



OpenLab ChemStation

## Conceptos y flujos de trabajo

# Avisos

## Inf. del documento:

N.º doc.: D0013748es Rev. B  
Edición: 04/2025

## Copyright

© Agilent Technologies, Inc. 2010-2025

No se permite la reproducción de parte alguna de este manual bajo cualquier forma ni por cualquier medio (incluyendo su almacenamiento y recuperación electrónicos y la traducción a idiomas extranjeros) sin el consentimiento previo por escrito de Agilent Technologies, Inc. según lo estipulado por las leyes de autor locales aplicables al contexto específico.

Agilent Technologies  
Hewlett-Packard-Strasse 8  
76337 Waldbronn, Alemania

## Revisión de software

Esta guía es aplicable a la versión LTS 01.11, actualización 07 o posterior de Agilent OpenLab ChemStation.

## Garantía

El material contenido en este documento se proporciona "tal como es" y está sujeto a modificaciones, sin previo aviso, en ediciones futuras. Además, hasta el máximo alcance permitido por la ley aplicable, Agilent rechaza cualquier garantía, expresa o implícita, en relación con este manual y con cualquier información contenida en el mismo, incluyendo, pero no limitado a, las garantías implícitas de comercialización y adecuación a un fin determinado. En ningún caso Agilent será responsable de los errores o de los daños incidentales o consecuentes relacionados con el suministro, utilización o uso de este documento o de cualquier información contenida en el mismo. En el caso que Agilent y el usuario tengan un acuerdo escrito separado con condiciones de garantía que cubran el material de este documento y que estén en conflicto con estas condiciones, prevalecerán las condiciones de garantía del acuerdo separado.

## Licencias sobre la tecnología

El hardware y/o software descritos en este documento se suministran bajo una licencia y pueden utilizarse o copiarse únicamente de acuerdo con las condiciones de tal licencia.

## Leyenda sobre derechos restringidos

Derechos restringidos del Gobierno de los Estados Unidos. Los derechos sobre el software y los datos técnicos otorgados al gobierno federal incluyen sólo los derechos que habitualmente se otorgan a los clientes usuarios finales. Agilent proporciona esta licencia comercial habitual en software y datos técnicos de conformidad con la TFA 12.211 (Datos técnicos) y 12.212 (Software informático) y, para el Departamento de Defensa, DFARS 252.227-7015 (Datos técnicos - Artículos comerciales) y DFARS 227.7202-3 (Derechos sobre software informático comercial o documentación de software informático).

## Avisos de seguridad

### PRECAUCIÓN

Un aviso de **PRECAUCIÓN** indica un peligro. Llama la atención sobre un procedimiento de operación, una práctica o similar que, si no se realizan correctamente o no se ponen en práctica, pueden provocar daños en el producto o pérdida de datos importantes. No proceda más allá de un aviso de **PRECAUCIÓN** hasta que se entiendan y se cumplan completamente las condiciones indicadas.

### ADVERTENCIA

Un aviso de **ADVERTENCIA** indica un peligro. Llama la atención sobre un procedimiento de operación, una práctica o similar que, si no se realizan correctamente o no se ponen en práctica, pueden provocar daños personales o la muerte. No proceda más allá de un aviso de **ADVERTENCIA** hasta que se entiendan y se cumplan completamente las condiciones indicadas.

## En esta guía...

Agilent OpenLab ChemStation ofrece gran flexibilidad para laboratorios de investigación y de desarrollo de métodos apoyando las funciones y flujos de trabajo avanzados de los instrumentos Agilent de GC, LC y CE con software complementario y un desarrollo de métodos avanzado. En esta guía se describen con todo detalle los conceptos de OpenLab ChemStation.

En este manual también se explica cómo utilizar eficientemente las funciones de adquisición de datos, análisis y elaboración de informes en ChemStation para aumentar la productividad del laboratorio.

**Tabla 1** Términos y abreviaturas utilizados en este documento

Término	Descripción
AIC	Controlador de instrumentos analíticos de Agilent
ChemStation	OpenLab ChemStation
Panel de control	Panel de control de OpenLab
Panel de control de Microsoft	Parte del sistema operativo Microsoft Windows
LTS	Soporte de largo plazo
Análisis individual	Análisis individual de una sola muestra, que se activa ejecutando un método o poniendo en cola un método. Los análisis individuales también se pueden enviar como series de análisis de métodos definidos en la tabla de secuencia.

### 1 Conceptos básicos de ChemStation

En este capítulo se explican los principios de trabajo con ChemStation, incluidos el control remoto, la interfaz gráfica y las vistas de ChemStation.

### 2 Trabajo con métodos

Los métodos constituyen una parte vital del funcionamiento de OpenLab ChemStation. OpenLab ChemStation es un sistema de datos cromatográficos con gran flexibilidad para el desarrollo de métodos. En este capítulo se explican detalladamente los conceptos de los métodos.

### **3 Adquisición de datos**

OpenLab ChemStation proporciona pleno control instrumental de los sistemas de LC, GC, CE, CE-MS y LC-MS de Agilent. Admite las funciones y flujos de trabajo avanzados de los instrumentos de GC y LC de Agilent con un software complementario, y aporta flexibilidad para los laboratorios de investigación y desarrollo de métodos. Este capítulo contiene una introducción al proceso de adquisición de datos analíticos.

### **4 Automatización/secuencias**

En este capítulo se describen los conceptos de automatización. Se explica cómo utilizar secuencias en ChemStation, qué ocurre cuando se ejecuta una secuencia y cómo personalizar secuencias.

### **5 Control del análisis**

En este capítulo se explican los conceptos Cola de análisis y Planificador de colas. Se explica cómo añadir muestras individuales, secuencias, pausas o comandos a la Cola de análisis. También se describe el Planificador de colas, que permite planificar eventos que faciliten el trabajo cotidiano en el laboratorio.

### **6 Conceptos de análisis y revisión de datos**

Puede analizar y revisar los datos con ChemStation. En este capítulo se resumen las opciones de análisis y revisión de datos de ChemStation.

### **7 Calibración**

En este capítulo se explican los conceptos de calibración.

### **8 Elaboración de informes**

En este capítulo se describen los conceptos de Intelligent Reporting y Classic Reporting.

### **9 Funciones y conceptos específicos de CE**

Este capítulo es importante únicamente si se utiliza ChemStation para controlar instrumentos de CE.

# Contenido

<b>1</b>	<b>Conceptos básicos de ChemStation</b>	<b>8</b>
	Introducción	9
	Acerca del software ChemStation	10
	Estructura de datos de ChemStation	40
	Control remoto de instrumentos	43
<b>2</b>	<b>Trabajo con métodos</b>	<b>46</b>
	Definición de método	47
	Partes de un método	49
	Creación de métodos	51
	Edición de métodos	52
	Administración de métodos	56
	¿Qué sucede cuando se ejecuta un método?	63
<b>3</b>	<b>Adquisición de datos</b>	<b>70</b>
	Definición de adquisición de datos	71
	Monitores en línea	73
	Libro de registro	73
	Información del estado	74
	Reglas y alertas	76
<b>4</b>	<b>Automatización/secuencias</b>	<b>77</b>
	Definición de la automatización	79
	¿Qué son las secuencias y las plantillas de secuencia?	79
	Parámetros de la secuencia	80
	Interfaz gráfica de introducción de muestras	82
	Tabla de secuencia	86
	Easy Sequence	92
	Uso de secuencias (secuencias y plantillas de secuencias)	96
	Archivo de registro de secuencias	108

	¿Qué ocurre cuando se analiza una secuencia?	108
	Estructura del fichero de datos de la secuencia	110
	Operación postsecuencia	120
	Recalibración automática	122
	Especificación de recalibraciones	123
	Tipos de secuencias	126
<b>5</b>	<b>Control del análisis</b>	<b>140</b>
	Acerca de la cola de análisis	141
	Uso de la Cola de análisis	143
	Usar Queue Planner	147
	Planificación de comandos	148
<b>6</b>	<b>Conceptos de análisis y revisión de datos</b>	<b>151</b>
	Análisis de datos	152
	Review	172
<b>7</b>	<b>Calibración</b>	<b>175</b>
	Definición de términos	176
	Tipos de calibración	177
	Calibration Table	183
	Suma de picos	184
	Grupos de compuestos	184
	Muestras desconocidas	185
	Recalibración	186
<b>8</b>	<b>Elaboración de informes</b>	<b>189</b>
	Definición de informe	190
	Presentación de datos clásica y función Informes inteligentes	195

Informes inteligentes 196

Classic Reporting 203

## **9 Funciones y conceptos específicos de CE 211**

Funciones específicas de CE de la Agilent ChemStation en la vista Method and Run Control 212

Tipo superior del pico 215

Tipos de calibración 216

CE-MS 219

Subdirectorios del método para modos CE diferentes 220

# 1

## Conceptos básicos de ChemStation

Introducción	9
Acerca del software ChemStation	10
Integridad de los datos	10
Almacenamiento central de datos	10
Métodos y secuencias	11
Configuración del sistema	11
Visor del método de adquisición	11
Opciones de descarga del método	12
Modelo de datos	12
Convenciones de los nombres de ficheros	13
Ficheros de datos	16
Interfaz de usuario de software	17
Adquisición de datos	20
Congelación de tiempos de retención	21
Análisis de datos	21
Elaboración de informes	26
Exportación e importación de datos	26
Personalización	27
Automatización	30
Ejecutar cola y Planificador de cola	31
Ubicaciones de la muestra	32
Buenas prácticas de laboratorio	34
Cromatografía de líquidos preparativa	37
Estructura de datos de ChemStation	40
Control remoto de instrumentos	43

En este capítulo se explican los principios de trabajo con ChemStation, incluidos el control remoto, la interfaz gráfica y las vistas de ChemStation.

## Introducción

ChemStation proporciona pleno control instrumental de aparatos LC, GC, CE, CE-MS y LC-MS de Agilent. Ofrece herramientas para adquirir datos, analizarlos e interpretarlos con un sistema de control diseñado para instrumentos de múltiples fabricantes y basados en distintas técnicas. Inicie el software cromatográfico desde el panel de control de OpenLab, desde donde puede acceder a todas las funciones ofrecidas por Servicios compartidos de OpenLab.

## Acerca del software ChemStation

### Integridad de los datos

Los archivos ChemStation tales como datos, métodos o secuencias se almacenan en varias carpetas locales. Para garantizar la integridad de los datos, ChemStation ofrece la función *Secure File I/O*. Si activa esta función, todas las carpetas quedarán protegidas contra modificaciones realizadas desde fuera de ChemStation o en los diálogos **Open** o **Save As** dialogs.

Para más información, consulte el capítulo *Protección de carpetas con Secure File I/O* de la *Guía de configuración de OpenLab ChemStation* (CDS\_CS\_configure.pdf).

### Almacenamiento central de datos

Un sistema de almacenamiento de datos centralizado puede guardar todo tipo de datos electrónicos, sin importar cuál sea el formato de datos patentado. Los datos primarios de ChemStation (y otros documentos legibles, como libros de trabajo) se almacenan junto con *metadatos*; esto facilita enormemente la búsqueda de datos. Los métodos, plantillas de secuencias, plantillas de informes y archivos de datos de ChemStation (secuencias y análisis individuales) pueden cargarse en el repositorio central y descargarse posteriormente en ChemStation, si es necesario.

Agilent pone a su disposición dos sistemas para el almacenamiento de datos centralizado:

- El *OpenLab Server*, disponible como solución de servidor único, proporciona una gestión de datos centralizada para laboratorios de pequeño y medio tamaño con hasta 30 instrumentos. Ofrece la seguridad necesaria para garantizar la conformidad en entorno regulado. Consulte la documentación del software OpenLab Server para obtener más información.
- El software *OpenLab ECM*, disponible como solución de servidor único o solución distribuida de varios servidores, permite dar respuesta a las necesidades de gestión integral de datos de laboratorios en los que existan desde unos pocos instrumentos hasta cientos de ellos. También ofrece la seguridad necesaria para garantizar la conformidad en entorno regulado. Consulte la documentación del software OpenLab ECM para obtener más información.

Para obtener más información sobre los conceptos de ChemStation con almacenamiento de datos centralizado, consulte la *Guía del administrador de OpenLab ChemStation con sistemas de gestión de contenidos*.

## Métodos y secuencias

El método analítico describe completamente cómo se realiza una separación determinada. Contiene todos los parámetros para el control instrumental, la adquisición y la evaluación de datos, incluida la integración, cuantificación e elaboración de informes. El sistema se puede configurar para que adquiera los datos de varias muestras con diferentes métodos. El fichero de control de este tipo de operación se denomina secuencia. Contiene la información de cada muestra, referencias a los métodos apropiados, especificaciones de recalibración automática e instrucciones de elaboración de informes para un informe de resumen en todos los análisis de la secuencia. Para obtener más información sobre métodos y secuencias, consulte [“Automatización/secuencias”](#) en la página 77 y el sistema de ayuda en línea.

## Configuración del sistema

La configuración del sistema instrumental se realiza mediante el Panel de control de OpenLab, que a su vez inicia el Editor de configuración. Permite definir los instrumentos, sus direcciones LAN, los directorios de los datos, las secuencias y métodos y el tamaño inicial de pantalla del software ChemStation. Además, se puede activar o desactivar Informes inteligentes y Evaluación espectral 3D, y se pueden definir las opciones de descarga del método.

## Visor del método de adquisición

Con el Visor del método de adquisición, puede comprobar los parámetros de adquisición almacenados en un método, independientemente de la configuración del instrumento actual. Puede elegir aplicar este método en su versión original al instrumento, o bien resolverlo con la configuración del instrumento actual.

## Opciones de descarga del método

Las opciones de descarga del método definen el comportamiento de ChemStation, si el último método seleccionado de la sesión previa del instrumento difiere de la configuración actual del instrumento. Se puede elegir entre las siguientes opciones:

- **Download method to instrument**  
El último método seleccionado se descarga al instrumento. La configuración del instrumento se sobrescribirá. Este comportamiento se corresponde con las versiones C.01.03 o inferiores de ChemStation.
- **Upload method from instrument**  
La configuración del instrumento se carga al último método seleccionado. El método se marcará como modificado.
- **New method from instrument**  
La configuración del instrumento se carga en un nuevo método creado en ChemStation.
- **Always ask user to choose an option**  
Cuando se inicia ChemStation, aparece un diálogo en el que se pueden elegir las opciones descritas arriba. En este diálogo, también se puede comparar la configuración del instrumento para cada módulo con la configuración en el último método seleccionado.  
  
Al comparar las diferencias, se puede ver toda la lista de configuraciones o solo las diferencias.

## Modelo de datos

El software ChemStation está diseñado sobre un modelo de datos basado en una estructura de memoria denominada registro. Los registros son estructuras multipropósito que pueden contener datos analíticos y datos para información bidimensional (por ejemplo, tiempo/intensidad) e información tridimensional (por ejemplo, tiempo/intensidad/longitud de onda).

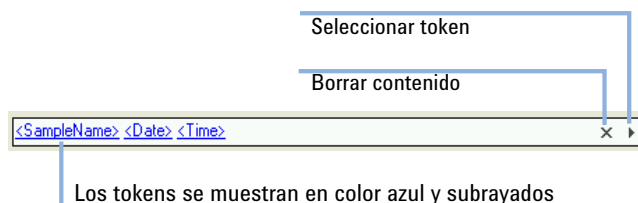
ChemStation proporciona los comandos y funciones para construir, expandir, extraer y, siempre que no se alteren los datos primarios, editar registros. Para obtener más información, consulte la referencia en línea que se ofrece en ChemStation bajo **Help > Commands**.

## Convenciones de los nombres de ficheros

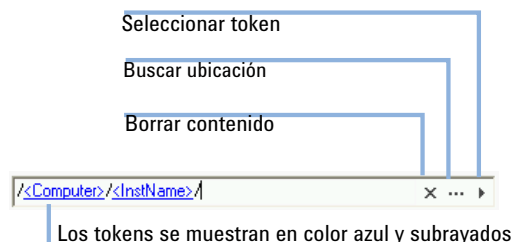
### Nombres de ficheros y señales

En la mayoría de los diálogos de ChemStation en los que se introduce un nombre de ruta o nombre de fichero, se pueden usar señales para generar nombres adecuados de forma dinámica. Según el nombre o la ruta del fichero definido en un diálogo dado, hay distintas señales disponibles. En las pantallas que se presentan a continuación, se usan varias señales como ejemplo.

El control para los nombres de ficheros tiene el aspecto siguiente:



El control para los nombres de ruta tiene el aspecto siguiente:



Además, se muestra en cada diálogo correspondiente el nombre de fichero o nombre de ruta resultante.

Las siguientes opciones están disponibles para trabajar con este tipo de campos:

- Agregar texto estático.
- Haga clic en el botón de desplazamiento ( ▶ ) para elegir una señal de la lista. Oprima la tecla **Desplazamiento hacia abajo** para elegir una señal de la lista.
- Haga clic con el botón derecho sobre una de las señales ya usadas para sustituirla por otra señal de la lista.

- Haga clic en el botón X para borrar el contenido actual del campo.
- Haga clic en el botón con los tres puntos (...) para navegar hasta la ruta requerida.

### Convenciones de los nombres

Asegúrese de que usa únicamente los siguientes caracteres para los nombres de ChemStation, como ficheros, directorios, plantillas de secuencias o métodos de ChemStation:

---

A-Z, a-z, 0-9, \_ (barra baja), - (guion)

---

Compruebe que no haya espacios en blanco delante o detrás. No están permitidos, pero es fácil pasarlos por alto.

#### NOTA

Si usa tokens, los nombres de ficheros o directorios se crean de manera automática basándose en datos como los nombres del instrumento, los nombres de los operadores o los nombres de las muestras. Asegúrese de que estos nombres cumplen también esta convención para los nombres.

#### NOTA

Los nombres de ficheros creados automáticamente pueden incluir caracteres para la ubicación de los inyectores frontal y trasero. Estos caracteres deben traducirse. Son válidos si no forman parte de la lista de caracteres indicada anteriormente.

Los siguientes nombres de dispositivo reservados no se pueden utilizar como nombre de un archivo. Asimismo, no deben utilizarse estos nombres seguidos de una extensión (p. ej., Nul.txt):

- CON, PRN, AUX y NUL
- COMx (donde x es un número del 1 al 9)
- LPT1x (donde x es un número del 1 al 9)

#### NOTA

En las pruebas realizadas para validar las convenciones de los nombres de archivos se utilizaron equipos con sistemas operativos en inglés, japonés y chino. Agilent no puede garantizar la compatibilidad de aquellos sistemas operativos que no estén en inglés ni tampoco de sus caracteres especiales.

Longitud máxima de los nombres de ficheros y subdirectorios de ChemStation

Se enumeran a continuación las especificaciones de Agilent ChemStation relativas a nombres de ficheros y subdirectorios:

**Tabla 2 Longitud máxima de los nombres de ficheros y subdirectorios de ChemStation**

Fichero de datos/Subdirectorio/Ruta	Longitud máx. de texto	Apéndice automático	Ejemplo
Nombre de fichero de datos de una sola muestra	60	.D	Demodad.d
Nombre del fichero de datos en una secuencia, usando un prefijo/contador	60	.D	longname000001.d
Nombre del fichero de datos en una secuencia, usando una convención de nombre	60	.D	05-1-muestraA.d
Método	60	. M	def_lc.m
Secuencia		. S	def_lc.s
Librerías		. UVL	demodad.uvl
Plantillas de informes personalizadas		. FRP	areapct.frp
Subdirectorio de ficheros de datos	40		demo (en información de la muestra)
Subdirectorio de secuencias de datos	40		demo (en parámetros de secuencia)
Ruta de datos	149		C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1\data
Ruta de método			C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1\methods
Ruta de secuencia			C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1\sequence
Ruta de librerías			C:\Users\Public\Documents\ChemStation\speclib
Ruta de plantillas de informes personalizadas			C:\Users\Public\Documents\ChemStation\repstyle

Todos los mensajes del sistema de informes de los libros de registro de ChemStation en formato ampliado y las cadenas de información se imprimen en varias líneas. En determinados informes, por ejemplo el informe de secuencia, los nombres de ficheros pueden aparecer truncados para que encaje toda la información en la plantilla de informes.

El sistema operativo Windows limita todas las rutas a 260 caracteres. El sistema operativo utiliza algunos de los caracteres de forma invisible. Por tanto, es posible que deba utilizar nombres más cortos, aunque se cumplan todas las especificaciones especificadas anteriormente.

## Ficheros de datos

Un fichero de datos comprende un grupo de ficheros guardados por defecto en el directorio DATA o en un subdirectorio de este directorio con un nombre de fichero de datos y una extensión .D. Se puede definir manualmente un nombre de fichero de datos con 42 caracteres, incluida la extensión. Cada fichero del directorio sigue una convención de nombres (consulte “[Convenciones de los nombres de ficheros](#)” en la página 13). Se pueden añadir directorios de datos adicionales con las opciones de **Preferences**.

**Tabla 3 Ficheros de datos**

Nombre	Description
*.CH	Ficheros de datos de señales cromatográficas o electroferográficas. El nombre del fichero está compuesto por el tipo de módulo o detector, el número de módulo y la identificación de la señal o del canal. Por ejemplo, ADC1A.CH, donde ADC es el tipo de módulo, 1 es el número de módulo, A es el identificador de la señal y .CH es la extensión cromatográfica.
*.UV	Ficheros de datos espectrales UV. El nombre del fichero está compuesto por el tipo de detector y el número de dispositivo (solo con detectores de diodo-array y de fluorescencia).
*.ms	Ficheros de datos espectrales LCMS
REPORT.TXT, REPORT.PDF	Ficheros de datos de informes para los ficheros de datos de señal equivalentes. Nota: el nombre de fichero de un PDF puede ser diferente en caso de utilizar la convención de denominación Unique PDF.
Acq.MACAML	Este fichero contiene información acerca del método empleado durante la adquisición de datos. La información se guarda en el formato ACAML. Este tipo de ficheros los usa Intelligent Reporting.
Sequence.ACAM_	Este fichero contiene los resultados de una inyección única. La información se guarda en el formato ACAML. Este tipo de ficheros los usa Intelligent Reporting.
SAMPLE.MAC o SAMPLE.XML	Este fichero se utiliza para guardar valores de la muestra.

Tabla 3    **Ficheros de datos**

Nombre	Description
SAMPLE.MAC.BAK o SAMPLE.XML.BAK	Copia de seguridad del sample.mac. original. El fichero .bac se crea durante el reprocesamiento, cuando se actualizan por primera vez los parámetros de la muestra (como multiplicadores). Guarda los valores originales de la muestra utilizados durante la adquisición.
RUN.LOG	Entradas del libro de registro generadas durante un análisis. El libro de registro guarda un registro de los análisis. Todos los mensajes de error y los cambios de estado importantes de ChemStation se introducen en el libro de registro.
LCDIAG.REG	Para LC solamente. Contiene las curvas de los instrumentos (gradientes, temperatura, presiones, etc.), el volumen de la inyección y la descripción de los disolventes.
ACQRES.REG	Contiene información sobre las columnas. En GC, también contiene el volumen de la inyección.
GLPSAVE.REG	Parte del fichero de datos cuando se especifica Guardar datos GLP.
M_INTEV.REG	Contiene eventos de integración manuales.

## Interfaz de usuario de software

La interfaz de usuario de ChemStation está diseñada con ventanas que agrupan las funciones del software según las tareas analíticas típicas. Las siguientes vistas estándar están presentes en todas las configuraciones del software:

- La vista Método y control de análisis para controlar y adquirir datos del instrumento.
- La vista Análisis de datos para reevaluar los datos adquiridos.
- La vista Revisión para revisar los datos con plantillas de informes específicas.
- La vista Diseño del informe para crear diseños de informes específicos.

Aparecen otras vistas si se han pedido módulos de evaluación de datos adicionales o para determinadas configuraciones de instrumentos que admiten procedimientos de diagnóstico y verificación de instrumentos.

El panel de navegación contiene el botón de navegación que permite cambiar rápidamente de las ventanas de ChemStation y ChemStation Explorer con estructura de árbol. El contenido de ChemStation Explorer depende de la vista y facilita acceso a diferentes elementos de ChemStation.

Cada vista consta de un conjunto de elementos de usuario estándar, incluidos menús y barras de herramientas. La barra de herramientas estándar ofrece acceso rápido a información común sobre especificaciones del sistema, por ejemplo, métodos y secuencias. La vista **Method and Run Control** incorpora además una barra de estado del sistema, un área de información de la muestra, que puede configurarse para un solo análisis o para análisis automatizados, y un diagrama esquemático de la interfaz del instrumento para configuraciones GC, CE y LC. El diagrama esquemático de la interfaz del instrumento utiliza puntos de acceso para el acceso rápido a los parámetros de los instrumentos y un gráfico animado que ofrece una visión general de cada análisis según se realiza. Si no es necesario, el diagrama esquemático del instrumento se puede desactivar para ahorrar memoria y otros recursos de Windows. La ficha **Run Queue**, también integrada en esta vista, muestra todas las secuencias, las muestras y los comandos que están programados para el instrumento y también permite organizar y procesar esta carga de trabajo (consulte ["Uso de la Cola de análisis"](#) en la página 143).

La vista **Data Analysis** amplía la barra de herramientas estándar para incluir modos de análisis de datos específicos, como recálculo, reprocesamiento, integración, calibración, elaboración de informes, anotación, comparación de señales y otros modos especializados si están instalados los módulos. Cada uno de los diferentes modos de Análisis de datos cuenta con un conjunto de herramientas específico de cada uno de ellos.

La vista **Review** estará disponible si en el instrumento está seleccionado Informes inteligentes. Esta vista permite revisar los datos de forma muy flexible. Se puede seleccionar cualquier combinación de ficheros de datos como base para la revisión, y aplicar cualquiera de las plantillas de informes existentes a los datos seleccionados. La plantilla de informes seleccionada define la forma en que se mostrarán los datos y el tipo de información que se incluirá en el informe generado. La barra de herramientas contiene funciones de impresión y exportación de los informes generados.

La vista **Report Layout** permite definir el diseño de una plantilla de informes o un estilo de informe concretos. También utiliza un conjunto de barras de herramientas específico de esta tarea. El tipo de Editor de plantillas de informe mostrado en esta vista depende del tipo de Informe configurado en el instrumento: se puede utilizar la presentación clásica o bien Informes inteligentes (véase ["Elaboración de informes"](#) en la página 189).

## Panel de navegación

El panel de navegación, que se encuentra en el lado izquierdo de todas las ventanas de ChemStation, está diseñado para agilizar el acceso a los principales elementos de ChemStation y también permite cambiar rápidamente de una ventana a otra. El panel de navegación contiene ChemStation Explorer, con estructura de árbol, y un área de botones configurables. También dispone de una función de ocultación automática para no comprometer el espacio de trabajo de ChemStation y funciones estándar como cambiar el tamaño y reorganizar el área de los botones de navegación.

## Botones de navegación

Los botones de navegación permiten cambiar la ventana de ChemStation haciendo clic en el botón de navegación específico. La sección botón de navegación se puede minimizar, expandir y reorganizar.

## ChemStation Explorer

El contenido del Navigation Pane depende de la vista. En las vistas Method and Run Control, Data Analysis, Review y Report Layout, el ChemStation Explorer permite navegar hasta los diferentes elementos de ChemStation. Por defecto, estos elementos de datos, métodos y secuencias se basan en las opciones del Configuration Editor. Los nuevos nodos para métodos, secuencias y ubicación de datos se pueden especificar con la opción "Preferences" del menú View.

**Tabla 4** Elementos del Navigation Pane

Botones de navegación	Elementos del ChemStation Explorer
Método y control de análisis	Plantillas de secuencias y métodos maestros, métodos de conjuntos de resultados
Análisis de datos	Datos y Métodos maestros, métodos de conjuntos de resultados
Revisión	Plantillas de informes y datos
Formato de informe	Classic Reporting: Métodos maestros Intelligent Reporting: Plantillas de informes
Verification (LC y LC/MS)	Accesos directos específicos de la vista Verification
Diagnosis (LC/MS)	Accesos directos específicos de la vista Diagnosis
Tune (LC/MS)	Accesos directos específicos de la vista Tune

## Adquisición de datos

En la pantalla se monitoriza y se actualiza constantemente el estado de los instrumentos, además del tiempo de análisis transcurrido, tanto cuando el software está en una ventana visible como cuando es un icono. Las transacciones que se producen durante el análisis, incluidos los errores y las condiciones del instrumento al principio y al final del análisis, se registran en el libro de registro (logbook) del sistema y con cada fichero de datos se guarda un extracto de este.

Con cada fichero de datos se pueden guardar las condiciones del instrumento, por ejemplo, flujo, temperatura, presión y composición de disolventes en el caso de cromatógrafos de líquidos. Estos parámetros del instrumento se pueden mostrar y trazar para confirmar la calidad de cada análisis. La naturaleza exacta de los parámetros registrados depende tanto de la técnica como de la capacidad del instrumento configurado.

Todas las adquisiciones de datos regulares (muestras simples, así como análisis de secuencias) se agregan primero a Run Queue y luego se inician desde allí. Para obtener más información, consulte [“Acerca de la cola de análisis”](#) en la página 141.

Se pueden usar una o varias ventanas para monitorizar en tiempo real los datos que el instrumento está adquiriendo. Los datos se muestran con unidades de medida reales como mAU, voltios, grados o bar. Cada ventana puede mostrar superpuestas varias señales de cromatografía o electroferografía o parámetros de instrumentos, por ejemplo, la presión. La configuración predeterminada de la pantalla se puede ajustar y el sistema la recuerda para que los usuarios puedan establecer su propia configuración como predeterminada del instrumento. La ventana tiene función de zoom y se puede usar el cursor para mostrar la respuesta de una señal determinada en cualquier momento del tiempo.

Durante un análisis, se pueden usar todas las funciones de ChemStation mediante la copia fuera de línea. Mientras se realiza la adquisición, la parte de Análisis de datos de la sesión de un instrumento no es accesible y la revisión de los datos hay que realizarla en la copia fuera de línea.

Los usuarios que deseen comenzar el procesamiento de datos antes de terminar el análisis disponen de una función de instantánea (snapshot). La instantánea (snapshot) hay que tomarla en la copia fuera de línea de las sesiones del instrumento y se muestra inmediatamente para su revisión.

El diseño de las ventanas de información de señal y estado, incluidos los componentes del diagrama esquemático de la interfaz del instrumento, se guarda automáticamente.

Para obtener más información sobre la Adquisición de datos, véase [“Adquisición de datos”](#) en la página 70 y el sistema de ayuda en línea.

## Congelación de tiempos de retención

El tiempo de retención es la medida cualitativa fundamental de la cromatografía. La mayor parte de la identificación de picos se realiza comparando el tiempo de retención del pico desconocido con el de un patrón. Es mucho más sencillo identificar picos y validar métodos si no hay variación en el tiempo de retención de cada analito. Sin embargo, la modificación del tiempo de retención se produce con cierta frecuencia. Los procedimientos de mantenimiento de rutina, tales como el corte de las columnas, alteran los tiempos de retención. En un laboratorio de varios instrumentos que realicen métodos por duplicado, los tiempos de retención en cada instrumento pueden diferir entre sí, aunque se analicen en condiciones nominalmente idénticas. Estas diferencias en los tiempos de retención precisarán como mínimo la recalibración para actualizar el tiempo de retención; también pueden hacer que cada sesión instrumental deba tener una calibración independiente y una tabla de eventos de integración, lo que hace que resulte tediosa la transferencia de métodos de un sistema a otro. Las diferencias en cuanto a tiempo de retención pueden precisar un trabajo adicional a la hora de comparar datos entre distintos instrumentos a lo largo del tiempo.

La congelación de tiempos de retención (RTL) permite una coincidencia estrecha de los tiempos de retención en un sistema GC con otro sistema con el mismo tipo de columna nominal (igual fase estacionaria, diámetro de la columna, longitud y relación entre fases (espesor de película)). Mediante el uso del tiempo de retención/calibración de la presión a partir de la configuración inicial de la congelación de tiempos de retención, RTL determina la nueva presión en el inyector necesaria para actualizar (rebloquear) la presión en el inyector del método del sistema GC cuando se desplaza el pico de un analito. Este método *bloqueado* puede cargarse ahora en otro sistema GC para actualizar la presión en el inyector de modo que coincidan los tiempos de retención.

## Análisis de datos

### Análisis de datos: opciones

El análisis de datos "clásico" es una función incluida en ChemStation. En las siguientes páginas se incluye una descripción general de dicha función. Para obtener más información, consulte "Análisis de datos" en la página 152.

## **Análisis de datos: visualización**

La vista Análisis de datos de ChemStation añade a la barra de herramientas estándar funciones de análisis de datos agrupadas por tareas; por ejemplo, recálculo, reprocesamiento, integración, calibración, presentación de datos, anotación y comparación de señales. Se pueden realizar las siguientes operaciones gráficas clave:

- Selección de visualización de una o varias señales al cargar el cromatograma o electroferograma.
- Superposición de los cromatogramas o electroferogramas de diferentes muestras.
- Sustracción de un cromatograma o electroferograma de otro.
- Alineación gráfica vertical y horizontal de las señales para ayudar a la comparación visual.
- Inversión o reflejo de las señales para ayudar a la comparación visual.
- Visualización de características ampliadas de rendimiento para picos integrados específicos.
- Funciones de zoom y desplazamiento gráfico.
- Ajuste de los atributos de visualización, incluida la selección de marcas de señalización, líneas base, ejes, tiempos de retención/migración y nombres de los compuestos (el usuario también puede seleccionar la fuente para el tiempo de retención (RT) y las etiquetas de los compuestos, ajustar el tamaño y la orientación de la pantalla, seleccionar la visualización superpuesta o separada y seleccionar los factores de escala).
- La visualización de cromatogramas o electroferogramas puede incluir superposiciones gráficas de los parámetros de los instrumentos según la capacidad del instrumento configurado.
- Las anotaciones definidas por el usuario se pueden añadir de forma interactiva a la pantalla, pudiendo seleccionar la fuente, el tamaño, la rotación del texto y el color (una vez definidas, las anotaciones se pueden mover, editar y eliminar).
- Copia de la pantalla al portapapeles de Windows con formato de metaarchivo y mapa de bits.
- Función *de modo de selección* para visualizar los valores de puntos de datos individuales en detectores.
- Exportación de puntos digitalizados de tiempo o intensidad al portapapeles de Microsoft Windows.

### **Análisis de datos: integración**

El algoritmo de integración de ChemStation es la segunda revisión de una nueva generación que pretende mejorar la resistencia, fiabilidad y facilidad de uso.

### **Análisis de datos: cuantificación**

El modo de calibración de la ChemStation de la ventana de análisis de datos permite la presentación simultánea de:

- Las señales que se van a calibrar con una indicación de la ventana de tiempo de retención o migración del compuesto actual.
- La tabla de calibración cuya presentación se puede configurar mediante una amplia selección de parámetros de calibración.
- La curva de calibración del compuesto que se va a calibrar.

Todas las ventanas del modo de calibración están vinculadas de manera que los cambios en una se reflejan automáticamente en todas las demás. Este modo permite la selección y modificación gráfica de los datos de calibración.

La cuantificación se basa en los cálculos de %, % normalizado, patrón externo, % de patrón externo, patrón interno y % de patrón interno calculados en función de la altura o área del pico. Las calibraciones pueden ser multinivel e incluir varias definiciones de patrón interno. Los historiales de calibración se guardan automáticamente y se pueden usar para ponderar los cálculos de recalibración.

Para obtener más información sobre calibración y cuantificación, consulte "Calibración" en la página 175.

### **Análisis de datos – revisión por lotes**

El informe de revisión por lotes se puede usar para revisar los resultados de todos los compuestos de cada muestra. Se pueden realizar las siguientes operaciones gráficas principales:

- Definición de la revisión y el reprocesamiento automático o manual de ficheros de datos (calibrados).
- Recalibración de la tabla de calibración.
- Revisión de las tablas de compuestos de los métodos calibrados.
- Creación de informes por lotes específicos.

La tabla de navegación ofrece varias operaciones gráficas clave:

- Funciones estándar de configuración de tablas, como ordenar, opciones de arrastrar y soltar, selección de columnas, agrupación de elementos para especificar una configuración de navegación de tablas preferida.

- Funciones con el botón derecho del ratón para cargar una señal, superponer una señal, exportar datos o imprimir informes.
- Expandir una línea en la tabla de navegación para revisar los detalles de las señales.
- Revisar señales y crear informes de ChemStation con un método específico.

Revisión por lotes le permite guardar los eventos de integración manual por análisis. Se pueden guardar los eventos manuales con el fichero de datos fuera de Revisión por lotes. Para evitar que haya conflictos entre dos grupos de integraciones manuales, los eventos manuales que se hayan almacenado en el archivo de datos no se aplicarán en Revisión por lotes.

Hay que vigilar varios aspectos:

- La metodología de recalibración en la revisión por lotes difiere de la recalibración en la secuencia original. Si se pulsa el botón de actualización de la calibración en la barra de herramientas de revisión por lotes, el sistema se recalibra gracias a todos los análisis de calibración del lote y crea una tabla de calibración recalibrada. Si se pulsa el botón Inicio de la barra de herramientas de revisión por lotes se recalculan las cantidades de cada compuesto calibrado. Se calcularán las cantidades de todas las muestras a partir de la tabla de calibración recalibrada.
- Si se hace clic en una línea en la tabla de muestras de la revisión por lotes, se cargará el fichero de datos asociado. Algunos ficheros de datos de gran tamaño podrían requerir un tiempo significativo para cargarse. Esto no es diferente a usar Load Signals para cargar el mismo fichero de datos.
- El informe de revisión por lotes le ofrece los resultados de todos los compuestos de cada muestra. Dado que algunas tablas de calibración cuentan con elevados números de compuestos, esto puede conducir a informes de revisión por lotes de tamaño bastante grande.
- Revisión por lotes le permite guardar los eventos de integración manual por análisis. También se pueden guardar los eventos manuales con el archivo de datos fuera de Revisión por lotes. Para evitar que haya conflictos entre dos grupos de integraciones manuales, los eventos manuales que se hayan almacenado en el archivo de datos no se aplicarán en Revisión por lotes.

Si usa ChemStation con almacenamiento de datos central, la vista Lote estará deshabilitada por defecto. Se puede habilitar mediante una entrada en la sección [PCS] del fichero ChemStation.ini: [PCS] \_BatchReview=1. El fichero ChemStation.ini se encuentra en el directorio C:\ProgramData\Agilent Technologies\ChemStation.

**Análisis de datos: recálculo**

Las funciones del modo de recálculo permiten generar en muy poco tiempo resultados o informes de cualquiera de los subconjuntos de datos que se muestran en la tabla de navegación. Se pueden generar con toda facilidad resultados para conjuntos de datos constituidos por el propio usuario, independientes de las secuencias en que se adquirieron originalmente las muestras. Puede utilizar cualquier método para el recálculo. El método empleado se copiará en los ficheros de datos únicos (DA.M). Durante el recálculo no se efectuará ninguna calibración.

**Análisis de datos: reprocesamiento**

Las funciones del modo de reprocesamiento permiten reprocesar una secuencia entera, con los métodos definidos en la tabla de secuencias y con los resultados de las muestras de calibración, para calcular los resultados de muestras.

**Análisis de datos: últimos resultados**

En este modo, se carga el método del fichero de datos (DA.M) de cada análisis. El DA.M es una copia exacta del método que se utilizó para el último análisis de datos (durante la adquisición, el reprocesamiento o el recálculo). El modo de últimos resultados le permite reproducir los resultados del último análisis de datos, incluso si entretanto se ha modificado el método de la secuencia.

## Elaboración de informes

Con ChemStation, puede elegir el tipo de informe que desee usar para cada instrumento:

- Informes clásicos *ChemStation*, que es idéntica a la función de elaboración de informes de ChemStation B. Para obtener más información, consulte [“Classic Reporting”](#) en la página 203.
- *Informes inteligentes*: Esta función le permite:
  - crear plantillas de informes arrastrando y colocando elementos (principio WYSIWYG: lo que ve es lo que obtiene)
  - Generar informes en la nueva vista **Review**, seleccionando simplemente los datos y la plantilla de informe.
  - Utilizar informes interactivos para la revisión de datos: defina los criterios de búsqueda para seleccionar la información específica que necesite.
  - Generar informes de secuencias cruzados.

Para obtener más información, consulte [“Informes inteligentes”](#) en la página 196.

## Exportación e importación de datos

### ANDI

ChemStation puede importar y exportar ficheros de datos con el formato de cromatografía andi (Analytical Data Interchange) de la Analytical Instrument Association (AIA), versión 1.0, copyright 1992. Se admite la importación de datos en el nivel de conformidad uno (información de muestras y datos de señales) y la exportación de datos en el nivel de conformidad dos (información de muestras, datos de señales y resultados de integración).

### DDE

ChemStation incluye comandos y funciones para admitir la norma de intercambio dinámico de datos (DDE) de Microsoft Windows, tanto como cliente DDE o como servidor DDE. Se incluyen comandos para establecer y terminar las conexiones, transferir información en ambas direcciones y ejecutar funciones remotas.

## ADF

La herramienta **ADFExport for OpenLab** permite exportar datos de ChemStation al formato Allotrope Data Format (ADF). La herramienta solo está disponible si está instalado el complemento correspondiente.

Si desea obtener una descripción detallada de **ADFExport for OpenLab**, consulte la ayuda en línea de *ChemStation ADF Export*.

## Personalización

ChemStation se puede personalizar mediante un potente conjunto de comandos. Estos comandos se pueden agrupar para ejecutar automáticamente una función específica; a tal grupo se le denomina macro.

Los usuarios que escriben macros pueden definir sus propias variables, crear constructos condicionales o de bucle, realizar E/S físicas como el tratamiento de ficheros y la interacción de usuarios, anidar sus macros y programar e intercambiar datos con otras aplicaciones de Microsoft Windows.

### Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation

ChemStation permite usar comandos personalizados en las siguientes ubicaciones:

- Cola de análisis  
Consulte ["Uso de la Cola de análisis"](#) en la página 143.
- Planificador de colas  
Consulte ["Usar Queue Planner"](#) en la página 147.
- Run Time Checklist  
Consulte ["Run Time Checklist"](#) en la página 50.
- Parámetros de secuencia  
Consulte ["Parámetros de la secuencia"](#) en la página 80.
- Planificador de comandos  
Consulte ["Planificación de comandos"](#) en la página 148.

En cada una de esas ubicaciones también puede acceder al cuadro de diálogo que permite crear o modificar comandos y macros.

## Creación de comandos personalizados

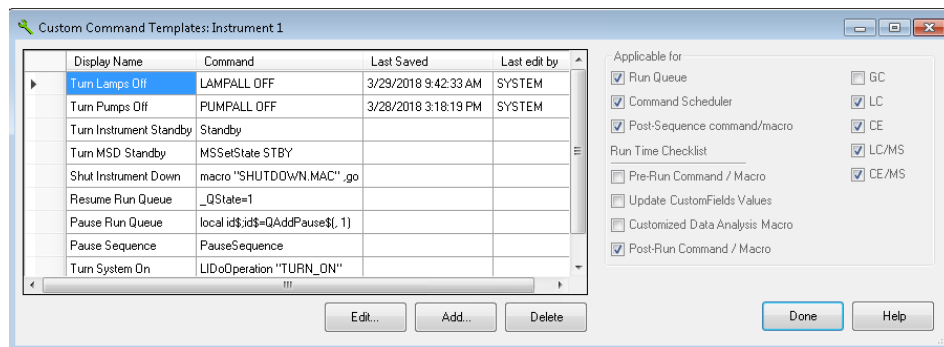
ChemStation incluye varios comandos integrados que cualquier usuario puede utilizar. Si dispone de los privilegios necesarios, puede crear sus propios comandos y macros personalizados.

### Requisitos

Debe disponer del privilegio **ChemStation:Security > Command Line**. Los privilegios se configuran en el panel de control.

- 1 En una ubicación en la que se puedan utilizar comandos, seleccione la opción **Set up Custom Command Template ...**

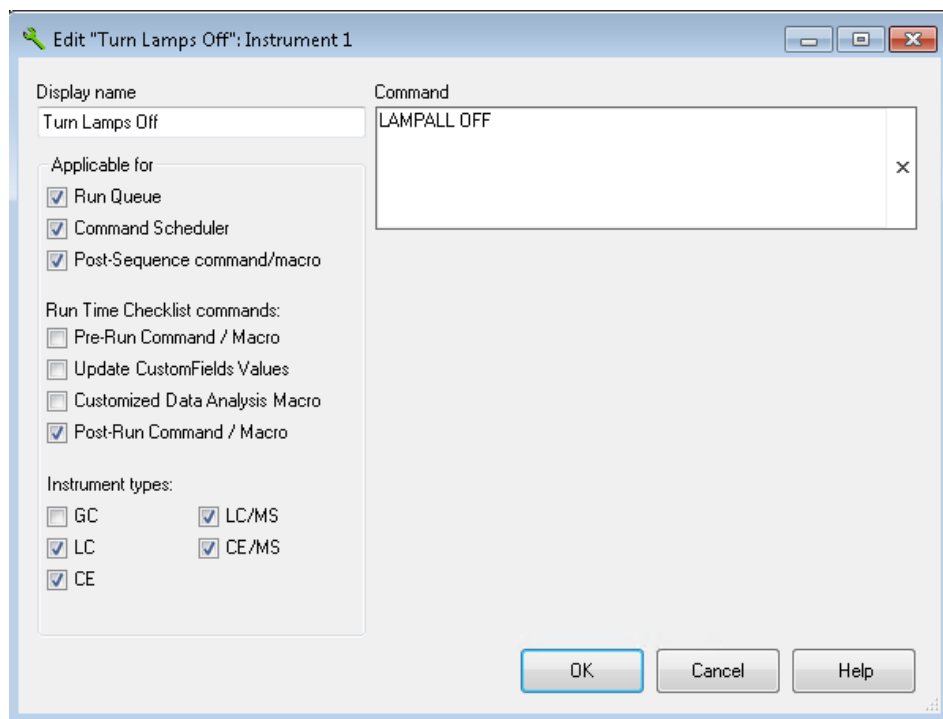
En el cuadro de diálogo **Custom Command Templates** aparecerán todos los comandos integrados y personalizados que estén disponibles para el tipo de instrumento seleccionado.



- 2 Seleccione el comando que desee y haga clic en **Edit...**

Se abrirá un cuadro de diálogo que le permitirá configurar las propiedades del comando:

- El nombre que se mostrará a todos los usuarios de ChemStation.
- La ubicación en la que estará disponible el comando (**Run Queue**, **Command Scheduler**, **Post-Sequence command/macro** o **Run Time Checklist** del método).
- Los **Instrument types** para los que es válido el comando.



### 3 Confirme los cambios.

#### NOTA

Las definiciones de comandos se guardan por separado con la lista de control del tiempo de análisis del método, la plantilla de secuencia o el plan de colas. Esto significa que, si modifica o elimina una definición, los cambios solo se aplicarán dentro del alcance de la ubicación donde haya abierto el cuadro de diálogo **Custom Command Templates**. Para aplicar los cambios de ese cuadro de diálogo en otras ubicaciones, debe actualizar explícitamente la lista de control del método, la plantilla de secuencia o el plan de colas correspondientes.

Para obtener información adicional sobre la personalización, busque *comandos* y *macros* en el sistema de ayuda en línea de ChemStation.

## Automatización

ChemStation permite planificar y ejecutar muestras individuales y secuencias multimétodo.

