Biblioteca de metabolômica Fiehn GC/MS com RTL

IDENTIFIQUE MAIS METABÓLITOS

The Measure of Confidence



Agilent Technologies



Uma solução abrangente de GC/MS para identificar metabólitos

Para facilitar ainda mais a identificação de metabólitos conhecidos através da metabolômica untargeted, a Agilent Technologies agora oferece a Biblioteca Agilent de metabolômica Fiehn GC/MS com RTL (edição 2013). Esta biblioteca atualizada e específica para metabolômica, com travamento do tempo de retenção (RTL), foi desenvolvida em colaboração com o laboratório do Dr. Oliver Fiehn. Ela contém recurso de busca de espectro EI de GC/MS e índice de tempo de retenção para 1400 entradas, e é aproximadamente 40% maior do que a biblioteca de 2008.

Os principais recursos da biblioteca Fiehn GC/MS incluem:

Identificação mais robusta: inclui uma metodologia cromatográfica aprimorada com uma melhor configuração de hardware que permite identificar mais compostos

Biblioteca expandida: cada entrada inclui espectro com recurso de busca e índice de retenção para 900 metabólitos comuns, com mais de 1.400 entradas

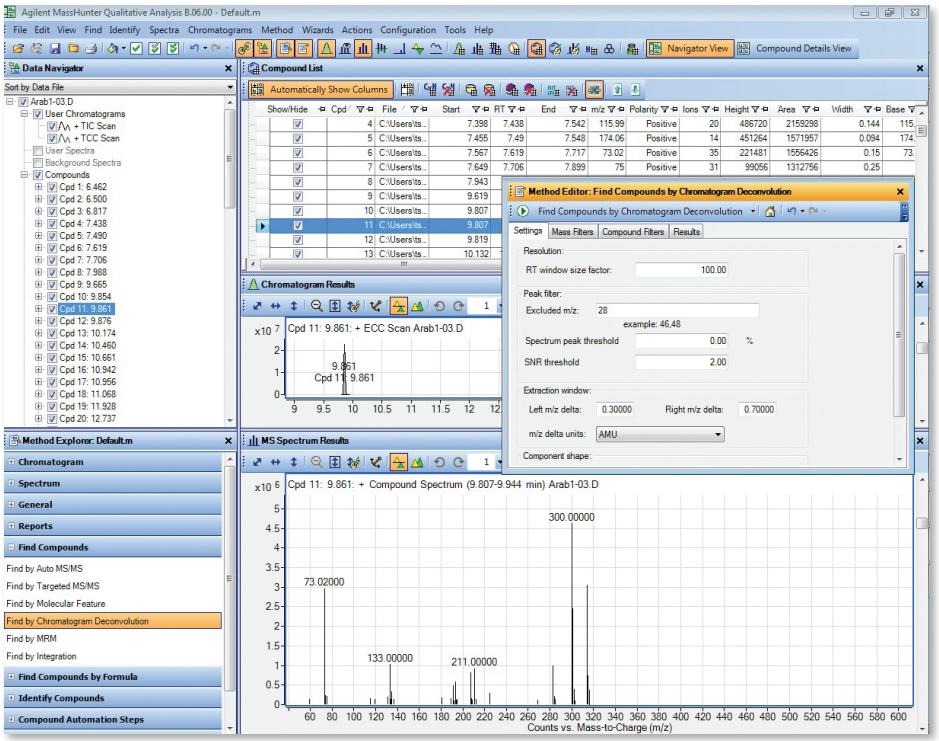
Fluxo de trabalho simples: traz métodos analíticos completos de GC/MS, pré-programados e com documentação para maximizar o êxito da pesquisa

Software mais poderoso: inteiramente compatível com MassHunter, análise de dados ChemStation e software AMDIS

A MAIS ABRANGENTE BIBLIOTECA ESPECTRAL DE METABOLÔNICA GC/MS

Biblioteca ampliada para identificar mais compostos

A Biblioteca Agilent de metabolômica Fiehn GC/MS com RTL (edição 2013) é a biblioteca mais abrangente de espectro de GC/MS de metabólitos disponível no mercado. Essa biblioteca contém atualmente cerca de 900 metabólitos comuns com mais de 1.400 entradas, incluindo entradas correspondentes a metabólitos parcialmente derivatizados para aqueles metabólitos que nem sempre derivatizam completamente. Cada entrada inclui espectro com recurso de busca e índice de retenção. Também inclui o nome e o número CAS da molécula nativa para facilitar o reconhecimento de compostos e subsequente pesquisa na literatura ou software.



