

준휘발성 유기 화합물의 전체 스캔 정량 분석

SVOC 분석을 위한 전체 스캔 데이터 수집 모드에서의 Agilent 7000D GC/TQ의 성능 평가

저자

Anastasia A. Andrianova,
Bruce D. Quimby
Agilent Technologies, Inc.

개요

전체 스캔 데이터 수집 모드에서 작동하는 Agilent 7000D QQQ GC/MS 시스템(GC/TQ)은 환경 시료 내 준휘발성 유기 화합물(SVOC)의 정량 분석에 사용됩니다. 적합하게 선택된 작동 조건 하에서 GC/TQ 시스템은 광범위한 측정 범위에 걸쳐 우수한 스펙트럼 라이브러리 매칭 스코어, 높은 감도 및 직선성을 제공하는 것으로 나타났습니다. 머무름 시간 고정(RTL) 기능은 GC/TQ 및 GC/MSD 시스템에서 머무름 시간을 동일하게 하여 검토 과정을 간소화할 수 있습니다. 이 응용 자료는 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 작동하는 GC/TQ를 이용한 데이터 수집 및 처리에 대한 가이드라인을 제공합니다. 이러한 가이드라인에 따라, 0.4~100ppm의 작업 범위에 걸쳐 SVOC 분석에 대해 테스트했을 때 GC/TQ의 전체 스캔 성능은 SQ GC/MSD 시스템과 유사했습니다.

서론

GC/MS를 이용한 SVOC 분석은 넓은 분자량과 비점 범위의 염기, 중성 및 산을 비롯한 표적 분석물질의 집합으로 매우 어렵습니다. EPA 분석법 8270D/E는 GC/MS를 이용하여 SVOC의 성공적인 분석을 위한 조건 및 품질 관리 점검에 대한 가이드라인을 제공합니다.¹ 이전 응용 자료²는 단일 분석법에서 0.2~160ppm의 작업 범위에 걸친 검량으로 성능 요구 사항을 충족하고 USEPA 분석법 8270D/E를 준수하기 위한 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 작동하는 Agilent 7890B GC와 결합된 Agilent 5977 GC/MSD 사용에 대해 설명합니다. EPA 8270E 개정판 6은 SVOC 분석용 GC/MS/MS(GC/TQ)의 사용을 포함하는 분석법의 첫 번째 버전이었습니다. 다중 반응 모니터링(MRM) 모드로 작동하는 GC/TQ는 이전 응용 자료에서 설명했듯이 GC/MSD와 비교했을 때 매트릭스 간섭이 제거되어 향상된 감도, MRM이 제공하는 높은 선택성, 견고한 데이터, 빨라진 배치 검토를 제공합니다.³ 표준 운영 절차(SOP), 분석법 밸리데이션 또는 시료 스크리닝에 필요한 경우 GC/TQ를 전체 스캔 데이터 수집 모드로 사용할 수도 있습니다.

이 연구는 전체 스캔 모드에서 작동하는 7000D GC/TQ 시스템을 사용하여 GC/MSD와 유사한 성능으로 스펙트럼 라이브러리 매칭을 사용하여 화합물을 식별할 수 있음을 보여줍니다. 이 응용 자료는 GC/TQ를 사용하여 전체 스캔 데이터 수집 및 처리에 대한 모범 실천방법을 소개합니다. 목표는 90보다 높은 우수한 스펙트럼 라이브러리 매칭 스코어, 대부분의 화합물에 대해 50ppb 이하의 검출 한계(LOD)인 높은 감도, 0.4~100ppm의 넓은 측정 범위에 걸친 직선성 달성이었습니다.

실험

이 연구에 사용된 GC/TQ 및 GC/MSD 시스템은 이전의 두 연구에서 설명한 바와 같이 SVOC 분석을 위해 최상의 성능을 제공하도록 구성되었습니다.^{2,3} 그림 1A와 같이 Agilent 7890B GC는 7000D GC/TQ 또는 5977 시리즈 GC/MSD와 결합하였으며, 두 시스템 모두 Inert Plus EI 이온화원을 장착하였습니다. GC는 그림 1B에 나타난 분할/비분할 주입구(SSL), 낮은 압력 강하(LPD) GC 주입구 라이너(부품 번호 5190-2295) 및 최상의

분리를 위한 30m × 0.25mm, 0.25μm 5% phenyl(polysiloxane)(부품 번호 DB-UI 8270D)이 장착되었습니다. 기기 작동 파라미터는 표 1과 같습니다.

9mm 직경의 Extractor 렌즈(부품 번호 G3870-20449)는 SVOC 분석에서 분석법의 성능을 크게 향상시키는 것으로 나타났기 때문에 GC/TQ 및 GC/MSD 시스템 모두에 사용되었습니다.³

분할 모드에서 주입량은 1μL였으며, 펄스 분할 모드에서 GC/TQ의 경우 분할비는 10:1, GC/MSD의 경우 분할비는 5:1 이었습니다. 분할비는 분석법 8270에 명시된 benzo[b]fluoranthene 및 benzo[k]fluoranthene에 대한 분리능 요건을 충족하도록 최적화되었습니다. TQ는 Atunes.eiex.tune.xml로, MSD는 Atune.u를 사용하여 튜닝하였습니다. 전자 증배관 게인 설정은 GC/TQ의 경우 1, GC/MSD의 경우 0.3으로 설정되었습니다. 이러한 설정은 사용된 최고 농도의 검량 표준물질에 대한 기본 피크 크로마토그램(BPC)에서 가장 높은 피크가 GC/TQ의 경우 3~6 × 10⁷ count, GC/MSD의 경우 3~6 × 10⁶ count 범위에 있음을 보장합니다.