Puede definirse un grupo de parámetros de secuencia para utilizar archivos generados automáticamente o numerados secuencialmente, con un prefijo definido por el usuario de hasta quince caracteres. El usuario puede seleccionar si desea realizar análisis completos o ejecutar secuencias únicamente de reprocesamiento de datos. También puede seleccionar alguno de los comandos de apagado específicos (para ver ejemplos de comandos integrados, consulte “Operación postsecuencia” en la página 120) o una macro de apagado definida por el usuario para que se ejecute cuando la secuencia termine a causa de un error o de la finalización de todos los análisis.

La tabla de secuencia (o lista de análisis a realizar) se crea en una interfaz de usuario similar a una hoja de cálculo y permite especificar los números de viales y nombres de muestras, los tipos de muestra, los métodos de análisis, los parámetros de cuantificación de muestras (incluida la cantidad de muestra), un factor multiplicador y un factor de dilución, las especificaciones de calibración, el parámetro de intercambio de datos LIMSID y el número de inyecciones repetidas. En función de los instrumentos y módulos configurados, habrá más campos accesibles; por ejemplo, si un sistema LC Agilent 1100/1200 incluye un colector de fracciones, en la tabla de secuencias aparecerá la columna **Fract. Start**. El usuario puede configurar el aspecto de la tabla de secuencia. El usuario puede desplazarse por las celdas de la tabla y copiar, cortar o pegar celdas individuales, filas enteras o series de filas para crear secuencias de forma eficaz y rápida.

En la tabla de secuencia, las muestras pueden identificarse como desconocidas, de calibración, blancos o de control. El tipo de muestra determina el posible tratamiento especial de evaluación de datos de la muestra:

- Las muestras desconocidas se evalúan y presentan de acuerdo con las especificaciones del método.
- Las muestras de calibración se utilizan para recalibrar el componente de cuantificación del método, tal como se describe más adelante.
- Las muestras en blanco se usan para evaluar la señal de referencia para picos específicos, según lo definido en la Farmacopea Europea. La relación señal/ruido puede imprimirse en informes personalizados. Consulte la Guía de referencia para obtener detalles sobre el cálculo y los campos de datos requeridos.
- Las muestras de control se evalúan en función de los límites de cada componente definido en el método. Si el resultado está fuera del rango de cualquiera de los parámetros especificados, la ejecución de la secuencia se detendrá.

Las muestras de calibración se pueden definir como simples, cíclicas o agrupadas. En las recalibraciones simples, la recalibración se produce cada vez que se define una muestra de calibración en la secuencia. Las recalibraciones cíclicas se producen a intervalos definidos durante el análisis de una serie de muestras desconocidas. Al agrupar una serie de muestras desconocidas, se analizan dos conjuntos de calibración. Después, se calculan los informes cuantitativos de las muestras desconocidas utilizando una tabla de calibración promediada a partir de los dos conjuntos de calibración.

La función Vista previa de la secuencia permite a los usuarios ver el orden de ejecución de la secuencia. Una vez que la secuencia se incluya en la cola, en la tabla de secuencia también se mostrarán las muestras, análisis por análisis. El usuario puede seleccionar las muestras individuales que desee volver a analizar o evaluar. Al volver a evaluar los datos ya adquiridos, los usuarios pueden especificar si en el reprocesamiento se utilizarán los datos de cuantificación de la muestra original o los nuevos datos introducidos en la tabla de muestras de la secuencia.

Las secuencias se pueden pausar para analizar muestras prioritarias de una sola inyección con otro método y, a continuación, se pueden reiniciar sin interrumpir la automatización. Se pueden añadir muestras a la tabla de secuencia durante la ejecución de la secuencia.

Tanto la secuencia como las tablas de secuencia parciales se pueden imprimir.

Para obtener más información sobre las secuencias, consulte ["Automatización/secuencias"](#) en la página 77 y el sistema de ayuda en línea.

## Ejecutar cola y Planificador de cola

La Cola de análisis permite analizar, automáticamente, muchas muestras simples o secuencias una tras otra. El primer elemento añadido a la cola se inicia cuando está listo el sistema de datos, salvo que la cola solicite una pausa. Es posible añadir muestras individuales, secuencias basadas en plantillas Easy Sequence, secuencias clásicas de ChemStation o pausas a la cola. Además, cada comando **Run Method** o **Run Sequence** agrega automáticamente un elemento a la Cola de análisis y automáticamente inicia este elemento en la cola.

Utilizando el planificador de colas, es posible preparar una serie de muestras individuales o secuencias y guardar el plan en el sistema de ficheros. Para iniciar esas muestras y secuencias planificadas, basta con abrir el plan y añadirlo a Cola de análisis. Esta función es útil para iniciar tareas largas durante la noche o como trabajos de fin de semana.

Para obtener más información, consulte ["Acerca de la cola de análisis"](#) en la página 141.

## Ubicaciones de la muestra

Un control gráfico permite seleccionar la ubicación de los viales para las inyecciones y para la colección de fracciones.

En lugar de escribir manualmente la ubicación de la muestra, lo que precisa un elevado conocimiento del formato correcto de la dirección, solo tendrá que seleccionar la ubicación del cajón, el tipo de bandeja y la ubicación del vial haciendo clic con el ratón.

El control gráfico que permite seleccionar las ubicaciones de las muestras está integrado en los siguientes cuadros de diálogo y barras de herramientas:

- **Sample Info**
- **Sequence Table**
- **Filldown Options**
- **Fraction Collector (Start Position)**
- Barra de tareas **Purify** en la vista **Data Analysis**

El control contiene los elementos siguientes:

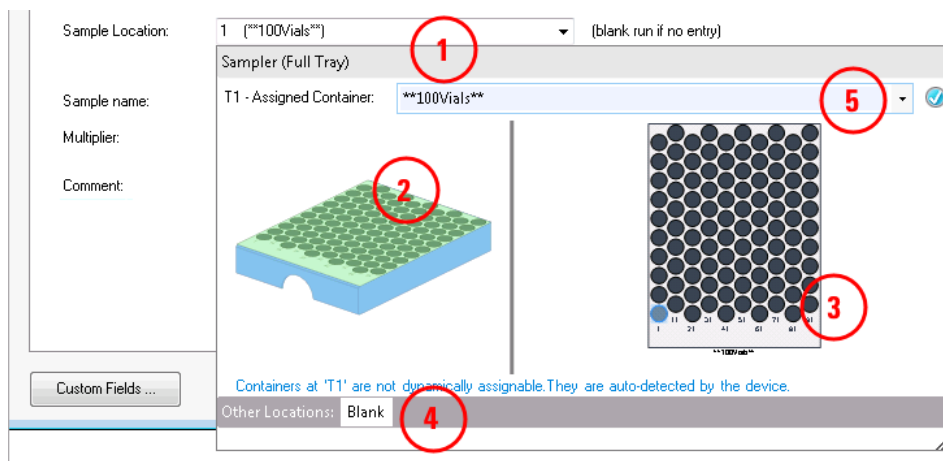


Figura 1 Selector de ubicación de muestras en el cuadro de diálogo Sample Info

- 1 Campo de entrada inicial para la ubicación de la muestra. Haga clic en la flecha o pulse **F4** para abrir el control gráfico o introduzca manualmente la cadena de la ubicación.
- 2 Gráfico que representa el diseño del dispositivo del contenedor de muestra (inyector o colector de fracciones). Si están disponibles varias ubicaciones de contenedores, haga clic para seleccionar una.

---

3	Representación del contenedor de muestra seleccionado. Haga clic en una ubicación de muestra para seleccionarla y cerrar el control gráfico.
4	Otras ubicaciones, tal y como las define el controlador. Por ejemplo, <b>Blank</b> para inyectoros o <b>Next Location, Next Plate, Pooling</b> para colectores de fracciones. Haga clic para seleccionar la ubicación y cerrar el control gráfico.
5	Lista de contenedores que son compatibles con la ubicación del dispositivo seleccionado. <b>Use Current Configuration</b> selecciona el contenedor según ha determinado la configuración del dispositivo/controlador en el momento de la inyección. Utilice <b>&lt;empty&gt;</b> , por ejemplo, para diseños del colector de fracciones para asegurarse de que no se considera un contenedor en la orden de colección durante la ejecución.

---

Son principalmente los flujos de trabajo siguientes:

- Usar configuración actual  
Este es el enfoque predeterminado. Cuando se ejecuta la muestra o la secuencia, el sistema detecta automáticamente el dispositivo.
- Asignar contenedor que debe aplicarse en la adquisición  
Este flujo de trabajo es para contenedores definibles que no puede detectar el sistema, como, por ejemplo, placas. El contenedor que debe usarse se especifica cuando se ejecuta la secuencia o la muestra.
- Asignar contenedores que validar  
Este flujo de trabajo es para contenedores no definibles que detecta automáticamente el dispositivo como, por ejemplo, bandejas. Cuando se ejecuta la secuencia o la muestra, el sistema valida el contenedor especificado. Si el contenedor físico no coincide con el especificado, se cancelará el análisis. De este modo se asegura el uso del tipo de contenedor correcto.
- Preparar contenedor no asignado  
Este flujo de trabajo es para contenedores llenados por adelantado, pero que aún no se han insertado en el muestreador. Se asignan a un cajón y se colocan más adelante.

El control gráfico de ubicaciones de muestras es compatible, por ejemplo, con los controladores RC.Net de **Agilent LC**.

## Buenas prácticas de laboratorio

ChemStation se ha desarrollado según normas de desarrollo y diseño internacionalmente reconocidas y dispone de varias funciones específicas para ayudar a los usuarios a trabajar en un entorno regulado. Estas funciones están en el área de especificación de métodos completos y verificación tal que los métodos se ajustan al uso previsto y se usan para comprobar el funcionamiento del sistema y asegurar la trazabilidad, originalidad y calidad de los datos.

### Proceso de desarrollo

El certificado de validación entregado con cada paquete de software documenta las fases de desarrollo y pruebas del software realizados como parte del proceso de desarrollo. El proceso de desarrollo está registrado según la norma de calidad ISO 9001.

### Especificación y uso de métodos

- Métodos globales: toda la especificación de los análisis de datos y del instrumento se guarda en un único lugar. Los métodos incluyen las especificaciones individuales de los rangos de los compuestos para comprobar que los resultados de cuantificación no se aplican fuera del rango calibrado.
- El registro histórico de cambios en los métodos permite a los usuarios de un método validado registrar automáticamente cómo y cuando se modificó un método. Opcionalmente, los usuarios pueden añadir al registro histórico un comentario con el motivo de la modificación. El registro histórico de cambios se guarda automáticamente como parte del método en formato binario. Para evitar el acceso no autorizado a los registros, está protegido por el esquema de acceso de usuarios, que se describe más adelante. El registro histórico de cambios se puede ver e imprimir.
- En cada método se pueden asignar límites por compuesto para varios parámetros de rendimiento cromatográficos o electroferográficos y del sistema, como se describe en la sección de cuantificación del análisis de datos. Los resultados que superan los rangos de estos parámetros se utilizan para controlar la ejecución de secuencias automatizadas, tal y como se describe en la sección de automatización. Se indican en el informe del análisis correspondiente.
- Los informes de rendimiento o idoneidad del sistema (consulte la sección Elaboración de informes en este mismo documento) contienen un análisis detallado de la calidad de la separación.

Puede configurar distintos roles y privilegios en OpenLab Shared Services. Los roles preconfigurados **ChemStation Administrator**, **ChemStation Lab Manager**, **ChemStation Analyst** y **ChemStation Operator** sirven como base para los roles de su entorno.

#### Solidez de los métodos

Los informes de resumen de secuencias (consulte [“Presentación de datos clásica y función Informes inteligentes”](#) en la página 195) permiten probar la solidez de los métodos. Con Classic Reporting, los informes de formato extendido para los criterios seleccionados por el usuario se envían como diagramas de tendencias que se pueden utilizar para determinar los límites reales de funcionamiento. Con Intelligent Reporting, se pueden crear plantillas de informes propias para informes resumen de secuencias (Sequence Summary Reports), incluyendo gráficos de tendencias con líneas de límite. Estos límites se pueden incorporar al método para asegurar, mediante el análisis de muestras de control, que el método está funcionando según las especificaciones.

#### Funcionamiento del sistema

El kit de verificación de ChemStation, que forma parte del software estándar, comprueba automáticamente si la instalación es correcta y el funcionamiento de los componentes de evaluación de datos del software; para ello, compara los resultados generados cuando se ejecuta la prueba con los valores conocidos registrados previamente. El kit de verificación también permite a los usuarios definir sus propios ficheros de datos y métodos que serán la base de la prueba.

#### Trazabilidad, originalidad y calidad de los datos

El Run Time Logbook contiene un registro de transacciones de todo el sistema. También registra los eventos inusuales (como errores o cambios de parámetros realizados durante un análisis) así como las condiciones del instrumento antes y después de cada análisis. Con cada fichero de datos se guarda un extracto relevante del libro de registro.

También se registran las condiciones reales del instrumento, por ejemplo, presión, flujo y temperatura, ocurridas durante cada análisis si el instrumento configurado admite esta posibilidad. Después, estos datos se pueden presentar gráficamente con el cromatograma o electroferograma para mostrar las condiciones reales del instrumento durante ese análisis concreto y también se pueden incluir en el informe.

Los métodos guardados junto con el fichero de datos registran el método real en el momento del análisis y permiten realizar posteriormente una reconstrucción completa de los datos del informe. El método se guarda cuando terminan todas las fases del análisis.

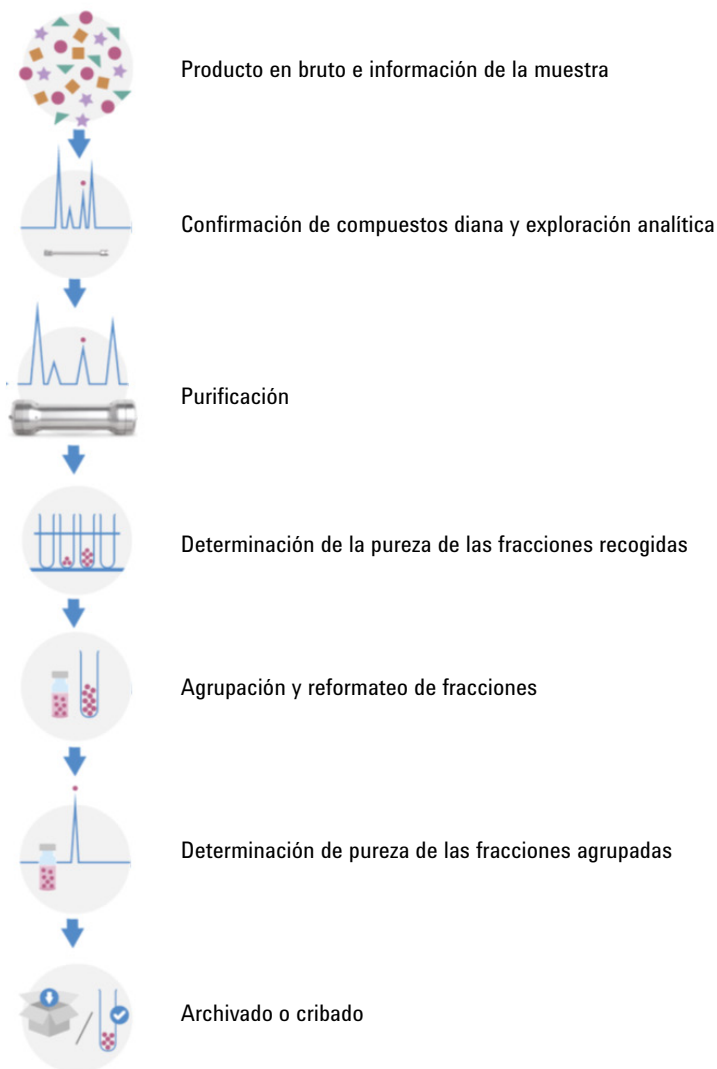
Por defecto, todos los informes tienen marcas de hora y numeración de página trazable (estilo de numeración *página x de y*). El usuario puede seleccionar el nivel de detalle de cada informe, desde simples informes de resumen hasta informes detallados completos del sistema.

Los ficheros de registro tipo GLP, especificados como parte de la configuración del método, guardan todos los datos originales, incluida información de la muestra, el método de análisis de datos, las señales del cromatógrafo o electroferógrafo, las condiciones del instrumento, los resultados de integración y cuantificación, los datos del informe y el libro de registro del análisis en un fichero binario protegido por control tipo checksum. Se trata de un formato binario no editable que garantiza la originalidad de los resultados. El fichero incluye un esquema de revisiones que indica si los datos se han reprocesado.

En la tabla de secuencias se pueden definir los tipos de muestras de control y usarse para comprobar automáticamente el rendimiento del instrumento según los resultados de la muestra de control de calidad cuando el instrumento funciona desatendido. Los resultados que están fuera del rango aceptable definido por el usuario detendrán la ejecución automática del instrumento.

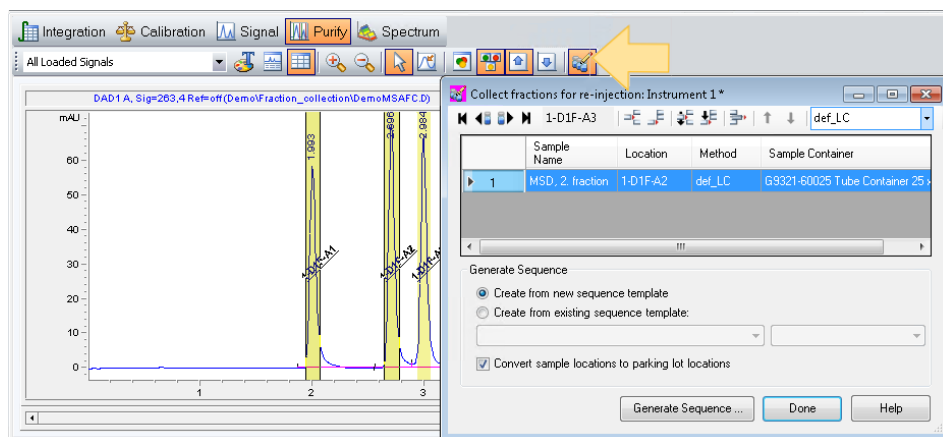
## Cromatografía de líquidos preparativa

ChemStation admite la automatización de los flujos de trabajo de purificación y preparación. El flujo de trabajo típico incluye el uso de un colector de fracciones con agrupación de fracciones.



## Determinación de la pureza de las fracciones recogidas

Para comprobar la pureza de las fracciones recogidas, puede convertirlas en muestras y agregarlas a una secuencia para la repetición de la inyección. Para ello, debe crear una lista de fracciones para la repetición del análisis en el cuadro de diálogo **Collect fractions for re-injection**, al que puede acceder desde la barra de herramientas **Purify** de Data Analysis.



En la tabla del cuadro de diálogo puede configurar la lista de fracciones para generar la secuencia, así como especificar el método y la ubicación de la muestra.

- |                     |  |
|---------------------|--|
| Lista de fracciones | Puede añadir fracciones seleccionándolas en el cromatograma, la tabla de fracciones o el gráfico del contenedor de muestra.  |
| Método              | En la lista desplegable aparecen todos los métodos almacenados en el ordenador. Si su método se encuentra en otro instrumento (el que vaya a utilizar para la repetición de la inyección), puede escribir el nombre del método en este campo o dejarlo en blanco y hacerlo más adelante.   |
| Secuencia           | Puede crear una nueva secuencia con la opción <b>Create from new sequence template</b> . También puede agregar las fracciones a una secuencia existente con la opción <b>Create from existing sequence template</b> .  |
| Ubicación           | Si va a transferir el contenedor de muestra a otro instrumento para repetir la inyección de las fracciones, marque la casilla de verificación <b>Convert sample locations to parking lot locations</b> .<br>De esta forma, las ubicaciones se convertirán en ubicaciones de estacionamiento neutras que podrán utilizarse en un inyector distinto. |

En función de la configuración, podrá ejecutar la secuencia o volverla a editar en la sección **Sample List** de la ficha **Sample Entry**. Para obtener más información, consulte “Interfaz gráfica de introducción de muestras” en la página 82.

## Agrupación de fracciones

La agrupación es la colección de varias fracciones en el mismo recipiente de recogida. ChemStation admite diferentes opciones de agrupación:

- Inyectar varias veces desde la misma posición de la muestra y recoger en los mismos recipientes.

En el cuadro de diálogo **Sample Info**, elija el número de análisis requerido para la muestra única y seleccione una ubicación inicial de fracción fija para el primer análisis.

- Inyectar desde diferentes posiciones de la muestra, pero recoger en los mismos recipientes.

Para configurar el agrupamiento, ajuste la ubicación inicial del colector de fracciones para el primer análisis y, en caso necesario, para los siguientes.

## Calibración del retardo del colector de fracciones

Al tiempo que un compuesto necesita para trasladarse del punto de detección del detector al punto de recogida en el colector de fracciones se le llama retardo o retraso. Se puede determinar llevando a cabo una calibración del retardo.

El asistente de calibración de retardo le guiará a lo largo del proceso de realización y evaluación de la calibración del retardo del colector de fracciones. Puede acceder al asistente desde el menú **Instrument**, en la vista **Method and Run Control**.

En primer lugar, configure y analice el retardo de calibración usando **Perform Delay Calibration Run**. Después evalúe los resultados de la calibración del retardo usando **Evaluate Delay Calibration Data**. La calibración del retardo se resume en el informe **Delay Calibration Summary**.

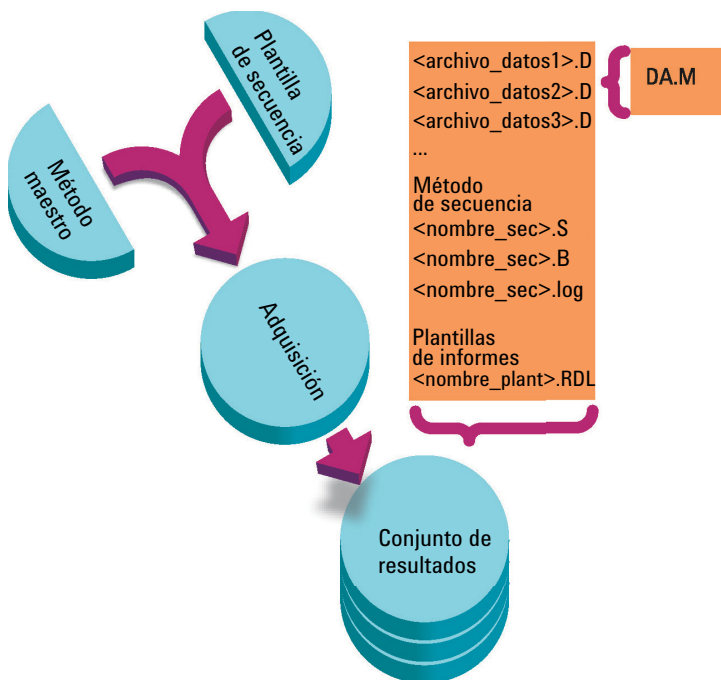
La evaluación de los datos le ayuda a resolver el retardo entre el detector(es) de picos y el módulo(s) de colección de fracciones. Los retardos se determinan en función de las señales del detector y la señal del sensor de retardo del colector de fracciones de un fichero de datos de un análisis de calibración. Los volúmenes de retardo se calculan en función de la información del flujo.

Para obtener más información, consulte la ayuda en línea de ChemStation.

## Estructura de datos de ChemStation

Para fortalecer la asociación entre los ficheros de datos y los métodos, con ChemStation B.02.01 se ha introducido el uso de conjuntos de resultados (a los conjuntos de resultados se les solía llamar contenedores de secuencias):

- Los datos se guardan con toda la información necesaria para el análisis de datos: copias del fichero de secuencia, de todos los métodos, y, cuando se trate de Intelligent Reporting, también de las plantillas de informes empleadas con la secuencia. Los métodos de secuencia pueden modificarse con una entrada específica de secuencia y no influyen en el método maestro original. Por lo tanto, el concepto de conjunto de resultados refuerza la razón de ser de una secuencia como un conjunto de ficheros de datos y métodos pertenecientes a la creación de resultados.
- Los datos de secuencia no se sobrescriben. Cada adquisición de secuencia almacena los ficheros de datos resultantes en su propio conjunto de resultados con un nombre exclusivo.
- En la vista **Data Analysis** se pueden realizar la revisión y el reprocesamiento de datos por medio de la Navigation Table.
- Si se usa un sistema central de almacenamiento de datos (*OpenLab ECM 3.x*, *OpenLab ECM XTu* *OpenLab Server*), el conjunto completo de resultados (secuencia/métodos/ficheros de datos/plantillas de informes) se transfiere al repositorio central como una entidad.



**Figura 2** Adquisición de una secuencia

Los métodos de la carpeta ChemStation\x\methods<sup>1</sup> sirven como métodos maestros. No sufren ningún cambio durante las adquisiciones y los análisis de datos.

De igual forma, las secuencias de la carpeta de documentos públicos ChemStation\1\sequence sirven de plantillas de secuencia que se pueden utilizar para reanalizar (pero no reprocesar) una secuencia varias veces.

Las plantillas de informes de la carpeta de documentos públicos ChemStation\REPSTYLE sirven de punto de partida para que el usuario pueda crear las suyas propias.

<sup>1</sup> x es el número de instrumento. La carpeta se ubica de forma predeterminada en los documentos públicos, pero puede configurarse durante la instalación.

El patrón de almacenamiento de datos varía en función de que se estén adquiriendo los datos de un solo análisis o de datos de secuencia:

- 1 Al ejecutar una secuencia, se crea automáticamente una nueva carpeta (**result set**) con un nombre único en el subdirectorío especificado. Cuando se analiza una sola muestra, el fichero de datos (\*.d) se escribe en el subdirectorío especificado.
- 2 Cuando se analizan datos de secuencia, la plantilla de secuencia ejecutada (\*.s) y todos los métodos (\*.m) utilizados se copian en el conjunto de resultados. Las copias de los métodos se llaman **sequence methods** para así distinguirlos de los métodos maestros originales. En caso de utilizar Intelligent Reporting, todas las plantillas de informe utilizadas (\*.rdl) se copian también en el conjunto de resultados.

Todas las tareas asociadas a secuencias (por ejemplo, adquisición y análisis de datos) se efectúan sobre las copias de las secuencias y los métodos. Por tanto, la plantilla de secuencia y los métodos maestros no sufren ningún cambio, y así se pueden utilizar en futuras secuencias.

Los cambios realizados en la secuencia durante la adquisición de esta, por ejemplo, la adición de líneas a la tabla de secuencias, se llevan a cabo en la copia del fichero de secuencias del conjunto de resultados. La plantilla de secuencia no se modifica.

Del mismo modo, los cambios realizados en el método, como pueden ser las actualizaciones de la Calibration Table en el caso de análisis de calibraciones, se reflejan en los métodos de secuencia, pero no en los métodos maestros.

Al ejecutar una secuencia, todos los ficheros de datos generados (\*.d) se guardan en la carpeta de datos de la secuencia junto con el fichero de lotes correspondiente (\*.b) y el fichero de registro de la secuencia (\*.log).

- 3 Cada fichero de datos contiene una copia del método empleado para crear el análisis. Se almacena la información siguiente del método:
  - Para ver los parámetros de los métodos originales de cada fichero de datos, haga clic con el botón derecho en la línea de interés en la tabla de navegación y, después, seleccione **View ACQ Method**.
  - ChemStation le solicita guardar una copia del método completo (RUN.M) después de cada análisis (consulte ["Save Copy of Method with Data"](#) en la página 69).
  - Siempre se guarda una copia de los parámetros de análisis de datos (DA.M) (consulte ["Save Copy of Method as DA.M with Data \(ChemStation Default\)"](#) en la página 69).

## Control remoto de instrumentos

Con una configuración de sistema distribuido, es posible configurar e iniciar instrumentos ChemStation desde cualquier Panel de control de OpenLab que esté conectado al servidor de OpenLab Shared Services.

### Inicio de instrumentos

Para configurar o iniciar instrumentos, puede utilizar los botones *Configurar instrumento*, *Iniciar en línea* y *Iniciar fuera de línea* del Panel de control de OpenLab. En las configuraciones de estación de trabajo independiente o en red, el diálogo de configuración del instrumento se ejecuta en el PC local. No obstante, con una configuración de sistema distribuido, la aplicación ChemStation en sí se ejecuta en una máquina de Controlador de instrumentos analíticos (AIC) y el usuario accede a la aplicación mediante una conexión de escritorio remoto a la máquina AIC.

Las ventanas de la ChemStation remota se muestran independientemente del Panel de control de OpenLab; es posible iniciar un instrumento, cerrar el panel de control y seguir trabajando con el instrumento. También es posible ejecutar múltiples instancias del Panel de control de OpenLab en un mismo cliente utilizando diferentes credenciales de acceso. Las diferentes credenciales se propagarán a los instrumentos que el usuario inicie desde el correspondiente Panel de control de OpenLab.

Es posible identificar los instrumentos que se están ejecutando en una máquina AIC remota por medio del título de la ventana, que contiene tanto el nombre del instrumento como el nombre de la AIC.

### Desconexión de sesión

Los instrumentos que funcionan con un controlador AIC son independientes del cliente desde el que se abra la conexión de Escritorio remoto. Si el cliente se desconecta, por ejemplo, debido a un fallo de red, las secuencias que se estén ejecutando en el instrumento proseguirán sin que eso las afecte. Para recuperar el control de la sesión del instrumento una vez resuelto el problema con la red, basta con hacer clic nuevamente en el botón *Iniciar en línea* o *Iniciar fuera de línea*.

Para desconectarse por iniciativa propia, haga clic en el botón **Close** o siga la ruta **File > Exit**. El cuadro de diálogo **Close** incluye un botón **Disconnect** adicional. Al desconectarse, cortará la conexión de Escritorio remoto pero el instrumento seguirá funcionando.

## NOTA

Puede desconectar la conexión de Escritorio remoto durante la ejecución de una secuencia.

Para volver a conectarse a esa sesión del instrumento, simplemente haga clic de nuevo en el botón *Iniciar en línea* o *Iniciar fuera de línea* del panel de control de OpenLab. Puede efectuar la reconexión desde cualquier panel de control de OpenLab conectado a Servicios compartidos del servidor de OpenLab.

Si hace clic en *Iniciar fuera de línea* para reconectarse a un instrumento en línea o viceversa, se abrirán dos ventanas de instrumento: una para el instrumento en línea y otra para el instrumento fuera de línea.

## Toma de control de sesión

Puede tomar el control de una sesión existente haciendo clic en el botón *Iniciar en línea* o *Iniciar fuera de línea* del **OpenLab Control Panel** en un PC diferente:

- Si ha iniciado un instrumento desde el Panel de control de OpenLab de un primer PC y seguidamente accede a un Panel de control de OpenLab de un segundo PC con las mismas credenciales de usuario e inicia desde allí el mismo instrumento, estará simplemente tomando el control de la sesión existente y podrá proseguir desde el segundo PC cualquier cosa que haya iniciado en el primero.

## NOTA

No se muestra ninguna advertencia si el nuevo usuario y el usuario previo tienen las mismas credenciales.

- Si otro usuario ha iniciado el instrumento desde el Panel de control de OpenLab de un PC diferente y usted dispone de los privilegios necesarios, también podrá tomar el control de esa sesión. Debe tener el privilegio **Take over ChemStation Remote Session** y, si el otro usuario ha bloqueado en privado la ChemStation, también debe tener el privilegio **Break Session Lock**. Para obtener más información sobre la gestión de usuarios, los privilegios o la configuración del bloqueo de sesión, consulte la *Guía de configuración de OpenLab ChemStation*(CDS\_CS\_configure.pdf).

El estado de bloqueo actual de un instrumento o sesión lo muestra un icono a la izquierda del nombre de usuario en el campo **used by** del panel **Instrument** y de la columna **used by** de la tabla **Instruments**:



El instrumento/la sesión está en uso por otro usuario; no tome el control.



El instrumento/la sesión tiene un bloqueo privado; no tome el control.



El instrumento/la sesión tiene un bloqueo no privado o está desconectado; está disponible para que otro usuario tome el control.

Si toma el control de la sesión, el otro usuario recibe un mensaje informándole de qué usuario ha tomado el control de la sesión.

El informe muestra tanto al **Acquisition Operator** que ha iniciado sesión como usuario actual como al **Sample Operator** que ha enviado la muestra individual o la secuencia a la cola de análisis.

Los instrumentos en línea y fuera de línea se incluyen en la misma sesión y, por tanto, se transfieren siempre de manera conjunta. Si en una sesión hay iniciados un instrumento en línea y un instrumento fuera de línea, la toma de control transfiere el control de ambos instrumentos con independencia de si se ha hecho clic en el botón *Iniciar en línea* o *Iniciar fuera de línea*. Si hace clic en *Iniciar fuera de línea* y la sesión incluye solamente un instrumento en línea, o viceversa, obtendrá dos ventanas de instrumento: una para el instrumento en línea y otra para el instrumento fuera de línea.

### Apagado forzado

Para apagar los instrumentos que no responden y que ya no se van a volver a utilizar, puede hacer clic con el botón derecho sobre el instrumento en el Panel de control de OpenLab, y seleccionar **Force Shutdown** en el Panel de control del cliente ChemStation.

Deberá tener privilegios de **Instrument Administration** para poder utilizar esta función.

Si se fuerza el apagado, el estado del instrumento no se actualizará inmediatamente, lo que ocasiona una visualización inconsistente del estado temporal hasta que el estado se reinicie automáticamente a "no iniciado". Se recomienda que espere como mínimo dos minutos antes de iniciar una nueva sesión en ChemStation.

## 2 Trabajo con métodos

Definición de método	47
Métodos maestros	47
Métodos de secuencia	47
Métodos de fichero de datos	48
Partes de un método	49
Creación de métodos	51
Edición de métodos	52
Partes editables del método	53
Estructura del directorio de métodos	54
Edición de métodos en el modo en línea	55
Edición de métodos en el modo fuera de línea	55
Administración de métodos	56
Árbol de métodos en ChemStation Explorer	56
Visualización del método de adquisición	57
Actualización de los parámetros de DA en el método maestro	59
Actualización de métodos	60
Almacenamiento de un método como nuevo método maestro	62
¿Qué sucede cuando se ejecuta un método?	63
Resumen del funcionamiento del método	63
Macro o comando de ejecución previa (Lista de control del análisis)	65
Data Acquisition (Run Time Checklist)	66
Data Analysis (Run Time Checklist)	66
Update Custom Fields Values	67
Customized Data Analysis	68
Save GLP Data	68
Postrun Command or Macro	69
Save Copy of Method with Data	69
Save Copy of Method as DA.M with Data (ChemStation Default)	69

Los métodos constituyen una parte vital del funcionamiento de OpenLab ChemStation. OpenLab ChemStation es un sistema de datos cromatográficos con gran flexibilidad para el desarrollo de métodos. En este capítulo se explican detalladamente los conceptos de los métodos.

## Definición de método

Un método comprende todos los parámetros para la adquisición y el análisis de datos, además de tareas previas y posteriores al análisis, para una muestra determinada, si son necesarios.

Los ficheros de métodos disponibles (\*.m) se pueden ver en ChemStation Explorer. Para navegar fácil y rápidamente, se pueden añadir ubicaciones de métodos adicionales al árbol de selección de ChemStation Explorer con la ficha **Paths** del cuadro de diálogo **Preferences**.

Existen distintos tipos de métodos. Dependiendo de la ubicación de almacenamiento, los métodos se pueden emplear como métodos maestros (como referencia dentro del conjunto de resultados de una secuencia) o como registro actual de los ajustes empleados durante la adquisición de datos.

## Métodos maestros

Son métodos almacenados en el disco duro del ordenador. Los métodos almacenados tienen un nombre compuesto por hasta cuarenta caracteres alfanuméricos seguidos de la extensión .M. Los directorios de los métodos maestros se configuran en Preferences (véase "Selección de rutas" en la página 71).

El método maestro se guarda en un subdirectorío de métodos, disponible en el nodo Methods del ChemStation Explorer, y no está asociado directamente a ningún conjunto de resultados.

## Métodos de secuencia

Cuando se ejecuta una secuencia, se almacenan copias de todos los métodos maestros utilizados en el conjunto de resultados junto con los ficheros de datos de secuencia. Estos métodos están directamente vinculados a la secuencia y también se usan cuando se reprocesa la secuencia. Con la configuración predeterminada, los cambios realizados en estos métodos no se propagan automáticamente a los métodos maestros. Los cambios entran en vigor en cuanto empieza a analizarse la secuencia o esta sigue después de una pausa. Los cambios se propagan también a los métodos de ficheros de datos (DA.M) cuando se reprocesa la secuencia y cuando se elabora cualquier informe.

## Métodos de fichero de datos

Con los ficheros de datos se guarda una copia de los parámetros de análisis de datos como método del fichero de datos DA.M. El método de fichero de datos DA.M se actualiza automáticamente después de cada generación de resultados (adquisición de datos, recálculo o generación de informes). También lo carga ChemStation al recalcular resultados en el modo de últimos resultados (véase “Modo de últimos resultados” en la página 157).

Si utiliza la opción **Save method with Data** de la lista de control de análisis, el método se almacenará además como run.m en el fichero de datos.

En el explorador de ChemStation, se puede cargar fácilmente un método maestro o un método de secuencia haciendo doble clic sobre el método.

## Partes de un método

Los métodos se identifican mediante un nombre de hasta cuarenta caracteres alfanuméricos. El nombre del fichero siempre tiene la extensión .M que lo identifica como método. Los métodos se guardan como directorios que contienen ficheros individuales relacionados con los componentes del método.

Cada método está compuesto por cuatro componentes:

- Method Information.
- Instrument Control.
- Data Analysis.
- Run Time Checklist.

### Method Information

Esta sección se utiliza para definir información descriptiva acerca del método.

### Instrument Control

Define los parámetros que controlan el instrumento o sus componentes. Con un instrumento LC, los parámetros (composición de la fase móvil, velocidad de flujo, volumen de inyección, longitud de onda del detector, etc.) controlan la bomba, el inyector y el detector. Con un instrumento GC, los parámetros (temperatura del inyector, presión del inyector, ajuste del flujo de la columna empacada, etc.) controlan el instrumento.

### Data Analysis

Define los parámetros que controlan el procesamiento de los datos.

- *Signal Details*  
Define las señales y sus propiedades usadas para evaluación de datos.
- *Integration Events*  
Define los eventos programados que tendrán lugar en tiempos de retención o migración específicos en un cromatograma o electroferograma. Estos eventos programados se pueden usar para cambiar la manera en que se integra una señal.

- *Peak Identification*  
Define los parámetros del procesado de datos asociados a la identificación de picos en el cromatograma o electroferograma.
- *Peak Quantification*  
Define los parámetros de procesado de datos que afectan a los cálculos de cuantificación, los cuales determinan la cantidad o concentración del componente de la muestra correspondiente a cada pico.
- *Calibration and Recalibration*  
Define los parámetros de procesado de datos que afectan a la calibración y la frecuencia con que esta se realiza.
- *Custom Fields*  
Define las propiedades de campos personalizados relativos a la muestra o compuestos disponibles para el método. Estos campos permiten añadir información personalizada a una muestra o compuesto en una muestra.
- *Report*  
Con Classic Reporting: define el formato del informe que se imprime después de un análisis.  
Con Intelligent Reporting: especifica la plantilla de informes empleada para generar el informe después de un análisis.

### Run Time Checklist

Define qué partes de un método se ejecutan al aplicar el método.

La Run Time Checklist se usa para:

- Adquirir, guardar y procesar datos para crear un informe.
- Ejecutar solamente una parte del método.
- Adquirir y guardar datos sin analizarlos.
- Volver a analizar los ficheros de datos existentes.
- Utilizar sus propios comandos para el análisis de datos y el procesamiento previo y posterior al análisis.
- Guardar el resultado del análisis en un registro con fines de buenas prácticas de laboratorio.
- Guardar su método junto con los datos.

Para obtener más información sobre los comandos personalizados y cómo configurarlos, consulte ["Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation"](#) en la página 27.

## Creación de métodos

La creación de un nuevo método implica siempre modificar un método maestro o un método de secuencia y guardar las modificaciones. Se puede sobrescribir un método existente o bien guardar un método como un nuevo método maestro. Tenga en cuenta que cuando se modifica un método, la versión del disco permanece sin cambios hasta que se guardan.

Hay varias maneras de crear un método. Se puede crear un método para realizar una o todas las partes de un análisis. Por ejemplo, se puede crear un método para realizar solamente la adquisición de datos. Cuando esté listo para analizar los datos y generar un informe, puede modificar el método para que realice estas tareas de procesamiento de datos.

**NOTA**

No elimine el método predeterminado (DEF\_LC.M, DEF\_CE.M o DEF\_GC.M). Estos ficheros de métodos se utilizan como plantillas para crear nuevos métodos.

## Edición de métodos

Para editar un método se puede usar la opción Editar el método entero del menú Método. Se le guiará por todos los cuadros de diálogo del método y, al final, podrá guardarlo. Este proceso se muestra a continuación:

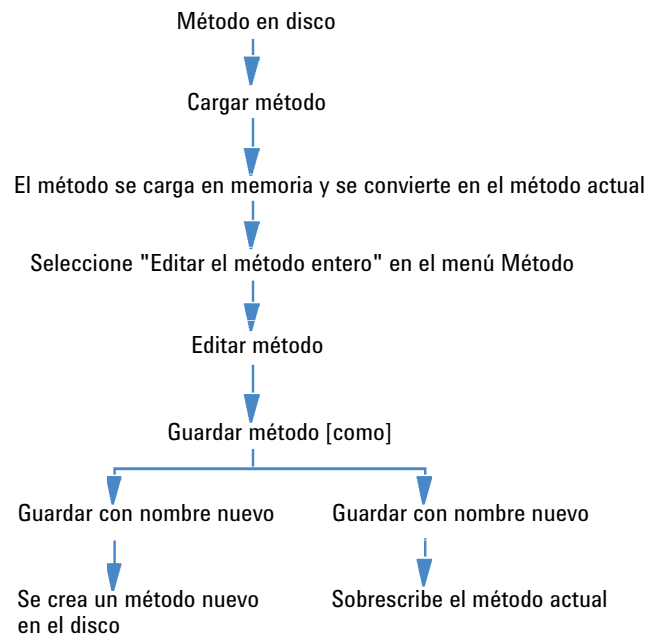


Figura 3 Edición de método

## Partes editables del método

Cada método está compuesto por cuatro componentes que se pueden editar por separado.

Algunos de los siguientes apartados hacen referencia a cuadros de diálogo y otros son descripciones generales.

- La sección *Method Information* contiene:
  - Un texto que describe el método.
- *Instrument Control* depende de la configuración y puede contener, por ejemplo:
  - Parámetros del horno.
  - Parámetros del inyector.
  - Parámetros del detector.
- La sección *Data Analysis* contiene:
  - Detalles de las señales.
  - Parámetros de integración.
  - Parámetros de cuantificación.
  - Parámetros de calibración.
  - Parámetros de configuración de campos personalizados.
  - Parámetros de informes.
- *Run Time Checklist* contiene:
  - Las partes del método que se ejecutarán.

## Estructura del directorio de métodos

### Carpetas

Un método está compuesto por un grupo de ficheros almacenados en el directorio de método (\*.M). Como opción predeterminada, los métodos maestros se almacenan en el directorio de métodos del instrumento. Este directorio está, por ejemplo, en la carpeta de documentos públicos C:\Users\Public\Documents\ChemStation\x\METHODS, donde "x" es el número de instrumento.

La ruta del instrumento se puede definir durante la instalación. Se pueden añadir rutas adicionales para métodos maestros usando los ajustes de preferencias.

Utilice el menú **File > Open Windows Explorer...** de ChemStation para abrir el directorio de datos del instrumento (por ejemplo, C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1). También puede usar el acceso directo **Instrument Data** del menú Inicio.

Los métodos de secuencia se guardan en el conjunto de resultados, y los métodos de fichero de datos se guardan como DA.M en el subdirectorio de ficheros de datos.

### Ficheros

Los ficheros de método con la extensión .MTH contienen conjuntos de parámetros y tienen el formato UNICODE. El fichero INFO.MTH contiene los parámetros de control de métodos.

Los ficheros de métodos que contienen parámetros del instrumento tienen el nombre del módulo analítico correspondiente. Por ejemplo:

**Tabla 5 Ejemplos de ficheros de métodos**

HPCE1.MTH	Contiene el método de adquisición para la electroforesis capilar.
ADC1.MTH	Contiene el método de adquisición de Agilent 35900. Si se configuran dos instrumentos idénticos, los ficheros de método se denominan ADC1.MTH, ADC2.MTH.
DAMETHOD.REG	Para evaluación de datos.

**Tabla 5 Ejemplos de ficheros de métodos**

LALS1.REG	Contiene parámetros para el inyector automático Agilent Serie 1100/1200 cuando se configura un sistema LC modular clásico. Los ficheros de método de los demás módulos Agilent Serie 1100/1200 siguen la misma convención Lxxx1.reg, donde xxx es el acrónimo del módulo.
AgilentSampler Driver1.Rapid Control.xxx.xml	Contiene parámetros para el inyector automático Agilent Serie 1100/1200 cuando se configura un sistema LC modular. Hay disponibles varios ficheros .xml para las diversas partes de los parámetros (esto queda indicado por la parte xxx del nombre del fichero). También hay disponibles ficheros .xml similares para los demás módulos.

## Edición de métodos en el modo en línea

Cuando una ChemStation en línea está inactiva, es posible editar todas las partes de un método de secuencia. Cuando se está ejecutando una secuencia, se pueden editar todos los parámetros de adquisición y algunos de los parámetros de análisis de datos, tales como los ajustes incluidos en Specify Report.

Los cambios se guardan y entran en vigor de inmediato en el análisis actual y en todas las líneas de secuencia siguientes que incluyan el mismo método. Esto implica que también se pueda cambiar el método durante una pausa en una secuencia o en una secuencia parcial.

## Edición de métodos en el modo fuera de línea

Puede editar un método de secuencia en una estación de trabajo ChemStation fuera de línea al tiempo que ese mismo método se utiliza para un análisis en una estación de trabajo ChemStation en línea. En ese escenario, se puede editar la parte de análisis de datos en la sesión fuera de línea. Una vez que se guarden los cambios en la sesión fuera de línea, los ajustes de análisis de datos (DA) modificados se emplearán para el siguiente análisis de datos del análisis de la secuencia actual en la sesión en línea.

Las actualizaciones de métodos relativas a la calibración no se tendrán en cuenta. Tampoco se combinarán las entradas del historial; es decir, si un método se está ejecutando en una sesión en línea y se cambia tanto en la sesión en línea como fuera de línea, el registro de auditoría del método contendrá solamente los cambios efectuados en la estación de trabajo ChemStation fuera de línea.

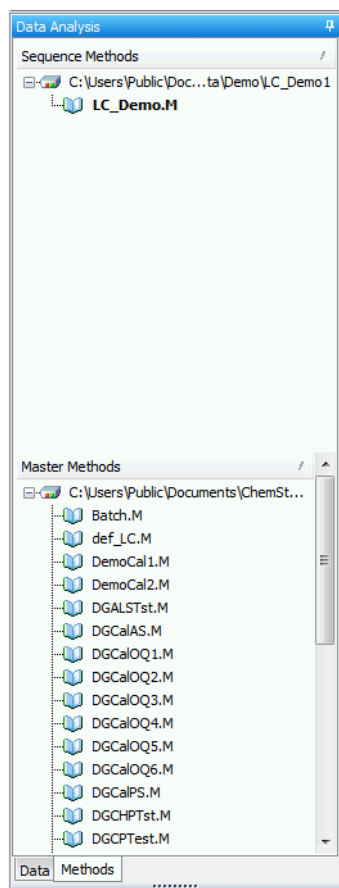
### NOTA

Si el mismo método maestro se carga en la estación de trabajo ChemStation en línea y fuera de línea para un mismo instrumento, solamente se podrá editar el método en la estación de trabajo ChemStation en línea.