O software Agilent MassHunter Qualitative Analysis permite encontrar picos em arquivos de dados de GC/MS e identificar compostos por meio de correspondência na biblioteca.

MAIOR QUALIDADE DE DADOS COM BACKFLUSH DE GC

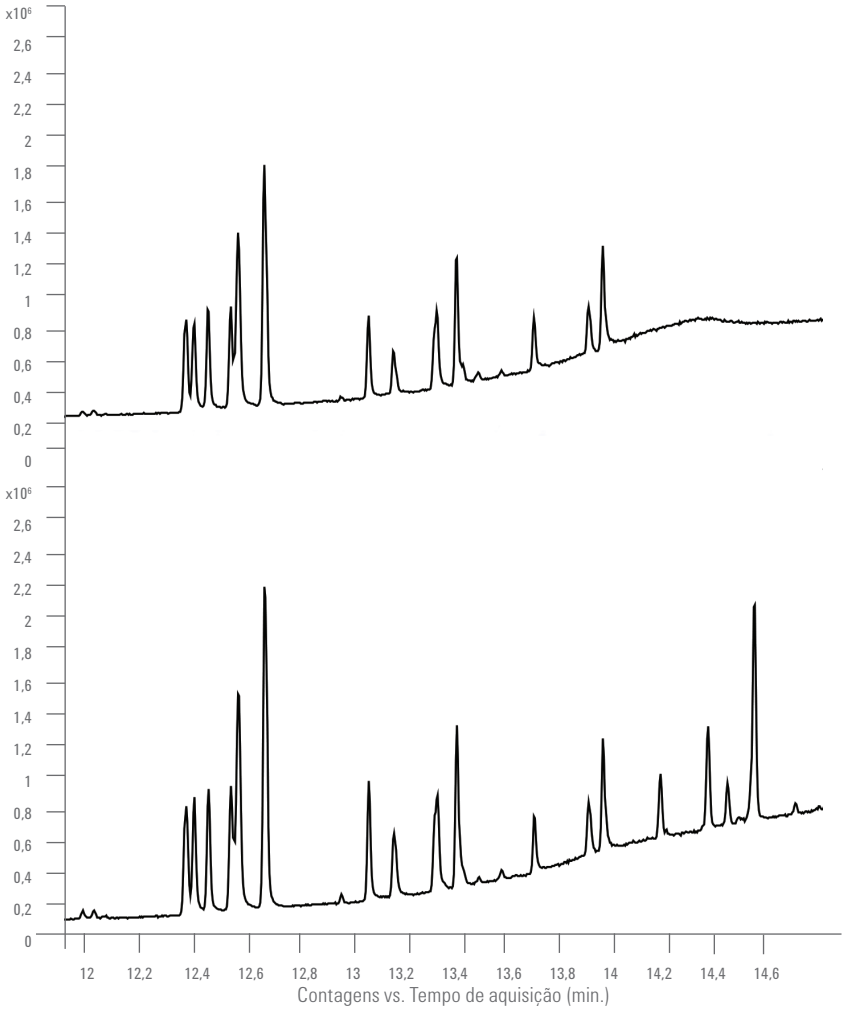
Maior integridade analítica para a coleta de dados com backflush

A instalação de um T de pressão controlada (PCT) proporciona maior produtividade, dados de maior qualidade e manutenção mais simples e rápida de componentes críticos de GC. Por exemplo, compostos de eluição tardia, como componentes com ponto de ebulição mais elevado (por ex.: triglicerídeos, colesteróis, lipídios maiores), são removidos da coluna ao realizar o backflush antes que possam comprometer a fonte de MS ou a próxima análise pelo carryover. Isso assegura uma maior integridade analítica na coleta de dados, pois tanto a fase da coluna como a fonte de MS são protegidas.

