

Identifizieren. Quantifizieren.
Vereinfachen. Immer alles im Blick.

Agilent 7250 GC/Q-TOF-System



Sind Sie bereit, mehr zu erreichen?

Durch die Bestimmung der Bestandteile einer Probe und ihrer jeweiligen Konzentrationen können Sie die notwendigen Schlussfolgerungen und Durchbrüche erzielen, auf die sich Ihre Organisation verlässt.

Das All-in-One-System Agilent 7250 GC/Q-TOF in Verbindung mit der umfassenden Agilent MassHunter Software liefert Ihnen zeitnahe und zuverlässige Antworten zu Ihren anspruchsvollsten GC/MS-Anwendungen. Es ist das Gerät der Wahl für Ihre schwierigsten GC/MS-Identifizierungs-, Quantifizierungs- und Untersuchungsaufgaben:

- Durchführung komplexer Metabolomikstudien
- Screening auf Pestizide in anspruchsvollen Matrices
- Identifizierung von Verbindungen in unterschiedlichen Matrices
- Untersuchung des Verunreinigungsgrads in chemischen Rohstoffen

Das 7250 GC/Q-TOF-System wurde für die Praxis entwickelt und ist für Robustheit im Labor ausgelegt. Es liefert das, was Ihre Organisation braucht: gleichbleibend hervorragende Ergebnisse.



Höchste Zuverlässigkeit für Routine-Screening-Workflows und einmalige Entdeckungen

Das 7250 GC/Q-TOF-System bietet mehr:

- Empfindliche Detektion
- Genaue Quantifizierungen
- Effektive Untersuchungen
- Vereinfachte Spektren
- Reproduzierbare Daten
- Dynamischer Bereich

So müssen Sie sich weniger Sorgen machen um:

- Zukünftige Vorschriften
- Unsichere Ergebnisse
- Wirklich unbekannte Strukturen
- Zeit für die Datenauswertung
- Mehrdeutigkeit von Replikaten
- Falsch negative und falschpositive Ergebnisse

Neue analytische Herausforderungen erfordern neue Methoden und neue Ansätze

Seit über 40 Jahren helfen die Innovationen von Agilent verschiedenen Laboren, die Anforderungen an immer detailliertere Analysen zu erfüllen. Das 7250 ist unser fortschrittlichstes GC/Q-TOF-System, das für herausragende Leistung und Robustheit im Labor ausgelegt ist.



Benötigen Sie eine zuverlässigere Identifizierung?

„Die Geräte von Agilent sind für unser Labor aus drei Gründen besonders nützlich: Sie sind zuverlässig, genau und benutzerfreundlich.“

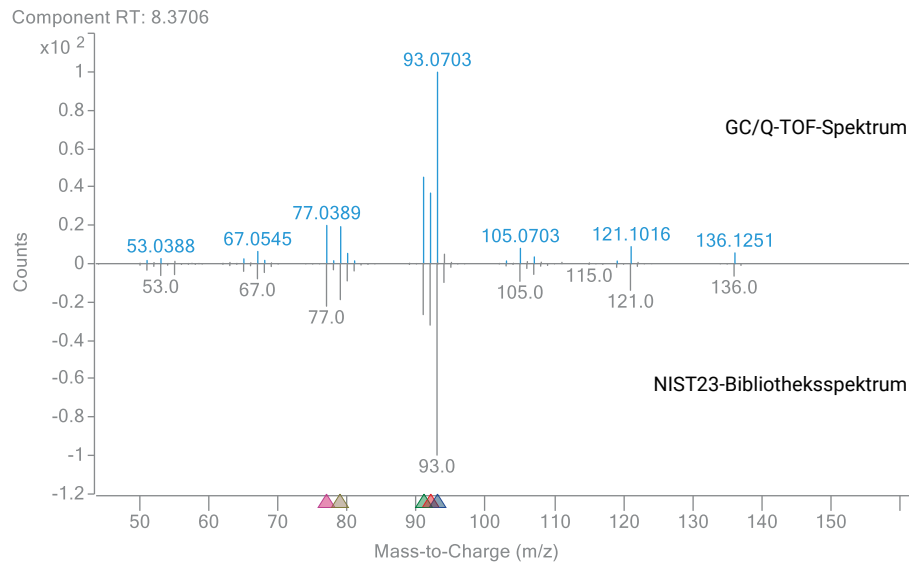
– **Dr. Mike Thurman**
Center for Environmental Mass Spectrometry, University of Colorado, USA

Wenn Sie das Gesamtbild nicht sehen, kann dies schwerwiegende Auswirkungen auf Ihre Forschung, Entwicklung und Qualitätskontrolle haben. Die analytischen Fähigkeiten des Agilent 7250 GC/Q-TOF-Systems und der MassHunter-Software bieten Ihnen unübertroffene Fähigkeiten zur Identifizierung von Verbindungen.

- **Erkennen Sie Ihre Verbindungen.** Störungsfreie Spektren in Bibliotheksqualität ermöglichen es Ihnen, Verbindungen mit kommerziellen Bibliotheken sicher zu identifizieren.
- **Bestätigen Sie Molekülformeln.** Die Isotopengenauigkeit gibt Ihnen mehr Sicherheit bei der Zuordnung von Molekülformeln.
- **Weisen Sie Analyten im Spurenbereich nach.** Stellen Sie einen breiten Dynamikbereich im Spektrum sicher, auch bei Koelution abundanter Verbindungen.
- **Klären Sie Strukturen auf.** MS/MS-Messungen mit hochaufgelösten Accurate-Mass-Produkt-Ionen-Spektren können Strukturinformationen liefern, die Selektivität erhöhen und Matrixinterferenzen umgehen.

Vertrauen in Bibliothekstreffer durch Spektrengeauigkeit und akkurate Masse

Sie können Verbindungen einfach identifizieren, indem Sie eine Spektrensuche in handelsüblichen Bibliotheken durchführen. Das 7250 GC/Q-TOF-System unterstützt Spektrenbibliotheken mit Hunderttausenden von qualitativ hochwertigen Spektren, von denen die meisten mit unseren Agilent Quadrupol-GC/MS-Systemen aufgenommen wurden. Bibliotheksgetreue EI-Fragmentierungsmuster in Verbindung mit Information zur akkuraten Masse machen das 7250 GC/Q-TOF-System zu einer idealen Plattform für die Identifizierung von Verbindungen mithilfe von EI-Bibliotheken.



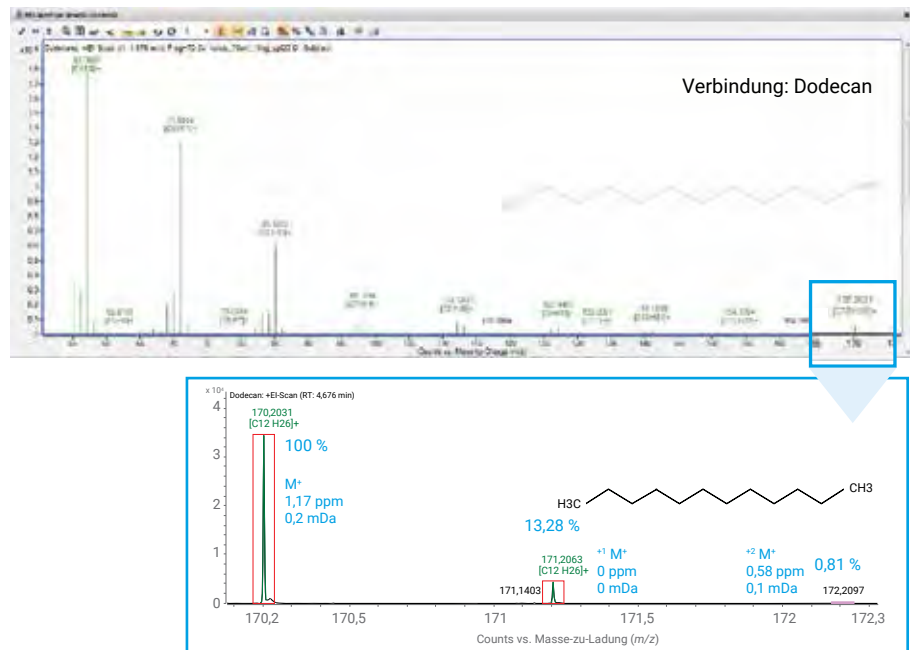
α -Pinen in Bodenproben. Ergebnis der Übereinstimmung zur Bibliothek: 95,8

Component RT	Compound Name	Match Factor	Best Hit	Formula	Component RI	Library RI	Delta RI
8.3706	(1R)-2,6,6-Trimethylbicyclo[3.1.1]	95.8	<input checked="" type="checkbox"/>	C ₁₀ H ₁₆	932	932	0

Isotopengenaugigkeit

Die sichere Identifizierung von Verbindungen erfordert mehr als eine hohe Massengenauigkeit. Es müssen auch unabhängige Verbindungseigenschaften berücksichtigt werden, so z. B. bei der Isotopenerkennung.