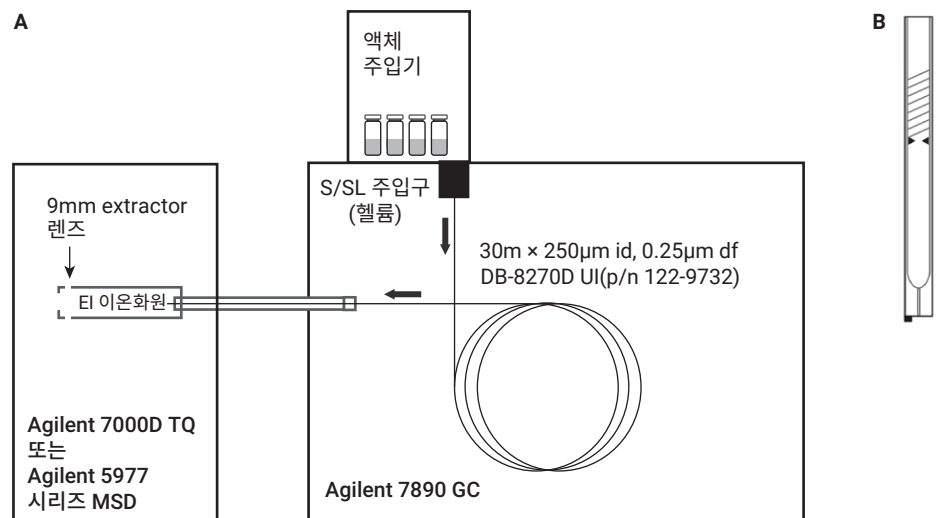


그림 1. (A) Agilent 7890/7000D GC/TQ 또는 Agilent 7890/5977 시리즈 GC/MSD의 구성. (B) Ultra Inert(UI) Universal Low Pressure Drop 라이너(부품 번호 5190-2295).

표 1. GC/TQ 및 GC/MSD를 이용한 SVOC 분석을 위한 가스 크로마토그래피 및 질량 분석기 조건.

	GC/TQ	GC/MSD
GC		
모델	빠른 오븐, 자동 시료 주입기 및 트레이를 갖춘 Agilent 7890	
주입구	분할/비분할 주입구(SSL)	
모드	분할	펄스 분할
분할비	10:1	5:1
주입 펄스 압력	—	0.6분까지 30psi
샘플 퍼지 유속	3mL/분	
주입량	1.0μL	
주입 유형	표준물질	
L1 공극	0.2μL	
주입구 온도	280°C	
운반 가스	헬륨	
주입구 라이너	Agilent universal low pressure drop liner 라이너(유리솜 포함)(P/N 5190-2295)	
오븐		
그레디언트	40°C, 0.5분 유지, 10°C/분으로 100°C까지, 25°C/분으로 260°C까지, 5°C/분으로 280°C까지	
총 분석 시간	21.567분	
분석 후 시간	0분	
평형 시간	0.5분	
컬럼 1		
유형	Agilent DB-8270D UI, 30m × 0.25mm, 0.25μm(p/n 122-9732)	
제어 모드	일정 유속	
유속	0.992mL/분	1.292mL/분
주입구 연결	분할/비분할 주입구(SSL)	
배출구 연결	MSD	
MS		
모델	Agilent 7000D TQ	Agilent 5977 시리즈 MSD
소스	Agilent Inert Extractor 이온화원(9mm Extractor 렌즈 포함)	
Extraction 렌즈	9mm(P/N G3870-20449)	
진공 펌프	고성능 터보	
튠 파일	Atunes.eiex.tune.xml	Atune.u
모드	MS1 스캔	스캔
시작 질량	35	
최종 질량	500	
스캔 속도	220ms	N = 2
시간 필터	کم	—
용매 지연	2.5분	
EM 전압 게인 모드	1	0.3
사중극자 온도(MS1 및 MS2)	150°C	180°C
이온화원 온도	300°C	
이송 라인 온도	320°C	
He 퀀치 가스	2.25mL/분	—
N ₂ 충돌 가스	1.5mL/분	—

GC/TQ 전체 스캔 모드에 대하여, 다음과 같은 파라미터를 선택했습니다. MS1 스캔, 35~500m/z, 220ms 스캔 속도, 시간 필터- ON. 이러한 파라미터는 그림 2에 나타낸 바와 같이 Agilent MassHunter workstation 소프트웨어의 TQ MS 분석법 편집기에서 설정됩니다. 기본 파라미터는 충돌 셀 가스, 즉 He 퀀치 gas와 N₂ 충돌 gas에 각각 2.25mL/분 및 1.5mL/분을 사용했습니다.

전체 스캔 데이터 수집 모드의 GC/TQ 분석의 경우, 68종 화합물 혼합물과 6종의 내부 표준물질(ISTD)을 사용하여 0.4~100ppm 범위의 12개 검량 농도를 제조했습니다. ISTD 농도는 중간 지점인 20ppm이었습니다. LOD는 10:1의 분할비로 9회 연속으로 분할 모드에서 주입된 0.5ppm 검량 표준물질을 사용하여 계산되었습니다. MassHunter Workstation 소프트웨어를 데이터 수집 및 처리에 사용했습니다.

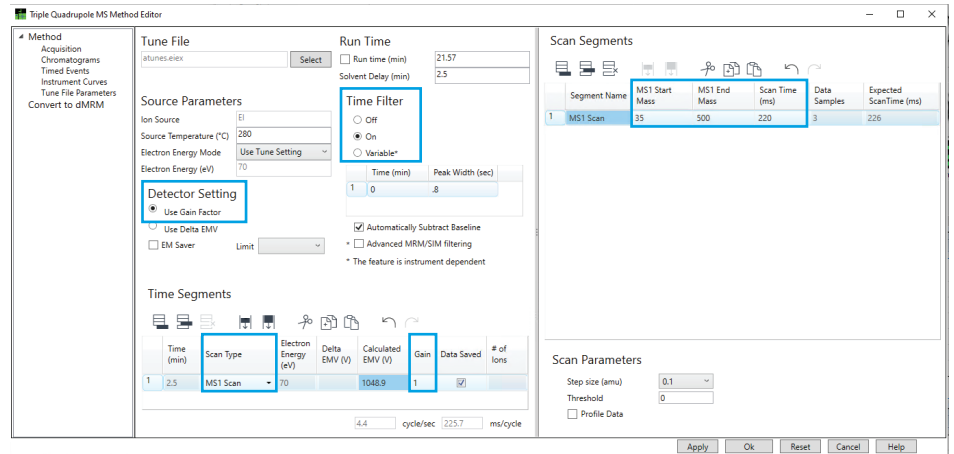


그림 2. 연구에 사용된 전체 스캔 수집 파라미터를 보여주는 TQ MS 분석법 편집기.

