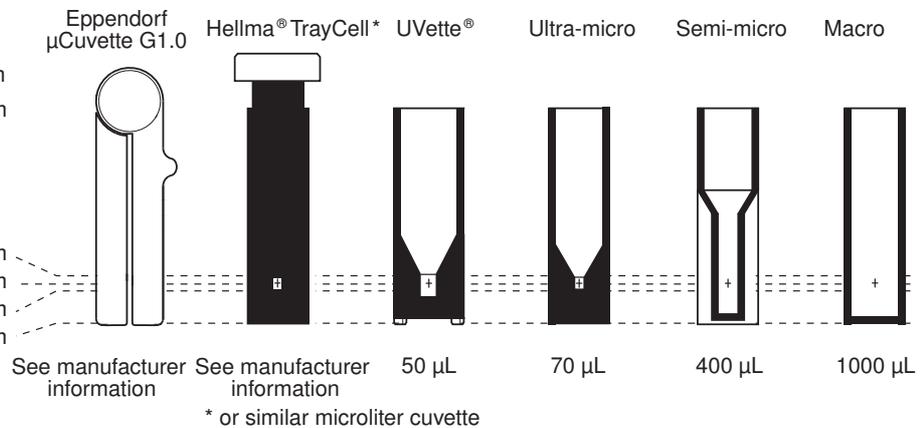
Les cuves doivent être optiquement transparentes à la longueur d'onde de mesure respective. Pour les mesures dans la plage UV, Eppendorf propose avec l'UVette une cuve en plastique transparente à partir de longueurs d'onde de 220 nm, et donc également adaptée à la mesure des acides nucléiques.

#### Cuvettes

Basic area 12.5 mm × 12.5 mm  
Min. overall height 36 mm

Min. filling level 10 mm  
Light path 8.5 mm  
Max. height of base 7 mm  
0 mm

Min. volume Photometry



#### Prérequis

- La cuve ne présente ni poussière, ni trace de doigt. Elle n'est pas rayée.
- Le puits de la cuve ne contient ni particule, ni poussière, ni liquide.
- Le volume de la cuve est suffisant. Tenir compte du volume de mesure minimum.
- La solution utilisée pour les mesures ne contient ni particule ni bulle.
- La température de la cuve est supérieure à la température du point de rosée valable pour les conditions d'environnement (humidité et température).



La direction du faisceau lumineux est indiquée sur le boîtier par une flèche.

1. Positionnez la cuve de manière à ce que la fenêtre ouverte soit orientée dans le sens du faisceau lumineux.
2. Pour la mise en place, exercez une légère pression sur la cuve jusque tout en bas.

## 5.3 Vue d'ensemble d'un cycle de mesure

### 5.3.1 Préparation de la mesure

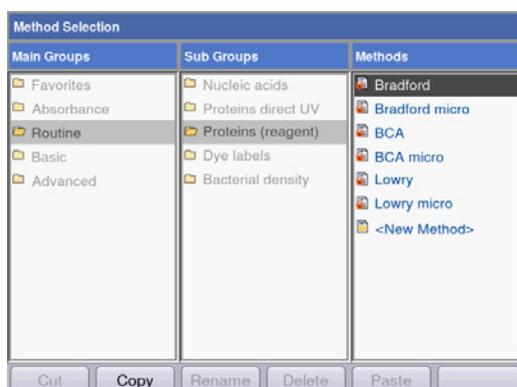
1. Allumez l'appareil et, le cas échéant, l'imprimante.  
L'appareil effectue un auto-test (durée d'env. 1 minute) et affiche la sélection d'applications.
2. Mettez en place les cuves pour les mesures (voir *Mise en place de la cuve à la page 24*).
3. Préparez les solutions de mesure pour les mesures des valeurs témoins, ou des standards et des échantillons.
4. Ouvrez le couvercle de protection du puits de la cuve. Pendant les mesures, le couvercle de protection peut rester ouvert.



Ne pas utiliser de solutions de mesure pour les standards ni d'échantillons d'extinction inférieure à 0,05 A. Le seuil de détection de l'appareil est certes bien inférieur, mais l'influence des interférences contenues dans les solutions de mesure (particules, bulles, troubles) sur la fiabilité du résultat est très importante à ces niveaux d'extinctions faibles. Vous trouverez d'autres informations comme par exemple le guide de l'utilisateur n° 013 sur notre site [www.eppendorf.com](http://www.eppendorf.com).

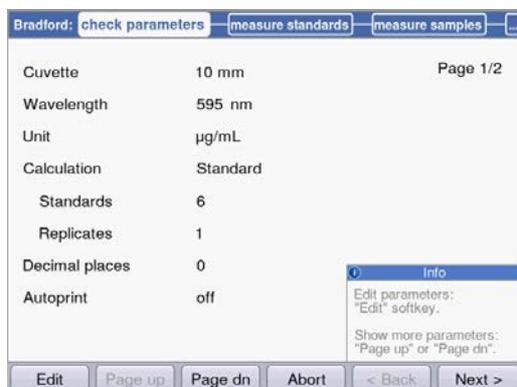
### 5.3.2 Cycle de mesure

#### 5.3.2.1 Sélection de la méthode



- Sélectionnez l'application souhaitée avec les touches curseur et appelez l'application avec la touche **enter**.

Vous pourrez trouver une vue d'ensemble et une désignation détaillée des applications dans le chapitre suivant (voir *Méthodes à la page 31*).



**Assistant:** l'assistant placé en haut de l'affichage vous guide progressivement dans les travaux.

**Fenêtre d'aide:** à chaque phase du procédé, vous voyez s'afficher des textes d'aide en bas à droite de l'affichage.

**Touches programmables:** à l'aide des touches programmables [**< Back**] et [**Next >**], déplacez-vous au sein de l'assistant et avancez ou reculez d'un pas.

## Utilisation

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### 5.3.2.2 Contrôler les paramètres

Bradford: check parameters    measure standards    measure samples

Page 1/2

Cuvette	10 mm
Wavelength	595 nm
Unit	µg/mL
Calculation	Standard
Standards	6
Replicates	1
Decimal places	0
Autoprint	off

Info  
Edit parameters:  
"Edit" softkey.  
Show more parameters:  
"Page up" or "Page dn".

Edit    Page up    Page dn    Abort    < Back    Next >

- ▶ Contrôlez le paramétrage. Vous appelez les pages de la liste des paramètres avec les touches programmables [Page dn] et [Page up]. Avec [Edit], vous modifiez et enregistrez les paramètres.

### 5.3.2.3 Mesurer le blanc et les standards



Cette étape de l'application est supprimée en cas d'évaluation sans standards (p.ex. mesures ADN).

Bradford: measure standards / new

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

Linear regression:  
not calculated

Info  
Measure blank:  
"blank" key.

Last Cal    Curve Fit    Graph    Abort    < Back    Next >

1. Mesurez d'abord une valeur témoin (touche **blanc**).
2. Mesurez les uns après les autres tous les standards (touche **standard**).

Dans l'affichage, le prochain standard à mesurer est surligné. Avec les touches programmables [Graph] et [Table], vous pouvez changer l'affichage des résultats.

Bradford: measure standards / new

	Conc. µg/mL	Abs. A <sub>595</sub>
Standard 3	500	0.700
Standard 4	750	0.927
Standard 5	1000	1.047
Standard 6	1500	1.288

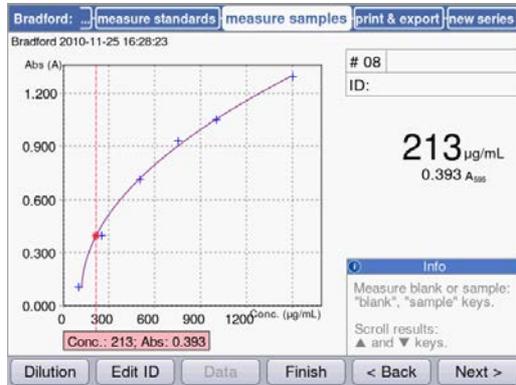
Quadratical regression:  
Conc. = 924.41 • A<sup>2</sup> - 134.52 • A + 123.14  
Coefficient of determination:  
R<sup>2</sup> = 0.9970

Info  
Save evaluation and go to sample meas.:  
"Next >" softkey. Scroll standards/replicates ▲ and ▼ keys.

Last Cal    Curve Fit    Graph    Abort    < Back    Next >

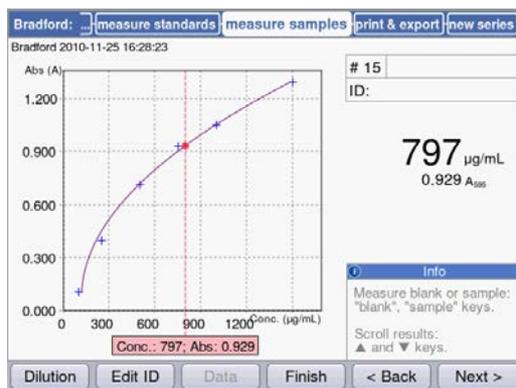
- ▶ Avec [Next], vous acceptez l'évaluation calculée à partir des résultats standards.

### 5.3.2.4 Mesure des échantillons



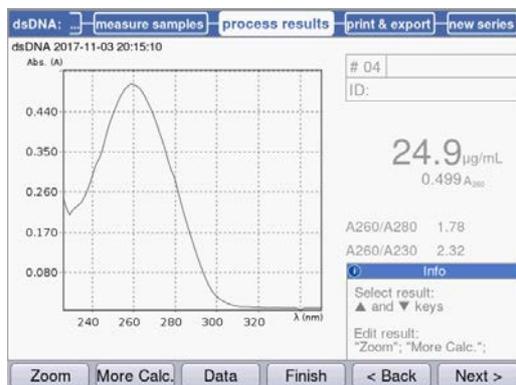
- ▶ Avec la touche **sample**, vous mesurez vos échantillons les uns après les autres. Les résultats des valeurs témoins restent enregistrés pour une série de mesures. Une nouvelle mesure de valeur témoin est possible à tout moment. (Dans l'illustration représentée ici d'un cycle de mesure avec évaluation par courbe standard, le graphique de l'évaluation standard est affiché en plus du résultat des échantillons.)

### 5.3.2.5 Terminer l'application



1. Appuyez sur [Finish] pour terminer la série de mesures et retourner à la sélection d'application.
2. Une fois toutes les mesures terminées, éteignez l'appareil et fermez le couvercle de protection du puits de la cuve afin de protéger le puits de la poussière.

### 5.3.2.6 En option : optimiser les résultats

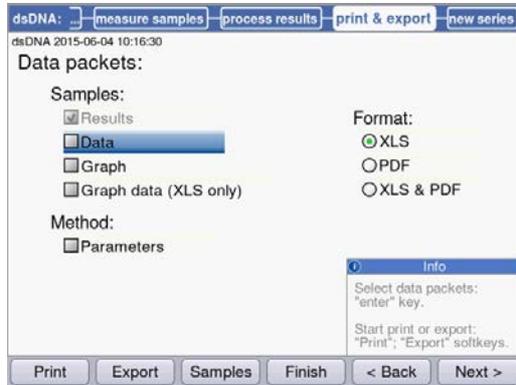


Pour certaines applications, vous pouvez corriger les résultats au cours de l'étape **process results** de l'application. Vous pouvez par exemple utiliser la fonction de zoom **SpectraZoom** dans les spectres.

- ▶ Sélectionnez les résultats de la série de mesures que vous souhaitez corriger avec les touches curseur ▲ et ▼.

**Utilisation**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

**5.3.2.7 Imprimer et exporter**

1. Compilez les paquets de données pour tous les échantillons ou pour des échantillons sélectionnés.
2. Imprimez les données, enregistrez-les sur une clé USB, transférez-les sur un PC par câble USB ou exportez-les par e-mail.

### 5.3.3 Remarques importantes pour les mesures



À observer lors de chaque mesure :

- Pour les cuves en plastique : Combien de mesures successives pouvez-vous faire dans la cuve avec un maximum de fiabilité ?
- Avant les mesures d'échantillons ou standards, mesurez la valeur témoin de la cuve afin de compenser la valeur témoin de la cuve en plus de la valeur témoin du réactif.
- Les résultats de la valeur témoin restent enregistrés pour une série de mesures, mais une nouvelle mesure de la valeur témoin est possible à tout moment entre les mesures des échantillons.
- Les valeurs d'absorbance affichées correspondent toujours aux valeurs directement mesurées. Le facteur de dilution ou le facteur de cuve, ainsi que les extinctions background sont pris en considération uniquement au moment du calcul final du résultat (voir *Valeurs d'absorbance à la page 95*).
- La durée moyenne entre le début d'une mesure et l'affichage de son résultat est d'environ 2 à 3 secondes. Si peu de lumière atteint le récepteur (lorsque les valeurs d'absorbance sont élevées), il est possible de prolonger la mesure pour atteindre une durée de 9 secondes, afin d'augmenter la fidélité de la mesure.
- Veillez à ce que les valeurs d'absorbance ne dépassent pas la limite supérieure de la plage de mesure photométrique. Si c'est le cas, rejetez le résultat de la mesure. La limite supérieure de la plage de mesure photométrique ne dépend pas uniquement de la longueur d'onde (voir *Propriétés photométriques à la page 92*), mais également de la valeur témoin de la cuve. Les ultramicrocuves munies d'un petit diaphragme comme **TrayCell** (Hellma) peuvent avoir une valeur témoin d'env.  $A = 1$ . La plage de mesure photométrique disponible est réduite de cette valeur. Vous pouvez estimer la valeur témoin de la cuve en mesurant la cuve remplie d'eau déminéralisée en tant qu'échantillon contre le puits de cuve vide en tant que blanc. La valeur témoin de la cuve de la Eppendorf  $\mu$ Cuvette G1.0 doit être négligée (proche de  $A = 0$ ).
- Après la mesure, éliminez entièrement la solution de mesure avant de verser la nouvelle solution de mesure afin de limiter le volume de liquide résiduel. Si en raison d'importantes différences de concentration, on peut s'attendre à un volume de liquide résiduel entre un échantillon et le suivant, rincez la cuve entre les mesures.
- Une dérive photométrique peut apparaître en cas de différences de température entre la lampe et l'environnement. Un appareil venant d'un environnement plus froid doit donc être d'abord ramené à température ambiante.  
Évitez les brusques variations de température. Si vous avez de grandes séries de mesure ou désirez refaire les mesures après un certain temps, remesurez la valeur témoin.

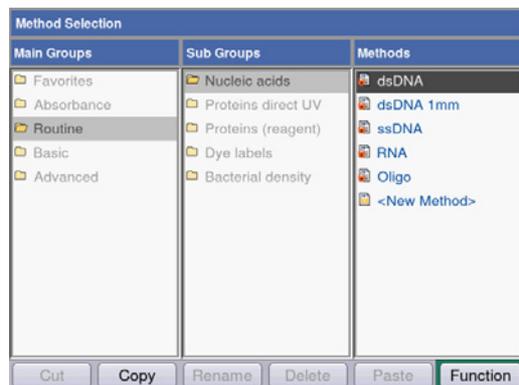
**Utilisation**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

## 6 Méthodes

### 6.1 Sélection de la méthode

Les méthodes et modèles de méthodes sont pré-programmés à la livraison. Les méthodes sont classées en groupes principaux et sous-groupes.



Méthodes sauvegardées à l'écriture		Les principales méthodes utilisées en biologie moléculaire. Vous pouvez modifier les paramètres mais vous ne pouvez les enregistrer que sous un nouveau nom de méthode.
Méthodes non sauvegardées à l'écriture		Vous pouvez modifier les paramètres de manière quelconque et commencer la mesure directement après la sauvegarde.
Modèles de nouvelles méthodes		Chaque groupe contient un modèle qui est pré-programmé avec des kits de paramètres complets afin de simplifier la programmation de nouvelles méthodes. Les paramètres peuvent être modifiés de manière quelconque et enregistrés sous un nouveau nom.

Pour appeler une méthode, sélectionnez d'abord le groupe principal, le sous-groupe et la méthode à l'aide des touches curseur. Confirmez par **enter**.

Tab. 6-1: Méthodes photométriques

<b>Absorbance</b>	Méthodes pour des mesures d'extinction et de transmission rapides et simples sans autre évaluation.
<b>Routine</b>	Méthodes utilisées fréquemment en biologie moléculaire. Les méthodes sont pré-programmées. Les paramètres peuvent être modifiés en les sauvegardant sous un nouveau nom.
<b>Basic</b>	Méthodes d'évaluation des mesures de l'extinction avec facteur, standard ou courbe/droite standard.
<b>Advanced</b>	Méthodes utilisées pour évaluer des procédés de mesure à deux longueurs d'onde.
<b>Favorites</b>	Dans les <b>Favorites</b> , vous pouvez configurer vos propres dossiers avec <b>&lt;New Folder&gt;</b> pour y copier les méthodes utilisées fréquemment et y accéder rapidement.

Dans tous les dossiers, vous créez de nouvelles méthodes avec **<New Method>**.

Dans **Favorites**, vous créez (par ex. pour l'affectation personnalisée), renommer et supprimer vos propres dossiers.

**Méthodes**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Tab. 6-2: Touches programmables dans la sélection de méthodes

[Cut] et [Paste]	Couper et insérer des méthodes.
[Copy] et [Paste]	Copier et coller des méthodes.
[Delete]	Supprimer des méthodes.
[Rename]	Renommer des méthodes.

Vous insérez les méthodes copiées ou coupées soit dans un autre dossier sous **Favorites** soit dans le dossier d'origine, sous un nouveau nom. À l'aide des touches curseur, naviguez dans la colonne **Methods** du dossier désiré et pressez la touche [paste] pour insérer la méthode.

## 6.2 Description des méthodes utilisées en photométrie

Ce chapitre est consacré aux méthodes pré-programmées et aux modèles de méthodes.

### 6.2.1 Groupe de méthodes *Absorbance*

#### Single $\lambda$

- Mesure de l'extinction à une longueur d'onde.
- Pas d'évaluation connectée en aval.
- Possibilité de déterminer la transmission d'un échantillon.

#### Multi $\lambda$

- Mesures de l'extinction pour deux à six longueurs d'onde.
- Pas d'évaluation connectée en aval.

#### Scan

- Mesure d'un spectre de longueurs d'onde d'extinction via une plage de longueurs d'onde définie.
- Affichage de la longueur d'onde et de l'extinction du spectre en naviguant avec un curseur de longueur d'onde.
- La section du spectre peut être modifiée à l'aide de 3 différentes variantes de zoom.
- Détection de pic possible.

## 6.2.2 Groupe de méthodes *Routine*

Les méthodes du groupe **Routine** sont préprogrammées comme méthodes fixes. Après modification des paramètres de la méthode dans les méthodes préprogrammées, il convient donc d'attribuer un nouveau nom de méthode.

### Nucleic acids

- Détermination de la concentration des acides nucléiques par une mesure effectuée à 260 nm et une évaluation avec facteur.
- Différentes méthodes d'évaluation de l'acide nucléique comme dsADN ou ARN sont pré-programmées dans le système. Les paramètres se distinguent au niveau du facteur.
- Méthode préprogrammée pour les cuves de microlitre : Mesure de l'ADN dans des microlitre(s) d'échantillons avec faisceau lumineux de 1 mm (avec cuves de l'ordre du microlitre comme Eppendorf µCuvette G1.0 ou Hellma® TrayCell).
- Les informations complémentaires suivantes sur la pureté mesurée de l'acide nucléique sont affichées et peuvent si nécessaire être retirées des paramètres de mesure :
  - Rapport A260/A280, rapport A260/A230
  - Spectre de longueurs d'onde d'extinction de l'acide nucléique
  - Extinction de la longueur d'onde d'arrière-plan (préréglage : 320 nm ; l'extinction de l'acide nucléique pur doit être ici proche de zéro).
- La correction partielle des impuretés à l'aide du paramètre **Background** est paramétrée.
- Conversion des concentrations en concentrations molaires et (après la saisie du volume de l'échantillon) possibilité de conversion en quantités d'acide nucléique (étape : **process results**).