Mit der MassHunter-Software zur qualitativen Analyse kann die Isotopengenaugigkeit auf einfache Weise dargestellt werden. Dies ermöglicht in Ergänzung zur akkuraten Massebestimmung die Identifizierung von Verbindungen auf der Grundlage ihrer Eigenschaften. Das Agilent 7250 GC/Q-TOF-System weist eine hervorragende Isotopengenaugigkeit auf, selbst bei Isotopen im Spurenbereich, wie dieses Spektrum für Dodecan mit einem „M⁺“-Peakbündel niedriger Abundanz veranschaulicht.

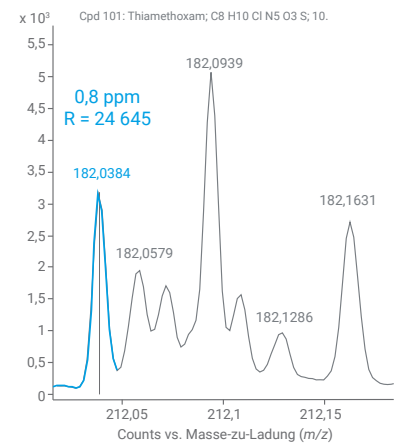
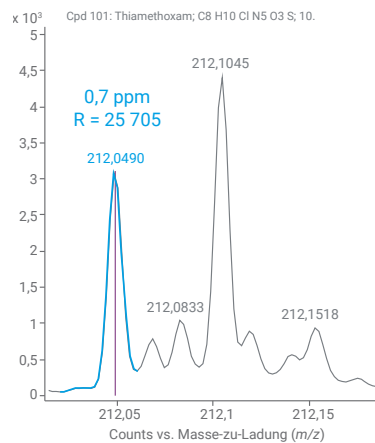


Hochauflösung und Massengenauigkeit bei Pestiziden

Um Analyten von Interferenzen zu trennen, ist eine hohe Auflösung erforderlich. Bei der Analyse komplexer Matrices auf Komponenten im Spurenbereich müssen jedoch auch andere Leistungsmerkmale gewährleistet sein, so z. B. ein breiter dynamischer Bereich und eine hohe Empfindlichkeit.

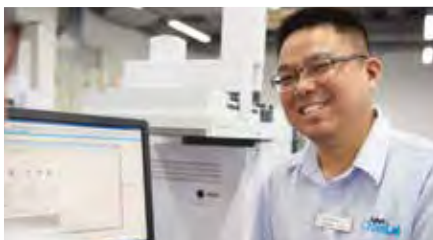
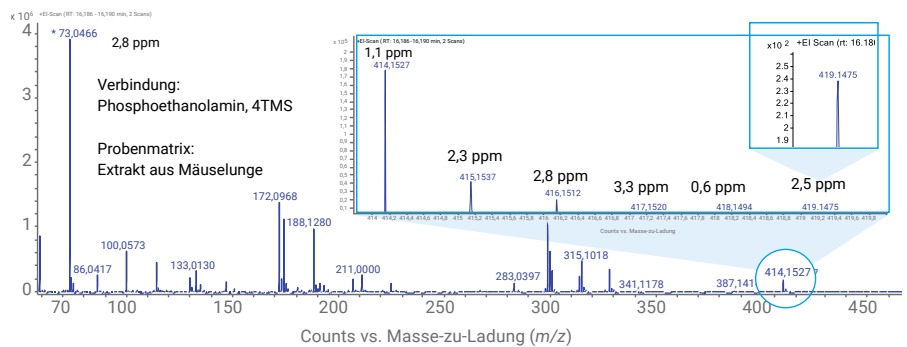
Das hier dargestellte Beispiel zeigt eine solche Situation: Analyse des Insektizids Thiamethoxam in einer Konzentration von 5 ppb in Avocado, einer komplexen Matrix mit erheblichem Hintergrund. Sogar unter diesen Bedingungen werden die charakteristischen Massenpeaks vom Hintergrund getrennt, wobei die Massengenauigkeit die Anforderungen der EU-Richtlinien SANTE/11945/2015 erfüllt.

Darüber hinaus werden diese spektralen Leistungen unabhängig von der Akquisitionsgeschwindigkeit und dem Massenbereich erzielt.



Breiter dynamischer Bereich in komplexer Matrix

Der breite Dynamikbereich im Spektrum erlaubt den zuverlässigen Nachweis von Analyten in Spurenmengen auch bei starkem Hintergrund und anderen Koeluenten. Das 7250 bietet in der Regel einen Dynamikbereich im Spektrum von vier Größenordnungen, sogar bei schwierigen Matrices. Das dargestellte Beispiel zeigt für Phosphoethanolamin (4TMS) in einer komplexen biologischen Probe – einem Extrakt aus Mäuselunge – einen Bereich von 16 000+:1.

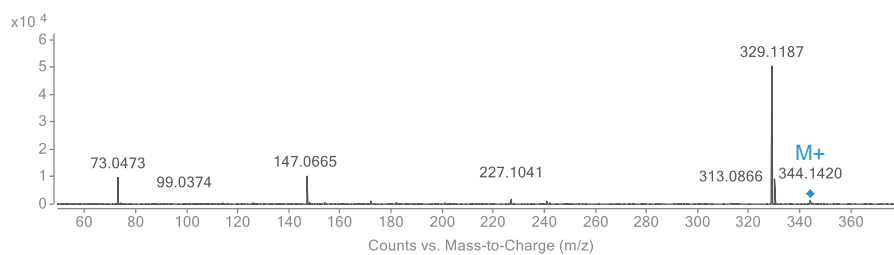


Agilent Wertversprechen

Wir garantieren Ihnen eine Nutzungsdauer von mindestens 10 Jahren ab Kaufdatum. Andernfalls schreiben wir Ihnen den Restwert des Systems für ein neueres Modell gut.

Aufklärung chemischer Strukturen und Erkennung weiterer Details

Das 7250 GC/Q-TOF ist das einzige Accurate-Mass-TOF-System mit MS/MS-Fähigkeiten. Mithilfe eines MS/MS-Produkt-Ionen-Spektrums, das anhand eines mutmaßlichen Molekül-Ions erstellt wurde, kann die Molecular Structure Correlator Software Strukturvorschläge für Verbindungen machen und basierend auf den Fragmentdaten deren Wahrscheinlichkeit angeben.



48 structures found for rt=14.408.ce20

Structure #1 -- elucidated: 75.0% ions, 98.2% Weight

Rank	Mass	Intensity	Weight (%)	No. of candidates	Best score
1	329.1187	50455.72	75.7	2	90.7
2	147.0665	10394.34	3.2	4	42.3
3	73.0473	9742.25	0.7	1	96.9
4	330.1187	3218.45	14.5	2	56.8
5	227.1041	1989.99	1.1	3	53.3
6	147.0665	1233.05	0.9	3	51.0
7	241.0467	1873.57	0.8	2	95.0
8	148.0670	797.77	0.2	1	46.9

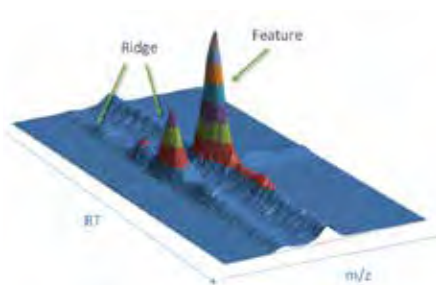
Penalty=1.0 dM=5.0pen F.D.S.=01.0 (1) 2) 0.5 Penalty=0.5 dM=5.0pen F.D.S.=01.0 (1) 2) 0.5

C12H26N2O3S3.H Score=60.7 C12H38N2O3S3.H Score=65.1

Verbindungen mit unbekannter Identität oder Struktur können bewertet werden, um die Bandbreite der Möglichkeiten einzugrenzen.



Sie wollen bessere quantitative und qualitative Antworten?



