



Agilent 7250 GC/Q-TOF

УВИДЕТЬ ПОЛНУЮ КАРТИНУ



Agilent Technologies

УВИДЕТЬ ПОЛНУЮ КАРТИНУ

Новый Agilent 7250 GC/Q-TOF — это лучшее решение для всех ваших ГХ-МС задач, как аналитических, так и исследовательских. Возможность уверенно определить, что и в каких концентрациях присутствует в вашем образце, позволяет увидеть полную картину, сделать выводы и принимать верные решения. Компания Agilent дает вам эту уверенность полного цикла ГХ-МС анализа, предлагая газовый хромато-масс-спектрометр высокого разрешения Agilent 7250 GC/Q-TOF и универсальный программный комплекс MassHunter.

Больше — это меньше

От рутинных скрининговых задач до лабораторий, сконцентрированных на уникальных открытиях — ваши ГХ-МС задачи требуют только лучшего. От сложных метаболомных исследований до поиска пестицидов в сложных матрицах, от исследования состава растительных экстрактов до контроля примесей в химическом сырье — современные приборы должны соответствовать все более сложным задачам, которые стоят перед учеными. Разработанный для наилучшей производительности в реальных ГХ-МС задачах, собранный для максимальной эксплуатационной надежности в условиях лаборатории новый Agilent 7250 GC/Q-TOF дает именно то, что вам нужно: постоянно лучшие результаты, постоянно.

Революционный «все в одном» GC/Q-TOF дает вам возможность достигать большего.

Agilent 7250 GC/Q-TOF дает вам БОЛЬШЕ:	Чтобы у вас было МЕНЬШЕ:
Чувствительности	Беспокойства о будущих нормативах
Точности количественного анализа	Неуверенности в своих результатах
Возможности для исследования	Неизвестных соединений
Упрощенных спектров	Времени, потраченного на обработку результатов
Воспроизводимости	Неоднозначных повторов

«Оборудование Agilent отлично подходит для нашей лаборатории по трем причинам: оно надежное, точное и простое в использовании».

– МАЙК ТУРМАН (MIKE THURMAN), PHD, ЦЕНТР МАСС-СПЕКТРОМЕТРИИ ОКРУЖАЮЩЕЙ СРЕДЫ, УНИВЕРСИТЕТ КОЛОРАДО

Доверьтесь экспертам

Уже более сорока лет Agilent помогает различным лабораториям удовлетворять все более жесткие требования к масс-спектрометрии. Все более сложные аналитические задачи требуют новых методов и новых подходов, и компания Agilent снова отвечает на вызов. Новый Agilent 7250 GC/Q-TOF создан, чтобы предложить наилучшие результаты во всем диапазоне анализов и решать самые сложные ГХ-МС задачи.

Это новейший и самый совершенный газовый хроматограф с квадрупольно-времяпролетным масс-детектором высокого разрешения в линейке масс-спектрометров Agilent. Он позволяет анализировать практически любые молекулы и элементы. Решения в области масс-спектрометрии Agilent являются итогом непрерывной 40-летней деятельности в области инноваций. Результат — аналитическая система, устанавливающая стандарты надежности, гибкости и исключительных характеристик производительности.

Идентифицировать. Посчитать количественно. Упростить. Увидеть полную картину с Agilent 7250 GC/Q-TOF.



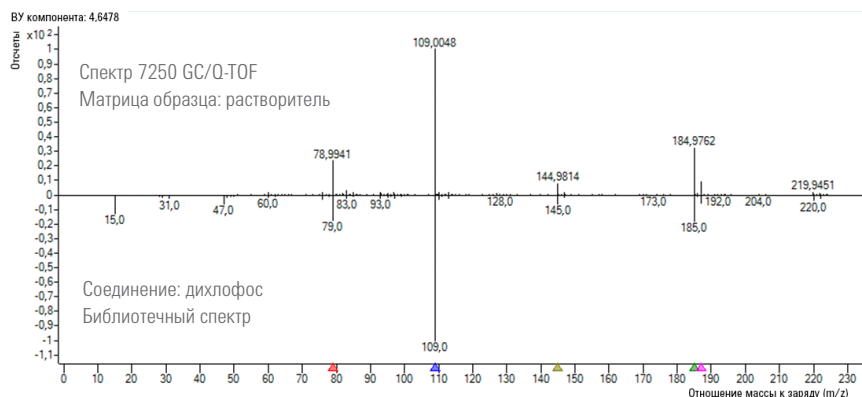
УВЕРЕННОЕ ОПРЕДЕЛЕНИЕ

Невозможность увидеть полную картину состава образца может сильно повлиять на ваши исследования, разработки или контроль качества. Настоящую уверенность дают опыт и возможности. Опыт компании Agilent в ГХ-МС не имеет себе равных, а аналитическое совершенство системы 7250 GC/Q-TOF и MassHunter дают платформе уникальные возможности идентификации соединений.

- **Спектры библиотечного качества** — неискаженные точные спектры обеспечивают уверенный поиск соединений в коммерческих библиотеках.
- **Точный анализ изотопных вариаций** — сохраняет изотопный состав и позволяет с большей надежностью определить молекулярную формулу.
- **Широкий динамический диапазон спектра** — уверенное определение следовых количеств аналитов даже в присутствии большого количества совместно элюирующихся примесей.
- **Уточнение структуры** — МС-МС спектры с высоким разрешением, точные спектры вторичных ионов могут дать информацию о структуре, увеличить селективность и помочь нивелировать влияние матрицы.

Поиск в библиотеках

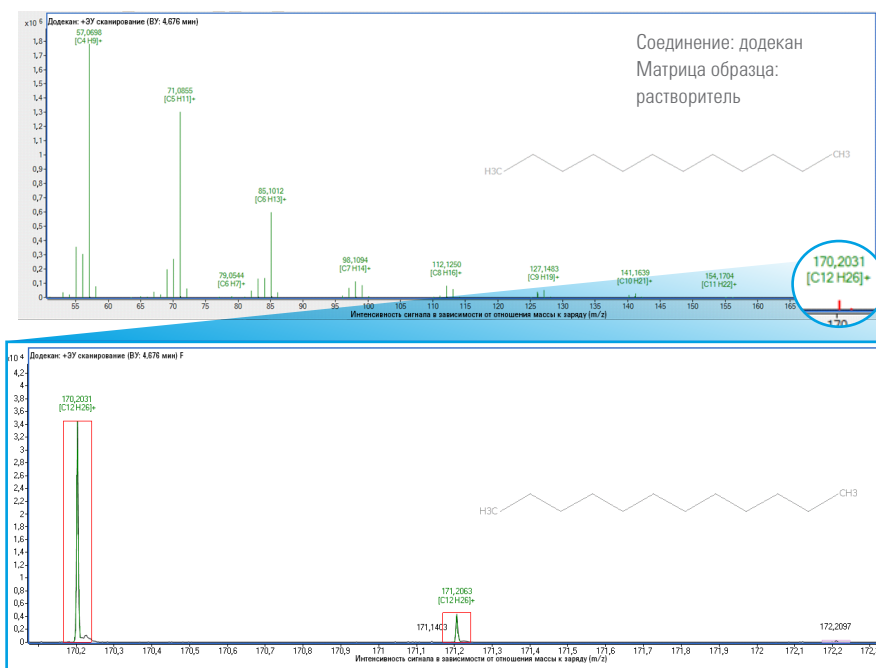
Простой поиск соединений в коммерчески доступных библиотеках спектров. Точно соответствующая библиотечной фрагментация и снятие полного спектра делают 7250 GC/Q-TOF лучшей платформой для идентификации соединений методом ГХ-МС. Agilent 7250 GC/Q-TOF был создан для того, чтобы соответствовать высокому качеству спектров сотен тысяч сложных библиотечных спектров, большинство из которых были сняты с использованием квадрупольных ГХ-МС систем HP/Agilent. Масс-спектр дихлофоса, приведенный для примера, показывает великолепную точность воспроизведения спектра и определения масс.



Точный анализ изотопных вариаций

Для большей уверенности в идентификации соединения надо больше, чем просто высокая точность определения массы. Важно принимать во внимание и другие характеристики соединения, такие как изотопный состав.

Точный анализ изотопных вариаций легко визуализируется в модуле качественного анализа MassHunter, дополняет точное измерение масс и помогает увереннее идентифицировать соединение. 7250 GC/Q-TOF демонстрирует высокую изотопную точность даже для следовых количеств изотопов, как видно на этом спектре додекана с второстепенными пиками в M^+ кластерах.