### Proteins direct UV

- Détermination de la concentration des protéines par une mesure effectuée à 280 nm et évaluation avec facteur ou standard.
- Méthodes pré-définies pour l'édition directe des absorbances sous forme de résultat (*protéine A 280*) et pour l'évaluation réalisée avec des coefficients d'extinction spécifiques à l'albumine (*albumine A 280*).
- Méthode préprogrammée pour les cuves de microlitre : Mesure de protéine dans des microlitre(s) d'échantillons avec faisceau lumineux de 1 mm (avec cuves de l'ordre du microlitre comme Eppendorf µCuvette G1.0 ou Hellma® TrayCell).
- Les informations complémentaires suivantes sur la pureté des protéines mesurées sont affichées et peuvent si nécessaire être retirées des paramètres de mesure :
  - Spectre de longueurs d'onde d'extinction de la protéine
  - Extinction de la longueur d'onde d'arrière-plan (préréglage : 320 nm; l'extinction de la protéine pure doit être ici proche de zéro).
- La correction partielle des impuretés à l'aide du paramètre **Background** est paramétrée.
- Lors de la programmation de la méthode, le facteur pertinent est importé en sélectionnant la protéine dans une liste de prescriptions. Les facteurs sont définis séparément dans les fonctions du groupe **Gen. method param.** Différentes protéines sont pré-programmées dans **Gen. method param.**. Vous pouvez en ajouter d'autres.

### Proteins (with reagent)

- Détermination de la concentration de protéines par mesure après réactions de coloration et évaluation au moyen d'étalons ou d'un facteur (de manière caractéristique : évaluation avec une courbe étalon).
- Les méthodes *Bradford*, *Bradford micro*, *Lowry*, *Lowry micro*, *BCA* et *BCA micro* sont pré-programmées. Suivant le fabricant de réactif, il faudra éventuellement modifier la "Curve fit" (type de courbe étalon).

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### Dye labels

- Pour les biomolécules marquées au colorant : détermination de la concentration de la biomolécule (acide nucléique ou protéine) par une mesure effectuée à 260 ou 280 nm et du colorant au cours d'une mesure.
- Évaluation avec facteur. Outre la biomolécule, il est possible de mesurer parallèlement jusqu'à deux colorants à deux différentes longueurs d'onde.
- Par ailleurs, évaluation de la fréquence d'incorporation du colorant (FOI). Sélection entre deux différents procédés de calcul FOI.
- Méthodes pré-programmées : *ssADN*, marqué avec *Cy 3* ou *Cy 5*.
- Il est possible de corriger l'influence du spectre de colorants sur la justesse de la mesure de la biomolécule.
- Correction partielle de la turbidité possible à l'aide du paramètre **Background**.
- Informations complémentaires sur la pureté des substances mesurées : Ratio A260/A280 et ratio A260/A230 (valeurs de ratio), spectre de longueurs d'onde d'extinction.
- Lors de la programmation de la méthode, il suffit de sélectionner la biomolécule et le colorant dans des listes prescrites pour importer différents paramètres pertinents comme les longueurs d'onde de mesure et les facteurs d'évaluation. Ces paramètres sont définis séparément dans les fonctions du groupe **Gen. method param**. Différents acides nucléiques, protéines et colorants sont pré-programmés dans **Gen. method param**. Vous pouvez ajouter d'autres acides nucléiques, protéines et colorants.
- Seulement pour les acides nucléiques marqués : Conversion des concentrations en concentrations molaires et (après la saisie du volume de l'échantillon) possibilité de conversion en quantités d'acide nucléique et de colorant (étape : **process results**).

### Bacterial density

- Mesure de la turbidité pour déterminer la densité bactérielle.
- La mesure à 600 nm est déjà pré-programmée.
- Informations complémentaires : Spectre de longueurs d'onde d'extinction.



La mesure de la densité de bactéries à 600 nm n'est pas une mesure absolue. Il y a différents facteurs qui peuvent influencer le résultat de la mesure. Vous trouverez des informations exhaustives sur notre page Internet [www.eppendorf.com](http://www.eppendorf.com)

## 6.2.3 Groupe de méthodes *Basic*

### Factor, standard

- Mesure effectuée à une longueur d'onde et évaluation avec facteur ou standard.
- Les méthodes d'évaluation avec facteur ou standard sont pré-programmées.
- Affichage du spectre de longueurs d'onde d'émission
- Correction partielle de la turbidité possible à l'aide du paramètre **Background**.

### Calibration curve

- Mesure effectuée à une longueur d'onde suivie de l'évaluation avec une série de 2 à 12 standards.
- Différents procédés d'évaluation ("Curve fit") comme régression linéaire, régression non linéaire sont proposés.
- Affichage sous forme de graphique et de tableau des résultats standards.
- L'utilisation de la dernière évaluation standard enregistrée est possible.
- Une méthode est pré-programmée pour l'évaluation avec courbe étalon.

## 6.2.4 Groupe de méthodes *Advanced*

### Dual wavelength

- Mesure effectuée à deux longueurs d'onde et évaluation des valeurs d'extinction mesurées à l'aide de deux formules de base (soustraction, division)
- Il est possible de varier les formules de base.
- Le résultat peut être évalué avec un facteur, un standard ou une série standard.
- Des méthodes de calcul par soustraction ou division suivi d'une évaluation avec facteur sont pré-programmées.

## 6.3 Paramètres des méthodes

Ce chapitre décrit les paramètres nécessaires à programmer les méthodes. Pour certaines méthodes, l'ordre des paramètres présenté dans l'affichage de l'appareil peut légèrement varier par rapport au tableau afin d'obtenir une présence succincte. Le tableau représente la totalité des paramètres disponibles dans les différentes méthodes. Chaque méthode ne nécessite que quelques paramètres qui apparaissent dans l'affichage.

Paramètres	Entrée	Explication
Cuve	Sélection : 10   5   2   1   0,5   0,2   0,1 mm	Larg. trajet optique de la cuve. Les valeurs d'extinction sont converties automatiquement par l'appareil en trajet optique de 10 mm d'une cuve standard (voir <i>Valeurs d'absorbance à la page 95</i> ). Les facteurs comme "50" nécessaires au calcul des concentrations de dsADN restent donc inchangés lorsque vous modifiez le paramètre <b>Cuvette</b> .
No. of wavelengths	Valeur entrée : Plage : 2 à 6	Réservé au groupe de méthodes <b>Multi λ</b> . Nombre de longueurs d'onde utilisées pour la mesure.
Wavelength	Valeur entrée : Longueur d'onde de mesure en nm. Plage : 200 à 830 nm.	Longueur d'onde de mesure : La concentration est calculée à partir de l'extinction mesurée à cette longueur d'onde. Entrez plus d'une longueur d'onde pour les groupes <b>Multi λ</b> et <b>Dual wavelength</b> . Les longueurs d'onde de certains groupes (par ex. <b>Nucleic acids</b> et <b>Proteins direct UV</b> ) sont pré-programmées sur des valeurs fixes. Pour le groupe <b>Dye labels</b> , n'entrez pas de longueurs d'onde de mesure individuelles dans le déroulement de la méthode. Vous les importez en sélectionnant automatiquement la biomolécule et le colorant dans la fonction <b>General Method Parameters</b> .

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Paramètres	Entrée	Explication
Unit	Sélection : 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 Possibilité de programmer d'autres unités dans la fonction <b>General Method Parameters/Units.</b> Max. 7 chiffres.	Unité du rés. de concentration. La sélection est limitée à des unités adaptées aux méthodes du groupe <b>Routine</b> pré-programmées sur des valeurs fixes.
Formula type	Sélection : division   subtraction	Réservé au groupe <b>Dual wavelength.</b> Type de formule utilisé pour calculer les extinctions aux deux longueurs d'onde de mesure, avant l'évaluation avec facteur ou standard.
Formule : a	Valeur entrée : Valeur de a dans la formule d'évaluation. Limite : max. 5 caractères y compris séparateur décimal.	Réservé au groupe <b>Dual wavelength.</b> Valeur de a dans les formules : $[(a \cdot A1) / (b \cdot A2)] \cdot c + d$ et $[(a \cdot A1) - (b \cdot A2)] \cdot c + d$ .
Formule : b	Valeur entrée : Valeur de b dans la formule d'évaluation. Limite : max. 5 caractères y compris séparateur décimal.	Réservé au groupe <b>Dual wavelength.</b> Valeur pour b dans les formules : $[(a \cdot A1) / (b \cdot A2)] \cdot c + d$ et $[(a \cdot A1) - (b \cdot A2)] \cdot c + d$ .
Formule : C	Valeur entrée : Valeur de c dans la formule d'évaluation. Limite : max. 5 caractères y compris séparateur décimal.	Réservé au groupe <b>Dual wavelength.</b> Valeur pour b dans les formules : $[(a \cdot A1) / (b \cdot A2)] \cdot c + d$ et $[(a \cdot A1) - (b \cdot A2)] \cdot c + d$ .
Formule : d	Valeur entrée : Valeur de d dans la formule d'évaluation. Limite: max. 5 caractères y compris séparateur décimal.	Réservé au groupe <b>Dual wavelength.</b> Valeur pour d dans les formules : $[(a \cdot A1) / (b \cdot A2)] \cdot c + d$ et $[(a \cdot A1) - (b \cdot A2)] \cdot c + d$ .
Calcul	Sélection : Factor, standard	Procédé d'évaluation utilisé pour calculer la concentration d'échantillon à partir de l'extinction mesurée.

Paramètres	Entrée	Explication
Factor	Valeur entrée : Facteur. Limite : max. 6 caractères y compris séparateur décimal.	Facteur de conversion des valeurs d'extinction en concentration. Dans les groupes suivants, vous pouvez également entrer des facteurs négatifs : <b>Dual wavelength, Factor</b> . Pour le groupe <b>Dye labels</b> , n'entrez pas les facteurs séparément dans le déroulement. Vous les importez en sélectionnant automatiquement la biomolécule et le colorant dans la fonction <b>General Method Parameters</b> .
Procédés d'évaluation spéciaux pour acides nucléiques et protéine UV	Sélection : Liste de types de protéines enregistrées dans la fonction <b>General Method Parameters/Proteins</b> .	Réservé aux groupes <b>Dye labels</b> et <b>Proteins direct UV</b> . Lors du choix de la protéine, la fonction <b>General Method Parameters/Proteins</b> permet également d'importer le paramètre <b>Factor</b> pertinent qui y est programmé.
Si vous faites les évaluations avec plus d'un standard, utilisez [Curve fit] dans l'étape mesure standards/new pour sélectionner les procédés d'évaluation suivants de la courbe/droite de standards :	Valeur entrée : Nb de standards. Plage : 1 à 12.	Nombre de concentrations standards nécessaires à l'évaluation avec standards. Dans certaines méthodes, la zone est limitée à un nombre de standards compris entre 1 et 12.
Replicates	Valeur entrée : Nombre de répliquats par standard. Plage : 1 à 3.	Nombre de mesures répétitives nécessaire aux différentes concentrations standard.
Std. Conc.	Valeur entrée : Valeurs de concentration des standards. Limite : max. 6 caractères y compris séparateur décimal.	Selon le nombre de standards, ce paramètre est proposé pour tous les standards (par ex. : Std. Conc. 1, Std. Conc. 2, ...).
Decimal places	Valeur entrée : Nombre de chiffres après la virgule déterminé pour le résultat. Plage : 0 à 3.	Nombre de chiffres après la virgule défini pour le résultat de la concentration calculé.

Paramètres	Entrée	Explication
Dye 1	Sélection : Liste de colorants enregistrés dans la fonction <b>General Method Parameters/Dyes</b> .	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> . Lors du choix du colorant, les paramètres de la fonction <b>General Method Parameters/Dyes</b> qui s'y rattachent, sont également importés : facteur, longueur d'onde, éventuellement facteurs de correction pour la mesure effectuée à 260 ou 280 nm (voir la désignation du paramètre suivant).
Correct A260 1	Sélection : on   off	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> . Correction de l'influence du spectre de colorants sur l'extinction, à la longueur d'onde de mesure de la biomolécule (260 ou 280 nm). À l'heure actuelle, les spectres de colorants ont une faible absorbance à 260 et 280 nm. Ces extinctions falsifient les calculs des acides nucléiques ou des protéines de ces méthodes. Pour réduire ce problème, on utilise des facteurs de correction des différents colorants, à condition de les connaître. Si le paramètre est activé, le facteur de correction sera importé de la fonction <b>General Method Parameters/Dyes</b> .
Correct A 280 1	Sélection : on   off	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> . Pour en savoir plus, veuillez lire la description du paramètre proposée ci-dessus <b>Correct A 260 1</b> .
Dye 2	Sélection : on   off	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> . Possibilité de mesurer parallèlement un deuxième colorant. Application : marquage d'une biomolécule avec deux colorants.
Dye 2	Sélection : Liste de colorants enregistrés dans la fonction <b>General Method Parameters/Dyes</b> .	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> lors de la mesure de 2 colorants. Sélection du deuxième colorant (voir paramètre <b>Dye 1</b> ).
Correct A260 2	Sélection : on   off	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> lors de la mesure de 2 colorants. Analogue au paramètre <b>Correct A 260 1</b> .
Correct A 280 2	Sélection : on   off	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> lors de la mesure de 2 colorants. Analogue au paramètre <b>Correct A 280 1</b> .
Show scan	Sélection : on   off	Affichage d'un balayage (graphiques de longueurs d'onde d'extinction) en complément du résultat de la mesure de l'échantillon.
Start $\lambda$	Valeur entrée : Longueur d'onde en nm. Plage : 200 à 830 nm.	Longueur d'onde de démarrage à l'enregistrement d'un balayage.

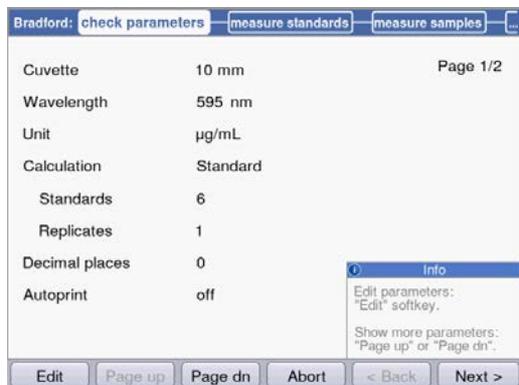
Paramètres	Entrée	Explication
Stop $\lambda$	Valeur entrée : Longueur d'onde en nm. Plage : 200 à 830 nm. La valeur doit être supérieure à la valeur de <b>Start <math>\lambda</math></b> .	Longueur d'onde d'arrêt à l'enregistrement d'un balayage.
A260/A280	Sélection : on   off	Réservé aux acides nucléiques. Affichage du rapport A260/A280 en complément du résultat de la mesure de l'échantillon.
Informations complémentaires sur la pureté des substances mesurées : rapport A260/A230 et rapport A260/A230 (valeurs du rapport limitées aux acides nucléiques), spectre de longueurs d'onde d'extinction.	Sélection : on   off	Réservé aux acides nucléiques. Affichage du rapport A260/A230 en complément du résultat de la mesure de l'échantillon.
FOI	Sélection : none   dye/kb   pmole/ $\mu$ g	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> . Affichage du FOI en complément du résultat de la mesure de l'échantillon. Le FOI (Frequency of Incorporation) est le nombre de molécules de colorants incorporées dans l'acide nucléique par molécule d'acide nucléique. Les unités sont le "dye/kb" (molécule de colorant pour 1000 bases) ou le "pmole/ $\mu$ g" (pmol de colorant par $\mu$ g d'acide nucléique). « none » pas de calcul du FOI.

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Paramètres	Entrée	Explication
Avant de déterminer le résultat d'un échantillon, l'extinction d'une longueur d'onde d'arrière-plan, à laquelle l'analyte à mesurer devra avoir une extinction de zéro, sera soustraite de l'extinction obtenue à la longueur d'onde de mesure.	Sélection : on   off	Avant de déterminer le résultat d'un échantillon, l'extinction d'une longueur d'onde d'arrière-plan, à laquelle l'analyte à mesurer devra avoir une extinction de zéro, sera soustraite de l'extinction obtenue à la longueur d'onde de mesure. Application fréquente : correction partielle de la turbidité lors de la mesure des acides nucléiques (longueur d'onde d'arrière-plan nécessaire : 320 nm ou 340 nm).
Wavelength	Longueur d'onde en nm. Plage : 200 à 830 nm.	Longueur d'onde utilisée pour mesurer l'arrière-plan. L'analyte à mesurer devrait avoir une extinction égale à zéro dans sa forme pure.
Background for dyes	Sélection : on   off	Réservé au groupe <b>Dye labels</b> . Application de la correction d'arrière-plan à la mesure du colorant (voir le paramètre <b>Background</b> ).
Wavelength	Longueur d'onde en nm. Plage : 200 à 830 nm.	Réservé au groupe de méthodes <b>Dye labels</b> . Longueur d'onde utilisée pour mesurer l'arrière-plan destiné au colorant. Le colorant à mesurer devrait avoir une extinction égale à zéro dans sa forme pure, non contaminée.
Autoprint	Sélection : on   off	Impression du résultat sur thermo-imprimante, directement après la mesure. Seules les principales données du résultat sont imprimées. Pour obtenir une édition détaillée des données, vous pouvez regrouper et imprimer les paquets de données désirés après la série de mesures, dans l'étape <b>print &amp; export</b> .
Transmission	Sélection : on   off	Si le paramètre <b>Calculate Transmission</b> est sélectionné, la transmission (en %) de l'échantillon s'affiche.

## 6.4 Déroulement de la méthode



Le wizard qui apparaît en haut de l'affichage vous guide au travers de la méthode. L'étape activée est toujours mise en relief.

Une méthode est constituée de maximum 5 étapes. L'étape activée est mise en relief. Après la dernière étape **print & export** d'une série de mesures, le système propose de lancer une nouvelle série. Elle commencera également par la mesure d'échantillon.

Étape de la méthode	Explication
<b>check parameters</b>	Contrôle des paramètres de la méthode. À modifier en cas de besoin.
<b>measure standards</b>	Réservé aux méthodes avec évaluation standard : Mesure et évaluation des standards. Alternativement, utilisation de la dernière évaluation des standards enregistrée.
<b>measure samples</b>	Mesure des échantillons
<b>process results</b>	Seulement pour certaines méthodes : Modifier les résultats, par exemple zoomer sur les graphes de scan.
<b>print &amp; export</b>	Établissement de paquets de données pour imprimer ou exporter les données.

À l'aide des touches programmables [Next >] et [< Back], naviguez entre les étapes de la méthode. Avec [Abort] et [Finish], vous pouvez abandonner ou terminer la mesure. Après la première mesure d'échantillons, le nom de cette touche programmable passe de [Abort] à [Finish].

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### 6.4.1 check parameters

#### Touches programmables

- [Page dn] et [Page up]: Alternent entre les paramètres 1 à 3.
- [Edit] : Passer en mode édition pour les paramètres.

#### Mode édition des paramètres :

Les paramètres modifiés sont marqués d'une étoile rouge tant que la modification n'a pas été enregistrée.

#### Touches programmables

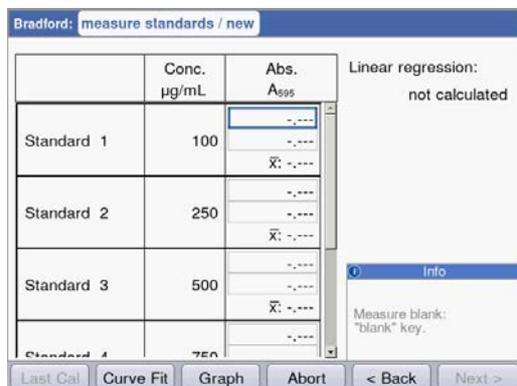
- [Save] et [Save as] : Enregistrer les modifications. L'option [Save as] vous demande d'affecter un nouveau nom à la méthode. C'est toujours le cas lorsque vous modifiez les méthodes du groupe **Routine** préprogrammées par Eppendorf.
- [Cancel] : Quitter le mode édition sans enregistrer les modifications.

Enregistrement de la méthode sous un nouveau nom :

Vous pouvez enregistrer la méthode soit dans le dossier que vous avez utilisé pour appeler la méthode, soit dans le groupe de méthodes **Favorites**, c'est-à-dire dans un dossier de votre choix. Entrez le nom (20 caractères maximum) sur un clavier qui apparaît à l'écran (touche programmable [Keyboard]) ou directement sur le pavé numérique (voir *Saisir du texte à la page 23*).

Après l'enregistrement, vous retournez à l'affichage **check parameters**.

