

Sistema LC/MS Agilent Serie 6210 Time-of-Flight
Dai campioni alle risposte



Dai campioni alle risposte

Se analizzi sostanze farmaceutiche o campioni ambientali, proteine o peptidi sintetici, il sistema LC/MS Agilent 6210 Time-of-Flight ti offre le prestazioni analitiche più adatte, un software potente per applicazioni specifiche e facilità d'uso, per trasformare ogni campione in risposte.

Prestazioni avanzate...

Il sistema LC/MS Agilent 6210 Time-of-Flight offre ottime prestazioni analitiche:

- Assicura grande affidabilità analitica, grazie all'accuratezza di massa di 2 ppm.
- Risolve miscele complesse, distinguendo i composti di interesse dalle interferenze.
- Identifica simultaneamente componenti presenti in alta e bassa concentrazione, grazie al suo ampio intervallo dinamico.
- Identifica componenti non risolti, anche in picchi cromatografici stretti, grazie alla sua elevata velocità di acquisizione dei dati.
- Rivela componenti in bassa quantità, grazie alla sua eccezionale sensibilità.
- Acquisisce un maggior numero di informazioni dagli incogniti, grazie alla commutazione della polarità da spettro a spettro, specialmente quando è accoppiato alla sorgente Multimode.

... più facilmente

L'accuratezza di massa e le prestazioni analitiche del sistema LC/MS Agilent 6210 TOF sono ottime e il suo funzionamento è particolarmente semplice. La messa a punto e l'introduzione di uno standard di riferimento di massa interno sono completamente automatiche e assicurano le massime prestazioni con il minimo sforzo. Il software specifico ottimizza i risultati e aumenta la produttività nelle applicazioni con molecole di grandi o piccole dimensioni. Inoltre il software facilita l'accesso multiutente e la possibilità di rielaborazione remota dei dati semplifica ulteriormente il funzionamento.

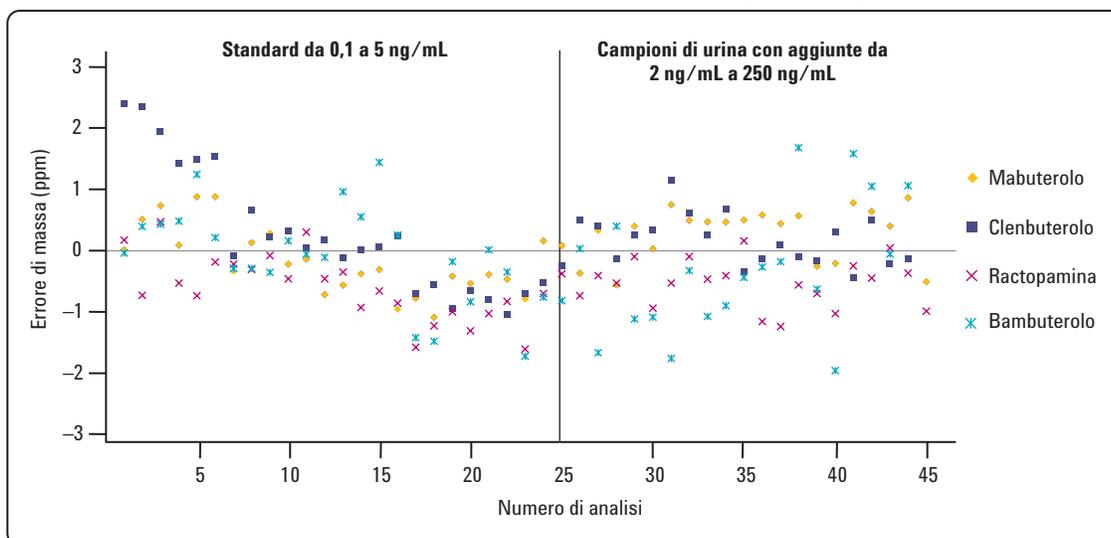
Maggiore accuratezza e risoluzione di massa aumentano l'affidabilità

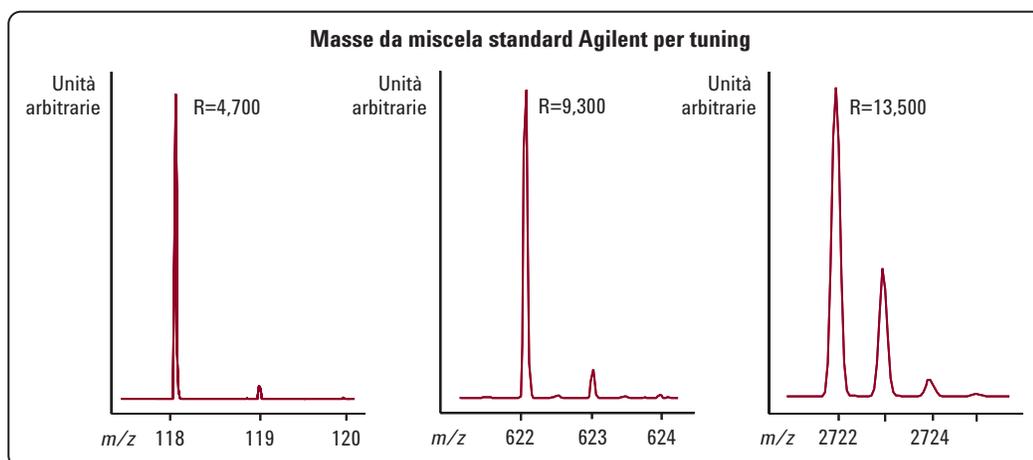
Il sistema LC/MS Agilent 6210 TOF è stato progettato per fornire, simultaneamente, elevate accuratezza e risoluzione di massa, intervallo dinamico e velocità di acquisizione dei dati.

Per i composti a basso peso molecolare, l'accuratezza di massa di 2 ppm del sistema 6210 TOF consente la conferma della composizione elementare e l'identificazione degli incogniti. Per i composti a più elevato peso molecolare, limita significativamente il numero di possibili candidati, in modo da permettere un'identificazione in base a una combinazione fra accuratezza delle misurazioni di massa e informazioni complementari.

L'eccezionale potere risolutore del sistema 6210 TOF riduce la possibilità che un picco di massa di un composto di interesse sia sovrapposto a un'ione interferente del campione o del background. Il sistema può distinguere molti composti con masse nominali identiche e rende più veloce l'identificazione di varianti di proteine attribuibili a modifiche post-traslazionali o a mutazioni.