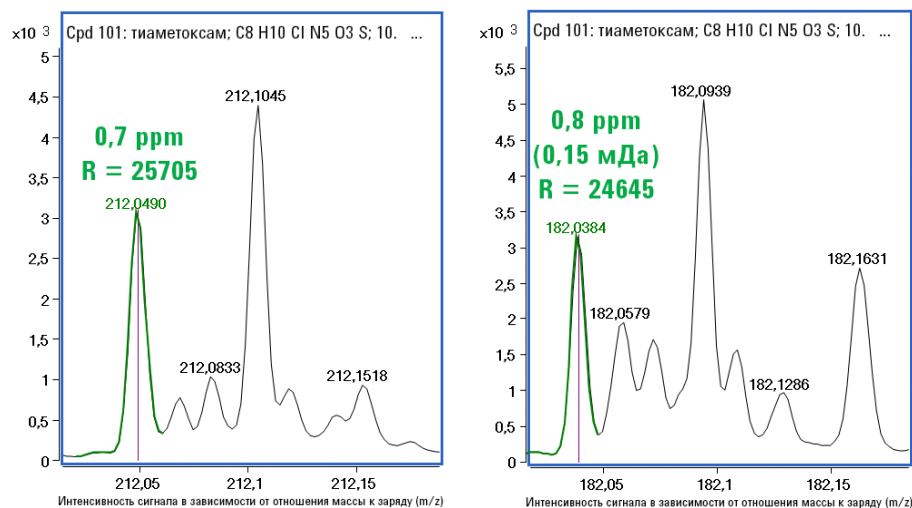


Высокое разрешение и точность определения массы

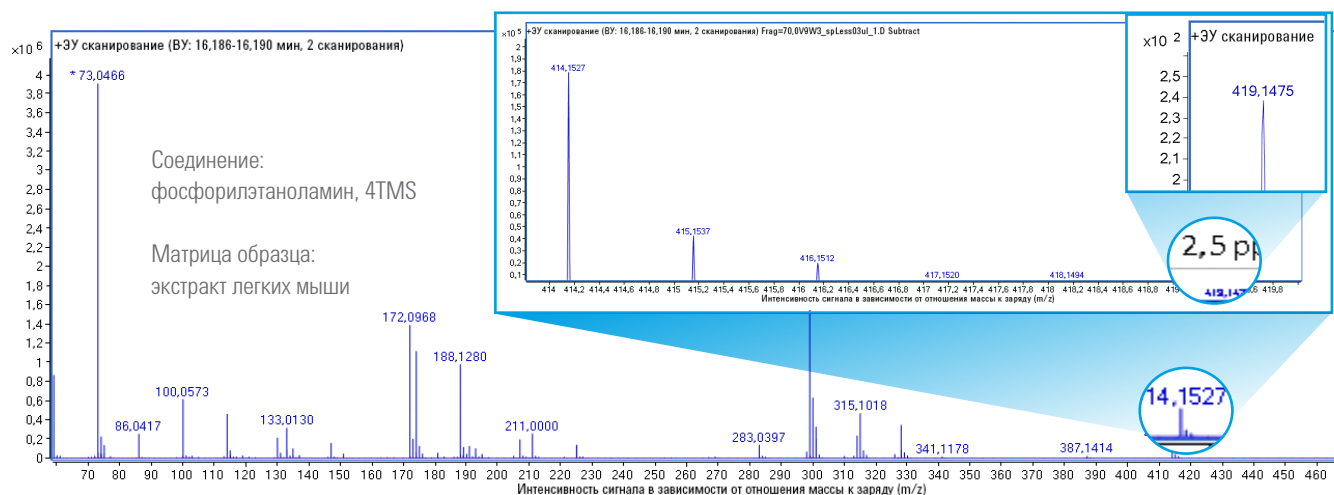
Высокое разрешение позволяет выделить сигнал определяемого вещества из помех. Но для максимальной эффективности это разрешение должно сохраняться в самых трудных условиях, таких как сложные матрицы и следовые количества определяемого вещества.

Приведенный пример демонстрирует подобный трудный сценарий при анализе инсектицида Тиаметоксама в концентрации 5 ppb в авокадо — сложной матрице со значительным фоновым сигналом. Даже в таких условиях характеристический масс-пик выделяется из фона с точностью, которая соответствует требованиям SANTE/11945/2015 для идентификации соединения.

Более того, эта точность достигается при любых скоростях считывания данных и в любом диапазоне масс. Agilent 7250 GC/Q-TOF дает максимальное разрешение и точность определения масс в самых сложных ГХ-МС анализах.



Широкий динамический диапазон спектра

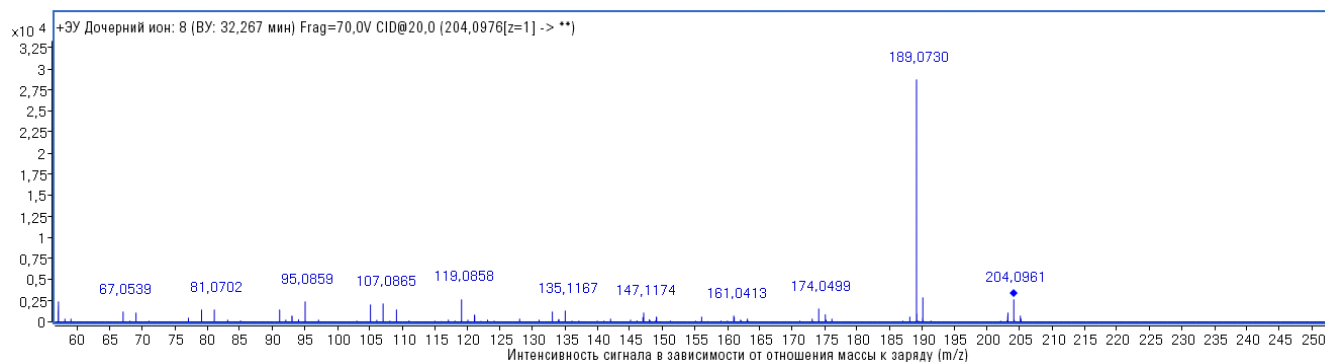


Широкий динамический диапазон спектра позволяет уверенно определять следовые количества аналитов даже при значительном фоновом сигнале или совместном элюировании других компонентов.

Даже в тяжелых матрицах 7250 GC/Q-TOF обычно дает динамический диапазон спектра в пределах четырех порядков. Приведенный пример демонстрирует диапазон $16\,000 \pm 1$ для известного соединения — фосфорилэтаноламина (4TMS) — в сложном биологическом образце — экстракте легких мыши.



Процесс ОМС



На основе МС-МС спектров ионов-продуктов предполагаемых молекулярных ионов мощное программное обеспечение Molecular Structure Correlator может предложить возможные структуры соединения и их вероятность исходя из данных об их фрагментах.

Для соединений с неизвестным составом и структурой можно сузить диапазон возможных формул.

C13H16S: 521985

Scores: 1
MFG=100.0 MSC=88.0 Overall=88.0

ChemSpider: [521985](#)

[More Info...](#)

[Fragment](#) [Choose](#)

C13H16S: 163486

Scores: 2
MFG=100.0 MSC=85.0 Overall=85.0

ChemSpider: [163486](#)

[More Info...](#)

[Fragment](#) [Choose](#)

C13H16S: 9184236

Scores: 3
MFG=100.0 MSC=76.7 Overall=76.7

ChemSpider: [9184236](#)

[More Info...](#)

[Fragment](#) [Choose](#)

	Mass	Intensity	Weight(%)	No. of candid.	Best score
1	189,0730	10352,75	63,5	2	98,9
2	119,0859	2749,10	6,7	4	89,0
3	105,0711	2336,48	4,4	2	96,5
4	105,0711	1610,96	4,4	2	96,5
5	119,0859	2749,10	6,7	4	89,0
6	175,0574	1575,93	8,3	4	99,0
7	55,0545	1574,50	0,8	4	92,6
8	93,0701	1565,03	2,3	4	85,3
9	91,0546	1543,52	2,2	3	92,4
10	174,0496	1428,89	7,4	4	97,5

Penalty=5.5 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 1 Of 1 C9H12-H Score=89.0

Penalty=7.0 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 1 Of 1 C9H10-H Score=83.0

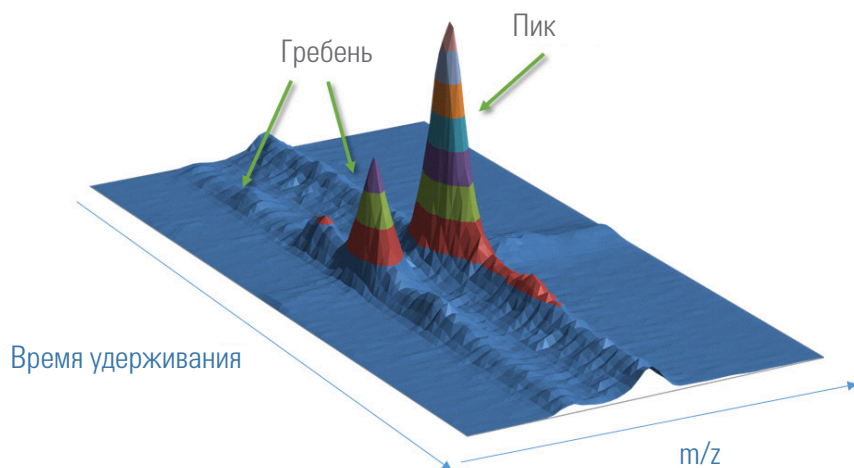
Penalty=14.0 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 1 Of 1 C9H10-H Score=48.1

Penalty=14.5 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 1 Of 1 C9H14-3H Score=45.6

ТОЧНЫЙ КОЛИЧЕСТВЕННЫЙ АНАЛИЗ

Целевой количественный анализ со сбором данных без указания определенных целевых ионов — мощная комбинация. Agilent 7250 GC/Q-TOF дает количественно точные результаты благодаря великолепным хроматографическим возможностям, высокому разрешению по массам и широкому динамическому диапазону.