## 6.4.2 mesure standards



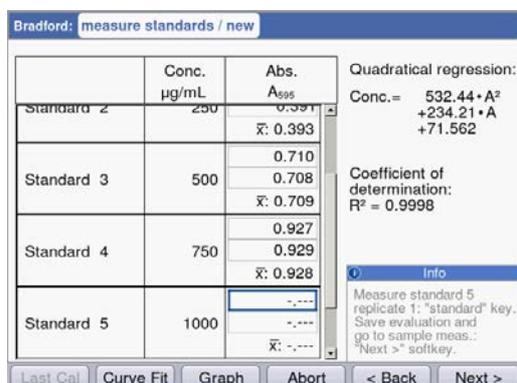
Le premier standard à mesure est marqué dans l'affichage. Après la valeur à blanc (touche **blank**) de la série, mesurez successivement tous les standards (touche **standard**).

Si vous mesurez plus d'un réplicat par standard, le système calcule et affiche automatiquement la valeur moyenne de chaque standard.

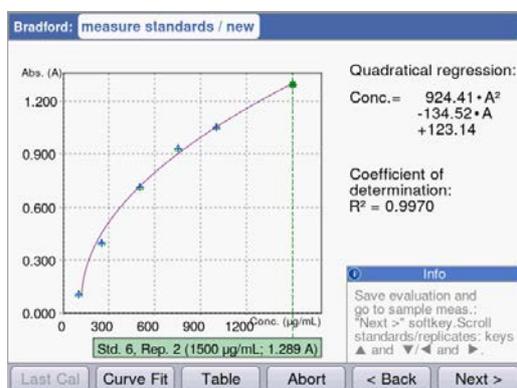
À l'aide des touches curseur ▲ et ▼, vous pouvez également sélectionner des standards précis pour effectuer la mesure. Ceci permet également de remesurer différents standards.

### Touches programmables

- [Last cal] : Appel de la dernière évaluation standard enregistrée pour cette méthode afin de l'utiliser pour la mesure d'échantillon.
- [Curve fit] : Sélectionner le procédé pour l'évaluation standard. Vous pouvez également modifier le procédé ultérieurement tant que le résultat n'est pas enregistré. Pour en savoir plus sur la sélection du procédé d'évaluation, allez au chapitre Procédés d'évaluation (voir *Évaluation avec courbe / droite de standards à la page 98*).
- [Graph] : Passer à l'affichage graphique des résultats standard.



Dès que vous disposez du nombre minimum de résultats nécessaire au procédé choisi (Curve fit), le résultat de l'évaluation apparaîtra dans la partie de droite de l'affichage. Vous pourrez alors effectuer un enregistrement préalable de l'évaluation et passer à la mesure d'échantillon à l'aide de la touche [Next >].



Vue graphique de l'évaluation standard.

À l'aide des touches curseur ▲ et ▼, naviguez entre les standards pour afficher les résultats. Si vous avez plus d'un réplicat par standard, passez entre les résultats avec ▲ et ▼. Vous pouvez également sélectionner, mesurer ou remesurer certains standards à partir de l'affichage graphique.

### Touches programmables

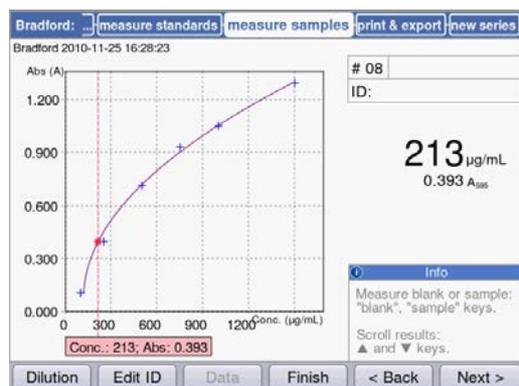
- [Table] : Passer à l'affichage des résultats standard sous forme de tableau.
- [Next >] : Enregistrer l'évaluation standard et passer à la mesure d'échantillon.

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### 6.4.3 mesure samples

Avec la touche **sample**, vous mesurez vos échantillons les uns après les autres. Les résultats de la valeur à blanc restent enregistrés pendant une série. Vous pouvez cependant réitérer à tout moment la mesure de la valeur à blanc. À l'aide des touches ▲ et ▼, naviguez entre les résultats obtenus jusqu'à présent dans la série.



Affichage du résultat :

- Le résultat de la concentration (6 chiffres à virgule flottante) est nettement mis en relief.
- Avec graphique : Résultat à droite de l'affichage.
- Sans graphique : Résultat au centre de l'affichage.
- Outre le résultat, la valeur de l'extinction utilisée est également réduite à l'affichage.

#### Données complémentaires

- en haut à droite ; 1e ligne :  
Numéro d'échantillon : Numérotation continue, remise à « 1 » au démarrage d'une nouvelle série.  
Dilution de l'échantillon (si elle a été entrée)
- en haut à droite ; 2ème ligne :  
Identification de l'échantillon (**ID**) (si elle a été entrée)
- en haut à gauche :  
Nom du fichier utilisé pour l'exportation des données de l'étape **print and export** sous forme de fichier Excel (voir p. 56).

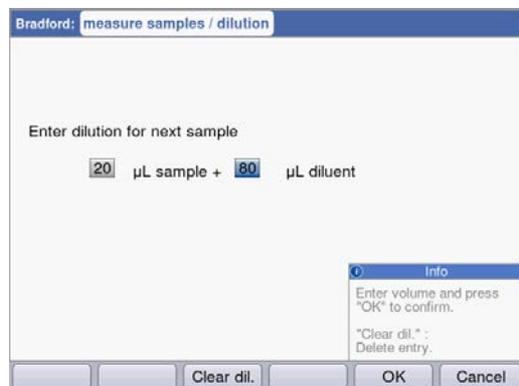
#### Touches programmables

- [Dilution] : Entrer le facteur de dilution.
- [Edit ID] : Entrer l'ID de l'échantillon
- [Data] : Affichage des données de résultats supplémentaires (ne s'applique pas à toutes les méthodes).
- [Finish] : Terminer la série de mesures et passer à la sélection de méthode.



Les valeurs d'extinction affichées correspondent toujours aux valeurs directement mesurées. Le facteur de dilution ou de la cuve ainsi que les absorbances d'arrière-plan ne sont pris en compte que dans le calcul du résultat effectué après (voir *Valeurs d'absorbance à la page 95*).

## Entrer la dilution



La touche programmable [Dilution] est activée après avoir mesuré la valeur à blanc (touche **blank**).

1. Pressez la touche programmable [Dilution].
2. Entrez les volumes de l'échantillon (maximum 3 chiffres) et du tampon de dilution (maximum 4 chiffres).

L'appareil multiplie alors les résultats suivants par le facteur de dilution calculé.

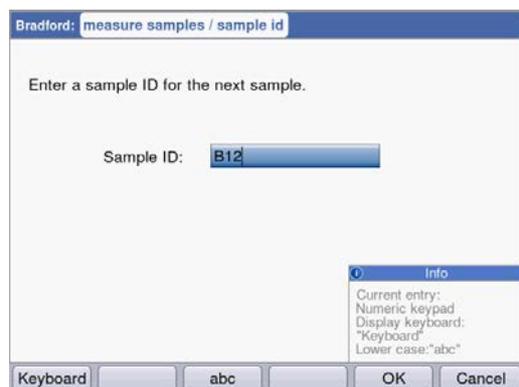
### Touches programmables

- [Clear dil.] : Effacer les valeurs pour la dilution d'échantillon.
- [OK] : Confirmer la dilution et retourner à la mesure d'échantillon.
- [Cancel] : Abandonner la saisie et retourner à la mesure d'échantillon.

La dilution s'applique à tous les résultats suivants jusqu'à ce qu'elle soit modifiée.

## Entrer l'ID de l'échantillon

L'ID est utilisée pour le résultat suivant. Avant de pouvoir entrer une ID, le système propose la dernière ID saisie afin d'obtenir des valeurs successives bien structurées. Il n'est pas possible d'avoir une ID double dans une même série de mesures.



1. Pressez la touche programmable [Edit ID].
2. Entrez l'ID de l'échantillon (12 chiffres maximum).

Alternatives à la saisie du texte :

- Pavé numérique : Pressez la touche plusieurs fois pour faire apparaître les différentes options proposées avec cette touche.
- Afficher le clavier avec la touche [Keyboard]. Naviguez avec les touches curseur et confirmez avec **enter**.

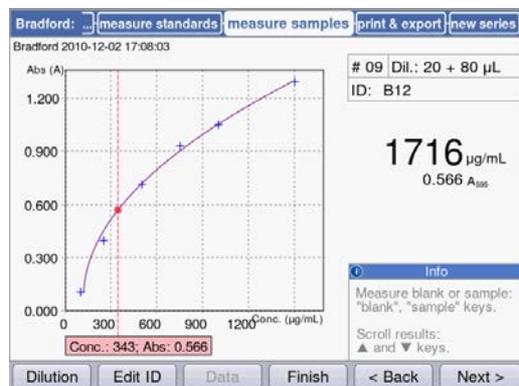
### Touches programmables

- [Keyboard] : afficher le clavier.
- [abc] : passer entre les lettres majuscules et minuscules lorsque vous faites vos entrées sur le pavé numérique.
- [OK] : Confirmer l'entrée ID et retourner à la mesure d'échantillon.
- [Cancel] : Abandonner la saisie et retourner à la mesure d'échantillon.

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

## Affichage du résultat avec dilution et ID

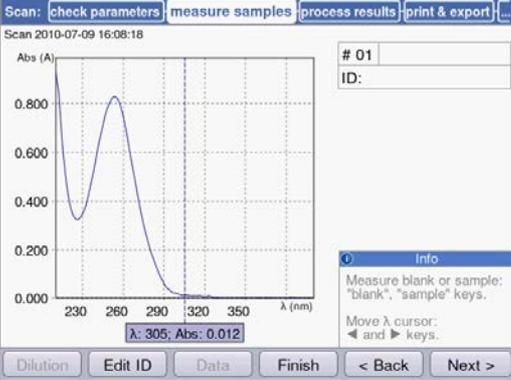
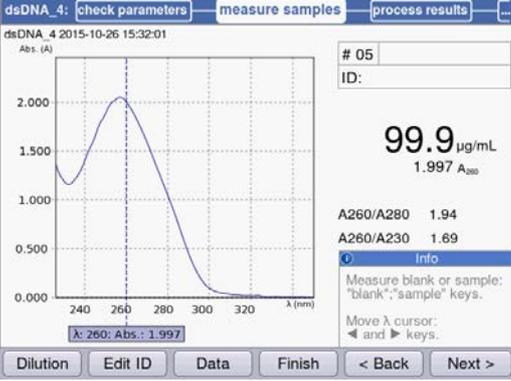


Affichage du résultat avec dilution et ID de l'échantillon.

## 6.4.4 mesurer les échantillons : Affichage des résultats

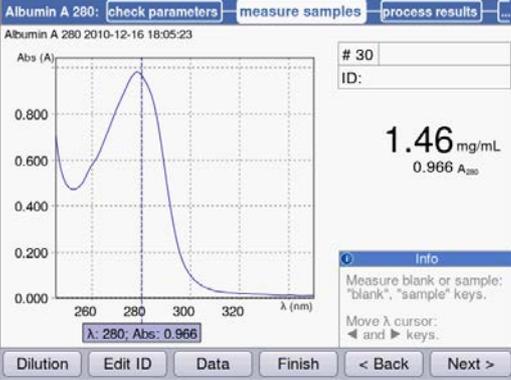
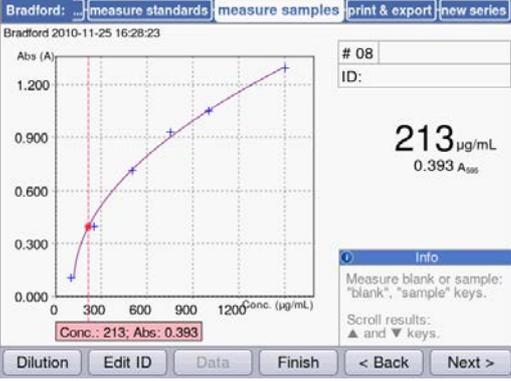
Pour tous les groupes de méthodes, cette section propose une représentation des résultats typiques et une vue d'ensemble des autres données de résultats disponibles à l'aide de la touche programmable [Data].

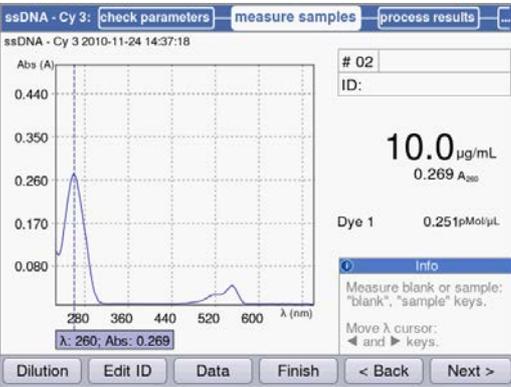
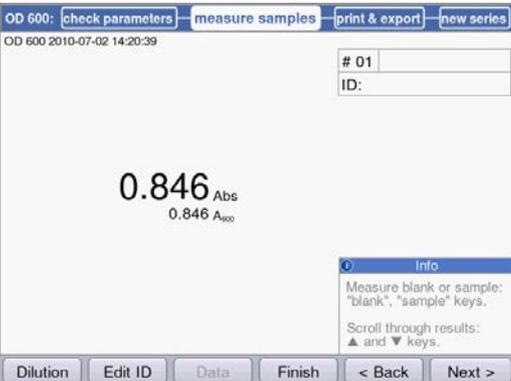
Groupe de méthodes	Affichage du résultat	Explication
<b>Groupe principal Absorbance</b>		
Single λ	<p>The screenshot shows the Single λ software interface. It displays the following information:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li># 01</li> <li>ID:</li> <li><b>4.390 A<sub>340</sub></b></li> <li>0.439 A<sub>301 mm</sub></li> </ul> <p>Navigation buttons include Dilution, Edit ID, Data, Finish, &lt; Back, and Next &gt;.</p>	<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Extinction à la longueur d'onde de mesure</li> <li>• Seulement en cas de dilution ou de cuve autre que 10 mm : Affichage supplémentaire de la valeur d'extinction avant la conversion.</li> </ul>
Multi λ	<p>The screenshot shows the Multi λ software interface. It displays the following information:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li># 01</li> <li>ID:</li> <li>λ 1 0.349 A<sub>230</sub></li> <li>λ 2 0.735 A<sub>200</sub></li> <li>λ 3 0.187 A<sub>280</sub></li> <li>λ 4 0.006 A<sub>320</sub></li> </ul> <p>Navigation buttons include Dilution, Edit ID, Data, Finish, &lt; Back, and Next &gt;.</p>	<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Extinctions aux longueurs d'onde de mesure</li> </ul> <p>Données complémentaires (touche programmable [Data]) :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Seulement en cas de dilution ou de cuve autre que 10 mm : Valeurs d'extinction avant le calcul.</li> </ul>

Groupe de méthodes	Affichage du résultat	Explication
Scan		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Balayage (graphique avec affichage de la longueur d'onde de l'extinction)</li> <li>• Naviguez entre les points de mesure du graphique avec ◀ et ▶.</li> </ul>
Transmission		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Transmission de l'échantillon en [%]</li> <li>• Les résultats des cuves ayant une épaisseur de couche inférieure à 10 mm sont marqués dans le résultat.</li> </ul>
<b>Groupe principal Routine</b>		
Nucleic acids		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de la concentration avec extinction à la longueur d'onde de mesure</li> <li>• Peut être désactivé dans les paramètres : Ratio A260/A280</li> <li>• Peut être désactivé dans les paramètres : Ratio A260/A230.</li> <li>• Peut être désactivé dans les paramètres : Scan.</li> </ul> <p>Naviguez entre les points de mesure du graphique pouvant servir au calcul du résultat, avec ◀ et ▶.</p> <p>Données complémentaires (touche programmable [Data]).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Valeur d'extinction à 280 nm.</li> <li>• Valeur d'extinction à 230 nm.</li> <li>• Valeur d'extinction pour la longueur d'onde d'arrière-plan.</li> </ul>

## Méthodes

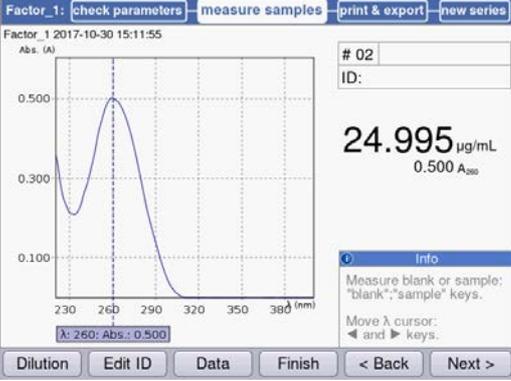
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Groupe de méthodes	Affichage du résultat	Explication
<b>Proteins direct UV</b>		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de la concentration avec extinction à la longueur d'onde de mesure</li> <li>• Peut être désactivé dans les paramètres : Scan. Naviguez entre les points de mesure du graphique pouvant servir au calcul du résultat, avec ◀ et ▶.</li> </ul> <p>Données complémentaires (touche programmable [Data]).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Valeur d'extinction à 260 nm.</li> <li>• Valeur d'extinction pour la longueur d'onde d'arrière-plan.</li> </ul>
<b>Proteins (with reagent)</b>		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de la concentration avec l'extinction à la longueur d'onde de mesure.</li> <li>• Pour évaluation avec série standard : Graphique de l'évaluation standard avec affichage du résultat de l'échantillon.</li> </ul>

Groupe de méthodes	Affichage du résultat	Explication
Dye labels		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de la concentration avec extinction à la longueur d'onde de mesure de la biomolécule.</li> <li>• À condition d'être activé dans les paramètres : Scan.</li> </ul> <p>Naviguez entre les points de mesure du graphique avec ◀ et ▶.</p> <p>Données complémentaires (touche programmable [Data]).</p> <p>Si les paramètres pertinents ont été activés :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Rapport A260/A280 et rapport A260/A230.</li> <li>• Valeurs d'extinction à 280 nm et 230 nm et pour la longueur d'onde de mesure du colorant.</li> <li>• Valeur FOI.</li> <li>• Valeurs d'extinction des longueurs d'onde d'arrière-plan.</li> </ul> <p>Lors de la mesure des protéines marquées au colorant, les rapports et FOI ne sont pas affichés.</p>
Bacterial density		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat calculé avec l'extinction de la longueur d'onde de mesure.</li> <li>• À condition d'être activé dans les paramètres : Scan.</li> </ul> <p>Naviguez entre les points de mesure du graphique avec ◀ et ▶.</p>

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Groupe de méthodes	Affichage du résultat	Explication
<b>Groupe principal Basic</b>		
Factor, standard		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de la concentration avec l'extinction à la longueur d'onde de mesure.</li> <li>• À condition d'être activé dans les paramètres : Scan. Naviguez entre les points de mesure du graphique avec ◀ et ▶.</li> <li>• La touche programmable [Data] permet d'afficher les valeurs d'extinction pour les longueurs d'onde d'arrière-plan.</li> </ul>
Calibration curve	<p>Similaire à <i>Proteins (with reagent)</i> (voir ci-dessus)</p>	<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de la concentration avec l'extinction à la longueur d'onde de mesure.</li> <li>• Graphique de l'évaluation standard avec affichage du résultat de l'échantillon.</li> </ul>
<b>Groupe principal Advanced</b>		
Dual wavelength		<p>Affichage du résultat :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Résultat de concentration : Calcul effectué à partir de <math>A_{calc.}</math> avec facteur ou évaluation standard.</li> <li>• <math>A_{calc.}</math> : Calculé au moyen de la formule définie dans les paramètres à partir des extinctions mesurées pour les deux longueurs d'onde.</li> <li>• Valeurs d'extinction mesurées pour les deux longueurs d'onde.</li> </ul> <p>Données complémentaires (touche programmable [Data]). Si les paramètres pertinents ont été activés :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Valeur d'extinction pour la longueur d'onde d'arrière-plan.</li> </ul>

### 6.4.5 process results

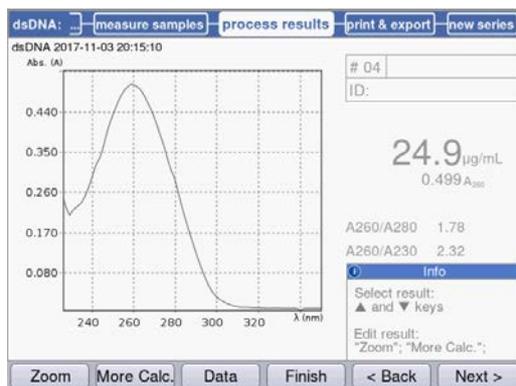
Après la mesure d'échantillon, deux étapes optionnelles suivent dans le déroulement de la méthode : **process results** et **print & export**.