- Tempos de retenção estáveis
- Manutenção simples; ponto de entrada sem ventilação
- Redução de carryover entre operações

Métodos resistentes e robustos

A biblioteca Fiehn GC/MS aproveita a indexação do tempo de retenção e o RTL para gerar resultados de pesquisa mais confiáveis. A indexação de retenção e o uso de compostos de retenção em escada — padrões internos com tempos de retenção bem espaçados — permitem usar a retenção cromatográfica como um critério independente, mesmo depois de realizar alterações de método significativas. A inclusão de RTL no método reduz a variabilidade do tempo de retenção entre corridas e a frequência de inclusão de tempo de retenção em escada como FAME.

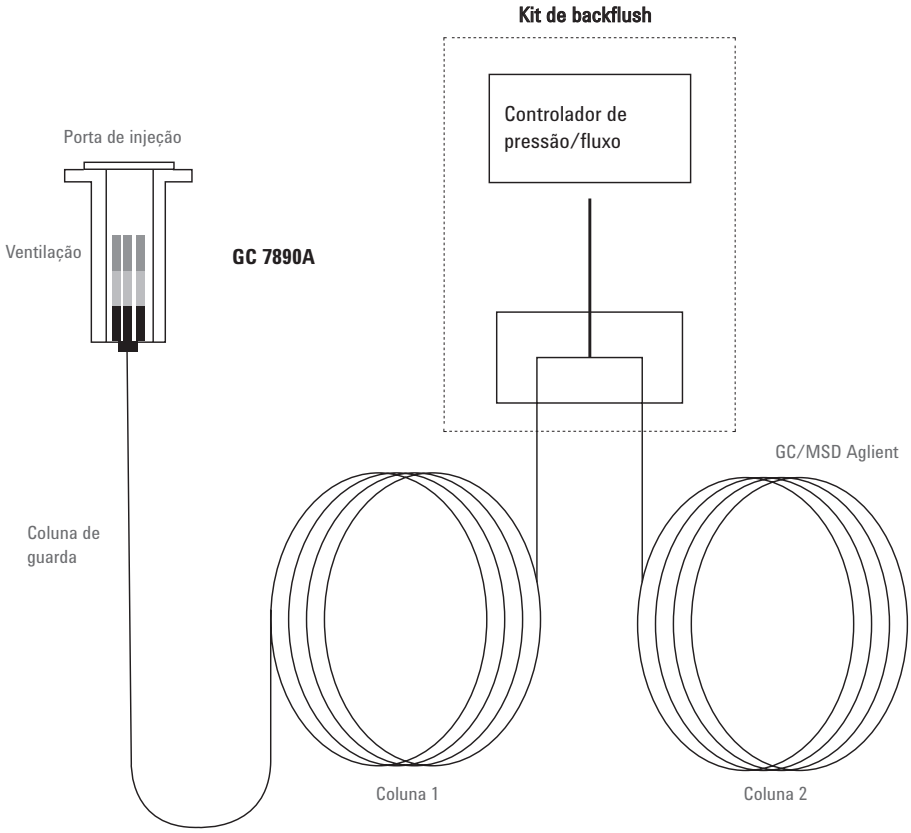


O novo método de backflush facilita a remoção seletiva de compostos de eluição tardia. Os cromatogramas exibem duas corridas que utilizaram essa técnica, onde a remoção seletiva de colesteróis por meio da otimização de parâmetros é alcançada no painel superior .

O PACOTE ABRANGENTE DE SOLUÇÃO EM METABOLÔMICA DE GC/MS DA AGILENT

A Agilent criou vários kits, colunas e peças de conexão especiais para ajudar você a implementar seu fluxo de metabolômica com eficiência e rapidez:

- Kit de backflush de GC/MS rápido e universal com T de pressão controlada (part number G1472A)
- Coluna de guarda: desativada, com 0,32 mm de DI x ~ 1,5 m (part number 160-2325-10)
- Colunas 1 e 2: DB-5msUI 15 m x 0,25 mm de DI x 0,25 µm (part number 122-5512UI)
- Kit de padrões metabolômicos Agilent GC/MS Fiehn (part number 400505)