- **Расширенный линейный динамический диапазон с высоким разрешением** — передовая электроника для разделения и детектирования ионов дает в количественных измерениях линейность в широком диапазоне масс.
- **Точность и достоверность** — стабильный отклик, даже для следовых количеств аналитов в сложных матрицах, дает высочайшую точность анализа реальных образцов.
- **Хроматографическая совместимость** — высокая скорость сбора данных и спектры высокого разрешения облегчают разделение узких слившихся пиков и позволяют проводить количественный анализ на высоких скоростях.
- **SureMass** — оптимизация точности масс и интенсивностей сигналов с помощью запатентованного алгоритма обработки сигналов компании Agilent улучшает обнаружение соединений.



Обработка сигналов SureMass

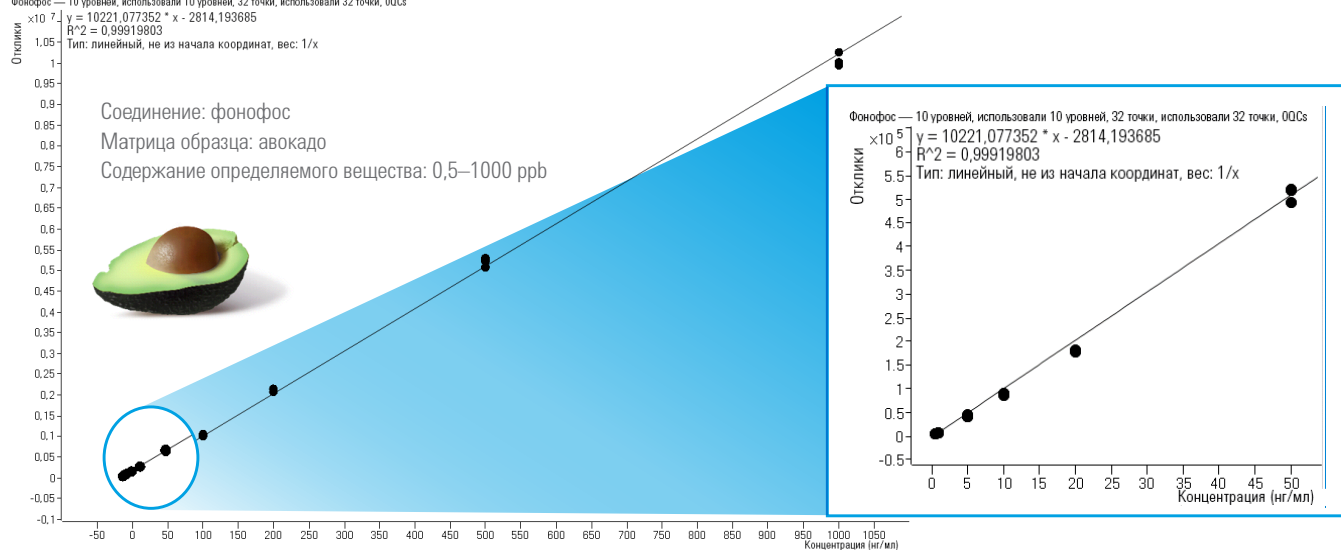
Количественный анализ

Фонофос — 10 уровней, использовали 10 уровней, 32 точки, использовали 32 точки, OOCs

$$y = 10221,077352 \cdot x - 2814,193685$$

$$R^2 = 0,99919803$$

Тип: линейный, не из начала координат, вес: 1/x



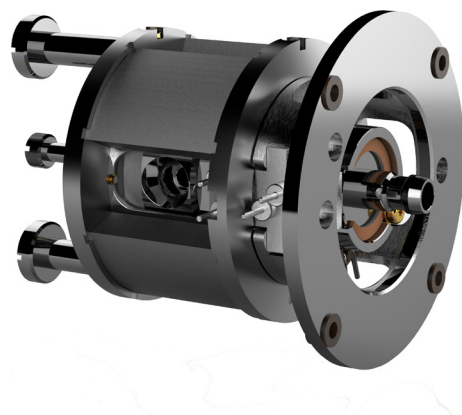
Широкий линейный динамический диапазон позволяет проводить количественный анализ в большом диапазоне концентраций. Коэффициенты отклика сохраняются даже при малых концентрациях в сложных образцах, как демонстрируют приведенные данные для фонофоса в концентрации 0,5–1000 нг/мл в образце авокадо.



УПРОЩЕНИЕ АНАЛИЗА

С новой системой электронной ионизации низкой энергии единственный в мире GC/Q-TOF высокого разрешения позволяет использовать техники, которые раньше были непрактичными или невозможными. Взяв за основу революционный высокоэффективный источник (HES), который хорошо зарекомендовал себя в системах Agilent 5977B HES GC/MSD и 7010B GC/TQ, мы оптимизировали источник ионизации системы 7250 GC/Q-TOF для работы в режиме низких энергий, но при этом смогли сохранить его великолепную работу в обычном режиме при 70 эВ. Модификации в патентованной конструкции HES позволили создать источник низкой энергии с приемлемым уровнем чувствительности и изменить саму концепцию ГХ-МС с мягкой ионизацией. Упрощение спектров, которое не требует использования химической ионизации или других специальных методик и сохраняет всю универсальность ЭИ, может дать лабораториям ГХ-МС новые мощные возможности идентификации и уточнения структуры соединений.

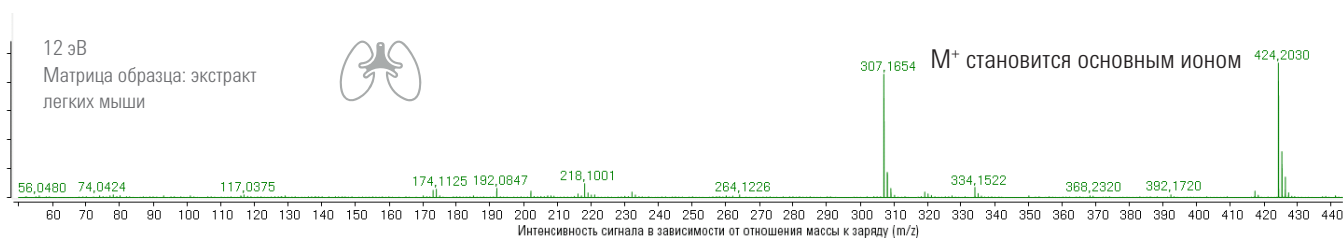
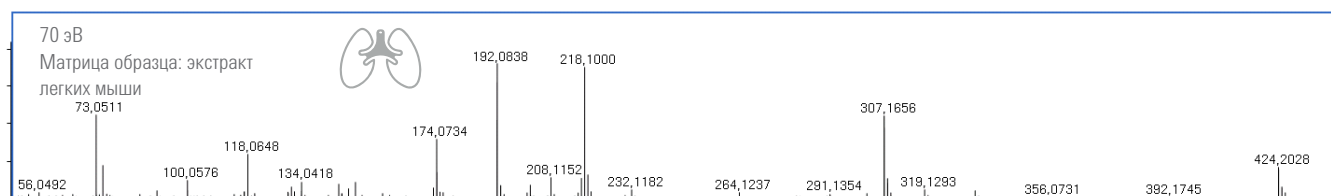
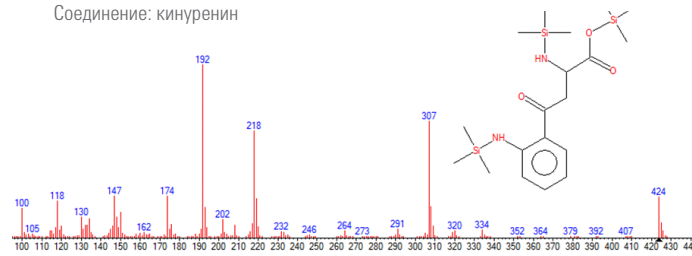
- **Сохранение молекулярного иона** — сохраняет или усиливает сигнал молекулярного иона и увеличивает чувствительность и уверенность идентификации в МС-МС экспериментах (зависит от области применения).
- **Универсальная применимость** — пригоден для использования с самыми различными классами исследуемых веществ, что позволяет избежать ограничений и потери чувствительности, характерных для положительной химической ионизации и других мягких способов ионизации.
- **Доказанные результаты** — эффективная ионизация проверенным источником HES от мирового лидера в ГХ-МС.



Основан на революционной технологии HES от Agilent.
Электронная ионизация низкой энергии с хорошей чувствительностью дает универсальную ионизацию и уверенное детектирование

Электронная ионизация низкой энергии

Соединение: кинуренин



Вещество кинуренин определялось в экстракте легких мыши с помощью метаболомического эксперимента. Однако определение метаболитов (и других классов соединений с похожей структурой) в сложных матрицах может быть непростым делом. При снижении энергии ионизации пик молекулярного иона в спектре увеличивается. В данном случае при 17 эВ увеличилось как относительный, так и абсолютный сигнал молекулярного иона, что делает эту систему идеальной для МС-МС экспериментов. При дальнейшем уменьшении энергии ионизации предложенный молекулярный ион стал основным ионом в спектре, что дополнительно подтвердило предложенную структуру.

