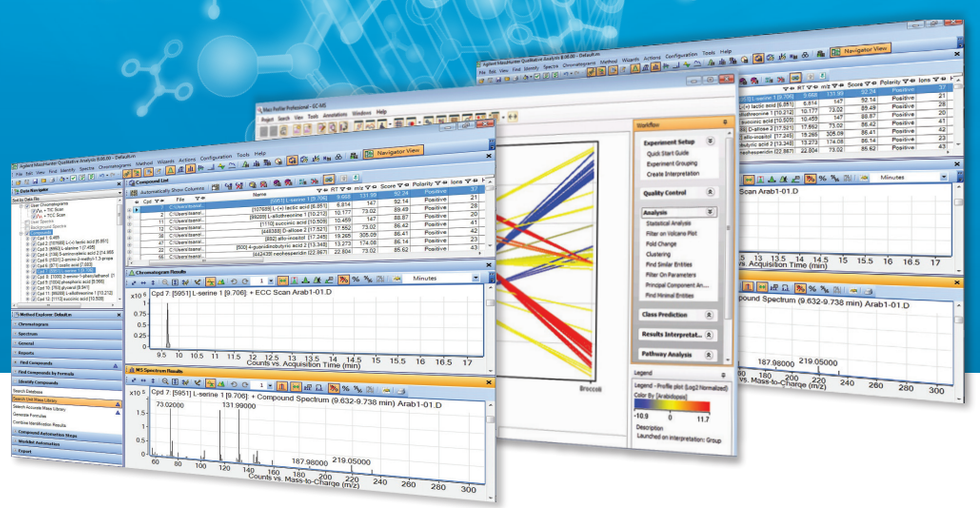
Fiehn GC/MS Metabolomics RTL 라이브러리

대사체 식별 성능 개선

The Measure of Confidence



Agilent Technologies



대사체 식별을 위한 종합적인 GC/MS 솔루션

이제 애질런트 테크놀로지스는 Untargeted Metabolomics 연구과정에서 알려진 대사 산물을 보다 쉽게 식별할 수 있는 Fiehn GC/MS Metabolomics RTL 라이브러리(2013 Edition)를 제공합니다. 이 업데이트된 retention time locked(RTL), Metabolomics 라이브러리는 Oliver Fiehn 박사의 연구실과 함께 개발했습니다. 이 라이브러리는 1,400종의 물질에 대한 검색 가능한 GC/MS EI 스펙트럼 및 머무름 시간 인덱스를 제공하며, 2008 edition 라이브러리보다 약 40% 더 많은 정보가 수록되어 있습니다.

Fiehn GC/MS 라이브러리의 주요 특징:

보다 향상된 분석물질 동정—하드웨어 구성을 개선하고 식별 가능 화합물을 늘려 크로마토그래피 분석법의 성능 강화

라이브러리 확장—900여개 일반 대사체를 포함한 1,400여종의 물질을 검색할 수 있는 GC/MS EI 스펙트럼과 머무름 시간 인덱스 포함

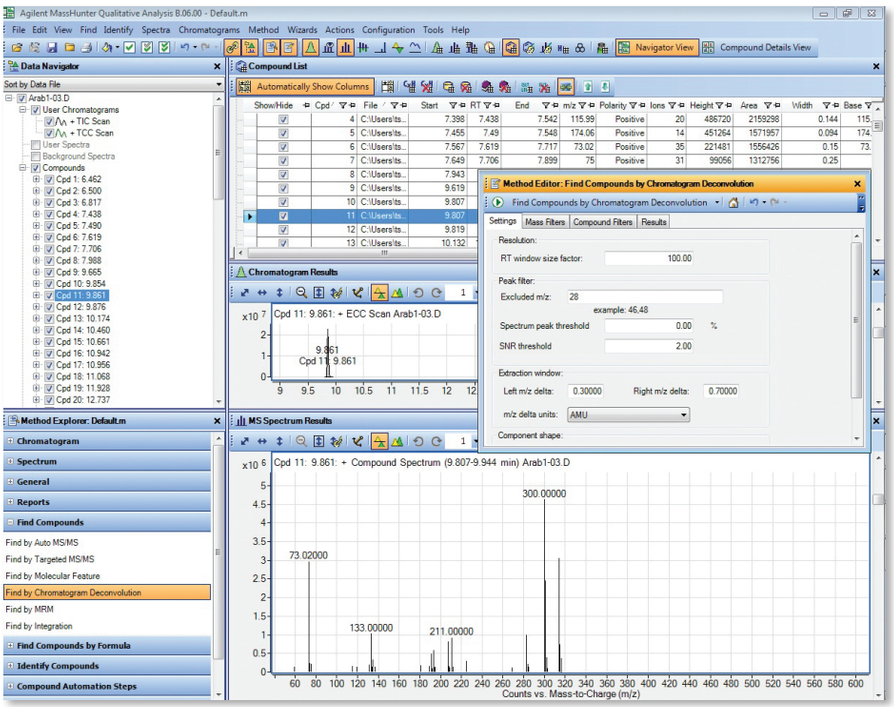
사용이 편리한 워크플로—사전에 프로그램된 GC/MS 분석법과 문서가 완벽하게 갖추어져 있어 연구 성과를 극대화할 수 있음

강력한 소프트웨어—MassHunter, ChemStation Data Analysis 및 AMDIS 소프트웨어에서 완벽하게 지원됨

가장 종합적인 METABOLOMICS GC/MS 스펙트럼 라이브러리

화합물 기능 강화를 위한 라이브러리 확장

Fiehn GC/MS Metabolomics RTL 라이브러리(2013 Edition)는 상용화된 대사체 GC/MS 스펙트럼들 중 가장 종합적인 라이브러리입니다. 이 확장 라이브러리에는 항상 완전히 유도체화되지 않고 부분적으로 유도체화되는 대사체에 해당하는 항목을 비롯하여, 약 900개의 일반 대사체를 포함한 약 1,400종의 물질에 대한 정보가 수록되어 있습니다. 각 물질별로 검색 가능한 EI 스펙트럼과 머무름 인덱스가 수록되어 있습니다. 또한 화합물 동정 및 향후 문헌이나 소프트웨어 검색이 쉽도록 고유 분자의 이름 및 CAS 번호도 포함하고 있습니다.



Agilent MassHunter Qualitative Analysis 소프트웨어는 GC/MS 데이터 파일의 피크 검색과 라이브러리 매칭을 통한 화합물 식별을 지원합니다.

