

Идентификация. Количественное определение. Упрощение. Вы будете знать всё

Квадрупольно-времяпролетный ГХ-МС Agilent 7250



А вы готовы достигать большего?

Возможность определить, что и в каких концентрациях присутствует в вашей пробе, позволяет делать выводы и принимать верные решения в значимых для организации вопросах.

Многофункциональный квадрупольно-времяпролетный ГХ-МС Agilent 7250 с комплексным программным обеспечением Agilent MassHunter обеспечивает надежность рабочих процессов ГХ-МС. Этот прибор позволяет эффективно проводить исследования и решать самые сложные задачи качественного и количественного анализа ГХ-МС:

- сложные исследования в области метаболомики;
- скрининг на наличие пестицидов в сложных матрицах;
- идентификация соединений в растительных экстрактах;
- определение уровней загрязнения в сырье химической промышленности.

ГХ-МС Agilent 7250 эффективно работает в реальных условиях и обеспечивает надежную работу лаборатории. Он дает именно то, что вам нужно: неизменно превосходные результаты.



Абсолютная надежность для рутинного скрининга и невероятных открытий

Преимущества Agilent 7250:

- чувствительное детектирование;
- точный количественный анализ;
- мощный функционал для исследований;
- упрощенные спектры;
- воспроизводимость данных.

Вас больше не будут беспокоить:

- изменения в нормативных требованиях;
- ненадежные результаты;
- неизвестные соединения;
- сроки интерпретации данных;
- неоднозначность результатов параллельных вводов.

Аналитические задачи становятся все более сложными и требуют новых методов и инновационных подходов

В течение более 40 лет инновации Agilent помогают разнопрофильным лабораториям соответствовать все более жестким требованиям к комплексным анализам.

Agilent 7250 представляет собой новейший квадрупольно-времяпролетный ГХ-МС. Этот прибор способен анализировать почти все виды молекул и элементов и обеспечивает исключительную эффективность работы лабораторий всего аналитического спектра.

Требуется более надежная идентификация?

«Оборудование Agilent отлично подходит для нашей лаборатории по трем причинам: оно надежное, точное и простое В ИСПОЛЬЗОВАНИИ».

- **Майк Турман (Mike Thurman), PhD**
Центр масс-спектрометрии окружающей среды, Университет Колорадо

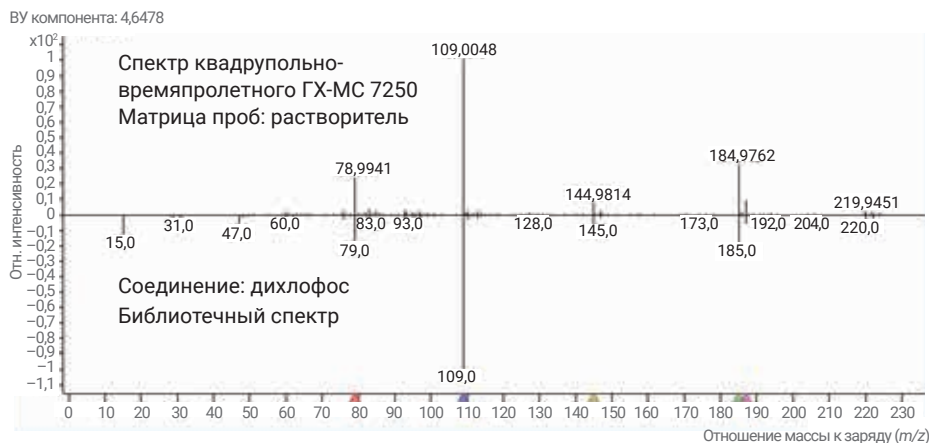
Точность воспроизведения спектра и определения массы: анализ дихлофоса

Теперь можно легко идентифицировать соединения, используя представленные на рынке библиотеки спектров. Agilent 7250 способен успешно обрабатывать сотни тысяч сложных библиотечных спектров, большинство из которых были получены с использованием наших квадрупольных систем ГХ-МС. Такие преимущества, как соответствующие библиотеке характеры фрагментации и возможность сбора данных в полном спектре, делают Agilent 7250 идеальной платформой для идентификации при помощи ГХ-МС.



Неполнота получаемых данных оказывает пагубное влияние на исследования, разработки и контроль качества. Совершенство аналитических методов Agilent 7250 с программным обеспечением MassHunter обеспечивает непревзойденные возможности идентификации соединений.

- **Определяйте соединения.** Неискаженные спектры библиотечного уровня качества позволяют уверенно идентифицировать соединения, используя доступные на рынке библиотеки.
- **Подтверждайте формулы.** Изотопная точность дает большую определенность при выстраивании молекулярных формул.
- **Обнаруживайте следовые количества аналитов.** Обеспечьте широкий динамический диапазон в пределах спектра даже при значительной степени совместного элюирования.
- **Уточняйте структуры.** Измерения МС-МС с высоким разрешением и спектры точных масс дочерних ионов могут дать информацию о структуре, повысить селективность и помочь избежать влияния посторонних компонентов образца.



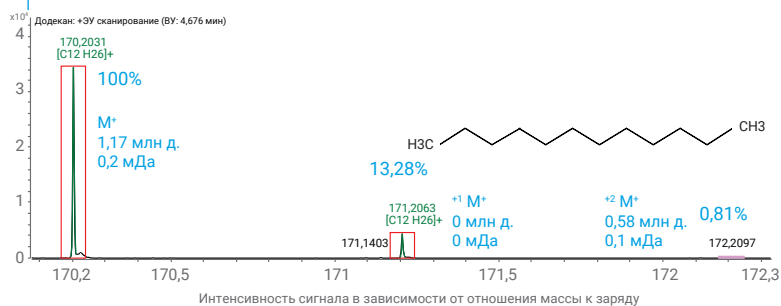
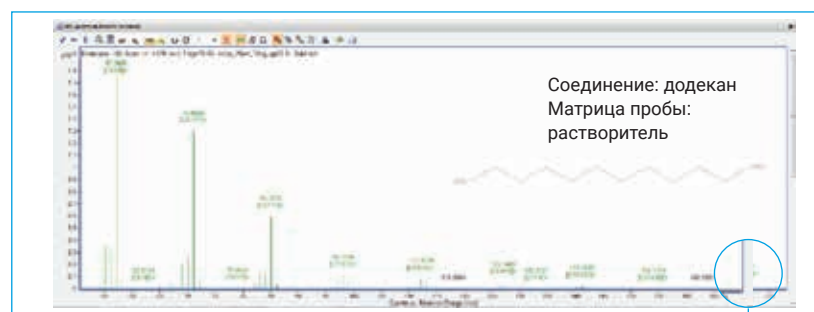
Программа Agilent «Гарантия на будущее»

Мы гарантируем работоспособность прибора в течение как минимум 10 лет с даты покупки. В противном случае мы возместим остаточную стоимость системы при покупке обновленной модели.

Изотопная точность: анализ додекана

Надежная идентификация соединений требует не просто высокой точности определения массы. Также необходимо принять во внимание характеристики отдельных соединений, например совпадение изотопного состава.

Изотопную точность можно легко определить с помощью количественного анализа MassHunter. Этот инструмент позволяет идентифицировать соединения в дополнение к измерению точных масс. Agilent 7250 демонстрирует высокую изотопную точность даже для следовых количеств изотопов, как видно на этом спектре додекана с второстепенными пиками в кластерах M^+ .