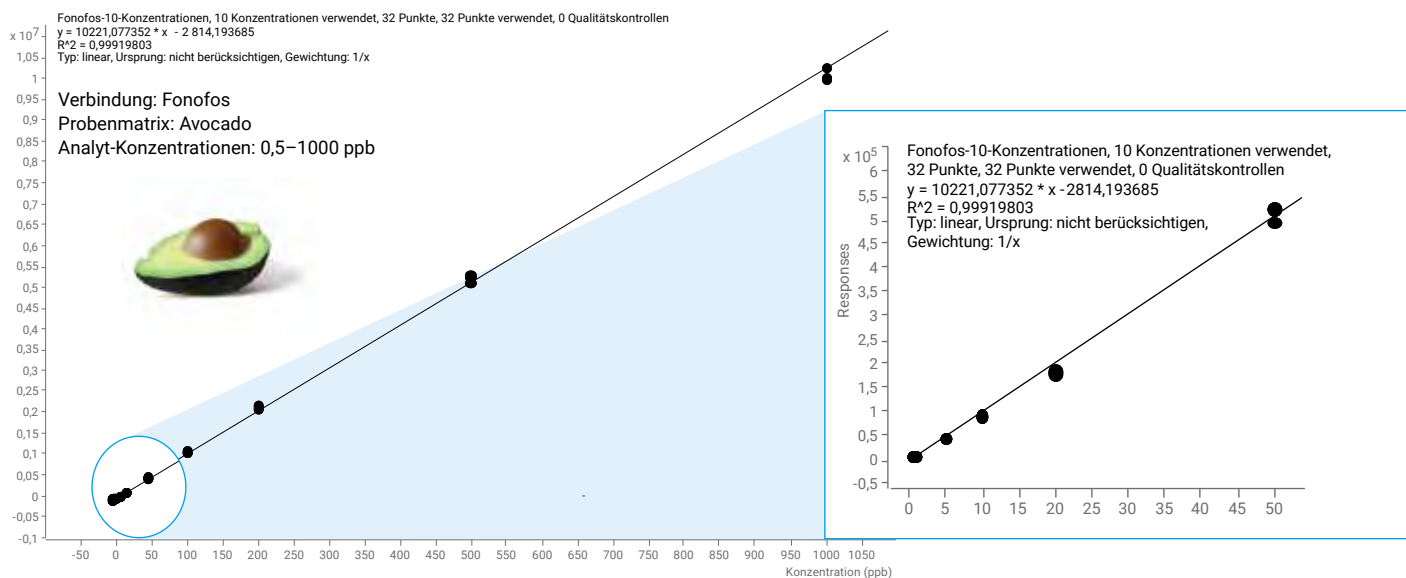
Der Agilent MassHunter SureMass-Algorithmus zur Erkennung chemischer Merkmale wurde speziell für hochauflösende MS-Profilaten entwickelt.

Die gezielte Quantifizierung bei nicht spezifischer Spektrenaufnahme ist ein leistungsfähiger Ansatz. Das Agilent 7250 GC/Q-TOF-System bietet eine unübertroffene quantitative Genauigkeit bei gleichzeitig hoher Massenauflösung und breitem dynamischem Bereich. Darüber hinaus ermöglicht die hochmoderne Elektronik eine breite Linearität und konsistente Responses selbst für Analyten im Spurenbereich in komplexen Matrices.

SureMass, ein einzigartiger Signalverarbeitungsalgorithmus, der für hochauflösende, akkurate Massendaten optimiert ist, vergrößert den linearen dynamischen Bereich noch weiter. Dies trägt nicht nur zu einer überragenden Massengenauigkeit bei, sondern bietet gleichzeitig eine hohe Geschwindigkeit und Empfindlichkeit der chromatographischen Dekonvolution für nicht spezifische Analysen.

Genau Quantifizierung in einer komplexen Matrix

Ein breiter linearer dynamischer Bereich gewährleistet Genauigkeit bei der Quantifizierung über einen breiten Konzentrationsbereich. Response-Faktoren werden selbst bei geringen Konzentrationen in einer komplexen Probe beibehalten, wie diese Kalibrierungskurve für Fonofos bei 0,5 bis 1000 ppb in einer Avocadomatrix zeigt.



Identifizieren Sie leichter Verbindungen mit alternativen „schonenden“ Ionisierungstechniken

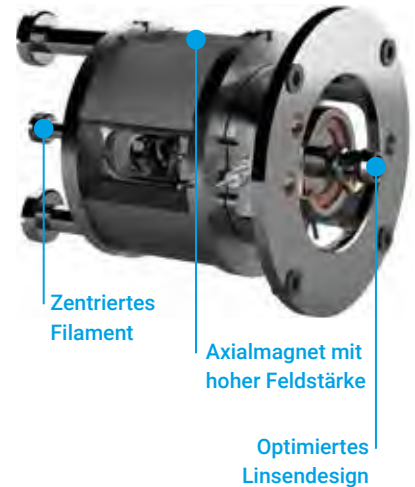
Ermöglichen Sie mit dem 7250, dem weltweit einzigen hochauflösenden GC/Q-TOF-System, Arbeitsabläufe, die bisher nur schwer oder nicht durchführbar waren. Sie können vereinfachte Spektren erstellen, ohne dafür auf spezielle Techniken zurückgreifen zu müssen, und gleichzeitig die universelle Anwendbarkeit der Elektronenstoß-Ionisation (EI) nutzen.

Die Niedrigenergie-Elektronenstoß-Ionisationsquelle des 7250 basiert auf der bewährten High Efficiency Source (HES) aus Agilent 5977 GC/MSD- und 7010 GC/TQ-Systemen. Sie wurde für den Niedrigenergie-EI-Betrieb optimiert, erbringt aber auch bei konventioneller 70-eV-Ionisierung die erwartete Leistung. Darüber hinaus erhöhen HES-Design-Modifikationen die analytische Empfindlichkeit der Niedrigenergie-Elektronenstoß-Ionisation – ein Paradigmenwechsel bei der schonenden GC/MS-Ionisation.

In Kombination mit austauschbaren Ionenquellen zur chemischen Ionisierung, die sowohl PCI als auch NCI ermöglichen, vereinfachen die schonenden Ionisierungsoptionen für das 7250 GC/Q-TOF-System Ihre anspruchsvollsten Analysen.

- **Identifizieren Sie mit Zuversicht.** Gewinnen Sie Informationen über Molekül-Ionen für die nachgeschaltete Strukturaufklärung.
- **Erweitern Sie Ihre Grenzen.** Ionisieren Sie über Analytklassen hinweg und vermeiden Sie dabei größere Verluste der analytischen Empfindlichkeit, wie sie bei anderen schonenden Ionisierungstechniken häufig auftreten.
- **Verbessern Sie die Effizienz.** Nutzen Sie die bewährte Leistung der Ionenquellentechnologie des weltweiten Marktführers im Bereich GC/MS.

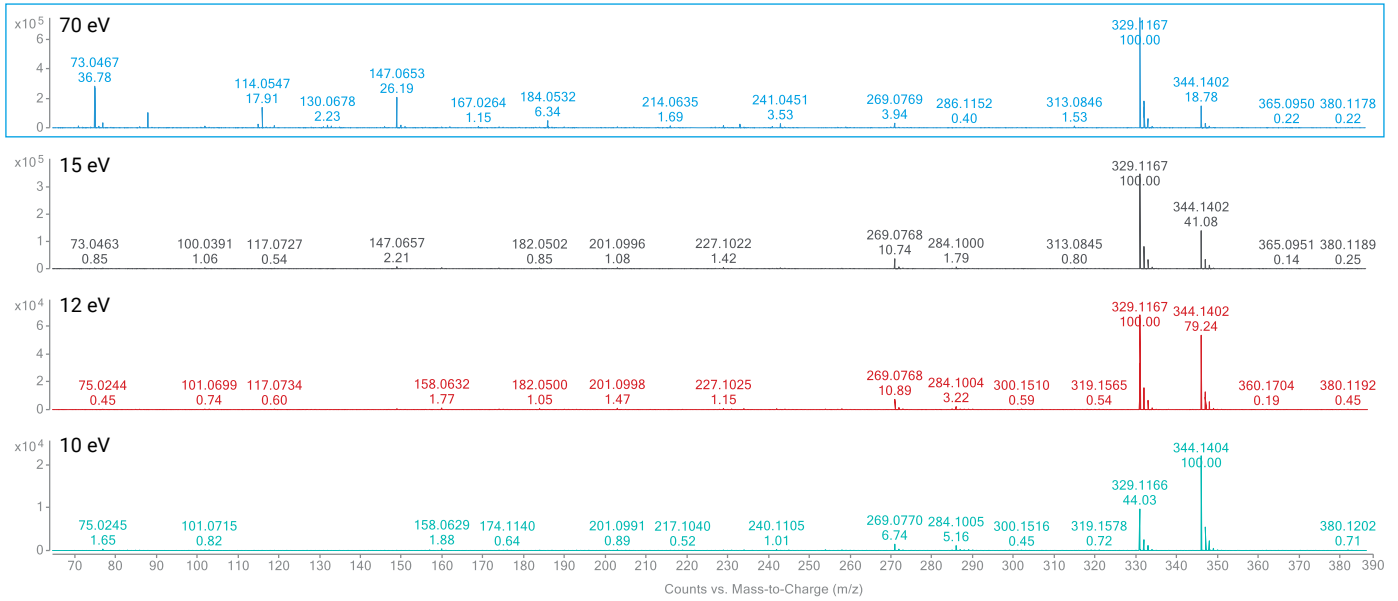
Die Niedrigenergie-Elektronenstoß-Ionisationsquelle des 7250