결과 및 토의

EPA 8270E SVOC 분석을 위해 MRM에서 작동하는 GC/TQ의 사용은 이전 응용 자료에 설명되어 있습니다.³ 이 연구의 목적은 전체 스캔 모드에서 작동하는 Agilent 7000D GC/TQ 시스템을 사용하여 GC/MSD와 유사한 성능으로 스펙트럼 라이브러리 매칭을 사용하여 화합물을 식별하고 정량할

수 있음을 보여주는 것입니다. 이 응용 자료는 GC/TQ를 사용하여 전체 스캔 데이터 수집 및 처리에 대한 모범 실천방법을 소개합니다.

전체 스캔 수집 모드에서 작동하는 SVOC 분석을 위한 GC/TQ의 성능을 스캔 모드에서 작동하는 GC/MSD와 비교하였습니다. 그림 3은 10:1 분할(0.1ng 온컬럼)로 1ppm 표준물질에 대해 GC/TQ를 이용해 수집한

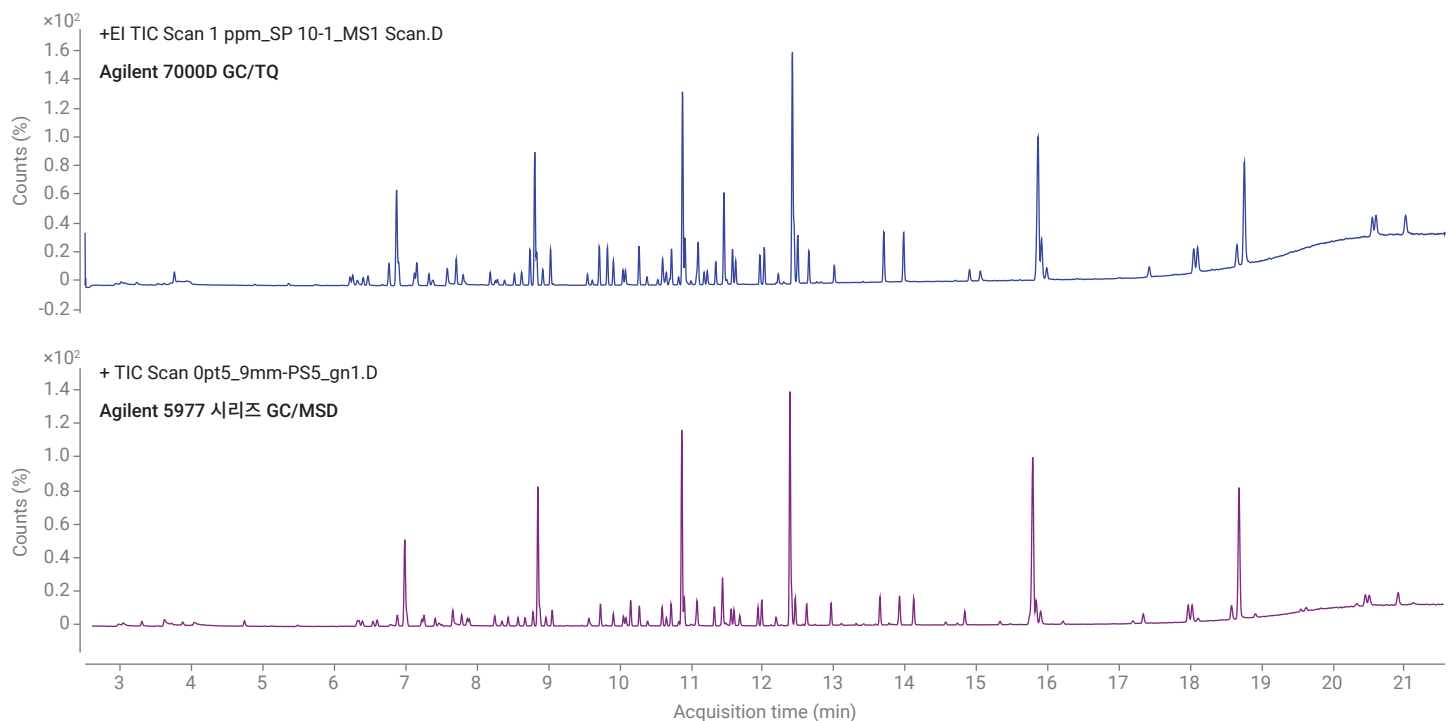


그림 3. Agilent 7890/7000D GC/TQ(위)를 통해 분석된 10:1 분할(0.1ng 온컬럼)의 1ppm 표준물질에 대한 TIC 스캔. Agilent 7890/5977 시리즈 GC/MSD(아래)를 통해 분석된 5:1 펄스 분할(0.1ng 온컬럼)의 0.5ppm 표준물질에 대한 TIC 스캔.

전체 스캔 데이터의 총 이온 크로마토그램 (TIC)을 보여줍니다. 5:1 펄스 분할(0.1ng 온컬럼)로 0.5ppm 표준물질에 대해 GC/MSD를 이용해 스캔하여 얻은 TIC 또한 그림 3에 나타냈습니다.

Agilent RTL 기술은 서로 다른 Agilent GC/MS 시스템 간 모든 표적 분석물질에 대해 머무름 시간이 동일하도록 합니다.⁴ RTL은 유지보수 후에도 한 시스템의 머무름 시간을 유지할 수 있도록 칼럼 유량을 조정함으로써 달성됩니다. RTL은 또한 그림 3에 나타낸 것과 같이 동일한 공칭 컬럼을 사용하여 기기 간 매칭이 거의 유사하도록 해줍니다.

전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통한 스펙트럼 정확도

그림 4와 같이 모든 SVOC에 대한 우수한 스펙트럼 라이브러리 매치 스코어(LMS)는 NIST 스펙트럼 라이브러리에 대한 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 GC/TQ를 통해 관찰되었습니다. LMS 값을 얻기 위해 10:1 GC 주입구 분할로 분석한 10ppm 표준물질을 NIST 스펙트럼 라이브러리에

대해 MassHunter Unknowns Analysis 소프트웨어로 처리했습니다. 관찰된 LMS 값은 GC/MS를 통해 얻은 값과 유사하며, 모든 74종 화합물의 평균 LMS는 95입니다. 이 결과는 GC/TQ 시스템이 스펙트럼 라이브러리 매칭을 사용하여 화합물을 식별하기 위한 시료 스크리닝에 사용될 수 있음을 보여줍니다.