## Administración de métodos

### Árbol de métodos en ChemStation Explorer

El árbol de métodos en el ChemStation Explorer se divide en dos partes. La parte superior muestra los métodos contenidos (Sequence Methods) en el conjunto de resultados cargado en ese momento. La parte inferior muestra los métodos en los directorios de métodos maestros (Master Methods), que se configuran en el cuadro de diálogo **Preferences**.



El método cargado en ese momento aparece siempre en negrita.

Se pueden copiar con toda facilidad métodos maestros en métodos de secuencia arrastrándolos y soltándolos. Se copiará todo el método (parámetros de DA y parámetros de ACQ) en el conjunto de resultados.

## Visualización del método de adquisición

Puede acceder al Visor del método de adquisición mediante el menú **Instrument > Acquisition Method Viewer...** de la vista **Method and Run Control**. El Visor del método de adquisición se encuentra disponible tanto en la sesión en línea como fuera de línea de ChemStation.

Con el Visor del método de adquisición, puede comprobar los parámetros de adquisición almacenados en un método, independientemente de la configuración del instrumento actual. El cuadro de diálogo muestra la configuración del instrumento en el momento en el que el método se ha guardado en ChemStation. Los parámetros del análisis de datos no se muestran en este visor. El Visor del método de adquisición no permite que el usuario realice ningún cambio en el método de ChemStation cargado.

El Visor del método de adquisición muestra la configuración del método en el modo de solo lectura. No ofrece las funciones para editar y guardar los métodos.

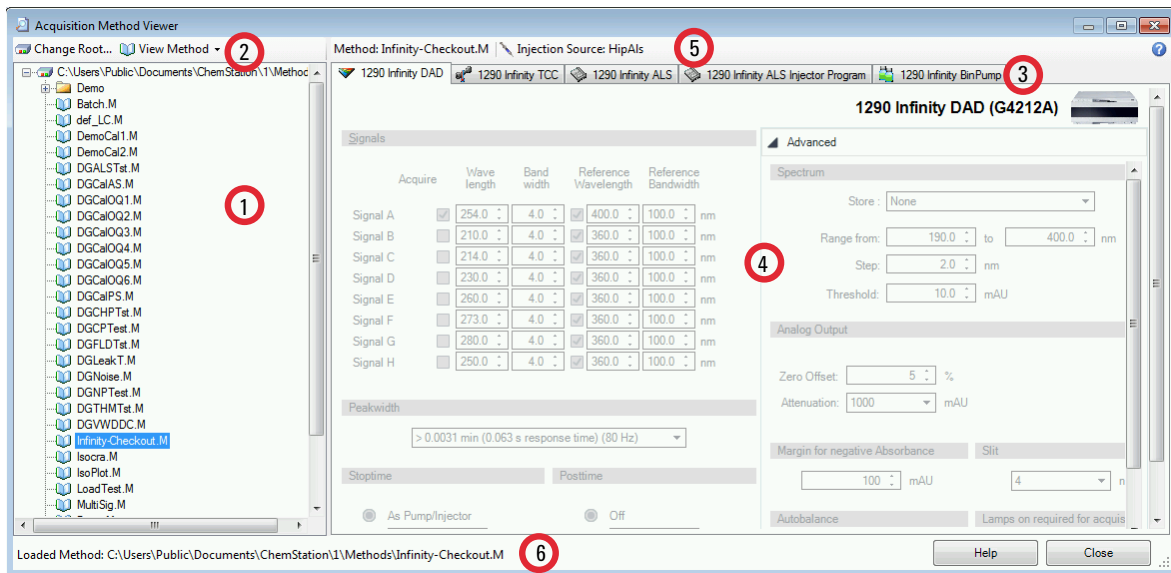


Figura 4 Cuadro de diálogo Acquisition Method Viewer

1	Navegador de métodos
2	Barra de herramientas
3	Fichas del módulo (muestra la configuración del método, la configuración de pretratamiento en un control de fichas para todos los módulos encontrados en la configuración del instrumento utilizado).
4	Área del visor de métodos
5	Nombre del método, Información de la fuente de inyección
6	Barra de estado

En el navegador de métodos (1), la ruta de métodos favorita se muestra de modo predeterminado. Haga clic en **Change Root...** en la barra de herramientas para seleccionar un directorio diferente.

La barra de herramientas (2) ofrece las opciones de **View Method** siguientes:

- **View with Original Configuration...:** carga la configuración tal y como está guardada en el método del instrumento.
- **View with Instrument Configuration...:** aplica el método guardado a la configuración del instrumento actual. Esta opción se encuentra disponible solo para instrumentos en línea. El método guardado puede que no sea compatible con la configuración del instrumento actual. Si es posible, la configuración se adaptará automáticamente; de lo contrario, puede comprobar la información en el cuadro de diálogo **Method Resolution Info**. Este cuadro de diálogo muestra la lista de incoherencias y las diferencias entre el método resuelto y no resuelto.

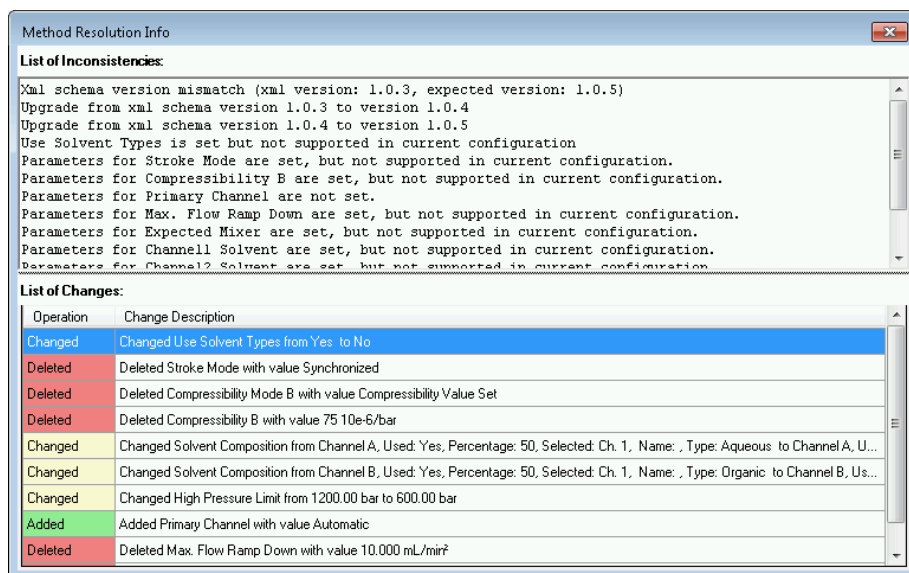


Figura 5 Cuadro de diálogo Method Resolution Info

## Actualización de los parámetros de DA en el método maestro

La opción **Update Master Method** está disponible en el menú **Method** y en el menú contextual del método de secuencia en el explorador de ChemStation. La disponibilidad y el comportamiento exacto de esta función depende del modo seleccionado. En todos los casos, esta función actualizará los parámetros de análisis de datos del método de destino.

### NOTA

Es importante tener en cuenta que esta función *solamente* actualiza parámetros de análisis de datos del método de destino y que sobrescribe *todos* los parámetros de análisis de datos.

Actualización de un método maestro en el modo de reprocesar o recalculación

En este modo, el comando **Update Master Method** solamente se encuentra activo para los métodos de secuencia de un conjunto de resultados. Se puede actualizar el método maestro al que se remitió el usuario cuando creó la secuencia. La condición previa es que el método maestro esté todavía presente en el directorio de métodos maestros (el método maestro debe tener el mismo nombre que el método de la secuencia).

También se pueden configurar los parámetros de la secuencia para que ejecuten automáticamente esta función durante cada adquisición o reprocesamiento de secuencias. Para obtener más información, véase “Administración de métodos” en la página 56.

#### Actualización de un método maestro en el modo de últimos resultados

En este modo, el comando **Update Master Method** se encuentra activo tanto para las muestras de secuencias como para las muestras individuales. Puede transferir los parámetros del análisis de datos actual al método maestro que se utilizó por última vez para realizar el análisis de datos. Este método se muestra en la columna **Analysis Method** de la tabla de navegación.

Este comando se encuentra disponible en las condiciones siguientes:

- El fichero del método existe en la ubicación determinada (es decir, el nombre y la ruta completa deben coincidir).
- Para las secuencias: el análisis de la secuencia se ha analizado manualmente con un método maestro (no con el método de la secuencia).

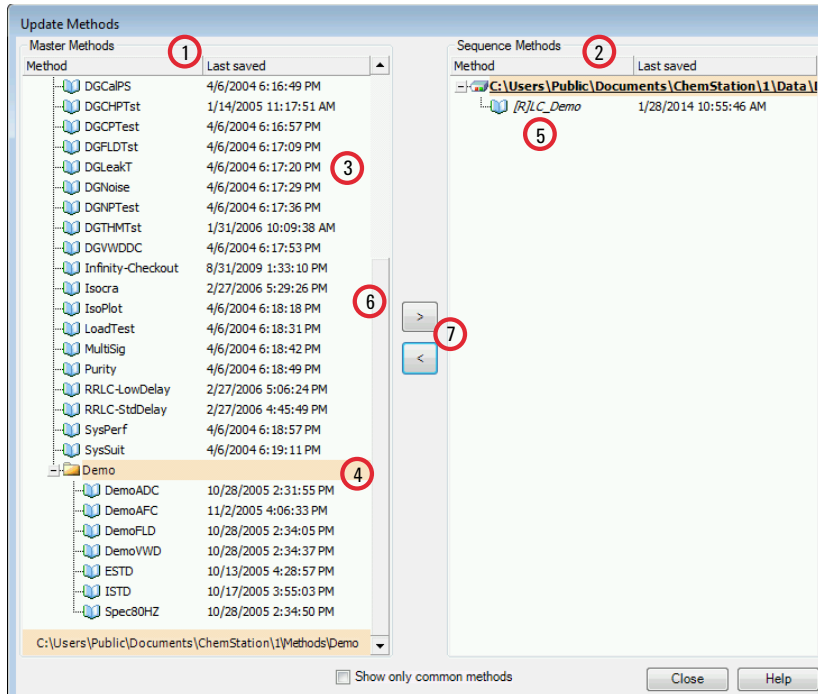
#### Actualización de cualquier método maestro en el modo de últimos resultados

En el modo de últimos resultados, puede transferir los parámetros del análisis de datos a cualquier método maestro, independientemente del método maestro relacionado con el análisis de la secuencia o análisis individual actual. Para actualizar cualquier método maestro, seleccione **Menu > Update any Master Method ...** y seleccione un método del cuadro de diálogo **Choose Master Method to update**. Los parámetros del análisis de datos se copiarán al método maestro seleccionado.

## Actualización de métodos

Con el cuadro de diálogo **Update Methods** (véase figura siguiente) se pueden copiar métodos del directorio de métodos maestros al conjunto de resultados y viceversa. En ambos casos, se copia el método completo (parámetros de DA y de ACQ).

Se puede abrir el cuadro de diálogo desde el menú **Method > Update Methods...** o desde el menú contextual del método de la secuencia en el explorador de ChemStation. Esta función se encuentra disponible para los conjuntos de resultados en los modos de recalcular y reprocesar.



**Figura 6 Cuadro de diálogo Update Methods**

- 1 A la izquierda, verá los métodos de todos los directorios de métodos maestros (según se hubieran configurado en Preferencias).
- 2 A la derecha, verá los métodos del conjunto de resultados cargado en ese momento.
- 3 De cada método puede ver la fecha en que se guardó por última vez. El mensaje emergente de la fecha muestra la última entrada en el historial del método.
- 4 Los métodos se pueden guardar también en subdirectorios del directorio de métodos maestros.
- 5 Los métodos de solo lectura tienen un prefijo [R]. El método de secuencia cargado en ese momento aparece en cursiva.
- 6 Los métodos comunes al conjunto de resultados de la secuencia y el almacén de métodos maestros aparece en negrita. Los métodos se corresponden solamente por el nombre; si hay un nombre de método presente en más de un almacén, cada una de las instancias se considerará común.
- 7 Se pueden copiar métodos entre un almacén de métodos maestros y el conjunto de resultados de secuencia arrastrándolos y soltándolos, o usando las teclas < y >. No se pueden sobrescribir métodos marcados como de solo lectura.

## Almacenamiento de un método como nuevo método maestro

Se pueden guardar los parámetros del análisis de datos desde el DA.M como un nuevo método maestro. Sin embargo, el DA.M no contiene los parámetros de adquisición. Para suministrar un conjunto válido de parámetros de adquisición para el nuevo método maestro, deberá seleccionar otro método como plantilla para los parámetros de adquisición (véase la figura siguiente). El nuevo método maestro contendrá sus parámetros del análisis de datos actual del DA.M y los parámetros de adquisición del método de plantilla seleccionado. El nuevo método se creará en la carpeta en la que está ubicado el método de la plantilla de adquisición.

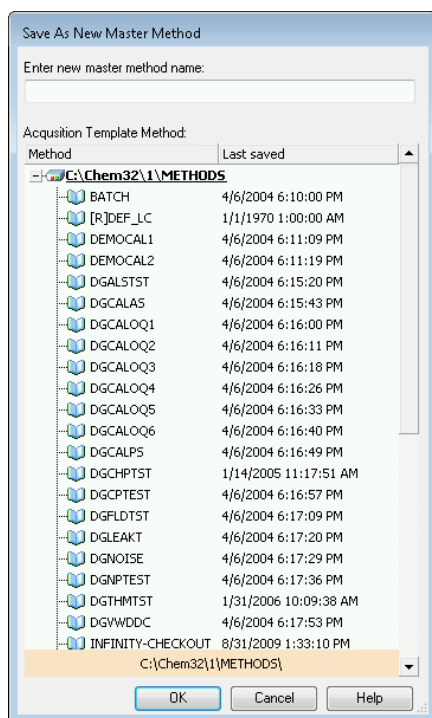


Figura 7 Cuadro de diálogo Save as New Master Method

## ¿Qué sucede cuando se ejecuta un método?

El cuadro de diálogo **Run Time Checklist** especifica las partes del método que se van a ejecutar al iniciar un análisis.

En él hay las siguientes partes:

- Pre-Run Command or Macro.
- Data Acquisition.
- Standard Data Analysis.
- Analysis Method for Second Signal (GC solamente).
- Update Custom Fields Values,
- Customized Data Analysis.
- Save GLP data.
- Post-Run Command or Macro.
- Save Copy of Method With Data (RUN.M).

Cuando se realiza un análisis, se ejecutan las partes del método especificadas en el cuadro de diálogo Run Time Checklist. Use el menú **Method > Run Time Checklist...** para visualizar o editar las partes correspondientes de la lista de control del tiempo de análisis.

Para obtener más información sobre los comandos y cómo configurarlos, consulte ["Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation"](#) en la página 27.

## Resumen del funcionamiento del método

La siguiente lista muestra el flujo de funcionamiento del método cuando se seleccionan todas las partes de la lista de control de análisis.

### 1 *Prerun Command Macro*

Lleva a cabo una tarea antes de comenzar el análisis.

### 2 *Data Acquisition*

Se lleva a cabo el programa del inyector.

Se inyecta la muestra.

Se adquieren los datos primarios.

Se guardan los datos.

Almacenamiento de los parámetros de adquisición de datos en el archivo ACQ.TXT.

- 3** Opcional (en función de lo especificado en la lista de control del análisis):  
*Save Copy of Method with Data* como RUN.M.

- 4** *Data Analysis (Process Data)*

Se carga el archivo de datos.

Se integra el archivo de datos.

Se identifica y cuantifica el pico.

Se busca en la biblioteca de espectros, si esa opción está disponible.

Se comprueba la pureza del pico, si esa opción está disponible.

Se guarda una copia del método (DA.M).

Se imprimen informes (después de actualizar valores de campos personalizados, si está seleccionado).

- 5** *Update Custom Fields Values*

Ejecuta las macros para actualizar los valores de los campos personalizados antes de que se impriman los informes.

- 6** *Customized Data Analysis*

Ejecuta las macros una vez impresos los informes.

- 7** *Save GLP Data*

Se guarda el registro binario GLPSave.Reg.

- 8** *Postrun Command Macro*

Lleva a cabo una tarea después de terminar el análisis; por ejemplo, generar un informe personalizado.

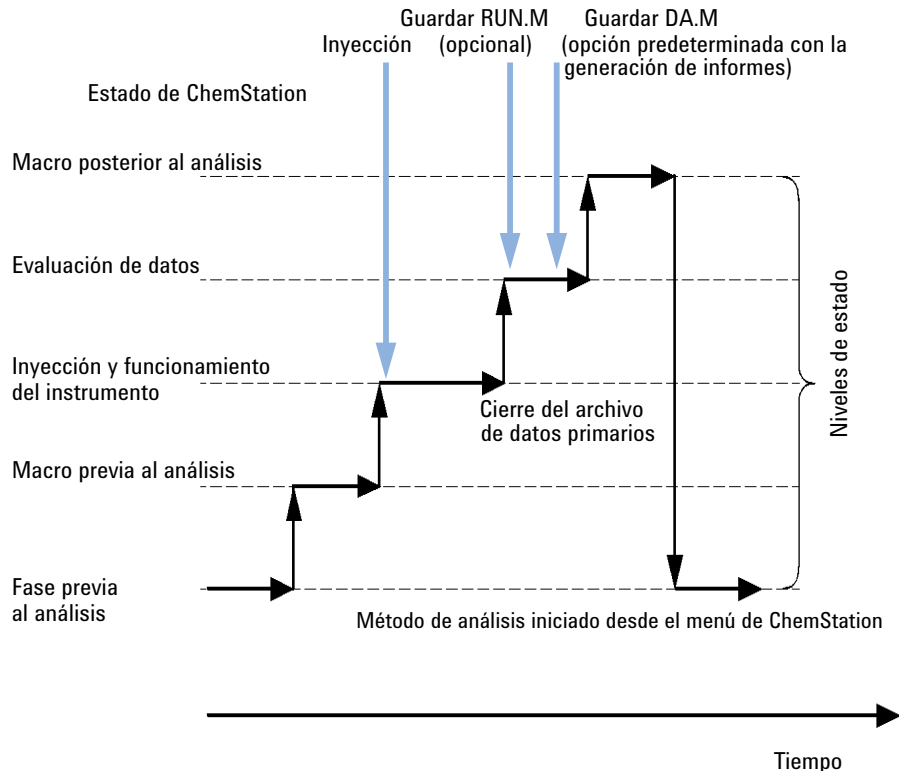


Figura 8 Funcionamiento del método

La figura siguiente muestra una descripción general del estado de ChemStation durante el funcionamiento del método con todas las partes de la lista de control del análisis seleccionadas.

## Macro o comando de ejecución previa (Lista de control del análisis)

Si se especifica una macro o un comando de ejecución previa, se ejecuta antes de iniciar el análisis. Este componente se utiliza normalmente para personalizar el sistema con otros paquetes de software.

## Data Acquisition (Run Time Checklist)

- Todos los parámetros se configuran con las condiciones iniciales establecidas en el método actual.
- Si está especificado, se ejecuta el programa de inyección y se realiza la inyección desde el vial definido en ese momento.
- La pantalla muestra el progreso del análisis, incluida información cromatográfica o electroferográfica, y datos espectrales, si los hubiera.
- Los datos se adquieren y se guardan en un fichero de datos.
- Una vez finalizada la adquisición de datos, los parámetros de adquisición del método ejecutado en ese momento se guardan por defecto en un fichero de datos de nombre ACQ.txt.

## Data Analysis (Run Time Checklist)

Cuando llega el momento de parar (stop time), el análisis termina y todos los datos primarios se guardan en el disco duro del ordenador. La parte de Data Analysis del software se inicia cuando se han guardado todos los datos primarios.

### Integration

- Los objetos del cromatograma o electroferograma de la señal se integran según se indica en el cuadro de diálogo Integration Events.
- Se determinan el inicio y el máximo del pico, el tiempo de retención o migración y el final del pico.
- Se definen líneas base debajo de cada pico para determinar la altura y el área final del pico.
- Los resultados de la integración se incluyen en la lista Integration Results.

### Identificación de picos y cuantificación (Peak Identification and Quantification)

- Utilizando los tiempos de retención o migración y los picos cualificadores opcionales, el software identifica los picos mediante referencias cruzadas con compuestos conocidos, definidos en la Calibration Table.
- Mediante la altura o el área de los picos, el software calcula la cantidad de cada componente detectado usando los parámetros de calibración especificados en la Calibration Table.

Búsqueda de bibliotecas de espectros (Spectra Library Search) (para sistemas LC 3D, CE, CE/MS y LC/MS solamente, disponible con Classic Reporting)

Para todos los picos que tengan un espectro UV visible, se puede realizar una búsqueda automatizada de una biblioteca espectral predefinida para identificar los componentes de la muestra en función del espectro UV visible. Para conocer más detalles véase *Comprensión del módulo espectral*.

Chequeo de pureza de picos (Peak Purity Checking) (para sistemas LC 3D, CE, CE/MS y LC/MS solamente)

Para un pico con espectro UV visible, se puede calcular el factor de pureza de dicho pico y guardarlo en un registro. La pureza del pico se puede determinar automáticamente al final de cada análisis como parte del método, si la casilla Comprobar pureza está seleccionada cuando se especifica una búsqueda de librerías automatizada o al seleccionar un estilo de informe. Para conocer más detalles véase *Comprensión del módulo espectral*.

Print Report

Se genera un informe con la identidad y cantidad de los componentes detectados en el análisis.

#### NOTA

Si se ejecuta una macro Update Custom Fields, se generarán informes *una vez* ejecutada esta macro.

## Update Custom Fields Values

ChemStation permite definir campos personalizados para una muestra y para compuestos específicos. Estos valores de campos personalizados pueden incluirse en sus informes. De forma predeterminada, los valores son estáticos.

**Update Custom Fields Value** permite modificar los valores de los campos personalizados antes de que se generen los informes. Los campos actualizados están disponibles tanto en Classic como en Intelligent Reporting.

En la carpeta **Disk2 > UCL** hay una macro de ejemplo.

La macro Update Custom Fields se ejecutará como sigue:

- 1 como parte de un Standard Data Analysis, un poco antes de que se creen los informes
- 2 cada vez que se crea una vista previa de informe/informe en la vista **Data Analysis** (aunque no esté seleccionado Standard Data Analysis en Run Time Checklist)

**NOTA**

Durante el reprocesamiento, los valores de los campos personalizados siempre se sobrescriben con los valores estáticos definidos en la secuencia/muestra. Los campos personalizados solo se modificarán un poco antes de que se generen los informes. En consecuencia, si reprocesa una secuencia con un método diferente que no contenga la macro Update Custom Fields, los valores se restablecerán en los valores estáticos definidos.

## Customized Data Analysis

Permite al usuario ejecutar sus propias macros para evaluar los datos analíticos.

Con Standard Data Analysis activado, estas macros se ejecutan *una vez* que se han generado los informes. En consecuencia, los resultados no están disponibles para la elaboración de informes (ni Classic ni Intelligent Reporting). Con Standard Data Analysis desactivado, se ejecutan después de la adquisición de datos.

## Save GLP Data

Guarda el registro binario GLPSave.Reg junto con el método de análisis de datos en el directorio de datos. Esta función está diseñada para ayudar a comprobar la originalidad de los datos y la calidad de los análisis individuales.

El fichero binario GLPSave.Reg es un fichero de registro no editable y protegido que contiene la siguiente información:

- Puntos de referencia de instrumentos clave (se pueden revisar gráficamente).
- Señales cromatográficas o electroferográficas.
- Resultados de integración.
- Resultados de cuantificación.
- Método de análisis de datos.
- Libro de registro.

Estos datos se guardan solamente si la función Save GLP Data está activada; para activarla, marque la casilla en Run Time Checklist. Los datos de GLP se pueden revisar, pero no editar, en el menú Data Analysis de ChemStation.

## Postrun Command or Macro

Si se especifica un comando o macro post-análisis, se ejecuta después de la evaluación de los datos, por ejemplo, al copiar los datos a un disco para una copia de seguridad.

## Save Copy of Method with Data

Se realiza después de la adquisición de los datos y solamente si la opción **Save method with Data** está seleccionada en la Run Time Checklist. Copia el método empleado para las adquisiciones en el directorio de datos, con el nombre RUN.M. RUN.M contiene parámetros de análisis de datos y adquisición. Es de solo lectura, y por tanto constituye un medio de reconstruir el análisis en el futuro, aun cuando el método cambie entre medias. En él se puede ver en qué han afectado los cambios al método o los parámetros seleccionados en el análisis, lo cual puede ayudar al usuario a optimizarlo.

## Save Copy of Method as DA.M with Data (ChemStation Default)

Independientemente de los elementos marcados en la lista de control de análisis, se guarda una copia de los parámetros del análisis de datos del método ejecutado como DA.M junto con el informe en el fichero de datos. Esto se hace al final de la parte *Análisis de datos estándar* y también cuando se crea un informe en la vista Análisis de datos.

# 3

## Adquisición de datos

Definición de adquisición de datos	71
Monitores en línea	73
Monitor de señal en línea	73
Monitor de espectros en línea	73
Libro de registro	73
Información del estado	74
Estado de ChemStation	74
Barra de estado	74
Diagrama del sistema	75
Reglas y alertas	76

OpenLab ChemStation proporciona pleno control instrumental de los sistemas de LC, GC, CE, CE-MS y LC-MS de Agilent. Admite las funciones y flujos de trabajo avanzados de los instrumentos de GC y LC de Agilent con un software complementario, y aporta flexibilidad para los laboratorios de investigación y desarrollo de métodos. Este capítulo contiene una introducción al proceso de adquisición de datos analíticos.

## Definición de adquisición de datos

### Definición de la adquisición de datos

Durante la adquisición de datos, todas las señales adquiridas por el instrumento se convierten de señales analógicas a señales digitales en el detector. La señal digital se transmite a ChemStation electrónicamente y se guarda en el fichero de datos de la señal.

### Selección de rutas

El almacenamiento flexible de datos para análisis individuales y secuencias permite especificar varias ubicaciones de almacenamiento sin necesidad de reconfigurar el programa. La ficha **Paths** del cuadro de diálogo **Preferences** del menú **View** permite añadir varias rutas además de la ruta predeterminada<sup>1</sup> C:\Users\Public\Documents\ChemStation\x\DATA (donde x es el número del instrumento). Al utilizar los botones **Add** y **Remove**, las rutas existentes pueden eliminarse, o bien se puede acceder a una ubicación seleccionada y añadir la ruta en **Preferences**.

La ruta predeterminada no puede quitarse de la lista pero puede modificarse en el cuadro de diálogo **Configure Instrument** del panel de control. Para obtener más información sobre el cambio de las rutas predeterminadas, consulte el documento *OpenLab ChemStation Guide for Administrators* (Guía para administradores de OpenLab ChemStation).

El menú **File > Open Windows Explorer...** de ChemStation facilita el acceso al directorio de datos del instrumento en cuestión (por ejemplo, C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1). También puede usar el acceso directo **Instrument Data** del menú Inicio.

<sup>1</sup> La ruta se puede definir durante la instalación.

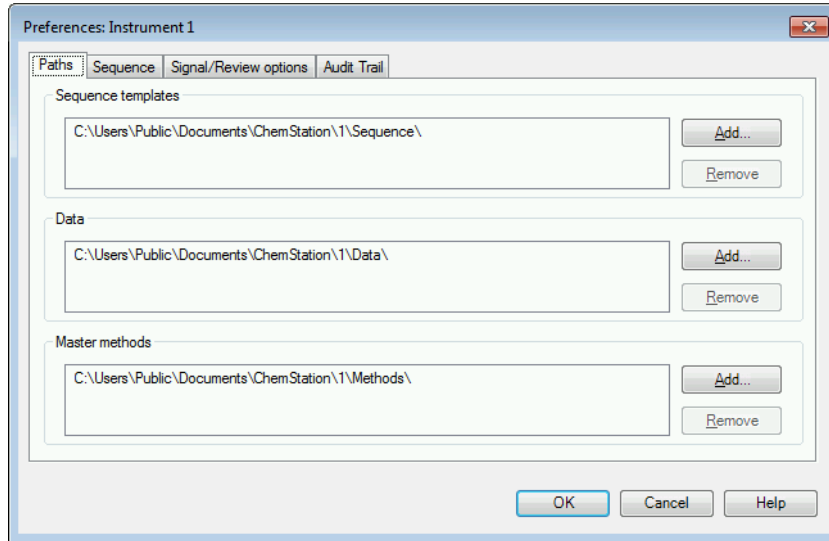


Figura 9 Ficha Paths en el cuadro de diálogo Preferences

Todas las rutas de datos especificadas recientemente podrán seleccionarse después en los cuadros de diálogo **Sample Info** y **Sequence Parameters** al realizar los análisis.

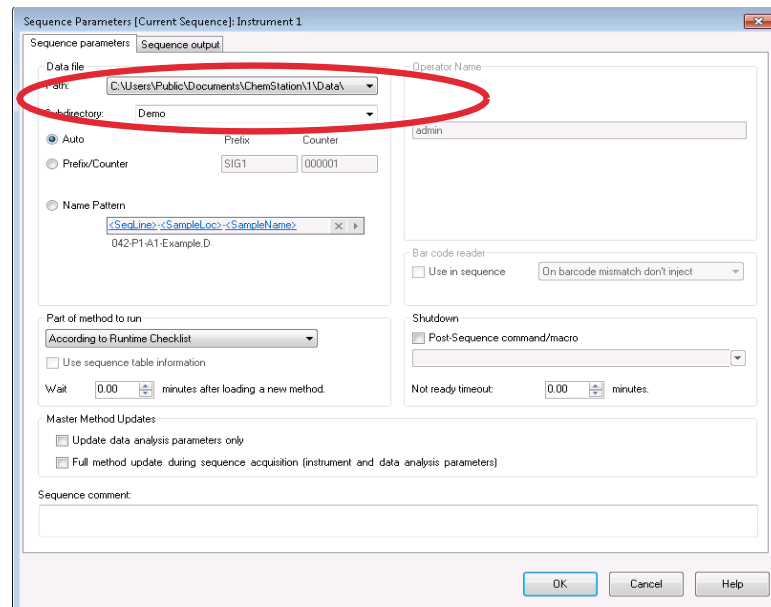


Figura 10 Selección de ruta de datos en el cuadro de diálogo Sequence Parameters

## Monitores en línea

### Monitor de señal en línea

El monitor de señal en línea le permite monitorizar varias señales y, si es compatible con el instrumento asociado, con gráficos de rendimiento del instrumento en la misma ventana. Puede seleccionar cómodamente las señales que desee visualizar, y ajustar los ejes de tiempo y respuesta. Está disponible un botón de diferencia de señal para aquellos detectores que sean compatibles con esta función.

Puede visualizar la respuesta absoluta de la señal en la línea de mensaje desplazando el cursor en cruz por la pantalla.

### Monitor de espectros en línea

El monitor de espectros en línea muestra la absorbancia como función de la longitud de onda, o bien  $m/z$  para espectros de masa. Puede ajustar el rango de las longitudes de onda mostradas y la escala de absorbancia.

## Libro de registro

El libro de registro muestra los mensajes generados por el sistema analítico. Pueden ser mensajes de error, mensajes del sistema, o mensajes de eventos procedentes de un módulo. El libro de registro recoge estos eventos independientemente de que se muestren en pantalla o no.

## Información del estado

### Estado de ChemStation

La ventana ChemStation Status muestra un resumen del estado del software ChemStation.

Cuando se ejecuta un solo análisis:

- la primera línea de la ventana ChemStation Status muestra el análisis en curso,
- la segunda línea de la ventana muestra el estado del método actual, y
- la tercera línea muestra el nombre del fichero de datos primarios además del tiempo de análisis en minutos (para los instrumentos GC, también se muestran los ficheros de los inyectores delantero y posterior).

La ventana Instrument Status ofrece información sobre el estado de los módulos instrumentales y detectores. Muestra el estado de cada componente y las condiciones actuales cuando corresponda, por ejemplo, presión, gradiente y flujo.

### Barra de estado

La vista Método y Control de ejecución de la interfaz gráfica de usuario del sistema ChemStation está compuesta por barras de herramientas y una barra de estado. La barra de estado contiene un campo de estado del sistema e información sobre el método y la secuencia actualmente cargados. Si se modificaron después de cargarlos, aparecen marcados con un asterisco o una rueda dentada amarillos, en función del instrumento. El símbolo EMF amarillo indica límites de utilización que exceden los valores programados establecidos para consumibles de LC (por ejemplo, la lámpara). La barra de estado también muestra el estado de la Cola de análisis, que se puede **Resumed**, **Paused** o **Blocked**.

## Diagrama del sistema

Si los instrumentos analíticos configurados lo admiten (por ejemplo, los módulos LC Agilent Serie 1200 Infinity o el sistema GC Intuvo 9000), puede mostrarse un diagrama gráfico del sistema ChemStation que le permitirá comprobar rápidamente el estado del sistema de un vistazo. Seleccione la opción **System Diagram** en el menú **View** de la vista **Method and Run Control** para activar el diagrama. Se trata de una representación gráfica del sistema ChemStation. El estado del sistema se mostrará utilizando la codificación por colores descrita a continuación.

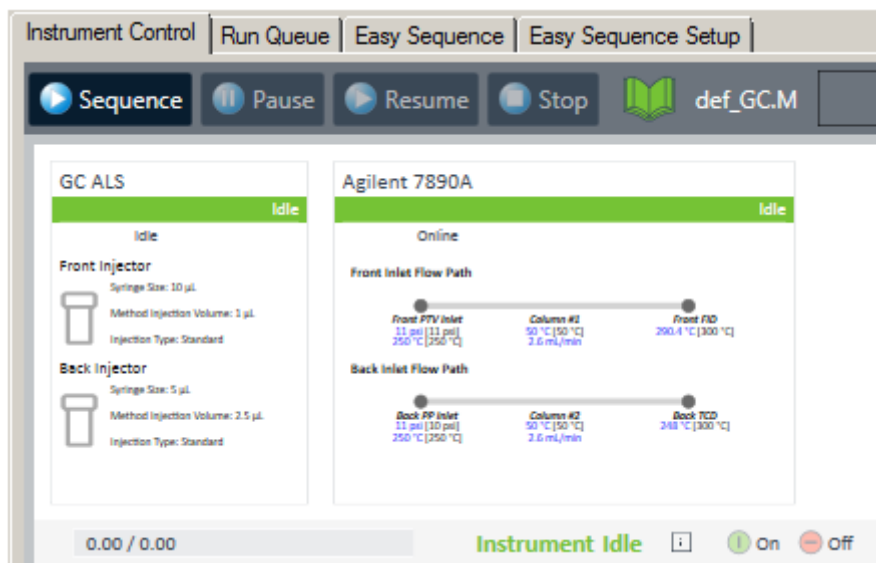


Figura 11 Diagrama del sistema, por ejemplo, para un sistema GC

Tabla 6 Colores empleados para indicar el estado del módulo o instrumento

Color	Status
Gris	Off-line (fuera de línea)
Verde	Inactivo
Naranja	No preparado
Rojo	Error
Cian	En espera (por ejemplo, con las lámparas apagadas)
Morado	Tiempo previo o posterior al análisis

Tabla 6 Colores empleados para indicar el estado del módulo o instrumento

Color	Status
Magenta	Inyección en curso
Azul	Análisis o tiempo posterior al análisis

Además, también podrá visualizar listas con los valores de los parámetros. Además de mostrar un resumen del estado, el diagrama permite tener acceso directo a los cuadros de diálogo para configurar los parámetros de cada componente del sistema.

Consulte la parte relativa a instrumentos del sistema de ayuda en línea para obtener más información acerca del diagrama del sistema.

## Reglas y alertas

En los controladores de instrumentos compatibles con esta función (por ejemplo, los del sistema de GC 8890), puede acceder a **Instrument > Manage Rules and Alerts...** para configurar la forma en la que ChemStation deba reaccionar a eventos específicos durante la adquisición.

Por ejemplo, la falta de un vial o un recipiente es un error habitual en cromatografía. En ese caso, ChemStation puede, por ejemplo, continuar, pausar, detener o anular una secuencia.

### NOTA

Los eventos cubiertos y los posibles comportamientos dependen del controlador del instrumento.

## 4

# Automatización/secuencias

Definición de la automatización	79
¿Qué son las secuencias y las plantillas de secuencia?	79
Parámetros de la secuencia	80
Interfaz gráfica de introducción de muestras	82
Tabla de secuencia	86
Creación de secuencias (secuencias y plantillas de secuencias)	87
Easy Sequence	92
Introducción	92
Utilización de la ficha <b>Easy Sequence</b> (secuencia)	93
Utilización de la ficha <b>Easy Sequence Setup</b> (Template)	94
Uso de secuencias (secuencias y plantillas de secuencias)	96
Adquisición de datos de análisis individuales	96
Adquisición de datos en una secuencia	96
Actualización automática de métodos maestros	98
Muestras prioritarias	99
Secuenciación con muestras de control	100
Secuenciación con muestras de referencia en blanco	100
Ejecución de una secuencia	101
Uso de la opción High-Throughput	102
Pausar una secuencia	103
Interrumpir una secuencia	103
Abortar una secuencia	103
Análisis de una secuencia parcial	103
Creación de conjuntos de resultados constituidos por el usuario	107
Archivo de registro de secuencias	108
¿Qué ocurre cuando se analiza una secuencia?	108
Estructura del fichero de datos de la secuencia	110
Estructura del fichero de datos	110
Preferencias: ficha Secuencia	111
Asignación de nombres a ficheros de datos	115
Migración de conjuntos de resultados	118
Operación postsecuencia	120
Tiempo de espera para instrumento no listo (sólo LC y CE)	121
Tiempo de espera (sólo LC y CE)	121
Recalibración automática	122

## Especificación de recalibraciones 123

Recalibración de parámetros en la tabla de secuencia y en el cuadro de diálogo Información de la muestra 123

## Tipos de secuencias 126

Secuencias de calibración explícita 126

Secuencias de calibración cíclicas de un único nivel 127

Secuencias de calibración cíclicas multinivel 127

Calibraciones explícitas y cíclicas juntas 131

Secuencias de calibración cíclica con agrupamiento 133

Secuencias de recalibración cíclica con múltiples viales que contienen la misma dilución de un estándar 136

En este capítulo se describen los conceptos de automatización. Se explica cómo utilizar secuencias en ChemStation, qué ocurre cuando se ejecuta una secuencia y cómo personalizar secuencias.

## Definición de la automatización

La automatización es el análisis desatendido de más de una inyección.

La parte de secuencias del software ChemStation permite al usuario automatizar la adquisición, evaluar datos y generar informes.

## ¿Qué son las secuencias y las plantillas de secuencia?

Una secuencia es una serie de instrucciones que automatizan el análisis de muestras. Puede utilizarse para inyectar automáticamente cada muestra, obtener los datos y analizarlos según el método especificado para esa muestra. Cada vial de muestra de una secuencia puede analizarse con un método analítico diferente y, por lo tanto, utilizar diferentes conjuntos de condiciones cromatográficas/electroferográficas y parámetros de evaluación.

Los ficheros de secuencia (\*.s) son “plantillas de secuencia” que se pueden utilizar para ejecutar la adquisición varias veces; no obstante, estas plantillas no se utilizan para el reprocesamiento en la vista **Data Analysis**. Cuando la plantilla de secuencia está activa, se crea un conjunto de resultados que contiene todos los ficheros relacionados. Si reutiliza la plantilla de secuencia, ChemStation creará un nuevo conjunto de resultados cada vez que la reutilice. Por motivos de compatibilidad retroactiva, también se pueden analizar secuencias como series de análisis individuales. Para obtener más información, consulte “[Modo de ejecución de secuencias](#)” en la página 113.

Puede consultar las plantillas de secuencia disponibles en ChemStation Explorer. Para navegar fácil y rápidamente, puede añadir ubicaciones de plantillas de secuencia adicionales al árbol de selección de ChemStation Explorer en la ficha **Paths** del cuadro de diálogo **Preferences**.

Se pueden configurar varias secuencias para un instrumento y programarlas en el orden adecuado. La ficha **Run Queue** muestra la carga de trabajo total para el instrumento (secuencias, así como muestras individuales, pausas, etc.). Puede definir el orden de los elementos que desee procesar directamente en la ficha Cola de análisis. Para obtener más información sobre la Cola de análisis, consulte “[Acerca de la cola de análisis](#)” en la página 141.

## Parámetros de la secuencia

El cuadro de diálogo **Sequence Parameters** contiene información común a todos los viales de muestras en una secuencia. Para abrirlo, seleccione el menú **Sequence** en la vista **Method and Run Control**.

Sequence Parameters [Current Sequence]: LC Zen Liquid

Sequence parameters | Sequence output

Data file

Path: C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1\Data\

Subdirectory:

Auto

Prefix Counter

Prefix/Counter SIG1 0000001

Name Pattern

<SeqLine>-<SampleLoc>-<SampleName>

042-P1-A1-Example.D

Part of method to run

According to Runtime Checklist

Use sequence table information

Wait 0.00 minutes after loading a new method.

Master Method Updates

Update data analysis parameters only

Full method update during sequence acquisition (instrument and data analysis parameters)

Sequence comment:

Operator Name

SYSTEM

Bar code reader

Use in sequence On barcode mismatch don't inject

Reference field: Sample name

Shutdown

Post-Sequence command/macro

Not ready timeout: 0.00 minutes.

Error Method Browse...

OK Cancel Help

Figura 12 Cuadro de diálogo Parámetros de la secuencia

Utilice este cuadro de diálogo para:

- seleccionar el directorio de datos usando el cuadro combinado **Path**,
- especificar cómo debería realizarse el procesamiento de secuencias escogiendo una parte específica de parámetros de Método y análisis, y
- especificar qué ocurre cuando finaliza la secuencia (por ejemplo, utilizando una macro de comandos de **Shutdown**). Para obtener más información sobre los comandos personalizados y cómo configurarlos, consulte ["Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation"](#) en la página 27.

Por ejemplo, puede elegir entre:

- ejecutar la lista control del análisis.
- adquirir solamente, o
- reprocesar solamente (para datos adquiridos hasta ChemStation Rev. B.01.03 o datos adquiridos con la antigua opción **Unique Folder Creation OFF**).

#### NOTA

Los datos de secuencia adquiridos con las revisiones de ChemStation hasta la B.01.03 o los adquiridos con la antigua opción **Unique Folder Creation OFF** se tienen que reprocesar con la opción **reprocess** de la vista **Method and Run Control**.

Los datos de secuencia adquiridos con las revisiones de la ChemStation B.02.01 o posteriores se tienen que reprocesar con la opción **reprocess** en la **Data Analysis Navigation table**.

Si se selecciona la opción **reprocess**, se pueden utilizar los datos de la muestra definidos en el análisis original, o si se activa la casilla **Use Sequence Table information**, se pueden utilizar los datos de muestra actualizados introduciendo nuevos datos en la tabla de secuencias:

- especificar hay que utilizar códigos de barras en las secuencias y cómo actuar frente a un error en el código de barras (partiendo de que haya un lector de código de barras instalado en el sistema).

## Interfaz gráfica de introducción de muestras

La interfaz gráfica de introducción de muestras ofrece una intuitiva visualización del contenedor de muestras y de las muestras cargadas. Puede crear manualmente nuevas muestras o cargar secuencias existentes a las que desee asignar parámetros que aún no estén creados, como un método o una ubicación de contenedor (por ejemplo, para secuencias de repetición de la inyección generadas a partir de fracciones recogidas).

El término *contenedores de muestras* hace referencia a las bandejas o placas del instrumento que sirven como soporte de las muestras o los viales. Existen contenedores de muestras con diferentes dimensiones y capacidades de viales en función del instrumento. Los tipos de contenedores de muestras especifican las propiedades físicas de una determinada bandeja o placa en formato XML. Pueden almacenarse de forma centralizada tipos de contenedores de muestras personalizados para utilizarlos en todo el laboratorio, para lo que es necesario importar un archivo XML que contiene la definición del tipo de contenedor de muestras. El botón **Import Sample Container Type** del panel de control de OpenLab se utiliza para importar tipos de contenedores de muestras personalizados.

Puede seleccionar un contenedor de muestras en la ficha **Sample Entry**. Puede crear con facilidad nuevas entradas de muestras en la interfaz gráfica de usuario; para ello, solo tiene que hacer clic en la pantalla del contenedor. Las ubicaciones de las muestras se mostrarán con un código de colores en función del tipo de muestra.

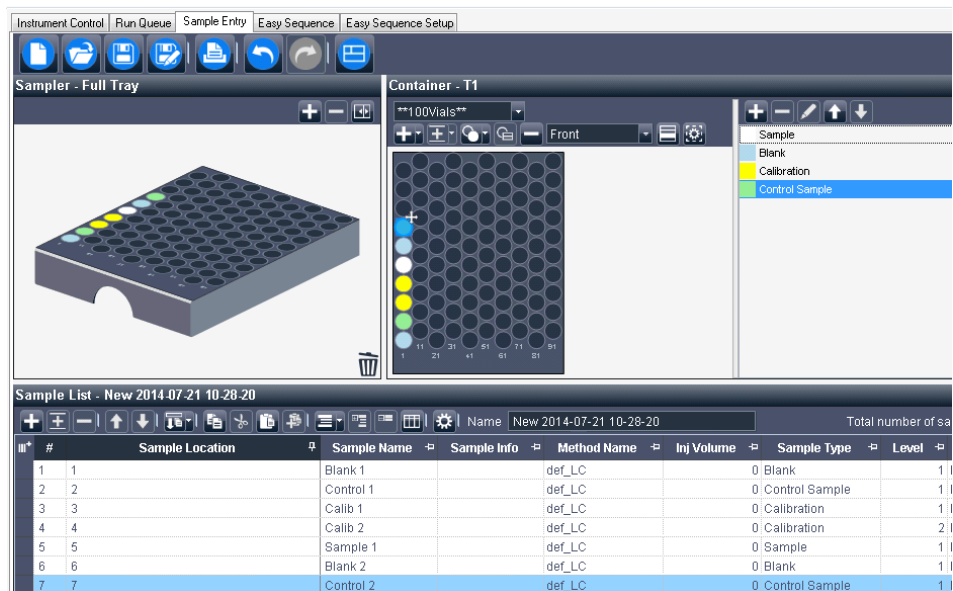


Figura 13 Pestaña Sample entry

Las **Selection Properties** (🔧) permiten definir el patrón para varias muestras. Con estas opciones, se puede mostrar la flecha de ordenación. Solo hay que arrastrar el ratón sobre varias ubicaciones.

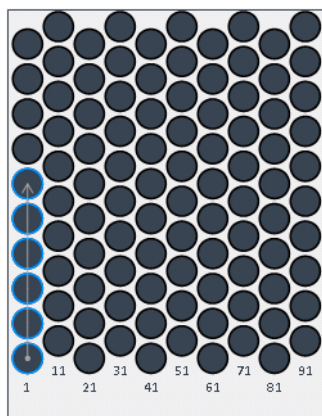


Figura 14 Flecha de ordenación

## Automatización/secuencias

### Interfaz gráfica de introducción de muestras

En todos aquellos inyectores automáticos que permitan redistribuir las placas, incluso puede arrastrar placas enteras a otras posiciones o cajones. La ubicación de los viales se reajustará automáticamente en la lista de muestras. La configuración del contenedor se puede guardar junto con la plantilla de secuencia o exportar en formato PDF.

También puede preparar placas que no estén asociadas con ninguna posición o cajón específicos. Estos *estacionamientos* se corresponden con las placas que prepara en su banco de trabajo. Se guardan junto a otras configuraciones en la plantilla de secuencia. Puede cargar esta plantilla de secuencia más adelante para el instrumento relevante y, a continuación, asignar las placas preparadas a la posición y al cajón correctos.