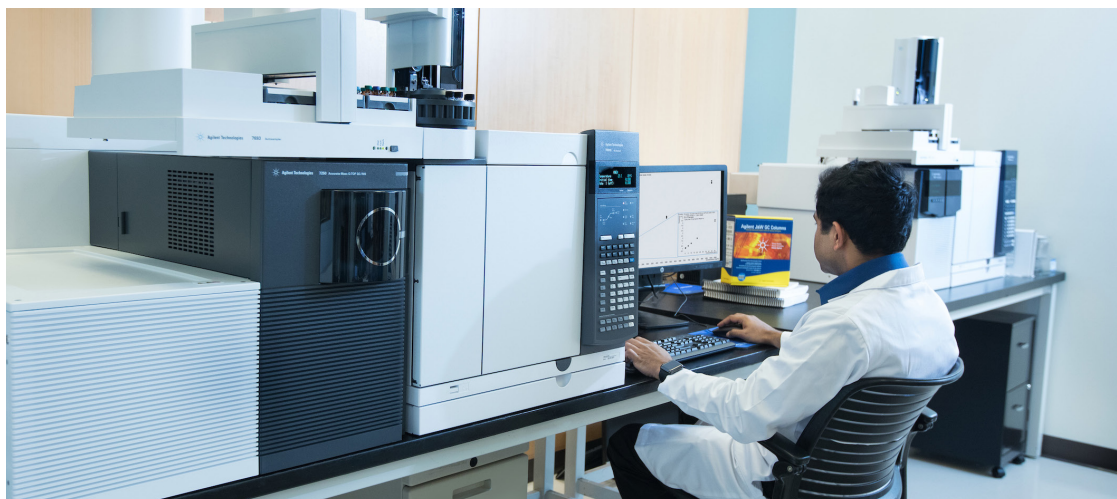
БЕЗОПАСНОСТЬ ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТОВ

Никогда не подведет

Жесткие требования международной торговли и растущий интерес общественности к вопросам безопасности пищевых продуктов стимулируют повышение частоты и детальности анализов пищевых продуктов. Производители и потребители продуктов питания все чаще сталкиваются с фальсификацией и ложной маркировкой. Если вашей целью является обеспечение качества и безопасности потребителей, а также защита их интересов и своей репутации, то компания Agilent готова вам помочь.

Для решения этих задач вам нужна единая платформа, которая позволяла бы вести поиск целевых, предполагаемых и неизвестных соединений одновременно. Система 7250 GC/Q-TOF была специально разработана для этих целей и имеет соответствующие возможности измерения и мощные всесторонние программные инструменты.

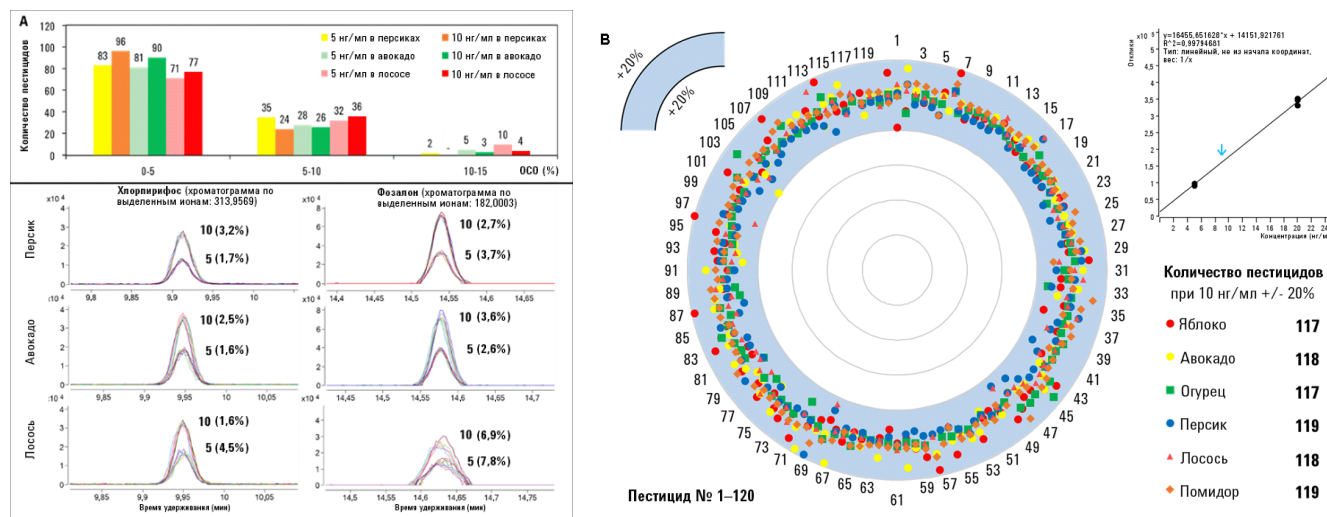
- В редактируемой библиотеке спектров высокого разрешения доступны более 850 пестицидов.
- Предполагаемые аналиты уверенно идентифицируются сравнением коэффициента коэлюирования и относительного количества избранных ионов в процессе поиска по фрагменту Find-by-Fragments Agilent.
- Процесс обработки сигналов SureMass улучшает как количественный анализ целевых соединений в широком линейном динамическом диапазоне, так и идентификацию неизвестных соединений с помощью коммерческих библиотек.



АНАЛИЗ ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТОВ

Матрица имеет значение

Матрица в пище и кормах может быть как простой, так и сложной. Компания Agilent предоставляет вам опыт, оборудование и материалы, с которыми вы можете легко получить надежные и воспроизводимые результаты в любых матрицах, которые исследуются в вашей лаборатории.



Сбор данных без указания определенных целевых ионов и библиотеки спектров высокого разрешения сильно расширяют возможности полного скрининга пестицидов в пищевых продуктах. А) Приведенные данные GC/Q-TOF показывают 120 пестицидов, внесенных в три различные пищевые матрицы, включая авокадо и лосось. Полученные значения для внесенных концентраций 5 и 10 нг/мл демонстрируют великолепную воспроизводимость (ОСО %), как показывают примеры параллельных определений для двух характеристических ионов. В) Для шести матриц разной сложности приводится точность количественного определения при 10 нг/мл в сравнении с предельно допустимыми концентрациями (ПДК). Даже для таких сложных матриц, как авокадо или лосось, точность количественного определения отвечает требованиям SANTE/11945/2015 ($\pm 20\%$ от стандарта) для более чем 97% пар «пестицид — продукт» во всех исследованных случаях.

«... Система GC/Q-TOF позволила нам подтверждать положительные находки, избегая, тем не менее, ложноположительных результатов».

— ПИТЕР ФУРСТ (PETER FURST), PHD, ОТДЕЛ ЦЕНТРАЛЬНЫХ АНАЛИТИЧЕСКИХ УСЛУГ
 ХИМИЧЕСКИЙ И ВЕТЕРИНАРНЫЙ АНАЛИТИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ МЮНСТЕРЛАНД-ЕМШЕР-ЛИППЕ (MUNSTERLAND-EMSCHER-LIPPE)

ЭКОЛОГИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ

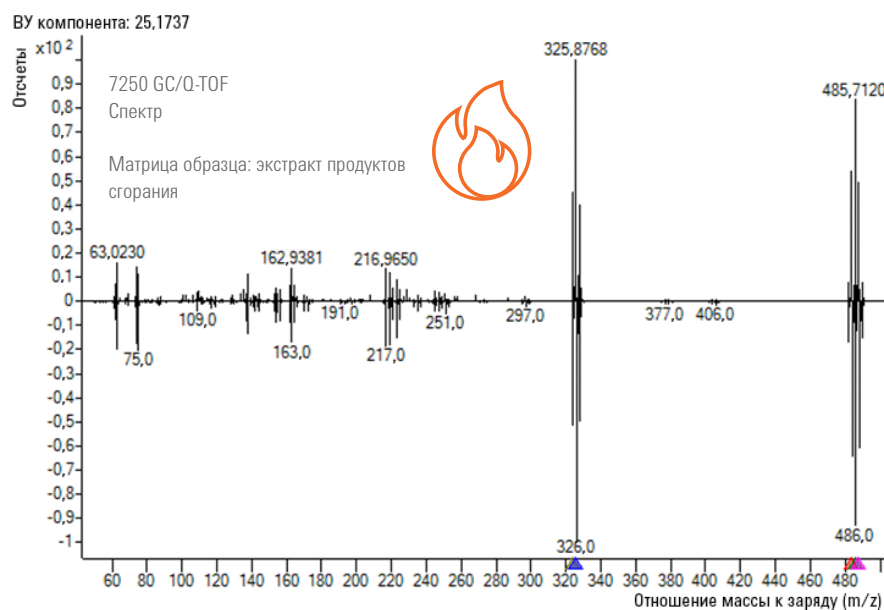
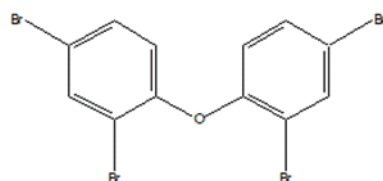
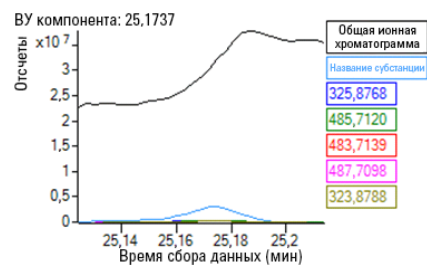
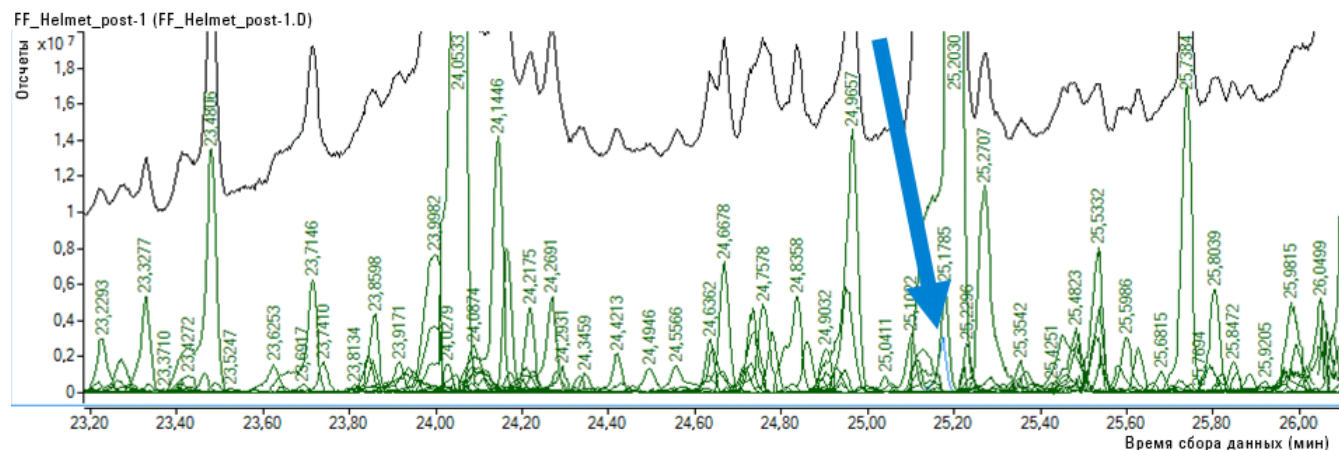
Борьба выходит на новый уровень