Bewältigung der Herausforderungen bei der Identifizierung von Metaboliten in komplexen Matrices

Die Erniedrigung der Ionisationsenergie der Quelle führt zu einem höheren Anteil des Molekül-Ions im Spektrum. Hier entspricht eine niedrigere Elektronenenergie einer höheren relativen Abundanz für das Molekül-Ion dieser unbekanntes Verbindung.

Identifizierung des Molekül-Ions mit niedriger Elektronenenergie



Schützen Sie Ihre Kunden und Ihren Ruf, indem Sie reale Herausforderungen lösen

Lebensmittelhersteller und Verbraucher sind durch Verfälschungen und betrügerische Kennzeichnung bedroht. Darüber hinaus erfordern der globale Handel, strenge Vorschriften und ein erhöhtes öffentliches Bewusstsein häufigere und detailliertere Lebensmittelprüfungen.

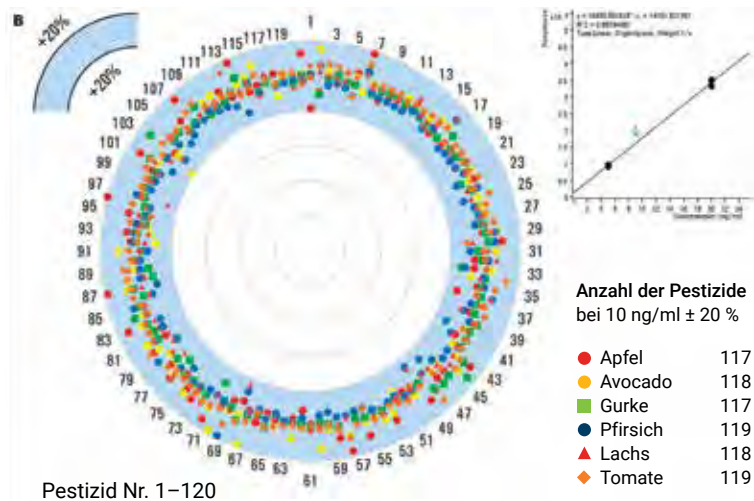
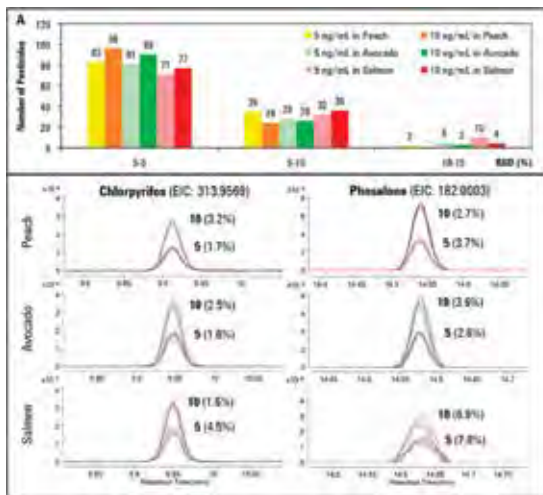
Das 7250 GC/Q-TOF-System hilft Ihnen, diese Herausforderungen mit einer einzigen optimierten Plattform zu meistern. Zu den typischen Anwendungen von GC/Q-TOF bei der Lebensmittelprüfung gehören:

- Screening auf mutmaßliche Verbindungen mit Zielquantifizierung auf der Grundlage der Accurate-Mass-PCDL für Pestizide
- Non-Target-Screening mit SureMass-Dekonvolution und umfangreichen Massen-El-Bibliotheken wie z. B. NIST
- Lebensmittelklassifizierung zur Aufdeckung von Betrug



Es kommt auf die Matrix an

Mithilfe von nicht spezifischer Datenerfassung und Accurate-Mass-Spektrenbibliotheken können Sie umfassende Screenings auf Pestizide in Lebensmittelmatrices durchführen.



120 Pestizide wurden drei verschiedenen Lebensmittelmatrices zugesetzt, darunter Avocado und Lachs. Die Reproduzierbarkeit (RSD %) für Dotierungsebene von 5 und 10 ng/ml bestätigen die ausgezeichnete Analyseleistung. Zwei Beispiele für Replikate detektierter charakteristischer Ionen sind ebenfalls dargestellt.

Quantitative Genauigkeit bei 10 ng/ml. Ein schneller Vergleich mit den Rückstandshöchstmengen (MRLs) wird für sechs Lebensmittelmatrices unterschiedlicher Komplexität gezeigt. Selbst bei komplexen Matrices wie Avocado und Lachs entspricht die quantitative Genauigkeit bei über 97 % der getesteten Pestizid-/Nahrungsmittelpaare den EU-Richtlinien SANTE/11813/2017.

Einfache Erkennung von falschpositiven Ergebnissen mit dem GC/Q-TOF-Arbeitsablauf für das Screening auf mutmaßliche Verbindungen

Mit einer einzigen Analysemethode können Sie große Probenchargen in Bezug auf Hunderte von Ziel- und mutmaßlichen Verbindungen einfach auswerten. Die MassHunter-Software ermöglicht die gleichzeitige quantitative Messung von Zielsubstanzen. Sie können auch gegen Bibliotheken hochaufgelöster Spektren nach mutmaßlichen Verbindungen ohne Kalibrierreferenz suchen.

Führen Sie mit einem einzigen Datenanalysetool gleichzeitig ein Screening auf Ziel- und mutmaßliche Verbindungen durch



„Mit dem GC/MS-Q-TOF-System konnten wir sowohl die positiven Ergebnisse bestätigen als auch falschpositive Ergebnisse vermeiden.“

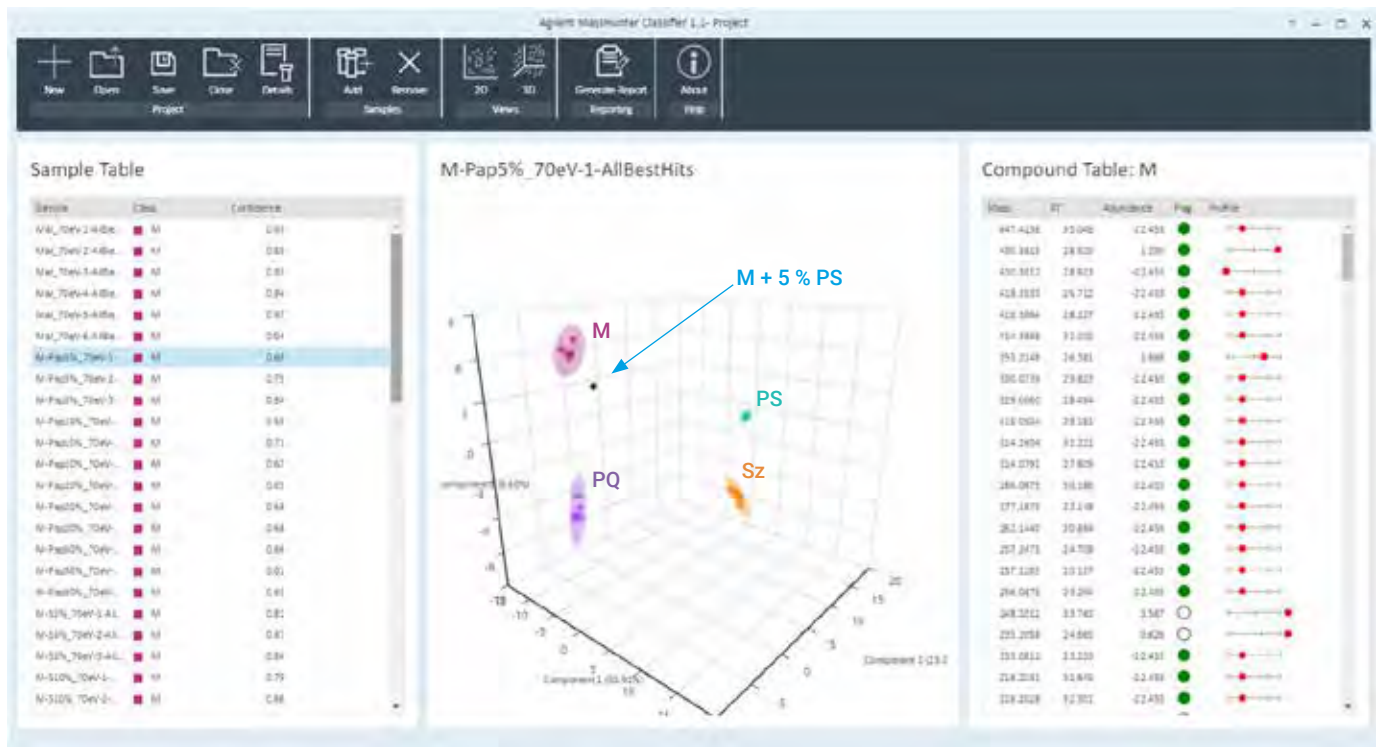
– Dr. Peter Fürst
Abteilung für zentrale analytische Dienstleistungen, Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Münsterland-Emscher-Lippe