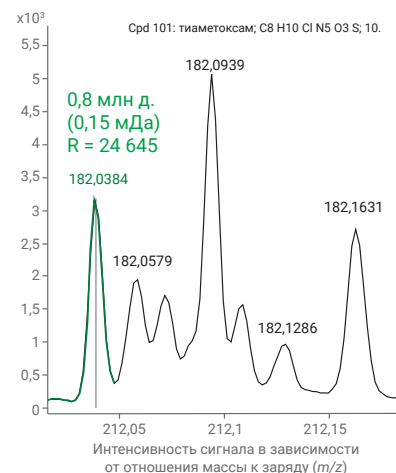
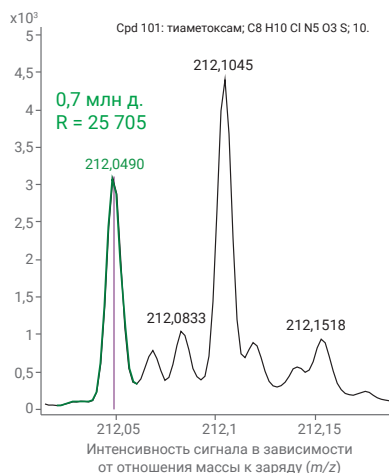


Высокое разрешение и точность определения массы: анализ тиаметоксама

Высокое разрешение необходимо для отделения аналитов от помех. Эта характеристика также важна при анализе в затруднительных условиях, например при работе со сложными матрицами и следовыми количествами аналитов.

В примере представлен следующий сценарий: анализ 5 ppb инсектицида тиаметоксама в авокадо, сложной матрице со значительными фоновыми сигналами. Даже в таких условиях характерные максимумы масс-спектра выделяются относительно фона, при этом точность определения массы соответствует Руководству SANTE/11945/2015.

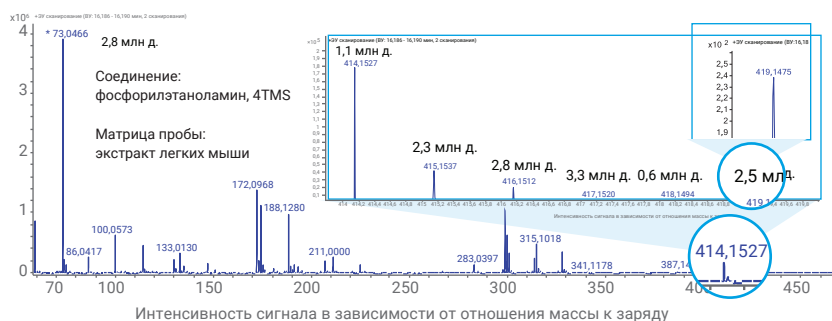
Более того, такое качество спектрального анализа достигается независимо от скорости сбора данных или диапазона масс.



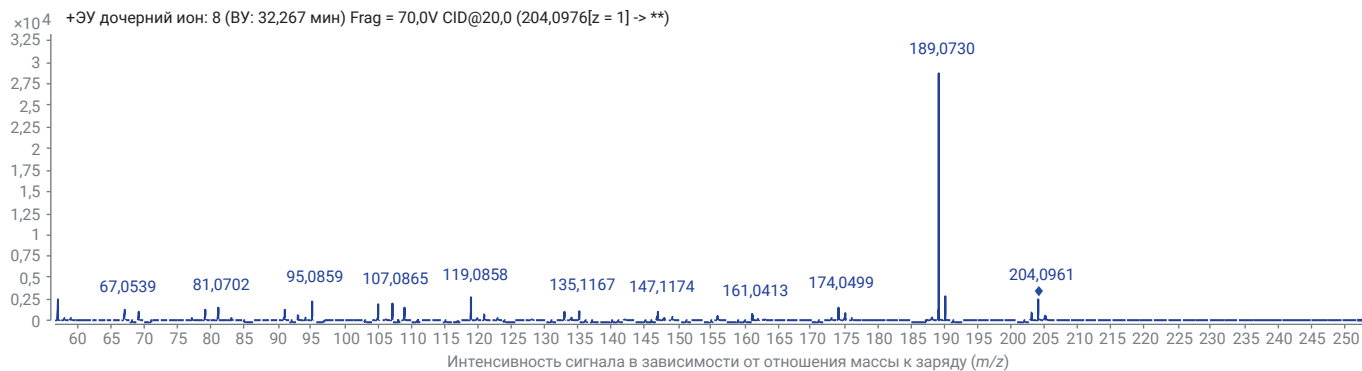
Широкий динамический диапазон: анализ фосфорилэтаноламина

Широкий динамический диапазон спектра позволяет уверенно определять следовые количества аналитов даже при значительном фоновом сигнале или совместном элюировании других компонентов.

Agilent 7250 способен обеспечивать четыре порядка величины динамического диапазона спектра даже в сложных матрицах. Этот пример демонстрирует диапазон 16 000+:1 для фосфорилэтаноламина (4TMS) в сложной биологической пробе — экстракте легких мыши.



Уточнение химического строения и получение подробных данных



На основе MS-MS спектров дочерних ионов предполагаемых молекулярных ионов мощное программное обеспечение Molecular Structure Correlator предлагает возможные структуры соединения и их вероятность исходя из данных об их фрагментах.

C13H16S: 521985

Scores: 1
MFG=100.0 MSC=88.0 Overall=88.0

ChemSpider: [521985](#)

[More Info...](#)

Fragment Choose

Mass	Intensity	Weight(%)	No. of candid	Best score
189.0730	10352.75	63.5	2	98.9
119.0859	2749.10	6.7	4	89.0
105.0701	2336.48	4.4	7	96.5
174.0499	1500.20	2.0	4	90.1
175.0574	1575.93	8.3	4	99.0
55.0545	1574.50	0.8	4	92.6
93.0701	1565.03	2.3	4	85.3
91.0546	1543.52	2.2	3	92.4
174.0496	1428.89	7.4	4	97.5

C13H16S: 163486

Scores: 2
MFG=100.0 MSC=85.0 Overall=85.0

ChemSpider: [163486](#)

[More Info...](#)

Fragment Choose

Penalty=5.5 dM=2.7ppm F.D.S.=99.6
C9H12-H Score=89.0

Penalty=7.0 dM=2.7ppm F.D.S.=99.6
C9H10-H Score=83.0

C13H16S: 9184236

Scores: 3
MFG=100.0 MSC=76.7 Overall=76.7

ChemSpider: [9184236](#)

[More Info...](#)

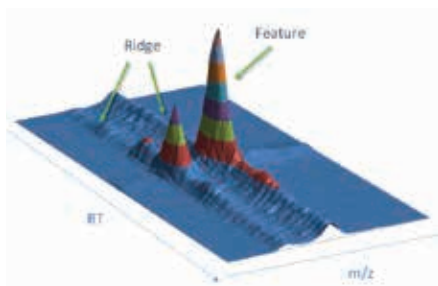
Fragment Choose

Penalty=14.0 dM=2.7ppm F.D.S.=99.6
C9H12-H Score=82.1

Penalty=14.5 dM=2.7ppm F.D.S.=99.6
C9H14-H Score=45.6

Для соединений с неизвестным составом и структурой можно сузить диапазон возможных формул.

Ищете способ повысить эффективность количественного анализа?