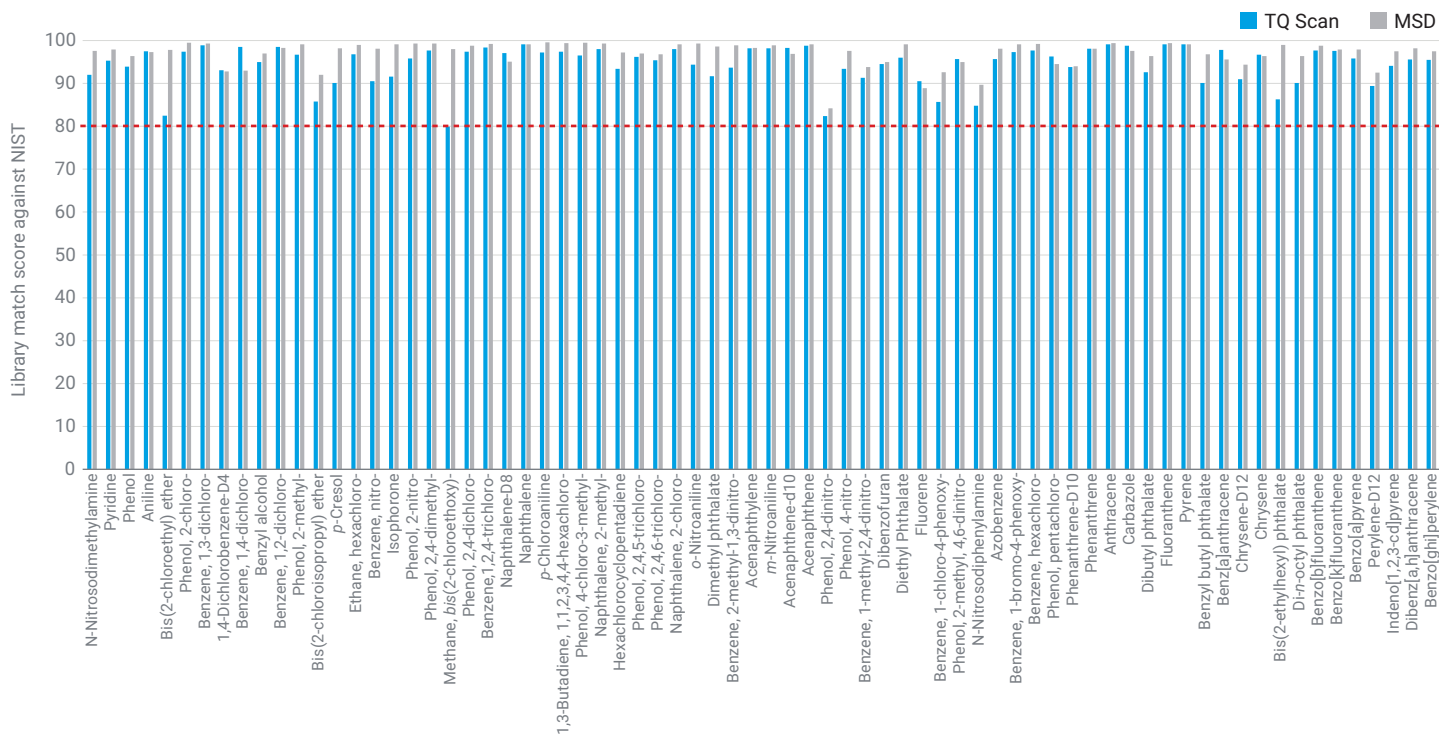


그림 4. NIST 스펙트럼 라이브러리에 대한 라이브러리 매치 스코어(LMS). 파란색 바: Agilent 7890/7000D GC/TQ를 통해 분석된 10:1 분할(1ng 각 성분 온컬럼) 10ppm 표준물질에 대한 결과. 회색 바: 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 Agilent 7890/5977 시리즈 GC/MSD를 통해 분석된 5:1 펄스 분할(1ng 각 성분 온컬럼) 5ppm 표준물질에 대한 결과.

GC/MSD RTL 라이브러리에 대한 GC/TQ 전체 스캔 데이터 분석

그림 4에 나타낸 LMS 값은 NIST 라이브러리에 대하여 시료를 분석할 때 얻었습니다. 그러나 시료는 GC/MSD 또는 GC/TQ를 통해 얻은 EPA 8270 SVOC 표준물질에 대한 전체 스캔 데이터를 사용하여 생성된 맞춤화된 머무름 시간 고정 SVOC 라이브러리에 대해서도 분석할 수 있습니다. 맞춤형 라이브러리에 대한 GC/TQ 전체 스캔 시료 분석의 이점은 화합물 검색 결과를 머무름 시간에 따라 필터링할 수 있다는 것입니다.⁵ RTL 기능을 통해 7890/7000D GC/TQ 및 7890/5977 시리즈 GC/MSD에서 머무름 시간은 동일했습니다 (그림 3). 따라서 GC/TQ 전체 스캔 시료를 GC/MSD 데이터로 구축된 라이브러리에 대하여 분석했을 때, 화합물 검색 결과를 머무름 시간에 따라 필터링하여 검토 과정을 단순화할 수 있었습니다.

그림 5는 GC/MSD SVOC 분석 결과를 사용하여 실험실에서 구축된 스펙트럼 라이브러리에 대한 전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통해 분석된 시료의 Unknowns Analysis 창을 보여줍니다. 74종 화합물의 평균 LMS는 95로, 이는 NIST 스펙트럼 라이브러리에 대해 GC/TQ를 통해 얻은 스펙트럼을 검색할 때 관찰된 평균 LMS와 동일합니다.