Il sistema LC/MS 6210 TOF effettua, di routine, misure di massa con accuratezza di 1-2 ppm, come mostrato dai risultati di questa sequenza della durata di 18 ore su campioni di standard di β_2 -agonista e campioni di urina addizionati

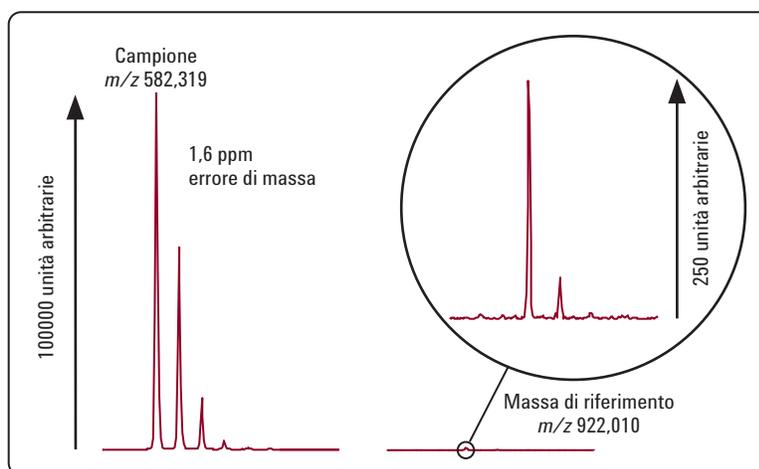




L'elevato potere risolutore del sistema 6210 TOF assicura la massima probabilità di distinguere tutti i componenti del campione

L'ampio intervallo dinamico aiuta a identificare i componenti in tracce e semplifica il funzionamento

Il sistema LC/MS Agilent 6210 TOF offre un forte aumento, di oltre tre ordini di grandezza, dell'intervallo dinamico senza l'uso dell'attenuazione del fascio ionico, che in altri strumenti TOF causa la riduzione della sensibilità. Tale intervallo dinamico consente di identificare i composti meno abbondanti in presenza di quelli sensibilmente più concentrati, anche con un singolo spettro. Inoltre, è facilitato l'accesso multiutente perchè il rivelatore adatta automaticamente l'intervallo dinamico alla concentrazione del campione.



L'ampio intervallo dinamico consente l'identificazione sia dei componenti più concentrati sia di quelli in tracce e facilita l'uso di uno standard interno

Acquisizione veloce degli spettri perfetta per la cromatografia veloce

Con 40 spettri al secondo, il sistema 6210 TOF fornisce un numero di dati più che sufficiente per ottenere risultati qualitativi e quantitativi affidabili quando si utilizza la cromatografia veloce. Puoi identificare componenti poco risolti o non risolti sia in picchi stretti che in quelli più ampi. L'acquisizione veloce degli spettri assicura inoltre misurazioni più accurate dell'area dei picchi per una quantificazione più precisa.

Compatibile con la più ampia gamma di applicazioni

Con il sistema LC Agilent, la sorgente ionica e il software più appropriati, il rivelatore LC/MS Agilent 6210 Time of Flight è in grado di fornire risposte alle più diverse richieste analitiche: dalla conferma dell'identificazione per prodotti di sintesi al profiling veloce di campioni di proteine in matrici complesse.

Una sorgente per ogni tipo di analisi

Il sistema Agilent 6210 TOF offre una delle più ampie scelte di sorgenti ioniche, tra cui le sorgenti a doppio nebulizzatore. Le sorgenti a doppio nebulizzatore aumentano sia l'accuratezza di massa sia la facilità d'uso, grazie all'introduzione di uno standard di riferimento interno per la massa tramite un secondo nebulizzatore dedicato a tale scopo. Ciò facilita la messa a punto automatica, una rarità negli strumenti TOF.

- Electrospray (ESI) a doppio nebulizzatore per tutte le prestazioni
- La sorgente nanospray a doppio nebulizzatore assicura elevata sensibilità
- APCI per composti meno polari che non danno buona ionizzazione con l'electrospray
- APPI per composti che non rispondono bene con ESI e APCI
- Interfaccia CE-TOF che permette di trarre vantaggio dal potere risolutore della tecnica CE
- PDF-MALDI* per proteomica ad elevata produttività
- Multimode: aumenta la produttività grazie all'acquisizione simultanea di dati ESI e APCI
- Interfaccia HPLC-Chip e HPLC-Chip Cube MS per ottenere il massimo in termini di separazione e sensibilità



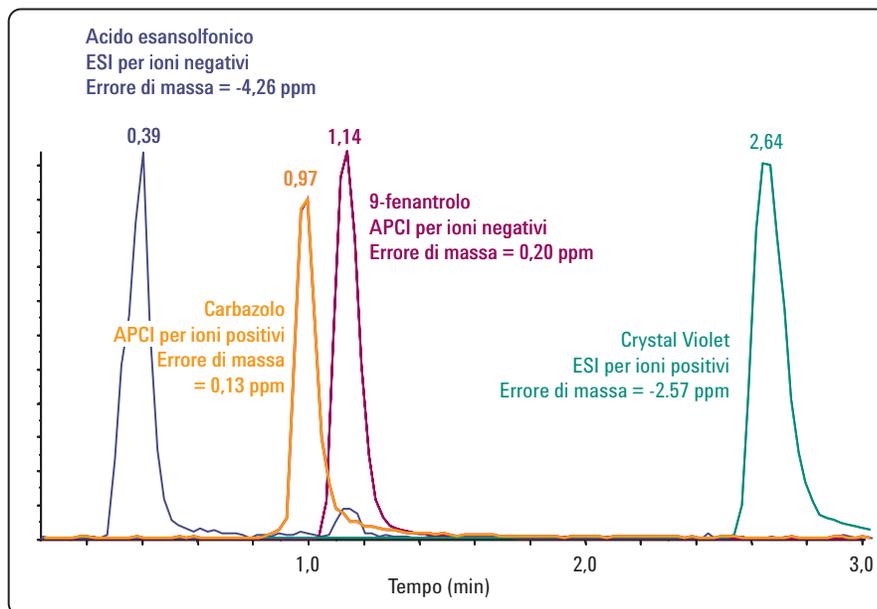
La sorgente ionica ESI a doppio nebulizzatore assicura la massima accuratezza di massa



L'interfaccia HPLC-Chip Cube ottimizza la sensibilità quando si lavora a nanoflussi