Каждый день возникают новые вопросы о воздействии человечества на окружающую среду и окружающей среды на нас. Чтобы получить осмысленные ответы на эти сложные вопросы, требуются все более мощные инструменты. Революционные технологические улучшения в системе 7250 GC/Q-TOF предназначены для того, чтобы проще и эффективнее получать эти ответы.

- **Ретроспективная обработка** — полные спектральные данные сохраняются и доступны в будущем для поиска новых появившихся целевых соединений.
- **Полный спектр высокого разрешения** — позволяет снимать спектр высокого разрешения в широком диапазоне масс (до 3000 m/z) для поиска и идентификации аналогов.
- **Электронная ионизация низкой энергии** — высокоэффективный источник, оптимизированный для использования в режиме разных энергий ионизации, позволяет выйти за пределы 70 эВ, сохраняя интенсивность сигнала.



MassHunter Unknowns Analysis



Программное обеспечение для анализа неизвестных соединений MassHunter с системой обработки сигналов SureMass дает точность и результаты, недоступные для традиционных методик разделения пиков. Даже в присутствии мощного фоновых сигнала второстепенные компоненты безошибочно выделяются и идентифицируются. Представленные данные показывают определение следов дибромфенилового эфира в сложной смеси продуктов сгорания с коэффициентом совпадения более 95%.

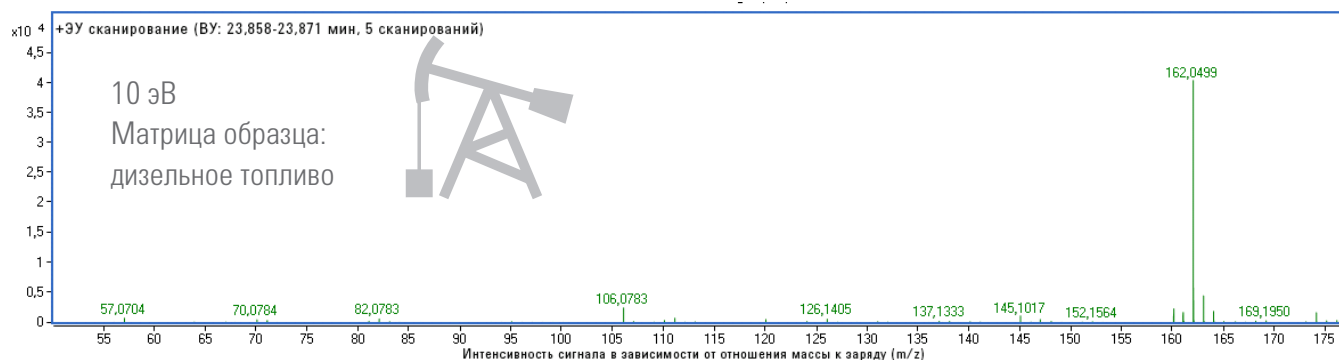
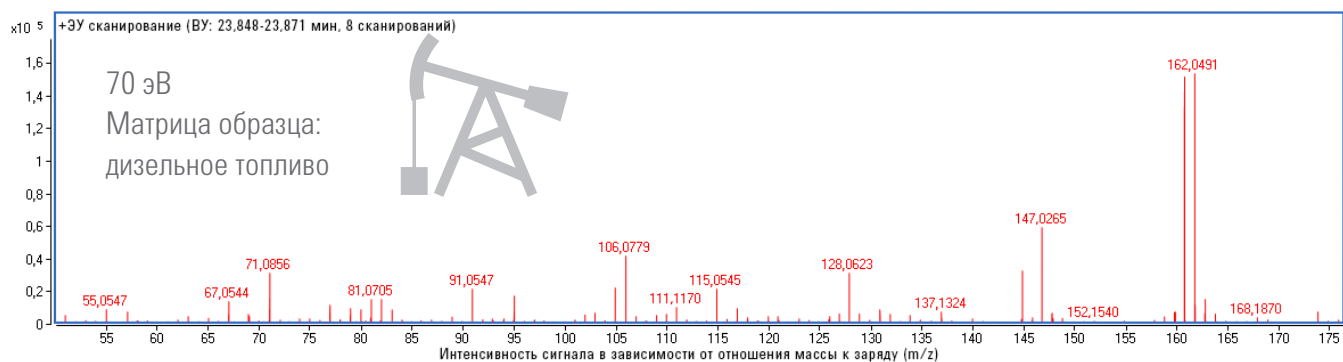
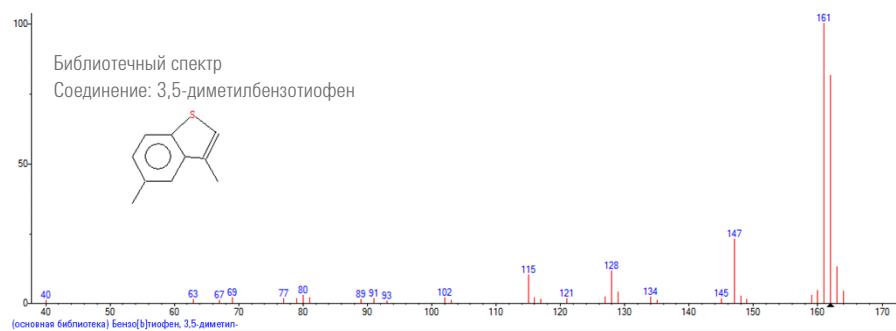
ЭНЕРГЕТИКА И ХИМИЧЕСКАЯ ПРОМЫШЛЕННОСТЬ

Увидеть полную картину

Охарактеризовать сложный образец непросто. Для этого нужен опыт, проницательность и большие аналитические возможности. Agilent 7250 GC/Q-TOF с ее точными масс-спектрами высокого разрешения, быстрой записью спектров, полной совместимостью с двумерной хроматографией и высокочувствительными МС-МС измерениями — это предпочтительная платформа для характеристики сложных образцов.

- **Быстрая запись спектра** — позволяет характеризовать узкие хроматографические пики и сверхузкие пики двумерной хроматографии с частотой до 50 Гц и независимым от скорости высоким разрешением.
- **Упрощение спектров** — позволяет вычестить пик молекулярного иона подобного соединения с помощью низкоэнергетической ЭИ и подтвердить результаты чувствительным МС-МС измерением.
- **Уточнение структур** — точные спектры вторичных ионов с высоким разрешением вместе с программой определения молекулярной структуры позволяют предположить химическую структуру исследуемых веществ.





Революционная электронная ионизация низкой энергии прибора 7250 GC/Q-TOF уменьшает неоднозначность спектра. Электронная ионизация низкой энергии на базе высокоэффективного источника HES, уже зарекомендовавшего себя на платформах 5977 HES GC/MSD и 7010 GC/TQ, позволяет увеличить пик молекулярного иона, в значительной степени сохраняя чувствительность. В данном примере показан найденный в топливе 3,5-диметилбензотиофен. Электронная ионизация низкой энергии значительно облегчает его идентификацию.