그림 5의 성분 표는 용리 순서대로 배열된 식별된 성분, GC/MSD 데이터로 구축된 맞춤형 SVOC 라이브러리와 매치 계수, 성분 면적 및 델타 RT를 나타냅니다. 델타 RT는 관찰된 머무름 시간과 라이브러리의 표적에 대한 머무름 시간 간의 차이입니다. 델타 RT 값이 작다는 것은 GC/TQ 및 GC/MSD를 통해 관찰된 머무름 시간 사이의 정렬이 양호함을 의미합니다. 이 워크플로는 분석법을 GC/MSD에서 GC/TQ로 이전할 때 유용하게 사용됩니다.

전체 스캔 데이터 수집 모드에서 얻은 GC/TQ 크로마토그램은 그림 5의 오른쪽 위에 검정색 선으로 표시했습니다. 식별된 성분은 녹색 선으로 표시했으며, 선택한 성분(7.121분에서 benzyl alcohol)은 빨간색으로 표시했습니다. 미러 플롯 (그림 5의 오른쪽 가운데)은 표시된 성분 (benzyl alcohol)의 deconvoluted 질량 스펙트럼과 상응하는 라이브러리 스펙트럼 간의 비교를 나타냅니다. 미러 플롯 아래의 스펙트럼은 deconvolution 이전의 원 질량 스펙트럼입니다. 중첩된 이온은 이온 피크 창 아래에 표시되어 성분에 속하는 이온이 동일한 머무름 시간 정점과 크로마토그래피 피크 모양을 가지고 있음을 보여줍니다.

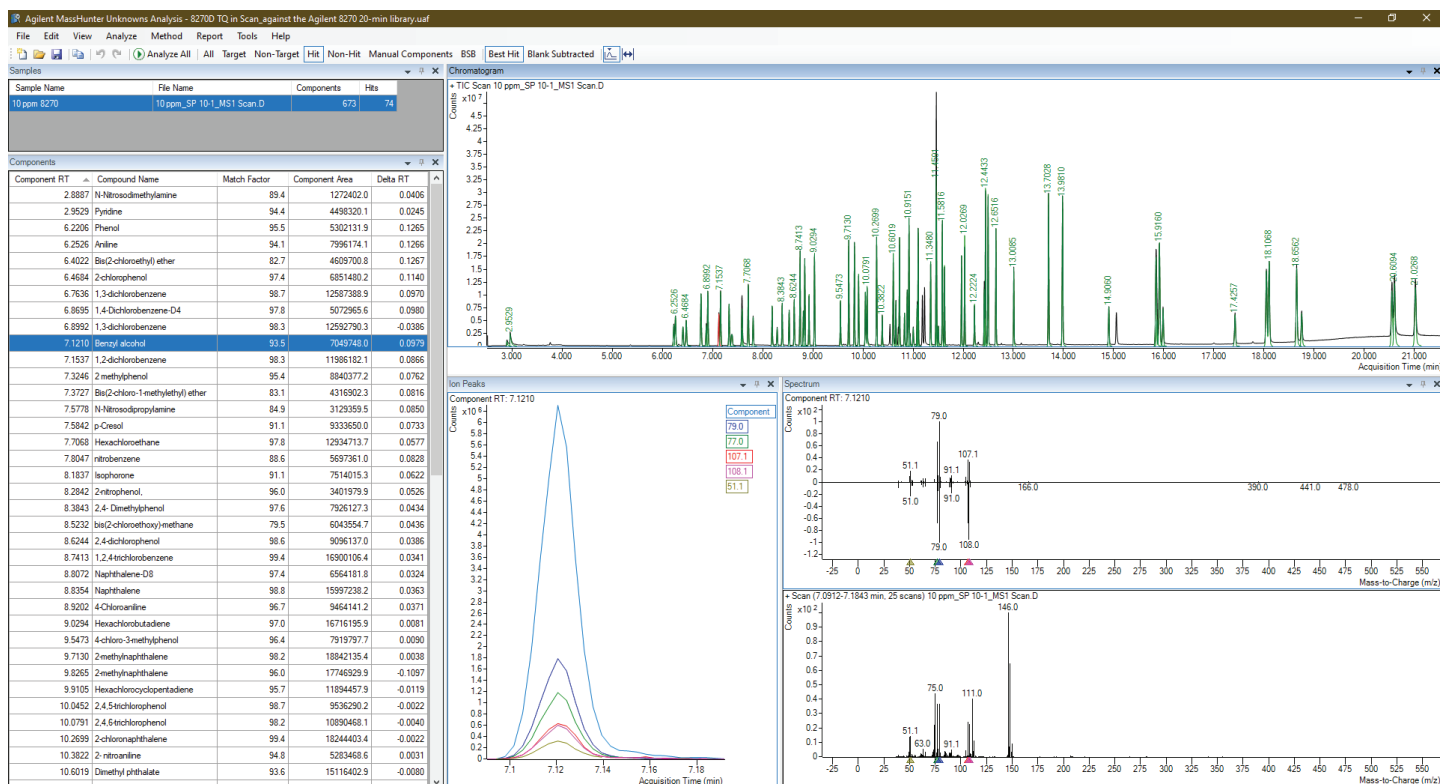


그림 5. GC/MSD SVOC 분석 결과를 사용하여 실험실에서 구축된 스펙트럼 라이브러리에 대해 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 GC/TQ를 통해 분석된 10ppm SVOC 표준물질 (10:1 GC 주입구 분할)의 Unknowns Analysis 창.

전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통한 높은 감도

그림 6A와 6B는 전체 스캔 데이터 수집 모드(위) 및 GC/MSD(아래)에서 GC/TQ를 통해 분석한 hexachlorobenzene 및 acenaphthene에 대한 추출 이온 크로마토그램(EIC)의 비교를 나타냅니다. 온컬럼 로딩은 분석 물질 당 40pg로, 0.4ppm 표준물질은 GC/TQ를 통해 10:1 GC 주입구 분할에서 분석되었으며 0.2ppm 표준물질은 GC/MSD를 통해 5:1 GC 주입구 펄스 분할에서 분석되었습니다. 이 연구에서 설명한 조건에서 작동하는 전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통해 얻은 EIC의 신호 대 잡음비는 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 GC/MSD를 통해 관찰된 것과 유사했습니다.