Dans l'étape **process results**, vous pouvez ajuster les résultats de certaines méthodes. Exemple : Modification de l'extrait de spectre d'un scan.

Comme dans l'affichage des résultats, vous pouvez naviguer entre les résultats de l'échantillon avec les touches curseur ▲ et ▼ pour sélectionner certains résultats à réajuster.

Tab. 6-3: Options : Vue d'ensemble

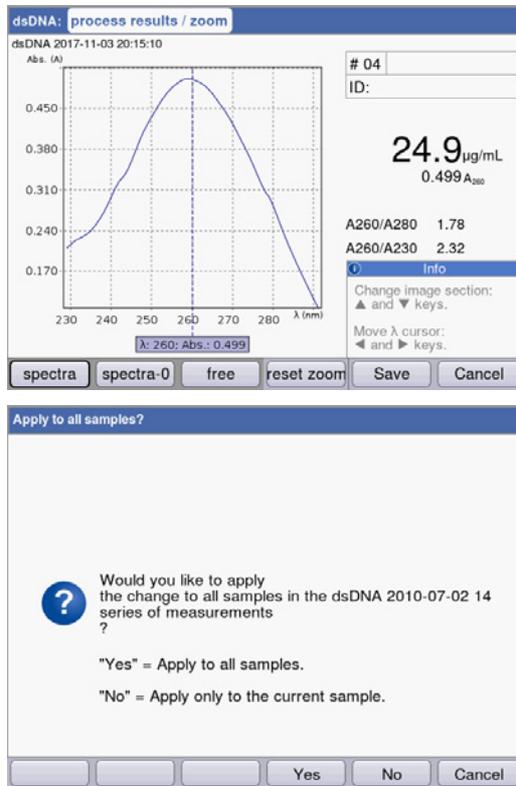
Option	Explication	Disponible dans la méthode
Zoom	Modifier la limite des axes dans les graphiques des longueurs d'onde d'extinction afin d'afficher uniquement les sections agrandies du graphique.	En règle générale, s'applique à toutes les méthodes pour lesquelles le paramètre <b>Scan</b> a été activé. <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Multi λ</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	Conversion des résultats de la concentration en concentrations molaires et (après la saisie du volume) en quantités totales.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Nucleic acids</b></li> <li>• <b>Dye labels</b> (avec acides nucléiques comme biomolécule)</li> </ul>
Peak detection	Identification des pics dans les spectres de longueurs d'onde d'extinction.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Scan</b></li> </ul>



Les options d'ajustage du résultat sont proposées sur les deux touches programmables de gauche. Dans cet exemple : [Zoom] et [More Calculations].

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)



Après les modifications, vous pouvez quitter le mode actuel avec les deux touches programmables de droite :

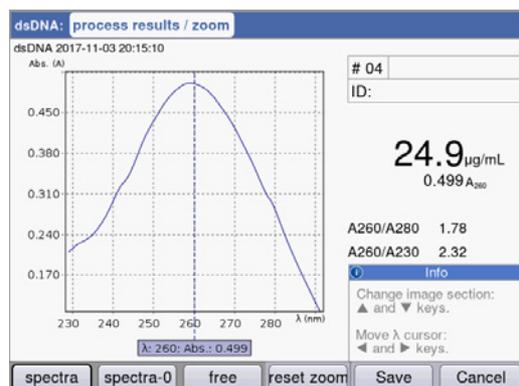
- [Save] : Sauvegarder la modification et retourner à l'étape **process results**.
- [Cancel] : Arrêter et retourner à l'étape **process results**.

Après l'enregistrement des modifications, faites [Yes] pour les transmettre à tous les échantillons de la série.

## 6.4.6 résultats du processus Options

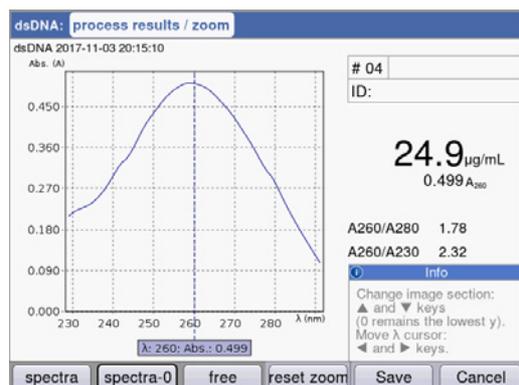
### Zoom

Pressez la touche programmable [Zoom] et sélectionnez l'une des variantes suivantes.



Variante [spectra]:

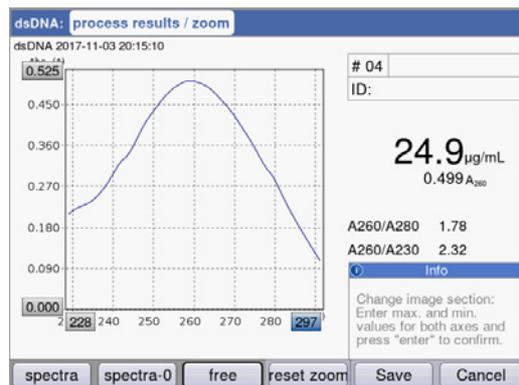
- Touches de curseur  $\leftarrow$  et  $\rightarrow$  : Déplacer le curseur de longueur d'onde. Il détermine le centre du zoom appliqué à l'axe x.
- Touches de curseur  $\uparrow$  et  $\downarrow$  : Agrandir et réduire progressivement la section de l'axe x affichée en recourant au procédé SpectraZoom. La section de l'axe y affichée est adaptée automatiquement à chaque étape de manière à obtenir une exploitation optimale du maximum et du minimum des données à représenter.



Variante [spectra-0] :

Correspond à la variante [spectra] pourvue de l'exception:

La limite inférieure de la section de l'axe y représentée correspond toujours à "0 A".



Variante [free]:

Les limites d'intervalle des deux axes sont saisies librement.

Navigation entre les champs de saisie avec les touches curseur ( $\uparrow$ ,  $\downarrow$ ,  $\leftarrow$ ,  $\rightarrow$ ).

Dans ces 3 variantes, la touche programmable [reset zoom] permet de rétablir la représentation initiale du spectre.

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### More calculations

Pressez la touche programmable [More calc.].

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

Entries: # 13  
ID:

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

Calculations: 6.0 µg/mL  
dsDNA: 0.120 A<sub>260</sub>  
0.6 µg total amount in sample  
30.7 pmol/mL  
3.1 pmol total amount in sample

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: # 03  
ID:

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

Calculations: 9.0 µg/mL  
ssDNA: 0.244 A<sub>260</sub>  
0.5 µg total amount in sample  
Dye 1 0.214 pMol/µL  
Cy3: 0.214 pMol/µL  
10.7 pmol total amount in sample

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

Save Cancel

#### Groupe de méthodes **Nucleic acids**:

- Après avoir entré la masse molaire (alternativement en bases/paires de bases ou en kDa) : Convertir le résultat de concentration en concentration molaire.
- Après avoir entré le volume d'échantillon : Calculer la quantité totale dans l'échantillon.

#### Groupe de méthodes **Dye labels**:

##### Acide nucléique:

- Après avoir entré la masse molaire (alternativement en bases/paires de bases ou en kDa) : Convertir le résultat de concentration en concentration molaire.
- Après avoir entré le volume d'échantillon : Calculer la quantité totale dans l'échantillon.

##### Colorant :

- Après saisie du volume de l'échantillon : Calculer la quantité totale dans l'échantillon.



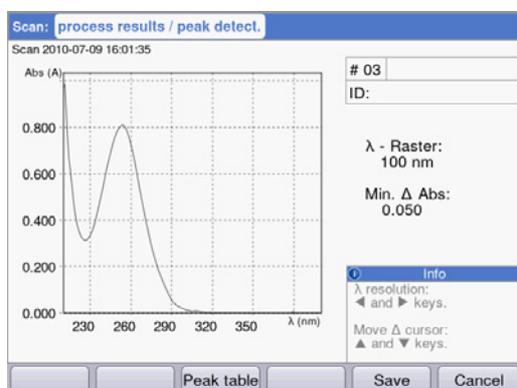
- Pour **dsDNA**, la concentration molaire est calculée avec une acide nucléique à double brin. Pour les méthodes **ssDNA**, **RNA** et **Oligo**, on supposera une acide nucléique à simple brin.
- Pour les méthodes qui ont été reprogrammées dans le groupe principal **Routine**, groupe **Nucleic acids** via **<New Method>**, la concentration molaire sera toujours calculée à partir d'acides nucléiques à double brin.

## Peak detection

Pressez la touche programmable [Peaks]. Pour la détection de pic, vous choisissez entre deux critères :

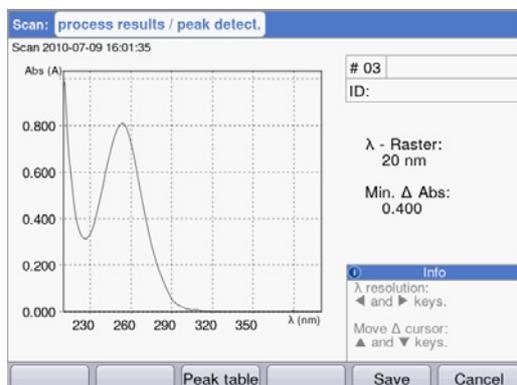
- **Trame  $\lambda$**  : Trame d'évaluation de la détection de pic sur l'échelle de longueurs d'onde (par ex. 10 nm).  
Exemple 10 nm : L'extrait du spectre de -5 nm à +5 nm est évalué en prenant référence sur le pic à identifier.
- **Min.  $\Delta$  Abs** : Différence minimum entre le pic à identifier et l'extinction la plus faible de la trame d'évaluation. Parallèlement, aucune valeur d'extinction de la trame ne doit être supérieure à la valeur du pic (par ex. : 0.5).

## Exemples :



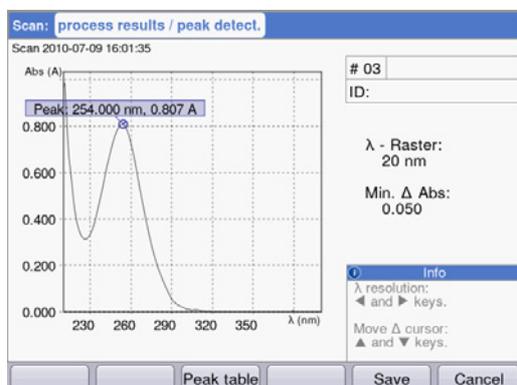
Trame  $\lambda$  : 100 nm, au moins  $\Delta$  Abs : 0.050:

Le pic n'est pas reconnu, car la trame  $\lambda$  est trop élevée : Les extinctions sur le bord gauche de la trame sont plus grandes que l'extinction du pic.



Trame  $\lambda$  : 20 nm, au moins  $\Delta$  Abs : 0.200:

Le pic n'est pas identifié car la valeur prescrite pour **Écart min  $\Delta$**  est trop élevée. La différence entre l'extinction du pic et l'absorbance minimum de la trame est inférieure à 0,2 A.



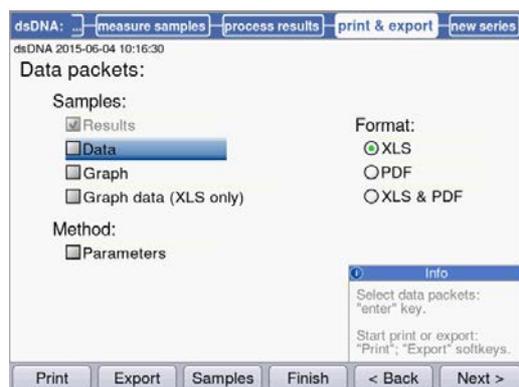
Trame  $\lambda$  : 20 nm, au moins  $\Delta$  Abs : 0.050:

Le pic est identifié.

### 6.4.7 print & export

Dans la dernière étape optionnelle de la méthode, vous pouvez réunir des paquets de données pour tous les échantillons ou pour certains échantillons d'une série de mesures :

- pour l'impression sur l'imprimante
- pour l'exportation sur une clé USB
- pour l'exportation par câble USB directement sur un PC
- pour l'exportation par E-Mail



#### Sélection de paquets de données

- Naviguez avec les touches curseur et confirmez avec **enter**.

#### Sélectionner un format

- XLS : Exporter sous forme de tableau Excel.
- PDF : Exporter sous forme de PDF ou imprimer.

#### Touches programmables

- [Print] : Démarrer l'impression.
- [Export] : Démarrer l'exportation.
- [Sample] : Sélectionner des résultats d'échantillons.

#### Sélection de paquets de données

Results	Données de résultats primaires ; sans sélection car elles sont toujours transmises.
Data	Données de résultats supplémentaires qui sont affichées parmi les résultats pendant la mesure, en pressant la touche programmable [Data].
Graph	Spectre de longueurs d'onde d'extinction.
Graph data	Les données de base numériques du graphique. « export only » uniquement pour l'exportation et non pour l'impression.
Parameters	Paramètres des méthodes
Standards/Results	Données de résultats de l'évaluation standard.
Standards/Graph	(Seulement avec les évaluations standard avec plusieurs étalons :) Graphique extinction-concentration.

Suivant la méthode et le réglage des paramètres, seuls les paquets de données disponibles sont proposés.

### Sélectionner des résultats d'échantillons



#### Sélection des échantillons

- Pressez la touche programmable [Samples] pour appeler la sélection des échantillons.
- Naviguez avec les touches curseur et confirmez avec **enter**.

#### Touches programmables

- [Select all] : Sélectionner tous les échantillons
- [De-Sel. all] : Remettre à zéro la sélection.

### Démarrer l'exportation

Les données sont transmises sous forme de fichier Excel (.xls) ou de PDF. Les fichiers Excel sont lisibles à partir d'Excel 97. Le système crée un tableau Excel pour chacun des paquets de données sélectionnés. Le nom du fichier est constitué du nom de la méthode, de l'heure et de la date de la série de mesures.



#### Sélection de la variante d'exportation

- Naviguez avec les touches curseur et confirmez avec **enter**.
- Exportation vers un support de mémoire externe : Enregistrer les fichiers sur une clé USB. S'il n'y a pas de clé USB connectée, cette variante ne sera pas disponible.
- Exporter vers un PC : Enregistrer les données sur un PC.
- Exporter par e-mail : Envoyer les données à une adresse e-mail.

### Exportation sur clé USB

1. Connectez une clé USB, format FAT-32, au port USB **4** (voir *Aperçu des produits à la page 15*).
2. Démarrez en faisant [Export] « Export to external storage medium ».

#### Exporter sur PC

Prérequis pour le système d'exploitation du PC : Windows XP, SP2 ou plus.

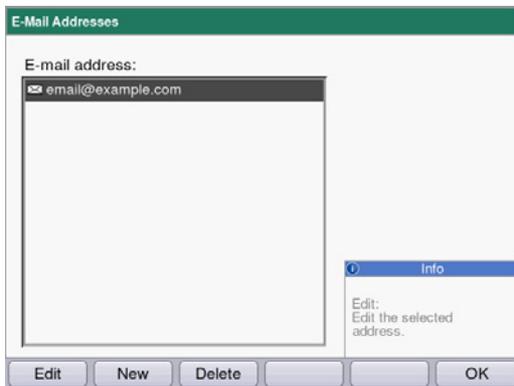
1. Connectez le câble USB de l'appareil au port USB du PC **8** (voir *Aperçu des produits à la page 15*).
2. Avant de renouveler l'exportation, vérifiez que les données auparavant exportées ont été enregistrées sur le disque dur du PC, sans quoi elles seront recouvertes.
3. Démarrez avec [Export] « Exporter vers PC ».
4. Le paquet de données exporté est affiché sur votre PC sous forme de support de données amovibles du nom "eppendorf". Ouvrez le fichier figurant sur ce lecteur et enregistrez-le sur le disque dur.

## Méthodes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

### Exporter vers une adresse E-mail

1. Sélectionnez une adresse e-mail dans la liste ou sélectionnez « Edit ».
2. Démarrez avec [Export] l'« expédition à une adresse e-mail ».



### Modifier les adresses e-mail

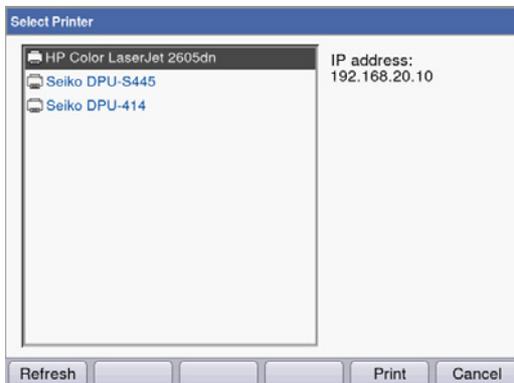
- Choisir dans la liste déroulante « Edit » et confirmer avec **enter**. Une fenêtre s'ouvre dans laquelle vous pouvez modifier les adresses e-mail.
- [Edit] : Modifier une adresse e-mail.
- [New] : Créer une nouvelle adresse e-mail.
- [Delete] : Effacer une adresse e-mail.

### Démarrer l'impression

Vous pouvez imprimer les données avec l'imprimante en réseau ou avec une imprimante connectée par USB.



Si l'appareil est connecté à un réseau, toutes les imprimantes compatibles en réseau sont automatiquement détectées et affichées. S'il n'y a pas de connexion réseau, on ne peut sélectionner qu'une imprimante USB connectée.

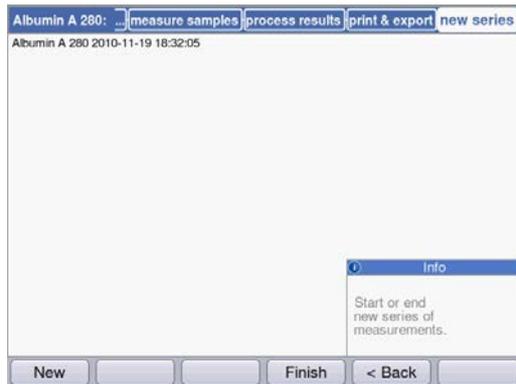


1. Sélectionner une imprimante.
2. Commencez avec [Print] l'impression des données.

## 6.4.8 Clôturer la série de mesures

Après la dernière étape **print & export**, vous pouvez lancer une nouvelle série de mesures avec la méthode choisie ou sélectionner une nouvelle méthode.

### Clôturer une série de mesures et lancer une nouvelle série



- Touche programmable [Next >] : Appeler l'étape de méthode **new series**
- Touche programmable [New] : Appeler l'étape de méthode **échantillons de mesure** et démarrer une nouvelle série de mesures.

### Clôturer la série de mesures et sélectionner une nouvelle méthode

- Touche programmable [Finish] : Terminer la série de mesures et appeler la sélection de la méthode.

**Méthodes**

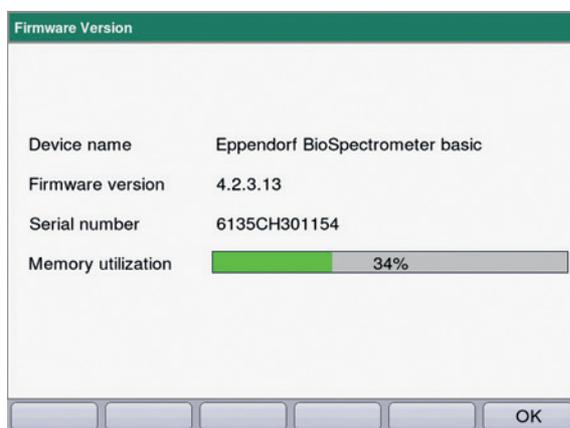
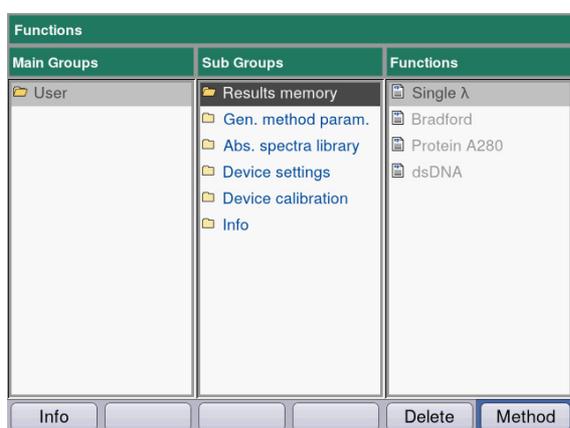
Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

## 7 Fonctions

### 7.1 Fonctions du groupe principal *User*

Utilisez la touche **function** ou la touche programmable [Function] pour accéder à un menu de fonctions comme les réglages de l'appareil ou appeler les résultats enregistrés.