La sorgente ionica multimode raddoppia la produttività



In una singola analisi, il sistema 6210 TOF con commutazione della polarità da spettro a spettro e sorgente Multimode identifica quattro composti, ciascuno dei quali risponde a combinazioni diverse di metodo e polarità di ionizzazione

*La sorgente PDF-MALDI [prodotto Laser Classe I]

Analisi semplificate delle molecole più piccole

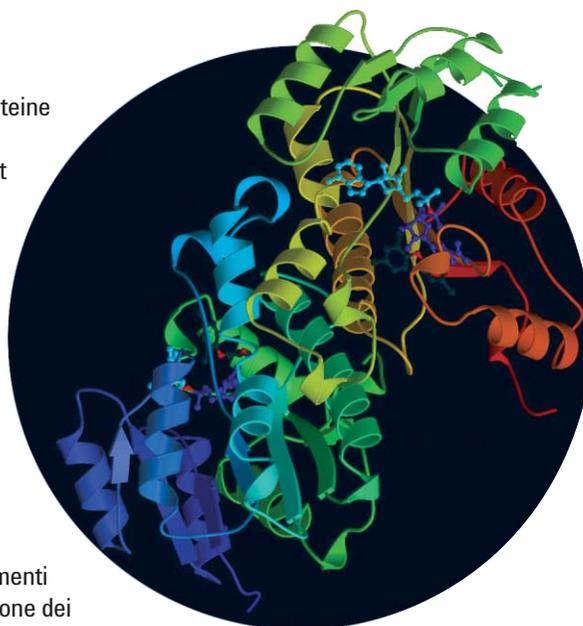
Quando devi effettuare screening ad elevata produttività e analisi di impurezze in campo ambientale o forense, il sistema Agilent 6210 TOF ti offre:

- Software per la conferma della formula empirica, per verificare rapidamente e con sicurezza i composti attesi
- Software per la generazione della formula empirica, che potenzia l'accuratezza delle misurazioni di massa per identificare le impurezze e altri incogniti
- Algoritmo Feature Extraction and Correlation, che migliora l'accuratezza della determinazione della formula empirica e la ricerca nei database

Migliore analisi delle biomolecole

Se la tua ricerca riguarda proteine e peptidi, sia naturali che sintetiche, il sistema Agilent 6210 TOF può essere accoppiato con:

- Software MassHunter Bioconfirmation, per conferma affidabile dell'identità di proteine e peptidi e per identificare sia varianti inattese sia incogniti
- Software MassHunter Profiling che applica strumenti ottimizzati per l'identificazione dei composti e la visualizzazione dei dati agli studi dell'espressione differenziale e alla scoperta di biomarker



Maggiore produttività e facilità d'uso

È disponibile un ulteriore software per rendere la potenza del sistema TOF accessibile a un maggior numero di ricercatori e per semplificare la rielaborazione dei dati.

- Software MassHunter Easy Access, che semplifica il funzionamento walk-up ed è ideale per strumenti condivisi in ambiente multiutente
- Software Data Browser, che facilita la rielaborazione dei dati su PC remoto senza il software TOF

Questi pacchetti sono compatibili con le applicazioni e i software relativi sia alle piccole molecole che alle biomolecole.



Facile conferma dell'identità di piccole molecole e identificazione di incogniti

L'accuratezza di massa di 2 ppm del sistema 6210 TOF è un vantaggio sia per la conferma dell'identità dei composti sia per l'identificazione degli incogniti. In molti casi, la sola accuratezza di massa è sufficiente. In altri casi, riduce il numero di possibili candidati tanto da rendere più semplice la conferma o l'identificazione.

Conferma rapida dell'identità dei composti

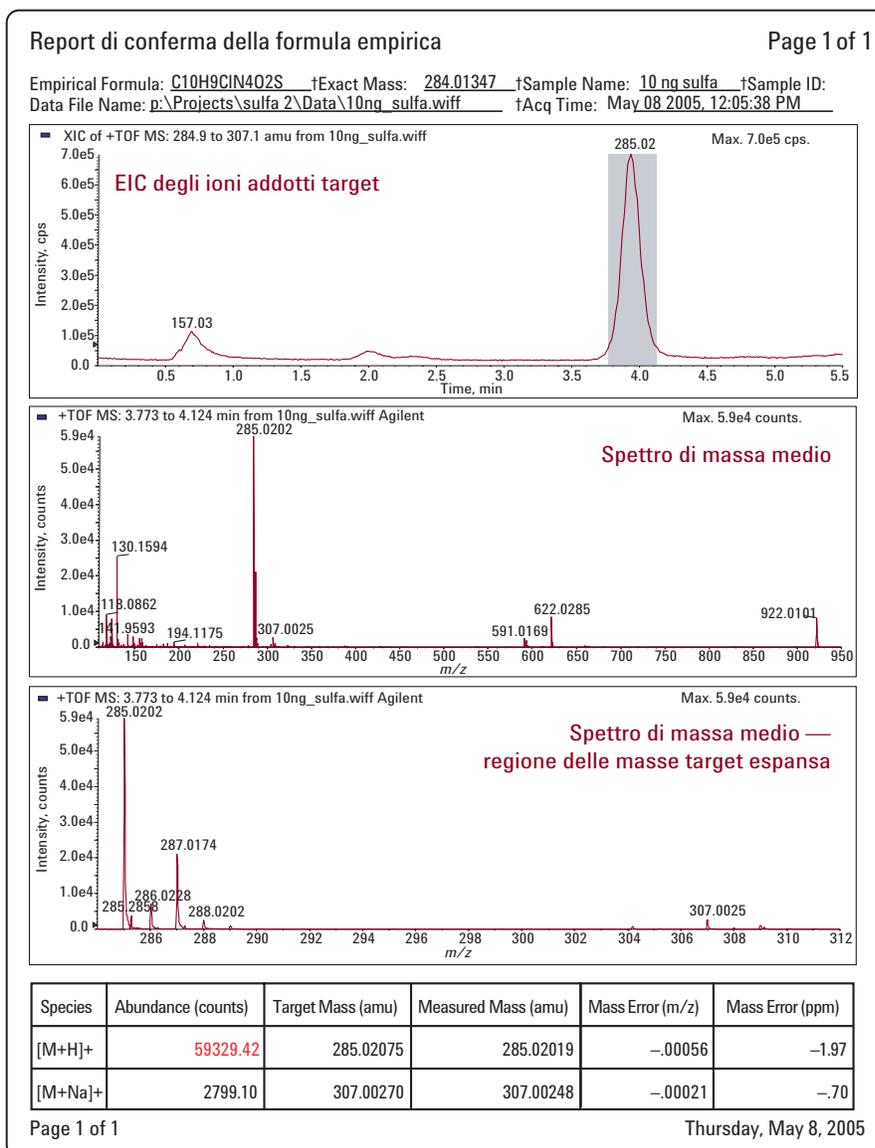
Il software per la conferma della formula empirica permette di verificare rapidamente e con facilità la presenza dei composti attesi. Partendo da una formula empirica, rielabora gli spettri estratti, ricercando le masse attese. Il software tiene conto di perdite neutre, addotti e altre modifiche comuni. Il programma genera una singola pagina di conferma per ciascun composto d'interesse.