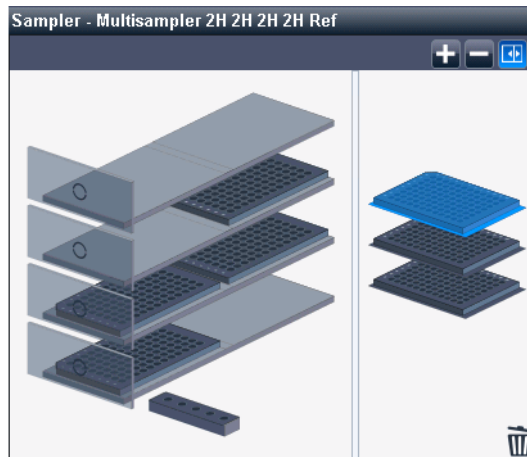


Figura 15 Muestreador múltiple en la pestaña Sample entry

La tabla **Sample List** ofrece numerosas funciones que le ayudarán a editar la tabla, como las siguientes:

- Copia de rangos de celdas.
- Agregación de celdas o líneas copiadas.
- Agrupación de muestras en función de información específica.
- Llenado hacia abajo con incremento automático inteligente.
- Reordenación de las filas seleccionadas (una o varias).
- Copia del contenido de células individuales o de zonas de la tabla seleccionadas al portapapeles.

En la lista de muestras puede preparar la misma información que en la tabla de secuencia (consulte “Tabla de secuencia” en la página 86). Una vez que haya finalizado, envíe la lista de muestras como secuencia a la cola de análisis.

**NOTA**

Cuando se haya ejecutado la secuencia, no podrá editar la lista de muestras. La edición en línea únicamente resulta posible en la tabla de secuencia.

**NOTA**

Para seguir editando esta plantilla de secuencia en ChemStation, en primer lugar, guárdela mediante el botón **Save** de la ficha **Sample Entry**. A continuación vuelva a cargar la plantilla de secuencia con el menú **File** o **Sequence**.

**NOTA**

La configuración del contenedor no se actualiza en la presentación del módulo gráfico en el panel del instrumento.

## Tabla de secuencia

La tabla de secuencia determina los métodos que se utilizan para procesar los viales de muestras y el orden en el que los datos de estos viales se adquieren y analizan. Esta tabla también contiene información sobre cada muestra, incluidas las ubicaciones de las muestras en una placa<sup>1</sup>, los nombres de las muestras y los parámetros de cuantificación y recalibración.

En aquellos instrumentos que permitan el muestreo doble (GC), aparecerá en la tabla una columna adicional denominada **Injector Location** (con las opciones **Front** y **Back**) y la casilla de verificación **Dual Simultaneous Injections** pasará a estar disponible en la parte inferior:

- Si marca la casilla de verificación **Dual Simultaneous Injections**, el sistema combinará los análisis y procesará dos muestras simultáneamente en cada análisis. Los números de línea se ajustarán según corresponda. En este modo, puede ordenar la tabla de secuencia según la ubicación del inyector (**Front** o **Back**).
- Si no marca esta casilla de verificación, se procesará una muestra en cada análisis. El orden de los análisis será el que se muestre en la tabla. Puede usar de forma alterna los inyectores frontal y trasero.

Para obtener una descripción de las columnas de esta tabla y el modo en el que interactúan con la información almacenada junto con el método, consulte la ayuda en línea.

<sup>1</sup> Puede definir nuevos tipos de contenedores de muestras en Instrument Configuration o importarlos en el panel de control.


## Creación de secuencias (secuencias y plantillas de secuencias)

Utilice la tabla de secuencia para especificar las muestras, los métodos y los viales que deben analizarse en la secuencia. En la tabla de secuencia se recogen las muestras de la secuencia en el orden en el que se van a analizar; asimismo, contiene el número de vial o la posición de la muestra, el método, la información de calibración, la cantidad de muestra, la cantidad ISTD, los factores multiplicadores y el resto de datos necesarios para cada muestra.

### Selección de columnas a visualizar

La información que se visualiza en la tabla de secuencia puede configurarse:

- Puede desplazar las columnas hacia la izquierda o la derecha, con el fin de tener a mano las columnas más importantes para realizar su trabajo.
- Asimismo, puede excluir de la vista aquellas columnas que no necesite para realizar su trabajo.

Para cambiar la vista y el contenido de la tabla de secuencia, haga clic en  (**Column Chooser**) en la barra de herramientas de la tabla de secuencia. Seleccione las columnas que desee que aparezcan en la tabla de secuencia. En función de los paquetes de software instalados, se añadirán más columnas; por ejemplo, si hay un sistema LC/MS o CE/MS instalado, aparecerá la columna **Target Mass**.

### Modos de selección

Al igual que en programas como Microsoft Excel, puede seleccionar varias celdas o rangos de celdas:

- **Ctrl** + clic: selección de varias celdas individuales.
- **Mayús** + clic: selección de un rango de celdas.

### Copiar, cortar y pegar

- *Copiar*: Puede copiar las celdas seleccionadas y pegarlas en otro programa (por ejemplo, Microsoft Excel). La información copiada incluirá las etiquetas de encabezado de las columnas. Puede visualizar las etiquetas si pega la información en otro programa (por ejemplo, en Microsoft Excel). Con la ayuda de las etiquetas de encabezado de las columnas, podrá volver a pegar esos valores en una tabla de secuencia de ChemStation incluso si las columnas están en un orden distinto.
- *Cortar*: Si corta filas completas, las filas se eliminarán y pasarán al portapapeles. Si solo corta algunas columnas o celdas, las filas se mantendrán como están y solo se eliminarán los valores de las celdas seleccionadas.
- *Pegar*: Si selecciona una fila completa, los valores del portapapeles se insertarán como filas nuevas al pegarlos. Si el contenido copiado incluye las etiquetas de encabezado de las columnas, los valores se pegarán en las columnas correspondientes en función de dichas etiquetas. Si solo selecciona una columna, en ese caso los valores del portapapeles se pegarán desde la fila superior hacia abajo (línea a línea), ocupando tantas columnas hacia la derecha como haya en la memoria del portapapeles. Si solo selecciona una celda, las celdas situadas por debajo y hacia la derecha de la celda seleccionada se llenarán con los valores del portapapeles.

### Deshacer y rehacer

La tabla de secuencia permite deshacer o rehacer la última operación realizada.

### Inserción, anexión o eliminación de líneas

Para insertar o anexar una nueva línea en blanco o eliminar una línea, utilice los botones correspondientes de la barra de herramientas:



**Insert Line**



**Append Lines**



**Delete Lines**


## Uso de la función Rellenar hacia abajo

Si en muchas de sus muestras se utiliza el mismo método, puede introducir rápidamente dichas muestras en la tabla de secuencia utilizando el icono



**Filldown**. Esta función copia la información de una celda en las celdas o columnas previamente seleccionadas. Para determinar la ubicación de las muestras, el nombre de las muestras y el nombre de los archivos de datos se utilizarán las reglas de incremento especificadas en el cuadro de diálogo **Filldown Options**. En el resto de las columnas, esta función simplemente copiará los campos (por ejemplo, el nombre del método, el número de inyecciones por vial y, si se especifican, la cantidad de muestra, la cantidad ISTD, el factor multiplicador y la dilución).

Solo se excluirán de la repetición aquellas columnas con valores únicos, como los ID de los sistemas LIMS. Asimismo, los ajustes de calibración no se copiarán en aquellas muestras que no sean patrones de calibración.

En el cuadro de diálogo **Filldown Options**  puede especificar distintos ajustes avanzados para dicha función. Este cuadro de diálogo le permite definir reglas para la ubicación y la nomenclatura de las muestras. Por ejemplo, puede elegir el sentido de los patrones de incremento en las placas de pocillos, así como si solo desea aplicar este parámetro a un subconjunto rectangular de la placa.

La función Rellenar hacia abajo se aplica de forma especial a los archivos de datos; en este caso, toma el nombre completo del archivo de datos y le añade un marcador con el formato "--001". En el caso de la GC, también añade un sufijo ("F" o "B") en función del inyector seleccionado para realizar el análisis en el momento de ejecutar la función Rellenar hacia abajo.

## Asistente de creación de nuevas líneas

Este asistente le permite crear de forma eficiente grandes tablas de secuencias. Puede hacerlo de diferentes formas:

- *Modo sencillo*: Rellene una línea con todos los valores que tenga que duplicar.

Seleccione la línea y ejecute el **Insert/Filldown Wizard**  para repetir la línea "n" veces. También puede definir una regla para insertar calibraciones o análisis de blancos tras un determinado número de muestras.


- *Modo avanzado*: Rellene varias líneas para crear un patrón. A continuación, seleccione esas líneas y ejecute el **Insert/Filldown Wizard**. Puede incluir calibraciones, controles y blancos de forma alterna, así como cualquier

número de análisis de muestras, niveles de calibración y ajustes de recalibración.

También puede elegir, por ejemplo, realizar todas las calibraciones con un mismo vial y aplicar el incremento únicamente a los viales de muestras. Las posiciones de las muestras se repiten aplicando un incremento inteligente a las posiciones de inicio (desplazamiento para cada bloque copiado), con el fin de mantener la distancia entre todas las posiciones de las muestras. Si no puede ver reglas en el cuadro de diálogo, eso quiere decir que los valores simplemente se duplicarán hacia abajo.

Solo se excluirán de la repetición aquellas columnas con valores únicos, como los ID de los sistemas LIMS.

### Filtrado de la tabla de secuencia

Las **Filter Options**  permiten aplicar un conjunto de condiciones para mostrar un subconjunto de líneas en la tabla de secuencia.


Con el filtrado es posible ver una tabla de secuencias acotada. Puede seleccionar, por ejemplo, que aparezcan solamente determinados tipos de muestras, métodos, niveles de calibración, ubicaciones de muestras o nombres de muestras.

Esto le permite comprobar rápidamente su uniformidad o editar solamente un grupo de líneas de secuencias en concreto aplicando la función de Rellenar hacia abajo a la lista filtrada. Por ejemplo:


- Actualizar la cantidad de muestra para todas las muestras de una ubicación de muestras en particular.
- Cambiar la ubicación de la muestra o el vial de un nivel de calibración concreto.

### Lectura de códigos de barras


Si su instrumento permite leer códigos de barras, haga clic en **Read Bar**

**Codes**  para obtener los nombres de las muestras. Seleccione la fila de la tabla de secuencia o la celda de ubicación de la muestra para la que quiera leer el código de barras. Puede seleccionar una o varias líneas. El código de barras se añadirá en la celda asociada al nombre de la muestra para cada ubicación de muestra especificada.

### Utilización del botón Custom Fields

Si se han configurado campos personalizados en los métodos utilizados en la tabla de secuencia, pulse el botón **Custom Fields**  para editar los valores de estos campos para cada muestra (campos personalizados asociados a las muestras) o para cada compuesto del método de una muestra (campos personalizados asociados a los compuestos).

### Vista previa de la secuencia

La función **Sequence Preview**  hace que se abra un cuadro de diálogo en el que se mostrará la secuencia tal como se ejecutará, con todas las calibraciones repetidas, las muestras de control de calidad (QC) y los blancos incluidos en el orden correcto.

## Easy Sequence

### Introducción

**Easy Sequence** es una interfaz de usuario pensada para poder configurar fácil y rápidamente secuencias a partir de plantillas. La plantilla especifica parámetros que deberá ver o editar el usuario. La configuración de calibración ofrece una interfaz fácil de utilizar que permite arrastrar y soltar elementos para especificar los tipos de calibración y las posiciones de las muestras; además, permite visualizar un resumen de la secuencia. Con la función **Easy Sequence**, los usuarios pueden crear rápidamente secuencias que sigan un determinado patrón y que, excepto por el número de muestras, sean similares.

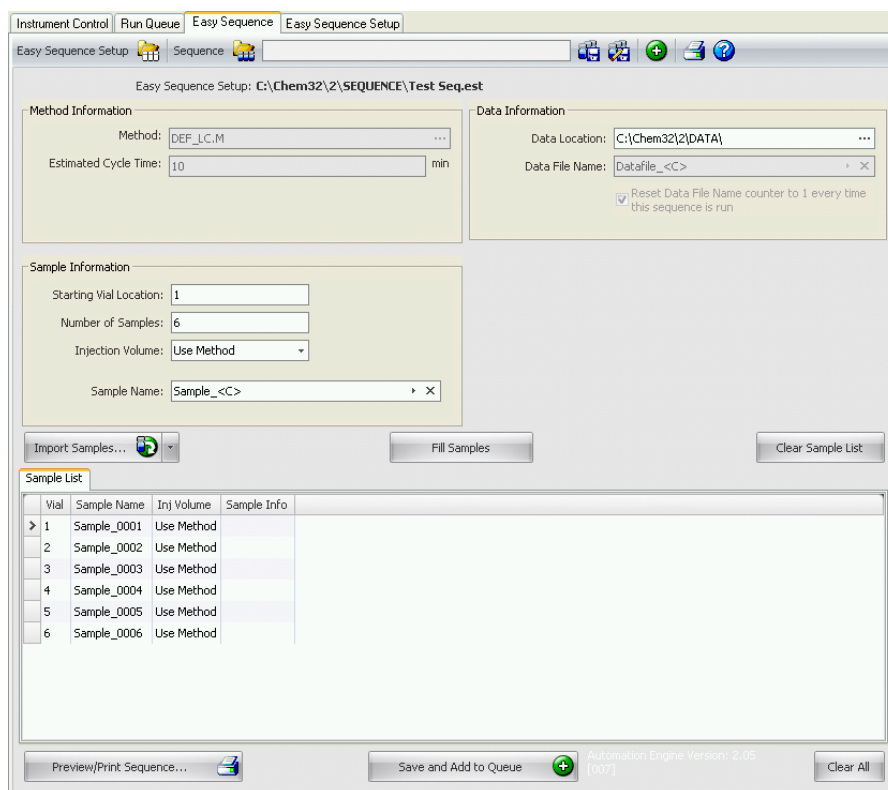


Figura 16 Ficha Easy Sequence

## Utilización de la ficha Easy Sequence (secuencia)

La ficha **Easy Sequence** sirve para generar una secuencia a partir de la plantilla creada en la ficha **Easy Sequence Setup**. También se pueden importar muestras guardadas en formato CSV.

### Para definir una secuencia

- 1 En la ficha **Easy Sequence**, abra una plantilla pulsando el icono Open Easy Sequence Setup.
- 2 Haga los cambios necesarios, como pueden ser las ubicaciones de viales de muestra, las ubicaciones de viales de compuestos de calibración, la ubicación de los datos o la de la secuencia. Los parámetros disponibles para editar dependerán de la configuración de la plantilla.
- 3 Si las muestras preintroducidas no coinciden con las nuevas ubicaciones de muestras, pulse **Fill Samples** para volver a introducirlas en la tabla.
- 4 Pulse **Preview/Print Sequence...** para previsualizar la Sequence.
- 5 Guarde la secuencia.

#### SUGERENCIA

La secuencia se podrá editar mientras su estado en la cola sea **Pending**.

- 6 Pulse **Save and Add to Queue** para enviar la Sequence a la Sequence Queue.

### Para importar datos de muestra

Los datos de muestra configurados se pueden importar a **Easy Sequence**. Antes de importar muestras, se puede configurar el fichero CSV y darle el formato apropiado. Consulte en la ayuda en línea cómo crear un fichero de datos de muestra en formato CSV.

- 1 En la ficha **Easy Sequence**, abra una plantilla pulsando el icono **Load Easy Sequence Setup**.
- 2 Pulse **Import Samples...**
- 3 Seleccione el fichero CSV que desee importar.  
Se importarán todos los campos válidos.

#### NOTA

Para importar datos de muestra a la **Back Sample List**, compruebe que esté seleccionada la **Back Sample List** y que aparezca en pantalla antes de pulsar el botón **Import Samples**.

- 4 Compruebe los campos revisando la Sample List.

## Utilización de la ficha Easy Sequence Setup (Template)

Se emplea **Easy Sequence Setup** para crear plantillas que sirvan como punto de partida para crear secuencias. Hay dos paneles: Samples y Calibration. El panel **Samples** especifica la información de método, muestra, datos y secuencia. La plantilla se emplea también para especificar qué parámetros estarán ocultos o serán de solo lectura. El panel **Calibration** cuenta con una interfaz gráfica a través de la cual se pueden configurar y ver los análisis de calibración. Tiene una interfaz para arrastrar y soltar elementos fácilmente con el fin de especificar los tipos de calibración (cíclica o agrupada) y las posiciones de las muestras.

### Creación de una plantilla Easy Sequence:

- 1 En la ficha **Easy Sequence Setup**, seleccione el panel **Samples**. Abra una plantilla existente o cree una nueva plantilla.
- 2 Seleccione el **Method**. Se mostrarán opciones de inyección duales si la fuente de inyección del método es Dual. Se puede especificar un análisis inverso para la señal inversa. Este método es el único parámetro necesario para una plantilla.
- 3 Si lo desea, introduzca la duración estimada (en minutos) de un análisis de muestra. Ese es el tiempo transcurrido desde que empieza una muestra hasta que empieza la siguiente. Este parámetro se utiliza para estimar la duración total esperada de la secuencia. Deje ese campo en blanco si no desea utilizar la función Estimated Cycle Time.
- 4 Especifique la **Starting Vial Location**, el **Number of Samples** y el **Sample Name**.
- 5 Seleccione la **Data Location**.
- 6 Seleccione la **Sequence Location** y especifique el **Sequence Name**.
- 7 Introduzca los comentarios que desee para la plantilla.
- 8 Especifique los parámetros que estarán ocultos o serán de solo lectura. Introduzca un valor predeterminado en **injections/vial**, **sample amount**, **ISTD amount**, **injection volume**, etc. Esto ayuda a reducir la probabilidad de error al crear una secuencia en la ficha **Easy Sequence**.
- 9 Guarde la plantilla.

**Para definir las calibraciones:****Requisitos**

El método empleado en la plantilla tiene que estar calibrado en los niveles necesarios.

- 1 En la ficha **Easy Sequence Setup**, seleccione el panel **Calibration**.
- 2 Seleccione **Cyclic, Bracketing** o **Simple Calibration** en la lista desplegable **Calibration Mode**.
- 3 El **Sequence Diagram** tiene las siguientes secciones:
  - **Sequence Start**
  - **Bracketing/Cyclic**
  - **Samples/Injections**
  - **Sequence End**
- 4 En el área **Samples** de la secuencia, ajuste el **Calibration Interval** en función del número de muestras o el número de inyecciones.
- 5 Configure el **Sample type, Blank, Calibrant** o **QC Sample** arrastrando el icono del área **Sample Type** a la sección **Sequence Diagram**.
- 6 Configure los parámetros de cada Sample Type y asígneles los valores **Hide** o **Read-Only**.
- 7 Compruebe el modo de calibración en la vista general **Easy Sequence**.
- 8 Guarde la plantilla.

## Uso de secuencias (secuencias y plantillas de secuencias)

Desde el menú Secuencia se pueden crear secuencias y acceder a secuencias (y a plantillas de secuencias). Las secuencias pueden crearse y guardarse del mismo modo que los métodos. Al guardar una secuencia, se crea un fichero con extensión .S. Si desea editar o utilizar una secuencia de nuevo, puede acceder a ésta, por ejemplo, con la opción Cargar secuencia del menú Secuencia.

### Adquisición de datos de análisis individuales

En análisis individuales, el fichero de datos se guarda directamente en el subdirectorío correspondiente. Como solamente se emplea un método para un análisis individual, este método no se tiene que copiar en el subdirectorío; todas las acciones se realizan directamente con el método maestro. Una vez completada la parte de adquisición del método, se guarda una copia de los parámetros de adquisición en el fichero ACQ.txt. Se guarda una copia de los parámetros de análisis de datos en el directorío del fichero de datos (DA.M) tras la ejecución de la parte de análisis de datos del método maestro.

### Adquisición de datos en una secuencia

Para analizar una secuencia deberán estar disponibles los métodos predefinidos apropiados. Estos son los métodos maestros, tal como se ha descrito anteriormente. Normalmente, los métodos maestros y las plantillas de secuencia se utilizan en la vista **Method and Run Control** de ChemStation. Por este motivo, en la vista **Method and Run Control**, la ChemStation ofrece acceso a los métodos maestros y a las plantillas de secuencia.

La plantilla de secuencia hace referencia a estos métodos en la Sequence Table.

Cuando se analiza una secuencia con una plantilla de secuencia <sequence\_name>.S en el método maestro <method\_name>.M, se crea una carpeta nueva que contiene todos los ficheros resultantes del análisis de la secuencia ("conjunto de resultados"). La ubicación de esta carpeta con el conjunto de resultados viene determinada por la configuración del cuadro de diálogo **Sequence Parameters** (consulte [Figura 12](#) en la página 80). El nombre de

La carpeta con el conjunto de resultados y el modo de ejecución viene determinado por la configuración de **Preferences** (consulte “[Preferencias: ficha Secuencia](#)” en la página 111).

Al comienzo de una secuencia de adquisición, el método especificado en la tabla de secuencias se copia desde la carpeta de métodos maestros al conjunto de resultados. Asimismo, se crea una copia de la secuencia y se coloca junto con el registro de secuencia y el fichero de lotes (\*.b) en el conjunto de resultados. Todas las actualizaciones del método (por ejemplo, actualizaciones de la Calibration Table) se escriben en el método de secuencia del conjunto de resultados. En caso de utilizar Intelligent Reporting, las plantillas de informes que se seleccionaran en los Sequence Parameters o en las Method Properties se copian también en el conjunto de resultados. Con este sistema todos los ficheros necesarios estarán disponibles para futuras revisiones de datos y reprocesamientos, sin que se apliquen los cambios al método maestro o a la plantilla de secuencia para otros análisis de secuencia.

Durante la adquisición, los ficheros de datos se almacenan en el conjunto de resultados. Dentro de cada fichero de datos (\*.D) se guarda una copia del método de secuencia para el análisis en cuestión. El fichero ACQ.txt contiene los parámetros de adquisición del método de secuencia, lo que conserva el estado del método tal como era en el momento de la adquisición del fichero de datos específico. La carpeta DA.M contiene una copia de los parámetros de análisis de datos empleados en el método de secuencia.

Junto con estos ficheros guardados en la carpeta de secuencias, pueden realizarse las actividades de revisión y reprocesamiento de todos los datos sin alterar el método maestro o la plantilla de secuencia. En caso necesario, los cambios de método pueden volver a guardarse también en el método maestro.

**NOTA**

El conjunto de resultados debe contener siempre el conjunto completo de ficheros de datos (\*.D). Si se borran algunos de esos ficheros de datos, habrá problemas al cargar el conjunto de resultados en el almacenamiento central de datos. Si necesita acortar una secuencia, cree un conjunto de resultados constituido por el usuario a partir del conjunto reducido de líneas de secuencia (consulte “[Creación de conjuntos de resultados constituidos por el usuario](#)” en la página 107).

## Actualización automática de métodos maestros

Estas funciones le permiten seleccionar si desea actualizar los métodos maestros empleados en la secuencia y cuándo hacerlo. De este modo se asegurará, por ejemplo, que la tabla de calibración esté actualizada.

Se pueden activar las funciones en el cuadro de diálogo **Sequence Parameters** (véase la figura siguiente):

- **Update data analysis parameters only:**  
Seleccione esta casilla de verificación si desea actualizar los parámetros de análisis de datos de todos los métodos a partir del conjunto de resultados de la carpeta de métodos maestros al final de la secuencia.
- **Full method update during sequence acquisition (instrument and data analysis parameters):**  
Marque esta casilla si desea actualizar el método maestro con cambios en los parámetros del instrumento al final de cada análisis. Los parámetros de análisis de datos se actualizan al mismo tiempo. Si no cambian los parámetros del instrumento, los parámetros de análisis de datos se actualizan al final de la secuencia.

La condición previa para actualizar un método maestro es que el método maestro correspondiente (un método con el mismo nombre que el método de la secuencia) aún exista en el mismo directorio de métodos maestros igual que en el momento en el que se copió en el conjunto de resultados.

Para cambiar la configuración de la casilla de verificación y actualizar los métodos maestros, se necesitan los privilegios **Save method changes** y **Edit sequence summary**. Para obtener información sobre la gestión de usuarios y los privilegios, consulte la *Guía de configuración de OpenLab ChemStation* (CDS\_CS\_configure.pdf).

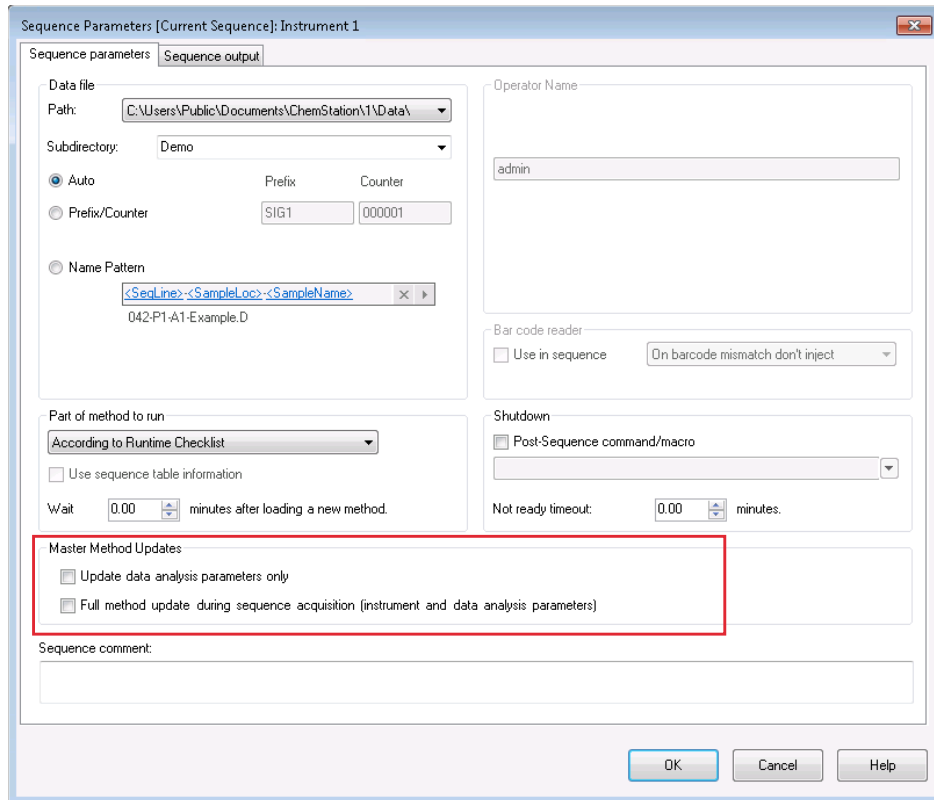


Figura 17 Opción Actualizar métodos maestros en el cuadro de diálogo Parámetros de secuencia

## NOTA

Como esta función acarrea una reducción del rendimiento, se aconseja no utilizarla a menos que se tengan secuencias con cientos de métodos.

## Muestras prioritarias

Se puede pausar una secuencia que está siendo analizada cuando se haya finalizado el método actual para permitir el análisis de una muestra prioritaria por el mismo o por otro método. Después, la secuencia se puede reanudar y continúa con la muestra en la que se pausó.

## Secuenciación con muestras de control

Las muestras de control se pueden especificar en el campo Sample Type de la tabla de secuencia. El método que se utiliza para analizar las muestras de control debe contener una tabla de calibración donde estén especificados los límites de muestras de control de uno de los compuestos. Si se exceden estos límites especificados, la secuencia se interrumpe y se escribe un mensaje en el libro de registros. Si usa uno de los estilos de informes de ChemStation, los límites de muestras de control también se imprimen en los informes generados para estos análisis. Para obtener más información sobre cómo definir una secuencia con muestras de control, consulte la sección Cómo... de la ayuda en línea.

## Secuenciación con muestras de referencia en blanco

Las señales de referencia son necesarias para evaluar la relación señal/ruido, según lo define la Farmacopea Europea. Se puede especificar el fichero de datos de referencia en la tabla de secuencia al elegir el tipo de muestra **Blank** para las muestras correspondientes.

Si se usan varios ficheros de referencia, el orden de los ficheros es esencial. ChemStation usa un fichero de referencia para todos los análisis sucesivos, hasta que haya un nuevo fichero de referencia en la tabla de secuencia. El fichero de referencia de una muestra en blanco sirve como su propia referencia. La siguiente vista general muestra un ejemplo de una secuencia que contiene dos muestra en blanco:

**Tabla 7** Ejemplo de secuencia con muestras en blanco

	Muestra	Fichero de datos	Fichero de referencia
1	Sample1	DF01.D	
2	Blank1	DF02.D	DF02.D
3	Sample2	DF03.D	DF02.D
4	Sample3	DF04.D	DF02.D
5	Blank2	DF05.D	DF05.D
6	Sample4	DF06.D	DF05.D
7	Sample5	DF07.D	DF05.D

Consulte la Guía de referencia para obtener detalles sobre el cálculo de la relación señal/ruido.

## Ejecución de una secuencia

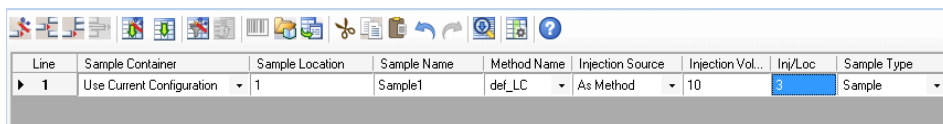
Una vez enviada la secuencia a la cola, la tabla de secuencia se transformará en una lista de tipo "análisis por análisis". En ella se mostrará la secuencia tal como se ejecutará, con todas las calibraciones repetidas, las muestras de control de calidad (QC) y los blancos incluidos en el orden correcto. El fichero de secuencia generado se guardará en el conjunto de resultados.

Las líneas de secuencia que ya se han adquirido o se están adquiriendo actualmente están bloqueadas. Ya no se pueden editar más. Con flujos de trabajo específico, por ejemplo si usa un instrumento de espacio de cabeza o ha configurado inyecciones solapadas, además se bloquean diversos análisis pendientes.

### NOTA

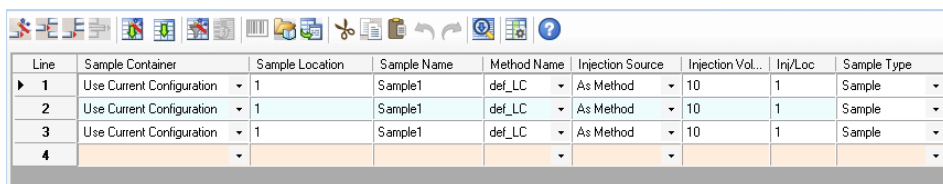
Si añade líneas de secuencia mientras que una secuencia está en adquisición, los correspondientes nombres de fichero de datos depende del esquema de denominación que haya seleccionado en Parámetros de la secuencia. Con el esquema de denominación **Name Pattern**, el nombre del fichero de datos se resuelve en el momento en que se inicia el análisis, usando los tokens dados.

Ejemplo: secuencia con varias inyecciones



Line	Sample Container	Sample Location	Sample Name	Method Name	Injection Source	Injection Vol...	Inj/Loc	Sample Type
1	Use Current Configuration	1	Sample1	def_LC	As Method	10	3	Sample

Figura 18 Plantilla de secuencia antes de enviarla a la cola (muestra con tres inyecciones)



Line	Sample Container	Sample Location	Sample Name	Method Name	Injection Source	Injection Vol...	Inj/Loc	Sample Type
1	Use Current Configuration	1	Sample1	def_LC	As Method	10	1	Sample
2	Use Current Configuration	1	Sample1	def_LC	As Method	10	1	Sample
3	Use Current Configuration	1	Sample1	def_LC	As Method	10	1	Sample
4								

Figura 19 Archivo de secuencia tras enviarlo a la cola (tres líneas independientes)

Ejemplo: secuencia con calibración cíclica

Line	Sample Container	Sample Loc...	Sample Name	Method Name	Inj/Loc	Sample Type	Cal Level	Update RF	Update RT	Cal Inte...	Sample Amount	ISTD1
1	Use Current ...	1	Calibration 1	BRACK	2	Calibration	1	Bracket	Replace	3		
2	Use Current ...	2	Calibration 2	BRACK	2	Calibration	2	Bracket	Replace	3		
3	Use Current ...	10	Sample A	BRACK	1	Sample						
4	Use Current ...	11	Sample B	BRACK	1	Sample						
5	Use Current ...	12	Sample C	BRACK	1	Sample						

Figura 20 Plantilla de secuencia antes de enviarla a la cola (calibración cíclica con agrupamiento)

Line	Sample Container	Sample Loc...	Sample Name	Method Name	Inj/Loc	Sample Type	Cal Level	Update RF	Update RT	Cal Inte...	Sample Amount	ISTD1
1	Use Current ...	1	Calibration 1	BRACK	1	Calibration	1	Bracket	Replace			
2	Use Current ...	1	Calibration 1	BRACK	1	Calibration	1	Bracket	Replace			
3	Use Current ...	2	Calibration 2	BRACK	1	Calibration	2	Bracket	Replace			
4	Use Current ...	2	Calibration 2	BRACK	1	Calibration	2	Bracket	Replace			
5	Use Current ...	10	Sample A	BRACK	1	Sample						
6	Use Current ...	11	Sample B	BRACK	1	Sample						
7	Use Current ...	12	Sample C	BRACK	1	Sample						
8	Use Current ...	1	Calibration 1	BRACK	1	Calibration	1	Bracket	Replace			
9	Use Current ...	1	Calibration 1	BRACK	1	Calibration	1	Bracket	Replace			
10	Use Current ...	2	Calibration 2	BRACK	1	Calibration	2	Bracket	Replace			
11	Use Current ...	2	Calibration 2	BRACK	1	Calibration	2	Bracket	Replace			
12												

Figura 21 Archivo de secuencia tras enviarlo a la cola (calibración cíclica con agrupamiento)

## Uso de la opción High-Throughput

Diversos inyectores automáticos de LC y GC ofrecen la opción *High-Throughput* para optimizar el tiempo de análisis. Con esta opción, las inyecciones de una secuencia se solapan; el inyector trae y coloca el vial siguiente mientras la adquisición actual continúa en ejecución. Esto permite ahorrar una cantidad de tiempo considerable en cada análisis.

## Pausar una secuencia

El análisis en curso se completará antes de que se detenga la secuencia.

Durante la pausa de una secuencia, no se puede cambiar el nombre del fichero de la tabla de secuencia ni el nombre del fichero de datos. Solo es posible cambiar en la tabla de secuencia las líneas de secuencia que no se hayan ejecutado y el número de viales en la línea de secuencia actual. Se pueden añadir, borrar o cambiar las líneas de secuencia para análisis futuros.

Por ejemplo, será necesario editar una secuencia activa para añadir un nuevo lote de muestras. Se puede editar la secuencia de modo que esos viales sean la siguiente muestra que procese ChemStation después de las muestras de la línea de secuencia que se esté analizando en el momento.

## Interrumpir una secuencia

El análisis activo en ese momento se dará por terminado de inmediato. No obstante, aún se seguirán efectuando los análisis de datos para el análisis en curso. Nunca se puede reanudar una secuencia interrumpida.

Si se desea finalizar el análisis en curso antes de interrumpir una secuencia, hay que poner en pausa la secuencia, esperar a que termine el análisis e interrumpir entonces la secuencia.

## Abortar una secuencia

Con la función Abort finaliza de forma inmediata una secuencia activa. No tendrá lugar ningún análisis de datos. La función Abort se implementa como parada de emergencia y precisa reiniciar la sesión actual.

## Análisis de una secuencia parcial

### Selección de conjunto de resultados para adquisición parcial

Puede elegir entre las siguientes opciones para la adquisición de una secuencia parcial:

- Adquirir la secuencia parcial en un conjunto de resultados nuevo.

O bien:

- Adquirir la secuencia parcial en un conjunto de resultados existente.

La adquisición de ficheros de datos de una ejecución de secuencia parcial en un conjunto de resultados existente puede ser útil en las siguientes situaciones:

- Si debe sobrescribirse un único fichero de datos (o varios ficheros de datos); por ejemplo, debido a que se ha utilizado inicialmente un vial incorrecto.
- Si solo se ha ejecutado la primera parte de la secuencia y hay que añadir las muestras que faltan mediante la ejecución de una secuencia parcial. Esto puede suceder cuando un instrumento falla durante la adquisición de una secuencia.
- Si se han anexoado más líneas a la plantilla de la secuencia después de la adquisición de las líneas ya existentes. Los análisis adicionales deben añadirse a los datos ya existentes.

## NOTA

La eliminación o inserción de líneas en una parte ya adquirida de la plantilla de secuencia dará lugar a incoherencias graves en los nombres de los ficheros de datos.

Por tanto, cuando seleccione **Partial Sequence** en el menú **Sequence**, se abrirá un cuadro de diálogo que le ofrecerá la opción de seleccionar un conjunto de resultados existente de una lista o crear un nuevo conjunto de resultados.

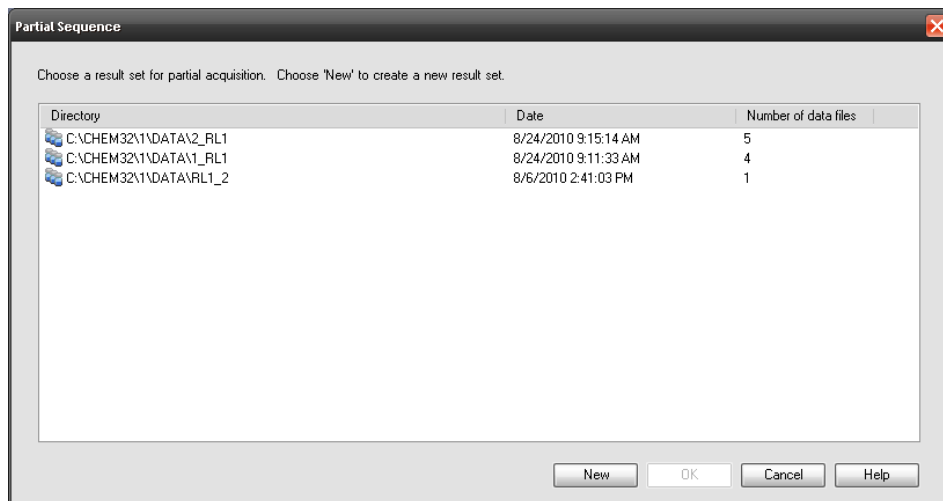


Figura 22 Cuadro de diálogo Partial Sequence

No obstante, para mantener la coherencia del conjunto de resultados (de forma que se pueda reprocesar completamente en la vista **Data Analysis**), solamente se ofrecerán para la adquisición parcial aquellos conjuntos de resultados que cumplan ciertas condiciones:

- El nombre de la plantilla de secuencia (secuencia de origen) y el nombre del fichero de secuencia \*.S del conjunto de resultados (secuencia de destino) deben ser idénticos.
- La ruta de datos y el subdirectorio de los ficheros de secuencia deben ser idénticos.
- El número de líneas de secuencia de la secuencia de origen debe ser igual o superior al número de líneas de secuencia de la secuencia de destino.
- El tipo de muestra y el número de inyecciones de cada línea de la secuencia de destino deben ser idénticos a los valores de las líneas correspondientes de la secuencia de origen.
- El esquema de denominación de los ficheros de datos debe ser idéntico en ambos ficheros de secuencia.

Después de salir de este cuadro de diálogo pulsando **OK** (para seleccionar uno de los conjuntos de resultados) o **New** (para crear un nuevo conjunto de resultados), podrá seleccionar las líneas de secuencia que deban ejecutarse durante la secuencia parcial.

### Selección de líneas de secuencia para adquisición de secuencia parcial

El sistema abre el cuadro de diálogo **Partial Sequence** y permite seleccionar muestras individuales de la tabla para analizarlas.

En cada línea del cuadro de diálogo **Partial Sequence** se muestra un solo análisis. En cada análisis se proporciona el nombre del vial, del método, del fichero de datos y de la muestra. Además, se muestra la información codificada de la tabla de la secuencia y las muestras de calibración en las columnas Seq Tbl y Calib:RF:RT respectivamente. En la ayuda en línea se puede consultar una explicación de estos códigos.

#### NOTA

La secuencia parcial rellena los nombres del fichero de datos al inicio de la secuencia. Como consecuencia, los tokens DATE y TIME del fichero de datos no producirán la fecha y hora exactas de las inyecciones.

Se puede obtener una copia en papel de la secuencia parcial pulsando el botón **Print**.

Con **Manual update ...** se abre el cuadro de diálogo **Update Methods**, que permite sincronizar manualmente los métodos maestros y los métodos empleados en la plantilla de secuencia. Con la opción **Automatic update for selected runs**, se pueden actualizar todos los métodos de secuencia que se emplearán en los análisis seleccionados con sus métodos maestros correspondientes.

## NOTA

Se actualizan tanto los parámetros de adquisición como los del análisis de datos.

Por ejemplo, es posible que el cuadro de diálogo **Partial Sequence** tenga la siguiente apariencia. Se pueden marcar muestras concretas para procesarlas.

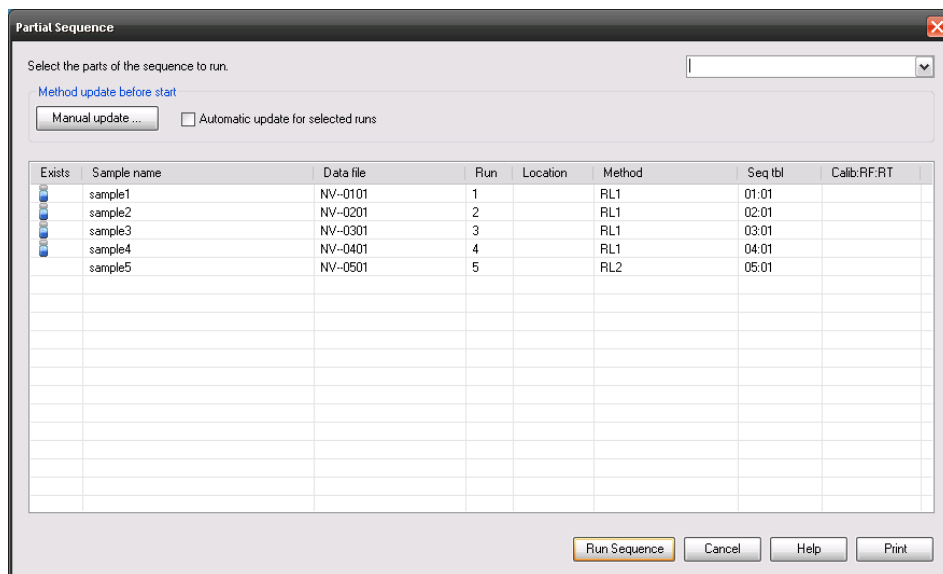


Figura 23 Cuadro de diálogo Partial Sequence

No se puede editar una secuencia parcial en ejecución.

El cuadro de diálogo **Partial Sequence** no admite inyecciones solapadas (consulte "Uso de la opción High-Throughput" en la página 102).


## Creación de conjuntos de resultados constituidos por el usuario

Con el comando **Sequence > Create New Result Set** de la vista **Data Analysis**, se puede crear un nuevo conjunto de resultados constituido por el usuario a partir de los datos mostrados en ese momento en la tabla de navegación. Los conjuntos de resultados constituidos por el usuario son útiles, por ejemplo, en los casos siguientes:

- Se desea combinar muestras individuales, secuencias o una combinación de ambas para reprocesarlas con un determinado método.
- Se desea acortar una secuencia.

### Para constituir un nuevo conjunto de resultados

- 1 Añada los ficheros de datos pertinentes a la tabla de navegación.
- 2 En la tabla de navegación, seleccione todos los ficheros de datos que desee incluir en el nuevo conjunto de resultados.
- 3 Seleccione **Sequence > Create New Result Set** para abrir el cuadro de diálogo **Create New Result Set**.
- 4 Seleccione un método a asociar con el nuevo conjunto de resultados.
- 5 Especifique una carpeta para el nuevo conjunto de resultados.
- 6 Clasificar las muestras.

Los nombres de los ficheros de datos de salida se actualizan automáticamente. Si es necesario, se puede restaurar el orden inicial de las muestras usando el botón  (**Restore initial order**).

Obsérvese que la posición de un fichero en blanco es relevante para la evaluación de la relación señal/ruido, según lo define la Farmacopea Europea. Consulte también "[Secuenciación con muestras de referencia en blanco](#)" en la página 100.

- 7 Confirme las asignaciones para constituir la lista de ficheros de datos en un conjunto de resultados en la carpeta especificada.

## Archivo de registro de secuencias

Un archivo de registro de secuencias indica qué ha sucedido durante el análisis de secuencias. Resulta útil para identificar cuando se producen errores si la secuencia se analiza de forma desatendida o por la noche. El nombre del archivo de registro tiene siempre extensión .log. El archivo de registro se encuentra en el directorio en el que se almacenan los datos de la secuencia.

## ¿Qué ocurre cuando se analiza una secuencia?

### Inicio de una secuencia

Cuando se trabaja en el modo de ejecución de secuencias predeterminado, el sistema crea un conjunto de resultados basado en la definición de la ruta de los parámetros de la secuencia y en la configuración de preferencias de la secuencia. La plantilla de secuencia \*.s y todos los métodos definidos en la tabla de secuencias que pertenecen a esta secuencia específica se copian en el conjunto de resultados. En caso de utilizar Informes inteligentes, todas las plantillas de informes \*.rdl que van definidas en el método o en la plantilla de secuencia se copian también en el conjunto de resultados. El sistema continúa utilizando estos ficheros durante la adquisición. Al iniciar la secuencia, se carga el método de la línea de secuencia correspondiente en ChemStation desde este conjunto de resultados.

Para obtener más información sobre los modos de ejecución, consulte "[Modo de ejecución de secuencias](#)" en la página 113.

Otros pasos ejecutados durante el análisis de la secuencia:

Los pasos siguientes se repetirán para cada línea de secuencia analizada:

- Si dispone de inyector automático, el software ChemStation busca en primer lugar la muestra en el inyector automático con arreglo al número introducido en la columna de viales.
- El instrumento se carga con los parámetros del método.
- Se ejecuta la macro de preanálisis.



## Estructura del fichero de datos de la secuencia

### Estructura del fichero de datos

Existe un vínculo muy estrecho entre los datos primarios, el método y el conjunto de resultados. La carpeta con el conjunto de resultados contiene todos los ficheros de datos (\*.D) adquiridos dentro de una secuencia.