Die Fähigkeit, echte Treffer von falschen Identifizierungen zu unterscheiden, selbst wenn es keinen Standardlauf zum Vergleich gibt, spricht für die Hochauflösung und Leistung in Bezug auf die akkurate Masse des 7250 GC/Q-TOF-Systems.

Bestätigung der Authentizität von Lebensmitteln und Aufdeckung von Betrug

Lebensmittelbetrug ist ein schnell wachsendes und sich entwickelndes Geschäft. Time-of-Flight (TOF) in Kombination mit einem nicht spezifischen Ansatz ist eine immer häufiger angewandte Methode zum Nachweis von Lebensmittelbetrug und -verfälschung. Um die Charakterisierung von Lebensmitteln mit hochauflösender GC/Q-TOF zu rationalisieren, verwenden Sie die Agilent Mass Profiler Professional (MPP) Software, um ein Klassifizierungsmodell zu erstellen, und die Agilent MassHunter Classifier Software, um Betrug zu erkennen.

Zu den Visualisierungswerkzeugen der MassHunter Classifier Software gehören Verbindungslisten und dreidimensionale PCA-Diagramme



Die mittels GC/Q-TOF generierten hochauflösenden akkuraten Massedaten sowie die Software für die Differenzialanalyse ermöglichen ein routinemäßiges Screening von Lebensmittelproben zur Klassifizierung und Aufdeckung von Lebensmittelbetrug.

Möchten Sie sehen, wie Q-TOF vor falschpositiven Ergebnissen schützt?

Lesen Sie mehr über einen optimierten Arbeitsablauf für das Screening und die Quantifizierung von Pestiziden und Umweltschadstoffen in Erdbeerextrakten mit hochauflösender GC/Q-TOF und einer Accurate-Mass-Bibliothek. [Application Note herunterladen](#)

Screening auf bekannte Verunreinigungen und Identifizierung von unbekanntem Verbindungen

Jeden Tag sind wir mit neuen Fragen zum Einfluss des Menschen auf die Umwelt und dem Einfluss der Umwelt auf uns konfrontiert. Die im Agilent 7250 GC/Q-TOF-System umgesetzten, revolutionären technologischen Verbesserungen sollen zur einfachen und effizienten Beantwortung dieser Fragen beitragen.

Der Einsatz von hochauflösenden Accurate-Mass-MS-Verfahren (HRMS) zur Charakterisierung bekannter und unbekannter Schadstoffe gewinnt zunehmend an Bedeutung. Um eine hohe Empfindlichkeit in Verbindung mit einem erweiterten Analyseumfang zu erreichen, kann das 7250 in umfassenden Arbeitsabläufen eingesetzt werden. Dazu zählen:

- Spezifische Quantifizierung
- Screening auf mutmaßliche Verbindungen
- Non-Target-Screening auf Verunreinigungen

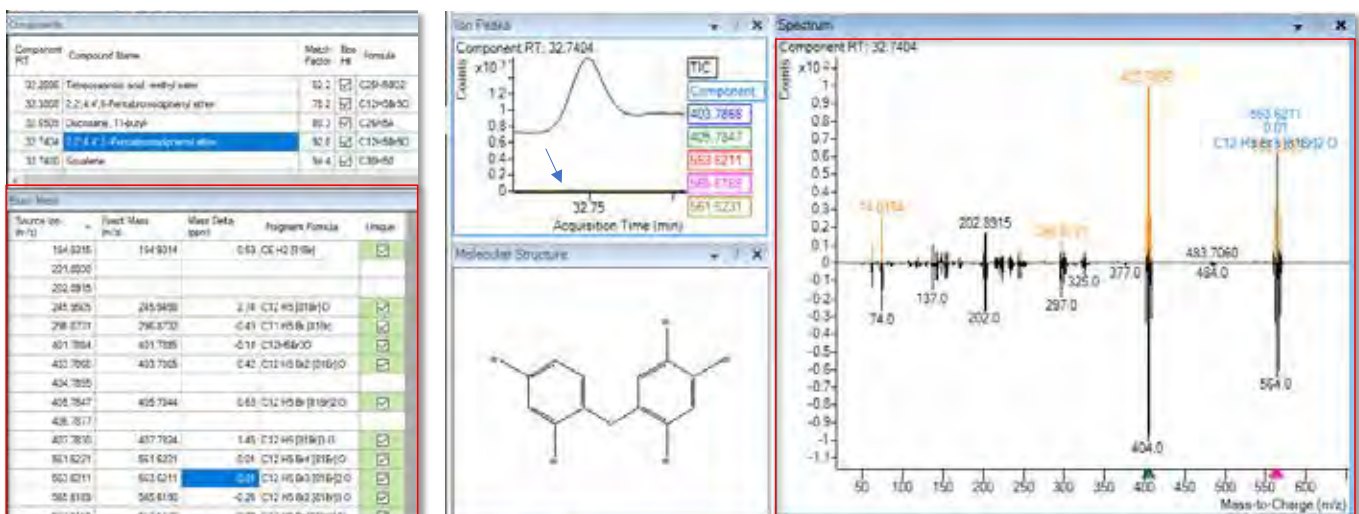
Darüber hinaus können Sie mit der retrospektiven Auswertung nach einer einmaligen Messung wiederholt die vollständigen Spektrendaten verarbeiten, die Sie auf künftige neue Zielsubstanzen hin untersuchen können.



Sie wollen Gewissheit für Ihre Identifizierung

Die MassHunter Unknowns Analysis Software, die die SureMass-Signalverarbeitung und das ExactMass-Tool nutzt, bietet eine Effizienz und Empfindlichkeit, die über herkömmliche Dekonvolutionsmethoden hinausgehen. Selbst Nebenkomponenten werden trotz des Vorliegens eines starken Hintergrundsignals genau extrahiert und identifiziert.

Die ExactMass-Funktion annotiert Ionen mit Fragmentformeln, so dass Sie Verbindungen auch bei Verwendung von MS-Bibliotheken mit nominellen Massenspektren von Quadrupol-MS-Systemen mit Gewissheit identifizieren können.



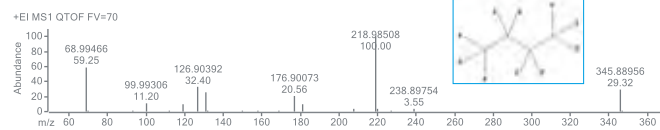
Das ExactMass-Tool (rote Rechtecke) hilft bei der zusätzlichen Bestätigung von Bibliothekstreffern mit Einheitsmasse auf der Grundlage der akkuraten Masse. Repräsentative Verbindungsionen sind im Spiegelplot hervorgehoben, wenn m/z mit der Formel des Bibliothekstreffers übereinstimmt. Der blaue Pfeil zeigt auf die dekonvolutierte Komponente in der Bodenmatrix.