전체 스캔 데이터 수집 모드에서 작동하는 7890/7000D GC/TQ를 통해 얻은 LOD는 그림 7에 나타냈습니다. 대부분 화합물의 LOD는 50ppb(pp/μL) 미만으로, GC/MSD를 통해 관찰된 LOD와 유사했습니다. 관찰된 LOD가 높은 화합물은 낮은 농도에서 GC/MS 분석이 까다로운 것으로 알려져 있습니다. 이러한 화합물에는 N-nitrosodimethylamine, 2-nitrophenol, 2,4 dinitrophenol, 2-methyl-4,6-dinitrophenol 등이 있습니다.

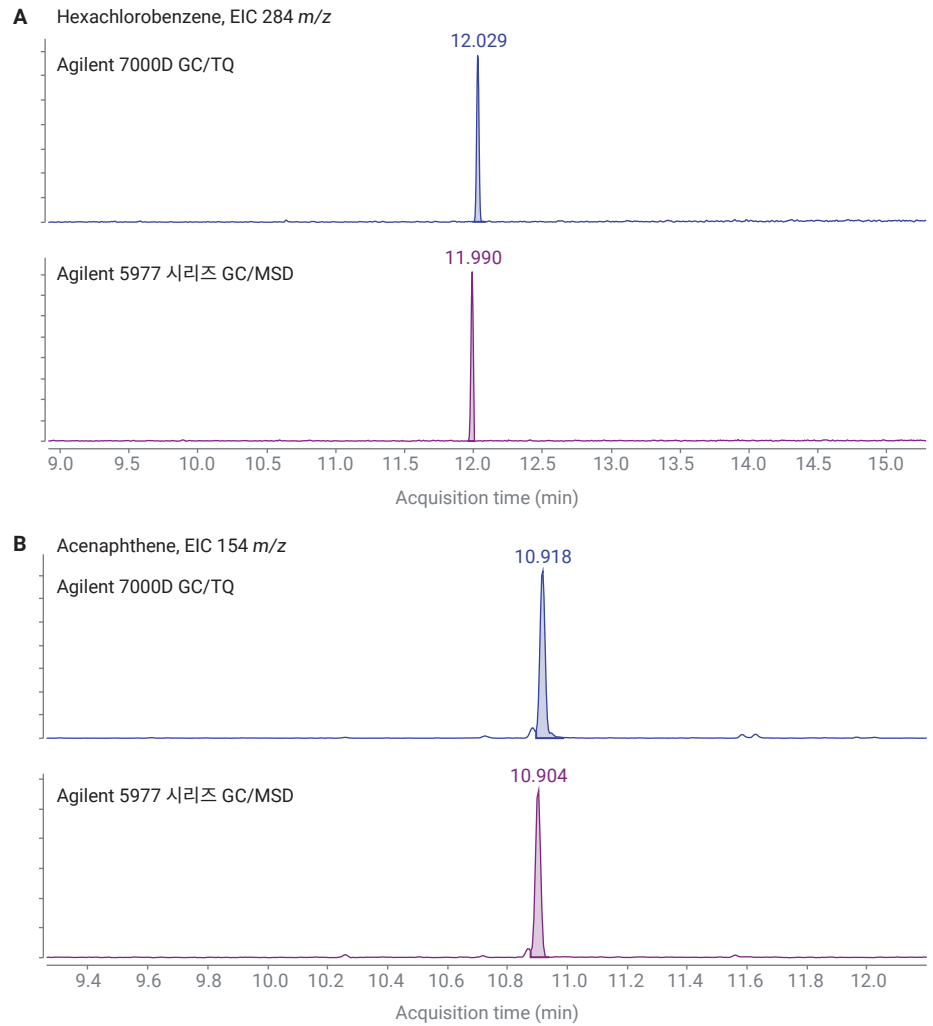


그림 6. 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 GC/TQ를 통해 획득한 EIC(파란색 상단 크로마토그램) 및 전체 스캔 모드에서 GC/MSD를 통해 획득한 EIC(보라색 하단 크로마토그램): (A) hexachlorobenzene 40pg(m/z 284); (B) acenaphthene 40pg(m/z 154).