Identificazione degli incogniti con il software per la generazione della formula empirica

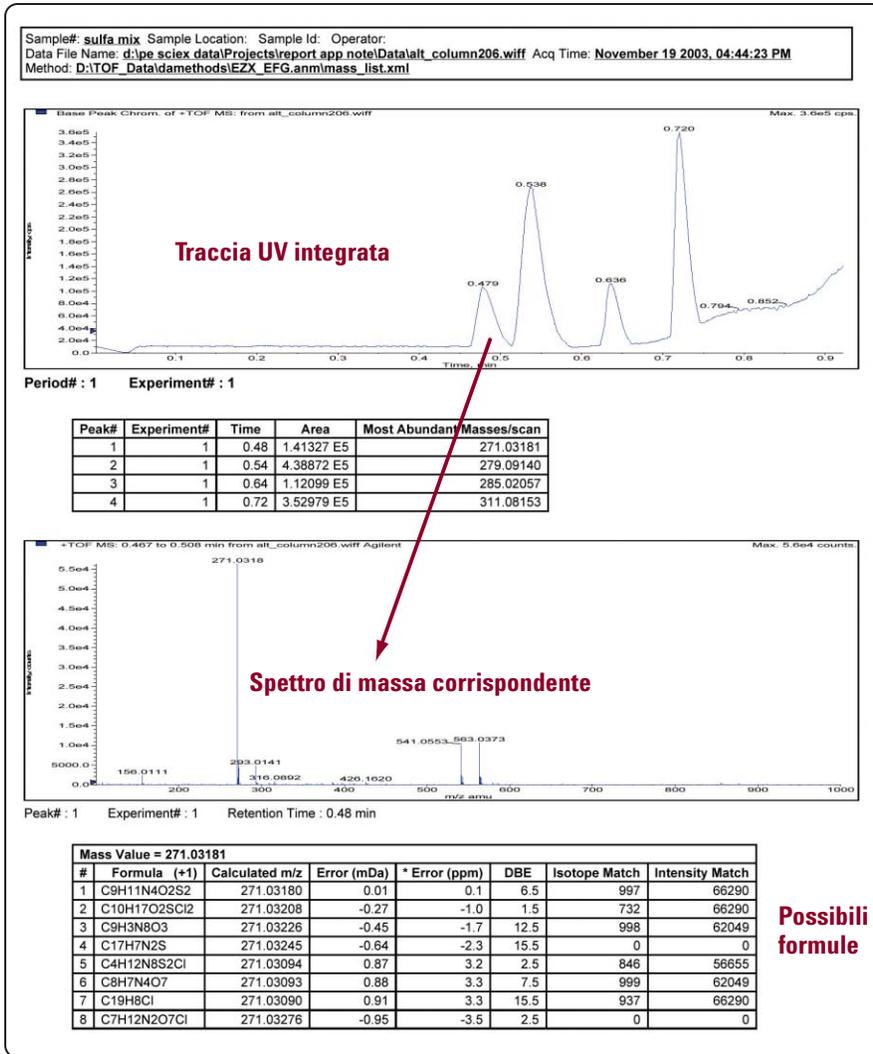
Dai risultati nella lista delle masse è possibile generare un elenco delle possibili formule empiriche per ciascun incognito. Il processo di generazione della formula è personalizzabile grazie a un'ampia gamma di parametri, fra cui:

- Tolleranza di massa
- Elenco degli elementi possibili
- Valori massimo e minimo per ciascun elemento
- Stato elettronico (pari o dispari)
- Stato di carica
- Massimo intervallo di errore
- Massimo numero di risposte

I risultati possono essere ordinati per aderenza al rapporto isotopico o per errore di massa.



Il rapporto di conferma della formula empirica visualizza le informazioni essenziali per ciascun composto target



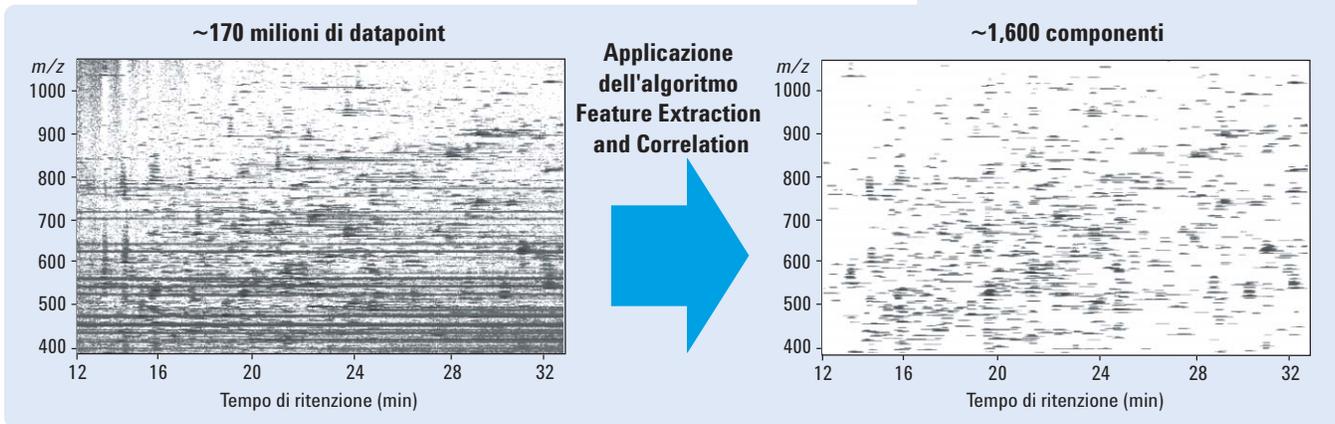
Il programma di generazione della formula empirica produce un elenco delle identità più probabili, in base ai dati di massa accurati e alla tua conoscenza del campione

Trasformare dati grezzi in dati utili

Il nuovo, potente algoritmo Feature Extraction and Correlation migliora l'analisi qualitativa delle miscele complesse di peptidi o molecole più piccole. Tramite l'identificazione delle informazioni correlate nei dati grezzi, aumenta l'accuratezza della successiva determinazione della formula empirica e della ricerca nel database.