Accurate-Mass-Bibliothek für die Analyse von PFAS in Umweltproben

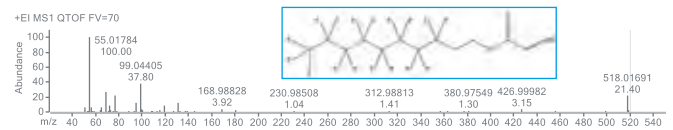
Die Entwicklung von Accurate-Mass-Bibliotheken für Umwelthanwendungen ist der Schlüssel zur Erweiterung des Spektrums der überwachten Verbindungen und zur sicheren Erkennung von Zielsubstanzen und mutmaßlichen Zielsubstanzen. Dies bietet auch die Möglichkeit zur Anwendung eines Ansatzes für das Screening auf mutmaßliche Verbindungen, der sich im Vergleich zum Non-Target-Screening durch eine höhere Empfindlichkeit und mehr Flexibilität auszeichnet.

Beispiele für verschiedene PFAS-Verbindungsklassen aus der PFAS-PCDL

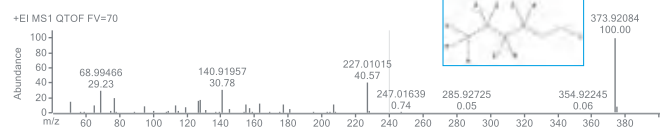
Nonafluor-1-iodobutan (PFBI)



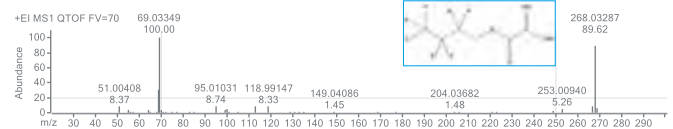
8:2 Fluortelomeracrylat (8:2 FTAC)



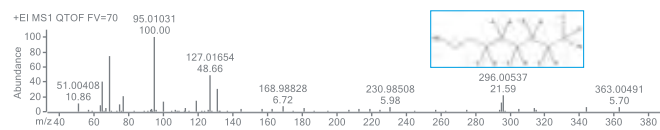
1,1,1,2,2,3,3,4,4-Nonafluor-6-iodohexan (6:2 FTI)



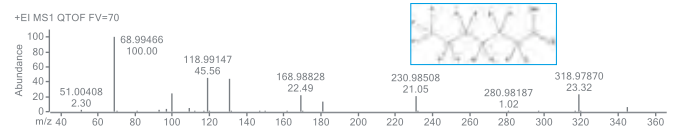
2,2,3,3,4,4,4-Heptafluorbutylmethacrylat (3:1 FTMAC)



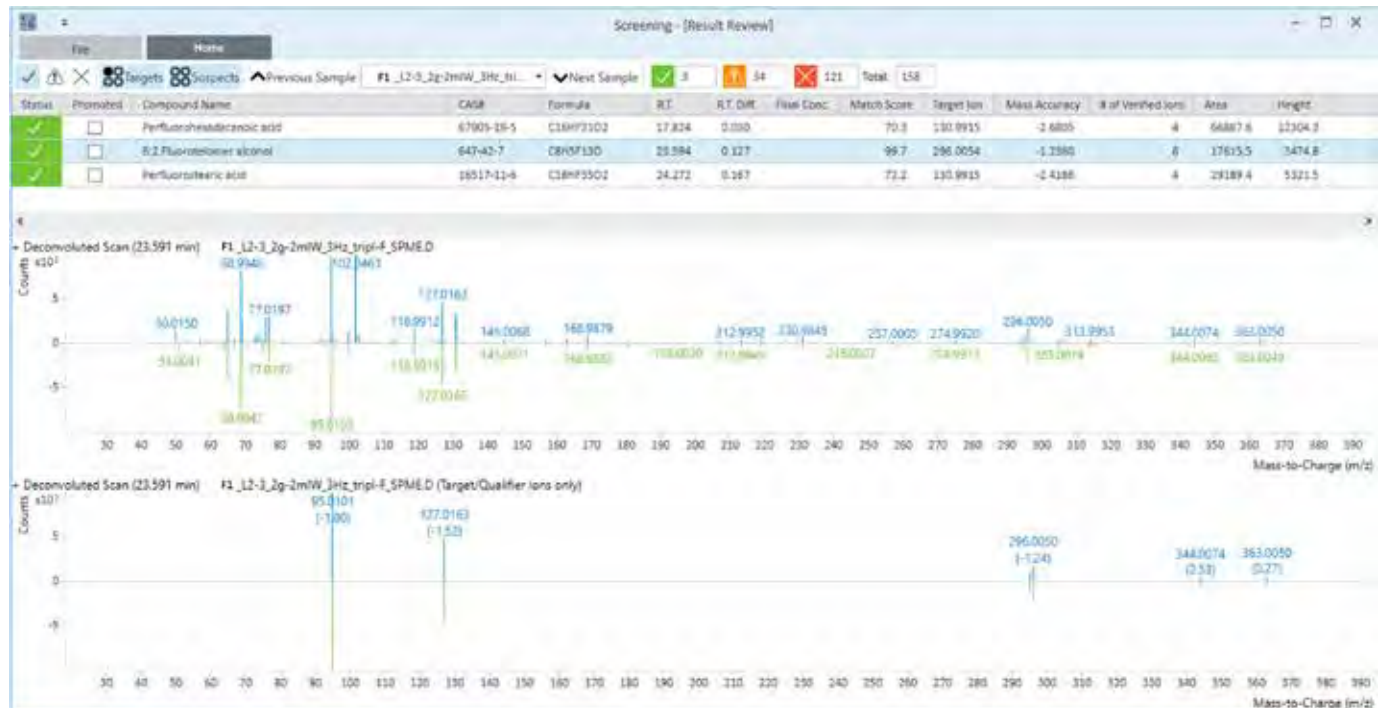
6:2-Fluortelomeralkohol (6:2 FTOH)



Perfluorheptansäure (PFHpA)



Nachweis von Fluortelomeralkohol in Bodenproben mit dem GC/Q-TOF-Screener und der PFAS-PCDL



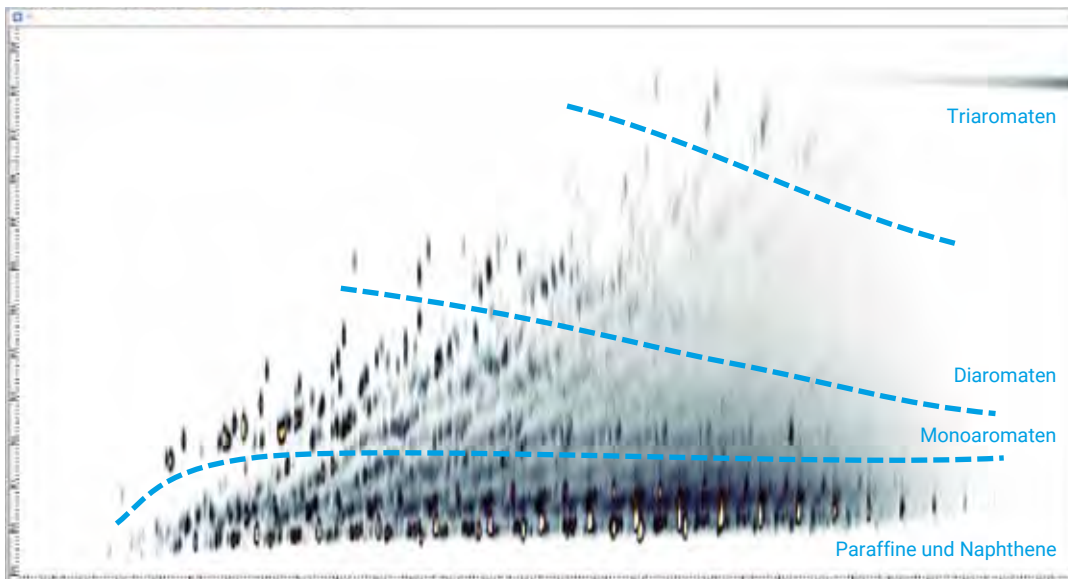
Steigern Sie Ihre Produktivität und sichern Sie die Produktqualität

Die Charakterisierung der Bestandteile einer komplexen Probe ist keine einfache Aufgabe. Sie erfordert Wissen, Kenntnis und die leistungsstarken analytischen Fähigkeiten des Agilent 7250 GC/Q-TOF-Systems. Zu diesen Fähigkeiten gehören hochauflösende akkurate Massebestimmungen, Optionen mit Niedrigenergie-Elektronenstoß- und chemischer Ionisierung, schnelle Spektrenerfassung für umfassende Kompatibilität mit GC x GC und hochempfindliche MS/MS-Messungen.