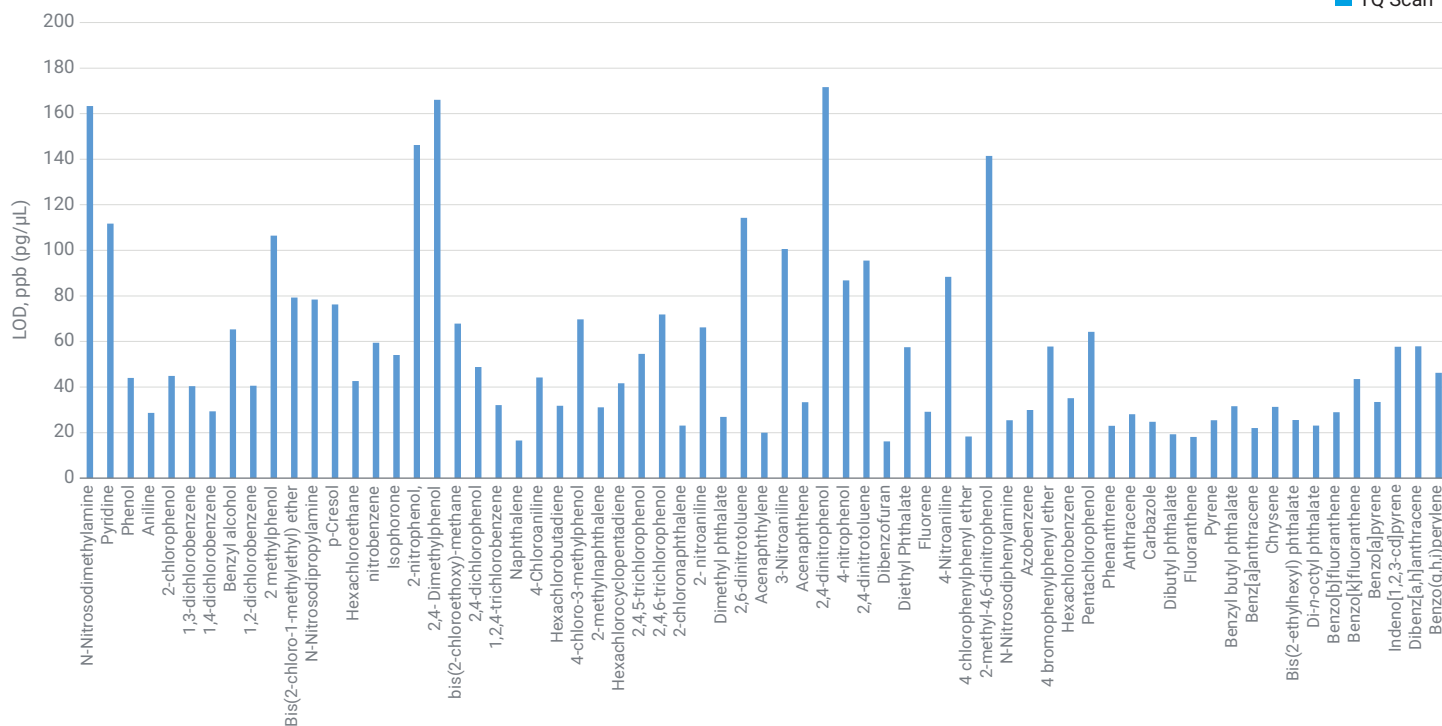


그림 7. 주입구 분할비가 10:1인 0.5ppm 표준물질을 9회 연속 주입 시 얻은 전체 스캔 데이터 수집 모드에서의 7890/7000D GC/TQ의 LOD.

Benzo[b]- 및 benzo[k]fluoranthene 간 분리능

Benzo[b]fluoranthene 및 benzo[k]fluoranthene에 대한 두 이성질체 피크 간의 크로마토그래피 분리능은 여러 표준 분석법에서 크로마토그래피 성능의 지표로 보통 사용되기 때문에 이를 평가했습니다. 그림 8은 benzo[b]fluoranthene 및 benzo[k]fluoranthene에 대한 두 이성질체 피크 간의 밸리(Valley) 높이의 크로마토그래피 분리능이 전체 스캔 모드에서 GC/TQ 분석을 통한 중간 지점 농도 수준에서 두 피크 높이의 평균의 50% 미만임을 보여줍니다.

전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통한 초기 검량 성능

전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통해 검량 성능을 평가하기 위해 68종 화합물 혼합물과 6종의 ISTD를 사용하여 0.4~100ppm의 12-포인트의 검량을 분석했습니다. MassHunter 정량 분석을 사용하여 각 검량 농도에서 각 성분에 대한 상대 감응

계수를 측정했습니다. 그런 다음 상대 표준 편차(RSD)와 함께 각 화합물의 검량선에 대한 평균 상대 감응 계수에 걸쳐 평균 감응 계수를 계산했습니다. 통과 기준에는 평균 감응 계수 %RSD가 20 이하여야 한다고 명시되어 있습니다(이는 권장되는 통과

기준입니다). 이를 충족하지 못한다면 선형 곡선 피팅을 위해 0.990 이상의 R^2 가 요구됩니다. 마지막으로, 재계산한 낮은 검량 포인트 농도가 표준물질의 실제 농도의 $\pm 30\%$ 이내인 0.990 이상의 R^2 로 2차 피팅을 사용할 수도 있습니다. 가장 낮은

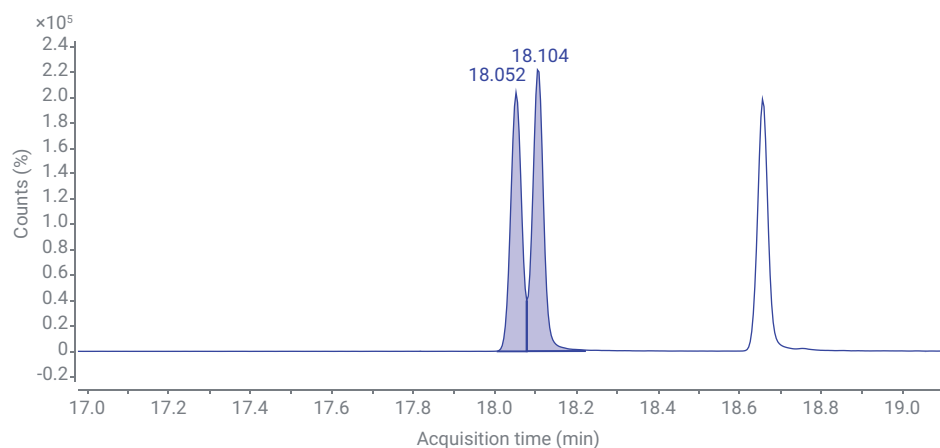


그림 8. 전체 스캔 모드, EIC 252m/z의 GC/TQ에서 10ppm일 때 Benzo[b]- 및 benzo[k]fluoranthene의 분리능.

데이터 포인트의 정확도는 $\pm 30\%$ 여야 하며 곡선 피팅을 사용하는 경우 6개 포인트가 필요합니다. 상대 표준 오차(RSE) 또한 MassHunter 정량 분석에서 계산하여 곡선 품질을 측정했습니다.

표 2에 평가된 농도 범위 0.4~100ppm에 걸쳐 전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통해 달성된 SVOC 분석에 대한 초기 검량 성능을 요약했습니다. 68종 화합물의 평균 감응 계수 %RSD는 16.1로 68종 화합물 중 47종 화합물이 평균 감응 계수 %RSD 통과 기준인 20 이하를 충족했습니다. 나머지 21종 화합물에는 선형 또는 2차 검량선 피팅이 사용되었습니다.

모든 68종 화합물에 대한 초기 검량선의 RSE는 20 이하였고, 모든 표적물질에 걸쳐 평균 RSE는 11.0이었습니다.

N-nitrosodimethylamine 및 bis(2-chloro-1-methylethyl)ether의 검량선은 그림 9에 나타냈습니다. 초기 검량은 평균 감응 계수 %RSD 각각 8.2와 1.4로 낮은 검량 농도에서 정확도를 유지하면서 우수한 직선성을 보여줍니다.

표 2. 평가된 농도 범위 0.4~100ppm에 걸쳐 전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통해 얻은 SVOC 분석에 대한 초기 검량 성능.

