

식별, 정량, 간소화 그림의 전체를 봅니다

Agilent 7250 GC/Q-TOF 시스템



더 많은 것을 달성할 준비가 되었습니까?

시료에 어느 수준으로 무엇이 있는지 발견하는 것은 귀사가 신뢰하는 결론과 해결책을 마련하는 데 도움이 됩니다.

일체형 Agilent 7250 GC/Q-TOF 시스템과 포괄적인 Agilent MassHunter 소프트웨어는 GC/MS 워크플로 전반에 대한 신뢰성을 보장합니다. 가장 까다로운 GC/MS 식별, 정량 및 탐구 과제를 위한 최고의 기기입니다:

- 복잡한 대사체학 연구 수행
- 까다로운 매질의 농약 스크리닝
- 허브 추출물의 화합물 식별
- 화학 공급 원료의 오염물질 농도 시험

필요한 실제 성능을 위해 설계되고, 강력한 실험실을 위해 구축된 7250은 귀사가 필요로 하는 것, 즉 일관된 우수한 결과를 제공합니다.



일반 스크리닝 워크플로와 일생일대의 발견을 위한 최고의 확신

7250의 이점

- 고감도 검출
- 정확한 정량
- 탐구 능력
- 단순한 스펙트럼
- 재현 가능한 데이터

다음과 같은 근심거리를 줄입니다

- 미래 규제에 대한 우려
- 불확실한 결과
- 미지성분 정성분석
- 데이터 해석 시간
- 불확실성의 반복

진화하는 분석 과제는 새로운 분석법과 새로운 접근법을 요구합니다.

40년 이상, 애질런트는 혁신으로 다양한 연구소에서 더욱 상세한 분석 요구를 충족할 수 있도록 노력해 왔습니다.

7250은 애질런트의 최첨단 GC/Q-TOF입니다. 이 시스템은 거의 모든 유형의 분자 또는 원소를 분석할 수 있으며, 분석 스펙트럼 전반에서 뛰어난 성능을 제공하도록 설계되었습니다.

더 확실한 식별을 원하십니까?

“애질런트 기기는 신뢰성, 정확성과 사용 편의성의 세 가지 이유로 우리 실험실에서 애용되고 있습니다.”

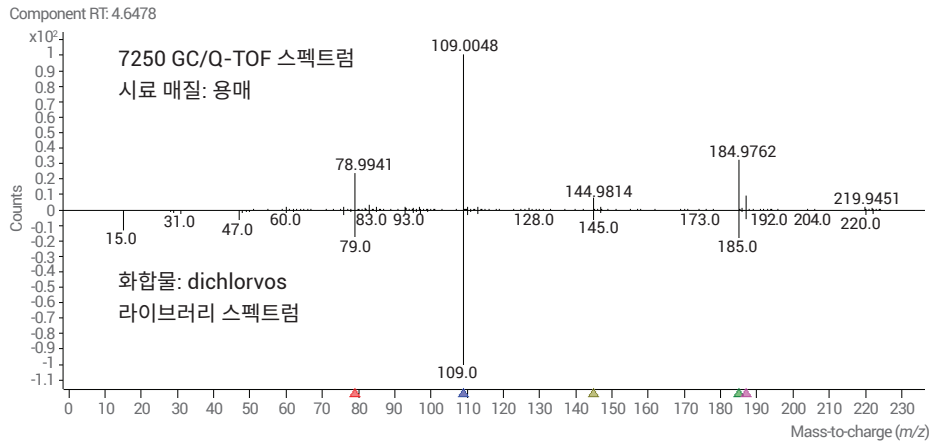
- **Mike Thurman, PhD**
Center for Environmental Mass Spectrometry, University of Colorado

그림의 전체를 보지 못한다면 연구, 개발 및 품질 관리에 심각한 영향을 미칠 수 있습니다. 7250과 MassHunter 소프트웨어의 분석력은 독보적인 화합물 식별 능력을 제공합니다.

- **화합물 확인.** 왜곡되지 않은 라이브러리 품질 스펙트럼으로 상용 라이브러리에 대한 확실한 화합물 식별이 가능합니다.
- **화학적 확인.** 동위원소 비율 측정 정확도의 분자식 지정에 높은 확실성을 줍니다.
- **극미량 분석물질 검출.** 많은 동시 용리에도 광범위한 스펙트럼 내 측정 범위를 보장합니다.
- **구조 해석.** 고분해능과 accurate mass 생성 이온 스펙트럼을 이용한 MS/MS 측정은 구조 정보를 제공하고 선택성을 높이며 매트릭스 간섭을 제거할 수 있습니다.