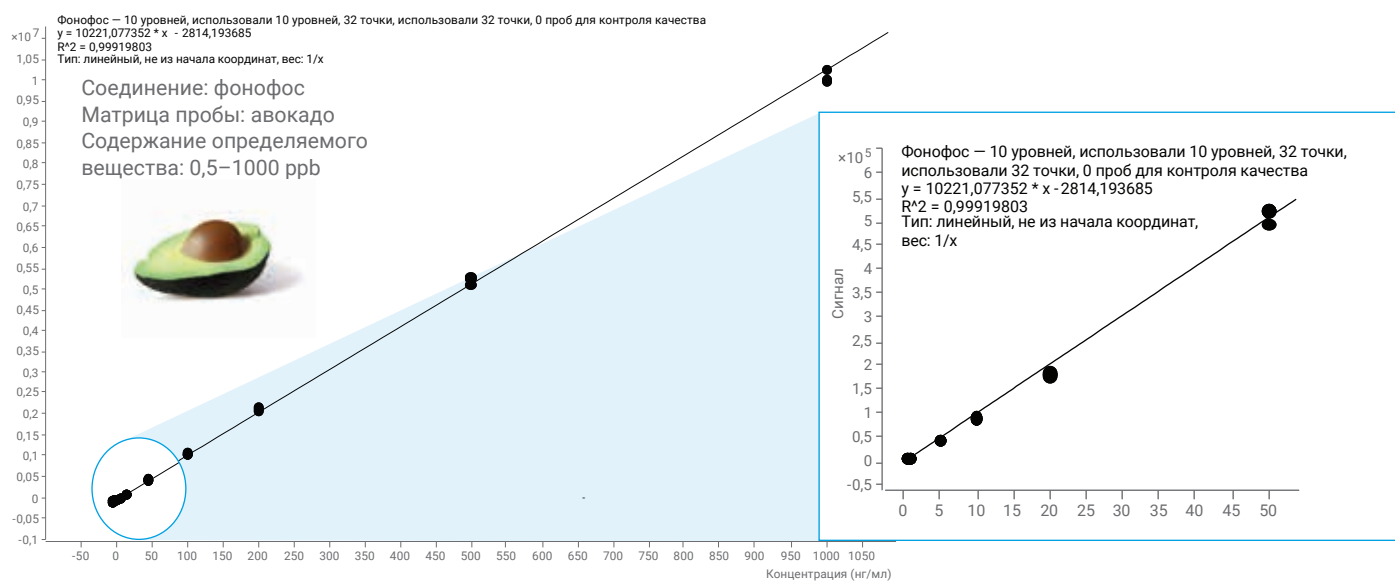
Алгоритм Agilent MassHunter SureMass для определения химических характеристик разработан специально для получения высококачественных данных профиля МС.

Целевой количественный анализ со сбором данных без указания определенных целевых ионов — мощная комбинация. Квадрупольно-времяпролетный ГХ-МС Agilent 7250 обеспечивает непревзойденную точность количественного анализа благодаря превосходным хроматографическим характеристикам, высокой чувствительности по массе и широкому динамическому диапазону.

- **Расширьте линейный динамический диапазон благодаря высокому разрешению.** Широкая линейность в количественных определениях обеспечивается за счет сверхсовременных электронных компонентов для разделения и обнаружения масс.
- **Выполняйте анализ реальных проб с высокой точностью.** Добейтесь единообразных коэффициентов отклика даже для следовых количеств аналитов в значительных объемах матриц.
- **Оперативно выполняйте количественное определение.** Быстрый сбор данных в сочетании со спектрами высокого разрешения способствуют деконволюции узких, совместно элюирующих пиков ГХ.
- **Обнаруживайте и извлекайте характеристики компонентов.** Уникальный алгоритм обработки сигналов MassHunter SureMass оптимизирует точность определения массы и интенсивность сигнала.

Точное количественное определение: анализ фонофоса

Широкий линейный динамический диапазон обеспечивает точность количественного анализа при различных концентрациях. Коэффициенты отклика сохраняются даже при малых концентрациях в сложных пробах, как показано в примере разделения фонофоса в концентрации 0,5–1000 нг/мл в пробе авокадо.



Хотите упростить анализ?



Низкоэнергетическая ионизация электронным ударом обеспечивает адекватную аналитическую чувствительность и позволяет выполнять универсальную ионизацию и надежное обнаружение.

Благодаря доступным взаимозаменяемым источникам химической ионизации вы можете легко использовать традиционную ГХ-МС с мягкой ионизацией.

Внедрите рабочие процессы, казавшиеся ранее непрактичными или невыполнимыми, благодаря единственному в мире квадрупольно-времяпролетному ГХ-МС с высоким разрешением Agilent 7250. Этот прибор позволяет получать упрощенные спектры без применения специализированных методик и поддерживает широкие возможности ионизации электронным ударом.

В качестве источника ионизации электронным ударом в Agilent 7250 используется зарекомендовавший себя в системах ГХ-МСД Agilent 5977В и трехквадрупольном ГХ-МС Agilent 7010В высокоэффективный источник (НЕС). Он был оптимизирован для работы при низкой энергии, но по-прежнему поддерживает традиционную ионизацию при 70 эВ. Кроме того, модификации конструкции НЕС усиливают аналитическую чувствительность низкоэнергетической ионизации электронным ударом, что является следующим шагом в мягкой ионизации ГХ-МС.

В сочетании с доступными взаимозаменяемыми источниками химической ионизации функционал мягкой ионизации прибора Agilent 7250 позволяет с легкостью выполнять даже самый сложный анализ.

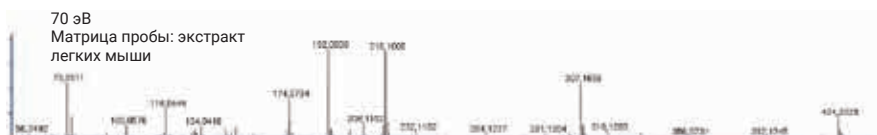
- **Получайте достоверные результаты идентификации.** Сохраняйте или выделяйте молекулярные ионы в чувствительных экспериментах МС-МС (в зависимости от методики).
- **Расширяйте границы.** Выполняйте ионизацию в пределах классов аналитов без снижения аналитической чувствительности, свойственного другим методикам мягкой ионизации.
- **Повышайте эффективность.** Возьмите на вооружение проверенную и эффективную технологию источника ионизации от мирового лидера в области ГХ-МС.

Мягкая ионизация в сложных матрицах: анализ кинуренина

Определение метаболитов и других классов соединений с похожей структурой в сложных матрицах может быть непростой задачей. В этом метаболомическом эксперименте кинуренин определяли в экстракте легких мыши.

При снижении энергии ионизации пик молекулярного иона в спектре увеличивается. Здесь при 17 эВ увеличились как относительный, так и абсолютный сигналы молекулярного иона, что идеально подходит для экспериментов МС-МС.

При дальнейшем уменьшении энергии ионизации предложенный молекулярный ион стал основным ионом в спектре, что повысило достоверность идентификации.