Les fonctions sont structurées de manière similaire à la sélection de la méthode, c'est-à-dire en 3 colonnes. Vous accédez aux fonctions dans le groupe principal *User*. Comme pour une méthode, vous naviguez à l'aide des touches curseur afin de sélectionner le sous-groupe désiré puis allez dans la colonne de droite pour y choisir la fonction demandée. Appelez la fonction avec **enter**.



- Touche programmable [Info] :
- Version du micrologiciel
  - Numéro de série du BioSpectrometer basic.
  - Utilisation de la mémoire actuelle

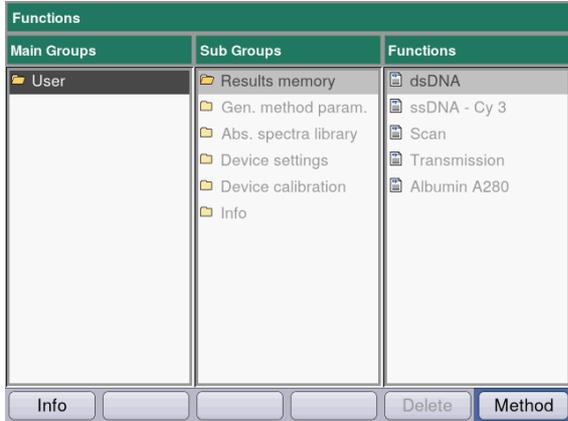
## Fonctions

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

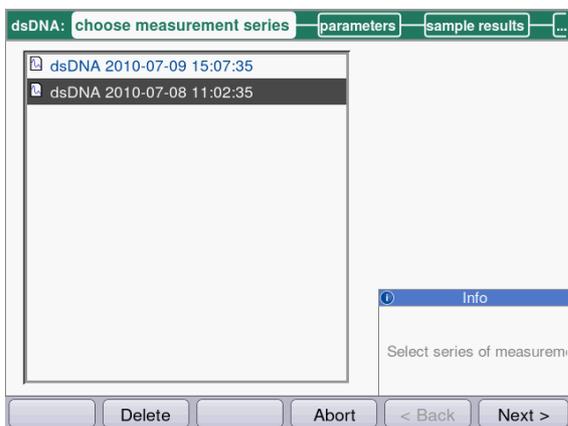
Tab. 7-1: Vue d'ensemble des fonctions

Sous-groupe	Explication
<b>Results memory</b>	<p>Affichage des résultats enregistrés. Les résultats sont classés et appelés d'après la méthode et la série de mesures utilisées. Ils peuvent être directement imprimés, exportés et effacés à partir de la mémoire. Il est possible d'effacer une, plusieurs ou la totalité des séries de mesures d'une méthode ou l'ensemble des résultats en mémoire.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Pour effacer la méthode et toutes les séries de mesures qui lui sont rattachées, appuyez sur la touche programmable <b>Delete</b>.</li> <li>▶ Confirmez avec <b>enter</b>.</li> </ul>
<b>General method parameters</b>	<p>Les paramètres généraux utilisés pour différentes méthodes sont enregistrés de manière centrale dans la partie <b>Fonctions</b>. Les paramètres ajustés en usine ne peuvent pas être effacés. Les paramètres créés sont modifiables. Dans l'étape <b>Check parameters</b> de la méthode, les paramètres généraux sont alors sélectionnés via les cases à cocher.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Proteins, Nucleic acids, Dyes</b> contiennent les paramètres utilisés dans les méthodes du groupe <b>Dye labels</b> et <b>Proteins direct UV</b>.</li> <li>• <b>Units</b> : Unités des résultats de la concentration, applicables à de nombreuses méthodes.</li> </ul>
<b>Absorbance spectra library</b>	<p>Spectres de longueurs d'onde d'extinction de substances importantes, par ex. ADN. Les spectres contiennent des informations utiles et peuvent servir à comparer le spectre du résultat d'un échantillon.</p>
<b>Device settings</b>	Réglages modifiables de l'appareil, par ex. langue.
<b>Device calibration</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Possibilité de contrôle du spectrophotomètre. Vous avez alors besoin d'un kit de filtres Eppendorf.</li> </ul>
<b>Info</b>	Licences Open-Source

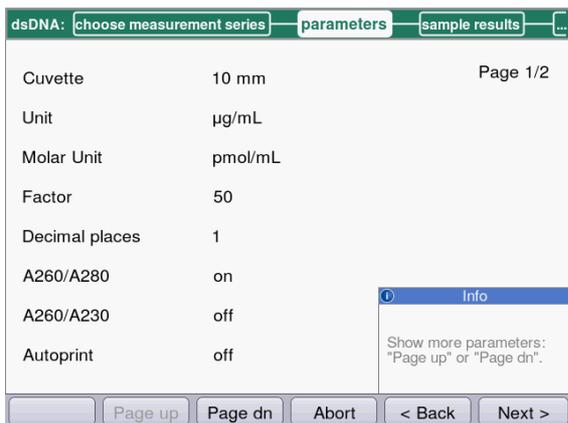
### 7.1.1 Results Memory



- ▶ Dans la colonne de droite, sélectionnez la méthode dont vous désirez appeler les résultats enregistrés.
- ▶ Pour effacer la méthode et toutes les séries de mesures qui lui sont rattachées, appuyez sur la touche programmable **Delete**.
- ▶ Confirmez avec **enter**.



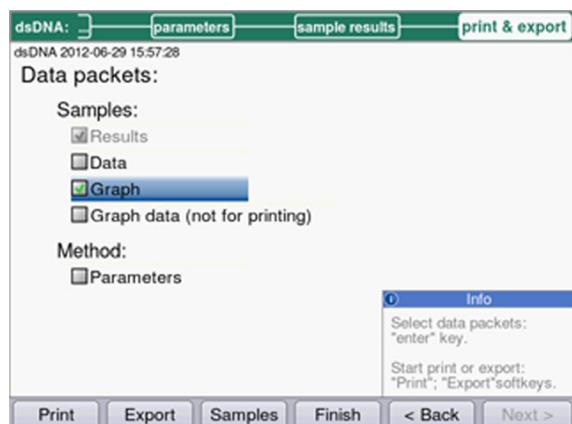
- ▶ Sélectionnez la série de mesures désirée avec les touches curseur.
- ▶ Pour effacer la méthode et toutes les séries de mesures qui lui sont rattachées, appuyez sur la touche programmable **Delete**.
- ▶ Confirmez avec **enter**.



Comme dans le déroulement de la méthode, vous pouvez passer successivement dans les affichages des paramètres, des standards, des résultats et enfin des paquets de données en vue de l'impression et de l'exportation. Les touches programmables correspondent au déroulement de la méthode.

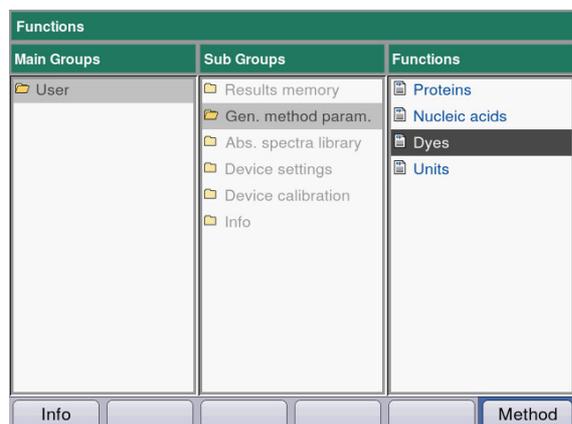
## Fonctions

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

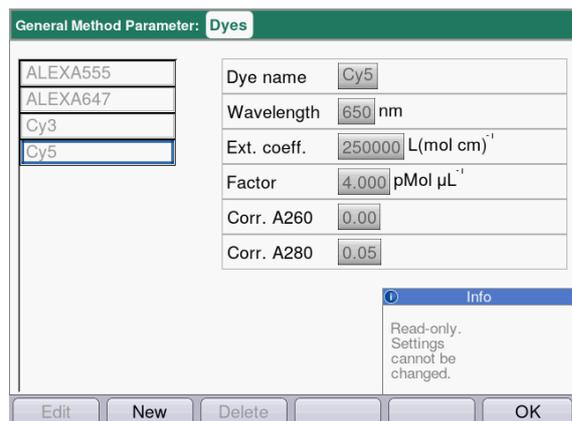


- ▶ Si vous désirez imprimer ou exporter des résultats, sélectionnez les paquets de données. Le déroulement de l'impression et de l'exportation ainsi que la signification des touches de fonction correspondent à l'étape de la méthode **print & export**.

### 7.1.2 General method parameters



- ▶ Dans la colonne de droite, sélectionnez le groupe de paramètres que vous désirez éditer.
- ▶ Confirmez avec **enter**.



Dans cet exemple, les groupes de paramètres sont résumés pour différents colorants (composants des méthodes Dye) et enregistrés sous un nom. Le groupe de paramètres désiré peut être importé sous ce nom dans le programme de la méthode, lors de l'édition d'une méthode Dye.

Les colorants disponibles en usine sont protégés en écriture et ne peuvent être ni modifiés ni effacés.

Affichage :

- à gauche : nom du colorant. Sélectionnez avec ▲ et ▼.
- à droite : paramètres correspondants

#### Touches programmables

- [Edit] : Éditer le groupe de paramètres sélectionné.
- [New] : Créer un nouveau groupe de paramètres.
- [Delete] : Effacer le groupe de paramètres sélectionné.
- [OK] : Revenir à la sélection de fonction.

- ▶ Pour éditer un groupe de paramètres, sélectionnez le paramètre à éditer avec ▲ et ▼.
- ▶ Confirmez avec **enter**.

### Touches programmables

- [OK] : Sauvegarder l'entrée et retourner à la sélection du groupe de paramètres.
- [Cancel] : Revenir à la sélection du groupe de paramètres sans modification.

Lors de la programmation d'une méthode des groupes **Dye labels** ou **Proteins direct UV**, vous pouvez accéder aux entrées dans **General Method Parameter** :

Sélectionnez le nom du colorant pour importer le groupe de paramètres pertinent dans le programme. Sélectionnez « edit » dans le paramètre « Nucleic acid » pour accéder directement à la fonction **General Method Parameter** et visualiser ou éditer les paramètres.

## Fonctions

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

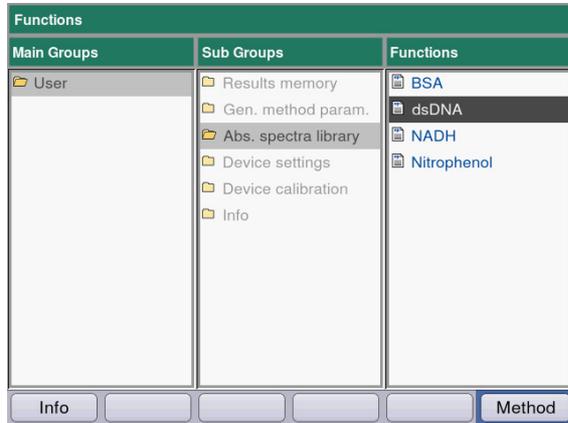
Tab. 7-2: Paramètres dans General Method Parameter

Paramètres	Explication
<b>Protéines</b>	Ces paramètres sont téléchargés dans la méthode lors de la sélection d'une protéine, avec programmation d'une méthode du groupe <b>Dye labels</b> et <b>Proteins direct UV</b> . Les paramètres disponibles en usine sont protégés en écriture et ne peuvent être ni modifiés ni effacés.
<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>	Outre le nom et la longueur d'onde, vous pouvez saisir les données suivantes pour définir le facteur nécessaire au calcul de la concentration à partir de l'extinction : facteur <b>ou</b> $A_{0,1\%}$ <b>ou</b> coefficient d'extinction et masse molaire.
<b>Nucleic acids</b>	Lors de la sélection d'un acide nucléique, ces paramètres sont téléchargés dans la méthode du groupe <b>Dye labels</b> . Les paramètres disponibles en usine sont protégés en écriture et ne peuvent être ni modifiés ni effacés.
<ul style="list-style-type: none"> <li>• NA name</li> <li>• Factor</li> <li>• Double-stranded</li> </ul>	Le facteur est utilisé pour calculer la concentration à partir de l'extinction. Le paramètre Double-stranded influence le calcul de la concentration d'acide nucléique (voir <i>Conversion en concentrations molaires et quantités d'acides nucléiques à la page 100</i> )
<b>Dyes</b>	Lors de la programmation d'une méthode du groupe <b>Dye labels</b> , ces paramètres sont téléchargés dans la méthode en sélectionnant un colorant (Dyes). Les paramètres disponibles en usine sont protégés en écriture et ne peuvent être ni modifiés ni effacés.
<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>	Outre le nom, vous définissez le facteur nécessaire au calcul de la concentration à partir de l'extinction en saisissant les données suivantes : facteur <b>ou</b> coefficient d'extinction. Les facteurs de correction des extinctions à 260 ou 280 nm sont utilisés lorsque la fonction de correction est activée dans les paramètres de la méthode. Pour en savoir plus, veuillez consulter le chapitre sur l'évaluation (voir <i>Correction A<sub>260</sub> et correction A<sub>280</sub> à la page 99</i> ).
<b>Units</b>	Lors de la programmation des paramètres d'une méthode, vous pouvez sélectionner une unité parmi toutes celles qui sont disponibles. Les unités utilisées dans les méthodes préprogrammées sont sur fond gris et ne peuvent pas être effacées.
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Unit</li> </ul>	Saisissez une unité non programmée pour le résultat de la concentration.

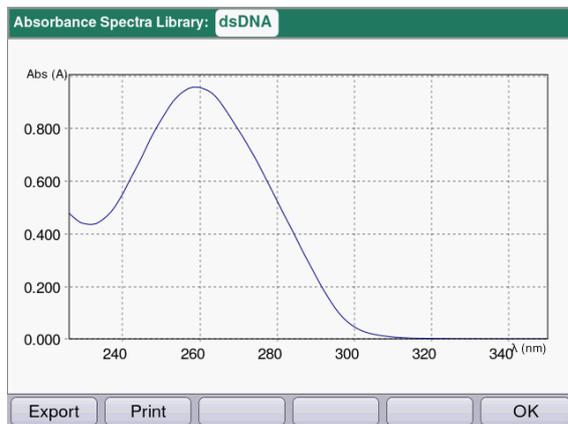


- Il est possible de déterminer les données des protéines qui ne sont pas préprogrammées en usine dans la banque de données expasy : <http://www.expasy.org/tools/protparam.html>.
- Vous trouverez aussi un tableau avec des valeurs  $A_{1\%}$  pour de nombreuses protéines dans : C.N.Pace et al., Protein Science (1995), 4 : 2411–2423 (tableau 5). Les valeurs  $A_{1\%}$  doivent être multipliées par 0,1 pour obtenir les valeurs  $A_{0,1\%}$  nécessaires.

### 7.1.3 Absorbance spectra library



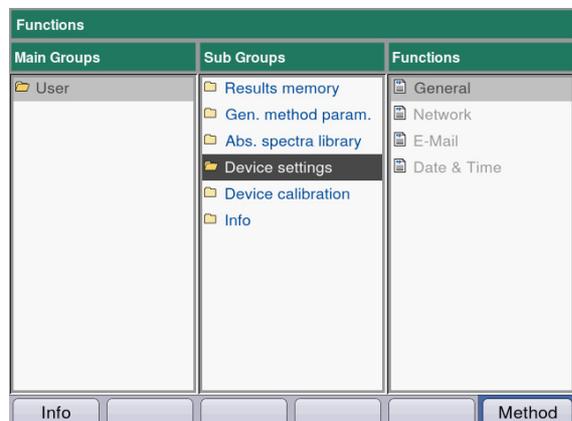
Dans la colonne de droite, sélectionnez le spectre à activer et confirmez avec **enter**.



#### Touches programmables

- [Export] et [Print] : Exporter sur un PC ou imprimer avec une clé ou un câble USB (voir *print & export à la page 56*).
- [OK] : Revenir à la sélection de fonction.

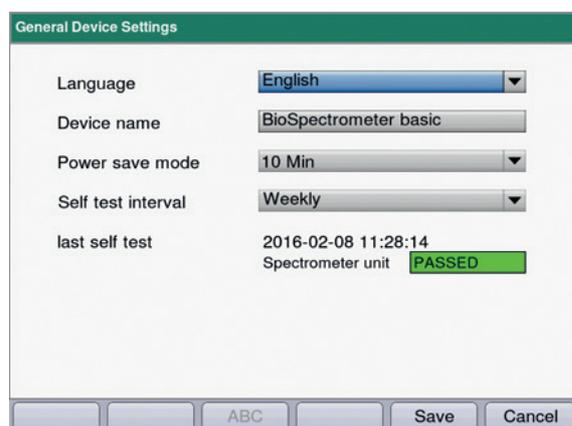
### 7.1.4 Device settings



Il est possible de modifier les réglages suivants :

#### Device Settings

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



#### General Device Settings

- Sélectionner la langue : Allemand, anglais, français, espagnol, italien, japonais\*).
- Nom de l'appareil
- Intervalle de temps pour l'activation du mode d'économie d'énergie.
- Régler la fréquence de l'auto-test après l'activation de l'appareil.
- Les informations sur le dernier auto-test sont affichées.

\*) Lorsque l'on change de langue, p.ex pour passer au japonais, la police de caractères est modifiée. Suite à cela, il est possible que certaines parties du texte ne s'affichent pas correctement.

- ▶ Mettre l'appareil hors tension puis de nouveau sous tension. Les langues s'affichent correctement après le redémarrage.

#### Touches programmables

- [Save] : Sauvegarder les modifications et retourner dans la sélection des fonctions.
- [Cancel] : Revenir à la sélection du groupe de paramètres sans modification.

### Network Settings

Demandez à votre administrateur réseau quels réglages sont nécessaires.

- Choisir si les paramètres IP doivent être définis automatiquement par DHCP. Les paramètres IP peuvent aussi être entrés manuellement.
  - Adresse IP
  - Masque de sous-réseau
  - Gateway standard
- Sélectionner si les réglages d'ADN doivent être effectués automatiquement par DHCP (disponible seulement si les paramètres IP sont obtenus directement par DHCP). Les paramètres ADN suivants peuvent être entrés manuellement :
  - Serveur ADN primaire
  - Serveur DNS secondaire

### Touches programmables

- [MAC Info] : Informations sur les paramètres réseau.
- [Save] : Sauvegarder les modifications et retourner dans la sélection des fonctions.
- [Cancel] : Revenir à la sélection du groupe de paramètres sans modification.

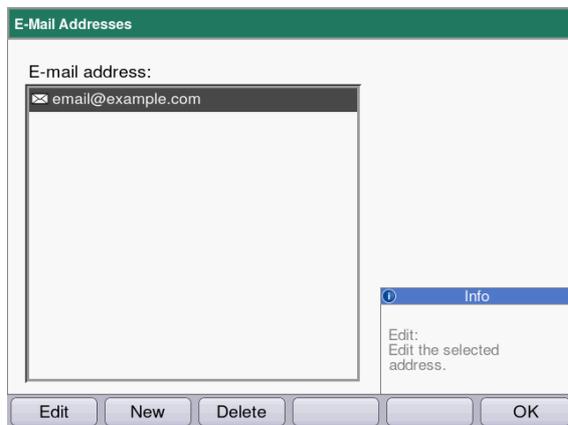
### Email Settings

Demandez à votre administrateur réseau quels réglages sont nécessaires.

- Serveur SMPT : Entrer le serveur d'e-mail.
- Entrer le port.
- Expéditeur : Entrer le nom de l'appareil.
- Utiliser une authentification SMTP : Si une authentification est nécessaire, un nom d'utilisateur et un mot de passe doivent être attribués.
- Récepteur de l'adresse E-mail : Liste des adresses e-mail.