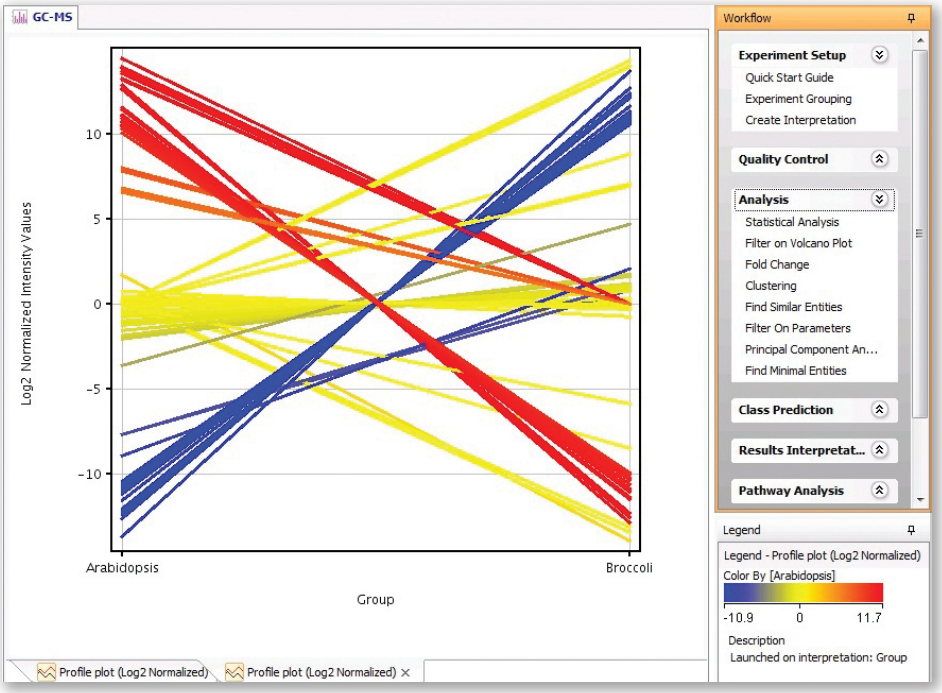


O controle de backflush é alcançado ao interromper duas colunas de GC com um T de pressão controlada (PCT).

ANALISE E VISUALIZE RESULTADOS DE GC/MS COM FACILIDADE NO MASS PROFILER PROFESSIONAL

Fluxo de trabalho completo para mais pesquisas bem-sucedidas

Além de encontrar e identificar metabólitos com a função de busca, a Biblioteca Fiehn GC/MS inclui recursos adicionais para facilitar todas as etapas dos estudos de metabolômica untargeted. Após encontrar dados no software de análise qualitativa MassHunter, é possível salvar arquivos em formato .xml e importá-los no MPP para realizar análises diferenciais.



Os resultados de GC/MS podem ser importados no MPP. Um gráfico de perfil exibe abundâncias diferenciais claras entre metabólitos de arabidopsis e de brócolis.

A análise de caminhos facilita a interpretação biológica

O módulo Agilent Pathway Architect, usado junto com o MPP, permite que o usuário construa um fluxo de trabalho de análise com um único experimento (SEA - Single Experiment Analysis) ou de uma análise multi ômica (MOA - Multi-Omic Analysis) para encontrar caminhos com mais compostos que correspondem à lista de entidades em seu experimento.