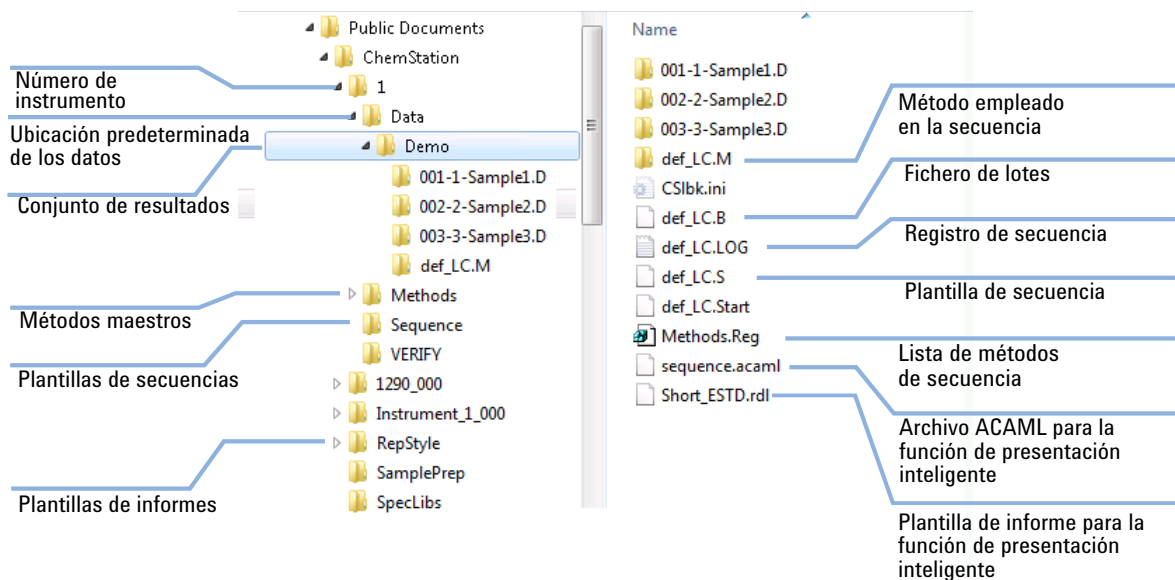


Figura 25 Estructura del fichero de datos de la secuencia

#### NOTA

El conjunto de resultados debe contener siempre el conjunto completo de ficheros de datos (\*.D). Si se borran algunos de esos ficheros de datos, habrá problemas al cargar el conjunto de resultados en el almacenamiento central de datos. Si necesita acortar una secuencia, cree un conjunto de resultados constituido por el usuario a partir del conjunto reducido de líneas de secuencia (consulte ["Creación de conjuntos de resultados constituidos por el usuario"](#) en la página 107).

Cada fichero de datos, tanto si se ha adquirido dentro de una secuencia o como un único análisis, tiene un vínculo con el método empleado para el análisis de datos.

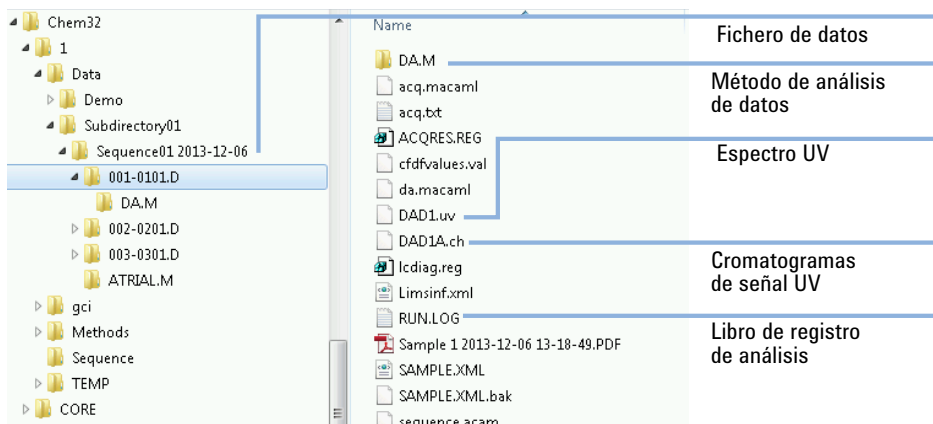


Figura 26 Contenido del archivo de datos

## Preferencias: ficha Secuencia

En el cuadro de diálogo **Preferences**, pestaña **Sequence**, puede definir qué carpetas y ficheros se van a crear durante los análisis de secuencias.

Los datos de secuencia se guardan en un conjunto de resultados, con un nombre de conjunto de resultados exclusivo. Se pueden especificar las convenciones de nombres para estos conjuntos de resultados en la ficha **Sequence** del cuadro de diálogo **Preferences**. Si no se especifica ningún patrón de nombre, se utilizará un patrón de nombre de secuencia predeterminado. La ficha **Sequence** se utiliza solamente para la adquisición de datos y, por tanto, está presente solamente en los sistemas en línea.

El patrón del nombre de secuencia puede contener varias secciones. El sistema crea un nombre para el conjunto de resultados determinado por las secciones del patrón del nombre de secuencia que elija. Todos los ficheros de datos y métodos, el libro de registro de secuencias, el fichero <nombre\_de\_secuencia>.s y el fichero <nombre\_de\_secuencia>.b de la secuencia se almacenan en el conjunto de resultados. El conjunto de resultados se crea cuando se inicia la secuencia.

Los ficheros de secuencia (.s) se utilizan como plantillas de secuencia, concepto que permite ejecutar cualquier fichero de secuencia varias veces sin sobrescribir los datos existentes y sin cambiar los parámetros de la secuencia. Si no se utiliza ni contador ni tiempo en el patrón del nombre de la secuencia, el sistema introduce un contador de forma automática para evitar que los datos se sobrescriban. Para la segunda, la tercera y las subsiguientes secuencias que usen la misma plantilla de secuencia, se añadirá un contador al nombre del conjunto de resultados.

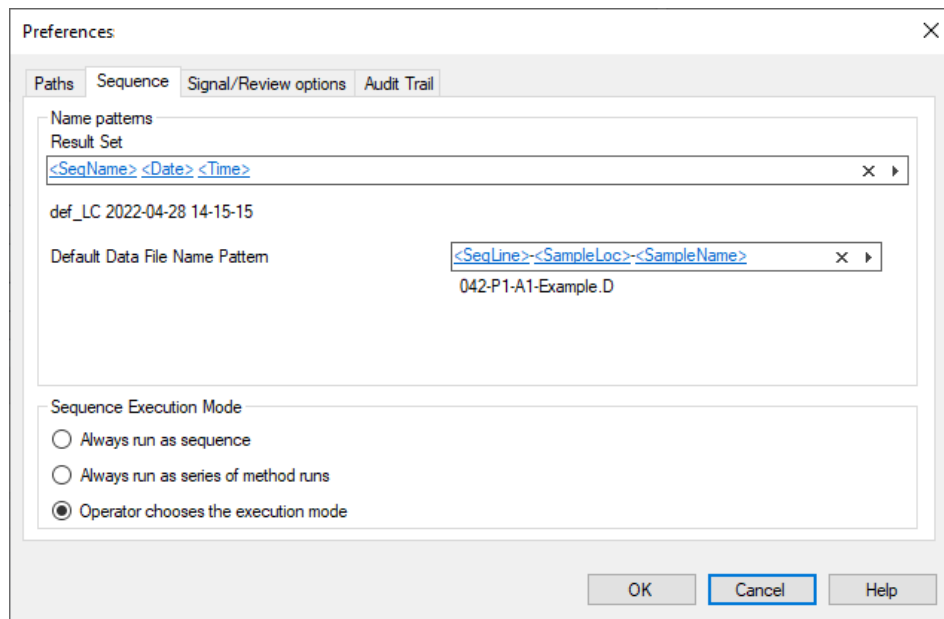


Figura 27 Cuadro de diálogo Preferences: ficha Sequence

### Asignación de nombres al conjunto de resultados

El patrón de nombres para la carpeta con el conjunto de resultados se define en el campo **Result Set** (consulte [Figura 27](#) en la página 112). Por defecto, el nombre es <SeqName> <Fecha> <Hora>, pero puede configurarse mediante variables o puede introducir cualquier nombre de manera manual. Para obtener más información sobre el uso de las variables, consulte “[Nombres de ficheros y señales](#)” en la página 13. Para la carpeta con el conjunto de resultados, puede usar las siguientes variables:

- **Current date**
- **Current time**
- **User name**
- **Instrument name**
- **Sequence name**
- **Counter**
- **Computer name**

Si la convención de nombre no sirve para asignar nombres únicos para los conjuntos de resultados, ChemStation añadirá un contador para garantizar su unicidad.

La ubicación de la carpeta con el conjunto de resultados viene determinada por la configuración del cuadro de diálogo **Sequence Parameters** (consulte “Parámetros de la secuencia” en la página 80).

### Convención de nombre predeterminada para el fichero de datos

En el cuadro de diálogo **Preferences**, defina una convención de nombre predeterminada para los ficheros de datos creados durante la ejecución de secuencias. Esta configuración sirve como valor predeterminado para el cuadro de diálogo **Sequence Parameters** (consulte “Parámetros de la secuencia” en la página 80). En el cuadro de diálogo **Sequence Parameters**, defina el modo real con el que se crean los nombre de fichero.

### Modo de ejecución de secuencias

Si analiza una secuencia, todos los datos y los ficheros relacionados estarán disponibles en una única carpeta. Los datos se evalúan en el contexto de la secuencia completa. Esto es necesario, por ejemplo, para realizar una calibración delimitada o para crear un informe resumen de la secuencia.

Sin embargo, los análisis individuales ofrecen mayor flexibilidad a la hora de editar la cola de análisis.

ChemStation le permite analizar secuencias como una *serie de análisis individuales*. Si utiliza esta función, cada línea de la secuencia desglosada se añadirá a la cola de análisis como una sola muestra. En el sistema de ficheros, no habrá ninguna carpeta de conjunto de resultados; solamente se generan ficheros de datos (.D) para análisis individuales. Los nombres de los ficheros de datos siguen la definición proporcionada en el campo **Default Data File Name Pattern**.

En **Sequence Execution Mode**, elija una de las siguientes opciones:

- **Always run as sequence** (predeterminado): El análisis de secuencias siempre generará carpetas de conjuntos de resultados.
- **Always run as a series of method runs**: Las secuencias se analizarán siempre como una serie de análisis individuales. En tanto en cuanto esté establecida esta preferencia, no se pueden crear conjuntos de resultados.

- **Operator chooses the execution mode:** Cada vez que analice una secuencia, puede elegir entre analizarla **as Sequence** o **as Series of Runs**. Los comandos Todas las ejecuciones o Añadir a la cola de ChemStation se extienden mediante la opción correspondiente. Consulte los siguientes ejemplos:

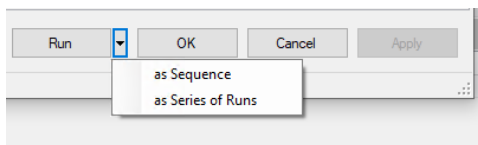


Figura 28 Opciones de análisis en la tabla de secuencia

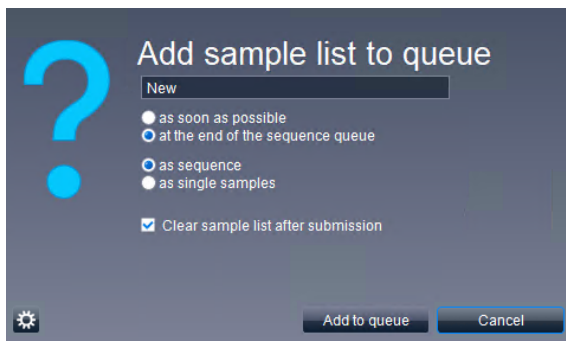


Figura 29 Opciones de cola en la pestaña Introducción de muestras

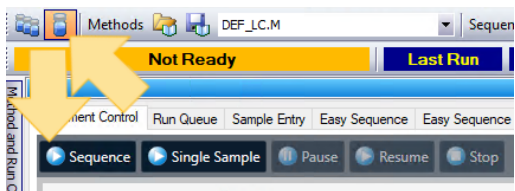


Figura 30 Botón Secuencia en la vista Muestras individuales para analizar una secuencia como serie de análisis individuales

## Asignación de nombres a ficheros de datos

### Asignación de nombres a ficheros de datos en una secuencia

Para definir los nombres de los ficheros de datos de una secuencia, configure los parámetros de la secuencia (consulte "Parámetros de la secuencia" en la página 80).

Elija entre las siguientes opciones:

- automática,
- manual,
- usando un prefijo/contador, o
- usando una convención de nombre.

### Designación automática de archivos de datos en una secuencia

Viales de muestras en bandejas de viales

Por ejemplo, 017-0103.D;

donde:

- Los tres primeros dígitos indican el número de vial (por ejemplo, "017").
- El cuarto dígito puede ser un guión de separación (-), en el caso de la cromatografía de líquidos y la electroforesis capilar, o una "F" o una "B" (indicando el inyector delantero o trasero, respectivamente), en el caso de los cromatógrafos de gases.
- El quinto y el sexto dígito son la línea de secuencia que define el método utilizado; por ejemplo "01" para la primera línea de secuencia.
- El séptimo y el octavo dígito son el número de inyección para el vial de acuerdo con el método; por ejemplo, "03" para la tercera inyección.

Muestras en un muestreador múltiple

Por ejemplo, D1F-A3-0201.D;

donde:

- D1F: posición (en este caso, delantera, tal como indica la "F") del contenedor de muestras en el cajón (en este caso, "D1").
- A3: posición de la muestra en el contenedor de muestras.
- 0201: línea 2 de la secuencia y primera inyección.

Análisis de blancos

Por ejemplo, NV-0499.D;

donde:

- "NV" indica que no hay vial.
- "-" es un guión de separación.
- "0499" indica el 99.º análisis de un blanco de la línea 4 de la secuencia.

### Introducción manual de nombres de ficheros de datos

Una de las columnas de la tabla de secuencia se denomina **Datafile**. Cuando no contiene entradas, se utiliza el esquema de denominación del fichero de datos especificado en Parámetros de secuencia (automático, contador de prefijos o convención de nombre) para crear el nombre del fichero de datos. Si se introduce un texto en la columna **Datafile**, ChemStation utiliza este texto como nombre del fichero de datos para el análisis.

Si se especifica más de una inyección por vial en una línea con nombre del fichero de datos introducido de forma manual, ChemStation trunca automáticamente caracteres desde el final del nombre introducido por el usuario y añade el número de inyección. De este modo se evita la reutilización del mismo nombre del fichero de datos en varias inyecciones.

### Utilización de un prefijo/contador para asignar nombre a ficheros de datos

Si utiliza un prefijo/contador para asignar el nombre a ficheros de datos, ChemStation genera un nombre para cada análisis. Para un instrumento que admite análisis de doble señal como GC, ChemStation genera un nombre para cada señal.

La configuración de las secuencias permite el uso de nombres de fichero largos para el prefijo/contador. El nombre de fichero de datos definido mediante prefijo/contador puede tener hasta quince caracteres más la extensión .d, lo que hace un total de diecisiete caracteres.

El campo de prefijo/contador está sujeto a las reglas siguientes:

- El contador en sí puede tener un máximo de 6 caracteres.
- Si un prefijo contiene menos de nueve caracteres, el contador se amplía automáticamente a 6 dígitos.
- El número que se da al contador es el número de partida incrementado.

Tabla 8 Nombres de fichero

Prefijo	Contador	Nombre de fichero resultante
long	000001	long000001
longname	000001	longname000001
testwithalongna	1	testwithalongna1

### Utilización de una Convención de nombre para asignar nombre a ficheros de datos

Puede utilizar los siguientes tokens para crear los nombres de fichero de datos para cada línea de secuencia:

**Sample Name** La información que se ha codificado mediante un código de barras o se haya tecleado en el campo de **Sample Name**.

#### NOTA

El código de barras no estará visible en el nombre del fichero de datos. El código de barras se evalúa en el momento en el que la ruta del fichero de datos y el nombre ya se hayan resuelto.

**Sample Type** El tipo de la muestra: Muestra QC, calibración, muestra.

**Sample Location** El vial o pocillo de la placa donde se ubica la muestra.

**Method** El nombre del método usado para la línea de secuencia.

**Sequence Line** El número de línea actual de la secuencia ampliada.

**Replicate Number** El número de la inyección que procede de dicho vial.

**Date** El sello de fecha al inicio de la adquisición de la muestra.

**Time** El sello de tiempo al inicio de la adquisición de la muestra.

Si su instrumento permite diferentes ubicaciones de inyección (GC con inyector trasero y delantero, por ejemplo), puede proporcionar diferentes convenciones para cada ubicación. Por ejemplo, utilice un prefijo que indique la ubicación del inyector:

- *F*-<Línea de secuencia>-<Ubicación de la secuencia>-<Nombre de la muestra> para el inyector delantero, y
- *B*-<Línea de secuencia>-<Ubicación de la secuencia>-<Nombre de la muestra> para el inyector trasero.

## NOTA

Los nombres del fichero de datos no se resuelven hasta el inicio del análisis; por tanto, la tabla de secuencia no incluye ningún nombre de fichero de datos.

Los nombres del fichero de datos resueltos están limitados a 40 caracteres; los nombres del fichero más largos se truncan. Si un nombre del fichero resuelto no es único, se agrega un contador.

## Migración de conjuntos de resultados

ChemStation dispone de una herramienta que permite migrar datos sin formato de conjunto de resultados para darles formato de conjunto de resultados. Para realizar correctamente esta tarea, es necesario que el archivo de secuencia original siga estando disponible. Este archivo debe contener todas las líneas de secuencia necesarias y seguir el esquema de denominación del archivo de datos original para que sea posible reprocesar todos los archivos de datos de la secuencia. Además, deben estar disponibles todos los métodos de la columna Método de la tabla de secuencia.

Para realizar la migración, inicie la **Result Set Migration** en el menú **Sequence** de la vista **Data Analysis**.

No se admite Migración de conjuntos de resultados para los datos procedentes de secuencias que se hayan analizado como una serie de análisis de métodos individuales (consulte “[Modo de ejecución de secuencias](#)” en la página 113)

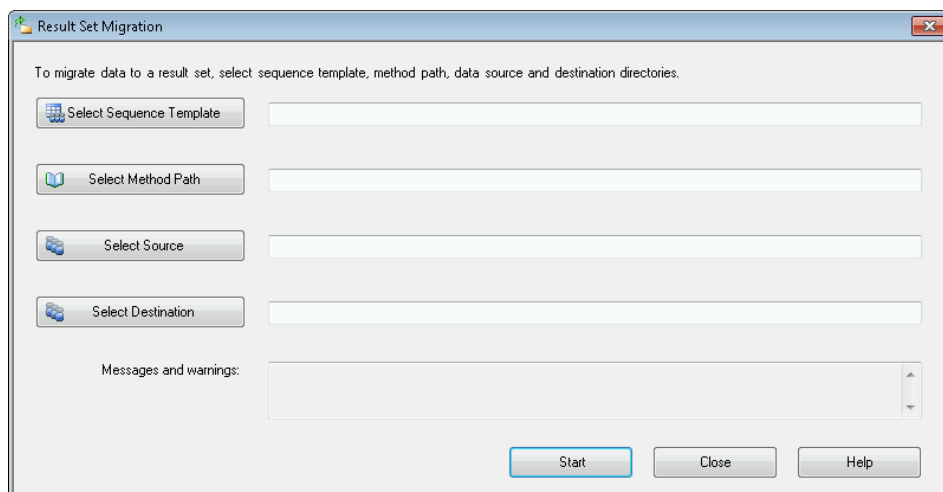


Figura 31 Migración de conjuntos de resultados

Rellene los siguientes campos obligatorios:

**Select Sequence Template:** seleccione el archivo de secuencia (\*.S) que contenga la tabla de secuencia que coincida con el conjunto de datos objeto de migración.

**Select Method Path:** seleccione el directorio que contenga los métodos y al que se haga referencia en la tabla de secuencia.

**Select Source:** seleccione el directorio que contenga los archivos de datos objeto de migración.

**Select Destination:** especifique la ruta y el nombre del conjunto de resultados que se va a crear. Puede seleccionar una carpeta existente o crear una nueva.

Una vez que se hayan rellenado todos los campos, podrá iniciarse la migración.

Se realizarán los pasos siguientes:

- Se creará el directorio del conjunto de resultados.
- Se copiará la plantilla de secuencia en el conjunto de resultados. Además, se convertirá a un estado en el que puedan reprocesarse los archivos de datos en la vista **Data Analysis**.
- Los métodos referenciados en la tabla de secuencia se copiarán desde la ruta de métodos especificada a la carpeta del conjunto de resultados.
- Se copiarán los archivos de datos, el libro de registro de secuencias y el archivo por lotes del directorio de origen de los datos en el directorio de destino.
- En función de la información que contenga la tabla de secuencia, se incluirá una copia del método correspondiente en cada archivo de datos como DA.M.

Una vez finalizada la migración del conjunto de resultados, aparecerá un mensaje para indicar que el proceso se ha realizado correctamente en el campo **Messages and warnings**. En caso contrario, un mensaje de advertencia indicará que se ha producido algún problema durante la migración. Podrá obtener más detalles sobre la advertencia haciendo doble clic en el mensaje de advertencia.

## Operación postsecuencia

Es posible especificar qué ocurre cuando se finaliza una secuencia en una ejecución normal o cuando se produce un error en ChemStation durante la operación de la secuencia. Para ello, hay que marcar la casilla de verificación **Post-Sequence command/macro** de la sección **Shutdown** de la ficha Parámetros de secuencia. Dispone de diferentes comandos integrados que están configurados para determinados tipos de instrumentos, que ofrecen posibilidades como las siguientes:

- Configurar el sistema en estado STANDBY, en el que todas las bombas, las lámparas, el termostato y el refrigerante de muestras están apagados.
- Configurar el sistema en estado LAMPOFF, en el que todas las lámparas están apagadas.
- Configurar el sistema en estado PUMPOFF, en el que todas las bombas están apagadas.
- Utilizar la macro SHUTDOWN o modificar SHUTDOWN.MAC para determinar una operación concreta.

Por ejemplo, si desea apagar el sistema tras finalizar una secuencia. La macro SHUTDOWN podría utilizarse también para configurar el flujo a cero o reducirlo lentamente. La macro SHUTDOWN sin modificar ejecutará el comando STANDBY.

Para obtener más información sobre los comandos integrados, busque "comandos" en el sistema de ayuda en línea de ChemStation.

En la sección **Shutdown** de la ficha Parámetros de secuencia, puede definir comandos o macros personalizados. Para obtener más información sobre los comandos personalizados y cómo configurarlos, consulte ["Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation"](#) en la página 27.

## Tiempo de espera para instrumento no listo (sólo LC y CE)

Esta opción de los parámetros de la secuencia es el tiempo que el sistema esperará hasta que un instrumento esté listo; pasado este tiempo, el sistema se apagará.

## Tiempo de espera (sólo LC y CE)

Es posible especificar un tiempo de espera que se ejecuta después de cargar el método y antes de inyectar con ese método. Esto puede resultar de utilidad para que la columna/capilar se reequilibre si se utilizan nuevas condiciones de análisis.

## Recalibración automática

La calibración se hace normalmente después de producirse un cambio en las condiciones de funcionamiento; por ejemplo, después de cambiar una columna o un capilar. La recalibración automática se hace normalmente al inicio de una secuencia de análisis o a intervalos regulares durante una secuencia como parte del programa para compensar los factores que afectan el rendimiento analítico.

Mientras se está realizando una recalibración, se actualiza la tabla de calibración con arreglo a los ajustes de método definidos. Los métodos recalibrados estarán disponibles dentro del conjunto de resultados. La tabla de calibración del método de la secuencia se actualiza durante ese proceso. Además, el método DA.M de los ficheros de datos individuales contiene la calibración actualizada que se utiliza para la generación de resultados.

Existen dos formas de especificar la recalibración automática de secuencias:

- Secuencias de calibración explícita.
- Secuencias de calibración cíclica.

También es posible actualizar la tabla de calibración de métodos maestros al analizar muestras individuales o series de muestras individuales.

## Especificación de recalibraciones

Los parámetros de recalibración de la secuencia se introducen directamente en la tabla de secuencia. Estos parámetros definen cómo se recalibra el método durante una secuencia.

### Recalibración de parámetros en la tabla de secuencia y en el cuadro de diálogo Información de la muestra

El factor de respuesta (RF) y los tiempos de retención (RT) y migración se pueden actualizar de diversas formas. El nivel de calibración, el factor de respuesta de actualización y los tiempos de retención y migración de actualización son parámetros utilizados en el análisis de datos a la hora de recalibrar la tabla de calibración.

Una vez que la calibración se introduzca en la columna Tipo de muestra de la tabla de muestras, las siguientes columnas se activarán y se podrán editar:

- Nivel calibr.
- Actualiz. RT
- Actualizar RF
- Intervalo

Los valores que se pueden introducir en cada una de esas columnas se especifican en la siguiente tabla.

**Tabla 9** Parámetros de recalibración de la tabla de secuencia

Nivel calibración	Actualizar RT	Actualizar RF	Intervalo
Nivel de la tabla de calibración nº (1-999)	No actualizar	No actualizar	Intervalo de recalibración cíclica nº (1-999)
	Promedio	Promedio	En blanco
	Sustituir	Sustituir	
		Agrupar	
		% Delta	

En la tabla se muestran las columnas de la tabla de secuencia que contienen los parámetros de recalibración, así como los valores que pueden introducirse. Al enviar un análisis de método individual o al modificar análisis de métodos individuales que estén pendientes en la cola de análisis, se pueden introducir los mismos parámetros en el cuadro de diálogo Información de la muestra.

No actualizar

No se modificarán el factor de respuesta ni el tiempo de retención o migración.

Sustituir

Sustituye los tiempos de retención o migración anteriores y la respuesta (áreas o alturas) por los del análisis en curso. La respuesta no se modificará para aquellos picos que no se detecten en el análisis de recalibración.

Promedio

Realiza un promedio de los tiempos de retención o migración y de las respuestas (áreas o alturas) de cada pico de acuerdo con la calibración original y con todas las recalibraciones promediadas desde entonces. Si algún pico no aparece en una de las recalibraciones, la respuesta promedio del pico no se verá afectada.

Agrupar

Las muestras se agruparán de acuerdo con las calibraciones anteriores y posteriores a las muestras. La evaluación se realizará cuando la última muestra de calibración del grupo que está finalizando se haya analizado. Los datos de calibración existentes se sustituirán por los resultados del análisis de calibración del grupo que esté comenzando. Las calibraciones del grupo que esté finalizando se promediarán de acuerdo con esa tabla de calibración.

Intervalo

El intervalo determina la frecuencia con la que la calibración se realiza durante una secuencia. La frecuencia de calibración se corresponde con el número de inyecciones de muestras que se tienen que hacer antes de que se lleve a cabo el siguiente conjunto de inyecciones de calibración. Al inicio del análisis se realizará una calibración y los resultados (factores de respuesta) se añadirán a la tabla de calibración. Dichos resultados se utilizarán en los posteriores cálculos cuantitativos. Una vez que se haya hecho el número de inyecciones especificado, se efectuará otra calibración y los resultados se añadirán a la tabla de calibración, sobrescribiendo los resultados del análisis de calibración anterior.

### Parámetro Delta%

El cálculo del parámetro Delta% permite comparar los factores de respuesta de un análisis con los factores de respuesta introducidos manualmente en una tabla de calibración. Acto seguido, el parámetro Delta% se aplicará a todos los picos calibrados de la tabla. Puede identificar varios patrones internos, cuyos factores de respuesta medidos se utilizarán posteriormente para calcular nuevos factores de respuesta para otros picos. Asimismo, puede identificar qué patrón interno debe utilizarse para calcular el parámetro Delta% para cada pico de la tabla de calibración.

## Tipos de secuencias

A la hora de preparar una secuencia, puede utilizar los siguientes tipos de secuencias:

- Secuencias de calibración explícitas
- Secuencias de calibración explícitas individuales
- Secuencias de calibración cíclicas multinivel
- Calibraciones explícitas y cíclicas combinadas en una secuencia
- Secuencias de calibración cíclicas con calibraciones agrupadas

### NOTA

Tras enviar la secuencia a la cola de análisis, todas las secuencias (incluidas aquellas con calibraciones agrupadas) se transformarán en secuencias de calibración explícitas. Consulte [“Ejecución de una secuencia”](#) en la página 101.

Durante el análisis, en la tabla de secuencia simplemente se mostrarán las inyecciones, análisis por análisis, según las vaya procesando el instrumento. Si añade una muestra durante el análisis, todas las muestras posteriores (incluidas las muestras de calibración) se desplazarán hacia abajo en la tabla de secuencia.

## Secuencias de calibración explícita

Este tipo de secuencia recalibra a intervalos definidos especificados por el usuario en la tabla de secuencia.

Para secuencias de calibración explícita, se introducen las muestras de calibración en la secuencia sin una entrada de intervalo en la tabla de secuencia. Se realiza una recalibración una vez para cada entrada de muestra de calibración de la tabla de secuencia.

## Secuencias de calibración cíclicas de un único nivel

Este tipo de secuencia utiliza el mismo vial, es decir, la muestra de calibración a intervalos regulares de la secuencia.

La entrada de intervalos de la tabla de secuencias determina cómo se va a realizar la recalibración. Por ejemplo, un valor 2 de intervalo recalibrará cada dos viales de muestra en la secuencia.

## Secuencias de calibración cíclicas multinivel

Este tipo de secuencia utiliza muestras de calibración diferentes para recalibrar un método calibrado multinivel.

El ejemplo siguiente describe una secuencia de dos métodos, que comprende el método A y el método B, para analizar dos grupos de muestras. Los dos métodos son de calibración multinivel que se recalibrarán automáticamente en los intervalos definidos.

Para cada método la Sequence Table tiene tres entradas:

- Dos niveles de calibración:
  - Líneas de secuencia 1 y 2 en el método A.
  - Líneas de secuencia 8 y 9 en el método B.
- Cinco entradas para las muestras:
  - Líneas de secuencia 3 a 7 en el método A.
  - Líneas de secuencia 10 a 14 en el método B.

Las calibraciones se especifican a intervalos regulares con la entrada del intervalo de recalibración de la Sequence Recalibration Table.

- El método A recalibrará cada dos muestras.
- El método B recalibrará cada tres muestras.

La siguiente Sequence Table se ha truncado para simplificar el ejemplo.

**Tabla 10** Tabla de secuencia para el método A y el método B

Línea	Ubicación de la muestra	Nombre del método	Iny./ubic.	Tipo de muestra	Nivel calibr.	Actualiz. RF	Actualiz. RT	Intervalo calibr.
1	1	Método A	1	Calibración	1	Promedio	No actualizar	2
2	2	Método A	1	Calibración	2	Promedio	No actualizar	2
3	10	Método A	1					
4	11	Método A	1					
5	12	Método A	1					
6	13	Método A	1					
7	14	Método A	1					
8	3	Método B	1	Calibración	1	Promedio	No actualizar	3
9	5	Método B	2	Calibración	2	Promedio	No actualizar	3
10	20	Método B	1					
11	21	Método B	1					
12	22	Método B	1					
13	23	Método B	1					
14	24	Método B	1					

### Orden de análisis del método A

El método A es la primera parte de la secuencia de dos métodos.

Tabla 11 Orden de análisis del método A

Nº iny.	Método	Vial	Operación
1	Método A	1	Nivel de calibración 1 e informe
2	Método A	2	Nivel de calibración 2 e informe
3	Método A	10	Análisis de muestras e informe
4	Método A	11	Análisis de muestras e informe
5	Método A	1	Nivel de calibración 1 e informe
6	Método A	2	Nivel de calibración 2 e informe
7	Método A	12	Análisis de muestras e informe
8	Método A	13	Análisis de muestras e informe
9	Método A	1	Nivel de calibración 1 e informe
10	Método A	2	Nivel de calibración 2 e informe
11	Método A	14	Análisis de muestras e informe

### Orden de análisis del método B

El método B es la segunda parte de la secuencia de dos métodos. El método B se diferencia del método A en que hay dos inyecciones por vial para el nivel de calibración 2. La entrada de intervalo está en 3.

**Tabla 12 Orden de análisis del método B**

Nº iny.	Método	Vial	Operación
12	Método B	3	Nivel de calibración 1 e informe
13	Método B	5	Nivel de calibración 2 e informe
14	Método B	5	Nivel de calibración 2 e informe
15	Método B	20	Análisis de muestras e informe
16	Método B	21	Análisis de muestras e informe
17	Método B	22	Análisis de muestras e informe
18	Método B	3	Nivel de calibración 1 e informe
19	Método B	5	Nivel de calibración 2 e informe
20	Método B	5	Nivel de calibración 2 e informe
21	Método B	23	Análisis de muestras e informe
22	Método B	24	Análisis de muestras e informe

Los resultados que se muestran en la [Tabla 11](#) en la página 129 y la [Tabla 12](#) en la página 130 pueden obtenerse utilizando la opción Preview en la tabla de secuencia.

## Calibraciones explícitas y cíclicas juntas

Este tipo de secuencia comprende las calibraciones explícitas y cíclicas en la misma secuencia.

Esta función permite recalibrar el método completamente al principio de una secuencia (*recalibración explícita*) y actualizar entonces la calibración (*recalibración cíclica*) durante la secuencia.

- Hay que especificar dos líneas de calibración para cada nivel de calibración en la tabla de secuencia. Una línea de calibración es para la entrada de recalibración explícita y la otra es para la entrada de recalibración cíclica.
- La tabla de secuencia *debe* tener entradas para cada línea de calibración y todos los viales de recalibración cíclica *deben* aparecer antes de la recalibración explícita y las entradas de muestra.

### Ejemplo

La siguiente tabla de secuencia ilustra un método calibrado de un único nivel llamado SimpReg. La tabla está truncada para simplificar el ejemplo.

Tabla 13 Tabla de secuencia para el método SimpReg

Línea	Ubicación de la muestra	Nombre del método	Iny./ubic.	Tipo de muestra	Nivel calibr.	Actualiz. RF	Actualiz. RT	Intervalo calibr.
1	1	SimpReg	1	Calibración	1	Promedio	Promedio	3
2	1	SimpReg	1	Calibración	1	Sustituir	Sustituir	
3	2	SimpReg	1					
4	3	SimpReg	1					
5	4	SimpReg	1					
6	5	SimpReg	1					
7	6	SimpReg	1					

Hay dos entradas para el nivel único de calibración.

- La primera línea de calibración es para el mismo nivel, aunque promedia los parámetros de calibración. La entrada del intervalo especifica que la recalibración se realiza cada tres muestras.
- La segunda entrada sustituye todos los parámetros de recalibración; es decir, se realiza una recalibración completa. *No* tiene intervalo de recalibración.

**Tabla de secuencia**

La tabla de secuencia contiene siete líneas. La primera línea especifica la muestra de recalibración cíclica. La segunda línea especifica la recalibración explícita que se realiza solamente una vez, al principio de la secuencia. Las líneas de la tercera a la séptima especifican las muestras que hay que analizar.

El orden de las entradas en la tabla de secuencia es muy importante. Todas las entradas del vial de recalibración cíclica que especifican la calibración cíclica *deben* aparecer *antes* que las entradas de muestras o de recalibraciones explícitas para el método.

**Orden de análisis SimpReg**

La tabla siguiente describe el orden de análisis para el método SimpReg.

**Tabla 14** Orden de análisis SimpReg

Línea sec.	Nº iny.	Método	Vial	Operación
2	1	SimpReg	1	Calibración simple
1	2	SimpReg	1	Calibración regular
3	3	SimpReg	2	Análisis de muestras
3	4	SimpReg	3	Análisis de muestras
4	5	SimpReg	4	Análisis de muestras
5	6	SimpReg	1	Calibración regular
6	7	SimpReg	5	Análisis de muestras
7	8	SimpReg	6	Análisis de muestras

## Secuencias de calibración cíclica con agrupamiento

En una secuencia calibrada cíclica con agrupamiento, la tabla de calibración utilizada para calcular resultados cuantitativos desconocidos se genera haciendo el promedio de resultados calibrados ahora con los de la calibración anterior. La tabla de calibración nueva es una representación más exacta de la respuesta del instrumento en el momento de analizar la muestra.

### Ejemplo

Considere la situación siguiente:

- La respuesta del instrumento deriva.
- Se especifican tres inyecciones con idéntica mezcla de dos componentes.
- Dos inyecciones están especificadas como muestras de calibración, y la tercera como una muestra.
- La primera y la tercera son ejemplos de calibración.
- La segunda inyección es una muestra.

Para obtener un resultado cuantitativo preciso para la inyección dos (la muestra), deben interpolarse las dos muestras de calibración (consulte la figura). El proceso se conoce como agrupamiento.

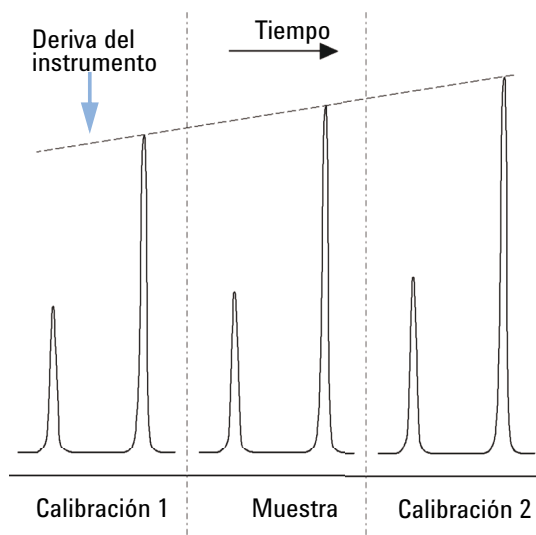


Figura 32 Agrupamiento

### Operación de secuencia agrupada

- Se analizan los viales de la primera calibración.
- Se analizan los viales de muestra.
- Se analizan los viales de la siguiente calibración.
- Se crea la tabla de calibración reemplazando los factores de la respuesta existente por otros nuevos y realizando el promedio de los análisis de calibración siguientes en una tabla de calibración nueva.
- Se evalúan los ficheros de datos del vial de la muestra y se generan informes.
- Si hay más viales de muestras que analizar, la secuencia vuelve al paso 2.

### Ejemplo

En esta sección se describe un ejemplo de secuencia con agrupamiento (bracketing) que comprende un método llamado Brack.M. El método Brack.M es un método con estándar interno de dos niveles que utiliza calibración cíclica.

#### Tabla de secuencia

La tabla de secuencia de Brack.M (página siguiente) se ha truncado para simplificar el ejemplo. Consta de siete líneas. Las dos primeras líneas definen las condiciones de recalibración para cada nivel. Las líneas restantes corresponden a las muestras que hay que analizar.

Más concretamente, la tabla de secuencia del método Brack.M tiene:

- Una entrada Bracket en la columna Update Response Factor que especifica el agrupamiento de muestras con las muestras de calibración.
- Una entrada Replace en la columna Update Retention/Migration Times que especifica una sustitución de los tiempos de retención/migración.
- Una entrada de 3 en la columna Recalib Interval que especifica la recalibración cada tres muestras.

Tabla 15 Tabla de secuencia para el método Brack.M

Línea	Ubicación de la muestra	Nombre del método	Iny./ubic.	Tipo de muestra	Nivel calibr.	Actualiz. RF	Actualiz. RT	Intervalo calibr.
1	1	BRACK-M	2	Calibración	1	Agrupar	Sustituir	3
2	2	BRACK-M	2	Calibración	2	Agrupar	Sustituir	3
3	10	BRACK-M	1					
4	11	BRACK-M	1					
5	12	BRACK-M	1					

**Tabla 15** Tabla de secuencia para el método Brack.M

Línea	Ubicación de la muestra	Nombre del método	Iny./ubic.	Tipo de muestra	Nivel calibr.	Actualiz. RF	Actualiz. RT	Intervalo calibr.
6	13	BRACK-M	1					
7	14	BRACK-M	1					

```

-----
Run  Method  Vial Inj  DataFile  Lvl  Upd  Upd  Operation
No.  Name      No.  No.  Name      No.  RF   Ret
-----
  1  Brack.M   1    1    c1-03001.d  1    R    R    Report for Calibration Run No.1
  2  Brack.M   1    2    c1-03002.d  1    A    R    Report for Calibration Run No.2
  3  Brack.M   2    1    c2-03001.d  2    R    R    Report for Calibration Run No.3
  4  Brack.M   2    2    c2-03002.d  2    A    R    Report for Calibration Run No.4
                                     Print Calibration Table
  5  Brack.M  10    1    010-0301.d
  6  Brack.M  11    1    011-0301.d
  7  Brack.M  12    1    012-0301.d
  8  Brack.M   1    1    c1-03003.d  1    A    R    Calibration Analysis, no report
  9  Brack.M   1    2    c1-03004.d  1    A    R    Calibration Analysis, no report
 10  Brack.M   2    1    c2-03003.d  2    A    R    Calibration Analysis, no report
 11  Brack.M   2    2    c2-03004.d  2    A    R    Calibration Analysis, no report
                                     Print Calibration Table
                                     010-0301.d
                                     Report for Sample Run No.5
                                     011-0301.d
                                     Report for Sample Run No.6
                                     012-0301.d
                                     Report for Sample Run No.7
                                     c1-03003.d  1    R
                                     Report for Calibration Run No.8
                                     c1-03004.d  1    A
                                     Report for Calibration Run No.9
                                     c2-03003.d  2    R
                                     Report for Calibration Run No.10
                                     c2-03004.d  2    A
                                     Report for Calibration Run No.11
 12  Brack.M  13    1    013-0301.d
                                     Sample Analysis, no report
 13  Brack.M  14    1    014-0301.d
                                     Sample Analysis, no report
 14  Brack.M   1    1    c1-03005.d  1    A    R    Calibration Analysis, no report
 15  Brack.M   1    2    c1-03006.d  1    A    R    Calibration Analysis, no report
 16  Brack.M   2    1    c2-03005.d  2    A    R    Calibration Analysis, no report
 17  Brack.M   2    2    c2-03006.d  2    A    R    Calibration Analysis, no report
                                     Print Calibration Table
                                     013-0301.d
                                     Report for Sample Run No.12
                                     014-0301.d
                                     Report for Sample Run No.13
                                     c1-03005.d  1    R
                                     Report for Calibration Run No.14
                                     c1-03006.d  1    A
                                     Report for Calibration Run No.15
                                     c2-03005.d  2    R
                                     Report for Calibration Run No.16
                                     c2-03006.d  2    A
                                     Report for Calibration Run No.17
-----

```

Where A = average  
R = replace

**Figura 33** Orden de análisis de la secuencia agrupada

## Secuencias de recalibración cíclica con múltiples viales que contienen la misma dilución de un estándar

### Secuencia de recalibración cíclica con uso del vial de calibración "Round-Robin"

Cuando analiza una secuencia larga que realiza recalibraciones cíclicas, es decir, realiza una recalibración automática cada cierto número fijado de inyecciones de muestra, existe el riesgo potencial de vaciar el volumen del vial de calibración durante el proceso de la secuencia. La tabla de secuencia de ChemStation proporciona una manera de utilizar una serie de viales que contienen la misma dilución de un estándar que debe utilizarse en un modelo "round-robin".

Con esta funcionalidad, pueden definirse secuencias largas con calibraciones automáticas a intervalos fijos utilizando múltiples viales de calibración para cada nivel y consumiendo de cada vial de calibración la misma proporción.

Si se define un número apropiado de viales de calibración; es posible incluso garantizar que cada vial de calibración se utilice una sola vez. Esto es importante en aquellos casos en los que se requiere un vial de calibración fresco para cada recalibración, por ejemplo, porque el analito se evapora cuando se pincha el septum o comienza a degradarse cuando entra en contacto con la aguja de acero. En la sección siguiente se describe cómo debe definirse la tabla de secuencia de ChemStation para cumplir estos requisitos.

Determine el número total de viales de calibración para cada nivel basándose en el uso estimado de calibrante a lo largo de toda la secuencia.

Configure una línea de recalibración cíclica distinta para cada vial de calibración. Las líneas definidas en el mismo nivel de calibración deben estar en líneas de secuencia adyacentes, y las posiciones de los viales definidas deben ser también adyacentes. Seleccione el mismo intervalo de recalibración para todas las líneas de calibración. Por ejemplo, si tiene que recalibrar la secuencia cada seis inyecciones de muestras, configure el intervalo de recalibración a 6.

**Tabla 16** Secuencia de recalibración cíclica con 3 viales definidos para cada nivel

Vial nº	Nombre de la muestra	Tipo de muestra	Nombre del método	Nº de iny.	Nvl	Act. RT	Act. RF	Intervalo
1	Cal1a	Calib.	Método A	1	1	Prom.	Prom.	6
2	Cal1b	Calib.	Método A	1	1	Prom.	Prom.	6
3	Cal1c	Calib.	Método A	1	1	Prom.	Prom.	6
5	Cal2a	Calib.	Método A	1	2	Prom.	Prom.	6
6	Cal2b	Calib.	Método A	1	2	Prom.	Prom.	6
7	Cal2c	Calib.	Método A	1	2	Prom.	Prom.	6
10	Muestra10	Muestra	Método A	6				
11	Muestra11	Muestra	Método A	6				
12	Muestra12	Muestra	Método A	6				
13	Muestra13	Muestra	Método A	6				
14	Muestra14	Muestra	Método A	6				

El orden de ejecución es:

- Vial 1 (Cal1a)
- Vial 5 (Cal2a)
- 6 inyecciones del vial 10 (Muestra10)
- Vial 2 (Cal1b)
- Vial 6 (Cal2b)
- 6 inyecciones del vial 11 (Muestra11)
- Vial 3 (Cal1c)
- Vial 7 (Cal2c)
- 6 inyecciones del vial 12 (Muestra12)
- Vial 1 (Cal1a)
- Vial 5 (Cal2a)
- 6 inyecciones del vial 13 (Muestra13)
- Vial 2 (Cal1b)
- Vial 6 (Cal2b)
- etc.

### Recalibraciones cíclicas en las que cada calibración utiliza un vial diferente

Para garantizar que cada vial de calibración se inyecta una sola vez, la secuencia debe definir un número suficiente de viales de calibración diferentes, de forma que el orden "round-robin" descrito en el ejemplo anterior no se aplique. Por ejemplo, si la secuencia procesa 80 viales de muestra con recalibraciones requeridas cada 10 muestras, la tabla de secuencia debe contener  $80/10 + 1 = 9$  líneas de calibración en cada nivel.

Como en el ejemplo anterior, las líneas de calibración deben ser líneas de secuencia adyacentes que informan de posiciones de viales adyacentes.

### Secuencia de agrupamiento que utiliza viales diferentes para grupo de apertura y cierre

La misma funcionalidad está disponible para las secuencias de agrupamiento. Al definir el rango de viales de calibración aproximado, puede definirse una secuencia de agrupamiento de forma que los distintos viales de calibración se utilicen para los grupos de apertura y cierre. En este caso también las líneas de calibración en la secuencia deben ser adyacentes como las posiciones de los viales de calibración.

La utilización del agrupamiento de viales de calibración en modo "round-robin" o para una sola inyección sólo depende del número total de viales de calibración para cada nivel y el número de recalibraciones necesarias para la secuencia.

El siguiente ejemplo define 3 inyecciones de muestra que se agrupan por calibración. El grupo de apertura utiliza un vial de calibración diferente que el grupo de cierre. Se requieren recalibraciones tras cada inyección de muestra, de forma que el intervalo de recalibración sea 1. El número de líneas de calibración por nivel es el número de muestras más una.

Tabla 17 Viales diferentes para los grupos de apertura y cierre

Vial nº	Nombre de la muestra	Tipo de muestra	Nombre del método	Nº de iny.	Nvl	Act. RT	Act. RF	Intervalo
1	Cal1a	Calib.	Método A	1	1	Grp	Grp	1
2	Cal1b	Calib.	Método A	1	1	Grp	Grp	1
3	Cal1c	Calib.	Método A	1	1	Grp	Grp	1
4	Cal1d	Calib.	Método A	1	1	Grp	Grp	1
10	Muestra10	Muestra	Método A	1				

**Tabla 17** Viales diferentes para los grupos de apertura y cierre

Vial nº	Nombre de la muestra	Tipo de muestra	Nombre del método	Nº de iny.	Nvl	Act. RT	Act. RF	Intervalo
11	Muestra11	Muestra	Método A	1				
12	Muestra12	Muestra	Método A	1				

El orden de ejecución de esta secuencia es:

- Vial 1 (Cal1a), grupo de apertura 1
- Vial 10 (Sample10)
- Vial 2 (Cal1b), grupo de cierre 1 y grupo de apertura 2
- Vial 11 (Muestra11)
- Vial 3 (Cal1c), grupo de cierre 2 y grupo de apertura 3
- Vial 12 (Muestra12)
- Vial 4 (Cal1d), grupo de apertura 3

## 5 Control del análisis

Acerca de la cola de análisis	141
Uso de la Cola de análisis	143
Muestras individuales y secuencias en la cola de análisis	144
Pausas en Run Queue	145
Comandos en la Cola de análisis	146
Usar Queue Planner	147
Planificación de comandos	148
Planificación de un evento	149
Modo de funcionamiento del planificador	150

En este capítulo se explican los conceptos Cola de análisis y Planificador de colas. Se explica cómo añadir muestras individuales, secuencias, pausas o comandos a la Cola de análisis. También se describe el Planificador de colas, que permite planificar eventos que faciliten el trabajo cotidiano en el laboratorio.