## Fonctions

Eppendorf Biospectrometer® basic  
Français (FR)

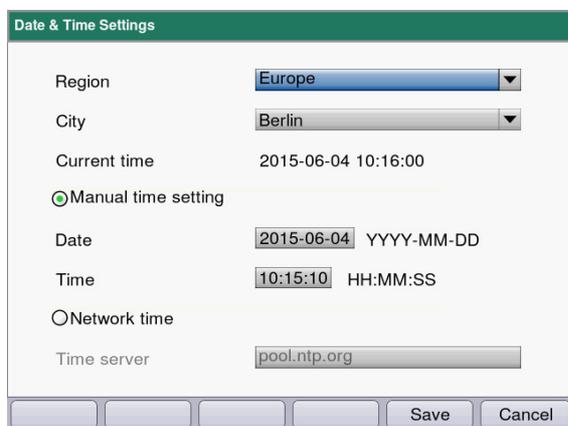


### Modifier les adresses e-mail

- Choisir dans la liste déroulante « Edit » et confirmer avec **enter**.  
Une fenêtre s'ouvre dans laquelle vous pouvez modifier les adresses e-mail.

### Touches programmables

- [Edit] : Modifier une adresse e-mail.
- [New] : Créer une nouvelle adresse e-mail.
- [Delete] : Effacer une adresse e-mail.



### Date and Time Settings

- Sélectionner une région.
- Sélectionner une ville.
- Affichage de l'heure
- Réglage manuel de l'heure : Régler la date et l'heure.
- Heure réseau  
Serveur d'horloge : Entrer le serveur d'horloge voulu.

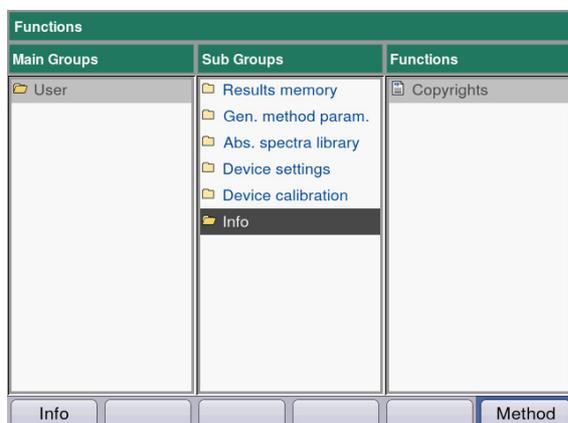
### Touches programmables

- [Save] : Sauvegarder les modifications et retourner dans la sélection des fonctions.
- [Cancel] : Revenir à la sélection du groupe de paramètres sans modification.

## 7.1.5 Device calibration

L'étalonnage est décrit séparément (voir *Contrôle de l'appareil à la page 73*).

## 7.1.6 Info



Dans l'élément du menu **Copyright**, vous trouverez des informations sur la licence du logiciel Open-Source.

## 8 Entretien

### 8.1 Nettoyer

---



#### **DANGER ! Risque d'électrocution causée par l'infiltration de liquide.**

- ▶ Mettez l'appareil à l'arrêt et débranchez la fiche secteur avant de commencer les travaux d'entretien et de nettoyage.
  - ▶ Empêchez tout liquide de pénétrer à l'intérieur du boîtier.
  - ▶ Ne nettoyez pas le boîtier avec un spray nettoyant/désinfectant.
  - ▶ Branchez l'appareil au secteur seulement quand il est complètement sec à l'intérieur et à l'extérieur.
- 



#### **AVIS ! Corrosion provoquée par des détergents et des désinfectants agressifs.**

- ▶ N'utilisez aucun produit d'entretien décapant ni produit de polissage abrasif ou contenant une solution agressive.
  - ▶ N'incubez pas les accessoires trop longtemps dans des détergents et des désinfectants agressifs.
- 

1. Essuyez les surfaces avec un chiffon imprégné d'un détergent doux.

#### **Nettoyage du puits de la cuve**

2. Ne nettoyez le puits de la cuve qu'avec des cotons-tiges non pelucheux imprégnés d'éthanol ou d'isopropanol. Évitez les pénétrations de liquide dans le puits de cuve. S'il était nécessaire de travailler à l'eau pour éliminer les salissures, imprégnez ensuite un coton-tige d'éthanol ou d'isopropanol et frottez pour accélérer le séchage du puits de la cuve.

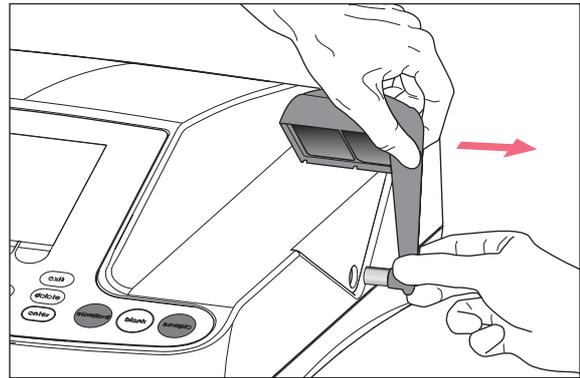
### 8.1.1 Nettoyage du couvercle du puits de la cuve

Si vous ne désirez pas nettoyer uniquement la surface directement accessible du couvercle de protection posé sur le puits de la cuve, vous pouvez démonter ce couvercle.



- ▶ Ne pas immerger le couvercle du puits dans du produit nettoyant.
- ▶ Nettoyez le couvercle du puits en procédant comme suit :

1. Soulevez le couvercle posé sur le puits de la cuve d'une main.
2. Posez l'autre main au niveau de la goupille de fermeture et tirez sur le côté droit du couvercle jusqu'à ce que la goupille de fermeture soit entièrement extraite.



- Tirez le couvercle vers la droite en respectant un angle de 90°.

3. Nettoyez le couvercle avec un chiffon ou un coton-tige non pelucheux que vous avez imprégné de produit nettoyant.
4. Glissez à fond la goupille de fermeture dans le boîtier.

La goupille de fermeture disparaît entièrement dans le boîtier.



Si vous n'utilisez pas le photomètre, posez le couvercle bleu sur le puits de la cuve pour le protéger de la poussière et des autres salissures.

## 8.2 Désinfection/Décontamination



### **DANGER ! Risque d'électrocution causée par l'infiltration de liquide.**

- ▶ Mettez l'appareil à l'arrêt et débranchez la fiche secteur avant de commencer les travaux d'entretien et de nettoyage.
- ▶ Empêchez tout liquide de pénétrer à l'intérieur du boîtier.
- ▶ Ne nettoyez pas le boîtier avec un spray nettoyant/désinfectant.
- ▶ Branchez l'appareil au secteur seulement quand il est complètement sec à l'intérieur et à l'extérieur.

1. Avant de le désinfecter, nettoyez l'appareil avec un produit nettoyant non agressif (voir *Nettoyer à la page 71*).
2. Choisissez une méthode de désinfection conforme aux dispositions et directives en vigueur pour votre domaine d'application.
3. Utilisez par exemple de l'alcool (éthanol, isopropanol) ou d'autres produits désinfectants à base d'alcool.
4. Passez un chiffon imbibé de produit désinfectant sur les surfaces.
5. Si le couvercle de protection du puits de la cuve doit être démonté pour être désinfecté, procédez au démontage et au montage comme indiqué dans (*voir Nettoyage du couvercle du puits de la cuve à la page 72*).
6. Vous pouvez désinfecter le couvercle de protection du puits de la cuve avec du spray désinfectant.

## 8.3 Contrôle de l'appareil

### **Prérequis :**

- Respectez les conditions d'environnement (*voir Conditions ambiantes à la page 91*).
- Réalisez le contrôle à env. 20 °C. Évitez les variations thermiques (p.ex. par l'ouverture de fenêtres).
- Retirez le filtre de la boîte de filtres juste avant usage et protégez-le de la poussière et de tout endommagement de sa surface.
- Protégez le filtre de la poussière, de la chaleur, des liquides et des vapeurs agressives.
- Lors de la vérification de l'unité de spectromètre: l'autocollant du filtre utilisé est tourné vers l'avant.
- Le puits de la cuve ne doit pas être encrassé.

### **8.3.1 Contrôle de l'unité de spectrométrie**

Pour contrôler l'exactitude photométrique et l'erreur systématique de longueur d'onde, Eppendorf propose un kit de filtres (kit de filtres de référence BioSpectrometer). Le kit contient un filtre témoin A0 et trois filtres A1, A2 et A3 pour contrôler l'exactitude photométrique ainsi que 3 filtres pour contrôler l'erreur systématique de longueur d'onde dans la plage de 260 nm à 800 nm. Les mesures des extinctions des filtres sont comparées à celles du filtre témoin A0. Outre l'exactitude, l'appareil contrôle également la précision des mesures : à partir des 15 mesures effectuées par longueur d'onde, il détermine non seulement la valeur moyenne mais aussi le coefficient de variation (cv).

## Entretien

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Pour la mesure, commencez par positionner le filtre témoin (pour la mesure de la valeur témoin) puis le filtre de contrôle ainsi que les cuves dans le puits de cuve. Les valeurs d'extinction mesurées pour le filtre de contrôle sont comparées à la plage de valeurs autorisée. Les valeurs limites de la plage autorisée sont imprimées sur chacun des filtres dans un tableau situé dans le couvercle de la boîte de filtres.

Si vous voulez documenter les valeurs, vous pouvez imprimer ou exporter les valeurs après une mesure. 12 contrôles au maximum sont enregistrés. Quand la mémoire est pleine, les valeurs du contrôle le plus ancien sont écrasées.

## BioSpectrometer reference filter set

eppendorf

Function : Device calibration/Spectrometer unit

Order No./Best. Nr.: 6135 928.001

Set No./Satz Nr.:956

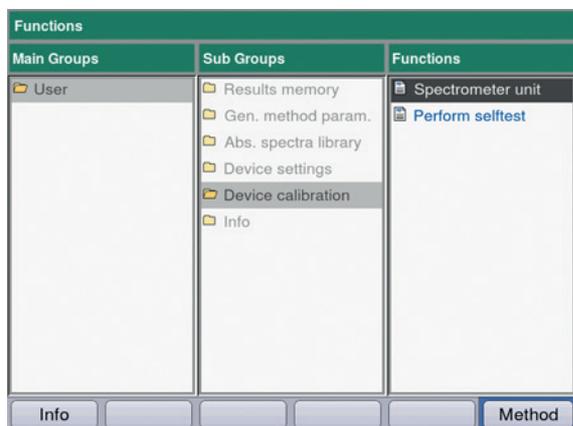
Limits measured against Blank A 0 at approx. 20°C Grenzwerte gemessen gegen Blank A 0 bei ca. 20°C							
SN: 6135	914.956	916.956	917.956	937.956	921.956	922.956	923.956
Filter Type	Blank A 0	Sample 260 nm	Sample 280 nm	Sample 800 nm	Sample A 1	Sample A 2	Sample A 3
Limiting values (A)/Grenzwerte (E)							
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

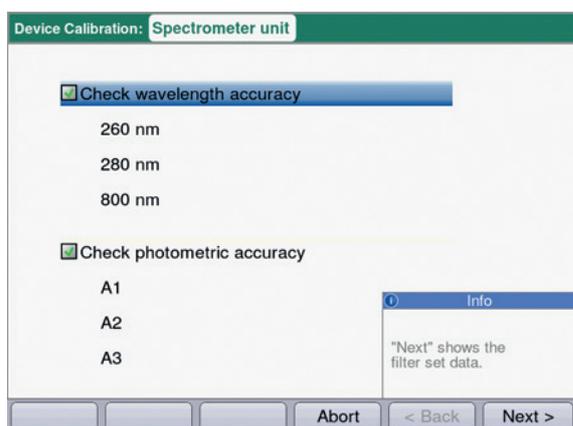
Fig. 8-1: Face intérieure du couvercle de la boîte de filtres (modèle)

### 8.3.1.1 Effectuer un contrôle de l'exactitude photométrique

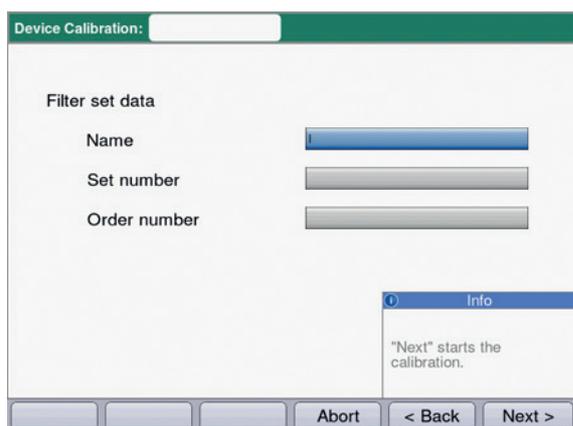
1. Dans le groupe **Device calibration**, sélectionnez la fonction **Spectrometer unit** et confirmez par **enter**.



2. Indiquez si vous souhaitez contrôler l'exactitude de longueur d'onde ou l'exactitude photométrique. Confirmez par **enter**.  
3. Passer avec [Next >] à l'étape suivante.

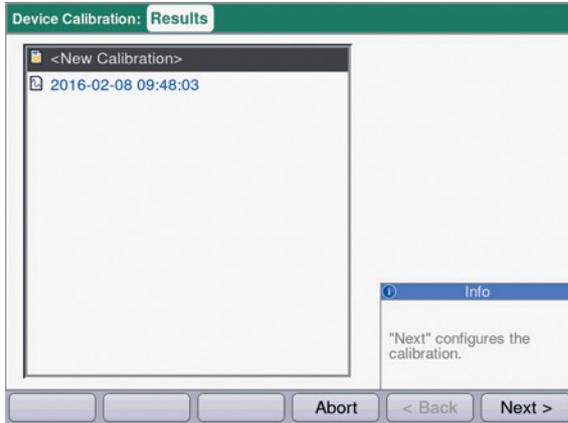


4. Remplir les champs de saisie. Les indications sont en option.  
5. Passer à l'étape suivante avec [Next >].

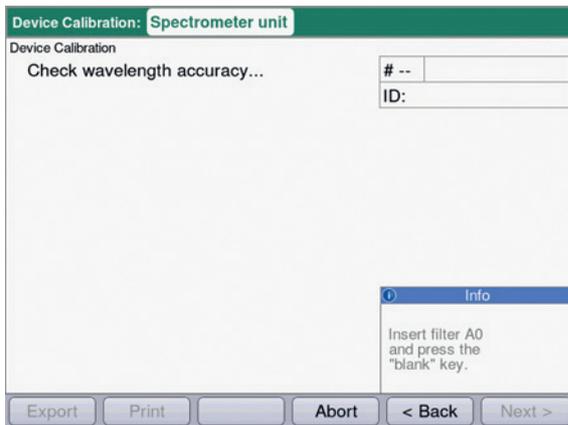




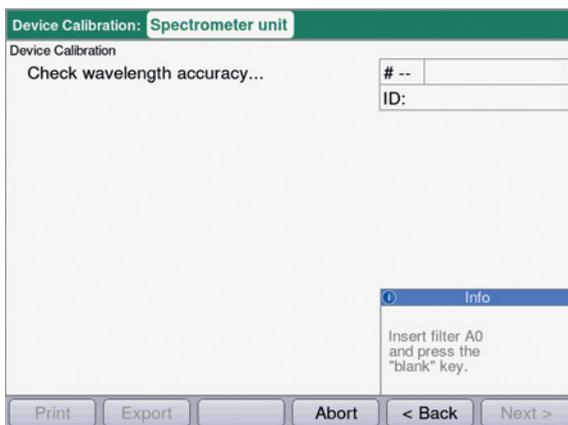
- Si l'étalonnage est effectué pour la première fois, l'étape 6 n'a pas lieu.
- Si l'étalonnage a déjà été effectué, les résultats des derniers étalonnages s'affichent.



6. Sélectionner <New Calibration> et démarrer le nouvel étalonnage avec [Next >].



7. Suivre les instructions dans la fenêtre *Info* et mesurer d'abord le filtre de valeur à blanc A0.



8. Après la valeur à blanc A0, commencer avec le premier filtre de contrôle.  
Dans la fenêtre *Info*, le filtre de contrôle attendu est affiché (ici : 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. Affichage du résultat après la mesure des 3 filtres de contrôle visant à tester l'exactitude photométrique.

Avec les touches ▲ et ▼, vous pouvez visualiser à nouveau les résultats des différents filtres de contrôle.

#### Touches programmables

- [Finish] : Terminer le contrôle.
- [Export] : Exporter les résultats sous forme de PDF.
- [Print] : imprimer les résultats.

10. Comparez les valeurs médianes et les valeurs du CV avec celles qui sont indiquées dans le tableau. Si les valeurs mesurées ne coïncident pas avec la plage de valeurs autorisée, adressez-vous à Eppendorf Service.

### 8.3.2 Auto-test de l'appareil

Vous pouvez régler la fréquence de l'auto-test (durée environ 1 minute) avec la fonction **Device settings** (voir *Device settings à la page 68*). L'**intervalle d'auto-test** est réglé en usine sur "hebdomadaire".

L'auto-test est consacré aux points suivants :

- Contrôle du détecteur
  - Détermination de l'erreur aléatoire sur tout le spectre disponible
- Contrôle de la source lumineuse
  - Contrôle de l'énergie de la source lumineuse maximum disponible et de la qualité de la transmission lumineuse dans l'appareil
  - Détermination de l'erreur aléatoire d'un signal sur le capteur de référence
  - Détermination de l'intensité du signal sur le capteur de référence
  - Détermination séparée de l'intensité lumineuse dans la plage UV
- Détermination de l'erreur aléatoire et systématique de la longueur d'onde
  - Position d'un pic d'intensité dans la plage UV du spectre
  - Précision de la position d'un pic d'intensité dans la plage UV du spectre

► Dans le groupe **Device calibration**, sélectionnez la fonction **Perform selftest** et confirmez par **enter**.

Après l'auto-test, le message **PASSED** apparaît sur l'affichage.

Si le message **FAILED** est affiché, cela signifie que l'auto-test n'a pas obtenu les résultats escomptés. Si l'erreur persiste, veuillez-vous adresser (voir *Messages d'erreur à la page 81*) au S.A.V Eppendorf.

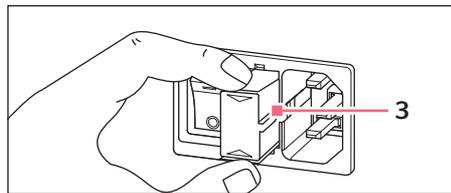
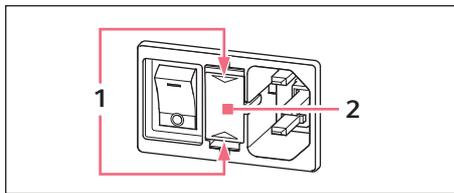
## 8.4 Changement de fusibles



### **DANGER ! Risque d'électrocution.**

- ▶ Mettez l'appareil à l'arrêt et débranchez la fiche secteur avant de commencer les travaux d'entretien et de nettoyage

Le porte-fusibles se trouve entre la prise de branchement au secteur et l'interrupteur général.



1. Débranchez la fiche secteur.
2. Pressez les ressorts en plastique **1** situés en haut et en bas et retirez entièrement le porte-fusibles **2**.
3. Remplacez les fusibles défectueux et remplacez le porte-fusibles. Veillez à bien positionner le rail de guidage **3**.

## 8.5 Décontamination avant l'expédition

Veillez tenir compte des informations suivantes si vous expédiez l'appareil pour réparation au service technique autorisé ou à votre distributeur agréé pour l'éliminer :



### **AVERTISSEMENT ! Risque pour la santé à cause d'appareils contaminés.**

1. Observez les remarques du certificat de décontamination. Vous trouverez ce dernier sous forme de document PDF sur notre site internet ([www.eppendorf.com/decontamination](http://www.eppendorf.com/decontamination)).
2. Décontaminez toutes les pièces que vous désirez expédier.
3. Complétez le certificat de décontamination et joignez-le à votre colis.

