

Notice spectro relié à l'ordinateur

Spectre

- Appuyer sur spectre paramétrable. Rentrer les bornes en longueur d'onde ainsi que le pas.
- Mettre la cuve servant à faire le blanc dans le spectro. Appuyer alors sur l'onglet « blanc ».
- Remplacer la cuve par celle contenant l'espèce à étudier. Appuyer sur spectre et valider.
- Pour envoyer vers regressi, appuyer sur sauvegarder. Dans la boîte de dialogue qui s'ouvre, ne rien compléter dans la fenêtre et indiquer seulement si création d'un nouveau fichier régressi ou d'une nouvelle page dans un fichier regressi existant.
- Sauvegarder le fichier depuis regressi.

Mesure d'absorbance en fonction de la concentration

- Appuyer sur Loi de Beer-Lambert
- Choisir la longueur d'onde d'étude en nm et cliquer sur l'icône lambda MàJ
- Cliquer sur mode et choisir mode d'acquisition, par exemple « entrée clavier »
- Mettre la cuve servant à faire le blanc dans le spectro. Appuyer alors sur l'onglet « blanc »
- Rentrer la valeur $c = 0$ mol/L pour avoir le premier point à une concentration nulle (on devrait avoir une absorbance nulle) et valider (enter).
- Mettre la nouvelle cuve dans le spectro. Rentrer la valeur de c (en mol/L) et en utilisant des virgules (pas d'écriture scientifique). Valider (enter)
- A et c s'affichent à droite dans le tableau et sur le graphe (l'échelle n'est peut-être pas adaptée cependant).
- Recommencer pour les différentes cuves.
- Pour envoyer vers regressi, appuyer sur sauvegarder. Dans la boîte de dialogue qui s'ouvre, ne rien compléter dans la fenêtre et indiquer seulement si création d'un nouveau fichier régressi ou d'une nouvelle page dans un fichier regressi existant.
- Confirmation sauvegarde des données oui
- Rentrer un nom de fichier (vos initiales par exemple) et l'enregistrer sur le bureau.
- Ouvrir regressi et ouvrir le fichier du bureau depuis regressi.

Notice spectro relié à l'ordinateur

Spectre

- Appuyer sur spectre paramétrable. Rentrer les bornes en longueur d'onde ainsi que le pas.
- Mettre la cuve servant à faire le blanc dans le spectro. Appuyer alors sur l'onglet « blanc ».
- Remplacer la cuve par celle contenant l'espèce à étudier. Appuyer sur spectre et valider.
- Pour envoyer vers regressi, appuyer sur sauvegarder. Dans la boîte de dialogue qui s'ouvre, ne rien compléter dans la fenêtre et indiquer seulement si création d'un nouveau fichier régressi ou d'une nouvelle page dans un fichier regressi existant.
- Sauvegarder le fichier depuis regressi.

Mesure d'absorbance en fonction de la concentration

- Appuyer sur Loi de Beer-Lambert
- Choisir la longueur d'onde d'étude en nm et cliquer sur l'icône lambda MàJ
- Cliquer sur mode et choisir mode d'acquisition, par exemple « entrée clavier »
- Mettre la cuve servant à faire le blanc dans le spectro. Appuyer alors sur l'onglet « blanc »
- Rentrer la valeur $c = 0$ mol/L pour avoir le premier point à une concentration nulle (on devrait avoir une absorbance nulle) et valider (enter).
- Mettre la nouvelle cuve dans le spectro. Rentrer la valeur de c (en mol/L) et en utilisant des virgules (pas d'écriture scientifique). Valider (enter)
- A et c s'affichent à droite dans le tableau et sur le graphe (l'échelle n'est peut-être pas adaptée cependant).
- Recommencer pour les différentes cuves.
- Pour envoyer vers regressi, appuyer sur sauvegarder. Dans la boîte de dialogue qui s'ouvre, ne rien compléter dans la fenêtre et indiquer seulement si création d'un nouveau fichier régressi ou d'une nouvelle page dans un fichier regressi existant.
- Confirmation sauvegarde des données oui
- Rentrer un nom de fichier (vos initiales par exemple) et l'enregistrer sur le bureau.
- Ouvrir regressi et ouvrir le fichier du bureau depuis regressi.