- Mit schnellen Datenerfassungsraten von bis zu 50 Hz und einer geschwindigkeitsunabhängigen Auflösungsleistung können Sie schmale chromatographische Peaks oder ultraschmale zweidimensionale GC-Peaks charakterisieren.
- Die Spektrenvereinfachung ermöglicht es Ihnen, Molekül-Ionen zu bestimmen, so dass Sie die Vorteile der schonenden GC/MS-Ionisierungsoptionen voll ausschöpfen können.
- Hochaufgelöste Accurate-Mass-Produkt-Ionenspektren, ausgewertet mit der leistungsfähigen Molecular Structure Correlator-Software, geben Einblick in chemische Strukturen.

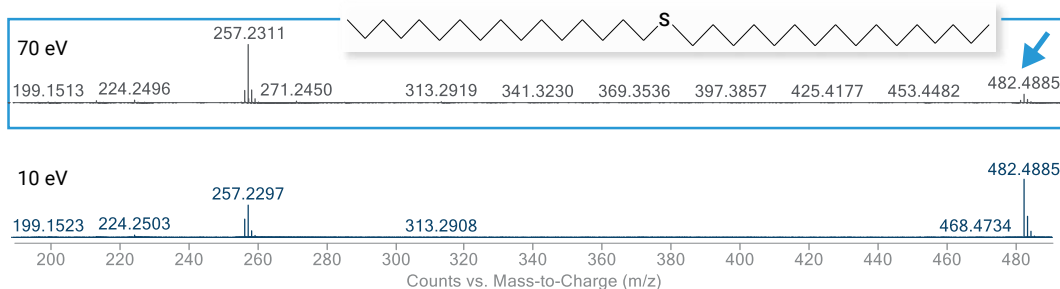


Paraffine und Naphthene



Diese Abbildung zeigt, wie der Agilent Reverse-Flow-Modulator dazu beiträgt, zuverlässige Ergebnisse zu erzielen. Das umfassende 2D-GC-Diagramm veranschaulicht die genaue Trennung der Dieselbestandteile.

Hexadecylsulfid: C₃₂H₆₆S



Reduzieren Sie die spektrale Komplexität mit einer revolutionären Niedrigenergie-Elektronenstoß-Ionisationsquelle, die die analytische Empfindlichkeit in hohem Maße beibehält und gleichzeitig Molekül-Ionen im Spektrum hervorhebt.

Bringen Sie Ihre systembiologischen Untersuchungen voran

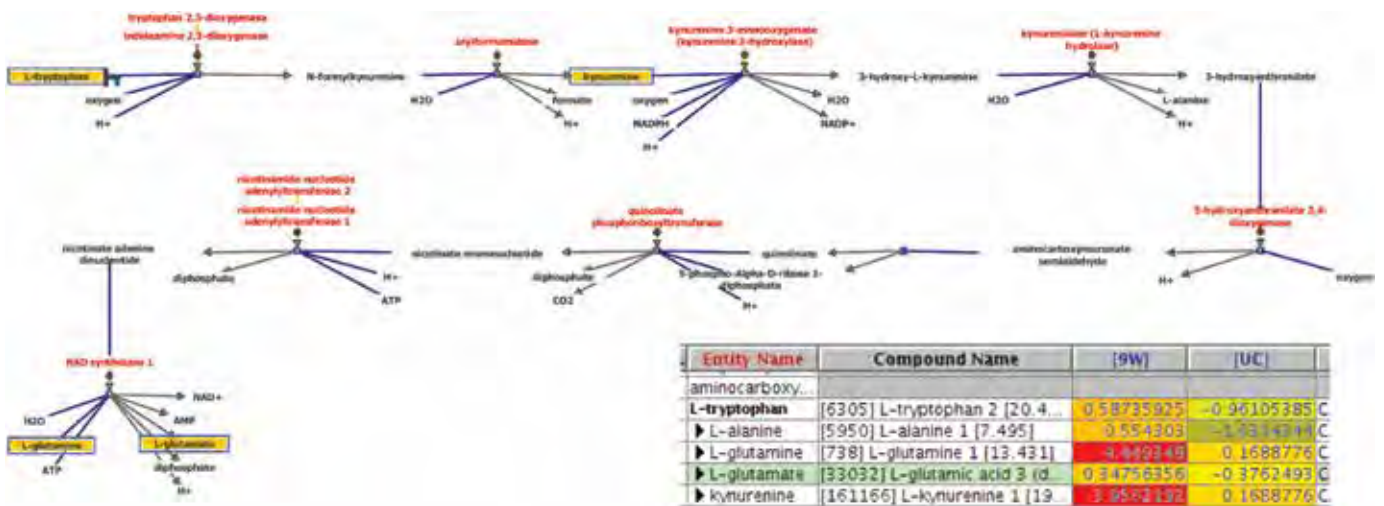
Jeder Tag bringt neue Erkenntnisse über die menschliche Gesundheit, die Diagnostik und das Verständnis von Krankheiten. Die Forschung, die diese Fortschritte vorantreibt, erfordert die sorgfältige Planung und Ausführung von Experimenten. Bringen Sie Ihre Forschung mit hochauflösenden Daten voran, die vom Agilent 7250 GC/Q-TOF System und der Software generiert werden. Diese Kombination ermöglicht Ihnen, mehr Verbindungen in biologischen Matrices zu identifizieren und verborgene Trends aufzudecken.



Ein Arbeitsablauf im Bereich Metabolomik, der sich an den Stoffwechselwegen orientiert

Komplexe Metabolomikstudien profitieren von der analytischen Empfindlichkeit und Massengenauigkeit des Agilent 7250 GC/Q-TOF-Systems über das gesamte Spektrum sowie seiner MS/MS-Funktionalität zur Strukturaufklärung unbekannter Metaboliten. Der erweiterte dynamische Bereich des Systems ermöglicht eine genaue und gleichzeitige Quantifizierung der in einer Zelle vorhandenen Metaboliten.