GC BACKFLUSHING을 이용한 고품질 데이터

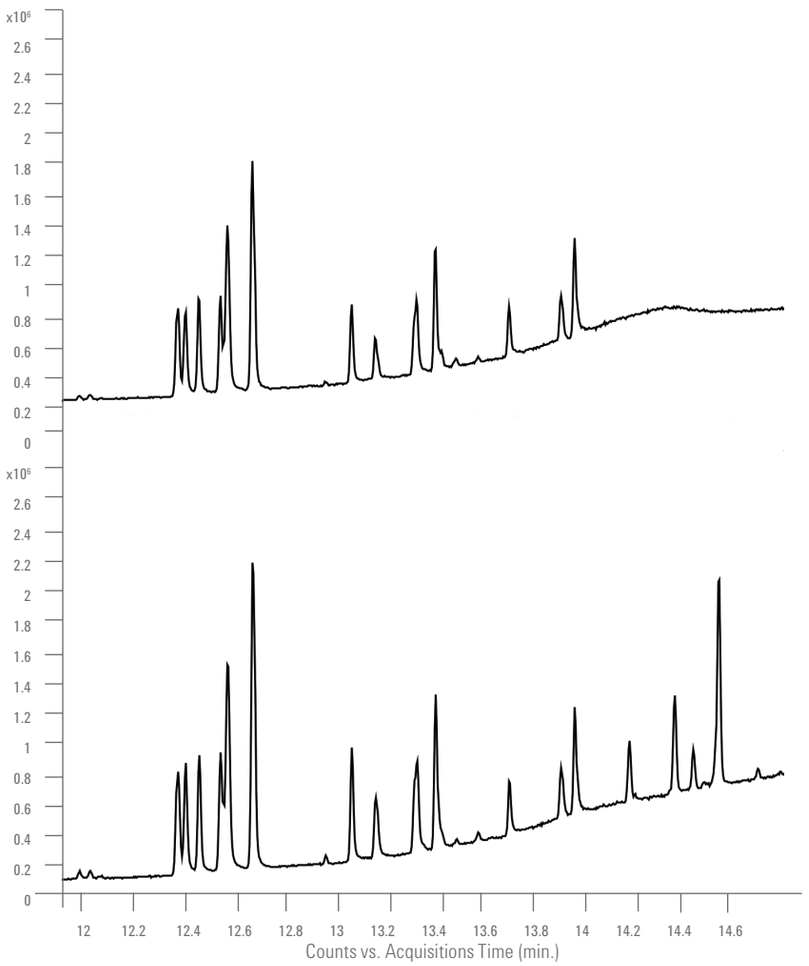
"backflushing"을 이용한 분석 데이터 수집 무결성 개선

압력 제어 티(PCT)를 설치하여 생산성을 높이고, 고품질의 데이터를 생성하며, 중요한 GC 구성 요소를 더 간단하고 빠르게 유지 관리할 수 있습니다. 예를 들어, 끓는점이 높은 성분(예: 중성지방, 콜레스테롤, 큰 지질)과 같은 후반 용리 화합물이 carryover를 통해 MS 소스나 다음 분석 성능을 저하시키기 전에 "backflushing"을 통해 컬럼에서 제거됩니다. 이렇게 하면 컬럼 상 및 MS 소스가 모두 보호되기 때문에 분석 데이터 수집의 무결성이 높아집니다.

- 안정적인 머무름 시간
- 유지 관리의 편리성; 배출구 없는 Inlet 지점
- 분석 작업 사이의 carryover 감소

견고하고 강력한 분석법

Fiehn GC/MS 라이브러리는 머무름 시간 인덱싱과 RTL을 활용하여 검색 결과의 신뢰성을 높여줍니다. 머무름 인덱싱 및 retention ladder 화합물(머무름 시간의 간격이 적절한 내부 표준물질)의 활용으로 분석법을 크게 바꾸더라도 독립적인 기준으로 크로마토그래피 머무름 시간을 사용할 수 있습니다. 분석법에 RTL을 포함시키면 실행 사이의 머무름 시간 가변성 뿐만 아니라 FAMES와 같은 retention time ladder의 포함 빈도가 줄어듭니다.