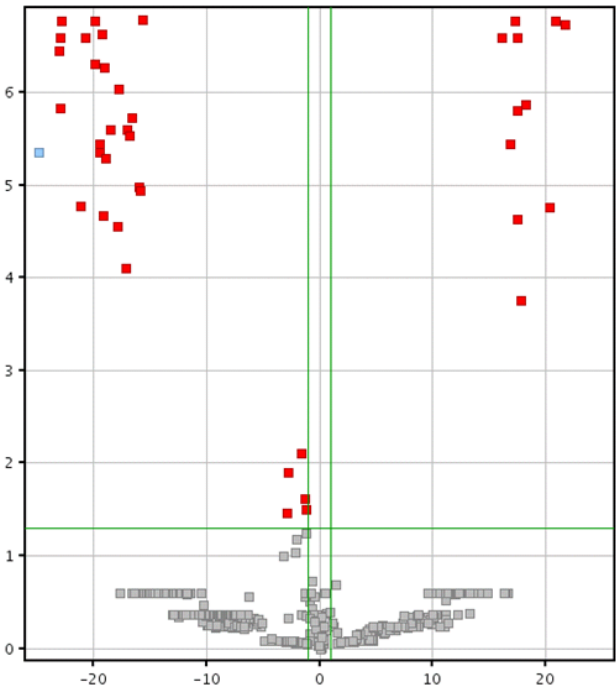
ИССЛЕДОВАНИЯ В БИМЕДИЦИНСКИХ НАУКАХ

Всесторонний анализ

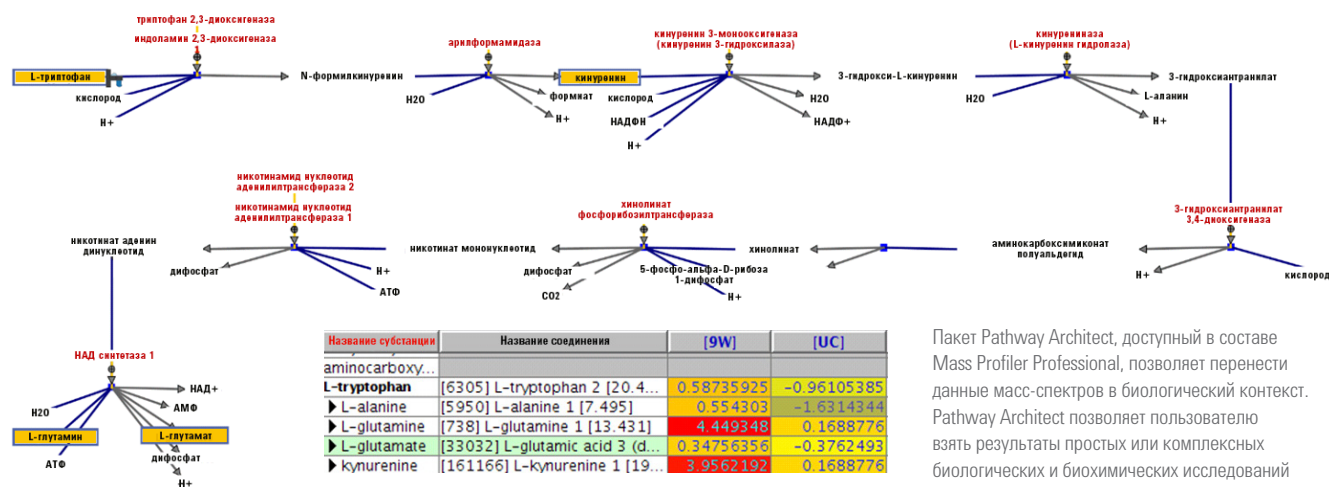
Каждый день приносит новые открытия в области охраны здоровья людей. За этими открытиями стоят фундаментальные исследования, требующие кропотливого планирования и выполнения экспериментов. Своим мощным программным обеспечением и полными спектрами высокого разрешения Agilent 7250 GC/Q-TOF двигает исследования вперед и помогает концентрироваться на самом важном.

	P all	P < 0.05	P < 0.02	P < 0.01	P < 0.0050	P < 0.0010
FC all	679	41	38	37	36	36
FC > 1.1	664	41	38	37	36	36
FC > 1.5	638	41	38	37	36	36
FC > 2.0	625	41	38	37	36	36
FC > 3.0	601	39	38	37	36	36
Expected by ch...		2	0	0	0	0

Compound	p	p (Corr)	FC
L-Threonine, 3TMS derivative	1.84E-03	3.13E-02	-2.29
Inosine, 4TMS derivative	1.62E-07	4.36E-06	-31162316.00
D-Gluconic acid, 6TMS derivative	1.11E-08	5.38E-07	-530736.88
Silane, (iodomethyl)-	2.42E-09	2.35E-07	-614400.88
D-Galactofuranose, 1,2,3,5-tetrakis-O-(trimethylsilyl)-, bis(...	1.67E-07	4.36E-06	-736603.19
Phosphorylethanolamine, 4TMS derivative	2.09E-03	3.46E-02	-7.21
Uric acid, N,O,O',O'-tetrakis(trimethylsilyl)-	7.06E-04	1.26E-02	-7.11
Pseudo uridine penta-tms	2.01E-08	9.09E-07	-218838.31
L-Glutamic acid, 3TMS derivative	1.37E-03	2.38E-02	-2.49
Serine, 3TMS derivative	4.22E-04	7.74E-03	-3.07
D-Ribose, 2,3,4-tris-O-(trimethylsilyl)-, 5-bis(trimethylsilyl)...	9.33E-09	4.87E-07	-960156.19
1H-Indole-3-propanoic acid, alpha-hydroxy-, methyl ester	1.01E-06	2.13E-05	-583467.62
D-(+)-Ribono-1,4-lactone, 3TMS derivative	1.24E-09	1.69E-07	-1003281.19
Gluconic acid, 2,3,4,5-tetrakis-O-(trimethylsilyl)-, trimethyl...	1.21E-07	3.58E-06	-710218.94
l-Norvaline, N-(2-methoxyethoxycarbonyl)-, undecyl ester	7.71E-08	2.49E-06	-139145.16
Itaconic acid, 2TMS derivative	3.63E-08	1.45E-06	-7787654.50
2-Hydroxyisocaproic acid, (S)-, 2TBDMS derivative	3.97E-09	2.50E-07	-7910934.50
7-(Trimethylsilyl)-2,6-bis(trimethylsilyloxy)-7H-purine	6.18E-09	3.50E-07	-8949361.00
Inosose, 2-desoxy-, O-methylxime, tetrakis-O-(trimethylsi...	7.26E-07	1.64E-05	-2244370.50
L-Lysine, 3TMS derivative	3.33E-09	2.50E-07	-1685603.25
L-Phenylalanine, 2TMS derivative	1.01E-09	1.69E-07	-7575707.00
L-Proline, 2TMS derivative	7.95E-07	1.74E-05	127216.75
2-Mercapto-4,6-dimethylnicotinonitrile, TBDMS derivative	1.14E-06	2.34E-05	173959.05
Phenylalanine, 2TMS derivative	1.05E-09	1.69E-07	1804699.38
Mandelic acid, 2TBDMS derivative	7.70E-10	1.69E-07	152992.62



Мощное программное обеспечение Mass Profiler Professional позволяет упростить сложный набор данных. Анализ различий между группами образцов позволяет сконцентрировать внимание на том, что является статистически важным для сравнительных исследований. Представленные данные показывают найденные различия в метаболитах между 9-недельными образцами легочных тканей здоровых и инфицированных туберкулезом мышей. Для более простого восприятия изменения отложены на вулканной диаграмме в кратных единицах.



Пакет Pathway Architect, доступный в составе Mass Profiler Professional, позволяет перенести данные масс-спектров в биологический контекст. Pathway Architect позволяет пользователю взять результаты простых или комплексных биологических и биохимических исследований и наложить их на каноничные биологические каскады реакций, анализировать, визуализировать и интерпретировать эту информацию. Такой процесс, основанный на метаболических каскадах, позволяет быстрее пройти путь от открытия до подтверждения. Он также позволяет ученому эффективно спланировать и провести следующую серию экспериментов.

Метаболомные методики являются мощным инструментом для изучения биологических систем. При комплексных исследованиях в области метаболомики важна чувствительность во всем спектре и точность определения массы GC/Q-TOF, а также его возможности MC-MC для уточнения структуры неизвестных метаболитов. Расширенный динамический диапазон Agilent 7250 GC/Q-TOF позволяет точно, одновременно и количественно определять широкий спектр метаболитов, присутствующих в клетке.