Надежное решение для вас и ваших заказчиков

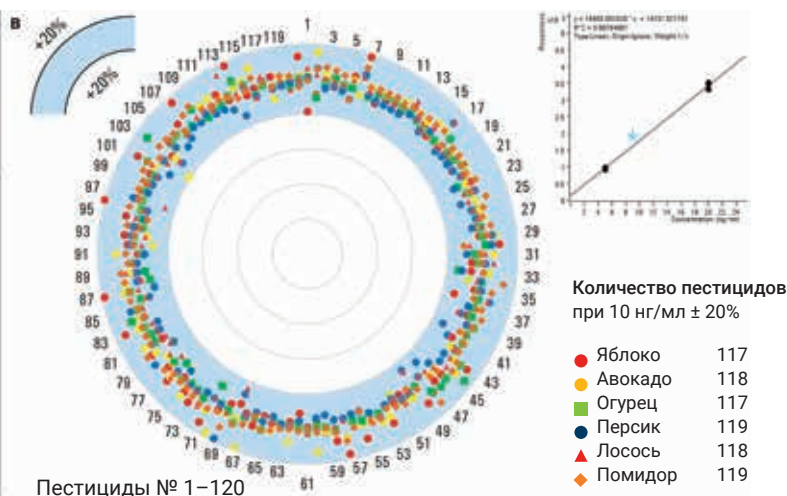
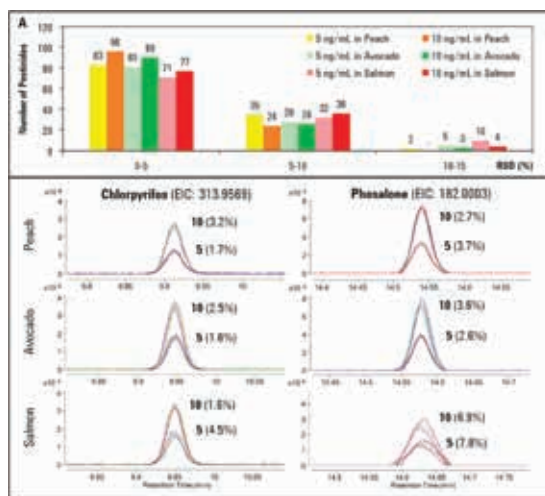
Производители и потребители продуктов питания сталкиваются с угрозой фальсификации продуктов питания и обманчивой маркировкой. Кроме того, жесткие требования международной торговли и растущий интерес общественности способствуют учащению и ужесточению анализов пищевых продуктов.

Agilent 7250 помогает справиться с этими трудностями благодаря использованию единой платформы, оптимизирующей скрининг целевых, предполагаемых и неизвестных соединений.

- Настраиваемая библиотека спектров с высоким разрешением, включающая пестициды и экотоксиканты, позволяет выполнять количественный скрининг более 1000 определяемых соединений.
- Рабочий процесс комплексного скрининга идентифицирует предполагаемые аналиты путем поиска совпадений в библиотеке с высоким разрешением, выполняемого одновременно с количественным анализом целевого вещества.
- С помощью обработки сигналов SureMass вы можете количественно определять целевые вещества в широком линейном динамическом диапазоне и идентифицировать неизвестные соединения по коммерческим библиотекам.

Матрица имеет значение

Сбор данных без указания целевых ионов и библиотеки спектров высокого разрешения дают возможность выполнять комплексный скрининг пестицидов в пищевых матрицах.



120 пестицидов, добавленных в три различные пищевые матрицы, среди которых авокадо и лосось. Значения повторяемости (СОС, %) для концентраций добавок 5 и 10 нг/мл подтверждают превосходные аналитические характеристики. Также представлены два примера обнаруженных параллельных вводов характеристических ионов.

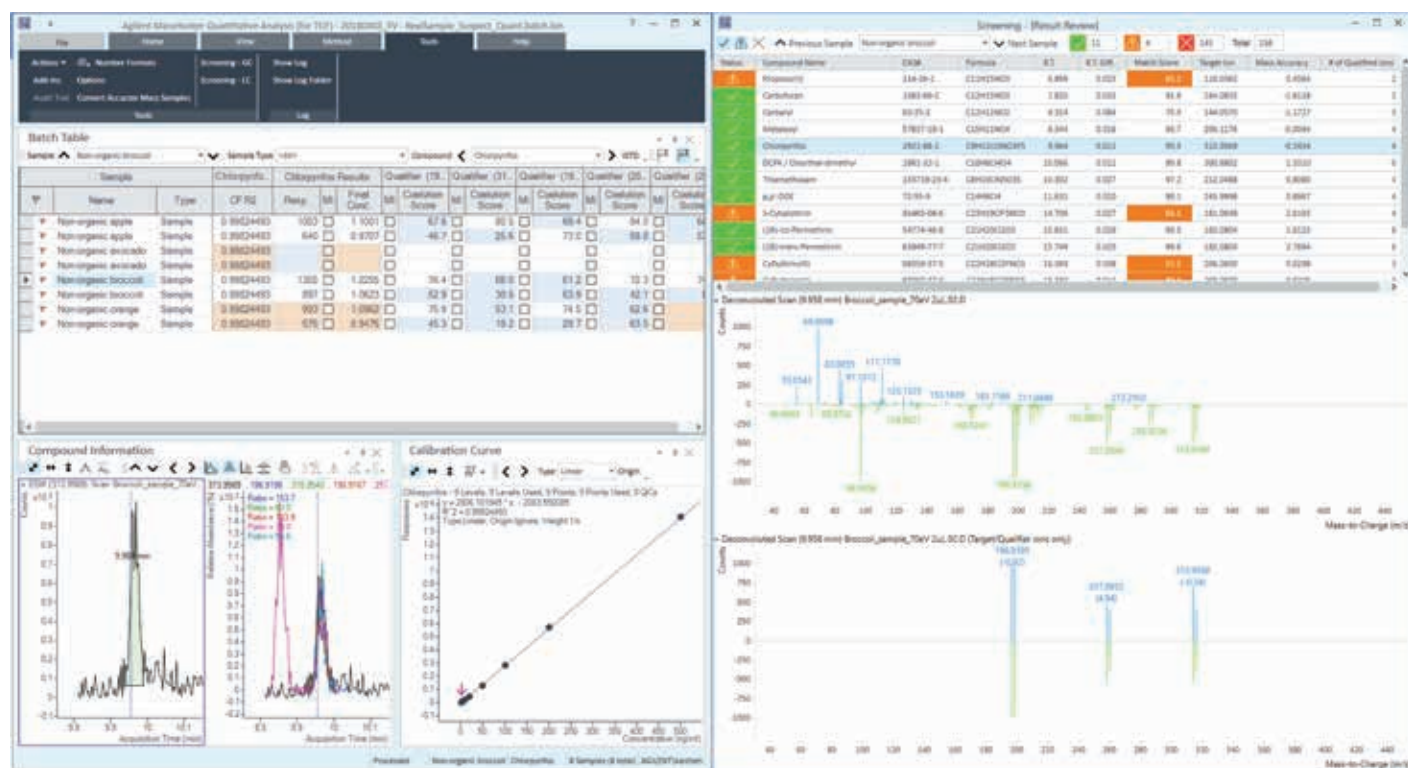
Точность количественного определения при 10 нг/мл. Для шести матриц разной сложности приводится быстрое сравнение с предельно допустимыми концентрациями (ПДК). Даже для сложных матриц, таких как авокадо и лосось, точность количественного определения соответствует Руководству EU SANTE/11813/2017 для более чем 97% пар «пестицид – продукт».

«С помощью квадрупольно-времяпролетной системы мы смогли подтверждать положительные результаты и исключать ложноположительные».