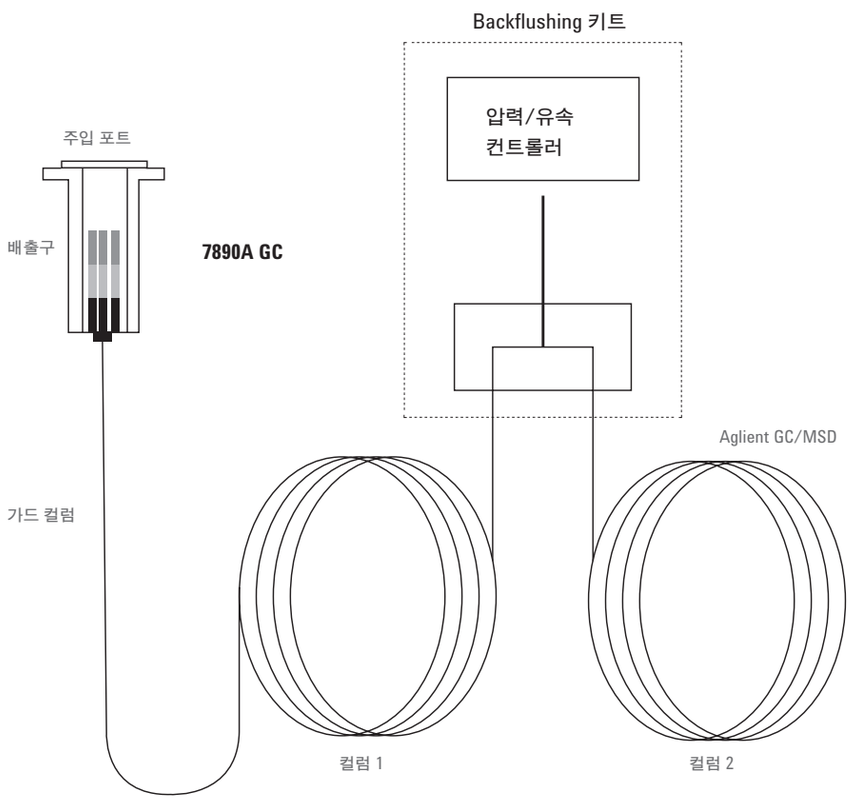


새로운 "Backflushing" 분석법은 후반 용리 화합물을 선택적으로 제거할 수 있습니다. 크로마토그램은 이 기법을 사용한 두 개의 분석을 보여줍니다. 위 패널에서는 파라미터 최적화를 통한 콜레스테롤의 선택적 제거가 이루어집니다.

애질런트의 종합적인 GC/MS METABOLOMICS 솔루션 패키지

애질런트는 고객이 Metabolomics 워크플로를 효율적이고 신속하게 구현할 수 있도록 다양한 키트, 컬럼 및 특수 연결 부품을 만들어 왔습니다.

- 압력 제어 티가 포함된 고속 범용 GC/MS Backflushing 키트(부품 번호 G1472A)
- 가드 컬럼: 비활성 0.32-mm id x ~ 1.5 m(부품 번호 160-2325-10)
- 컬럼 1 및 2: DB-5msUI 15-m x 0.25-mm id x 0.25-µm(부품 번호 122-5512UI)
- Agilent Fiehn GC/MS Metabolomics 표준 키트(부품 번호 400505)