## Acerca de la cola de análisis

La cola de análisis es muy útil si es necesario analizar numerosas muestras (individuales o secuencias) para un instrumento en un breve plazo de tiempo. Todas las muestras individuales o secuencias creadas para el instrumento se muestran en la ficha Cola de análisis. Puede añadir pausas o personalizar comandos de instrumentos en la cola (para ver ejemplos sobre comandos de control instrumental incorporados, consulte [“Operación postsecuencia”](#) en la página 120). De este modo, puede automatizar tareas que consumen mucho tiempo, como trabajos durante la noche o fin de semana.

Mientras el instrumento está procesando la carga de trabajo que se muestra en la ficha **Run Queue**, todavía puede modificar la carga de trabajo, como:

- Cambiar la posición de los artículos en cola o añadir una pausa (consulte [“Pausas en Run Queue”](#) en la página 145).
- Añadir una serie de muestras individuales y secuencias a la cola (consulte [“Muestras individuales y secuencias en la cola de análisis”](#) en la página 144).
- Editar un artículo ya existente en la Cola de análisis (consulte [“Para editar un elemento existente en la Cola de análisis”](#) en la página 145).
- Analizar una muestra individual o una secuencia de muestras inmediatamente (consulte [“Analizar una muestra individual o una secuencia”](#) en la página 145).
- Añadir un comando integrado o personalizado, por ejemplo, para apagar el sistema una vez finalizado el análisis (consulte [“Comandos en la Cola de análisis”](#) en la página 146).
- Añadir un Plan de cola con un conjunto predefinido de secuencias creado con el **Queue Planner** (consulte [“Añadir un plan de colas con un conjunto predefinido de secuencias”](#) en la página 147).

La barra de estado de ChemStation muestra el estado de la Cola de análisis, que se puede **Resumed**, **Paused** o **Blocked** (si el método o la secuencia tiene cambios sin guardar que se sobrescribirían si fuera a comenzar el análisis).

El **History Queue** de la ficha Cola de análisis le muestra qué análisis ya se han ejecutado en el instrumento actual.

Cola de análisis y Queue Planner solo están disponibles en las sesiones en línea de ChemStation en la vista **Method and Run Control**.

Dado que la Cola de análisis permite trabajos a largo plazo, es muy probable que dicha sesión sea asumida por otros usuarios en el mismo instrumento mientras se procesa la cola de análisis. Los usuarios individuales que asuman la sesión se anotarán en el informe. El informe muestra al **Acquisition Operator** que ha iniciado sesión como usuario actual y al **Sample Operator** que ha enviado la muestra individual o la secuencia a la cola de análisis.

## Uso de la Cola de análisis

La cola de análisis está disponible tanto desde la ficha **Instrument Control** como desde la ficha **Run Queue**. En la ficha Control instrumental, puede mostrar u ocultar la Cola de análisis mediante el comando **View > Run Queue**.

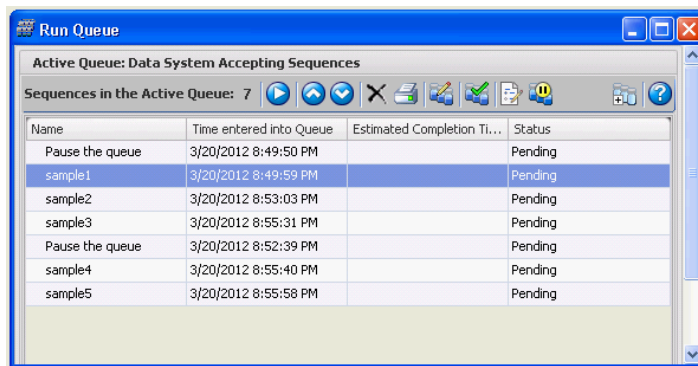



Figura 34 Cuadro de diálogo Run Queue

Se puede agregar un elemento al principio o al final de la cola. Siempre que los elementos de la cola estén en estado pendiente, se pueden cambiar el orden de ejecución y las propiedades de un elemento. Dependiendo de las **Active Queue**

**Options** , el primer elemento de la cola se iniciará cuando el sistema de datos esté listo o cuando reanude la cola.

La Cola de análisis admite muestras individuales, plantillas Easy Sequence y secuencias clásicas de ChemStation. Los únicos elementos que no pueden agregarse a la Cola de análisis son secuencias parciales, muestras con prioridad y análisis que se inicien directamente desde el instrumento.

Para obtener más información sobre las secuencias Easy Sequence, consulte el sistema de ayuda en línea. En el sistema de ayuda en línea hay tutoriales acerca de la **Easy Sequence Setup**.

## Muestras individuales y secuencias en la cola de análisis

Para añadir una muestra individual a la cola

- 1 Seleccione **RunControl > Queue Method...**
- 2 En el cuadro de diálogo **Queue Method**, edite los parámetros de la muestra.
- 3 Añada la muestra a la cola.

El primer elemento añadido a la cola se inicia cuando está listo el sistema de datos, salvo que la cola solicite una pausa.

Para poner en cola una secuencia o una serie de muestras individuales

- 1 Seleccione **RunControl > Queue Sequence...**
- 2 Seleccione una plantilla de secuencias clásicas de ChemStation o una plantilla Easy Sequence (Secuencia sencilla).
- 3 Edite o consulte la tabla de secuencia y los parámetros de la secuencia. Es posible modificar la tabla de secuencia y los parámetros de la secuencia sin cambiar la secuencia cargada en ese momento.
- 4 Guarde la configuración. En el cuadro de diálogo **Finish Queue Sequence**, puede elegir si desea añadir la secuencia a la cola o guardarla como una nueva plantilla de secuencia. En función de la configuración de preferencias (consulte "[Modo de ejecución de secuencias](#)" en la página 113), también puede enviar las secuencias como serie de análisis de métodos individuales.


El diálogo **Finish Queue Sequence** contiene también la casilla de verificación **Delete temporary Sequence Template after completion**. ChemStation mantiene siempre una copia de la plantilla de secuencia en cola en un directorio temporal. Esa plantilla de secuencia temporal se utilizará para ejecutar la secuencia desde la cola. Puesto que la misma secuencia se puede poner varias veces en la cola utilizando distintos parámetros, ChemStation necesita una copia separada de cada elemento puesto en cola. Dependiendo del estado de la casilla de verificación, esa plantilla de secuencia temporal se mantendrá o se borrará cuando la cola prosiga con el elemento siguiente.

La casilla de verificación **Delete temporary Sequence Template after completion** está activada como opción predeterminada. Toda la información necesaria para el reprocesamiento está ya disponible en el conjunto de resultados; por lo tanto, no es necesario guardar una copia de la plantilla de secuencia temporal. No obstante, si se activa la casilla de verificación, se guarda una copia como opción predeterminada en **C:\Users\Public\Documents\ChemStation\<instrument>\TEMP\AESEQ**.

Para editar un elemento existente en la Cola de análisis

Puede editar un elemento ya existente de la cola de análisis, por ejemplo, puede asignar una posición de vial diferente a la muestra individual o a las muestras de la secuencia o bien asignar un método diferente con otros parámetros.

1 En la Cola de análisis, seleccione la muestra individual o la secuencia que desea editar.

2 En la barra de herramientas de la cola de análisis, seleccione  **Edit Selection...**

Dependiendo de si edita una muestra individual o una secuencia, se abrirá el cuadro de diálogo **Queue Method** o **Sequence Table**.

3 Edite los parámetros y confirme sus entradas.

Sus ajustes se aplicarán al artículo en la cola de análisis.

Analizar una muestra individual o una secuencia

Para analizar una muestra individual o una secuencia de manera inmediata, seleccione el comando **RunControl > Run Method** o **RunControl > Run Sequence**.

La muestra o secuencia individual primero se añade a la cola de análisis y después se inicia de inmediato.

Si la cola de análisis se encuentra pausada, se activará automáticamente para que el elemento se analice inmediatamente. El instrumento vuelve al estado de pausa cuando finalice el análisis.

## Pausas en Run Queue

Para programar una pausa en la cola, haga clic en **Add Pause to Queue** en la barra de herramientas de Run Queue. En esas pausas, ChemStation muestra un mensaje personalizable y espera por la confirmación del usuario.

## Comandos en la Cola de análisis

Para añadir comandos integrados o personalizados a la Cola de análisis, use el menú **Run Control > Queue Command...** También puede configurar un comando personalizado en **Active Queue Options** que se ejecutará cuando el instrumento se encuentre inactivo.

Todos los comandos asignados al instrumento en cuestión aparecerán en la lista desplegable. Seleccione un comando de la lista o configure su propio comando. Para poder configurar comandos personalizados, debe disponer del privilegio **Command Line**.

Para obtener más información sobre dónde puede usar comandos, consulte ["Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation"](#) en la página 27.

## Usar Queue Planner

Con el Planificador de colas, puede preparar un conjunto ordenado de secuencias (plantillas de secuencia de ChemStation (\*.s) o plantillas Easy Sequence (\*.es)), pausas o comandos. Todo el plan de colas Queue Plan se puede agregar al principio o al final de Run Queue.

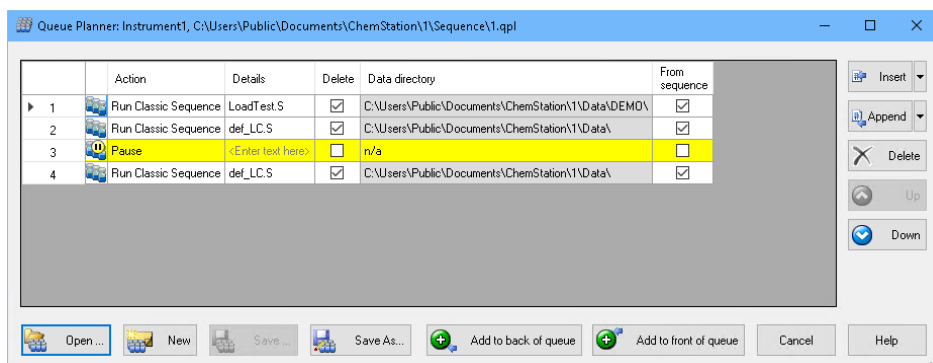


Figura 35 Planificador de colas

Añadir un plan de colas con un conjunto predefinido de secuencias

Con el Planificador de colas, puede crear planes de colas para las secuencias que deba analizar e incluir pausas y comandos personalizados donde desee. Para preparar un plan de cola:

- 1 Seleccione el comando **RunControl > Queue Planner...**
- 2 Prepare el plan de cola e inserte secuencias.
- 3 Al igual que en la cola de análisis, puede añadir una pausa y facilitar un mensaje personalizado en la columna **Details**. Cuando la cola llega a la pausa, ChemStation se detiene y muestra el mensaje facilitado. Un usuario debe confirmar el mensaje antes de que la cola pueda reanudarse.
- 4 Guarde el plan de cola. El plan de cola se guarda como fichero \*.qpl.
- 5 En el momento que desee analizar el plan de cola, abra el planificador de colas, cargue el plan de cola y añádalo a la cola de análisis

Para obtener más información sobre la interfaz de usuario, consulte el sistema de ayuda en línea.

## Planificación de comandos

Puede utilizar el Planificador de comandos para configurar ChemStation para que ejecute automáticamente comandos conforme a eventos en función del tiempo; por ejemplo, para:

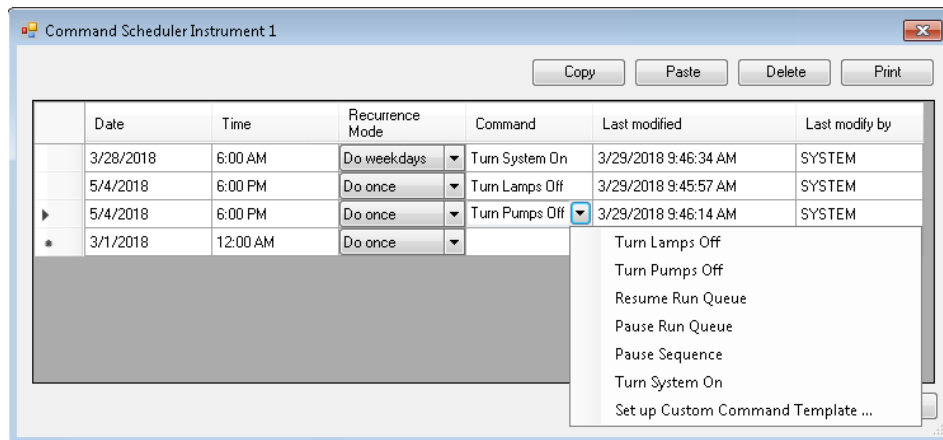
- encender el sistema;
- reanudar una cola pausada para preparar un instrumento para la jornada de trabajo;
- ejecutar una sintonización automática de un sistema MS;
- ajustar la compensación del detector;
- cargar un método o una secuencia; o,
- iniciar una secuencia o la Cola de análisis.

El Planificador de comandos le permite programar una fecha y una hora específicas para estos eventos, así como establecer una determinada frecuencia. En concreto, el sistema admite las frecuencias siguientes:

- Una vez.
- Una vez al día.
- En los días laborables.
- Una vez a la semana (siempre el mismo día).
- Una vez al mes (siempre el mismo día).

## Planificación de un evento

Los eventos se programan en la interfaz del Planificador de comandos. En la tabla, debe especificar el comando y la fecha, la hora y la frecuencia correspondientes.



El campo **Command** incluye una lista desplegable con los comandos integrados. Esta lista de comandos se puede ampliar con comandos definidos por el usuario. Para poder configurar plantillas de comandos personalizados, debe disponer del privilegio **Command Line**. Para obtener más información, consulte ["Uso de comandos o macros personalizados en ChemStation"](#) en la página 27. Los usuarios que no dispongan de ese privilegio únicamente podrán seleccionar comandos de la lista desplegable.

Para obtener más información sobre los comandos integrados y las macros, busque "comandos" y "macros" en el sistema de ayuda en línea de ChemStation.

## Modo de funcionamiento del planificador

El planificador efectúa un barrido en busca de comandos cada minuto. Las macros ejecutadas aparecen en el libro de registro del instrumento y en el registro de actividad de OpenLab. Las tareas que se hayan ejecutado más de dos semanas antes y cuya frecuencia sea **Do once** se borrarán automáticamente.

La ejecución de las tareas podría retrasarse si ChemStation está ocupado en el momento planificado. En ese caso, se ejecutarán cuando ChemStation esté listo. Un requisito previo para la ejecución de las tareas periódicas es que el instrumento esté funcionando.

### NOTA

Las tareas son específicas de cada instrumento y estarán asociadas al nombre del instrumento en cuestión. Si modifica el nombre del instrumento, todas las tareas planificadas para ese instrumento se eliminarán.

## 6

# Conceptos de análisis y revisión de datos

Análisis de datos	152
Configuración de la tabla de navegación	154
Modos del análisis de datos	154
Modo de recálculo	155
Modo de últimos resultados	157
Modo Reprocessing	158
Actualización de métodos	163
Visor de informes para análisis de datos	163
Revisión por lotes	167
Review	172
Requisitos de Intelligent Reporting	172
Selección de ficheros de datos	173
Selección de la plantilla de informes	174
Previsualización de informes	174
Flujos de trabajo de revisión posibles	174

Puede analizar y revisar los datos con ChemStation. En este capítulo se resumen las opciones de análisis y revisión de datos de ChemStation.

## Análisis de datos

Una vez adquiridos los datos, pueden analizarse en la vista **ChemStation Data Analysis**. Al seleccionar la ficha **Data** del explorador de ChemStation, se pueden cargar todos los análisis de una secuencia o todos los análisis individuales en una carpeta específica haciendo doble clic en el símbolo correspondiente. El conjunto de datos correspondiente aparecerá en la tabla de navegación.

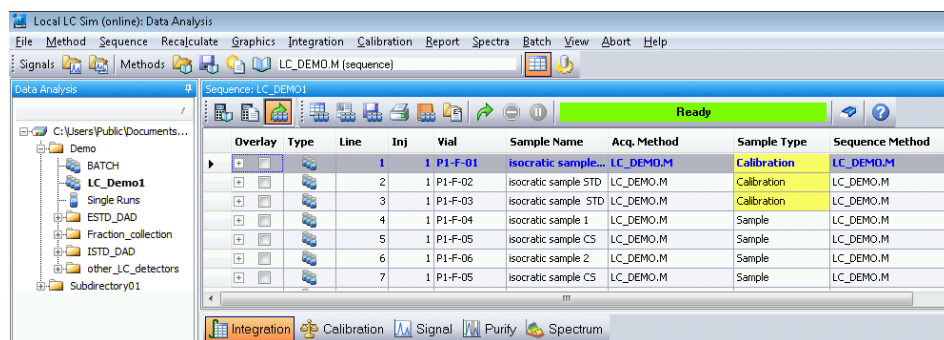


Figura 36 Carga de una secuencia desde el explorador de ChemStation en la tabla de navegación

En el área principal de la tabla de navegación aparecerá una lista con todos los análisis del conjunto. Para cargar un análisis en la memoria de ChemStation, haga doble clic en la línea pertinente de la tabla de navegación. Además, si hace clic con el botón secundario del ratón en un análisis aparecerán diversas opciones; por ejemplo, cargar o superponer señales específicas del archivo, exportar datos o ver los parámetros del método de adquisición.

Los *análisis de la secuencia* se cargan siempre (en el modo de reprocesamiento) con el método de secuencia que se haya utilizado durante la adquisición o el reprocesamiento. El nombre de este método se muestra en la barra de herramientas, así como en la columna **Sequence Method** de la tabla de navegación. El nombre del método de adquisición se muestra en la columna **Acq Method**.

Los *análisis individuales* se cargan junto con el método de análisis asociado. El nombre de dicho método se muestra en el campo **Analysis Method** de la tabla de navegación y en los detalles del análisis. Si el método no está disponible en la ruta original, aparece un mensaje de error.

El nombre del método de adquisición se muestra en la columna **Acq Method**.

ChemStation permite especificar acciones predeterminadas que se realizarán automáticamente al cargar un archivo de datos desde la tabla de navegación.

Entre ellas se incluyen tareas de análisis de datos como la integración del cromatograma directamente después de la carga, la visualización de un informe para cada inyección individual o la integración y la impresión en un solo paso (consulte la figura siguiente).

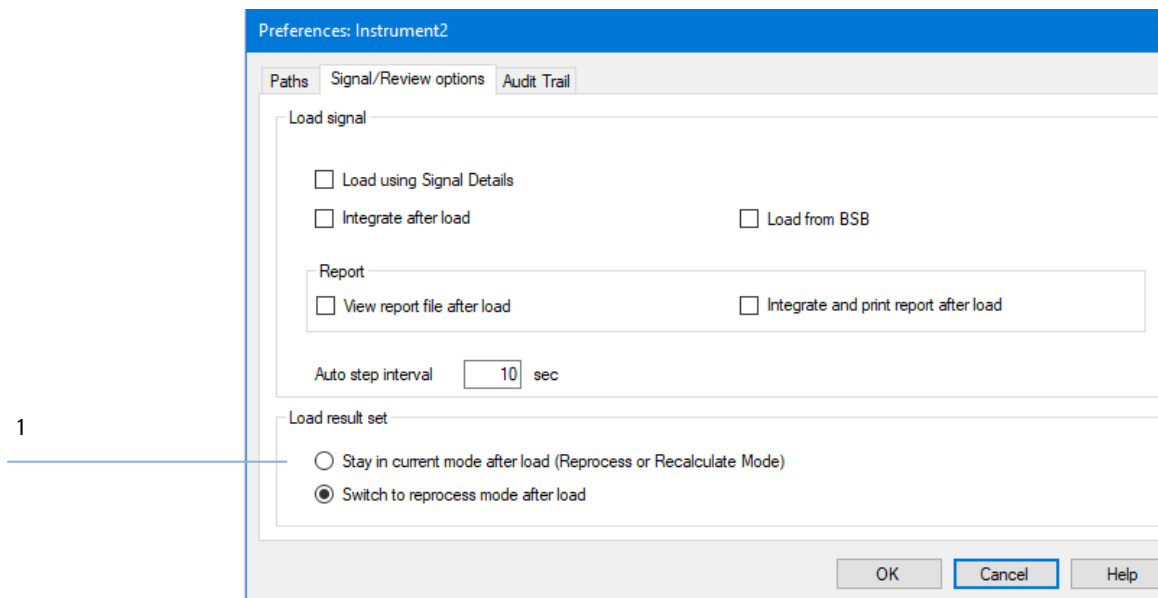


Figura 37 Ficha Signal/Review options del cuadro de diálogo Preferences

## Configuración de la tabla de navegación

La tabla de navegación incluye funciones habituales de configuración de tablas, tales como opciones de ordenamiento y "arrastrar y soltar" para trasladar columnas a distintos sitios. También es posible seleccionar las columnas que se muestran en la tabla de navegación.

De manera adicional, es posible realizar agrupamientos específicos de columnas; así, por ejemplo, se pueden mostrar los análisis individuales de un determinado operador agrupando los ficheros cargados por la columna **operator**.

La tabla de navegación ofrece funciones de botón derecho del ratón para cargar una señal, superponer una señal, exportar datos, imprimir informes, ver los parámetros del método de adquisición, etc. Cada línea de la tabla de navegación se puede ampliar pulsando sobre el signo + (más) situado a la izquierda de la línea para configurar opciones específicas de la señal:

- **Signal:** Enumera las señales adquiridas y permite especificar las señales que se van a cargar. La selección de visualización de señales se aplica de manera individual a cada análisis.
- **General Info:** Enumera los detalles de cabecera correspondientes al análisis.
- **Instrument curves:** Permite seleccionar las curvas de datos del instrumento que se van a mostrar junto con el cromatograma/electroferograma en pantalla y en la impresión.

## Modos del análisis de datos

Se puede elegir entre los modos de análisis de datos siguientes:

- Modo de recálculo
- Modo de últimos resultados
- Modo de reprocesamiento

Se puede acceder a estos modos a través del menú **View** o del conjunto de herramientas (véase la figura siguiente).



Figura 38 Selección de modos

En cada uno de estos modos, el conjunto de herramientas contiene funciones específicas. Los modos y las funciones respectivas se describen en las secciones siguientes. En la ficha **Signal/Review Options** del cuadro de diálogo **Preferences** se puede elegir el modo que estará activo por defecto al cargar un conjunto de resultados (véase la Figura 37 en la página 153, marcador 1).



## Método de análisis de datos para análisis individuales

En las versiones anteriores, no se cargaba ningún método automáticamente junto con el fichero de datos en el modo de recálculo. A partir de la versión C.01.05, se puede seleccionar la casilla de verificación para cargar automáticamente el método maestro utilizado en el último análisis de datos (véase la [Figura 37](#) en la página 153, marcador 1). Si esta casilla de verificación está seleccionada, los análisis individuales se cargarán con el método maestro correspondiente, si el método aún existe en la ubicación determinada.

## Recálculo con el método específico

Con esta función, se pueden recalculer los análisis mostrados en la tabla de navegación con un método maestro específico. El método maestro necesario se especifica en el cuadro de diálogo **Recalculate With Method** (véase la figura siguiente). Si el método maestro seleccionado emplea Intelligent Reporting (véase “[Elaboración de informes](#)” en la página 189), también se puede especificar la plantilla de informes que se empleará para el informe de inyección individual.

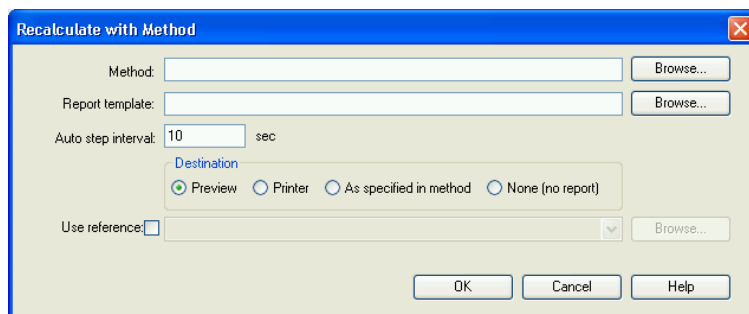


Figura 40 Cuadro de diálogo Recalculate With Method

El cuadro de diálogo **Browse for methods in master paths** y el cuadro de diálogo **Browse for templates in master paths** presentan todas las ubicaciones de ficheros especificadas en Preferencias.

### NOTA

En revisiones anteriores de ChemStation se podía recalculer con un método específico eligiendo **Use current method**, **Use method from data file** o **Use sequence method** en la barra de herramientas.

Si se selecciona la casilla de verificación **Use reference**, se puede seleccionar un fichero de datos que contiene una señal de referencia. La ChemStation usa esta señal para calcular la relación señal/ruido, según lo define la Farmacopea Europea. La lista desplegable ofrece los ficheros de datos usados durante la sesión actual. Con el botón **Browse**, se puede seleccionar cualquier fichero de



**NOTA**

El DA.M suele ser de solo lectura. No se puede cargar manualmente, solo se puede cargar ChemStation en el modo de últimos resultados para el recálculo. Se puede editar, pero no guardar manualmente.

Si ha efectuado cambios en el método y desea imprimir un informe, aparecerá una ventana con un mensaje solicitándole que confirme la solicitud, ya que la acción hará que se generen nuevos resultados. Si confirma la acción, los cambios se guardarán en el último método de análisis de datos utilizado. Se añadirá la entrada correspondiente en el registro de auditoría de métodos.

En el modo de últimos resultados se puede actualizar el método maestro cargado o cualquier método maestro con los parámetros del análisis de datos actual desde el DA.M, o bien guardar un método DA.M modificado como método maestro completamente nuevo. Por ejemplo, si cargó un conjunto de datos analizados algunas semanas o meses atrás, podrá encontrar los parámetros de análisis de datos almacenados en el DA.M, lo que le resultará útil para el trabajo a realizar. A continuación, podrá transferir la configuración a cualquier método maestro que desee. Para obtener más información, consulte [“Administración de métodos”](#) en la página 56.

## Modo Reprocessing

Modo de reprocesamiento para secuencias

Una forma diferente de analizar los datos consiste en **Reprocess** una secuencia completa. Contrariamente a lo que ocurre con el recálculo, todos los análisis se reanalizan en el contexto de la secuencia, es decir, las tablas de calibración de los métodos de secuencia se actualizan en el caso de los análisis de calibración, y los multiplicadores, las cantidades, etc., se pueden cambiar en la tabla de secuencia.

El conjunto de resultados incluye todos los ficheros necesarios para el reprocesamiento: los ficheros de datos, una copia del fichero de secuencias, todos los métodos de secuencia y todas las plantillas de informes que se utilizaron originalmente con la adquisición. De ese modo, para reprocesar una secuencia solo hay que cargarla en la tabla de navegación y seleccionar el conjunto de herramientas de reprocesamiento.

Si es necesario propagar los cambios en el método de secuencia al método maestro correspondiente para que estén disponibles para todas las futuras adquisiciones, se puede usar la función **Update Master Method** para hacerlo de forma fácil (véase [“Actualización de los parámetros de DA en el método maestro”](#) en la página 59).

El DA.M se actualiza automáticamente cada vez que se reprocesa un fichero de datos.

En la tabla de navegación se incluye el siguiente conjunto de herramientas para el reprocesamiento de secuencias:



Figura 42 Conjunto de herramientas de Sequence Reprocessing de la Navigation Table

Con este conjunto de herramientas se puede editar la tabla de secuencias y los parámetros de secuencia, se puede guardar la secuencia actual o imprimirla, mostrar u ocultar el libro de registro de secuencia, ver los ficheros de informe resumen de la secuencia guardada, iniciar el reprocesamiento de una secuencia o detenerla.

Hay que tener en cuenta que los iconos de reprocesamiento de la tabla de navegación solo están disponibles para los conjuntos de resultados generados con ChemStation B.02.01 y posteriores. No se podrá acceder al reprocesamiento en **Data Analysis** cuando se trate de datos generados con una versión anterior a la B.02.01 o adquiridos en el antiguo modo de carpetas no únicas. Estas secuencias deben reprocesarse en **Method and Run Control**, estableciendo el parámetro de secuencia **Part of method to run** en **Reprocess Only**. Para secuencias generadas con ChemStation B.02.01 y posteriores, se ha eliminado la opción de reprocesamiento de **Method and Run Control** y la tabla de navegación ofrece el reprocesamiento como una **Data Analysis Task**.

Otra opción es añadir dichas muestras o secuencias como nuevo conjunto de resultados constituido por el usuario. En esta parte es donde se asignan métodos de secuencia y se puede reprocesar la secuencia entera posteriormente (véase “Conjuntos de resultados constituidos por el usuario” en la página 162).

Hay que tener en cuenta las reglas siguientes con respecto al reprocesamiento:

- Al cargar un conjunto de resultados en la tabla de navegación, la ChemStation carga también automáticamente el fichero de secuencia (\*.S) ubicado en este conjunto de resultados. Este fichero de secuencia contiene todas las líneas de secuencia asociadas a todos los ficheros de datos que pertenezcan al conjunto.
- Todas las acciones se realizan en los métodos de secuencia. Si van a aplicarse parámetros de análisis modificados, es necesario cambiar los métodos de secuencia.
- Durante el reprocesamiento, se actualizan el fichero de lotes (\*.b), el registro de análisis de secuencias o análisis individuales (\*.log) y la tabla de navegación. El método de análisis de datos individual (DA.M) de cada fichero de datos procesado se sobrescribe con el método de secuencia.

- Para añadir nuevos métodos desde los directorios de los métodos maestros a la tabla de secuencia, utilice el explorador de ChemStation para copiar el método maestro en el conjunto de resultados, o bien haga clic en **Method >Update Methods...** Se puede seleccionar el nuevo método de secuencia en la tabla de secuencia. En la tabla de secuencia, no se pueden añadir ni quitar líneas.
- En el cuadro de diálogo Parámetros de secuencia, pueden cambiarse solamente los comentarios de la secuencia y el uso de la información de la tabla de secuencia. Todos los demás campos deben definirse durante la adquisición de datos o no se aplicarán al reprocesamiento.

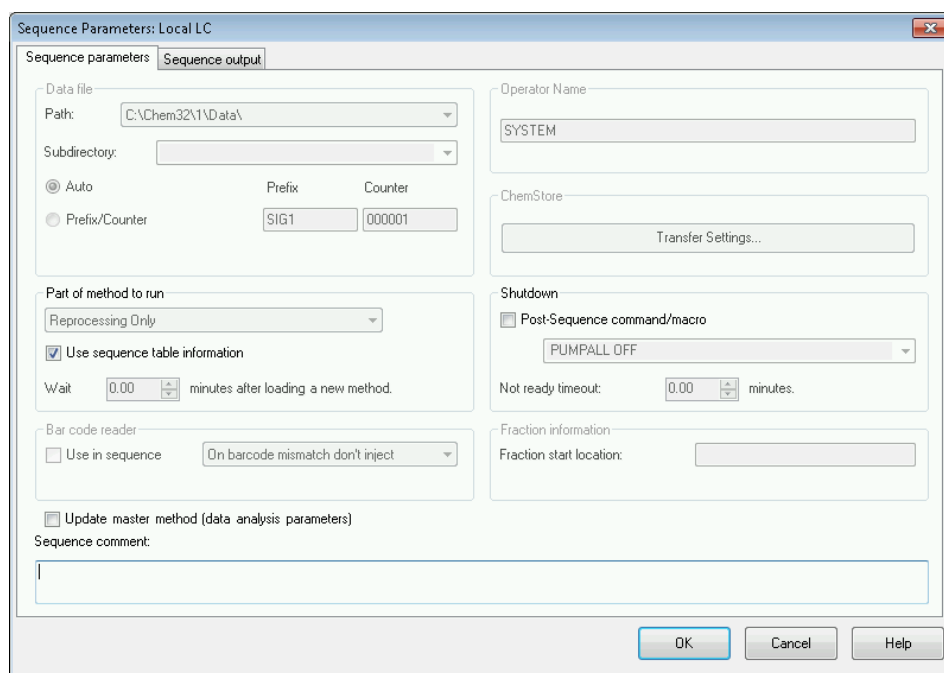


Figura 43 Parámetros de secuencia en la vista de Análisis de datos

### Modo de reprocesamiento para análisis individuales

A la hora de cargar un análisis individual en la tabla de navegación, ChemStation también carga el método de análisis asociado. El nombre de este método se muestra en la columna **Analysis Method**. La ruta completa se puede consultar a través del menú contextual (**View Run Details**).

Si el método de análisis no está disponible en su ruta original, aparece un mensaje de error. En los análisis en los que únicamente exista adquisición y no se utilice ningún método de análisis, el método de adquisición se carga y se usa como método de análisis.

En la tabla de navegación se incluye el siguiente conjunto de herramientas para el reprocesamiento de análisis individuales:



**Figura 44** Conjunto de herramientas de reprocesamiento de análisis individuales de la tabla de navegación

Con este conjunto de herramientas, se puede avanzar paso a paso por los análisis y reprocesarlos con los métodos de análisis asociados. En combinación con la opción **report file after load** (consulte [Figura 37](#) en la página 153), este modo permite revisar de forma sencilla múltiples resultados de análisis individuales sin necesidad de modificar datos.

#### NOTA

Los datos de calibración almacenados en el método no se actualizarán durante el reprocesamiento, incluso si el análisis individual corresponde a una muestra de calibración. Para realizar una recalibración, consulte [“Recalibración”](#) en la página 186.

### Tratamiento de los eventos de integración manual

Los eventos de integración manual, por ejemplo, una línea de base trazada manualmente, son todavía más específicos de cada fichero de datos que los eventos de integración programados. En el caso de cromatogramas complejos, es muy recomendable poder utilizar estos eventos para el reprocesamiento.

Por lo tanto, en ChemStation B.04.01 y versiones posteriores, los eventos de integración manual pueden almacenarse directamente en el fichero de datos en lugar del método. En el momento en el que se recibe o reprocesa el fichero de datos, estos eventos manuales del fichero de datos se aplican de forma automática. Los análisis que contienen eventos de integración manual se marcan en la columna correspondiente de la Navigation Table.

Además de las herramientas para dibujar una línea de base y eliminar manualmente un pico, existen otras tres herramientas disponibles en la interfaz de usuario para:

- Guardar en el fichero de datos eventos manuales de los cromatogramas que se están visualizando.

- Eliminar todos los eventos de los cromatogramas que se están visualizando.
- Deshacer los últimos eventos de integración manual (disponibles hasta que se guarda el evento).

Al continuar con el siguiente fichero de datos durante una revisión en la Navigation Table, ChemStation realizará una revisión en busca de eventos de integración manual sin guardar y preguntará al usuario si desea guardarlos.

Los eventos manuales guardados en el fichero de datos durante una revisión en la Navigation Table no interfieren con los eventos de integración manual almacenados durante una revisión en el modo **Batch**. Estas dos formas de revisión son completamente independientes con respecto a los eventos manuales de un fichero de datos.

En las revisiones de ChemStation anteriores a la B.04.01, los eventos de integración manual solamente podían guardarse en el método. En la revisión B.04.01, todavía se puede utilizar este flujo de trabajo. El menú **Integration** de la vista **Data Analysis** contiene los siguientes elementos para gestionar eventos de integración manual con el método:

**Update Manual Events of Method:** Guardar eventos manuales nuevos en el método.

**Apply Manual Events from Method:** Aplicar los eventos manuales guardados actualmente en el método al fichero de datos cargado en ese momento.

**Remove Manual Events from Method:** Borrar los eventos manuales del método.

Para convertir eventos manuales almacenados en un método para guardarlos en el fichero de datos, aplique los eventos del método y guarde los resultados en el fichero de datos. Si es necesario, elimine los eventos del método.

En el caso de que la casilla **Manual Events** de la **Integration Events Table** de un método esté marcada, los eventos manuales del método se aplican siempre al cargar un fichero de datos utilizando este método. Si el fichero de datos contiene eventos manuales adicionales, se utilizan los eventos del fichero de datos. Cuando la casilla **Manual Events** está marcada, nunca se le pide al usuario que guarde los eventos en el fichero de datos.

### Conjuntos de resultados constituidos por el usuario

En la vista **Data Analysis**, la Navigation Table muestra el contenido del análisis individual o secuencia que se haya cargado. Se pueden cargar, descargar o añadir ficheros de datos a la Navigation Table. Con el comando **Sequence > Create New Result Set**, se puede crear un nuevo conjunto de resultados constituido por el usuario de los datos mostrados en ese momento en la

Navigation Table (véase [“Para constituir un nuevo conjunto de resultados”](#) en la página 107). Los conjuntos de resultados constituidos por el usuario se pueden reprocesar de igual forma que los conjuntos de resultados de creación automática.

### Unload Current Dataset

Con el comando **Unload Current Dataset** del menú contextual de la Navigation Table, se puede revertir la Navigation Table al estado original vacío, como estuviera después de cargar ChemStation. Si hay datos sin guardar, se le pedirá que los guarde.

### Delete Selected Data File

Con el comando **Remove selected Data Files** del menú contextual de la Navigation Table se pueden eliminar las líneas seleccionadas de la Navigation Table. Al usar este comando tan solo se elimina la referencia en la Navigation Table, no se borra el fichero de datos físico del conjunto de resultados cargado o el análisis individual del sistema de ficheros. Solamente se pueden borrar las referencias a ficheros añadidos/superpuestos.

## Actualización de métodos

En la vista **Data Analysis** hay varias opciones para copiar métodos entre los directorios de métodos maestros y los conjuntos de resultados. Para obtener más información véase [“Administración de métodos”](#) en la página 56.

## Visor de informes para análisis de datos

Dependiendo de la configuración, ChemStation guarda automáticamente los informes de inyecciones individuales e informes resumen de secuencias en el sistema de ficheros en un determinado momento. El visor de informes Report Viewer simplifica la consulta de los ficheros de informes guardados para comprobar los resultados de adquisición, reprocesamiento o recálculo de datos.

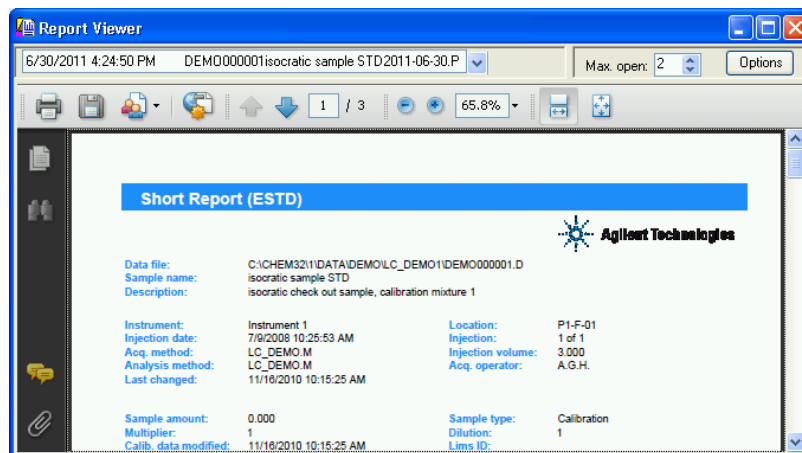


Figura 45 Visor de informes

Utilizar el visor de informes tiene las ventajas siguientes:

- Se pueden abrir los ficheros de informe directamente desde ChemStation. No es necesario buscarlos en el sistema de ficheros.
- Cada informe se abre en una ventana flotante separada. Por lo tanto, resulta sencillo comparar distintos informes colocando las ventanas una al lado de la otra.
- Se puede consultar el fichero de informe en la modalidad de pantalla completa.
- Se pueden utilizar las funciones de Adobe Reader para consultar informes .pdf.
- Se puede buscar un determinado texto en informes tanto .txt como .pdf.
- Cuando se reprocesa una secuencia, no es necesario esperar a que finalice el reprocesamiento de la secuencia completa. Se pueden abrir antes los ficheros de informe guardados para aquellas muestras de la secuencia ya completadas.

## Inicio del visor de informes

El visor de informes Report Viewer se puede abrir a través del menú, los iconos de la barra de herramientas o el menú contextual de la tabla de navegación. Hay distintos elementos para informes resumen de secuencias e informes de inyecciones individuales.

Para consultar informes de inyecciones individuales:

- Seleccione el menú **Report > View Report File** para consultar el fichero o los ficheros de informe correspondientes a la señal cargada.
- Seleccione el comando **View Saved Report File(s)** del menú contextual de una determinada muestra en la tabla de navegación. Con ese comando es posible cargar el fichero o los ficheros de informe correspondientes a cualquier señal, aun cuando no esté cargada en ese momento.
- Seleccione el icono **View saved Report File(s)** de la barra de herramientas del espacio de trabajo para consultar el fichero o los ficheros de informe correspondientes a la señal cargada.



Para consultar informes resumen de secuencias:

- Seleccione el menú **Sequence > View Summary Report File**.
- Pulse el icono **View Saved Sequence Summary Report File(s)** de la barra de herramientas de navegación (en el modo de reprocesamiento).



## Configuración del visor de informes

Es posible configurar varios aspectos del comportamiento del visor de informes. A todos esos ajustes se accede a través del botón **Options** de la ventana Report Viewer.

Es posible definir el número máximo de ventanas del visor de informes que se pueden abrir en paralelo. Las ventanas se reutilizan de manera cíclica. Cuando se consultan más ficheros de informes que el número máximo de ventanas del visor de informes, las ventanas que se abrieron antes son las primeras en cambiar de contenido.

### NOTA

Cuando no se necesite comparar múltiples informes, recomendamos limitar el número de ventanas del visor de informes a 1.

Para comparar múltiples informes, puede ser también útil ajustar la barra de título de las ventanas del visor de informes. Hay varias señales disponibles para ventanas del visor de informes que muestren informes resumen de secuencias, informes de inyecciones individuales correspondientes a muestras incluidas en secuencias o informes de inyecciones individuales correspondientes a análisis individuales. Esas señales ayudan a distinguir las distintas ventanas del visor de informes.

Las ventanas del visor de informes se muestran siempre encima de la aplicación ChemStation. Para trabajar con ChemStation y el visor de informes al mismo tiempo, es posible cambiar el tamaño y la posición de ambas ventanas de modo que se puedan ver a un tiempo. Cuando se cierra ChemStation, los tamaños y las posiciones de las ventanas se guardan. La próxima vez que se lance ChemStation, se utilizarán nuevamente esos mismos parámetros.

### **Disposición de las ventanas del visor de informes**

Las ventanas del visor de informes se muestran siempre encima de la aplicación ChemStation. Para trabajar con ChemStation y el visor de informes al mismo tiempo, es posible cambiar el tamaño y la posición de ambas ventanas de modo que se puedan ver a un tiempo para así trabajar con más comodidad.

Cuando se cierra ChemStation, los tamaños y las posiciones de las ventanas se guardan. La próxima vez que se lance ChemStation, se utilizarán nuevamente esos mismos parámetros.

### **Trabajo con el visor de informes**

El visor de informes se puede utilizar, por ejemplo, en los siguientes flujos de trabajo:

- Se configura el método y la secuencia para guardar informes PDF en el sistema de ficheros. Tras finalizar el análisis de la secuencia, se abren los ficheros de informe (informe resumen de secuencia o informes de inyecciones individuales) directamente desde la ChemStation en el visor de informes. Se utilizan funciones de Adobe Reader como las de zoom o búsqueda para comprobar detalladamente el informe.
- Se descarga la secuencia que ya contiene ficheros de informes del almacenamiento central de datos.
  - Para ver el resultado final, se selecciona la muestra pertinente en la tabla de navegación y se abre el fichero de informe directamente desde ChemStation en el visor de informes.

- En caso necesario, es posible cambiar el método y reprocesar la secuencia. Mientras el reprocesamiento está en curso, se empiezan a consultar los informes de las muestras ya completadas.

En el visor de informes, es posible seleccionar informes tanto antiguos como nuevos en la lista de la esquina superior izquierda. Es posible distinguir los informes por su fecha de creación, que se muestra como parte de la entrada de lista. Dependiendo de los parámetros de transferencia asignados, incluidos los nuevos ficheros de informes, es posible cargar de manera automática al almacenamiento central de datos, una vez finalizado el reprocesamiento.

- Se ejecuta una secuencia que guarda únicamente ficheros de informe TXT. Es posible igualmente comprobar esos ficheros de informe en el visor de informes.
- Se consultan distintos informes referentes a las mismas muestras de la secuencia, en base a distintos estilos de informe o distintas plantillas.

En primer lugar, se crea una secuencia con un informe de rendimiento ampliado. Se ejecuta o se reprocesa la secuencia para obtener el fichero de informe. Si se está satisfecho con los resultados mostrados en el informe, se cambia el método de secuencia para crear un informe más breve (por ejemplo, se selecciona una plantilla de informe diferente o el estilo de informe clásico **Short**). Se reprocesa entonces la secuencia para obtener los informes más breves. Cuando se consulta un informe con el visor de informes, es posible alternar entre ambos tipos de informe seleccionándolos en la lista de la esquina superior izquierda. Como parte de la entrada de lista se muestra la fecha de creación de cada fichero.

## Revisión por lotes

### Definición de la revisión por lotes

La revisión por lotes es una funcionalidad del análisis de datos diseñada para ayudar a un analista a realizar rápida y fácilmente la primera revisión de los resultados de una secuencia o una selección de análisis. Esta funcionalidad le permitirá ahorrar tiempo, especialmente con el reprocesamiento de grandes cantidades de muestras. Cuando se analiza una secuencia, se genera de forma automática un archivo de lotes (con extensión.b) y se coloca en el directorio de datos junto con los ficheros de datos. Este fichero de datos contiene indicadores de los ficheros de datos de la revisión del lote. Cuando se carga un lote, el analista sólo tiene que seleccionar el método que vaya a utilizar con el lote y

después seleccionar uno por uno los ficheros de datos que quiere analizar en el lote. Antes de aprobar los resultados, es posible comprobar la exactitud de la calibración, el rendimiento del instrumento y las diferentes integraciones. Cualquier parámetro de integración específico del cromatograma que se modifique, puede almacenarse con el fichero de datos para la trazabilidad de datos. Este entorno interactivo permite también acceder a todas las funciones de análisis de datos como pureza del pico, búsqueda de librerías, etc.

La revisión por lotes utiliza los mismos registros de análisis de datos (ChromReg y ChromRes) que los análisis de datos estándares y no debería utilizarse en sesiones en línea que estén analizando en ese momento.

### Configuración de lotes

Un lote es una serie de ficheros de datos que ha seleccionado el usuario y que se procesa según el método definido también por el usuario. Todos los ficheros de datos del lote se procesan con el mismo método. Los pasos de proceso que se realizan cada vez que se carga una nueva muestra para revisar se pueden seleccionar (integración, identificación/cuantificación e informe).

Todos los análisis de calibración del lote se utilizan para generar una sola tabla de calibración con factores de respuesta promediados que se utiliza después para la cuantificación.

#### Tabla de lotes

Los análisis se muestran en una tabla de lotes que el usuario puede configurar:

- puede especificarse el número y el contenido de las columnas de la tabla;
- los análisis pueden clasificarse por
  - índice de análisis (el orden en el que se adquieren los análisis) independientemente de otros criterios,
  - tipo de muestra (muestras de control primero, luego muestras de calibración, después muestras normales) y por índice de análisis dentro de cada tipo,
  - método (si se utilizó más de un método para adquirir los análisis) y por índice de análisis dentro de cada método,
- muestras, muestras de calibración y muestras de control que se visualizan en la tabla o están ocultas.