- **Петер Фюрст (Peter Furst), PhD**
Кафедра центральных аналитических услуг, Институт химических и ветеринарных аналитических исследований, Мюнстерланд-Эмшер-Липпе

Высокая производительность при низких трудозатратах

Один метод анализа позволяет легко проводить оценку больших партий проб в отношении сотен целевых и предполагаемых соединений. MassHunter осуществляет одновременное количественное измерение калибровочных соединений. Программа также дает возможность выполнять скрининг с поиском по библиотекам спектров с высоким разрешением на предмет предполагаемых соединений без калибровочного эталона.



Настройки Quant-My-Way в MassHunter позволяют отображать только необходимые сведения о рабочем процессе.

Теперь можно одновременно выполнять скрининг целевых и предполагаемых соединений с помощью одного инструмента анализа данных. Прибор Agilent 7250 в сочетании с персональной базой данных соединений квадрупольно-времяпролетного ГХ-МС и библиотекой пестицидов и экотоксикантов (PCDL) позволяет проводить количественный скрининг более 1000 целевых соединений. И для всего этого не требуется химических стандартов. Упрощенный рабочий процесс дает возможность настраивать любую библиотеку PCDL, чтобы расширить границы скрининга.

Новый уровень противостояния

Регулярно возникает множество вопросов, связанных с взаимодействием человека и окружающей среды. Революционные технологические улучшения в приборе Agilent 7250 призваны упростить и ускорить решение таких вопросов.

- Ретроспективная обработка позволяет многократно использовать в анализе результаты одного измерения: данные полного спектра можно анализировать в случае возникновения новых целевых веществ.
- Полный спектр высокого разрешения позволяет снимать спектр в широком диапазоне масс (до 3000 m/z) для поиска и идентификации аналогов.
- Низкоэнергетическая ионизация электронным ударом и химическая ионизация по возможностям опережают ионизацию при 70 эВ и при этом сохраняют высокую интенсивность сигнала благодаря применению высокоэффективных взаимозаменяемых источников. Конструкция этих источников оптимизирована для поддержания ионизации при различных уровнях энергии электронов, а также положительных и отрицательных полярностях аналита.

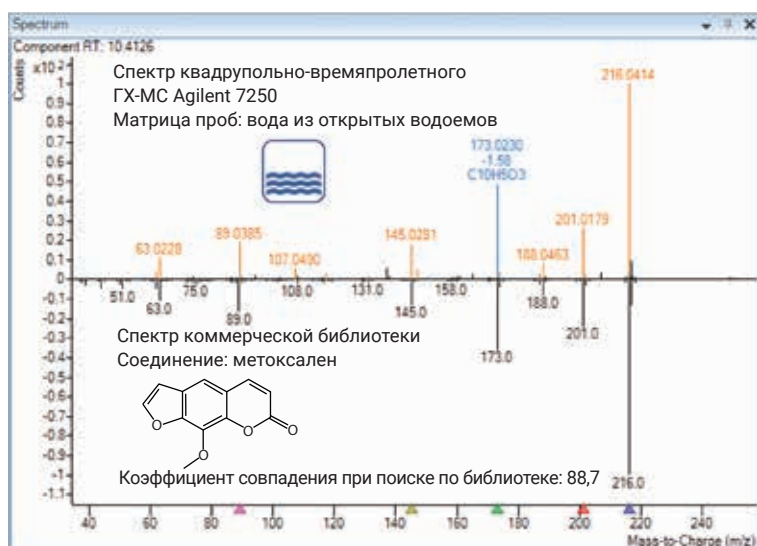
Достоверные результаты идентификации неизвестных соединений

Программное обеспечение для анализа неизвестных соединений MassHunter с системой обработки сигналов и поиска точных масс SureMass предлагает достоверность и качество результатов, недоступные для традиционных методик разделения пиков. Даже в присутствии мощного фонового сигнала второстепенные компоненты безошибочно выделяются и идентифицируются.

Высокоточное определение масс для предполагаемых формул фрагментов позволяет уверенно идентифицировать соединения даже при использовании библиотек МС со спектрами номинальных масс из квадрупольных систем МС.

Приведенные здесь данные демонстрируют обнаружение следовых количеств фармацевтического соединения в воде из открытых водоемов путем поиска совпадений по библиотеке NIST и сравнения точных масс.





Exact Mass

Source Ion (m/z)	Exact Mass (m/z)	Mass Delta (ppm)	Fragment Formula
63.0228	63.0229	-1.35	C5H3
89.0385	89.0386	-0.40	C7H5
107.0490	107.0491	-0.93	C7H7O
117.0339	117.0335	3.26	C8H5O
145.0281	145.0284	-1.77	C9H5O2
173.0230	173.0233	-1.58	C10H5O3
174.0265			
187.0386	187.0390	-2.22	C11H7O3
188.0463	188.0468	-2.90	C11H8O3
201.0179	201.0182	-1.61	C11H5O4
202.0212			
216.0414	216.0417	-1.48	C12H8O4