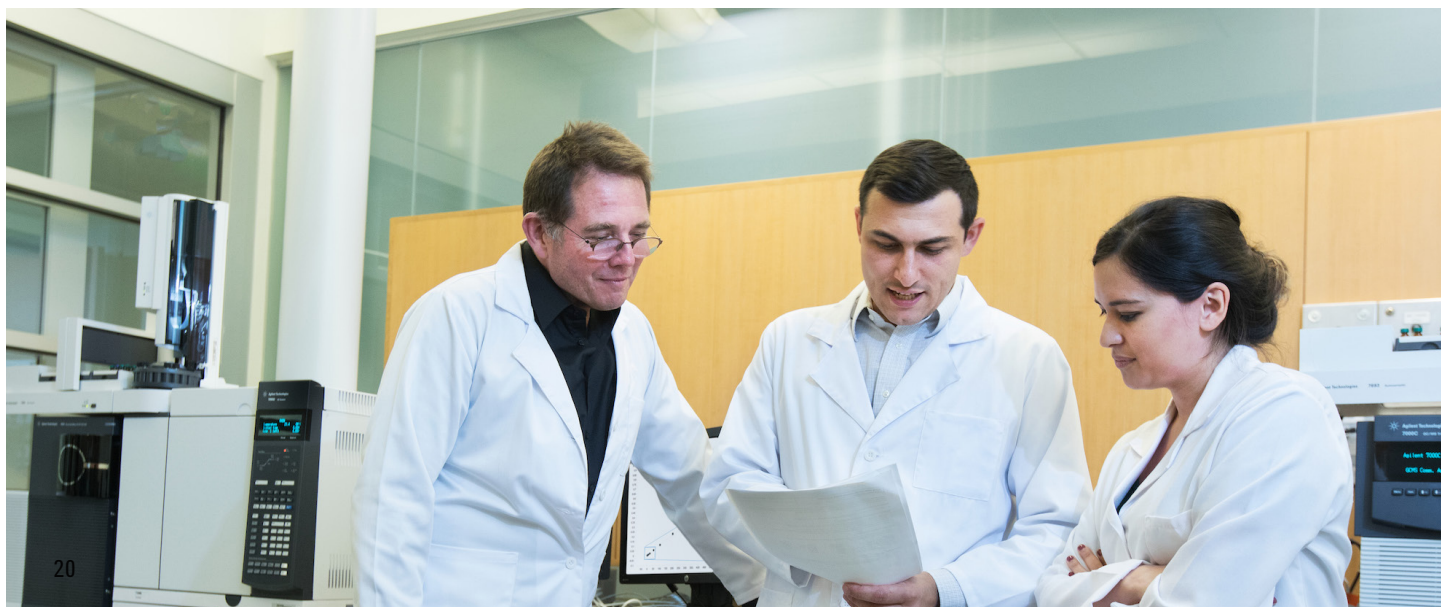
MASSHUNTER

Давая ответы

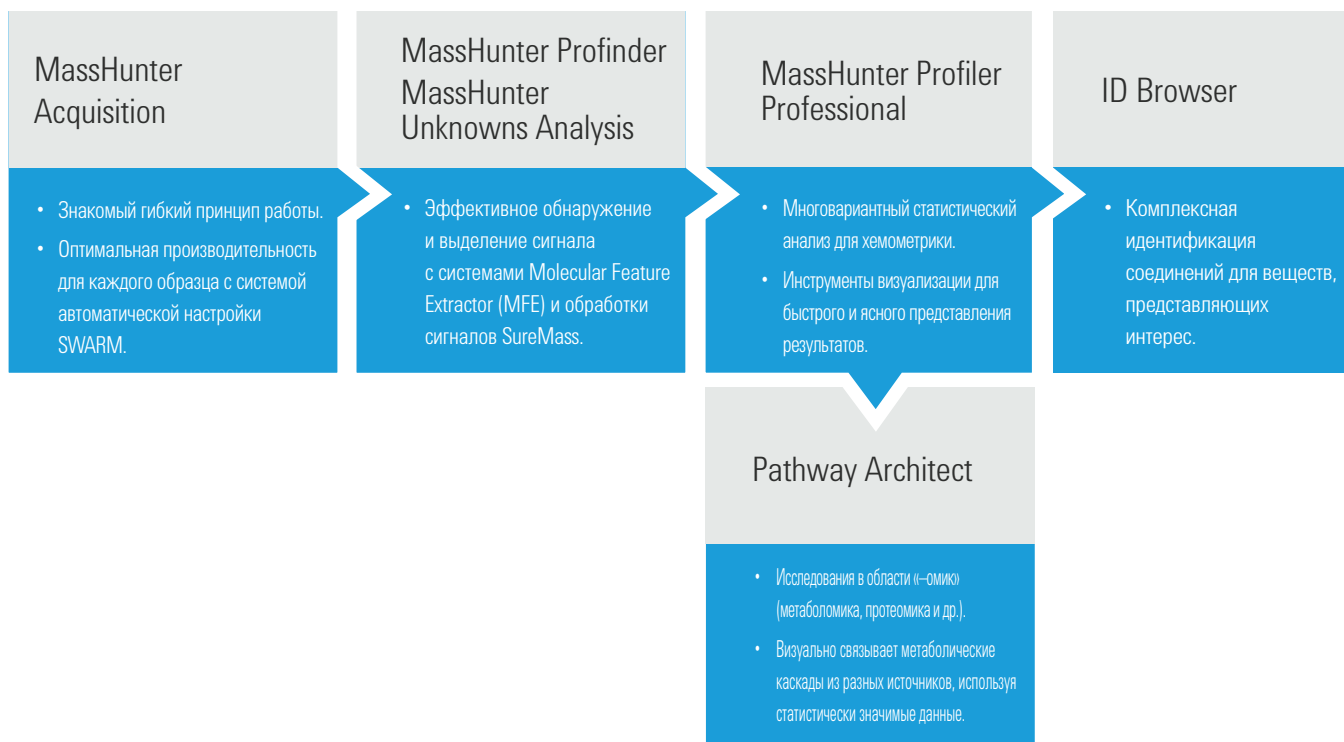
Совершенные инструменты сбора и обработки данных нашего комплекса MassHunter помогут вам быстро и точно выделить всю доступную информацию об анализе в ваших образцах. Вы сможете добиться непревзойденной производительности и сэкономить время посредством следующих функций:

- Поиск по фрагменту для целевого качественного скрининга с визуально представленными результатами.
- Простое создание количественной методики, основанное на целях, найденных в процессе качественного анализа.
- Мощный многовариантный анализ, чтобы сократить набор данных до значимых различающихся аналитов.

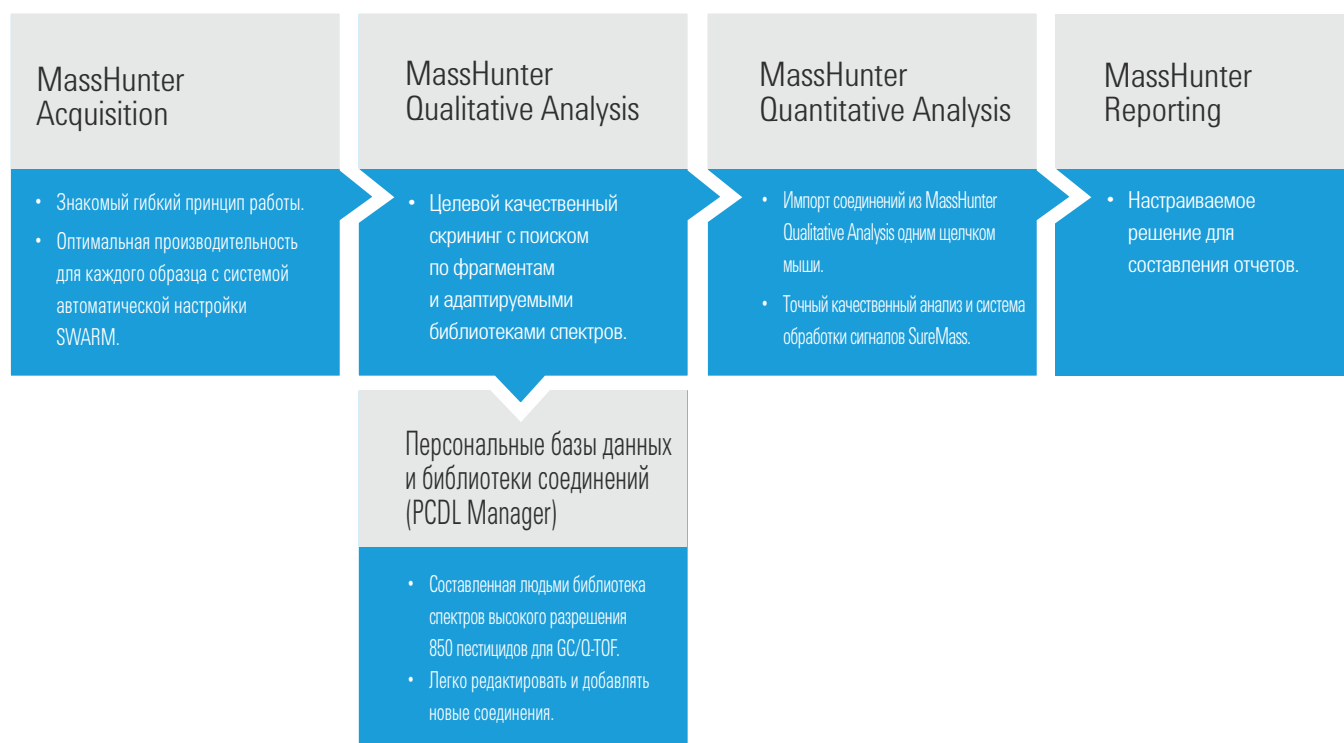
Agilent обеспечивает весь аналитический процесс, от образца до отчета. Поднимите свои результаты на новые высоты с лучшей в отрасли производительностью Agilent 7250 GC/Q-TOF.