Cada análisis seleccionado ocupa una línea en la tabla de lotes. Puede excluir un análisis en la tabla de lotes (por ejemplo, desde la calibración) cambiando el tipo de muestra a Retirada.

### Tabla de compuestos

Los resultados de compuestos se muestran en la tabla de compuestos, que el usuario puede configurar, aunque su contenido depende del tipo de muestras de la tabla de lotes:

- La lista de compuestos contiene todos los compuestos del método cargado para la revisión por lotes.
- Si en la tabla de lotes sólo se visualizan las muestras de calibración (se ocultan las muestras y las muestras de control), la tabla de compuestos muestra columnas adicionales con información relacionada con la calibración (cantidad esperada, error relativo y error absoluto).
- Si en la tabla de lotes sólo se muestran los análisis de control (se ocultan las muestras y las muestras de calibración), la tabla de compuestos muestra columnas adicionales de los límites de control definidos).

Para las columnas que contengan información específica del compuesto, es posible incluir el nombre del compuesto en el título de la tabla añadiendo %s a las especificaciones de la columna.

### Informe de lotes

El informe de lotes contiene dos tablas generalmente análogas a la tabla de lotes y a la de compuestos; el usuario puede configurar estas tablas.

Para las columnas que contengan información específica del compuesto, es posible incluir el nombre del compuesto en el título de la tabla añadiendo %s a las especificaciones de la columna. Se permiten títulos multilínea; inserte el carácter '\n' para introducir un salto de línea.

### Interfase de usuario

La revisión por lotes le permite elegir entre dos interfaces de usuario:

- la interfase estándar incluye una barra con los botones que representan la mayoría de las opciones del menú Lote, junto con las tablas de lotes y compuestos.
- una interfase mínima con una barra de botones similar a la interfase estándar, que reemplaza la tabla de lotes y compuestos con un cuadro combinado que contiene sólo la información especificada en la tabla de lotes. La barra de botones de esta interfase mínima no contiene los botones relacionados con la tabla de lotes ni con la tabla de compuestos.

## Funciones de revisión

Los archivos de datos se pueden mostrar de dos formas:

- manualmente, seleccionando un análisis de la tabla para mostrar,
- automáticamente, con un intervalo predefinido entre cada archivo de datos. Durante la visualización automática, sólo aparecen los tipos de muestras visualizados en la tabla; los análisis se muestran en el orden en el que aparecen en la tabla. La revisión automática puede pausarse y reanudarse después, o detenerse.

Las funciones estándar de ChemStation están disponibles con la revisión por lotes. Esto incluye la calibración, la manipulación manual de cromatogramas, por ejemplo con el suavizado o la integración manual. Los cambios realizados en un archivo de datos se pueden marcar y guardar con el fichero de lotes. Los cromatogramas que se han revisado se marcan con un asterisco en la tabla de lotes. También es posible descartar los cambios que se han realizado solo al cromatograma actual o todos los cambios realizados a todos los cromatogramas del lote.

### NOTA

Revisión por lotes le permite guardar los eventos de integración manual por análisis. También se pueden guardar los eventos manuales con el archivo de datos fuera de Revisión por lotes. Para evitar que haya conflictos entre dos grupos de integraciones manuales, los eventos manuales que se hayan almacenado en el archivo de datos no se aplicarán en Revisión por lotes.

Cuando se carga un análisis, las opciones de proceso seleccionadas se ejecutan; si ya se ha procesado el análisis y se han guardado los cambios, se carga el análisis procesado. Este proceso es más rápido que cargar un análisis sin procesar, porque no hay que procesar nada.

### Calibración en la revisión por lotes

La calibración en las revisiones por lotes funciona de forma independiente de la configuración de recalibración de la tabla de secuencia. El primer paso en la calibración de lotes siempre sustituye las entradas de los tiempos de respuesta y retención de la tabla de calibración. En los siguientes patrones de calibración, se promedian los valores de respuesta y los de retención.

Al hacer clic en la barra de herramientas de revisión por lotes, el sistema se recalibra gracias a todos los análisis de calibración del lote y crea una tabla de calibración recalibrada. Al hacer clic en la barra de herramientas de revisión por lotes, se recalculan las cantidades de cada compuesto calibrado. Las cantidades de todas las muestras se calculan a partir de la tabla de calibración recalibrada.

## Informes de lotes

La “Tabla de lotes” en la página 168, que puede configurar el usuario, puede imprimirse directamente por impresora, mostrarse en pantalla o imprimirse en un fichero con el prefijo que el usuario especifique en uno de los siguientes formatos:

- Archivo de texto UNICODE con extensión .TXT.
- Formato de intercambio de datos con extensión .DIF.
- Valores separados por comas con extensión .CSV.
- Formato de Microsoft Excel con extensión .XLS.

Las opciones de generación de informes también ofrecen la posibilidad de ordenar las muestras (por índice de análisis, tipo de muestra o método) independientemente del método de clasificación de la tabla de lotes. Las prioridades de clasificación son las mismas que las de “Tabla de lotes” en la página 168.

### Historial de lotes

La revisión por lotes mantiene un registro de todas las acciones relacionadas con el lote actual. Cualquier acción que cambie el lote (como por ejemplo, cambiar el cromatograma de la pantalla, el tipo de muestra o cargar y guardar el lote) añade una línea al historial de lotes con el nombre y la fecha, el nombre del operador y una descripción de la acción.

También puede añadir sus propios comentarios al historial de lotes. No se pueden editar las entradas del historial de lotes existentes y no se puede acceder a la lista del historial excepto a través de la opción de menú Historial de lotes.

## Review

En ChemStation, hay una vista disponible que cubre los flujos de trabajo de revisión de datos de Análisis de datos. En esta vista **Review** se pueden generar informes para una secuencia entera, un subconjunto de una secuencia o cualquier selección de ficheros de datos de distintas secuencias o muestras individuales.

En la vista **Review** no se cargan métodos ni se generan nuevos resultados como en Recalculation o Reprocessing. Los informes que se generan en la vista **Review** muestran solamente los resultados que ya se hubieran calculado.

Se puede seleccionar una plantilla de informes y aplicarla a la selección específica de ficheros de datos. La combinación de plantillas y selección de ficheros de datos determina la salida del informe generado.

Dado que la vista **Review** solo proporciona una visión de los resultados existentes, se usa en flujos de trabajo conformes para presentar resultados existentes sin generar una versión de resultado nueva.

### NOTA

La vista **Review** está disponible solamente si se ha activado Informes inteligentes en la Instrument Configuration, en el Panel de control de OpenLab.

## Requisitos de Intelligent Reporting

ChemStation genera los datos de resultados en un formato específico (\*.ACAML), que es el que usa la función Informes inteligentes. Si desea crear informes con datos adquiridos por un sistema ChemStation de la versión A o B, primero tiene que regenerar los resultados con OpenLab ChemStation rev. LTS 01.11 (por ejemplo, recalcular los datos o generar informes de inyecciones únicas en la vista Análisis de datos). Si los resultados no están disponibles en el formato requerido, los informes generados en la vista Revisión no contendrán datos.

## Selección de ficheros de datos

Se pueden seleccionar los ficheros de datos necesarios cargando las secuencias o los análisis individuales en el árbol de navegación del ChemStation Explorer. Todos los ficheros de datos disponibles se muestran en la Navigation Table. En la Navigation Table, se seleccionan los ficheros de datos específicos de los que se deseen ver los resultados en el informe.

### Carga de ficheros de datos

Se pueden cargar todos los ficheros de datos de una secuencia entera o de una carpeta Single Runs. En la ficha **Data** del ChemStation Explorer, se puede hacer doble clic sobre la secuencia o utilizar el comando **Load** del menú contextual para cargar todos los ficheros de datos incluidos.

Al cargar los ficheros de datos se borra automáticamente el contenido de la Navigation Table antes de que se muestren nuevos datos. Por tanto, se pueden preparar los datos tanto para un *Single Sample Report* como para un *Sequence Summary Report*.

### Añadir ficheros de datos

Si se desea comparar los resultados de diferentes secuencias, primero se puede cargar una secuencia y añadir después los ficheros de datos necesarios de otra secuencia. En la ficha **Data** del ChemStation Explorer hay que utilizar el comando **Add Data Files...** en el menú contextual para añadir solamente ficheros de datos específicos a la selección ya cargada. Se abre un cuadro de diálogo en el que se pueden seleccionar los ficheros de datos necesarios.

Al añadir ficheros de datos, la Navigation Table adjunta los ficheros de datos a la lista de ficheros de datos ya cargados. Por tanto se podrán preparar los datos, por ejemplo, para *informes entre secuencias (Cross-Sequence Reports)*.

### Selección de ficheros de datos para elaboración de informes

La Navigation Table muestra todos los ficheros de datos de la colección de secuencias o muestras individuales sobre las que hizo doble clic en el ChemStation Explorer. En la Navigation Table se seleccionan aquellos ficheros de datos de los que se desee crear el informe. Solamente se incluirán las líneas seleccionadas al generar un informe.

## Selección de la plantilla de informes

Se pueden seleccionar las plantillas de informes necesarias en la ficha **Report Templates** en el ChemStation Explorer. El árbol de navegación muestra todas las plantillas de informes disponibles en el directorio REPSTYLE.

De forma predeterminada, el directorio REPSTYLE se encuentra dentro de C:\Users\Public\Documents\ChemStation. Esta ruta se define durante la instalación.

Utilice el menú **File > Open Windows Explorer...** de ChemStation para abrir la ruta del instrumento seleccionado (por ejemplo, C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1). También puede usar el acceso directo **Instrument Data** del menú Inicio.

## Previsualización de informes

El informe resultante siempre estará definido tanto por la selección de datos como por la plantilla de informes. Por tanto, ChemStation genera el informe correspondiente y muestra una vista previa del informe una vez que se han seleccionado uno o más ficheros de datos y cargado una plantilla de informes.

Se puede enviar el informe a una impresora o guardarlo como un fichero (.PDF, .XLSX, .DOCX, .TXT o .CSV). Si se usa el sistema de almacenamiento central de datos, también se pueden cargar el informe directamente al depósito central.

## Flujos de trabajo de revisión posibles

Se puede utilizar la opción **Review**, por ejemplo, en los siguientes flujos de trabajo:

- Cargando una secuencia y seleccionando todos los ficheros de datos de la secuencia. Después se puede cargar una plantilla de informes y generar un *Sequence Summary Report*.
- Después de generar un Sequence Summary Report, se puede cargar una plantilla de informes diferente. Al revisar los mismos datos con una *Plantilla de informes diferente*.
- Cargando una secuencia y seleccionando solamente un subconjunto de ficheros de datos. Después se puede cargar una plantilla de informes y generar un Sequence Summary Report *solamente para una parte de la secuencia*.
- Después de cargar un subconjunto de ficheros de datos, se pueden añadir otros ficheros de datos (desde una secuencia o una recolección de muestras individuales). Después se puede cargar una plantilla de informes y generar un *Cross-Sample* o un *Cross-Sequence Report*.

# 7

## Calibración

Definición de términos	176
Tipos de calibración	177
Calibración de un único nivel	177
Calibración multinivel	178
Rangos de calibración	180
Ajustes de la curva de calibración	180
Tratamiento del origen	181
Calibration Table	183
Suma de picos	184
Grupos de compuestos	184
Muestras desconocidas	185
Recalibración	186
Definición de la recalibración	186
¿Por qué recalibrar?	186
Recalibración manual	186
Recalibraciones con suma de picos	187
Formas de recalibrar	187
Recalibración en caso de que falten picos	188
Recalibración en la revisión por lotes	188

En este capítulo se explican los conceptos de calibración.

## Definición de términos

**Calibración** La calibración es el proceso de determinar los factores de respuesta que se utilizarán para calcular las concentraciones absolutas de componentes mediante la inyección de estándares de calibración especialmente preparados. La Calibration Table se utiliza también para la identificación.

**Compuesto** Un compuesto químico puede incorporar varios picos en una calibración de múltiples señales, normalmente uno por señal. En calibraciones de una sola señal, un compuesto se refiere a un pico.

**Nivel de calibración** El nivel de calibración comprende los puntos de calibración de una concentración de muestras de calibración. En una calibración multiseñal, los diferentes compuestos se pueden calibrar con distintas señales.

**Punto de calibración** Un punto de calibración corresponde a una relación cantidad/respuesta de un pico en la curva de calibración.

**Muestra de calibración** Una muestra de calibración, también llamada estándar de calibración o mezcla estándar, es una muestra que contiene una cantidad conocida del compuesto que se va a cuantificar. En el software, se hace referencia a la muestra de calibración como una inyección desde el vial de la muestra.

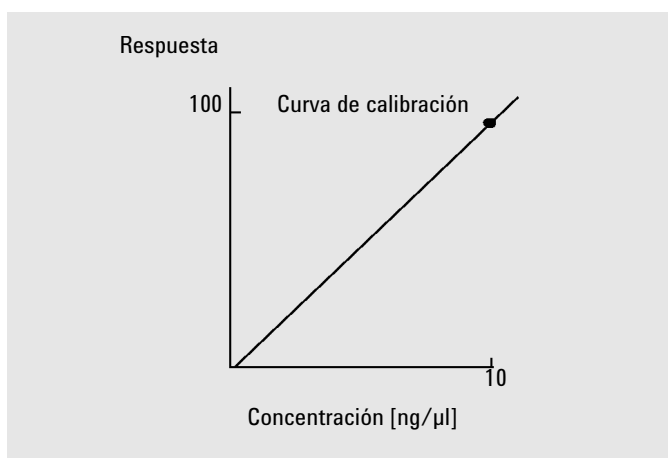
Las muestras de calibración pueden comprarse a distribuidores de productos químicos o pueden prepararse con una cantidad medida con exactitud de un compuesto puro. La cantidad de compuesto en la muestra de calibración se expresa normalmente como una concentración, es decir, en unidades ng/ $\mu$ l.

## Tipos de calibración

ChemStation ofrece dos tipos de calibraciones: calibraciones de un único nivel y calibraciones multinivel.

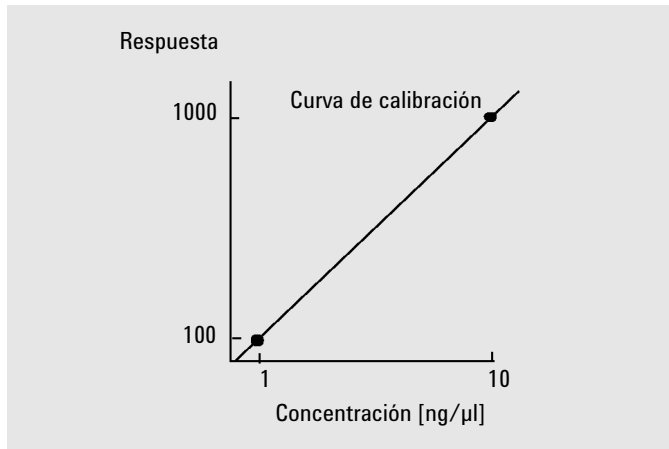
### Calibración de un único nivel

La curva de calibración que se muestra en [Figura 46](#) en la página 177 contiene un punto, es decir, un nivel. Para la curva de calibración de un único nivel, se asume que la respuesta del detector es lineal sobre el rango de concentraciones de trabajo para las muestras de interés. El factor de respuesta del pico de un componente dado se obtiene de la inversa de la pendiente de la línea de la curva de calibración entre el punto y el origen. Una desventaja de la calibración de un único nivel es que supone que la respuesta del detector a la concentración de muestra es lineal y pasa a través del origen en un gráfico de concentración frente a respuesta. Esto no siempre es verdad y puede conducir a resultados imprecisos.



**Figura 46** Curva de calibración de un único nivel

Para obtener resultados cuantitativos precisos, la curva de calibración debe tener al menos dos niveles. Estos niveles tendrían que abarcar las cantidades que se espera encontrar en las muestras desconocidas.



**Figura 47** Curva de calibración de dos niveles

Por ejemplo, si desea cuantificar un compuesto y las muestras desconocidas se estiman en un rango de 1 a 10 ng/μl, entonces la curva de calibración tendría que tener al menos esos dos niveles tal y como se muestra en la [Figura 47](#) en la página 178.

#### Límites de cantidad

ChemStation le permite definir los rangos de cuantificación válidos en términos de cantidades absolutas de cada componente.

## Calibración multinivel

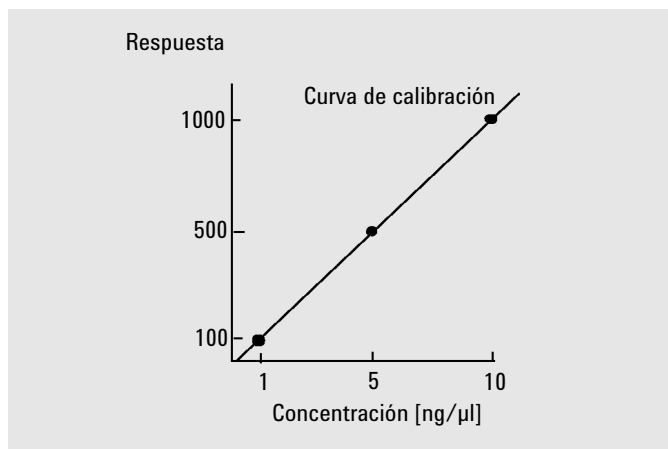
Se puede utilizar la calibración multinivel cuando no sea lo suficientemente exacta como para asumir que un componente tiene una respuesta lineal o confirmar la linealidad del rango de calibración. Cada nivel de calibración corresponde a una muestra de calibración con una concentración particular de componentes. Las muestras de calibración se prepararán de forma que la concentración de cada componente varíe dentro del rango de concentraciones esperadas en los ejemplos desconocidos. De este modo es posible permitir un cambio en la respuesta del detector con concentración y calcular los factores de respuesta en consecuencia.

La curva de calibración multinivel tiene tres niveles y muestra un ajuste lineal desde el origen. Este método de ajuste lineal desde el origen es similar a la calibración del método de un único punto. Se asume que la respuesta del

## Calibración

### Tipos de calibración

detector a la concentración es lineal. La diferencia entre los dos tipos de calibración es que, con el ajuste lineal la pendiente de la respuesta del detector puede determinarse con un mejor ajuste a través de un número de puntos, uno para cada nivel.



**Figura 48** Curva de calibración multinivel con tres niveles

La tabla de calibración correspondiente, que es la tabulación de la información utilizada para generar esta curva, puede parecer similar a la mostrada en [Tabla 18](#) en la página 179.

**Tabla 18** Tabla de calibración

Nivel	Cantidad (ng/ $\mu$ l)	Respuesta (cuentas de área)
1	1	100
2	5	500
3	10	1000

En este ejemplo, las muestras de calibración utilizadas para generar los tres niveles se han identificado como 1, 2 y 3.

## Rangos de calibración

Cada calibración multinivel es válida para el rango de concentraciones utilizadas en las muestras de calibración. La mejor aproximación es la extrapolación de una curva de calibración, especialmente si no es lineal. El rango de calibración de cada componente puede definirse en el cuadro de diálogo **Compound Details**. Cada entrada de ese compuesto puede expresarse como límites inferiores y superiores. Si se exceden estos límites, se anota en el informe.

## Ajustes de la curva de calibración

Hay varios cálculos de ajuste de curva disponibles para usar en calibraciones multinivel.

- Lineal de trazos
- Lineal
- Registro
- Alimentación de corriente
- Exponente
- Cuadrático
- Cúbico
- Promedio (respuesta/cantidad)

### Ajuste no lineal

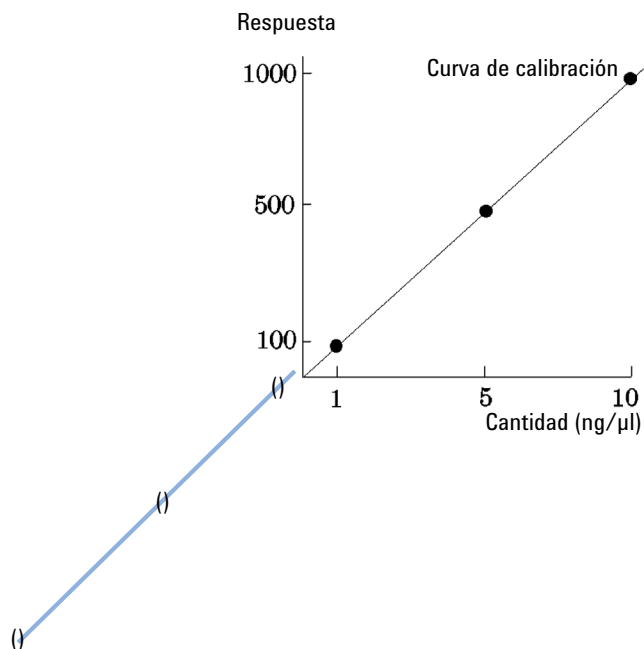
En algunos casos, la respuesta del detector a los cambios en la concentración de muestra no es lineal. Para estos tipos de análisis, no es apropiado el método de calibración de regresión lineal y habría que utilizar un cálculo de la calibración multinivel.

## Tratamiento del origen

Existen cuatro formas de tratar el origen cuando se representa gráficamente la curva de respuesta:

- ignorar el origen,
- incluir el origen,
- forzar el origen, o
- conectar el origen.

Para forzar la inclusión del origen en la curva de calibración, los puntos de calibración se reflejan sobre el origen desde el primer cuadrante hasta el tercero. La utilización de todos los puntos para el cálculo de la regresión asegura que la curva de calibración resultante pase por el origen. Esto también se describe en [Figura 49](#) en la página 181.



**Figura 49** Forzar el origen para incluirlo

Para obtener más información sobre los ajustes de la curva de calibración y tratamiento del origen, consulte el fichero de *ayuda en línea*.

## Calibración

### Tipos de calibración

#### Ponderación del punto de calibración

Cuando se configura la curva de calibración predeterminada, puede especificarse la ponderación relativa (o importancia) de varios puntos de calibración utilizados para generar la curva.

Se pueden seleccionar las siguientes opciones de ponderación:

Peso	Descripción
Igual	Todos los puntos de calibración tienen el mismo peso en la curva.
Lineal (Ctd.)	Un punto de calibración con la cantidad $x$ tiene una ponderación $1/x$ normalizada a la cantidad más pequeña, de forma que el factor de peso mayor es 1. La normalización se calcula multiplicando el peso por la cantidad más pequeña. Por ejemplo, el peso de un punto de calibración con la cantidad $x$ es $(1/x) \times a$ donde $a$ es la cantidad menor del compuesto calibrado preparado en los estándares de calibración. Si se incluye el origen se asigna la media de las ponderaciones de otros puntos de calibración.
Lineal (Rpta.)	Un punto de calibración con la respuesta $x$ tiene una ponderación $1/y$ normalizada a la respuesta más pequeña, de forma que el factor de peso mayor es 1. La normalización se calcula multiplicando el peso por la respuesta más pequeña. Por ejemplo, el peso de un punto de calibración con la cantidad $y$ es $(1/y) \times b$ donde $b$ es la respuesta correspondiente a la cantidad menor del compuesto calibrado preparado en los estándares de calibración. Si se incluye el origen se asigna la media de las ponderaciones de otros puntos de calibración.
Cuadrático (Ctd.)	Un punto de calibración con la cantidad $x$ tiene una ponderación $1/x^2$ normalizada a la cantidad más pequeña de forma que el factor de peso mayor es 1. La normalización se calcula multiplicando el peso con la cantidad más pequeña. Por ejemplo, el peso de un punto de calibración con la cantidad $x$ es $(1/x^2) \times a^2$ donde $a$ es la cantidad menor del compuesto calibrado preparado en los estándares de calibración.
Cuadrático (Rpta.)	Un punto de calibración con la respuesta $x$ tiene una ponderación $1/y^2$ normalizada a la respuesta más pequeña de forma que el factor de peso mayor es 1. La normalización se calcula multiplicando el peso con la respuesta más pequeña. Por ejemplo, el peso de un punto de calibración con la respuesta $y$ es $(1/y^2) \times b^2$ donde $b$ es la respuesta correspondiente a la cantidad menor del compuesto calibrado preparado en los estándares de calibración.
Nº Calibraciones	Un punto de calibración se pondera según el número de recalibraciones del punto. No se efectúa ninguna normalización

Las ponderaciones cuadráticas del punto de calibración pueden utilizarse, por ejemplo, para ajustar la dispersión de los puntos de calibración. De esta forma, se asegura que los puntos de calibración más cercanos al origen, que pueden normalmente medirse con más exactitud, tengan mayor peso que los puntos de calibración alejados del origen, que pueden dispersarse.

La decisión de qué tipo de ponderación del punto de calibración utilizar, debería basarse en los requisitos del método.

## Calibration Table

La Calibration Table especifica las conversiones de las áreas o alturas de picos en las unidades elegidas, de acuerdo con el procedimiento de cálculo seleccionado. Contiene una lista de tiempos de retención/migración de un análisis de calibración. Estos tiempos de retención/migración se comparan con los tiempos de retención/migración de los picos en un análisis de muestra. Donde se produce una coincidencia, se supone que el pico de la muestra representa el mismo componente que aquél de la Calibration Table. Durante un análisis o mientras se genera un informe, las cantidades que se introducen para cada pico se utilizan para calcular las cantidades del procedimiento de cálculo seleccionado para el informe. El tipo y la cantidad de información requerida para crear una Calibration Table varían en función del tipo de procedimiento de cálculo seleccionado.

Para crear una Calibration Table, se necesita la siguiente información:

- El tiempo de retención/migración para el pico de cada componente de una mezcla de calibración.
- La cantidad de cada componente utilizada para hacer la mezcla de calibración, expresada en unidades coherentes.

## Suma de picos

La tabla de suma de picos se proporciona para ciertas aplicaciones de las industrias petroquímica y farmacéutica. Las aplicaciones habituales presentan las impurezas totales o los productos de descomposición, o bien suman las áreas de los picos no calibrados que caen dentro de un intervalo específico.

La tabla de suma de picos es similar, con ciertas diferencias, a la tabla de calibración estándar. Como la tabla de calibración, se asocia con el método actual. Peak Summing no está diseñado para ficheros de datos de varias señales.

Las áreas sumadas de un intervalo de tiempo específico se pueden expresar como cantidades utilizando la curva de calibración de un compuesto a partir de la tabla de calibración. También se puede usar un factor de respuesta fijo.

**NOTA**

Es necesario crear una tabla de calibración para un análisis antes de crear la tabla de suma de picos.

## Grupos de compuestos

Los grupos de compuestos permiten que los compuestos individuales de la tabla de calibración se agrupen para su presentación. Un compuesto solo puede formar parte de un grupo. Los grupos se crean en la tabla de calibración. La tabla de calibración solo contiene un número para cada grupo; en un cuadro independiente, se asigna un nombre de grupo al número y se añaden uno o varios compuestos. Se puede realizar una calibración de cantidad del grupo, en la que se asigna al grupo una cantidad total. Las cantidades de los compuestos del grupo se calculan según la contribución de respuesta a la respuesta total. Un ejemplo habitual es una mezcla de isómeros en la que se conoce la cantidad total, pero en la que la respuesta de los isómeros en el detector es idéntica.

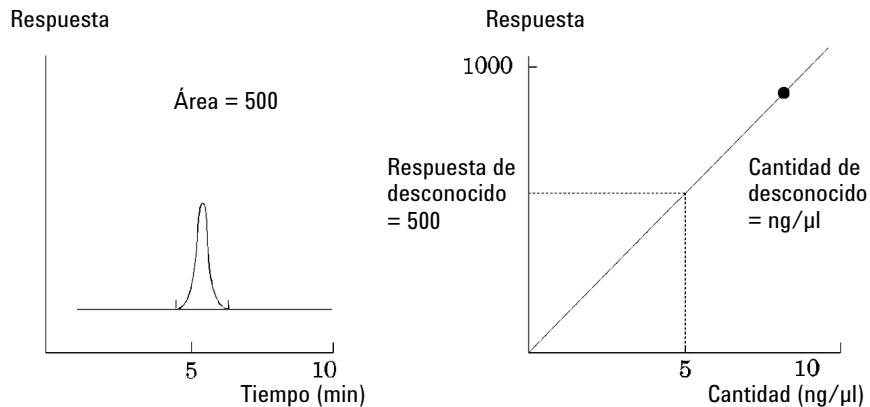
## Muestras desconocidas

Una muestra desconocida es una muestra que contiene una cantidad desconocida de un compuesto para cuantificar.

Para descubrir qué cantidad de compuesto hay en la muestra desconocida, es necesario:

- crear una curva de calibración para el compuesto,
- inyectar una porción alícuota de la muestra desconocida y analizarla del mismo modo que la muestra de calibración,
- determinar la respuesta a partir de la señal, es decir, el área o la altura del pico causada por la cantidad desconocida de compuesto y
- utilizar la curva de calibración para calcular la cantidad de compuesto existente en la muestra desconocida.

Por ejemplo, si el área del pico de la muestra desconocida es 500, se puede determinar que la cantidad es 5 ng/μl utilizando la curva de calibración que se muestra en [Figura 50](#) en la página 185.



**Figura 50** Señal de muestra desconocida y curva de calibración

## Recalibración

### Definición de la recalibración

La recalibración es el proceso utilizado para actualizar un nivel de una curva de calibración. Cuando se recalibra se analiza otra muestra que contiene los mismos compuestos de calibración que la original y, lo más importante, la misma cantidad de éstos. Cuando se analiza la muestra de calibración, se obtienen los factores de respuesta y los tiempos de retención/migración actualizados. Puede elegirse realizar la media de los factores de respuesta de un número determinado de análisis de calibración de forma que los factores de respuesta se ponderen por igual.

### ¿Por qué recalibrar?

La mayoría de las calibraciones tienen una vida limitada debido a los cambios en la cromatografía. La recalibración es necesaria para mantener la exactitud de los análisis. Por ejemplo, se ha creado una tabla de calibración para el compuesto cafeína que se usa cuando es necesario cuantificar muestras que contienen cafeína. En algún momento será necesario reemplazar la columna/capilar. Aunque la columna/capilar se reemplace con una exactamente del mismo tipo, no se comportará exactamente de la misma manera que la columna/capilar anterior cuando se creó por primera vez la tabla de calibración para la cafeína. Por tanto, para asegurar la coherencia, se deben recalibrar los niveles de la tabla de calibración antes de utilizar la nueva columna/capilar para analizar las muestras que contengan cantidades desconocidas de cafeína. De este modo se cuantifican muestras analizadas bajo las mismas condiciones de sistema.

### Recalibración manual

Puede introducir manualmente la información de calibración del pico y normalizar la tabla de calibración con la opción Configuración manual del cuadro de diálogo Nueva tabla de calibración. Generalmente, se produce un nuevo método de calibración analizando una mezcla de calibración estándar, creando una tabla de calibración e introduciendo los picos calibrados para obtener factores de respuesta. Este enfoque es útil para algunas aplicaciones, como en

la industria petroquímica, donde se han analizado los mismos compuestos durante muchos años y los factores de respuesta de varios compuestos y detectores están ya disponibles.

Puede crear una tabla de calibración de forma manual introduciendo los picos y los factores de respuesta en la tabla de calibración, recalibrando el método con un estándar que contenga al menos un pico de respuesta de referencia y seleccionando la actualización %Delta.

Para hacer referencia a un pico específico para el cálculo de las relaciones de tiempos de retención, se puede definir este pico como el pico de referencia para la relación del tiempo de retención. Todos los picos con el mismo número de referencia RT Ratios hacen referencia a este pico.

## Recalibraciones con suma de picos

Cuando se realiza una recalibración, los rangos de tiempo de retención/migración en la tabla de suma de picos del método se actualizarán antes de que se proceda con la recalibración real. Las recalibraciones de la suma de picos se realizan de este modo para asegurar que se incorpora el delta en los cálculos de tiempo.

## Formas de recalibrar

La recalibración se puede efectuar de dos formas con el software ChemStation. Puede recalibrar de forma interactiva o automática durante una secuencia de análisis automatizados. En la recalibración interactiva el proceso de recalibración se realiza utilizando el software ChemStation después de inyectar una o varias muestras de calibración. En la recalibración con secuencia se debe especificar cuándo se llevará a cabo el proceso, pero la recalibración en sí la sigue realizando el software de automatización. Para obtener más información, consulte "Recalibración automática" en la página 122.

Si desea información sobre cómo realizar la recalibración con el software, consulte el apartado Cómo... de la ayuda.

## Recalibración en caso de que falten picos

Hay tres formas de recalibrar picos no identificados.

### No Recalibration

Si un compuesto de la Calibration Table no se puede identificar en los resultados de integración, se aborta la calibración. Si esto sucede en una secuencia, también se aborta la secuencia.

### Partial Recalibration

Esta función permite la recalibración solo de los picos identificados. Si faltan picos, no se aborta la calibración pero se anota en el informe y en el registro del análisis que faltan picos.

### Recalibration of all Retention/Migration Times

Esta función permite la recalibración del tiempo de retención/migración de todos los picos identificados y no identificados. Para ello se utilizan los tiempos de retención/migración de los compuestos identificados. Los factores de respuesta de los picos no identificados no se actualizan.

## Recalibración en la revisión por lotes

La metodología de recalibración en la revisión por lotes difiere de la recalibración en la secuencia original.

Al hacer clic en el botón **Update Calibration** de la barra de herramientas de revisión por lotes, el sistema se recalibra gracias a todos los análisis de calibración del lote y crea una tabla de calibración recalibrada. Hacer clic en el botón **Start** de la barra de herramientas de revisión por lotes hace que se recalculen las cantidades de cada compuesto calibrado. Se calcularán las cantidades de todas las muestras a partir de la tabla de calibración recalibrada.

## 8

# Elaboración de informes

Definición de informe	190
Elaboración de informes de resultados	192
Resultados cuantitativos	194
Presentación de datos clásica y función Informes inteligentes	195
Consecuencias de activar la presentación inteligente	195
Informes inteligentes	196
Ventajas de Intelligent Reporting	196
Limitaciones de Informes inteligentes	197
Report Template Editor (RTE) para Intelligent Reporting	197
Almacenamiento de plantillas de informes	200
Almacenamiento de informes generados	202
Plantillas de informes en el almacenamiento central de datos	202
Classic Reporting	203
Informes de valores de campos personalizados	203
Estilos de informe	203
Otros parámetros de estilo del informe	205
Elaboración de informes de resumen de secuencias	206
Formatos de archivo de los informes	209

En este capítulo se describen los conceptos de Intelligent Reporting y Classic Reporting.

## Definición de informe

Un informe puede incluir información cuantitativa y cualitativa de las muestras que se analizan. El informe puede ser una impresión en papel, información en pantalla o un fichero electrónico. El informe puede incluir detalles de los picos detectados durante el análisis y gráficos de señales adquiridas.

### Informes para diferentes fines

Se pueden especificar informes que sirvan para distintos fines durante la adquisición de datos y durante la revisión de datos:

- El *Sequence Summary Report* se define en la ficha **Sequence Output** del cuadro de diálogo **Sequence Parameters**. Este informe lo crea automáticamente ChemStation después de completar una adquisición de secuencia o de reprocesar una secuencia.
- El *Single Injection Report* se define en el cuadro de diálogo **Specify Report**. Se crea uno de estos informes por cada muestra individual durante la adquisición de una secuencia o el reprocesamiento de una secuencia.

Con Intelligent Reporting se crean plantillas para los distintos tipos de informes, dependiendo de la finalidad de un informe. Para obtener más información, véase “Tipos de informes” en la página 197.

### Destino del informe

Se puede enviar un informe a los siguientes destinos:

- **Screen**  
El informe, incluido el texto y los gráficos, se muestra en pantalla en la ventana de previsualización del informe desde la que se puede imprimir.
- **Printer**  
El informe con el texto y los gráficos se imprime en la impresora seleccionada.
- **File**  
El informe se guarda en un fichero, por ejemplo un fichero Adobe PDF.

## Consideraciones de las zonas horarias

Al adquirir datos, puede ver la fecha de inyección en diferentes lugares en ChemStation y en sus resultados. En función de su zona horaria local y de su configuración regional en Windows, la fecha de inyección mostrada podría adaptarse a la zona horaria local o a los formatos de fecha/hora:

- En el libro de registro:  
Esta fecha siempre se muestra en la hora local del lugar donde se han adquirido los datos. No se adapta cuando se visualiza en una zona horaria diferente ni cuando se imprime en los informes.
- En la ventana **File Information** del fichero de datos:  
Esta fecha siempre se muestra en la hora local del lugar donde se han adquirido los datos. No se adapta cuando se visualiza en una zona horaria diferente ni cuando se imprime en los informes.
- En los informes:  
Este campo se adapta al formato local de zona horaria y hora de la región del mundo donde se genera el informe.

Si se produce la adquisición de datos y la generación de informes en la misma zona horaria, todas las fechas (libro de registro, fichero de datos, informe) muestran la misma hora, solo que en diferentes formatos impresos.

Si genera informes en una zona horaria diferente a aquella donde se han adquirido los datos: Los informes mostrarán la hora de adquisición convertida a la hora local de la región.

En el siguiente ejemplo se muestra cómo se mostraría la fecha de adquisición en diferentes lugares de ChemStation, en función de la zona horaria local y de la configuración regional de Windows.

**Tabla 19** Ejemplo: Representaciones de la hora para los datos adquiridos a la Hora Universal Coordinada (UTC) 2021-07-30 15:00:00

Evento	Fecha/hora de adquisición convertidas al formato local	Formato de hora en la configuración local de Windows	Fecha de la adquisición mostrada
Adquisición de datos y generación de informes en Nueva York zona horaria UTC-05:00	2021-07-30 10:00:00	MM/dd/yyyy HH:mm:ss tt	Libro de registro: 2021-07-30 10:00:00 AM Fichero de datos: 2021-07-30 10:00:00 AM Informe clásico: 07/30/2021 10:00:00 AM Informe inteligente: 2021-07-30 10:00:00+05:00
Nueva generación del informe en Zurich (UTC+01:00).	2021-07-30 16:00:00	dd.MM.yyyy HH:mm:ss	Libro de registro: 2021-07-30 10:00:00 AM Fichero de datos: 2021-07-30 10:00:00 AM <b>Informe clásico: 30.07.2021 16:00:00</b> <b>Informe inteligente: 2021-07-30 16:00:00+01:00</b>
Segunda generación del informe en Nueva York (UTC-05:00)	2021-07-30 10:00:00	yyyy-MM-dd HH:mm:ss	Libro de registro: 2021-07-30 10:00:00 AM Fichero de datos: 2021-07-30 10:00:00 AM Informe clásico: 2021-07-30 10:00:00 Informe inteligente: 2021-07-30 10:00:00 +05:00

## Elaboración de informes de resultados

Existen dos tipos de informes disponibles:

- Un informe no calibrado que no corrige la respuesta del detector, y
- Un informe calibrado que muestra los resultados corregidos de la diferencia en la respuesta del detector a varios compuestos de la muestra.

### Informes no calibrados

Entre los informes no calibrados se incluyen informes de **Area%** y **Height%**. Estos informes se utilizan principalmente para preparar informes calibrados. Pueden resultar de utilidad como informe final si las cantidades de compuesto necesarias para generar el área de una unidad o la respuesta de altura de los compuestos de interés son similares.

## Informes calibrados

Los informes calibrados corrigen la diferencia en la respuesta del detector a los compuestos informados. Una o varias muestras de calibración que contengan cantidades conocidas de los compuestos informados deben analizarse en las mismas condiciones que la muestra desconocida. Los datos de integración de estas muestras de calibración se utilizan para preparar una tabla de calibración. Ésta no es más que una lista de los tiempos de retención/migración, cantidades y respuestas que se utilizan en la generación del informe. Los informes calibrados se basan en dos procedimientos de calibración llamados estándar interno y estándar externo.

## Informe estándar externo

El informe ESTD (estándar externo) enumera los resultados con las unidades seleccionadas o con cada compuesto como porcentaje de los compuestos presentes. Una cantidad se usa para todos los compuestos de la tabla de calibración y para la cantidad de muestra. El procedimiento del estándar externo requiere que se conozca con exactitud el volumen relativo inyectado tanto de las muestras de calibración como de las muestras desconocidas. La fiabilidad del informe de estándar externo se ve limitada por la reproducibilidad de la inyección y por otros factores que pueden variar de una muestra a otra.

## Informe estándar interno

Las limitaciones del procedimiento estándar externo se pueden superar con el método del estándar interno. Se añade una cantidad exacta conocida de un estándar interno (no necesariamente la misma cantidad), a las muestras de calibración y a la muestra desconocida. La respuesta de cada compuesto de interés se divide por la respuesta de un estándar interno para proporcionar una relación de respuesta. Las curvas de calibración son un gráfico de la relación de respuesta frente a relación de cantidad y esta información se utiliza en el cálculo de los resultados informados. De este modo se anulan los errores inadvertidos en el volumen de la inyección o los cambios ligeros en el sistema cromatográfico/electroferográfico que afectan a los compuestos similares. El informe ISTD enumera los resultados de las unidades seleccionadas.

## Informe de los gráficos de control

El Informe de los gráficos de control realiza el seguimiento de un solo resultado a partir de los diferentes análisis de un compuesto calibrado específico. La opción **Control Chart** se instala una vez que ChemStation está en funcionamiento. Los métodos que utilizan esa función pasan el resultado objeto de seguimiento a una hoja de cálculo de Microsoft Excel tras cada análisis. Una vez hecho esto, se utiliza Excel para imprimir el informe.

## Resultados cuantitativos

El tipo de informe se identifica por el nombre del método de cálculo utilizado para prepararlo, por ejemplo, un informe ISTD. A continuación se facilita una breve descripción de cada tipo.

El informe **Area%** genera el informe más sencillo y no requiere datos de calibración puesto que no se realiza la corrección de la diferencia en la respuesta del detector de los componentes de las muestras. El informe % Área es particularmente útil para desarrollar la tabla de calibración que va a utilizarse con otras opciones de los informes. El informe es adecuado para análisis en los que la diferencia en la respuesta del detector de los componentes no es importante.

El informe **Height%** es similar al informe % Área excepto en que se utiliza la altura del pico para los cálculos en vez del área de picos.

En el informe **Norm%** cada componente se indica como un porcentaje de todos los componentes presentes.

El informe **ESTD** presenta la cantidad real de cada sustancia. Las cantidades se calculan con una tabla de calibración previamente establecida. El uso de un estándar externo requiere que se conozca el volumen inyectado de la mezcla de calibración.

El informe **ESTD%** presenta la cantidad relativa de cada sustancia como porcentaje de la cantidad de muestra inyectada. Las cantidades se calculan con una tabla de calibración previamente establecida. El uso de un estándar externo requiere que se conozca el volumen inyectado de la mezcla de calibración.

El informe **ISTD** presenta la cantidad real de cada sustancia. Las cantidades se calculan con la curva de calibración previamente establecida. El uso de un estándar interno tanto en la muestra como en la mezcla de calibración elimina la necesidad de conocer y controlar el volumen de muestra inyectada. De este modo, también se corrige cualquier variación del rendimiento del instrumento entre los análisis.

El informe **ISTD%** presenta la cantidad relativa de cada sustancia como porcentaje de muestra inyectada. El uso de un estándar interno tanto en la muestra como en la mezcla de calibración elimina la necesidad de conocer y controlar el volumen de muestra inyectada. De este modo, también se corrige cualquier variación del rendimiento del instrumento entre los análisis.

## Presentación de datos clásica y función Informes inteligentes

Con ChemStation, puede elegir el tipo de informes que desea usar: *Informes clásicos ChemStation*, que es idéntica a la función de elaboración de informes de ChemStation B, o *Informes inteligentes* (que se comparte con OpenLab CDS).

En las siguientes secciones se describen los dos tipos de elaboración de informes.

### Consecuencias de activar la presentación inteligente

Si desea utilizar la función Informes inteligentes, debe activarla en la sección de configuración de instrumentos del panel de control de OpenLab.

Si activa la función Informes inteligentes, ocurrirá lo siguiente en ChemStation:

- En la vista **Report Layout** se mostrará el editor de plantillas de informe para la función Informes inteligentes. En lugar de usar las plantillas de informe clásicas, ahora podrá editar las plantillas de informe para utilizarlas con la función Informes inteligentes en esta vista.
- Se activará la vista **Review**.
- En los cuadros de diálogo **Sequence Parameters** y **Specify Report**, podrá elegir entre la presentación de datos clásica y la función Informes inteligentes. Aún podrá utilizar los ajustes de presentación de datos clásica y usar las plantillas de informe "clásicas" existentes para el instrumento.

## Informes inteligentes

### Ventajas de Intelligent Reporting

Intelligent Reporting brinda al usuario las siguientes ventajas:

- Se puede utilizar la vista **Review**.
- La mayor parte de las funciones disponibles en distintos ajustes y cuadros de diálogo de Classic Reporting está ahora en las plantillas de informes. Se pueden crear o editar plantillas de informes con la vista **Report Layout**, que contiene el nuevo Report Template Editor para Intelligent Reporting. El Report Template Editor cuenta con varias funciones potentes:
  - Se puede acceder a todos los datos de resultados generados por ChemStation seleccionando el campo de datos correspondiente.
  - Se pueden crear expresiones propias para hacer los cálculos con los campos de datos. Se puede utilizar cualquier expresión válida de Microsoft Visual Basic.
  - Se pueden crear expresiones en las que hacer cálculos con los Custom Fields de ChemStation.
  - Marcado de resultados: se pueden introducir expresiones para resaltar determinados resultados en función de su valor.
  - Elementos de informes preconfigurados (Snippets): el Report Template Editor tiene elementos de informe preconfigurados, denominados *snippets*, que se pueden insertar en la plantilla de informes arrastrándolos y soltándolos.
- Se puede usar la herramienta Report Template Documentation para crear descripciones de sus plantillas de informes.
- Se pueden informar los siguientes valores, según lo define la Farmacopea Europea (la relación pico a valle también está disponible con Classic Reporting; para obtener detalles sobre los campos requeridos, consúltese la *Guía de referencia*):
  - Relación señal-ruido
  - Retención relativa
  - Tiempo de retención relativa

## Limitaciones de Informes inteligentes

Los informes generados con Informes inteligentes siempre se basan en las señales sin procesar. No se pueden elaborar informes de señales modificadas, en las que se hayan aplicado sustracción del blanco, suavizado, alineación de la señal o sustracción del ruido de fondo.

## Report Template Editor (RTE) para Intelligent Reporting

### Tipos de informes

Se pueden crear distintos tipos de informes. Según el tipo de informe de que se trate habrá disponibles distintos campos de datos en una plantilla de informes, y los elementos de informe se agruparán de modo diferente.

Están disponibles los siguientes tipos de informe:

- **Single Injection**

El informe generado muestra separados los elementos de informe de la plantilla de cada inyección en el ámbito de los datos disponibles en ese momento. Se pueden mostrar los datos por inyección, pero no se pueden comparar resultados de distintas inyecciones en una tabla o matriz.

- **Single Sequence Summary**

El informe generado muestra separados los elementos de informe de la plantilla de cada secuencia en el ámbito de los datos disponibles en ese momento. Se pueden comparar resultados de inyecciones diferentes en una tabla o matriz, pero no los resultados de distintas secuencias.

- **Cross-Sequence Summary**

Con este tipo de informe, los datos *no* se agrupan automáticamente. Por tanto, habrá que prestar más atención al agrupamiento de los elementos del informe, pero a cambio se podrán crear elementos de informe en los que se comparen datos de distintas secuencias.

## Formato de plantilla

Todas las plantillas de informes se basan en el Report Definition Language (RDL), que es un formato XML estandarizado de Microsoft.

El *RTE* tiene una interfaz fácil de usar que ayuda a crear plantillas de informe en pocos pasos. Admite todos los tipos de elementos de informe y la mayor parte de las opciones de configuración correspondientes.