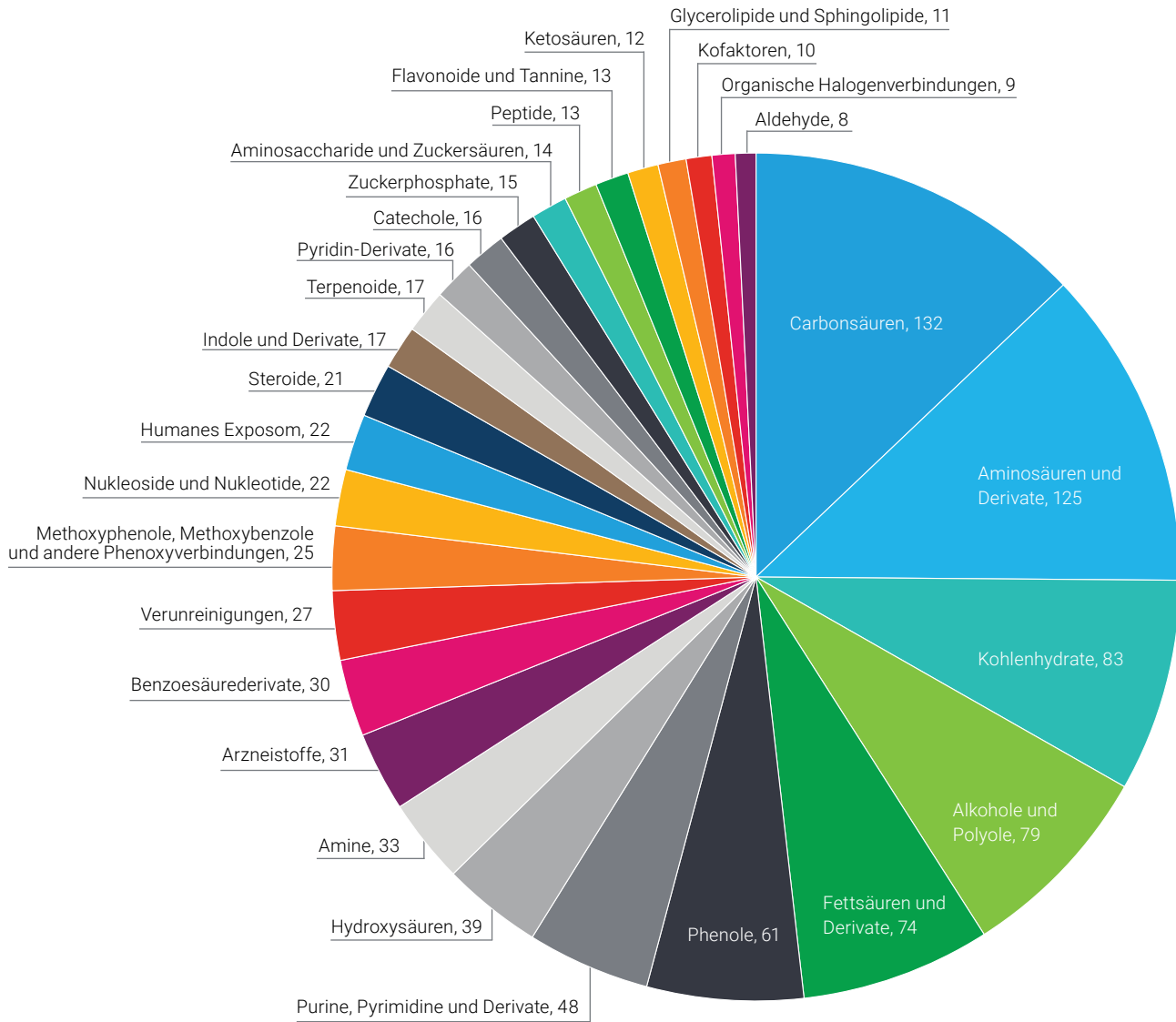
Pathway Architect, verfügbar mit Mass Profiler Professional, bringt Massenspektrendaten in einen biologischen Kontext. Mit Pathway Architect können Sie Ergebnisse aus einzelnen oder mehreren „Omics“-Experimenten kanonischen biologischen Signal- oder Stoffwechselwegen zuzuordnen. Außerdem können Sie Informationen über die Wege gleichzeitig analysieren, darstellen und interpretieren. Dieser auf die Stoffwechselwege ausgerichtete Arbeitsablauf beschleunigt den Prozess von der Entdeckung und Aufklärung bis hin zur Validierung. Und er ermöglicht es, Ihre nächste Versuchsreihe effizient zu planen und durchzuführen.



Beispiel für die Ergebnisse mit Pathway Architect: NAD-Biosynthese

Optimieren Sie Ihre Metabolit-Identifizierung mit einer Accurate-Mass-Spektrenbibliothek und -Datenbank für die Metabolomik

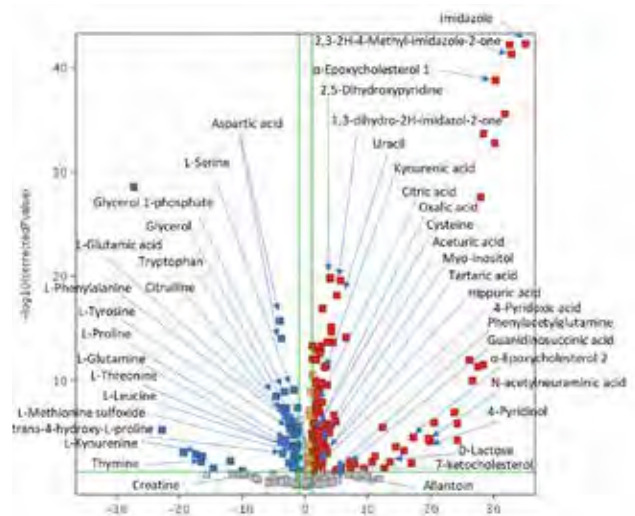
Die neue Agilent GC/Q-TOF Personal Compound Database and Library (PCDL) für die Metabolomik ist eine hochauflösende Spektrenbibliothek mit mehr als 900 Verbindungen. Sie repräsentiert eine breite Klasse von Metaboliten.



Antworten auf Ihre Fragen

Mass Profiler Professional Software – von komplexen Daten zu klaren Erkenntnissen

Die Differenzialanalyse unterschiedlicher Proben Gruppen lenkt den Fokus auf das, was bei der Durchführung von Vergleichsstudien statistisch von Bedeutung ist. In diesem Beispiel haben wir Metabolitenunterschiede zwischen gesunden Personen und Personen mit Herzinsuffizienz festgestellt. Die Ergebnisse werden durch eine Fold Change-Analyse in einem Vulkandiagramm zur einfachen Visualisierung dargestellt.



„Das hochauflösende Q-TOF MS in Kombination mit der Mass Profiler-Software ermöglichte uns die Untersuchung der unterschiedlichen Matrixkomponenten, die mit relevanten Pestiziden koeluiieren.“

– Dr. Carmen Ferrer

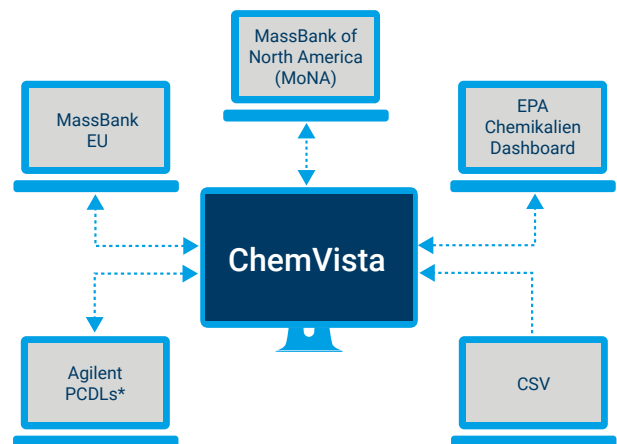
Fachbereich für Analytik, Universität von Almeria

Die Agilent ChemVista Software bietet umfangreiche, integrierte Bibliotheken

Agilent ChemVista ist eine eigenständige Softwareanwendung zur Verwaltung von Spektrenbibliotheken, die mit LC/Q-TOF- und GC/Q-TOF-Massenspektrometrie erstellt wurden. Die Software integriert Verbindungsdetails, Retentionszeiten und Spektren-Informationen aus mehreren Quellen. Diese Informationen ermöglichen Ihnen Folgendes:

- Zugang zu mehreren öffentlichen Datenbanken und kuratierten Bibliotheken.
- Organisieren, Verwalten, Bearbeiten oder Erstellen von Spektren.
- Erleichterung der Arbeitsabläufe zur Identifizierung im Rahmen von MassHunter-Datenanalyse-Anwendungen und darüber hinaus.
- Identifizieren von Verbindungen mit größerer Sicherheit.

Darüber hinaus enthält ChemVista umfangreiche vorinstallierte Bibliotheks- und Datenbankinhalte.



*Kuratierte Personal Compound Databases and Libraries



CrossLab ist ein Angebot von Agilent, das Services, Verbrauchsmaterialien und laborweites Ressourcenmanagement umfasst und Laboren unter anderem dabei hilft, ihre Effizienz zu steigern, Betriebsabläufe zu optimieren, Betriebszeiten von Geräten zu verlängern und Fertigkeiten von Nutzern zu entwickeln. Unsere branchenführenden Services erhalten die optimale Leistung Ihrer Geräte und beinhalten: Technology Refresh-Service, Applikationsberatung, Reparaturen, vorbeugende Wartung, Compliance-Prüfung und Schulung.

Agilent CrossLab ist für Geräte von Agilent sowie anderen Anbietern verfügbar und umfasst beratende Unterstützung für die Umsetzung von Arbeitsabläufen, Laboranalytik, Compliance, Inventarverwaltung und das Anlagenmanagement, einschließlich Umzugsservices.

[Erfahren Sie mehr über Agilent CrossLab](#) und sehen Sie sich an, wie Erkenntnisse zu optimalen Ergebnissen führen.

Mehr Infos:

www.agilent.com/chem/gcms-qtof

Hier finden Sie ein Agilent Kundeninformationszentrum in Ihrem Land:

www.agilent.com/chem/contactus

Deutschland

0800-603 1000

CustomerCare_Germany@agilent.com

Europa

info_agilent@agilent.com

Asien und Pazifik

inquiry_lsca@agilent.com

Ausschließlich zu Forschungszwecken. Nicht für Diagnoseverfahren geeignet.

Änderungen vorbehalten.

RA45442.6111111

© Agilent Technologies, Inc. 2024
Veröffentlicht in den USA, 5. Juni 2024
5991-8109DEE