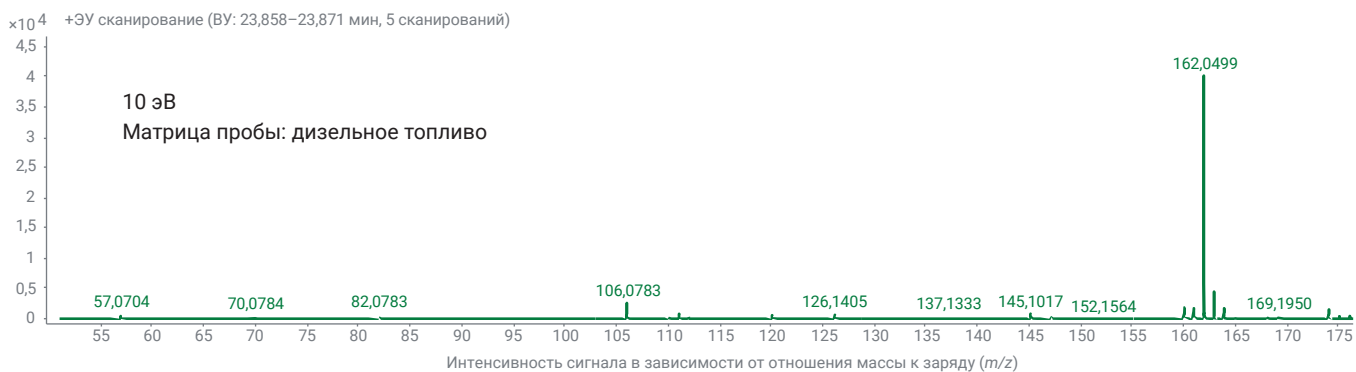
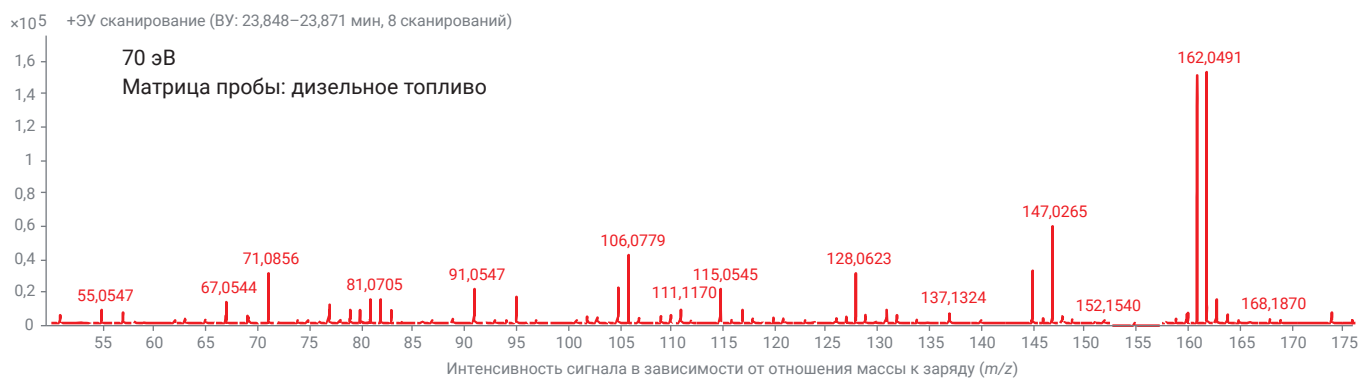
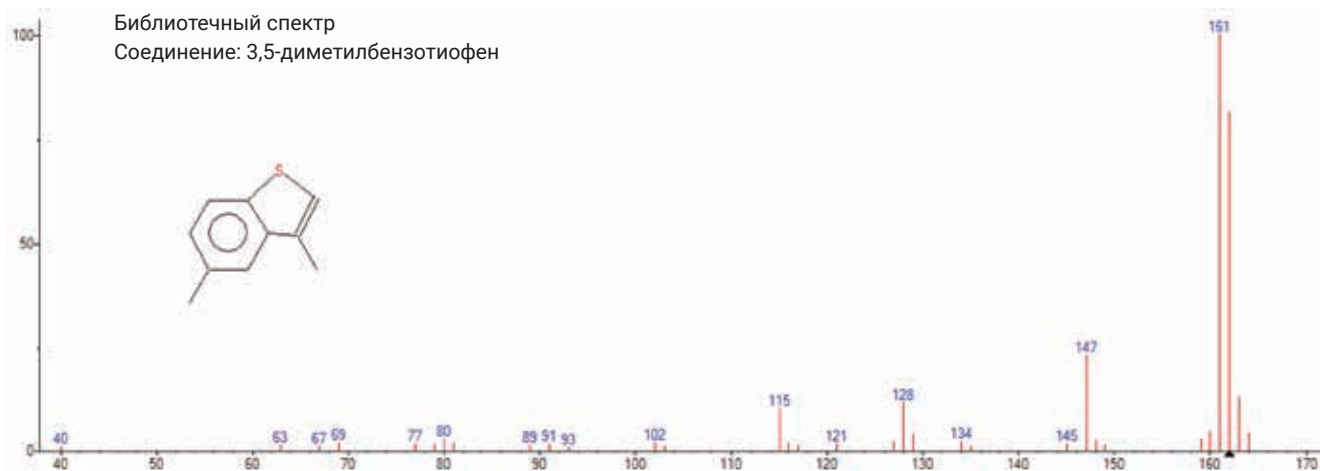
Представленные данные показывают определение следов дибромфенилового эфира в сложной смеси продуктов сгорания с коэффициентом совпадения более 95%.

Широкие аналитические возможности

Охарактеризовать сложную пробу бывает затруднительно. Для этого требуются знания, идеи и мощные аналитические возможности, которыми обладает квадрупольно-времяпролетный ГХ-МС Agilent 7250. Среди достоинств этого прибора можно отметить измерение точных масс с высоким разрешением, низкоэнергетическую ионизацию электронным ударом и химическую ионизацию, быстрый сбор спектральных данных с полной совместимостью ГХ x ГХ и высокочувствительные измерения МС-МС.

- Быстрая запись спектра позволяет характеризовать узкие хроматографические пики и сверхузкие пики двумерной хроматографии с частотой до 50 Гц и независимой от скорости разрешающей способностью.
- Упрощение спектра дает возможность определять молекулярные ионы для близких химических соединений при помощи мягкой ионизации ГХ-МС. Эти ионы можно подтвердить с помощью чувствительных измерений МС-МС.
- Применение точных спектров масс дочерних ионов с высоким разрешением и программы определения молекулярной структуры позволяет делать предположения о химическом строении.





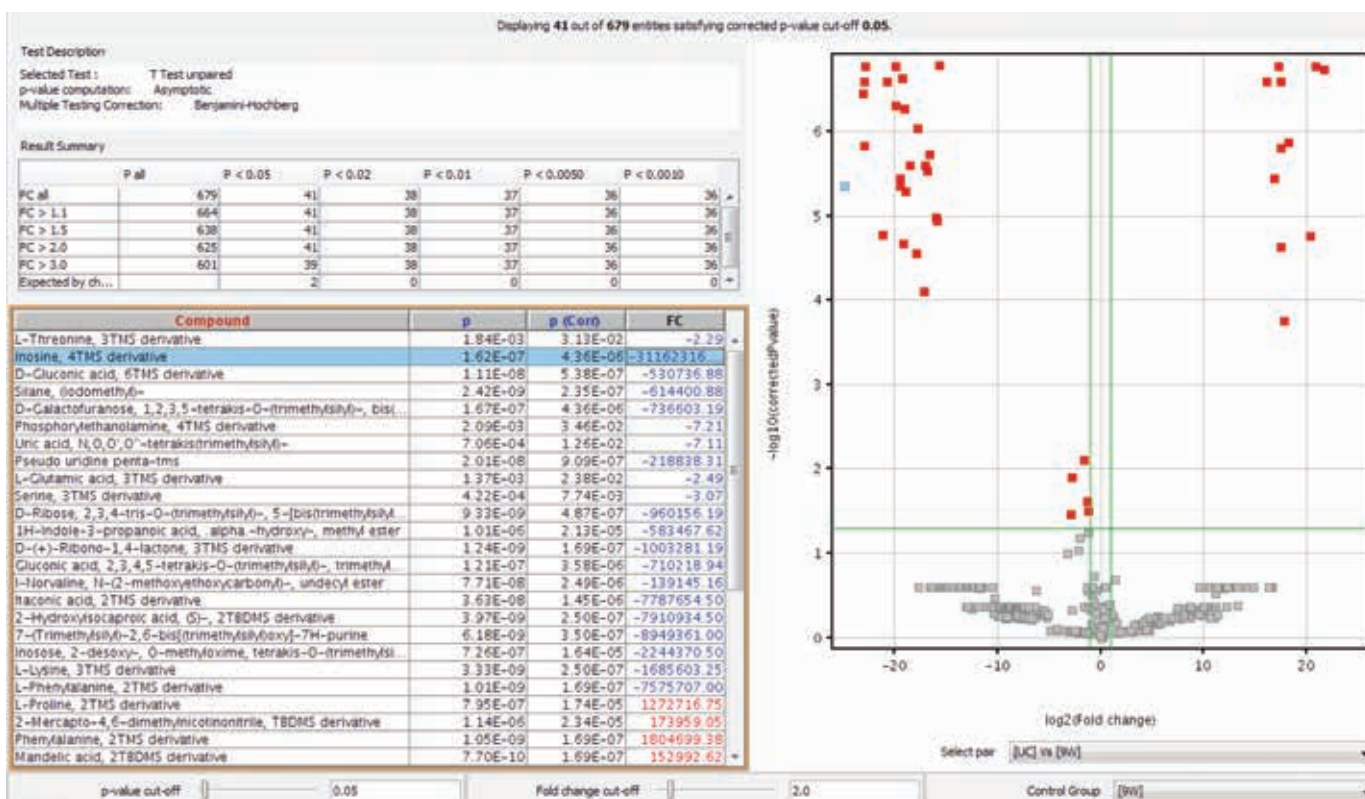
Революционная технология низкоэнергетической электронной ионизации Agilent 7250 уменьшает неоднозначность спектра. Низкоэнергетическая электронная ионизация на базе высокоэффективного источника, зарекомендовавшего себя на платформе ГХ-МСД 5977 HES и в трехквadrupольном ГХ-МС Agilent 7010, позволяет увеличить пик молекулярного иона, в значительной степени сохраняя аналитическую чувствительность. В данном примере показан обнаруженный в топливе 3,5-диметилбензотиофен. Низкоэнергетическая электронная ионизация значительно облегчает его идентификацию.