L'algoritmo Feature Extraction and Correlation individua i gruppi di ioni covarianti nel cromatogramma. Ciascuno di questi gruppi rappresenta un singolo composto. Di conseguenza, l'algoritmo identifica tutti i componenti nel cromatogramma, invece che limitarsi a identificare i picchi cromatografici, il che potrebbe nascondere componenti multipli. Ciò facilita una rimozione molto efficace dei dati generati dal background.

Dopo l'identificazione dei componenti e la rimozione del background, l'algoritmo assegna gli stati di carica; identifica gli addotti in modo che le ione molecolare e ione addotto possano essere trattati come un composto unico. Inoltre, l'algoritmo identifica gli isotopi e riporta solo le masse monoisotopiche per una determinazione della formula empirica e una ricerca nel database più accurate.



L'elaborazione dei dati grezzi con l'algoritmo Feature Extraction and Correlation identifica circa 1600 composti su 170 milioni di datapoint grezzi da un campione di BSA con aggiunta di mioglobina. Questi esempi si riferiscono a una regione ridotta della visualizzazione totale dei dati.

Trasforma i dati in risposte

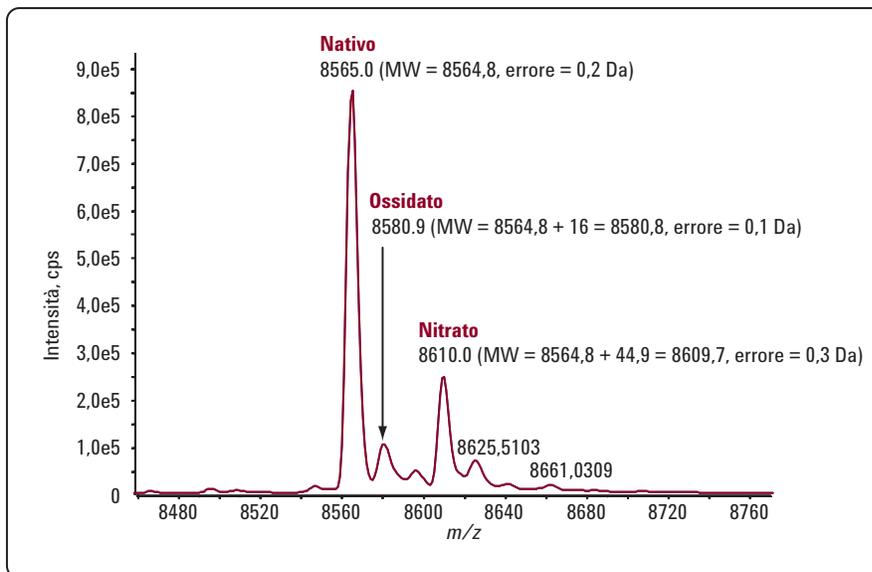
L'eccezionale riproducibilità, risoluzione e accuratezza di massa del sistema Agilent 6210 TOF lo rendono una piattaforma ideale per la ricerca sulle proteine. Sofisticati pacchetti software per la conferma e il profilo di espressione delle proteine lo rendono capace di trasformare dati eccellenti in risposte utili.

Conferma delle identità e identificazione delle varianti con il software Bioconfirmation

Se la tua ricerca riguarda la sintesi di peptidi o proteine ricombinanti, il software Agilent MassHunter Bioconfirmation ti aiuta nella conferma delle identità e nell'identificazione delle varianti prima dell'avvio di test costosi.

Risultati più accurati con la deconvoluzione ottimizzata

L'analisi degli spettri di proteine e peptidi inizia con la deconvoluzione. Diversamente da alcuni software presenti sul mercato, il software Bioconfirmation contiene algoritmi di deconvoluzione separati, uno ottimizzato per le proteine, l'altro per i peptidi.



Il software MassHunter Bioconfirmation distingue le forme modificate delle proteine, come mostrato nello spettro di deconvoluzione dei tre prodotti principali in un campione di ubiquitina trattato con perossinitrito

Sample Name: *Beta-Lac-2pmol* Method Name: *F1TOFdamethods\protein_small_tol_25.am*
Data File Name: *F1TOFdata\BetaLac.wiff* Acq Time: *March 16 2004, 09:52:16 AM*

Target Proteins

Protein	Target Mass Average (Da)	Measured Mass Average (Da)	Measured Mass Apex (Da)	Area	+/- (Da)
	18277.1700	18277.1391	18277.0266	1238472.6971	-0.0309
	18363.2600	18363.2551	18363.0266	1298021.2043	-0.0049

A e B, varianti

Other Proteins

Measured Mass Average (Da)	Measured Mass Apex (Da)	Area	Time (min)
18363.2551	18363.0266	1298021.2043	3.76
18277.1391	18277.0266	1238472.6971	3.76
18362.9925	18376.0266	922081.2178	3.76
18410.6222	18410.0266	265030.2922	3.76
18297.0366	18297.0266	258021.0757	3.76
18461.2824	18461.0266	187922.8999	3.76
18324.1605	18324.0266	163183.0441	3.76
18396.7208	18396.0266	118587.3214	3.76

Altre proteine non target trovate

Una migliore estrazione delle caratteristiche molecolari migliora l'identificazione dei peptidi

Il software MassHunter Bioconfirmation usa l'algoritmo Feature Extraction and Correlation per individuare con grande accuratezza tutti i composti, non solo i picchi, nelle miscele complesse di peptidi. È possibile importare l'elenco di massa risultante in un programma di ricerca in database, come il software Agilent Spectrum Mill per MassHunter, per una veloce identificazione con peptide fingerprinting.

Conferma rapida ed efficiente per le proteine ricombinanti...

Il software Bioconfirmation permette di ottenere una rapida conferma dell'identità delle proteine ricombinanti intatte. Per ciascun campione genera un bollettino di conferma che verifica la proteina attesa ed elenca i pesi molecolari e altri dati per impurezze e varianti non previste.