ANÁLISE DE DADOS POTENTE E BUSCA FLEXÍVEL, RÁPIDA E DE ALTA PRODUTIVIDADE

Análise de dados intuitiva e potente

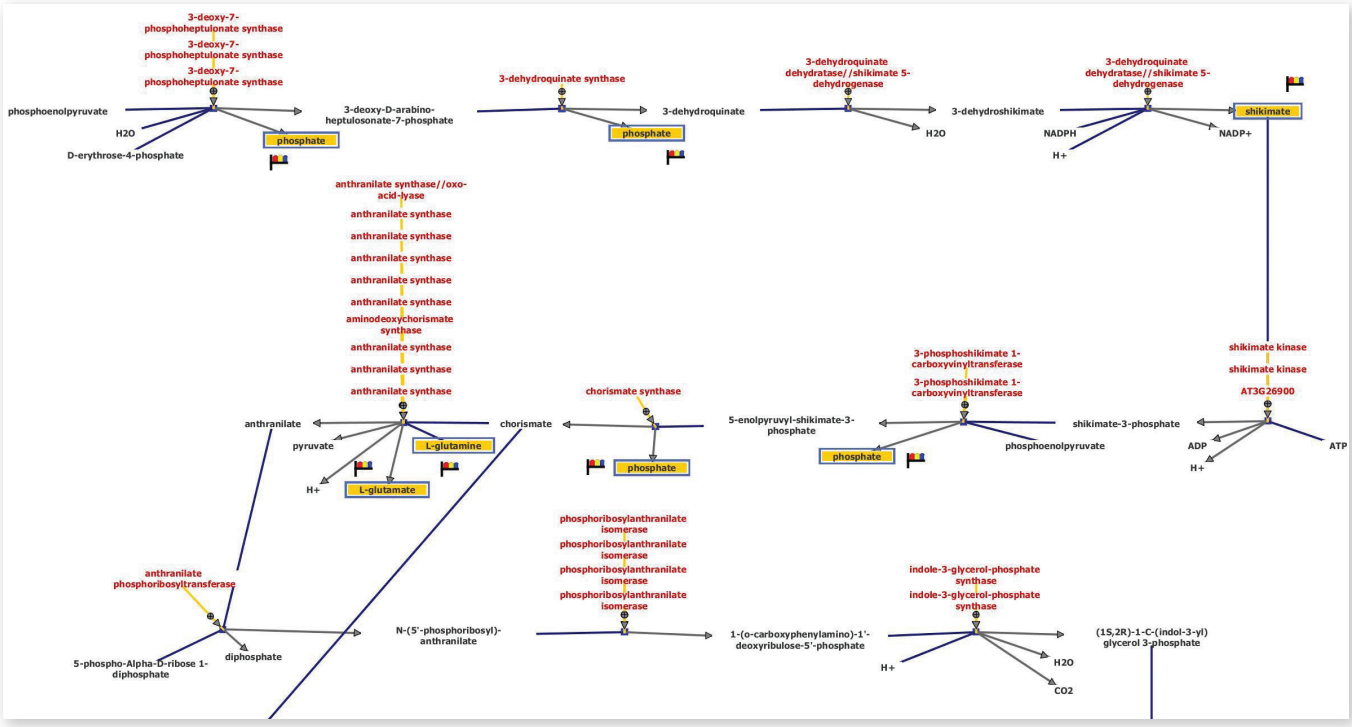
A Biblioteca de metabolômica Fiehn GC/MS com RTL (edição 2013) agora é compatível e fornecida com a última versão do software Agilent MassHunter Qualitative Analysis. Um algoritmo patenteado, "Encontrar por deconvolução cromatográfica", é usado rotineiramente para encontrar picos. Todos os picos podem ser identificados posteriormente ao carregar e combinar com a nova versão da Biblioteca de metabolômica Fiehn GC/MS com RTL.

A edição de 2013 da biblioteca é fornecida com o conhecido AMDIS — um programa automatizado de identificação de GC/MS do Instituto Nacional de Padrões e Tecnologia dos Estados Unidos. Ela fornece métodos de análise de dados de GC/MS, que recorrem ao AMDIS automaticamente para deconvolutar componentes cromatográficos mesclados e identificar metabólitos.

Os resultados do AMDIS também podem ser importados no software Agilent MassHunter Mass Profiler Professional (MPP) para aproveitar seus potentes recursos de análise estatística e visualização de dados.

Maior facilidade para screening de análise de dados e buscas na biblioteca

A nova biblioteca 2013 também pode ser pesquisada usando o software Agilent MSD Productivity ChemStation com capacidade de busca baseada em probabilidade. Os métodos ChemStation para a análise quantitativa de dados e screening qualitativo também são fornecidos.



O módulo do Pathway Architect no MPP exibe os resultados para a projeção de vários perfis de abundância de metabólitos em caminhos biológicos específicos de organismos no MetaCyc.

Saiba mais
www.metabolomics-lab.com

Encontre um centro de atendimento
ao cliente da Agilent em seu país
www.agilent.com/chem/contactus

Brasil
0800-728-1405
chem_vendas@agilent.com

Europa
info_agilent@agilent.com

Ásia-Pacífico
inquiry_lsca@agilent.com

Somente para uso em pesquisas. As informações, descrições e especificações nesta publicação estão sujeitas a alterações sem aviso prévio.

A Agilent Technologies não é responsável por erros contidos neste documento ou por danos incidentais ou consequenciais relacionados ao fornecimento, desempenho ou uso deste material.

© Agilent Technologies, Inc. 2013
Publicado nos Estados Unidos, 19 de dezembro de 2013
5991-2747PTBR

Agilent Technologies