Занимайтесь тем, что действительно важно

Каждый день приносит открытия в области охраны здоровья людей. За этими открытиями стоят исследования, требующие кропотливого планирования и проведения экспериментов. Ускорьте свои исследования с помощью квадрупольно-времяпролетного ГХ-МС Agilent 7250, поддерживающего работу с данными полного спектра с высоким разрешением и оснащенного мощным программным обеспечением.

Программное обеспечение Mass Profiler Professional преобразует комплексные данные в понятные результаты

Анализ различий между группами проб позволяет сконцентрировать внимание на том, что является статистически важным для сравнительных исследований. В данном случае мы идентифицировали различия в метаболитах между 9-недельными образцами легочных тканей инфицированных туберкулезом и здоровых мышей. Для упрощения восприятия изменения отображены на вулканной диаграмме в кратных единицах.



Мощное программное обеспечение Mass Prolifer Professional упрощает сложный набор данных. Анализ различий между группами проб позволяет сконцентрировать внимание на том, что является статистически важным для сравнительных исследований. Представленные данные показывают выявленные различия в метаболитах между 9-недельными образцами легочных тканей здоровых и инфицированных туберкулезом мышей. Для упрощения восприятия изменения отображены на вулканной диаграмме в кратных единицах.

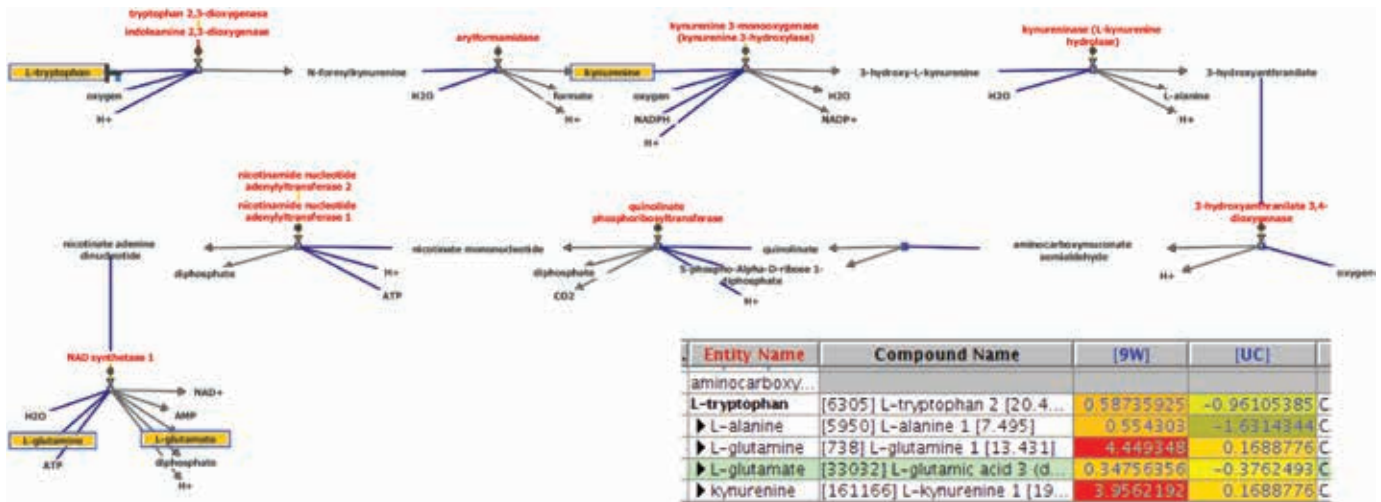
«Квадрупольно-времяпролетная спектрометрия высокого разрешения в сочетании с ПО Mass Profiler позволила нам изучать различные компоненты матрицы, коэлюирующиеся с определяемыми пестицидами».

— Кармен Феррер (Carmen Ferrer), PhD
Кафедра аналитики, Университет Альмерия

Рабочие процессы в метаболомике: совершенствование исследований биологических систем

Значительное преимущество в области метаболомических исследований дают аналитическая чувствительность в полном спектре и точность определения массы Agilent 7250, а также возможности МС-МС уточнять структуру неизвестных метаболитов. Расширенный динамический диапазон системы обеспечивает точный одновременный количественный анализ метаболитов, присутствующих в клетке.

Программный пакет Pathway Architect, поставляемый с Mass Profiler Professional, привносит биологический контекст в данные масс-спектров. Pathway Architect позволяет картировать данные одного или нескольких экспериментов в области «омик» на канонические биологические пути. Параллельно с этим можно анализировать, представлять и интерпретировать информацию о путях. Такой процесс, основанный на метаболитических каскадах, позволяет быстрее пройти путь от открытия до подтверждения. Также вы сможете эффективно спланировать и провести следующую серию экспериментов.



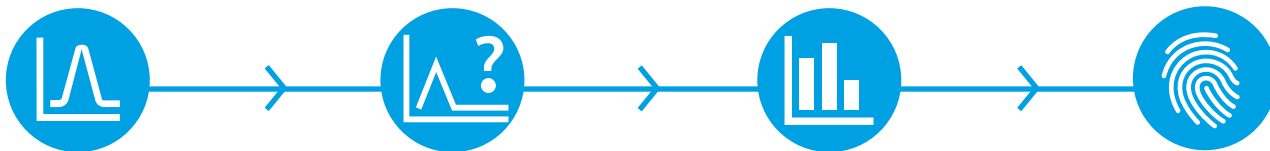
Ответы на все ваши вопросы

Совершенные инструменты сбора и обработки данных комплекса MassHunter помогут вам быстро и точно выделить всю доступную информацию об аналитах в ваших пробах. Они гарантируют непревзойденную производительность и экономию времени.

- Функционал поиска по фрагменту MassHunter дает возможность осуществлять целевой количественный скрининг с мгновенным получением результатов.
- Простое создание количественной методики основано на целях, найденных в процессе качественного анализа.
- Мощный многовариантный анализ уменьшает объем наборов данных для дифференциации значимых аналитов.

Это один из способов, которыми решения Agilent помогают вам на всем пути аналитического процесса, от пробоподготовки до создания отчетов.

Профилирование



ПО MassHunter Acquisition

- Знакомый и гибкий принцип работы.
- Оптимальная производительность для каждой пробы с системой автоматической настройки SWARM.

ПО MassHunter Unknowns Analysis

- Высококачественное детектирование и извлечение соединений на основе обработки сигналов SureMass.

ПО Mass Profiler Professional

- Многовариантный статистический анализ для хеометрии.
- Инструменты визуализации для быстрого и наглядного отображения результатов.