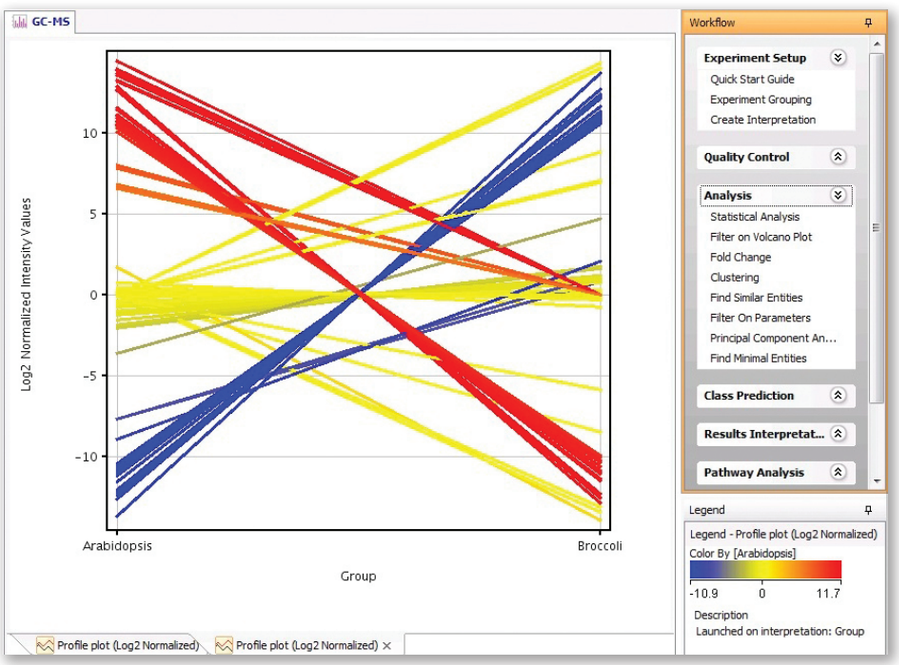


Backflushing 제어는 하나의 압력 제어 티(PCT)를 이용해 두 개의 GC 컬럼을 차단하여 이루어집니다.

MASS PROFILER PROFESSIONAL에서 편리한 GC/MS 분석 및 결과의 시각화

성공적인 연구를 위한 완벽한 워크플로

라이브러리 검색을 통해 대사체를 찾고 식별하는 기능 이외에 Fiehn GC/MS 라이브러리는 Untargeted Metabolomics 연구의 전체 워크플로에 도움을 드리는 추가적인 기능을 갖추고 있습니다. MassHunter Qualitative Analysis 소프트웨어에 있는 기능에 따라 .xml 서식 파일을 저장하고 다른 분석을 위해 MPP로 쉽게 가져올 수 있습니다.



GC/MS 분석 결과를 MPP에 가져올 수 있습니다. 위에 예로 제시된 프로파일 플롯은 Arabidopsis와 Broccoli 대사체 사이에
명확하게 다른 존재비를 보여줍니다.

생물학적 해석이 용이한 Biological Pathway 분석

MPP와 함께 사용되는 Agilent Pathway Architect 모듈에서 Single Experiment Analysis(SEA) 또는 Multi-Omic Analysis(MOA) 워크플로를 구성하여 실험결과 밝혀진 화합물이 많이 포함된 Biological Pathway를 찾을 수 있습니다.

강력한 데이터 분석 및 빠르고 유연한 HIGH-THROUGHPUT 검색

직관적이며 강력한 데이터 분석

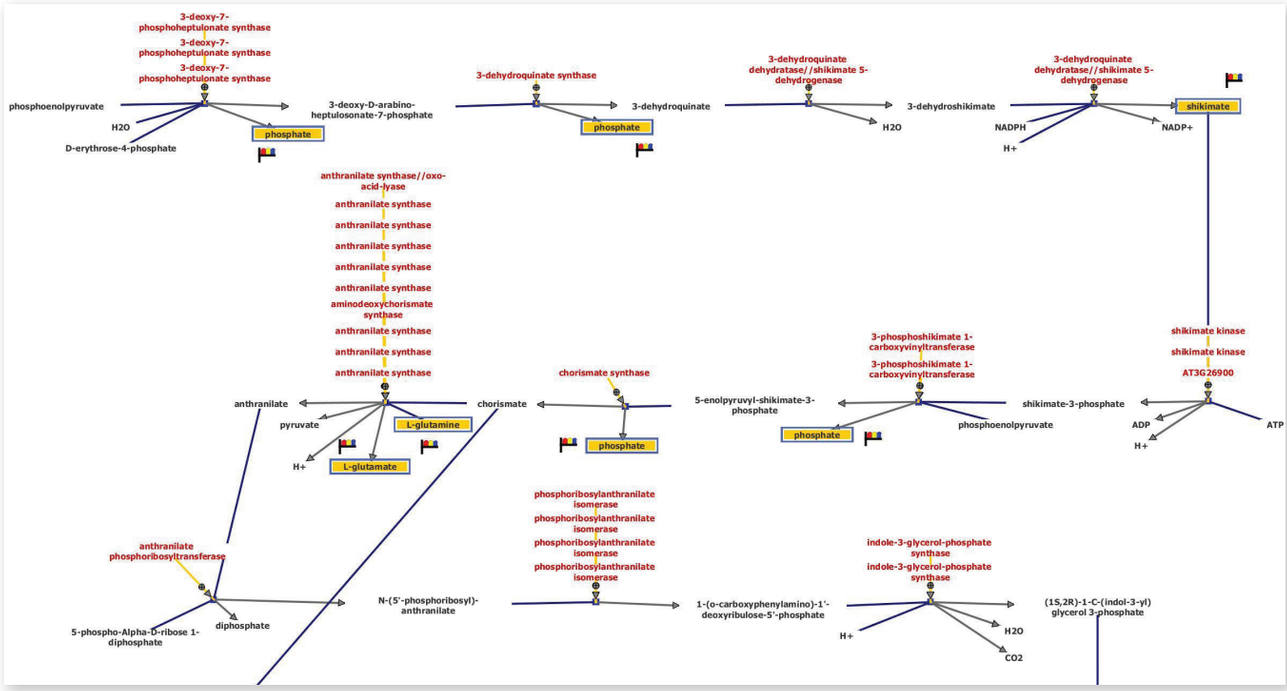
Fiehn GC/MS Metabolomics RTL 라이브러리(2013 Edition)는 이제 최신 버전의 Agilent MassHunter Qualitative Analysis 소프트웨어에서 지원됩니다. 독점 알고리즘인 "Find by Chromatographic Deconvolution"이 피크 검색에 일상적으로 사용됩니다. 그 후 최신 Fiehn GC/MS Metabolite RTL 라이브러리에 로드하고 비교하여 발견된 모든 특징을 식별할 수 있습니다.