## Campos de datos

Se puede acceder a todos los datos de resultados generados por ChemStation durante una adquisición. De cada valor se puede seleccionar el campo de datos correspondiente en el que se guardará el valor. Se pueden ordenar los campos de datos de la plantilla de informes con arreglo a los requisitos deseados. Los campos de datos disponibles se dividen en las siguientes categorías:

- Sequence
- Sample
- Injection
- Signal
- Compound
- Peak
- Calibration Curve
- Instrument
- File
- Project

## Elementos de informe

Se pueden añadir varios elementos de informe a una plantilla de informes, según cuales sean los requisitos del usuario. De cada elemento de informe se pueden configurar varias propiedades como el formato de fuente, el color de fondo, las expresiones, etc. A continuación se muestran los elementos de informe que están disponibles:

- Text Fields
- Campos de datos
- Tables
- Matrices
- Composite Groups

- Images
- Chromatograms
- Calibration curves
- Spectra
- Charts
- Method Information

### Snippets

El Report Template Editor contiene snippets, que son elementos de informe preconfigurados o grupos de elementos de informe que se pueden insertar en la plantilla de informes arrastrándolos y soltándolos.

Estos snippets son, por ejemplo, tablas preconfiguradas de resultados de compuestos o de idoneidad del sistema, cromatogramas para representación de señal única o múltiple, o diagramas de control de exactitud de la calibración o la estabilidad del tiempo de retención. Se pueden usar los snippets como punto de partida y ajustarlos con arreglo a los requisitos deseados.

### Cálculos personalizados

En el Report Template Editor se pueden ver los valores de los campos de datos tal como se generaron en ChemStation, o bien se pueden calcular nuevos valores para distintos fines. Se pueden crear expresiones con los campos de datos existentes y también utilizar los campos personalizados.

Se pueden guardar los valores como variables y acceder a ellas desde el elemento de informe correspondiente en la plantilla.

El Report Template Editor contiene un Expression Editor con el que se podrán crear expresiones válidas. Todas las expresiones se basan en Microsoft Visual Basic.

### Formato condicional

Se pueden configurar determinadas propiedades de un campo o celda en función de los valores resultantes de la expresión. Por ejemplo, si lo que aparece es la cantidad de compuestos, se puede hacer que esta tenga fondo rojo cuando la cantidad exceda de un cierto valor.

## Datos de prueba

Al diseñar una nueva plantilla de informes en la vista Report Layout, ChemStation ofrece los datos de prueba mostrados en el Report Template Editor al editar o previsualizar una plantilla. Los datos de prueba corresponden al conjunto de datos (análisis únicos o de secuencias) seleccionados en ese momento en la Navigation Table de la vista **Data Analysis**. En caso de diseñar una plantilla para un Sequence Summary Report, habrá que cargar una secuencia en la vista Data Analysis y seleccionar un subconjunto de muestras. Ahora bien, en caso de diseñar una plantilla para un Single Injection Report, basta con seleccionar una sola muestra en la vista Data Analysis.

## Almacenamiento de plantillas de informes

ChemStation contiene una serie de plantillas de informes predefinidas. Estas plantillas predeterminadas se encuentran en la carpeta de documentos públicos, en el directorio REPSTYLE.

De forma predeterminada, el directorio REPSTYLE se encuentra dentro de C:\Users\Public\Documents\ChemStation. Esta ruta se define durante la instalación. Utilice el menú **File > Open Windows Explorer...** de ChemStation para abrir la ruta en su sistema (por ejemplo, C:\Users\Public\Documents\ChemStation\1). También puede usar el acceso directo **Instrument Data** del menú Inicio.

En secuencias, las plantillas de informe empleadas para los Sequence Summary Reports y los Single Injection Reports se encuentran en el conjunto de resultados, al mismo nivel que los métodos de secuencia. No se guarda ninguna plantilla de informes en el nivel de los ficheros de datos de una secuencia.

## Cuadro de diálogo Browse Templates

Al buscar plantillas de informes en el cuadro de diálogo **Sequence Parameters** o el cuadro de diálogo **Specify Report** se pueden sincronizar las plantillas del directorio Plantillas predeterminadas y del conjunto de resultados.

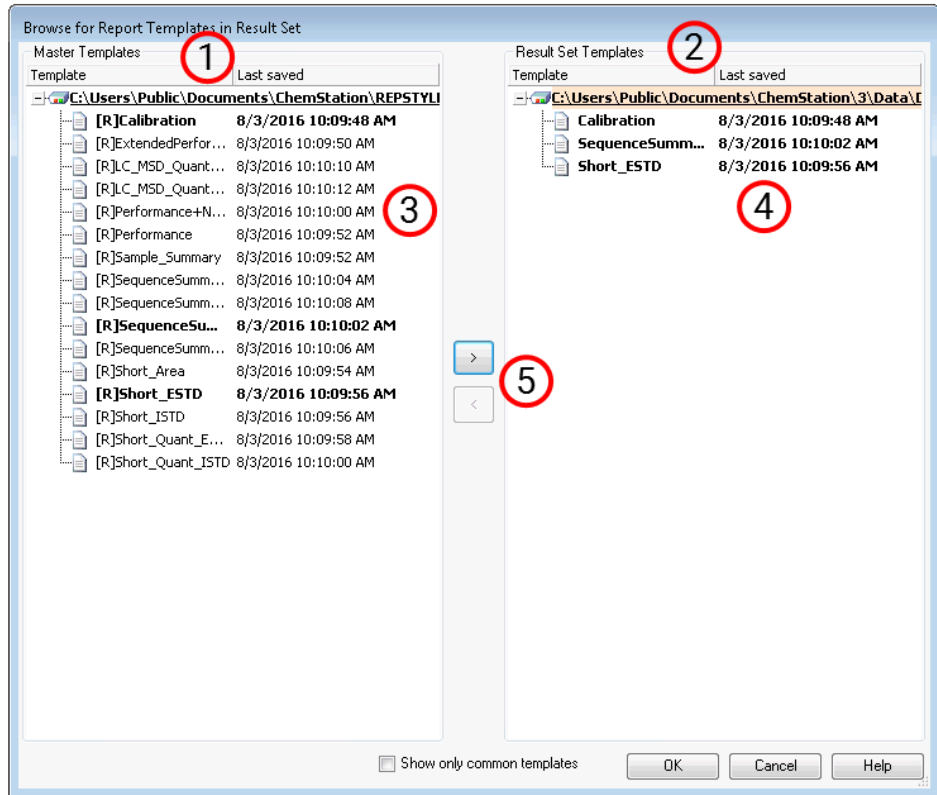


Figura 51 Cuadro de diálogo Browse for Report Templates in Result Set

- 1 A la izquierda se pueden ver las plantillas del directorio Plantillas predeterminadas (definido durante la instalación).
- 2 A la derecha se pueden ver las plantillas del conjunto de resultados cargado en ese momento.
- 3 De cada plantilla se puede ver la fecha en que se guardó por última vez. El mensaje emergente de la fecha muestra la última entrada en el historial de la plantilla.
- 4 Las plantillas comunes al conjunto de resultados y el directorio Métodos predeterminados aparecen en negrita. Estas plantillas se corresponden solamente por el nombre.
- 5 Se pueden copiar plantillas entre el directorio Plantillas predeterminadas y el conjunto de resultados arrastrando y soltando o con la tecla >.

## Almacenamiento de informes generados

### Nombres de fichero para Single Injection Reports

Al introducir un nombre para el Single Injection Report en el cuadro de diálogo **Specify Report**, se pueden utilizar las siguientes señales:

- <Date> fecha actual
- <Time> hora actual
- <SeqName> nombre de fichero de secuencia (será "\_" en muestras individuales)
- <ResultSet> nombre del conjunto de resultados (será "\_" en muestras individuales)
- <SampleName> nombre de la muestra
- <LimsID> LimsID
- <InjDateTime> fecha y hora de la inyección
- <DataFile> nombre del fichero de datos
- <SampleLoc> ubicación de la muestra

### Nombres de fichero para Sequence Summary Reports

Al introducir un nombre de fichero para el Sequence Summary Report en la ficha **Sequence Output** del cuadro de diálogo **Sequence Parameters**, se pueden usar las siguientes señales:

- <Date> fecha actual
- <Time> hora actual
- <SeqName> nombre del fichero de secuencia
- <ResultSet> nombre del conjunto de resultados
- <LimsID> LimsID

## Plantillas de informes en el almacenamiento central de datos

Si se usa un sistema de almacenamiento central de datos, las plantillas de informes se tratan como un tipo de documento aparte. Se pueden cargar o descargar plantillas al y desde el almacenamiento central o actualizar todas las plantillas de informes locales con la última versión del almacenamiento central de datos.

## Classic Reporting

### Informes de valores de campos personalizados

Se pueden añadir al informe los valores de los campos personalizados adjuntos a una muestra determinada de acuerdo con su método de adquisición. Los campos personalizados de muestra se enumeran al final de la cabecera del informe que contiene la información general de la muestra. Los campos personalizados de compuesto aparecen al final del informe.

### Estilos de informe

Para añadir una señal a cualquier estilo de informe clásico hay que marcar la casilla correspondiente en el cuadro de diálogo Specify Report.

Están disponibles los siguientes estilos de informe:

- **None:** no se incluirá ningún texto de informe. Se incluirá el cromatograma solamente si se selecciona la opción Add Chromatogram Output.
- **Short:** contiene resultados de texto cuantitativos.
- **Detail:** consta de cabecera, resultados cuantitativos y curvas de calibración. La cabecera se almacena en un fichero llamado RPTHEAD.TXT en el directorio del método. Se puede cambiar esa cabecera con un editor de texto para incluir un texto específico del método.
- **Header + Short:** contiene la cabecera de fichero y los resultados de texto cuantitativos. La cabecera se almacena en un fichero llamado RPTHEAD.TXT en el directorio del método. Se puede cambiar esa cabecera con un editor de texto para incluir un texto específico del método.
- **GLP + Short:** contiene cabecera, información de la muestra, condiciones del instrumento, libro de registro, señal y resultados cuantitativos. La cabecera se almacena en un fichero llamado RPTHEAD.TXT en el directorio del método. Se puede cambiar esa cabecera con un editor de texto para incluir un texto específico del método.
- **GLP + Detail:** contiene cabecera, información de la muestra, condiciones del instrumento, libro de registro, señal, resultados cuantitativos y curvas de calibración. La cabecera se almacena en un fichero llamado RPTHEAD.TXT en el directorio del método. Se puede cambiar esa cabecera con un editor de texto para incluir un texto específico del método.

- **Full:** contiene cabecera, información de la muestra, condiciones del instrumento, libro de registro, señales y resultados cuantitativos. La cabecera se almacena en un fichero llamado RPTHEAD.TXT en el directorio del método. Se puede cambiar esa cabecera con un editor de texto para incluir un texto específico del método. Para ficheros de datos que contengan espectros, también aparece el espectro del vértice para cada pico.
- **Performance:** genera un informe conforme a los límites especificados en el cuadro de diálogo Edit Performance Limits del menú System Suitability.

En el caso de los métodos no calibrados, los parámetros del informe incluyen el número del pico, el tiempo de retención/migración, el área del pico, la altura del pico, la descripción de la señal, la anchura verdadera del pico a media altura (consulte *True Peak Width Wx [min]* en la Reference Guide), la simetría,  $k'$ , la eficacia (platos) y la resolución de cada pico.

En el caso de los métodos calibrados, los parámetros del informe incluyen el número del pico, el tiempo de retención/migración, el nombre del compuesto, la cantidad, la descripción de la señal, la anchura verdadera del pico a media altura, la simetría,  $k'$ , la eficacia (platos) y la resolución de cada pico.

El cálculo de pico a media altura no es igual que la fórmula de anchura de pico más compleja que utiliza el integrador. Los valores de eficacia y resolución se basan en la anchura de pico calculada. La cabecera del informe comprende toda la información relevante del método, incluidos instrumentos, columna/capilar, muestra y parámetros de adquisición. La señal se representa también gráficamente.

- **Performance + Noise:** combina el estilo de informe de rendimiento con los cálculos de ruido correspondientes a los rangos definidos en el cuadro de diálogo Edit Noise Range del menú System Suitability. De manera adicional, el ruido se da como seis veces la desviación estándar, pico a pico y como ruido ASTM; también se determinan la deriva y la desviación.
- **Performance + Extended:** genera un informe ampliado con todos los parámetros procedentes de los cálculos de rendimiento de pico y gráficos individuales de cada pico. Los gráficos incluyen la línea base, las tangentes y las anchuras de pico a alturas definidas. Este tipo de informe incluye sólo picos calibrados.

Además de los parámetros impresos para el estilo de informe de rendimiento, se determinan más parámetros de rendimiento del pico para los picos calibrados: se imprimen tiempos de inicio y fin de pico, sesgo, exceso, anchura de pico, factor de cola USP, intervalo de tiempo entre puntos de datos, número de puntos de datos, momentos estadísticos, platos, platos por metro, selectividad y resolución para cada pico. La anchura de pico, los platos, los platos por metro, la selectividad y la resolución se calculan con los métodos de anchura verdadera a media altura, 5 sigma, tangente y cola (si desea obtener más información consulte *Performance Test Definitions* en la Reference Guide).

La cabecera comprende toda la información relevante del método, como instrumento, columna/capilar, muestra y parámetros de adquisición, así como un gráfico de la señal. Se puede consultar una lista completa de los algoritmos de parámetros de rendimiento de pico en *Performance Test Definitions* en la Reference Guide.

Los estilos de informe espectrales (**Short + Spectrum, Detail + Spectrum, Performance + Library Search**) se describen en *Understanding Your Spectra Module*.

### **Añadir un informe personalizado a los estilos de informe**

Es posible añadir a la lista de estilos de informes disponibles una plantilla de informe personalizada creada en la vista Report Layout de ChemStation.

#### **NOTA**

Todos los informes, excepto los Performance Reports, enumeran las anchuras de picos calculadas con una fórmula más compleja por medio del integrador (para conocer más detalles sobre el cálculo de la anchura del pico consulte *Peak Width* en la Reference Guide).

## **Otros parámetros de estilo del informe**

### **Tabla de picos sumados**

Cuando se genera el informe, ChemStation utiliza la tabla de suma de picos para generar un informe que se imprime tras los cálculos del informe estándar.

### **Diseño del informe de picos no calibrados**

Para cambiar el diseño del informe de picos no calibrados elija una opción de las siguientes en el cuadro de diálogo Especificar informe.

- Informar por separado de los picos no calibrados en una tabla diferente si se selecciona la clasificación por retención/migración, o tablas separadas si se selecciona la clasificación por señal.
- Con la opción Picos calibrados puede informar de los picos no calibrados junto con los picos calibrados.
- Utilice Sin informe para eliminar del informe los picos no calibrados.

## Elaboración de informes de resumen de secuencias

### Introducción

ChemStation puede imprimir una variedad de informes estándar para análisis de muestras individuales. La elaboración de informes de resumen de secuencias es una forma adicional de elaborar informes que le permite calcular e informar los parámetros de un número de análisis diferentes. Es útil, por ejemplo, para comprobar la estabilidad de un instrumento o la robustez de un método nuevo.

Un informe de resumen de secuencias incluye:

- una página de título,
- la configuración del instrumento, incluyendo los números de revisión del instrumento y detalles acerca de la columna analítica/capilar empleada,
- las listas de tablas de secuencia que describen lo que debería haber hecho la secuencia automatizada de análisis,
- descripciones del libro de registros de lo que hizo realmente la secuencia y de los resultados inesperados que ocurrieron en la secuencia,
- listas de métodos,
- informes individuales para cada muestra,
- estadísticas de los análisis basadas en los criterios seleccionados (*sólo se calculan las estadísticas de los compuestos calibrados*) y
- una tabla de contenidos con las referencias de números de página a las secciones detalladas del informe.

### Configuración de un informe de resumen de secuencias

Cuando se configura un informe de resumen de secuencias, es posible seleccionar una combinación de las nueve categorías siguientes activando las casillas de verificación correspondientes y, si lo cree conveniente, seleccionando un estilo para el informe de las plantillas existentes. Cada plantilla tiene unos contenidos y diseño diferentes de las distintas secciones del informe de resumen de secuencias entero.

Puede elegir cualquiera de los siguientes estilos para el informe de resumen de secuencias:

#### One Page Header

La plantilla GLP imprime GLP en letras grandes como una página de título para el informe siguiente. Se incluye la fecha y se destina un lugar para la firma.

### Configuration

Seleccione **Configuration** si desea incluir la configuración del instrumento y las especificaciones de la columna analítica/capilar en el informe.

### Sequence Table

Seleccione **Sequence Table** para incluir una lista de las secuencias, parámetros de cuantificación de muestras y nombres de los métodos en el informe. La lista muestra los análisis efectuados por el sistema.

### Logbook

Seleccione **Logbook** para obtener una lista de los análisis que ha realizado el sistema, incluyendo las condiciones del instrumento y los eventos inusuales que ocurrieron mientras se analizaban las muestras.

### Methods

Seleccione **Methods** para realizar una lista de todos los métodos analíticos que se utilizaron en la serie de análisis automatizados.

### Analysis Reports

Seleccione **Analysis Reports** para obtener los informes de los análisis en función del estilo de informe configurado para el método.

Los informes de análisis individuales pueden imprimirse después de cada análisis según el estilo de informe que especificó para el método en cuestión y las secciones de informe especificadas en **Sequence Summary Reporting**. Consulte "Salida de secuencias" a continuación.

### Statistics for Calibrated and Sample Runs

Al seleccionar Estadísticas de análisis de calibración se crearán análisis de tendencias estadísticas de las muestras de calibración. Al seleccionar **Statistics** de análisis de muestras, se crearán análisis de tendencias estadísticas de las muestras de análisis (especies desconocidas). Ambas selecciones disponen de estilos de plantilla de Estadística estándar y Estadística ampliada. **Extended Statistics** imprime las estadísticas de los análisis como gráficos, mientras que si selecciona **Standard Statistics** se imprime sólo el texto. Las selecciones que realice en los cuadros de diálogo **Items and Limits for Extended Statistics** se utilizan sólo cuando elija la opción **Extended Statistic** en el cuadro de diálogo **Sequence Summary Parameters**.

Si elige la opción **Standard Statistic** en el cuadro de diálogo **Sequence Summary Parameters**, las estadísticas que aparecen en el informe son:

- tiempo de retención/migración,
- área,
- altura,
- cantidad,
- anchura de pico (basada en el estilo del informe, consulte “Estilos de informe” en la página 203)
- y simetría.

El cálculo de estadísticas no distingue entre niveles de calibración diferentes en una secuencia que utiliza métodos de calibración multinivel. Esto significa que las opciones dependientes de la concentración como, por ejemplo, el área, la altura o la cantidad (consulte el cuadro de diálogo Elementos y Límites de estadística ampliada) se analizan en conjunto, independientemente del nivel de calibración. Los valores de las **Statistics for Calibration Runs** no son útiles para los métodos de calibración multinivel en secuencias.

### Resumen

La selección **Summary** imprimirá una visión general de la serie de muestras analizada y de los métodos utilizados. Si se selecciona la opción Resumen junto con otras selecciones de resumen de secuencias, se incluirán los números de página con información de otras partes del informe de resumen de secuencias. Hay dos estilos de resumen disponibles:

La información tabulada del **Sample Summary** de los análisis de las muestras de la secuencia, con alguna información acerca de las muestras, como el nombre de la muestra, el nombre del fichero de datos, el método y el número de vial.

La información de **Compound Summary** tabula los análisis de muestras con los resultados de cuantificación básicos de cada compuesto calibrado o de cada pico, dependiendo del tipo de informe que se especifique en el método.

### Salida de secuencias

En el cuadro de diálogo **Sequence Output** puede definir dónde se debería imprimir el informe de resumen de secuencias.

Seleccione **Report to file** e introduzca el nombre del fichero para imprimir el informe en el fichero seleccionado. Por defecto, los datos se guardan en el fichero GLPrprt.txt. En sistemas GC con inyección dual los datos se guardan en GLPrptF.txt y GLPrptB.txt, para el inyector delantero y el inyector trasero respectivamente.

Seleccione **Report to PDF** para guardar el informe como un documento PDF. El informe se guardará en la carpeta de secuencias con el nombre GLPrprt.pdf.

Seleccione **Report to HTM** para imprimir el informe en formato HTML. El informe se guarda en un directorio HTM en el subdirectorío de datos o en el directorío del contenedor de secuencias. El informe HTML se compone de un fichero de índice (index.htm) y, al menos, otros dos ficheros: un fichero de contenido (contents.htm) y un fichero GIF (Graphics Interchange Format) para cada página del informe (p. ej. page1.gif). Para ver el informe html, abra el fichero de índice con el navegador.

Seleccione **Report to printer** para imprimir el informe en la impresora del sistema. Al imprimir uno por uno los informes de los análisis se activa también la impresión de los informes de muestras de cada análisis. Estos informes se imprimen junto con los especificados en el informe de resumen de secuencias que se crean al final de la secuencia entera. Puede especificar un destino nuevo para esos informes en el cuadro de diálogo **Sequence Output** o utilizar el destino especificado en los métodos.

## Formatos de archivo de los informes

Los informes se pueden guardar en diferentes formatos. Cada formato tiene una extensión concreta. Es posible seleccionar más de un formato para un mismo informe.

- .TXT** El texto del informe se imprime como fichero de texto UNICODE.
- .EMF** Los gráficos de los informes (curvas de señales o de calibración) se guardan en un metafichero de Microsoft Windows (WMF). Puede haber más de un fichero .WMF para un informe. El formato del fichero generado es el formato estándar de metaficheros de Microsoft tal y como se define en la documentación de desarrollo de software de Windows. Estos ficheros son compatibles con el formato APM (Aldus Placeable Metafile) que utilizan muchos paquetes de software patentados.
- .DIF** Los datos del informe tabulado se guardan en el formato de intercambio de datos (DIF). Los programas de hojas de cálculo utilizan este formato como, por ejemplo, Microsoft Windows EXCEL. Independientemente del estilo de informe que seleccione, sólo se guardará la información contenida en el informe tipo Breve.

### NOTA

Los informes de rendimiento no permiten generar ficheros DIF.

**.CSV** El informe se presenta en el formato de valores separados por comas (CSV). Es un formato muy sencillo para datos tabulados, que muchos programas de hojas de cálculo y bases de datos aceptan. Independientemente del estilo de informe que seleccione, sólo se guardará la información contenida en el informe tipo Breve.

Puede haber varios ficheros .DIF y .CSV para un único informe. Para cada bloque de informes, el primer fichero, por ejemplo REPORT00.CSV, contendrá información de la cabecera del informe. Los siguientes ficheros contendrán los resultados tabulados.

Si los resultados se clasifican por el tiempo de retención/migración, sólo se requiere un fichero para la tabla completa, por ejemplo, REPORT01.CSV.

Si se clasifican los resultados por señal, se requiere una tabla diferente para cada señal. En este caso, los nombres asignados a los ficheros son Report01.CSV hasta ReportNN.CSV, donde NN es el número de la señal.

**NOTA**

Los informes de rendimiento no permiten generar ficheros CSV.

**.XLSX** El informe se transfiere a una hoja de cálculo de Microsoft Excel en formato XLSX. Los datos, por lo general, requieren procesamiento adicional.

**.PDF** El informe se imprime en un fichero .pdf. Mientras haya una sesión de ChemStation activa, aparecerá una impresora ChemStation PDF en el menú **Start Menu/Device and Printers**. La opción **Unique pdf file name** le permite almacenar los informes .pdf de forma independiente a los informes, con los nombres de fichero <nombre\_contenedor\_secuencia>\_<nombre\_fichero\_datos>.pdf.

## 9

# Funciones y conceptos específicos de CE

Funciones específicas de CE de la Agilent ChemStation en la vista Method and Run Control 212

Vial Table 212

Tabla de conflictos del método 213

Tabla de conflictos de secuencias 214

Tipo superior del pico 215

Tipos de calibración 216

Calibraciones basadas en el tiempo de migración 217

Calibración con corrección de la movilidad 217

CE-MS 219

Sustracción de fondo 219

Subdirectorios del método para modos CE diferentes 220

Este capítulo es importante únicamente si se utiliza ChemStation para controlar instrumentos de CE.

## Funciones específicas de CE de la Agilent ChemStation en la vista Method and Run Control

### Vial Table

#### NOTA

La función **Vial Table** se encuentra disponible únicamente en la sesión en línea ChemStation.

La **Vial Table** es una tabla que asocia los viales en la bandeja con muestras y, lo que es más importante, con viales con fines específicos como tampones, viales a nivel, viales de tubos limpios y residuos. La **Vial Table** está enlazada con la Sequence Table. Cuando se ha cargado una secuencia, la información de la Sequence Table se copia en la Vial Table. No obstante, las entradas de la Vial Table no se transfieren a la Sequence Table. Cuando se pulsa el botón **Vial Table Advanced Settings** en la **Advanced**, se muestra el cuadro de diálogo **Vial Table**. Esto permite habilitar las advertencias de conflictos entre la **Vial Table**, el método o secuencia y el uso de nombres simbólicos. Hay que marcar **Enable vial table checks and warnings** para comprobar los conflictos entre la **Vial Table** y el método y la secuencia.

Cuando se carga un método o una secuencia, se comprueba la concordancia entre las ubicaciones de los viales en la **Vial Table** y en el método o la secuencia. Si hay conflictos de viales, se pueden resolver rápidamente con las tablas de **Conflict**.

#### NOTA

La posición 49 en la bandeja de viales se utiliza para el vial de lavado de agujas y la posición 50 está vacía a la izquierda para permitir la subida de viales a su sitio. Las posiciones no están disponibles en la **Vial Table**.

La columna **Used in** de la Vial Table permite utilizar el vial que se especifique. Hay cinco entradas válidas en los campos **Used in**:

- Don't Care** No se comprueba la concordancia.
- Method** En el método se informa del vial.
- Sequence** En la Sequence Table se informa del vial.

**System** Es un vial especial de la configuración del sistema. En **Name** debe introducirse uno de los nombres simbólicos siguientes:

- **@INLET** para el vial de entrada
- **@OUTLET** para el vial de salida
- **@FLUSH** para el vial a nivel
- **@WASTE** para el vial de residuos
- **@clean tubes** para el vial empleado para limpiar los tubos de reabastecimiento
- **@USER X** (donde X puede ser de 1 a 10) para el marcador de posición de secuencias

Con esta opción se pueden especificar los números de viales diferentes para los nombres simbólicos que se utilizan en el método. Esto permite al usuario especificar los diferentes viales en Inlet Home, Outlet Home, Replenishment, Preconditioning, Postconditioning, etc. para cada línea de la secuencia.

**Not Used** No hay vial en esta posición

## Tabla de conflictos del método

La **Method Conflict Table** se muestra cuando se carga un método con viales definidos que entran en conflicto con los viales definidos en la tabla de viales. La **Method Conflict Table** está dividida en dos mitades; la izquierda contiene una imagen de la **Vial Table** y la derecha muestra los viales en conflicto.

Para resolver los conflictos puede seleccionar reemplazar (sólo una flecha) o ir hasta el vial del método hasta la posición libre siguiente en la **Vial Table** (doble flecha). Esto puede realizarse para cada vial en conflicto en la tabla.

Cuando se utilizan viales definidos por el usuario (con nombres simbólicos @User1, @User2, etc.), no se puede ejecutar el test de conflictos en dichos viales porque sin la información de la secuencia no se puede decidir si un conflicto existe o no.

## Tabla de conflictos de secuencias

La **Sequence Conflict Table** se muestra cuando se configura o carga una secuencia con viales definidos que entran en conflicto con los viales definidos en la tabla de viales. La **Sequence Conflict Table** está dividida en dos mitades; la izquierda contiene una imagen de la **Vial Table** y la derecha muestra los viales en conflicto.

Para resolver los conflictos, puede seleccionar sobrescribir la información de la **Vial Table** con la información de la **Sequence Table**, pero si el conflicto se origina por una entrada al sistema no puede sobrescribirse. Puede seleccionar cerrar la **Sequence Conflict Table** sin resolver los conflictos.

Cuando se utilizan viales definidos por el usuario (en las columnas User1, User2, etc.) no se puede ejecutar el test de conflictos en estos viales, porque sin la información del método no se puede decidir si un conflicto existe o no.

## Tipo superior del pico

A diferencia de los picos de LC, GC y MS, es bastante normal que los picos de CE sean asimétricos. Por ello, es muy importante poder seleccionar los parámetros de integración que ofrecerán más precisión y reproducibilidad en los resultados de cuantificación.

Los diferentes tipos superiores de picos están disponibles cuando selecciona **Peak Top Type** en el menú desplegable **Integration**:

### Highest Point

- Se selecciona cuando el pico es triangular.
- Se selecciona cuando se trabaja con diferentes concentraciones.

### Parabolic Interpolation

- Se utiliza para colas, picos sin separar.

### Center of Gravity

- Ofrece cálculos más aproximados con picos triangulares.
- Muestras con concentraciones similares.

### Gauss Fit

- Se utiliza para picos simétricos.

## Tipos de calibración

La calibración estándar se basa en el área de pico o en la altura de pico. Cuando selecciona **Standard Calibration** puede seleccionar **Calculate Signals Separately** o bien **Calculate with Corrected Areas**.

La opción Calcular señales por separado se selecciona cuando se quiere asegurar que, en el cálculo de informes Norm%, el porcentaje de las señales informadas por separado suma el 100 % para cada señal. Cuando se deselecciona **Calculate signals separately**, es el porcentaje de todas las señales el que suma el 100 %. Para clasificar por señal en la tabla de calibración es necesario seleccionar antes **Calculate signals separately**.

Seleccione **Calculate with Corrected Areas** para corregir el área de pico en base al tiempo de migración. En este modo, el área se divide por el tiempo de la migración que mejora la reproducibilidad de los análisis cuantitativos cuando los tiempos de migración no son estables.

Además de la calibración estándar, hay tres calibraciones específicas de electroforesis capilar que son monoseñal en base al tiempo de migración.

Los siguientes tipos de calibración están disponibles en la lista desplegable de la tabla de calibraciones:

- **Standard Calibration**
- **Protein Molecular Weight Calibration**
- **DNA Base-Pair Calibration**
- **Capillary Isoelectric Focusing Calibration**

Para obtener más información referente a las calibraciones específicas de electroforesis capilar, consulte la guía *OpenLab ChemStation Data Analysis Reference* (CDS\_CS\_Reference.pdf).

## Calibraciones basadas en el tiempo de migración

Utilización de las calibraciones basadas en el tiempo de migración en una secuencia

Las calibraciones y las recalibraciones basadas en el tiempo de migración pueden incluirse en una secuencia, pero sólo se soportan las calibraciones explícitas y recalibraciones cíclicas, mientras que la recalibración en grupo no. No hay informe del sumario de secuencias con las calibraciones basadas en el tiempo de migración.

Estilos de informes de calibraciones basadas en el tiempo de migración

Los estilos de informe disponibles para calibraciones basadas en el tiempo de migración se limitan a **Short** (breve: resultados de texto cuantitativos) y **Full** (completo: título, información de la muestra, condiciones del instrumento, libro de registro, resultados cuantitativos y gráfico de pureza del pico).

## Calibración con corrección de la movilidad

Cambios ligeros en la composición del tampón, la temperatura de análisis o la viscosidad, así como la absorción en la pared del capilar, pueden influir en el flujo electro-osmótico (EOF) y hacerlo inestable. El cambio resultante en EOF puede crear una desviación estándar alta de los tiempos de migración. Las correcciones por movilidad pueden reducir de manera significativa el efecto de las variaciones de tiempo de migración entre análisis, monitorizando el tiempo de migración de un pico de referencia de la movilidad y aumentando a su vez en gran medida la reproducibilidad del tiempo de migración.

El pico de referencia de la movilidad debería elegirse con las siguientes prioridades:

- Seleccione el pico con la señal más alta.
- Seleccione el pico más aislado.
- El marcador EOF o el estándar interno pueden utilizarse también como pico de referencia de la movilidad.
- Agrande la ventana de búsqueda para encontrar siempre el pico de referencia de la movilidad.
- Si aparecen varios picos en la ventana de búsqueda, el pico con más señal se escoge de forma automática como pico de referencia de la movilidad.

Hay dos tipos de corrección de la movilidad disponibles:

**Effective  
Mobility  
Correction**

La **Effective Mobility Correction** utiliza las movilidades efectivas de todos los picos y requiere la disponibilidad de los datos de la curva de voltaje con el electroferograma. Además, cuando se trabaja con la corrección de la movilidad efectiva, se pueden determinar las movilidades efectivas verdaderas de todos los componentes de la muestra.

**Relative  
Mobility  
Correction**

La **Relative Mobility Correction** funciona aun sin disponer de datos de voltaje y asume en este caso un voltaje constante en todas las mediciones.

## CE-MS

## Sustracción de fondo

Al seleccionar el elemento de menú **Subtract Background** (BSB), el último espectro de masas que se haya seleccionado se sustraerá de cada punto del electroferograma actual. Los datos resultantes se guardarán en el mismo directorio y con el mismo nombre que el archivo de datos original; sin embargo, la extensión del archivo se cambiará a .BSB.

El nuevo archivo de datos pasará a ser el archivo de datos actual y se mostrará el electroferograma con sustracción de fondo. En la parte del operador del encabezado del archivo de datos se registrará el número de sustracciones de fondo que se hayan realizado.

Si visualiza los datos BSB en forma de listado tabular, puede observar diferencias debido a la precisión de la representación de datos.

**NOTA**

Los archivos de texto de ayuda (HELP) del sistema LC/MS hacen referencia exclusivamente a los parámetros de LC, no a los de CE. Algunas funciones disponibles en el software LC/MS tampoco estarán disponibles o no podrán utilizarse para aplicaciones CE/MS, pero sí para aplicaciones LC. La función de **peak matching** no puede utilizarse para aplicaciones CE-MS; por tanto, no estará activa. En las aplicaciones CE-MS, la detección UV y MS se produce a diferentes longitudes efectivas del capilar de separación. Debido a las diferencias de resolución a distintas longitudes efectivas, la asignación de picos no resulta posible.

## Subdirectorios del método para modos CE diferentes

Los métodos en CE dependen del modo CE seleccionado. Por tanto, se almacenan en subdirectorios diferentes en el subdirectorio de método:

- CE** Almacena métodos para el modo CE
- CEC** Almacena métodos para el modo CEC
- CEp** Almacena métodos para el modo de presión CE plus
- CEMS** Almacena métodos para el modo CE MS
- CEMSp** Almacena métodos para el modo de presión CE MS plus.

# Glosario UI

## A

### Acq Method

Método de adq.

### Acquisition Method Viewer

Visor del método de adquisición

### Acquisition Method Viewer...

Visor del método de adquisición...

### Acquisition Operator

Operador de adquisición

### Active Queue Options

opciones de la cola activa

### Add

Añadir

### Add Pause to Queue

Agregar pausa a cola

### ADExport for OpenLab

ADExport para OpenLab

### Advanced

Vial Table

### Always ask user to choose an option

Pedir al usuario que elija una opción

### Always run as a series of method runs

Ejecutar siempre como una serie de métodos individuales

### Always run as sequence

Ejecutar siempre como secuencia

### Analysis Method

Método de análisis

### Analysis Reports

Informes de análisis

### Append Lines

Anexar líneas

### Area%

% de área

### as Sequence

como secuencia

### as Series of Runs

como serie de análisis

### Automatic update for selected runs

Actualización automática de los análisis seleccionados

## B

### Back

Trasera

### Blank

En blanco

### Blocked

Bloquear

### Bracketing

Agrupada

### Bracketing/Cyclic

Agrupada/Cíclica

### Break Session Lock

Anular bloqueo de sesión

### Browse

Explorar

### Browse for methods in master paths

Examinar métodos en rutas maestras

### Browse for templates in master paths

Examinar plantillas en rutas maestras

## C

### Calculate signals separately

Calcular señales por separado

### Calculate Signals Separately

Calcular señales por separado

### Calculate with Corrected Areas

Calcular con áreas corregidas

### Calibration Interval

Intervalo de calibración

### Calibration Mode

Modo de calibración

### Capillary Isoelectric Focusing Calibration

Calibración del enfoque isoelectrico capilar

### Change Root...

Cambiar directorio raíz...

### ChemStation Administrator

Administrador ChemStation

### ChemStation Analyst

Analista ChemStation

### ChemStation Data Analysis

Análisis de datos de ChemStation

### ChemStation Lab Manager

Director de laboratorio ChemStation

### ChemStation Operator

ChemStation

### ChemStation:Security

ChemStation:Seguridad

### Choose Master Method to update

Seleccionar un método maestro para actualizar

### Close

Cerrar

### Collect fractions for re-injection

Recoger fracciones para volver a inyectarlas

### Column Chooser

Selector de columnas

### Command

Comando

### Command Line

Línea de comandos

### Command Scheduler

Planificador de comandos

### Compound Summary

Resumen de compuestos

### Computer name

Nombre del ordenador

### Configuration

Configuración

### Control Chart

Diagrama de control

### Convert sample locations to parking lot locations

Convertir las ubicaciones de las muestras en ubicaciones de estacionamiento

### Counter

Contador

### Create from existing sequence template

Crear a partir de una plantilla de secuencia existente

### Create from new sequence template

Crear a partir de una nueva plantilla de secuencia

### Create New Result Set

Crear nuevo conjunto de resultados

### Current date

Fecha actual

### Current time

Hora actual

### Custom Command Templates

Plantillas de comandos personalizados

### Custom Fields

Campos personalizados

### Cyclic

Cíclica

## D

### Data

Datos

### Data Analysis

Análisis de datos

### Data Analysis Navigation table

Tabla Navegación por el sistema de análisis de datos

### Data Analysis Task

Tarea de análisis de datos

### Date

Fecha

### Default Data File Name Pattern

Patrón de nombres de ficheros de datos predeterminado

### Delay Calibration Summary

Resumen de calibración del retardo

### Delete Lines

Eliminar líneas

### Delete temporary Sequence Template after completion

Borrar plantilla de secuencia temporal tras su finalización

### Description

Descripción

### Detail

Detallado

### Details

Detalles

### Device and Printers

/Dispositivos e impresoras

### Disconnect

Desconectar

### DNA Base-Pair Calibration

Calibración de pares de bases de ADN

### Do once

Una vez

### Download method to instrument

Descargar método al instrumento

### Dual Simultaneous Injections

Inyecciones simultáneas dobles

## E

### Easy Sequence

Secuencia sencilla

### Easy Sequence Setup

Configuración de Easy Sequence

### Edit Selection...

Editar selección...

### Edit sequence summary

Editar resumen de secuencia

### Edit...

Editar...

### Effective Mobility Correction

Corrección de la movilidad efectiva

### ESTD%

% ESTD

### Evaluate Delay Calibration Data

Evaluar los datos de calibración del retardo

### Exit

Salir

### Extended

Ampliado

### Extended Statistic

Estadística ampliada

### Extended Statistics

Estadística ampliada

## F

### File

Fichero

### File Information

Información del fichero

### Filldown

Rellenar hacia abajo

### Filldown Options

Opciones de la función  
Rellenar hacia abajo

### Filter Options

Opciones de filtrado

### Finish Queue Sequence

Finalizar puesta en cola de  
secuencia

### Force Shutdown

Apagado forzado

### Fraction Collector (Start Position)

Colector de fracciones  
(posición de inicio)

### Front

Frontal

### Full

Completo

### Full method update during sequence acquisition (instrument and data analysis parameters)

Actualización completa de  
métodos durante la secuencia  
de adquisición (parámetros de  
análisis de instrumentos y  
datos)

## G

### General Info

Información general

## H

### Header

Cabecera

### Height%

% de altura

### History Queue

Historial de cola

## I

### Import Sample Container Type

Importar tipo de contenedor de  
muestras

### Injector Location

Ubicación del inyector

### Insert Line

Insertar línea

### Insert/Filldown Wizard

Asistente para insertar/rellenar  
hacia abajo

### Instrument

Instrumento

### Instrument Administration

Administración del  
instrumento

### Instrument Control

Control instrumental

### Instrument curves

Curvas del instrumento

### Instrument Data

Datos del instrumento

### Instrument name

Nombre del instrumento

### Instrument types

Tipos de instrumento

### Instruments

Instrumentos

### Items and Limits for Extended Statistics

Elementos y Límites de  
estadística ampliada

## L

### Library Search

Búsqueda en librería

### Load Easy Sequence Setup

Cargar configuración de Easy  
Sequence

### Logbook

Libro de registro

## M

### Manage Rules and Alerts...

Administrar reglas y alertas...

### Manual update ...

Actualización manual ...

### Menu

Menú

### Messages and warnings

Mensajes y advertencias

### Method

Método

### Method and Run Control

Método y control de análisis

### Method Conflict Table

Tabla de conflictos del método

### Method Resolution Info

Información de resolución del  
método

### Methods

Métodos

## N

### Name Pattern

Convención de nombre

### New

Nuevo

### New method from instrument

Nuevo método desde el  
instrumento

### Noise

Ruido

### None

Ninguno

### Norm%

% Norm

## O

### OK

Aceptar

### One Page Header

Una página de cabecera

### Open

Abrir

### Open Windows Explorer...

Abrir el Explorador de Windows...

### OpenLab Control Panel

Panel de control de OpenLab

### operator

operador

### Operator chooses the execution mode

El operador elige el modo de ejecución

### Options

Opciones

## P

### Part of method to run

Parte del método a analizar

### Partial Sequence

Secuencia parcial

### Path

Ruta

### Paths

Rutas

### Paused

Poner en pausa

### peak matching

asignación de picos

### Perform Delay Calibration Run

Realizar análisis de calibración del retardo

### Performance

Rendimiento

### Post-Sequence command/macro

Comando/macro posterior a la secuencia

### Preferences

Preferencias

### Print

Imprimir

### Printer

Impresora

### Protein Molecular Weight Calibration

Calibración del peso molecular de la proteína

### Purify

Purificar

## Q

### Queue Command...

Comando de la cola...

### Queue Method

Poner método en cola

### Queue Method...

Poner método en cola...

### Queue Planner

Planificador de colas

### Queue Planner...

Planificador de colas...

### Queue Sequence...

Poner secuencia en cola...

## R

### Read Bar Codes

Leer códigos de barras

### Recalculate With Method

Recalcular con el método

### Relative Mobility Correction

Corrección de la movilidad relativa

### Remove

Quitar

### Replicate Number

Número de réplica

### Report

Informe

### Report Layout

Diseño del informe

### Report to file

Informe en fichero

### Report to HTM

Informe en HTM

### Report to PDF

Informe en PDF

### Report to printer

Informe a impresora

### reprocess

Reprocesar

### Reprocess

Reprocesar

### Reprocess Only

Solo reprocesar

### Restore initial order

Restaurar orden inicial

### result set

Conjunto de resultados

### Result Set

Conjunto de resultados

### Result Set Migration

Migración de conjunto de resultados

### Resumed

Reanudar

### Review

Revisión

### Run Control

Control de análisis

### Run Method

Ejecutar método

### Run Queue

Cola de análisis

### Run Sequence

Ejecutar secuencia

### Run Time Checklist

Lista de control del tiempo de análisis

### Run Time Checklist...

Lista de control del tiempo de análisis...

### RunControl

Control de análisis

## S

### Sample entry

Introducción de muestras

### Sample Entry

Introducción de muestras

### Sample Info

Información de muestra

### Sample List

Lista de muestras

### Sample Location

Ubicación de la muestra

### Sample Name

Nombre de la muestra

### Sample Operator

Operador de muestras

### Sample Summary

Resumen de muestras

### Sample Type

Tipo de muestra

### Samples

Muestras

### Save

Guardar

### Save As

Guardar como

### Save as New Master Method

Guardar como nuevo método maestro

### Save method changes

Guardar los cambios del método

### Save method with Data

Guardar método con datos

### Screen

Pantalla

### Select Destination

Seleccionar destino

### Select Method Path

Seleccionar ruta de método

### Select Sequence Template

Seleccionar plantilla de secuencia

### Select Source

Seleccionar origen

### Selection Properties

Propiedades de selección

### Sequence

Secuencia

### Sequence Conflict Table

Tabla de conflictos de secuencias

### Sequence Diagram

Diagrama de secuencia

### Sequence Execution Mode

Modo de ejecución de la secuencia

### Sequence Line

Línea de secuencia

### Sequence Method

Método de la secuencia

### sequence methods

Métodos de secuencia

### Sequence name

Nombre de la secuencia

### Sequence Output

Salida de secuencias

### Sequence Parameters

Parámetros de la secuencia

### Sequence Preview

Vista previa de la secuencia

### Sequence Summary Parameters

Parámetros del resumen de secuencias

### Sequence Summary Reporting

Informes de resumen de secuencias

### Sequence Table

Tabla de secuencia

### Set up Custom Command Template ...

Configurar plantilla de comandos personalizados...

### Short

Breve

### Shutdown

Apagado

### Signal

Señal

### Signal/Review options

Opciones de señal/revisión

### Signal/Review Options

Opciones de señal/revisión

### Simple Calibration

Calibración simple

### Single Injection

Single Injection Report

### Specify Report

Especificar informe

### Spectrum

Espectro

### Standard Calibration

Calibración estándar

### Standard Statistic

Estadística estándar

### Standard Statistics

Estadísticas estándar

### Start

Inicio

### Start Menu

Inicio

### Statistics

Estadísticas

### Statistics for Calibrated and Sample Runs

Estadísticas de análisis calibrados y de muestras

### Statistics for Calibration Runs

Estadísticas de análisis de calibración

### Status

Estado

### Subtract Background

Sustracción de fondo

### Summary

Resumen

### System Diagram

Diagrama del sistema

## T

### Take over ChemStation Remote Session

Tomar control de la sesión remota de ChemStation

### Target Mass

Masa objetivo

### Time

Tiempo

## U

### Unique Folder Creation OFF

Creación de carpeta única desactivada

### Unique pdf file name

Nombre de fichero pdf único

### Unload Current Dataset

Descargar conjunto de datos actual

### Update any Master Method ...

Actualizar cualquier método maestro ...

### Update Calibration

Actualizar calibración

### Update data analysis parameters only

Solo actualizar los parámetros de análisis de datos

### Update Master Method

Actualizar método maestro

### Update Methods

Actualizar métodos

### Update Methods...

Actualizar métodos...

### Upload method from instrument

Cargar método desde el instrumento

### Use current method

Usar método actual

### Use method from data file

Usar método del fichero de datos

### Use reference

Usar referencia

### Use sequence method

Usar método de secuencia

### used by

usado por

### User name

Nombre del usuario

## V

### Vial Table

Vial Table Advanced Settings

### Vial Table Advanced Settings

Advanced

### View

Visualización

### View ACQ Method

Visor del método de ACQ

### View Method

Ver método

### View Report File

Ver fichero de informe

### View saved Report File(s)

Ver fichero(s) de informe guardado(s)

### View Saved Report File(s)

Ver fichero(s) de informe guardado(s)

### View Saved Sequence Summary Report File(s)

Ver fichero(s) de informe resumen de secuencia guardado(s)

### View Summary Report File

Ver fichero de informe resumen

### View with Instrument Configuration...

Ver con la configuración del instrumento...

### View with Original Configuration...

Ver con la configuración original...

## En este manual

Esta guía describe diversos conceptos de Agilent OpenLab ChemStation. El objetivo es ampliar su comprensión sobre el funcionamiento de ChemStation. Contiene información sobre los siguientes temas:

- Conceptos básicos
- Adquisición de datos
- Automatización/secuencias
- Control del análisis
- Conceptos de análisis y revisión de datos
- Calibración
- Elaboración de informes
- Funciones y conceptos específicos de CE

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

© Agilent Technologies Inc. 2010-2025  
Edición: 04/2025

N.º doc.: D0013748es Rev. B