## 9 Résolution des problèmes

### 9.1 Pannes générales

Erreur	Origine	Dépannage
Les résultats des mesures sont imprécis.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La date de péremption du réactif est dépassée.</li> <li>• Réactif non préparé correctement.</li> <li>• Pipetage incorrect.</li> <li>• Déroulement incorrect de l'incubation avant la mesure.</li> <li>• Cuve sale.</li> <li>• Cuve pas remplie entièrement et la solution de mesure contient des bulles.</li> <li>• Solution de mesure troublée.</li> <li>• Le spectrophotomètre dérive.</li> <li>• Puits de cuve encrassé.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Vérifiez que la date de péremption du réactif n'est pas encore dépassée et qu'il est correctement préparé.</li> <li>▶ Utilisez pour la préparation, le cas échéant, de l'eau déminéralisée pure et de qualité suffisante.</li> <li>▶ Assurez-vous que la pipette est calibrée et fonctionne correctement.</li> <li>▶ Dans la mesure où l'application nécessite une incubation avant la mesure, assurez-vous que la température et le temps d'incubation sont bien respectés.</li> <li>▶ Nettoyez et rincez la cuve. En cas d'échange de cuve, veillez à préserver la propreté de la fenêtre optique et à ne pas mettre vos doigts dessus.</li> <li>▶ Lorsque la fenêtre de la cuve est salie par des traces de doigt, nettoyez-la avec un chiffon non pelucheux imbibé d'éthanol ou d'isopropanol.</li> <li>▶ Assurez-vous que le volume minimum requis dans la cuve pour une mesure est atteint, et que la solution de mesure est exempte de bulles.</li> <li>▶ Centrifugez les solutions de mesure troubles, contenant des particules et utilisez la fraction surnageante claire.</li> <li>▶ Veuillez vous adresser au S.A.V. Eppendorf.</li> <li>▶ Respectez les conditions d'environnement prescrites.</li> <li>▶ Évitez les variations de température.</li> <li>▶ Nettoyez le puits de la cuve.</li> </ul>

**Résolution des problèmes**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Erreur	Origine	Dépannage
<p>Les résultats de la mesure sont incorrects.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Méthode mal programmée.</li> <li>• Solution étalon non préparée correctement.</li> <li>• L'absorbance du réactif dérive.</li> <li>• La cuve n'est pas positionnée correctement.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Vérifiez que les paramètres de la méthode ont été saisis correctement.</li> <li>▶ Assurez-vous que le bon standard est utilisé et que la solution de mesure pour le standard est préparée correctement.</li> <li>▶ En cas d'absorbance instable du réactif associée à des méthodes au point final : lors de la mesure d'une grande série d'échantillons, mesurez la valeur à blanc du réactif non seulement au début, mais aussi pendant la série. En cas de forte dérive de la valeur à blanc du réactif, le réactif n'est pas adapté à des mesures exemptes d'erreurs, il faut donc le remplacer par un nouveau réactif.</li> <li>▶ Positionnez la cuve dans le puits de manière à orienter les fenêtres optiques dans le sens du faisceau lumineux.</li> <li>▶ Faisceau lumineux photométrie : de l'arrière vers l'avant</li> </ul>

## 9.2 Messages d'erreur

Vous pouvez faire disparaître les messages d'erreur s'affichant sur l'appareil avec la touche programmable [OK].

Les erreurs de système requièrent une évaluation par le service technique. Ces erreurs sont affichées en anglais (**System error ...**). Dans ce cas, veuillez vous adresser au service technique. Les autres messages d'erreur auxquels vous pouvez remédier vous-même sont listés dans le tableau suivant.

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
Échec de l'auto-test.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Le couvercle du puits de la cuve était ouvert lors de l'auto-test.</li> <li>Le puits de la cuve n'était pas vide lors de l'auto-test.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Refaites l'auto-test avec un puits vide et un couvercle fermé.</li> </ul>
	<ul style="list-style-type: none"> <li>L'appareil est défectueux.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Veuillez vous adresser au S.A.V. Eppendorf.</li> </ul>
Le fichier n'a pas pu être exporté.	Lors de l'exportation des données : <ul style="list-style-type: none"> <li>Clé USB mal formatée ou défectueuse.</li> <li>Clé USB retirée trop tôt de l'appareil (pendant l'exportation).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Reformatez la clé USB ou la remplacez.</li> <li>Reconnectez la clé USB et recommencez l'exportation.</li> </ul>
L'imprimante n'a pas pu être réinitialisée.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Imprimante non connectée ou éteinte.</li> <li>Imprimante mal configurée.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Branchez l'imprimante et allumez-la.</li> <li>Reconfigurez l'imprimante.</li> </ul> Les réglages requis pour une bonne configuration de l'imprimante se trouvent dans le descriptif de l'installation (voir <i>Raccorder l'imprimante au port USB à la page 18</i> ).
Mesure du blanc : L'intensité d'un pixel ayant une influence sur une longueur d'onde de balayage ou sur une longueur d'onde principale ou secondaire est trop faible.	<ul style="list-style-type: none"> <li>La solution témoin utilisée pour la mesure du blanc a une extinction trop élevée.</li> <li>Solution témoin erronée ou trouble.</li> <li>Pour les balayages : plage de longueurs d'onde trop grande, car l'échantillon absorbe beaucoup de lumière sur une partie de la plage de longueurs d'onde.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Contrôlez la solution témoin, le cas échéant, refaites la mesure du blanc.</li> <li>Pour les balayages : adaptez la plage de longueurs d'onde au spectre de l'échantillon.</li> </ul>
Le nom saisi n'est pas valable.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Erreur de saisie des noms. Différentes causes sont possibles. Pour connaître la raison concrète, observez l'information figurant dans la fenêtre d'aide.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Voir l'information de la fenêtre d'aide.</li> </ul>

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
Il existe déjà une application (ou un dossier, colorant, protéine, acide nucléique, unité) portant ce nom.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Le nom sous lequel est enregistrée l'application a déjà été utilisé pour une autre application du même dossier.</li> <li>Le message apparaît également lorsque des noms déjà donnés ont été édités pour un dossier ou un (sous <b>General Method Parameter</b>) un acide nucléique (colorant, protéine, unité de concentration).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Modifiez les noms.</li> </ul>
Les valeurs de paramètres suivantes ne sont pas définies dans <b>General Method Parameter</b> :	<ul style="list-style-type: none"> <li>Lors de l'ouverture d'une application dont les paramètres sont issus de <b>General Method Parameter</b>, on a constaté qu'au moins un paramètre (colorant, acide nucléique, protéine, unité) n'existe plus, et a donc vraisemblablement été effacé.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Sélectionnez un autre paramètre dans la liste existante. Si nécessaire, programmez dans <b>General Method Parameter</b> une nouvelle entrée pour pouvoir y accéder lors de la programmation d'une application.</li> </ul>
La valeur du paramètre marqué * n'est pas défini dans Gen. Meth. méth. gén. Veuillez corriger le paramètre.	<p>Ce message d'erreur s'affiche au moment de l'édition des paramètres de l'application.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Le paramètre n'est pas défini dans <b>General Method Parameter</b>.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Sélectionnez un autre paramètre dans la liste existante. Si nécessaire, programmez dans <b>General Method Parameter</b> une nouvelle entrée pour pouvoir y accéder lors de la programmation d'une application.</li> </ul>
Intervalle de zoom invalide.	<p>En cas de zoom avec saisie libre des limites (touche programmable [Free]) :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Les valeurs seuils de la plage de zoom ont été dépassées.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Entrez les valeurs de manière à ce que l'intervalle ne soit pas inférieur aux valeurs limites de 0,02 A et 10 nm.</li> </ul>
Les concentrations étalons entrées n'ont pas une croissance ou une décroissance monotone. Corriger les concentrations standard.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Voir texte d'erreur.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Veillez saisir les concentrations standards de telle manière à ce que le premier standard comprenne la concentration la plus faible, et que les autres concentrations standards forment une suite croissante.</li> </ul>
Au moins deux concentrations étalons entrées sont identiques. Corriger les concentrations standard.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Voir texte d'erreur.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Veillez saisir les concentrations standards de telle manière à ce que le premier standard comprenne la concentration la plus faible, et que les autres concentrations standards forment une suite croissante.</li> </ul>

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
Mesures pas strictement monotones !	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Erreur lors de la mesure d'une série standard : Les valeurs d'absorbance mesurées pour la série standard ne forment pas une séquence homogène de valeurs croissantes ou décroissantes.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Refaites les mesures standards ou effacez le résultat de mesure standard erroné.</li> </ul>
L'ID ne peut pas être défini.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Erreur à l'entrée de l'ID de l'échantillon. Différentes causes sont possibles. Pour connaître la raison concrète, observez l'information figurant dans la fenêtre d'aide.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Voir l'information de la fenêtre d'aide.</li> </ul>
La dilution ne peut pas être définie.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Erreur à l'entrée de la dilution. Différentes causes sont possibles. Pour connaître la raison concrète, observez l'information figurant dans la fenêtre d'aide.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Voir l'information de la fenêtre d'aide.</li> </ul>
Calcul impossible, car il s'agit d'une division par zéro. Résultat d'absorbance ou formule du paramètre "b" égaux à zéro.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Lors de l'évaluation d'une application de type <b>Division</b> (groupe d'applications <b>Dual wavelength</b>), une division par un résultat d'absorbance de valeur "zéro" a dû être effectuée. C'est mathématiquement impossible.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Contrôlez les réactifs et les échantillons utilisés et refaites la mesure.</li> <li>▶ N'attribuez pas la valeur "zéro" à la formule du paramètre <b>b</b>.</li> </ul>
Seule une mesure peut encore être réalisée dans cette série de mesures. Le nombre maximum de mesures dans une série de mesures est atteint.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Le nombre de mesures d'une série de mesures est limité à 99.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Démarrez une nouvelle série de mesures au bout de 99 mesures maximum.</li> </ul>

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
Intervalle de zoom invalide.	<p>Erreur à l'étape <b>process results</b> de l'application en mode zoom.</p> <p>Plage de zoom autorisée pour l'échelle des longueurs d'onde :</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Intervalle des longueurs d'onde d'au moins 10 nm</li><li>• Saisie des longueurs d'onde uniquement dans la plage programmée pour l'application dans les paramètres.</li></ul> <p>Plage de zoom autorisée pour l'échelle d'extinction :</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Intervalle minimum d'absorbance 0,02 A</li><li>• Limite supérieure et inférieure pour l'intervalle d'absorbances +3 A ou -3 A</li></ul>	<p>► Pendant le zoom, observez les limites mentionnées.</p>

### 9.3 Repérage des résultats

Les avertissements et messages d'erreur concernant les résultats s'affichent dans la fenêtre d'aide en bas à droite de l'affichage. En cas d'avertissement, la ligne d'en-tête de la fenêtre d'aide a un fond jaune, et en cas de message d'erreur, le fond est rouge.

Avertissements : à partir de l'avertissement affiché, déterminez si vous pouvez exploiter le résultat.

Messages d'erreur : Aucun résultat n'est affiché; des informations sont affichées à ce sujet dans le message d'erreur.

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
La courbe standard n'est pas monotone. Veuillez sélectionner un autre Curve Fit.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Lors de l'évaluation d'une courbe standard avec le procédé <b>Curve Fit</b> "rainure d'interpolation", "régression quadratique" ou "régression cubique", aucun résultat exploitable n'a été obtenu.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Choisissez un autre procédé <b>Curve Fit</b>.</li> </ul>
Certaines valeurs d'absorbance à des longueurs d'onde secondaire sont trop élevées et ne sont pas affichées.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Pour au moins une longueur d'onde secondaire, l'extinction était au-dessus de la plage de mesure.</li> <li>Des longueurs d'onde secondaire n'ont pas été intégrées au calcul du résultat de concentration mais utilisées à d'autres fins. Par ex. application <b>dsDNA</b> : absorbance à une longueur d'onde de 280 nm pour le calcul du rapport <b>260/280</b>.</li> <li>Solution de mesure troublée.</li> <li>Mesures aux limites de la plage de mesure photométrique.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Si les valeurs d'absorbance des longueurs d'onde secondaires sont importantes pour le calcul : diluez l'échantillon ou éliminez le trouble par centrifugation et refaites la mesure.</li> </ul>
Le résultat se trouve en dehors de la plage des concentrations standards.	<ul style="list-style-type: none"> <li>Pour les applications avec évaluation des valeurs sur les courbes standards (procédé d'évaluation non linéaire) : le résultat de l'échantillon est de max. 5 % en dehors des plages de concentrations par défaut.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Acceptez le résultat de la mesure ou remesurez l'échantillon dans des conditions dans lesquelles les concentrations standards se trouvent dans la plage (diluez l'échantillon ou modifiez les concentrations standards et remesurer).</li> </ul>

## Résolution des problèmes

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
Le coefficient de détermination est < 0,8.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Pour les applications avec évaluation des séries standards d'après le procédé de régression : le coefficient de détermination de la régression signale un net écart des points de mesure par rapport à la droite de régression.</li> <li>• Solution de mesure troublée.</li> <li>• Mesures aux limites de la plage de mesure photométrique.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Acceptez le résultat de l'évaluation standard ou remesurez les standards.</li> <li>▶ Les solutions de mesure doivent être claires.</li> </ul>
Le coefficient de détermination nécessaire à l'évaluation de l'analyse de régression de la série étalon est < 0,8.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Pour les applications d'évaluation des séries standards basées sur le procédé de régression : un avertissement apparaît après la mesure des échantillons si les résultats de la série standard n'étaient pas linéaires mais si l'évaluation standard a été acceptée par l'utilisateur.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Utilisez les résultats des échantillons sous la réserve mentionnée ou remesurez la série standard et les échantillons.</li> </ul>
Balayage : certaines extinctions mesurées sont trop élevées et ne sont pas affichées.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Pour au moins une longueur d'onde secondaire du balayage, l'extinction était au-dessus de la plage de mesure.</li> <li>• Solution de mesure troublée.</li> <li>• Mesures aux limites de la plage de mesure photométrique.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Si les parties du balayage non affichées sont importantes : diluez l'échantillon ou éliminez le trouble par centrifugation et refaites la mesure.</li> </ul>
Extinction trop élevée à la longueur d'onde de mesure.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Solution de mesure troublée.</li> <li>• Surfaces optiques de la cuve poussiéreuses.</li> <li>• Cuve mal positionnée dans le puits.</li> <li>• Extinction trop élevée de la solution de mesure.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Remesurez en prenant en compte les origines.</li> </ul>
Le résultat calculé est négatif.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La solution de mesure est mal positionnée.</li> <li>• Le facteur a été mal saisi (signe erroné).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Remesurez en prenant en compte les origines.</li> </ul>
Au moins un des résultats est négatif.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Pour les applications avec plusieurs résultats (par ex. <b>Dye labels</b>).</li> <li>• La solution de mesure est mal positionnée.</li> <li>• Le facteur a été mal saisi (signe erroné).</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Remesurez en prenant en compte les origines.</li> </ul>

Symptôme/ message	Origine	Dépannage
Le résultat comporte 6 emplacements avant la virgule.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Concentration de l'échantillon très élevée.</li> <li>• L'unité de concentration ne correspond pas à la plage attendue des concentrations de l'échantillon.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Diluez l'échantillon et refaire la mesure.</li> <li>▶ Modifiez l'unité de concentration (paramètre <b>Unit</b>) et remesurez.</li> </ul>
Le résultat se trouve à plus de 5 % en dehors de la plage des concentrations standards.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Pour les applications avec évaluation des courbes standards (procédé d'évaluation non-linéaire) : Le résultat de l'échantillon se trouve à plus de 5 % en dehors de la plage des concentrations standards.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Remesurez l'échantillon dans des conditions dans lesquelles le résultat se trouve dans la plage des concentrations standards (diluez l'échantillon ou modifiez les concentrations standards et remesurer).</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Calcul impossible, car il s'agit d'une division par zéro. Le résultat d'absorbance est égal à zéro.</li> <li>• Erreur lors du calcul. Division par zéro.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Lors de l'évaluation, le résultat d'absorbance a dû être divisé par "zéro". C'est mathématiquement impossible. Exemples : calcul d'un facteur pour le dosage direct à un point ; calcul d'un rapport 260/280 pour les mesures d'acide nucléique.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Contrôlez les réactifs et les échantillons utilisés et refaites la mesure.</li> </ul>
Calcul impossible, car il s'agit d'une division par zéro. Résultat d'absorbance ou formule du paramètre <b>b</b> égaux à zéro.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Lors de l'évaluation d'une application de type <b>Division</b> (groupe d'applications <b>Dual wavelength</b>), une division par un résultat d'absorbance de valeur "zéro" a dû être effectuée. C'est mathématiquement impossible.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▶ Contrôlez les réactifs et les échantillons utilisés et refaites la mesure.</li> <li>▶ N'attribuez pas la valeur "zéro" à la formule du paramètre <b>b</b>.</li> </ul>



## 10 Transport, stockage et mise au rebut

### 10.1 Transport

- ▶ Utiliser l'emballage d'origine pour le transport.

	Température de l'air	Humidité relative de l'air	Pression atmosphérique
Transport général	-25 °C – 60 °C	10 % – 95 %	30 kPa – 106 kPa
Fret aérien	-40 °C – 55 °C	10 % – 95 %	30 kPa – 106 kPa

### 10.2 Stockage

	Température de l'air	Humidité relative de l'air	Pression atmosphérique
dans l'emballage de transport	-25 °C – 55 °C	25 % – 75 %	70 kPa – 106 kPa
sans emballage de transport	-5 °C – 45 °C	25 % – 75 %	70 kPa – 106 kPa

### 10.3 Mise au rebut

Si le produit doit être éliminé, observer les règles applicables dans l'Union Européenne.

#### Informations sur la mise au rebut des appareils électriques et électroniques :

Au sein de l'Union Européenne, l'élimination des appareils électriques est régie par les lois nationales basées sur la Directive Européenne 2012/19/EU relatives aux déchets d'équipements électriques et électroniques (WEEE).

Selon ces règles, certains appareils vendus après le 13 août 2005 en B2B seulement ne peuvent plus être éliminés avec les ordures ménagères ni ramassés avec les encombrants. Cela est indiqué par l'identifiant suivant :



Comme les règles de mise au rebut peuvent différer d'un pays à l'autre dans l'UE, veuillez contacter le cas échéant votre fournisseur.

## 11 Données techniques

### 11.1 Alimentation électrique

Tension d'alimentation	100 V à 240 V $\pm$ 10 %, 50 Hz à 60 Hz
Catégorie de surtension	II
Degré de contamination	2
Puissance absorbée	Puissance maximum susceptible d'apparaître, selon plaque d'identification : 25 W Env. 15 W pendant l'exploitation Env. 5 W avec affichage dimmé
Coupure secteur admissible	Env. 10 ms à 90 V Env. 20 ms à 230 V
Classe de protection	I
Fusibles	T 2,5 A/250 V, 5 mm $\times$ 20 mm (2 pcs)

### 11.2 Conditions ambiantes

Fonctionnement	Température ambiante : 15 °C à 35 °C Humidité rel. de l'air : 25 % à 70 % Pression atmosphérique : 86 kPa à 106 kPa
Pression atmosphérique	Peut être utilisé jusqu'à une altitude de 2000 m au-dessus du niveau de la mer

Protéger des rayons directs du soleil.

### 11.3 Poids/dimensions

Poids	5 kg
Dimensions	Largeur : 295 mm Profondeur : 400 mm Hauteur : 150 mm
Encombrement	Largeur : 500 mm (avec thermo-imprimante : 750 mm) Profondeur : 500 mm

**Données techniques**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

**11.4 Propriétés photométriques**

Principe de la mesure	Spectrophotomètre d'absorption mono-rayon avec faisceau de référence
Source lumineuse	Lampe flash au xénon
Décomposition spectrale	Grille holographique concave avec correction des aberrations
Récepteur du rayonnement	Rangée de photodiodes CMOS
Longueurs d'onde	200 nm à 830 nm
Sélection de la longueur d'onde	Librement configurable suivant la méthode utilisée
Largeur de bande passante spectrale	$\leq 4$ nm
Incrément minimum	1 nm
Erreur systématique de la longueur d'onde	$\pm 1$ nm
Erreur aléatoire de la longueur d'onde	$\leq 0,5$ nm
Plage de mesure photométrique	0 A à 3,0 A pour 260 nm
Exactitude de la lecture	$\Delta A = 0,001$
Erreur aléatoire du photomètre	$\leq 0,002$ pour $A = 0$ $\leq 0,005$ (0,5 %) pour $A = 1$
Erreur systématique du photomètre	$\pm 1$ % pour $A = 1$
Lumière parasite	$< 0,05$ %

## 11.5 Paramètres techniques supplémentaires

Matériau de la cuve	Pour les mesures UV : Verre de quartz ou plastique transparent aux UV (UVette d'Eppendorf, 220 nm à 1600 nm) Pour les mesures effectuées dans la gamme visible : Verre ou plastique
Puits de cuve	12,5 mm × 12,5 mm, sans thermostatisation
Hauteur totale des cuves	Min. 36 mm
Hauteur du faisceau lumineux dans la cuve	8,5 mm
Clavier	22 touches tactiles 6 touches tactiles programmables
Publication du résultat	Extinction, transmission, concentration, balayage (spectre de longueurs d'onde d'extinction) Données complémentaires suivant la méthode utilisée (rapport, FOI, extinctions d'arrière-plan)
Affichage	Écran TFT VGA 5,7"
Langues proposées	Anglais, français, espagnol, italien, allemand, japonais
Interfaces	USB maître : pour clé USB et imprimante thermique DPU-S445 USB esclave : pour connexion à un PC Port série RS 232 : Imprimante thermique DPU-414 Interface Ethernet RJ45 : Pour connexion secteur Les appareils connectés doivent être conformes aux exigences de sécurité de la directive CEI 60950-1.