새로운 2013 라이브러리는 자동화된 dGC/MS 식별 프로그램인 미국 National Institute of Standards and Technology의 유명한 AMDIS와 함께 제공됩니다. GC/MS 데이터 분석법이 제공되어 AMDIS를 자동으로 호출해서 혼합된 크로마토그래피 성분을 deconvolute하고 대사체를 식별합니다.

또한 AMDIS 분석 결과를 애질런트의 MassHunter Mass Profiler Professional(MPP) 소프트웨어에 가져와서 강력한 통계 분석 및 데이터 시각화 기능을 활용할 수 있습니다.

단순화된 데이터 분석 스크리닝 및 라이브러리 검색

새로운 2013 라이브러리는 Agilent MSD Productivity ChemStation 소프트웨어의 고유한 확률 기반 비교 기능을 활용하여 검색할 수도 있습니다. 정량 데이터 분석 및 정성 스크리닝을 위한 ChemStation 분석법도 제공됩니다.



MPP의 Pathway Architect 모듈은 여러 가지 대사체 존재비 프로파일을 MetaCyc에서 유기체별 생물학적 경로로 도시하기 위한 결과를 보여줍니다.

추가 정보
www.metabolomics-lab.com

온라인 구매
www.agilent.com/chem/store

국가별 애질런트 고객 센터 찾기
www.agilent.com/chem/contactus

미국 및 캐나다
1-800-227-9770
agilent_inquiries@agilent.com

유럽
info_agilent@agilent.com

아시아 태평양
inquiry_lsca@agilent.com

이 발간물은 연구용으로만 사용하십시오. 이 발간물의 정보, 설명 및 사양은 사전 통보 없이 변경될 수 있습니다.

애질런트 테크놀로지스는 이 발간물에 포함된 오류, 이 발간물의 제공, 이행 또는 사용과 관련하여 발생한 부수적인 또는 결과적인 손해에 대해 책임을 지지 않습니다.

© Agilent Technologies. Inc. 2013
2013년 12월 19일 한국에서 인쇄
5991-2747KO

서울 강남구 역삼로 542 신사제2빌딩 2층 우)135-848
한국애질런트테크놀로지스(주) 생명과학/화학분석 사업부
고객지원센터 080-004-5090 www.agilent.co.kr

Agilent Technologies