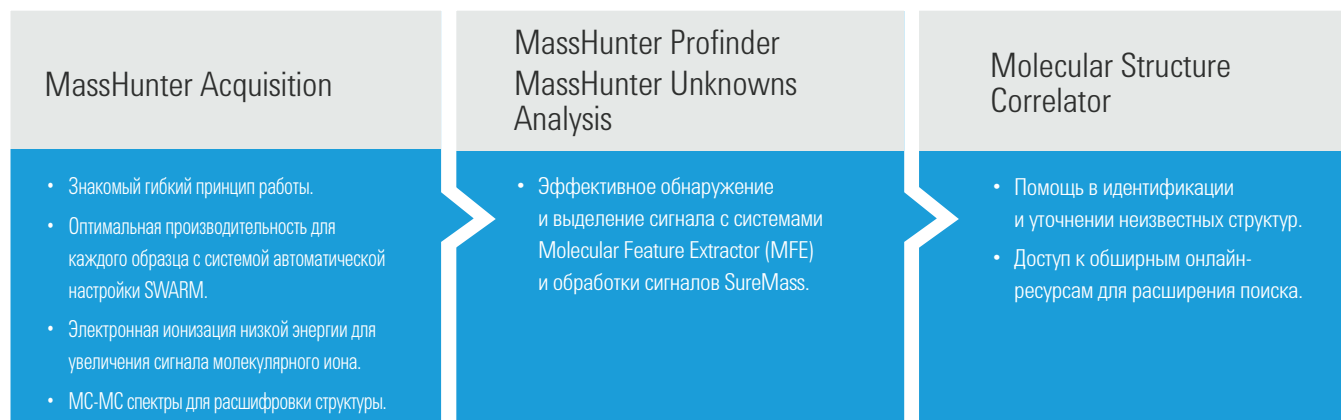
Профилирование



Скрининг



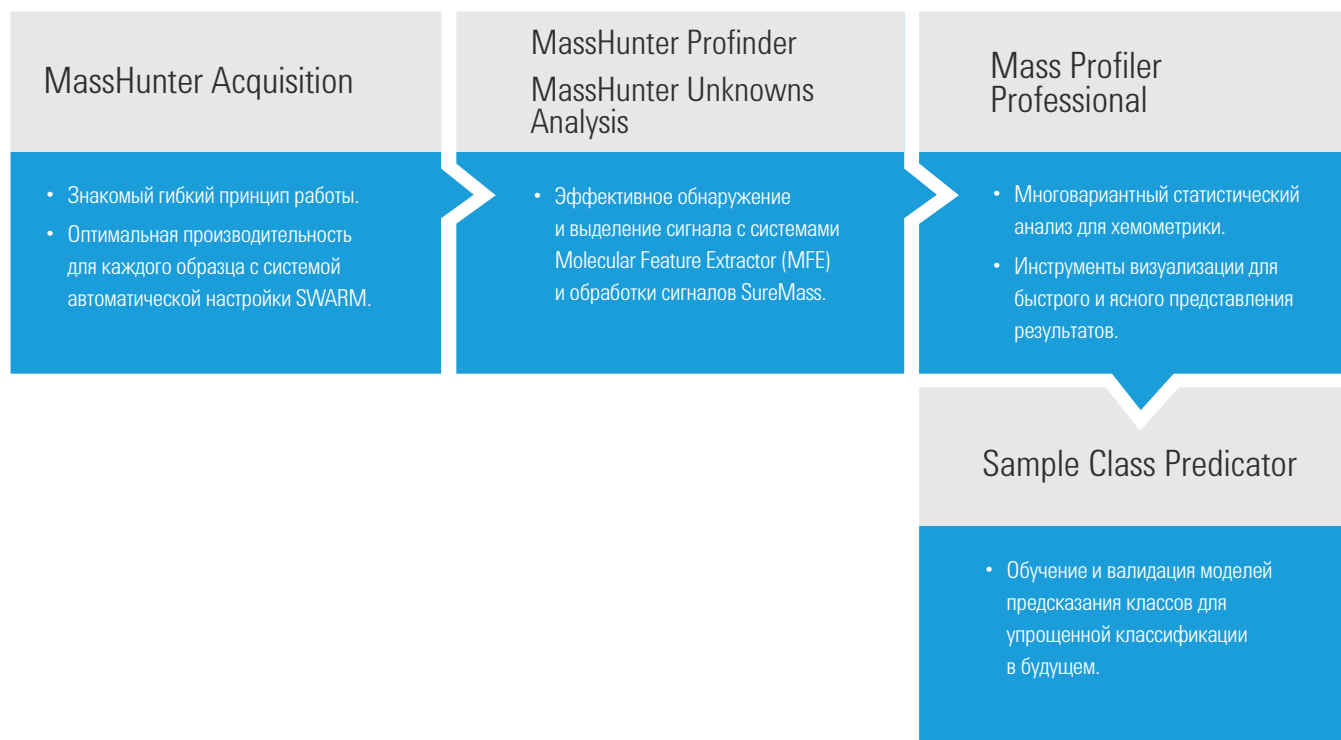
Идентификация и уточнение структур



«Q-TOF-спектрометрия высокого разрешения в сочетании с ПО Mass Profiler позволила нам изучать различные компоненты матрицы, коэлюирующие с определяемыми пестицидами».

– **КАРМЕН ФЕРРЕР (CARMEN FERRER), PHD**, КАФЕДРА АНАЛИЗА, УНИВЕРСИТЕТ АЛМЕРИИ

Предсказание классов

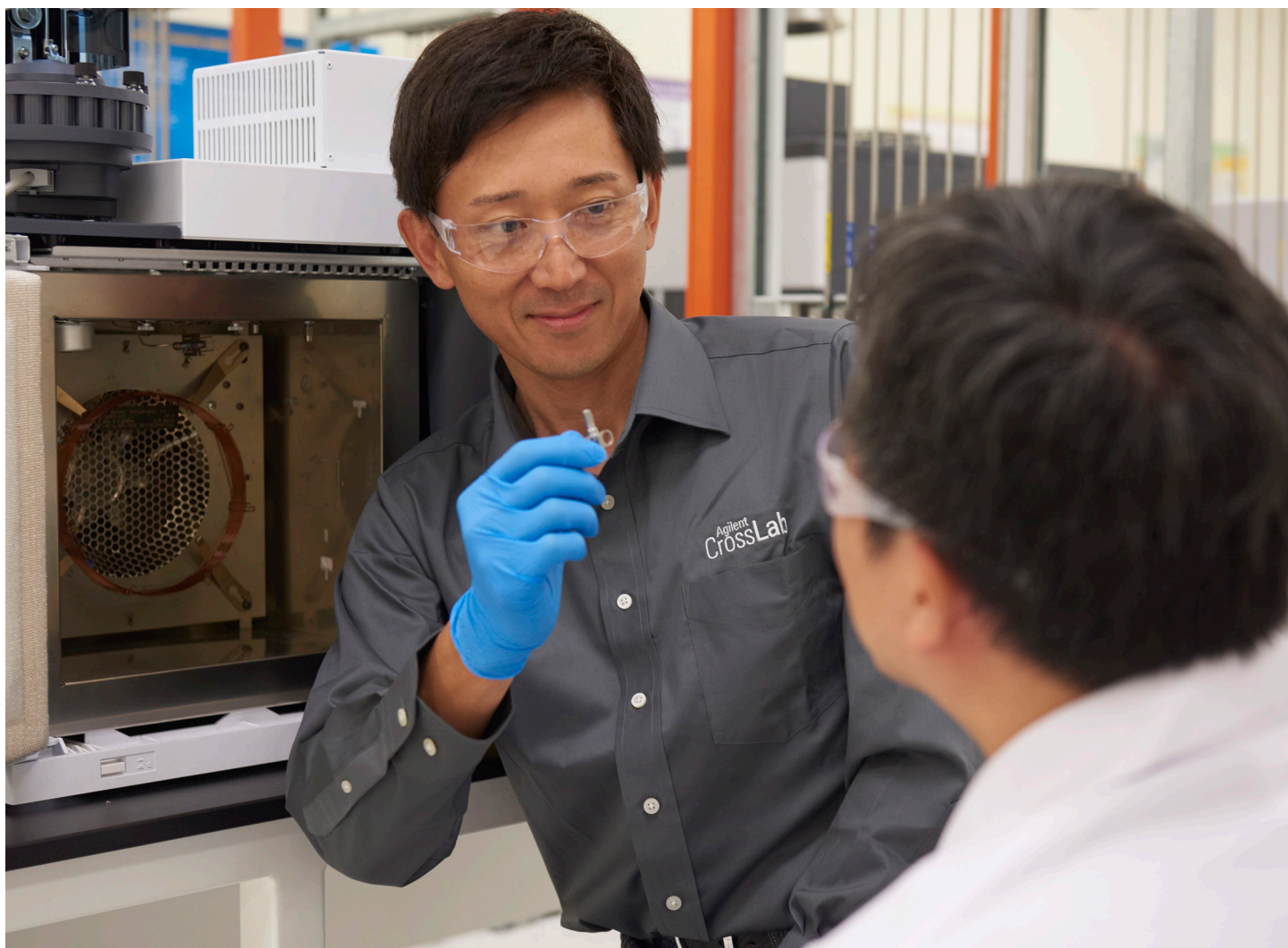


Услуги Agilent CrossLab: увеличьте продолжительность работы с непрерывной поддержкой

Вы можете доверить экспертам Agilent CrossLab оценку своих результатов и поддержание своих инструментов на максимуме их возможностей. Наши лучшие в отрасли услуги — созданные специально для ваших нужд — включают в себя переход на новое оборудование, консультации по использованию, ремонт, текущее обслуживание, контроль соответствия и обучение. Обратитесь к нам за поддержкой своей лаборатории уже сегодня!

Agilent CrossLab

From Insight to Outcome



Программа Agilent «Гарантия на будущее»

Мы гарантируем минимум 10 лет работы прибора с даты покупки. В противном случае мы предоставим вам остаточную стоимость оборудования по сравнению с обновленной моделью.

Подробнее:

www.agilent.com/chem/GCMS_QTOF

Россия

+7 495 664 73 00

+7 800 500 92 27

customercare_russia@agilent.com

Европа

info_agilent@agilent.com

Азиатско-Тихоокеанский регион

inquiry_lsca@agilent.com

Центры по работе с клиентами Agilent в вашей стране:

www.agilent.com/chem/contactus

Информация может быть изменена без предупреждения.
Только для исследовательских целей. Не для использования при диагностических процедурах.

© Agilent Technologies, Inc., 2017.
Напечатано в США, май 2017 г.
5991-8109RU



Agilent Technologies