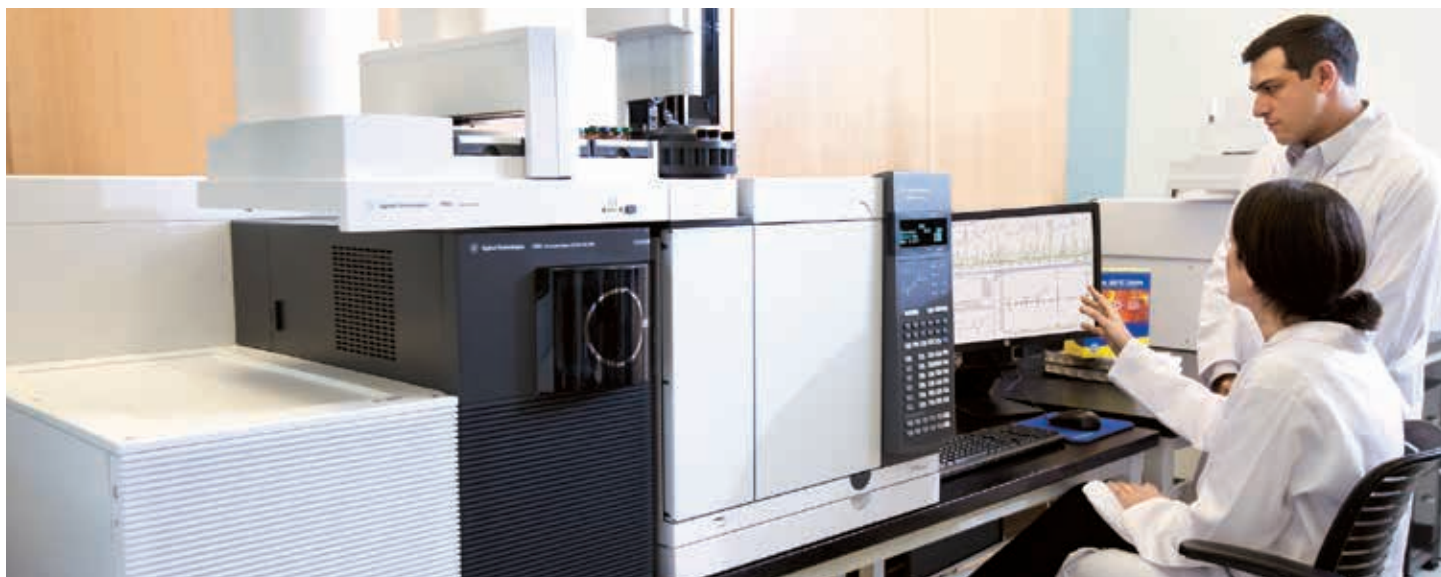
ПО ID Browser

- Комплексная идентификация целевых соединений.

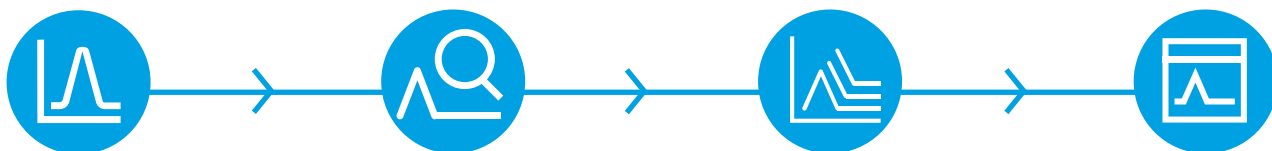


ПО Pathway Architect

- Осуществляет визуальное сопоставление с контекстом биологических путей из основных источников с помощью статистически значимых данных.



Скрининг

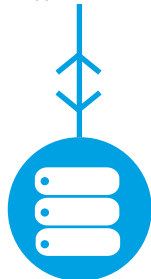


ПО MassHunter Acquisition

- Знакомый и гибкий принцип работы.
- Оптимальная производительность для каждой пробы с системой автоматической настройки SWARM.

ПО MassHunter Qualitative Analysis

- Целевой количественный скрининг с поиском по фрагменту и настраиваемыми библиотеками спектров для простой разработки методов.



Персональные базы данных и менеджер библиотеки соединений (PCDL)

- Специально подобранная библиотека HRAM, включающая более 1000 пестицидов и экотоксикантов.
- Легко редактировать и добавлять новые соединения.

ПО MassHunter Quantitative Analysis

- Импорт соединений из MassHunter Qualitative Analysis одним щелчком мыши.
- Точный качественный анализ и система обработки сигналов SureMass.
- Одновременный скрининг целевых и предполагаемых соединений посредством понятного, унифицированного рабочего процесса.

ПО MassHunter Reporting

- Настраиваемое решение для составления отчетов.

Открытия



ПО MassHunter Acquisition

- Знакомый и гибкий принцип работы.
- Оптимальная производительность для каждой пробы с системой автоматической настройки SWARM.
- Низкоэнергетическая ионизация электронным ударом и химическая ионизация для увеличения пика молекулярного иона.
- MS-MS спектры для расшифровки структуры.



ПО MassHunter Qualitative Analysis

- Высококачественное детектирование и извлечение соединений.



ПО MassHunter Molecular Structure Correlator

- Идентификация и уточнение структуры неизвестных соединений.
- Обширные онлайн-ресурсы, расширяющие возможности поиска.

Прогнозирование



ПО MassHunter Acquisition

- Знакомый и гибкий принцип работы.
- Оптимальная производительность для каждой пробы с системой автоматической настройки SWARM.



ПО MassHunter Unknowns Analysis

- Высококачественное детектирование и извлечение соединений на основе обработки сигналов SureMass.



ПО Mass Profiler Professional

- Многовариантный статистический анализ для хемометрии.
- Инструменты визуализации для быстрого и наглядного отображения результатов.



MassHunter Classifier

- Обучение и валидация моделей предсказания классов для упрощенной классификации в будущем.

От рутинных испытаний до инновационных исследований: компания Agilent помогает вам организовать анализ данных с помощью пакета мощных программных инструментов, дающих ответы на ключевые вопросы аналитического процесса.



Программа CrossLab от Agilent объединяет в себе услуги, расходные материалы и управление ресурсами в масштабе лаборатории и помогает оптимизировать работу, увеличить эффективность и время безотказной работы приборов, развить навыки пользователей. Наша лидирующая в отрасли сервисная поддержка помогает вашим приборам работать с максимальной производительностью и предлагает обновление технологий, консультации по вариантам применения, ремонт, профилактическое обслуживание, проверку соответствия и обучение.

В рамках программы Agilent CrossLab компания Agilent предлагает поддержку оборудования Agilent и приборов некоторых других производителей, предоставляет консультативное сопровождение по внедрению новых схем работы, аналитическим методикам, соответствию стандартам, управлению ресурсами и активами, включая услуги передислокации.

Узнайте подробнее о программе Agilent CrossLab и познакомьтесь с примерами того, как она помогла достичь отличных результатов, на странице www.agilent.com/crosslab.

Узнать подробнее:

www.agilent.com/chem/gcms-qtof

Региональные центры по работе с клиентами Agilent в вашей стране:

www.agilent.com/chem/contactus

Россия

+7 495 664 73 00

+7 800 500 92 27

customer-care_russia@agilent.com

Европа

info_agilent@agilent.com

Азиатско-Тихоокеанский регион

inquiry_lsca@agilent.com

Только для исследовательских целей. Не для использования в диагностических процедурах.

Информация в этом документе может быть изменена без уведомления.

© Agilent Technologies, Inc., 2019
Напечатано в США 20 июня 2019 г.
5991-8109RU