Una parte del rapporto di Protein Confirmation, dall'analisi di β -lattoglobulina, mostra le proteine target (le varianti A e B) confermate con errore a livello di ppm

... e identificazioni di varianti inattese

Se durante l'identificazione delle proteine vengono trovate varianti inattese, le funzioni di digestione proteolitica e rianalisi del software Bioconfirmation permettono di individuare le parti della sequenza che corrispondono a quella attesa e quelle che invece differiscono, informazioni utili circa il sito e la natura della variazione.

Il software Expression profiling, per l'efficiente scoperta di biomarker e non solo

Con la giusta scelta del sistema Agilent LC e della sorgente ionica, il rivelatore Agilent 6210 TOF è uno strumento eccezionale per una veloce ed efficiente determinazione del profilo. Il software Agilent MassHunter Profiling facilita l'operazione grazie a strumenti ottimizzati sia per l'individuazione del composto sia per la visualizzazione dei dati. Un'altra applicazione è la QA/QC di glicoproteine tramite il profilo dell'espressione di glicani liberi.

Individuazione eccellente dei composti

Il software MassHunter Profiling usa l'algoritmo Feature Extraction and Correlation, che effettua al meglio l'individuazione di tutte le componenti, anche in miscele peptidiche molto complesse.

Confronto statistico e visualizzazione efficaci

Il software MassHunter Profiling confronta statisticamente i risultati ottenuti su due campioni e visualizza, in tabelle o grafici, variabili multiple quali massa, tempo di ritenzione e abbondanza.

The screenshot shows the 'Sequence Editor-Matcher' interface for 'Serotransferrin'. It displays the amino acid sequence of 'A Chain A' with a coverage of 74.1477%. Below the sequence, a table titled 'Peptidi prodotti da digestione in silice' lists four peptides: A(1-6), A(7-23), A(24-26), and A(27-37). A 'Match Results' table below that shows five matches. Two matches at RT 0.2300 and 0.2981 are circled in red, with arrows pointing to their measured masses of 1345.6052 and 1345.6085, which are also circled in red. A red arrow points from the text 'Masse misurate contro masse teoriche' to these circled values.

Index	Location	Target Mass	Links	Sequence	Modifications	Reagent	Missed Cleavage
1	A(1-6)	728.4116		MRPAVR		Trypsin	0
2	A(7-23)	1840.9539		ALLCAVLGLCLADPER	Alkylation (iodoacetamide)...	Trypsin	0
3	A(24-26)	374.2278		TVR		Trypsin	0
4	A(27-37)	1345.6085		WCTISTHFANK	Alkylation (iodoacetamide)...	Trypsin	0

Index	RT (min)	Abundance	Measured Mass	Theoretical Mass	Delta ppm	Location	Sequence	Modificati...	Links	Reagent	Descripti...
1	0.2658	5.8694	1345.6052	1345.6085	-2.4611	A(27-37)	WCTISTHEANK	Alkylation...		Trypsin	Complete
2	0.2300	2.7771	1345.6038	1345.6085	-3.4558	A(27-37)	WCTISTHEANK	Alkylation...		Trypsin	Complete
3	0.2981	22.5838	1345.6074	1345.6085	-2.5936	A(48-53)	ILESGLPVSCK	Alkylation...		Trypsin	Complete
4	0.7089	157.2395	374.2278	374.2278	0.0000	A(69-106)	AISNNEADAV...			Trypsin	Complete
5	0.2808	21.2998	1603.7948	1603.7995	-2.9118	A(107-120)	DNPOTHYYA...			Trypsin	Complete

Quando l'analisi di proteine ricombinanti indica che è stata prodotta la proteina sbagliata, la funzione editor/matcher interattiva della sequenza aiuta a determinare il sito della variazione

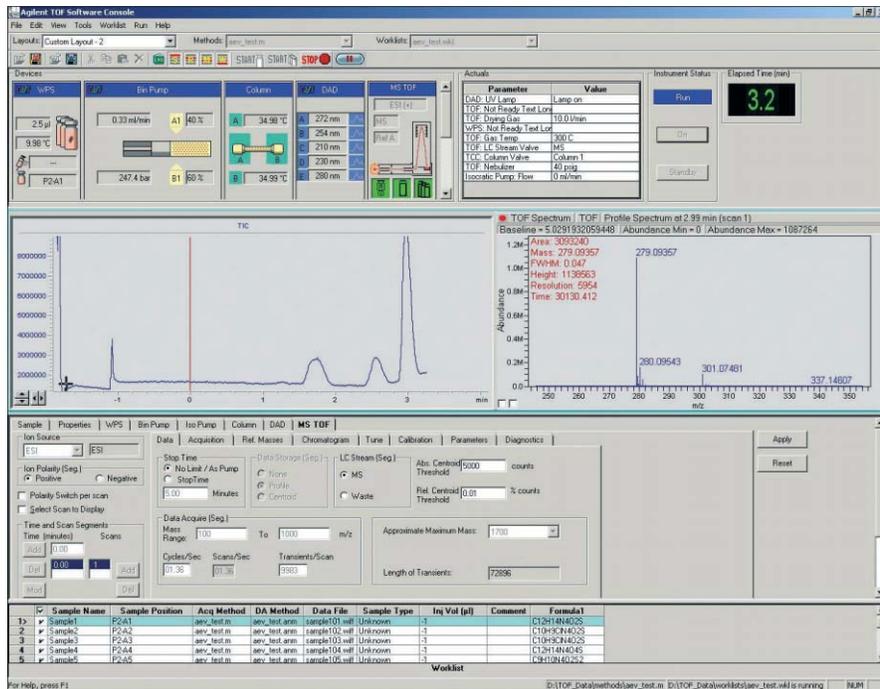
The screenshot shows the 'Mass Hunter Profiling' interface. The top part displays a scatter plot titled '120fmol-Myo-60fmol-BSA vs. 30fmol-Myo-60fmol-BSA'. The y-axis is 'Log2 Abundance - 120fmol-Myo-60fmol-BSA' and the x-axis is 'Log2 Abundance - 30fmol-Myo-60fmol-BSA'. A red oval highlights a cluster of points, with a red arrow pointing to a specific point. Below the plot is a table with 1033 features. A red arrow points from the highlighted point in the plot to a specific row in the table, which is highlighted in blue. The table has columns for 'ID', 'RT', 'Feature Name', 'Abundance', 'S.D.', 'mark', 'RT', 'mass', 'R.S.D.', 'R', 'RT', 'mass', 'R.S.D.', 'S', 'RT', 'mass', 'Difference', 'log2(A1/A2)', 'log2(A1/A2)', 'Diff. Score'.