평균 감응 계수 %RSD가 20 미만인 화합물 수	68종 화합물의 평균 감응 계수 %RSD	상대 표준 오차 (RSE)가 20 미만인 화합물 수	68종 화합물의 평균 상대 표준 오차(RSE)	R ² 가 0.99보다 크고 정확도 30%를 넘는 선형 피팅 화합물 수	R ² 가 0.99보다 크고 정확도 30%를 넘는 2차 피팅 화합물 수
47	16.1	68	11.0	10	11

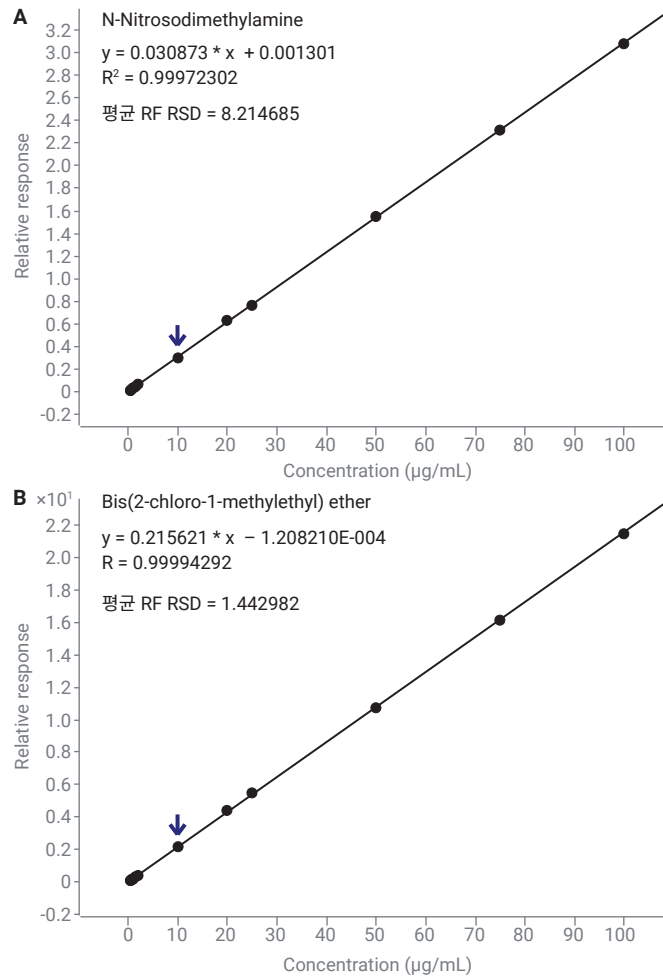


그림 9. GC 주입구 분할비 10:1을 이용하여 전체 스캔 모드에서 GC/TQ를 통해 얻은 0.4~100ppm의 검량 범위에 걸친 N-nitrosodimethylamine 및 bis(2-chloro-1-methylethyl)ether에 대한 검량선 예시.

결론

Agilent 7000D QQQ GC/MS 시스템은 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 준휘발성 유기 화합물(SVOC)의 분석을 위해 사용됩니다. 이 응용 자료에 설명된 작동 조건을 이용하여, 전체 스캔 데이터 수집 모드에서 7000D GC/TQ 시스템을 통해 0.4~100ppm의 넓은 측정 범위에서 우수한 스펙트럼 라이브러리 매칭, 높은 감도와 직선성을 얻을 수 있었습니다.

모든 표적 화합물은 NIST 라이브러리와 맞춤형 SVOC 스펙트럼 라이브러리에 대하여 식별되었으며, 두 경우 모두 높은 라이브러리 매치 스코어(평균 95)를 보였습니다. 68종 화합물의 평균 감응 계수 %RSD는 10.96으로 68종 화합물 중 47종 화합물이 평균 감응 계수 %RSD 통과 기준인 20 이하를 충족했습니다. 대부분의 화합물에 대해 GC/TQ를 통해 얻은 LOD는 50ppb(pp/μL) 미만이었습니다.

데이터 수집 및 처리에 대한 모범 실천방법에 따르면, GC/TQ의 전체 스캔 데이터 수집 성능은 SVOC 분석에 대한 SQ GC/MS 시스템과 유사한 것으로 밝혀졌습니다. 이러한 성능을 통해 실험실은 필요에 따라 GC/TQ를 통해 SQ GC/MS 워크플로를 수행할 수 있으며, 전체 스캔 모드에서 시료 스크리닝 및 화합물 식별과 같은 일상적인 워크플로에 대한 GC/TQ의 유연성을 확장할 수 있습니다.

참고 문헌

1. Semivolatile Organic Compounds by Gas Chromatography/Mass Spectrometry (GC/MS); Method 8270E. *United States Environmental Protection Agency* June **2018**, Revision 6. https://www.epa.gov/sites/production/files/2019-01/documents/8270e_revised_6_june_2018.pdf
2. Churley, M.; Szelewski, M.; Quimby, B. EPA 8270 Re-optimized for Widest Calibration Range on the 5977 Inert Plus GC/MSD, *Agilent Technologies application brief*, publication number 5994-0350EN, **2018**.
3. Churley, M.; Quimby, B.; Andrianova, A. A Fast Method for EPA 8270 in MRM Mode Using the 7000 Series Triple Quadrupole GC/MS, *Agilent Technologies application note*, publication number 5994-0691EN, **2019**.
4. Agilent Retention Time Locking <https://www.agilent.com/en/retention-time-locking>.
5. Andrianova, A.; Quimby, B.; Westland, J. GC/MSD Pesticide Screening in Strawberries at Tolerance Levels Using Library Searching of Deconvoluted Spectra. *Agilent Technologies application note*, publication number 5994-0915EN, **2019**.

www.agilent.com/chem

DE44385.3305671296

이 정보는 사전 고지 없이 변경될 수 있습니다.

© Agilent Technologies, Inc. 2021
2021년 9월 28일, 한국에서 인쇄
5994-3859KO

한국에질런트테크놀로지스(주)
대한민국 서울특별시 서초구 강남대로 369,
A+ 에셋타워 9층, 06621
전화: 82-80-004-5090 (고객지원센터)
팩스: 82-2-3452-2451
이메일: korea-inquiry_lsca@agilent.com