## 11.6 Paramètres d'application

Méthodes	<p>Méthodes pré-programmées et méthodes programmables pour tous les procédés d'évaluation et de mesure :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mesures de l'extinction à une ou plusieurs longueurs d'onde, balayages</li> <li>• Mesure de la transmission à une longueur d'onde</li> <li>• Acides nucléiques et protéines, OD600, méthodes avec colorant (mesure parallèle de la biomolécule et du marquage de colorant)</li> <li>• Méthodes d'évaluation avec facteur, standard et série standard</li> <li>• Procédé de mesure à deux longueurs d'onde avec évaluation par soustraction et division</li> </ul>
Évaluation en fonction de la méthode appliquée	<p>Extinction, concentration avec facteur et standard. Concentration avec série standard :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Pour les procédés cinétiques évalués à l'aide du procédé "Régression linéaire", vous pouvez définir ultérieurement les débuts et les fins de l'évaluation par régression dans l'étape process results.</li> <li>• Régression non linéaire (polynôme de 2ème et 3ème degré)</li> <li>• Évaluation avec rainure d'interpolation</li> <li>• Interpolation linéaire (évaluation point-à-point)</li> </ul> <p>Calculs de l'extinction via soustraction et division Données complémentaires pour acides nucléiques : rapport 260/280 et 260/230 ; concentration molaire, rendement total Données complémentaires pour méthodes Dye : FOI (Frequency of incorporation, densité de marquage) Balayages : zoom, évaluation des pics</p>
Mémoire de méthode	> 100 programmes de méthode
Mémoire des valeurs mesurées et étalonnage mémorisé	<p>Mémoire capable de contenir &gt; 1 000 résultats avec toutes les données d'évaluation des résultats et standards, numéro d'échantillon, nom d'échantillon, date et kit de paramètres utilisé dans le programme de méthodes (Le nombre de résultats enregistrés est fonction du nombre de méthodes enregistrées.)</p>

## 12 Procédés d'évaluation

Ce chapitre est consacré aux procédés d'évaluation proposés dans les programmes de méthodes ainsi qu'au calcul d'une dilution, qui sera effectuée par le logiciel de l'appareil.



Lors de la comparaison des résultats obtenus ici avec ceux d'autres photomètres/spectrophotomètres, n'oubliez pas que les valeurs risquent de varier suivant la largeur de bande des appareils. Ces écarts risquent d'être particulièrement élevés dans les cas suivants :

- Le spectre d'absorbance présente un pic étroit dans la longueur d'onde de mesure.
- La mesure n'est pas réalisée au maximum mais sur le flanc d'un pic.

C'est pourquoi, vérifiez que la méthode est correcte en mesurant des étalons.

### 12.1 Valeurs d'absorbance

Les valeurs de l'absorbance sont représentées comme  $A_{XXX}$  (XXX étant la longueur d'onde). Ces affichages correspondent toujours aux valeurs mesurées directement, c'est-à-dire sans correction, pour être ensuite prises en compte dans l'évaluation, comme par ex. les corrections des trajets optiques de la cuve ou les corrections d'arrière-plan.

#### 12.1.1 Blanc

Les valeurs de l'absorbance se rapportent toujours à la dernière valeur à blanc mesurée. C'est pourquoi, la valeur à blanc sera mesurée obligatoirement au début de chaque série et à un moment quelconque de la série de mesures. Dans le cas idéal, la mesure à blanc devrait pouvoir compenser tous les effets susceptibles d'influencer l'absorbance d'une solution de mesure. C'est pourquoi, la valeur à blanc devrait être mesurée avec le tampon utilisé pour mesurer l'échantillon et dans la même cuve que celle utilisée pour déterminer la valeur de l'échantillon – sauf si les cuves utilisées pour la mesure de la valeur à blanc et de l'échantillon ont fait l'objet d'une compensation optique, c'est-à-dire si elles ont la même absorbance à la longueur d'onde de mesure.

#### 12.1.2 Correction d'arrière-plan

Application principale : correction partielle des altérations de l'absorbance lors des mesures de l'acide nucléique, causées par des turbidités dans la solution de mesure. Par exemple, l'absorbance mesurée à 320 nm, qui devrait être de l'ordre d'env. 0 A pour les acides nucléiques purs, sera soustraite de l'absorbance mesurée à 260 nm, la longueur d'onde de mesure des acides nucléiques.

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

$A_{XXX, corrArPlan}$  = absorbance corrigée par calcul à la longueur d'onde XXX nm.

$A_{XXX}$  = absorbance mesurée à la longueur d'onde XXX nm.

$A_{ArPlan}$  = absorbance mesurée à la longueur d'onde d'arrière-plan.

### 12.1.3 Correction de la cuve

Les valeurs de l'absorbance prises en compte dans les calculs des résultats, sont normalisées sur une cuve présentant un trajet optique de 10 mm. Si une cuve est utilisée avec un autre trajet optique, ce dernier devra être défini dans le paramètre **Cuvette**. Les absorbances mesurées seront alors corrigées avant la conversion des échantillons pour obtenir des résultats avec une cuve présentant un trajet optique de 10 mm.

#### Cette correction s'applique aux :

- méthodes d'évaluation avec facteur.
- méthodes du groupe **Absorbance**, avec l'édition limitée aux valeurs d'absorbance.

#### La correction ne s'applique pas aux :

- méthodes d'évaluation avec standards car on suppose que les standards et les échantillons sont mesurés dans des cuves présentant le même trajet optique.
- calculs avec division : méthode **Division** (groupe de méthodes **Dual wavelength**) et calcul des rapports comme  $A_{260}/A_{280}$  (pour les mesures d'acide nucléique).

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

$A_{XXX,corrCuv}$  = absorbance corrigée mathématiquement à la longueur d'onde XXX nm.

$A_{XXX}$  = absorbance mesurée à la longueur d'onde XXX nm.

$Cuv$  = trajet optique de la cuve.

## 12.2 Transmission

Dans le groupe de méthodes **Absorbance**, vous pouvez outre l'extinction pure déterminer la transmission exprimée en pourcentage (T%).

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

A = extinction

T = transmission

## 12.3 Évaluation avec facteur ou standard

$$C = A \times F$$

$C$  = concentration calculée.

$A$  = absorbance.

$F$  = facteur.

Le facteur est programmé dans la liste de paramètres et peut être modifié. Il se rapporte toujours au trajet optique de 10 mm. Si vous modifiez le paramètre **Cuvette**, l'appareil tiendra compte de la modification lors du calcul du résultat. Vous ne devez donc pas modifier le facteur pour effectuer l'évaluation.

Si vous modifiez l'unité de la concentration, vous devrez veiller à ce que le facteur soit adapté à l'unité choisie.

Le facteur est soit saisi directement comme paramètre dans le procédé d'évaluation "Factor" soit calculé dans le procédé "Standard" (évaluation avec une concentration standard) :

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

$F$  = facteur calculé.

$C_S$  = concentration du standard (saisie sous forme de paramètre).

$A_S$  = absorbance mesurée pour le standard.

Si vous avez programmé une mesure multiple pour l'évaluation avec standard (2 ou 3 réplicats), la valeur médiane sera formée à partir des absorbances des réplicats et définie comme  $A_S$ .

## 12.4 Évaluation avec courbe / droite de standards

Si vous faites les évaluations avec plus d'un standard, utilisez [Curve fit] dans l'étape **measure standards/new** pour sélectionner les procédés d'évaluation suivants de la courbe/droite de standards :

Procédé d'évaluation	Description	Nombre minimum de points standards
linear interpolation	Liaison point-à-point linéaire du graphique absorbance-concentration utilisé pour l'évaluation standard.	Au moins 2 standards.
linear regression	Régression polynomiale utilisée pour un polynôme de premier degré.	Au moins 3 standards.
quadratical regression	Régression polynomiale utilisée pour un polynôme de deuxième degré.	Au moins 4 standards.
cubical regression	Régression polynomiale utilisée pour un polynôme de troisième degré.	Au moins 5 standards.
spline interpolation	Interpolation réalisée avec des splines cubiques naturelles.	Au moins 3 standards.

Pour le procédé de régression, vous pouvez également faire passer la droite de régression (courbe de régression) par le point zéro.



- Pour les droites de calibration, utilisez le procédé "linear regression".
- Pour les courbes, testez le procédé d'évaluation (régression carrée, régression cubique, rainure d'interpolation) qui permet d'obtenir la fonction la mieux adaptée à l'évaluation standard. La rainure d'interpolation relie les points de mesure par des polynômes cubiques alors que les procédés d'évaluation par régression placent une fonction carrée ou cubique entre les points de mesure de manière à obtenir des écarts minimum par rapport à la fonction.
- Les procédés d'évaluation par régression utilisent, outre l'équation de régression, le coefficient de détermination (coefficient of determination) afin de définir la dispersion des points de mesure autour de la fonction calculée. À une valeur < 0,8 du coefficient de détermination, le résultat est accompagné d'un avertissement.
- Si le premier standard a la concentration "0", sélectionnez le réglage permettant de faire passer la droite de régression (courbe de régression) par le point zéro.
- Si aucun des procédés recommandés pour les courbes ne donne de résultats corrects, sélectionnez le procédé "linear interpolation".

## 12.5 Dilution

Les dilutions indiquées dans l'étape **measure samples** sont prises en compte dans le calcul des résultats :

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

$C_{dil, corr}$  = résultat converti à l'aide du facteur de dilution

$V_P$  = volume de l'échantillon contenu dans la solution de mesure

$V_{dil}$  = volume de diluant contenu dans la solution de mesure

## 12.6 Procédés d'évaluation spéciaux pour acides nucléiques et protéine UV

Ce chapitre est consacré à l'évaluation des acides nucléiques et/ou protéines contenues dans les groupes **Nucleic acids** et **Proteins direct UV** ainsi que des composants de la biomolécule correspondants du groupe **Dye labels**.

### 12.6.1 Correction $A_{260}$ et correction $A_{280}$

Application : correction de l'influence de l'extension du colorant sur l'extinction de l'acide nucléique et/ou des protéines à 260 et 280 nm, dans les méthodes du groupe **Dye labels**.

L'application du procédé d'évaluation peut être activée dans les paramètres **Correct A260** et **Correct A280**.

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

$A_{XXX, corr}$  = extinction corrigée par calcul, à la longueur d'onde de 260 nm ou 280 nm

$A_{XXX}$  = extinction mesurée à la longueur d'onde de 260 nm ou 280 nm

$CF$  = facteur de correction pour la longueur d'onde de 260 nm ou 280 nm (les deux facteurs de correction utilisées à 260 nm et 280 nm sont spécifiques à un colorant et sont programmés dans **General Method Parameter :Dyes** dans la partie **Functions**).

$A_{YYY}$  = extinction mesurée à la longueur d'onde du colorant.



Les valeurs d'extinction représentées dans les affichages des résultats sont les valeurs d'extinction mesurées directement, sans correction.

**Procédés d'évaluation**

Eppendorf BioSpectrometer® basic  
Français (FR)

**12.6.2 Rapport A260/A280 et rapport A260/A230**

Application : Informations sur la pureté de l'acide nucléique mesuré. L'analyse des ratios **A260/A280** et **A260/A230** est activée dans les paramètres de méthode.

"Ratio" désigne le quotient des extinctions mesurées aux longueurs d'onde désignées.

Valeurs indiquées dans la littérature pour les rapports définis avec des acides nucléiques purs :

**A260/A280**

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

**Informations complémentaires sur la pureté des substances mesurées : rapport A260/A230 et rapport A260/A280 (valeurs du rapport limitées aux acides nucléiques), spectre de longueurs d'onde d'extinction.**

Pour le rapport A260/A230, on trouve différentes valeurs d'acide nucléique purs dans la littérature :

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

Les valeurs varient fortement suivant le pH. C'est pourquoi, les acides nucléiques ne devraient pas être mesurés dans l'eau, mais dans un tampon à un pH compris entre 7 et 7,2 (par ex. tampon TE).

**12.6.3 Conversion en concentrations molaires et quantités d'acides nucléiques**

La conversion ne peut être appliquée qu'aux acides nucléiques et aux méthodes avec colorant et acides nucléiques comme composant de la biomolécule. Elle a lieu dans l'étape **process results/More calculations**.

**12.6.3.1 Calcul de la quantité**

Application : Calcul de la quantité (masse) d'acide nucléique dans le volume d'échantillon total.

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

$M$  = quantité totale calculée (masse) d'acide nucléique dans le récipient de réaction. Unité : µg.

$C$  = concentration d'acide nucléique calculée à partir de la mesure. Unité : µg/mL ou ng/µL.

$V_{P, total}$  = volume total d'échantillon contenu dans le récipient de réaction. Entrez cette valeur dans **More calculations**. Unité : µL.

### 12.6.3.2 Calcul de la concentration molaire

Application : calcul de la concentration molaire d'acide nucléique à partir de la concentration massique et la masse molaire relative. La masse molaire est entrée soit directement, soit calculée par l'appareil à partir du nombre de bases ou de paires de bases calculé par molécule d'acide nucléique.

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

$C_{mol}$  = concentration molaire d'acide nucléique calculée. Unité : pmol/mL.

$C$  = concentration molaire d'acide nucléique calculée à partir de la mesure. Unité : µg/mL ou ng/µL.

$MM$  = masse molaire relative. Unité : kDa

Si vous avez entré le nombre de bases ou de paires de bases par molécule d'acide nucléique au lieu de la masse molaire relative dans **More calculations**,  $MM$  est sera calculé à partir du nombre de bases ou paires de bases :

Pour **dsDNA** :

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

Pour **ssDNA, RNA, Oligo** :

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

$MM$  = masse molaire relative calculée ; unité : kDa

$bp$  = nombre de paires de bases saisi par molécule

$b$  = nombre de bases saisi par molécule



- Pour **dsDNA**, la concentration molaire est calculée avec une acide nucléique à double brin. Pour les méthodes **ssDNA, RNA** et **Oligo**, on supposera une acide nucléique à simple brin.
- Pour les méthodes qui ont été reprogrammées dans le groupe principal **Routine**, groupe **Nucleic acids** via **<New Method>**, la concentration molaire sera toujours calculée à partir d'acides nucléiques à double brin.

### 12.6.4 Calcul du facteur pour la protéine dans « General Method Parameter »

Cette section ne s'applique qu'au calcul du composant de la protéine dans les groupes **Dye labels** et **Proteins direct UV**. Ici, le composant de la protéine est sélectionné dans les paramètres (voir *Paramètres des méthodes à la page 35*). Le composant de la protéine est lié à un facteur qui est saisi dans la fonction **General Method Parameter/Proteins** pour chaque protéine. Au lieu du facteur, vous pouvez également saisir soit  $A_{0,1\%}$  soit le coefficient d'extinction plus la masse molaire de la protéine. Dans ce cas, le facteur est calculé de la manière suivante :

$$F_P = \frac{1}{A_{0,1\%}}$$

$F$  = facteur de la protéine ; unité : g/L.

$A_{0,1\%}$  = extinction de la protéine à une concentration de 0,1 % (1 g/L).

Le coefficient d'extinction molaire et la masse molaire relative de la protéine serviront au calcul de,  $A_{0,1\%}$  :

$$A_{0,1\%} = \frac{\varepsilon_P}{MM_P}$$

$\varepsilon_P$  = coefficient d'extinction de la protéine ; unité :  $\text{cm}^{-1}\text{M}^{-1}$ .

$MM_P$  = masse molaire relative de la protéine ; unité : Da (saisie dans **General Method Parameter** en kDa).

## 12.7 Procédures d'évaluation spéciales pour méthodes Dye

### 12.7.1 Calcul du facteur pour le colorant du coefficient d'extinction

Pour les méthodes Dye, la concentration du colorant est calculée avec un facteur issu de l'extinction mesurée (voir *Évaluation avec facteur ou standard à la page 97*). Le facteur est saisi pour chaque colorant dans la fonction **General Method Parameter/Dyes**. Au lieu de saisir le facteur, il est possible de saisir le coefficient d'extinction. Dans ce cas, le facteur est calculé de la manière suivante :

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

$F$  = facteur pour le colorant ; unité : pmol/ $\mu\text{L}$ .

$\varepsilon$  = coefficient d'extinction pour le colorant ; unité :  $\text{cm}^{-1}\text{Mol}^{-1}\text{L}$ .

### 12.7.2 Calcul de la FOI

Dans les méthodes Dye, la fréquence d'incorporation (FOI = Frequency of Incorporation) est calculée et affichée comme valeur du rapport entre les molécules de colorant et la quantité de nucléotides dans l'acide nucléique. Le calcul peut être sélectionné pour deux unités de résultats différentes :

**Unité MOLÉCULE dye/kb**

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

**Unité pmol/µg ADN (ou ARN)**

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

$A_{YYY}$  = extinction du colorant.

$A_{XXX}$  = extinction de l'acide nucléique.

$MM_{nt}$  = masse molaire moyenne du nucléotide : 330 g/mol.

$F_{NA}$  = facteur de calcul de l'acide nucléique

$\epsilon_{Dye}$  = coefficient d'extinction pour le colorant ; unité :  $\text{cm}^{-1}\text{M}^{-1}$

### 12.7.3 Calcul des quantités de colorant

Le calcul de la quantité (masse) de colorant dans le volume total de l'échantillon est effectué à l'étape **process results/More calculations** de la méthode.

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

$M$  = quantité totale calculée (masse) du colorant dans le récipient de réaction. Unité : pmol.

$C$  = concentration du colorant calculée à partir de la mesure. Unité : pmol/µL.

$V_{P, gesamt}$  = volume total de l'échantillon dans le récipient de réaction ; saisi par l'utilisateur dans **More calculations**. Unité : µL.

## 12.8 Dual wavelength

Pour les méthodes du groupe **Dual Wavelength**, les extinctions qui ont été mesurées sur deux longueurs d'onde peuvent être déduites l'une de l'autre avant que l'extinction calculée ne soit intégrée à l'évaluation ultérieure avec facteur ou standard.

Pour déterminer l'extinction calculée, on peut définir dans les paramètres une évaluation par division ou par soustraction :

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

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

$A_1, A_2$  = extinctions mesurées.

$a, b, c, d$  = facteurs saisis dans les paramètres. Il est également possible de saisir des valeurs négatives.

### 13 Nomenclature de commande

Réf. (International)	Réf. (Amérique du Nord)	Description
6135 000.009 6135 000.017	– 6135000017	<b>Eppendorf BioSpectrometer basic</b> 230 V/50 – 60 Hz, Prise secteur Europe 120 V/50 – 60 Hz, Prise secteur Amérique du Nord
6135 928.001	6135928001	<b>Ensemble de filtres référence pour BioSpectrometer</b> kit de filtres pour la vérification de l'exactitude photométrique et des erreurs systématiques de longueur d'onde (selon le NIST)
6138 000.018	6138000018	<b>Eppendorf µCuvette G1.0</b> Cellule de mesure de microvolumes Eppendorf pour l'Eppendorf BioPhotometer et BioSpectrometer
6135 011.000 6135 010.004 6135 012.007	6135010004	<b>Thermal Printer DPU-S445</b> avec câble d'alimentation et câble d'imprimante 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)