ID	RT	Feature Name	Abundance	S.D.	mark	RT	mass	R.S.D.	R	RT	mass	R.S.D.	S	RT	mass	Difference	log2(A1/A2)	log2(A1/A2)	Diff. Score			
407	4.01	0.009	1076.6602	0.0020	2	20.016	1076.6602	3.47	0.10	5	20.011	1076.4626	0.96	1.38	2	-0.005	-0.005	2.02	2.02	99.9		
408	4.04	0.007	209.1865	0.0007	2	19.688	209.1863	3.46	0.13	5	19.688	209.1974	0.86	1.38	2	0.005	0.0012	2.01	2.01	99.9		
409	30.138	0.023	1379.6777	0.0040	0.88	30.150	1379.6771	1.42	0.57	4	30.180	1379.6798	0.35	1.43	2	-0.042	0.0017	2.01	2.01	96.3		
410	21.765	0.015	747.4294	0.0044	562.11	21.750	747.4297	900.54	0.85	5	21.776	747.4291	223.64	0.64	5	0.023	-0.0007	2.01	2.01	100.0		
411	21.822	0.007	2384.6410	0.0055	2.75	21.098	2384.6414	4.37	0.79	4	21.077	2384.6434	1.09	1.07	3	0.010	-0.0009	2.00	2.00	92.1		
412	16.440	0.138	1545.6593	0.0021	2.46	11.10	7	16.576	1545.6577	0.98	1.04	3	16.338	1545.6587	3.95	0.80	4	-0.238	0.0010	-2.00	2.00	91.9
413	18.916	0.019	1432.6114	0.0045	0.64	1.07	5	18.528	1432.6109	0.26	2.24	1	18.911	1432.6115	1.63	0.99	4	-0.023	0.0006	-2.00	2.00	92.7

I campioni di BSA con aggiunta di due livelli differenti di mioglobina simulano un campione biologico con proteine espresse in modo differente. Il software MassHunter Profiling identifica chiaramente gli ioni della mioglobina presenti a differenti "livelli di espressione". Informazioni specifiche relative a ciascuna caratteristica sono mostrate nella tabella relativa e possono essere visualizzate in finestre pop-up individuali.

Massima produttività con il software dedicato

Il sistema LC/MS Agilent 6210 TOF usa il software di acquisizione dei dati MassHunter Workstation Agilent per semplificare la messa a punto e il funzionamento e per aumentare la produttività, indipendentemente dall'applicazione. Ulteriori software per un'elevata produttività facilitano la condivisione, l'accesso walk-up e la rielaborazione remota dei dati.



Facilità d'uso, software di controllo dello strumento e acquisizione dei dati ti permettono di avere il controllo totale

Messa a punto e acquisizione più facili e veloci

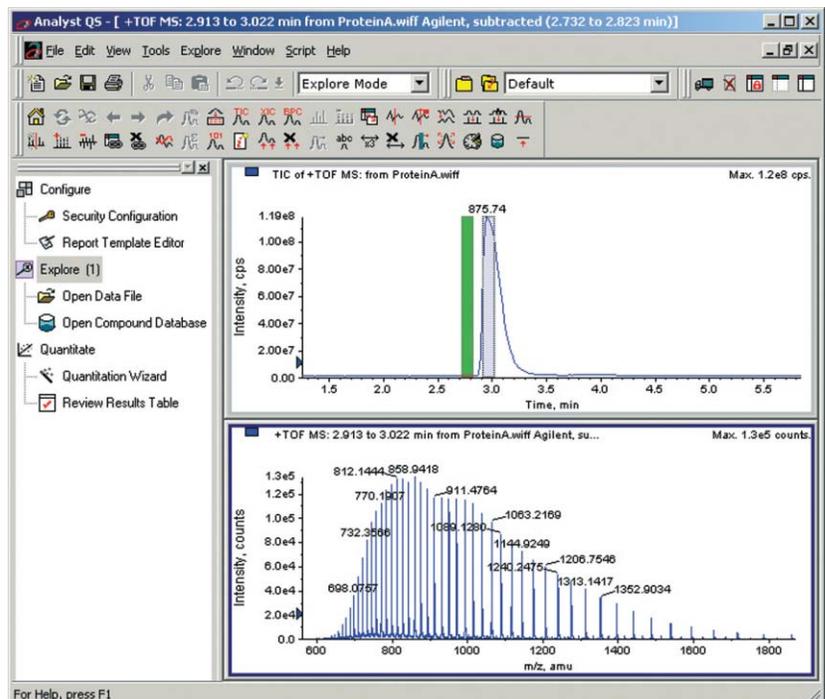
Il software MassHunter Workstation rende molto semplice l'utilizzo di tali sistemi.

- Messa a punto automatica - Un programma di autotune di provata affidabilità per elevate prestazioni.
- Risparmia tempo nella messa a punto delle analisi - Importa le sequenze di lavoro direttamente da fogli elettronici quali Microsoft® Excel.
- Funzionamento con interfaccia a singolo utente - È possibile eseguire le operazioni di configurazione in un'unica interfaccia per LC e MS in modo da visualizzare solo le informazioni che ti sono necessarie.

Potente elaborazione dei dati

Il software di elaborazione dei dati fornisce risposte sia qualitative che quantitative. Il programma può essere ulteriormente potenziato con pacchetti software per applicazioni specifiche, per la conferma e l'identificazione di piccole molecole o la conferma e il profilo dell'espressione di proteine.

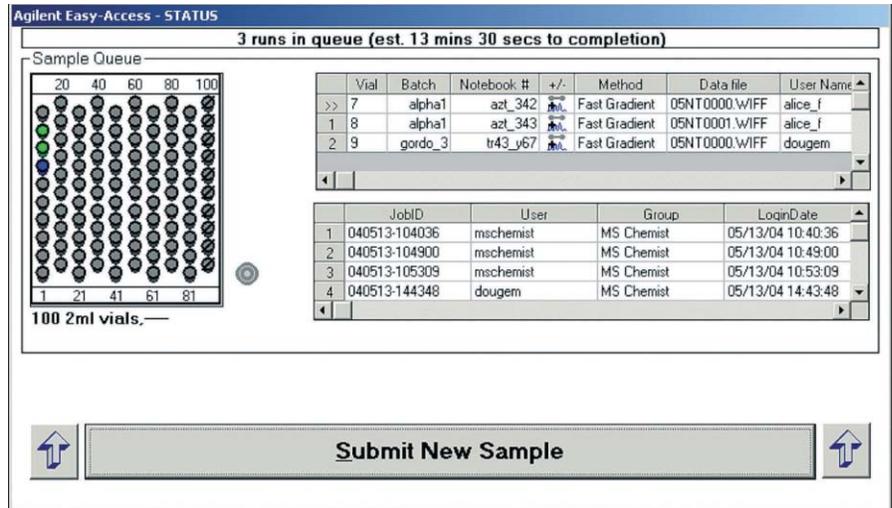
Il software di elaborazione dei dati include un gran numero di strumenti per analisi qualitative e quantitative efficienti



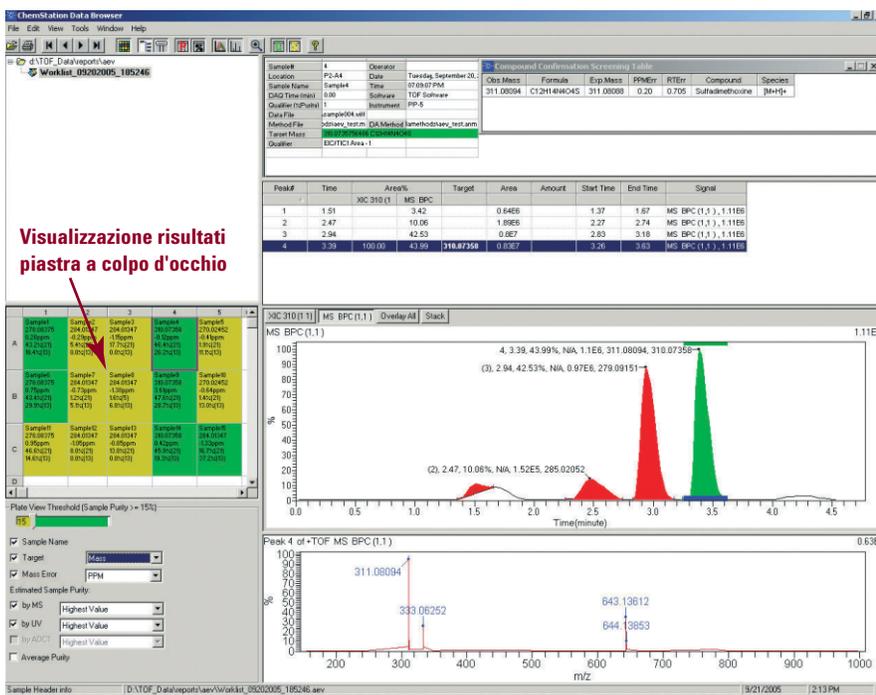
Microsoft è un marchio registrato di Microsoft Corporation

Facile accesso walk-up a misurazioni di massa con accuratezza di 2 ppm

Il software Agilent MassHunter Easy Access facilita l'accesso a una accuratezza di massa mai disponibile prima in sistemi multiutente. Questo software permette di accedere semplicemente al TOF, impostare le informazioni di base per il campione e scegliere il metodo analitico da un elenco. Il software mostra anche dove porre il vial del campione. I risultati sono inviati via e-mail e possono essere configurati in modo da includere solo le informazioni necessarie.



Il software Easy Access presenta un'interfaccia utente semplificata, che rende facile a chiunque, confermare i prodotti di sintesi e identificare gli incogniti



Il software Data Browser facilita la rielaborazione remota dei dati

Il software Agilent Data Browser consente di rielaborare tutti i risultati ottenuti senza dover installare il software di gestione del TOF sul tuo PC. È un complemento ideale delle capacità multiutente del software Easy Access: il programma invia automaticamente via e-mail i file di dati al PC remoto, dove il software Data Browser consente la rapida e completa rielaborazione dei dati.

Per conferme high-throughput, il software Data Browser visualizza in un unico grafico i risultati per un'intera piastra a pozzetti. Una codifica a colori mostra, in maniera immediata, quali sintesi hanno avuto successo. Inoltre, fornisce informazioni su errore di massa e purezza del campione.

La rielaborazione remota dei dati TOF, indipendentemente dall'applicazione, è facilitata dal software Data Browser

Per l'analisi di incogniti, il software fornisce le formule empiriche o i risultati di ricerca nel database.

Per ulteriori informazioni

Per ulteriori informazioni:
www.agilent.com/chem/tof

Acquista online:
www.agilent.com/chem/store

Visita il nostro sito:
www.agilent.com/chem

Specifiche

Intervallo di massa
 m/z 50-12.000

Accuratezza di massa
< 2 ppm, RMS, misurata allo ione
(M + H)⁺ della reserpina (m/z 609,2807)
usando il riferimento di massa interno

Risoluzione
Maggiore di 13.000 misurata a
 m/z 2722

Velocità di acquisizione spettri
20 spettri/secondo da m/z 100
a 3.000

40 spettri/secondo da m/z 100
a 1.000

Specifica di sensibilità
> 10:1 segnale/rumore (picco a picco)
allo ione (M + H)⁺ a m/z 609,2807
per l'iniezione in colonna, in un sistema
LC/MS, di 10 pg di reserpina

Condizioni
Colonna - ZORBAX Rapid Resolution
SB-C18 2,1-30 mm 3,5 micron

Fase mobile - 25% acqua
75% metanolo 5 mM acetato d'ammonio

Flusso - 400 μ l/min

Commutazione polarità
Commutazione di polarità da spettro
a spettro a 1 ciclo completo positivo
negativo/secondo

Assistenza globale e supporto

Agilent è ritenuta una delle migliori organizzazioni di servizi di assistenza e supporto nei campi delle bioscienze e dell'analisi chimica. Le nostre tecnologie di comunicazione e infrastrutture sofisticate ci consentono di operare efficacemente in oltre 40 paesi; possiamo aiutarti ovunque tu sia. Naturalmente, la nostra prospettiva globale non ci impedisce di intervenire anche nelle realtà locali.

Chiama il Numero verde
800-012575

**Oppure rivolgiti agli uffici
Agilent Technologies o ai
distributori autorizzati**

Solo per l'uso nella ricerca. Le informazioni, descrizioni e specifiche contenute in questa pubblicazione possono essere modificate senza preavviso.

Agilent Technologies non può essere ritenuta responsabile per gli errori eventualmente contenuti in questa pubblicazione né per incidenti o danni conseguenti alla fornitura, alle prestazioni e all'uso di questo materiale.

© Agilent Technologies, Inc. 2006
Stampato in Olanda, settembre 2006
5989-3600ITE



Agilent Technologies