스펙트럼 매칭율과 질량 정확도: dichlorvos 분석

이제, 상용 라이브러리에 대한 스펙트럼 검색으로 화합물을 쉽게 식별할 수 있습니다. 7250은 수십만 종의 화합물 라이브러리 스펙트럼의 품질을 지원하며, 이중 대부분은 애질런트 사중극자 GC/MS 시스템에 의해 생성되었습니다. True-to-library 조각화 패턴과 함께 전체 스펙트럼 수집을 지원하는 7250은 GC/MS 식별을 위한 이상적인 플랫폼입니다.



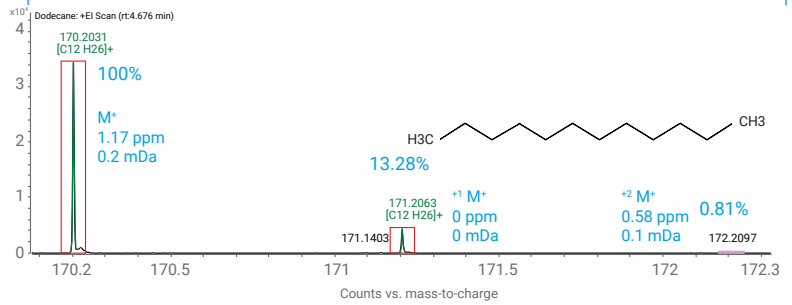
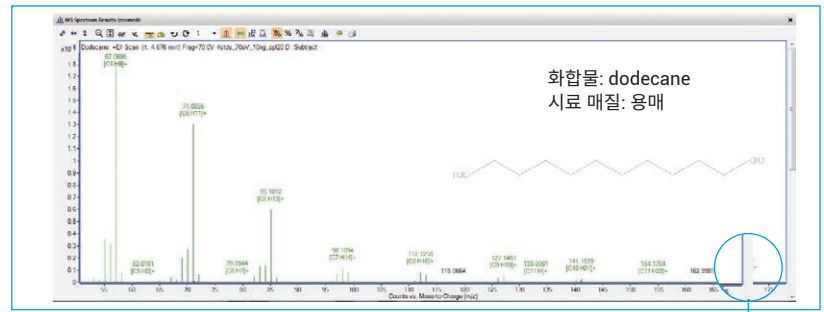
애질런트 가치 약속

애질런트는 구입일로부터 최소 10년간 기기 사용을 보증하며 또는, 업그레이드된 모델에 대한 시스템의 잔존 가치를 보장합니다.

동위원소 비율 측정 정확도: dodecane 분석

확실한 화합물 식별은 우수한 질량 정확도 이상을 요구합니다. 또한, 동위원소 패턴 매칭과 같은 독립적인 화합물의 특성도 고려해야 합니다.

MassHunter 정성 분석으로 동위원소 비율 측정 정확도를 쉽게 그려낼 수 있습니다. 이는 accurate mass 측정을 보완하는 화합물 식별을 가능하게 합니다. 작은 M⁺ 피크 클러스터의 dodecane 스펙트럼에서 볼 수 있듯이, 7250은 극미량 동위원소에서 뛰어난 동위원소 비율 측정 정확도를 나타냅니다.

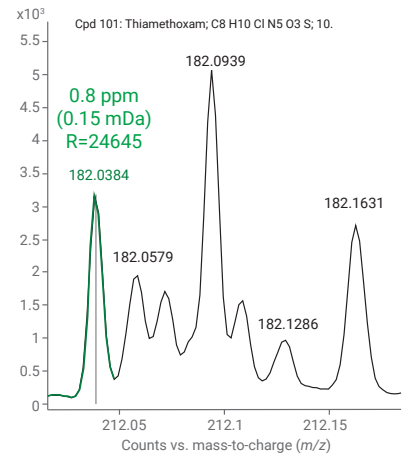
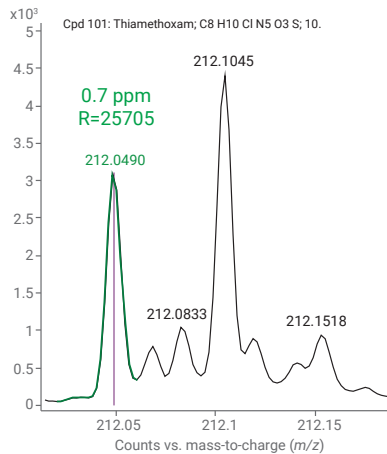


고분해능 및 질량 정확도: thiamethoxam 분석

고분해능은 간섭에서 분석물질을 분리하는 데 필수입니다. 이 성능은 복잡한 매트릭스 및 극미량 분석물질과 같은 까다로운 조건에서 사용할 수 있어야 합니다.

이와 같은 시나리오의 예시는 다음과 같습니다: 매우 큰 백그라운드 수준과 복잡한 매트릭스를 가진 아보카도의 농약, Thiamethoxam 5ppb 분석. 이러한 조건에서도 특징적인 질량 피크는 SANTE/11945/2015 지침을 준수하는 질량 정확도로 백그라운드에서 분리됩니다.

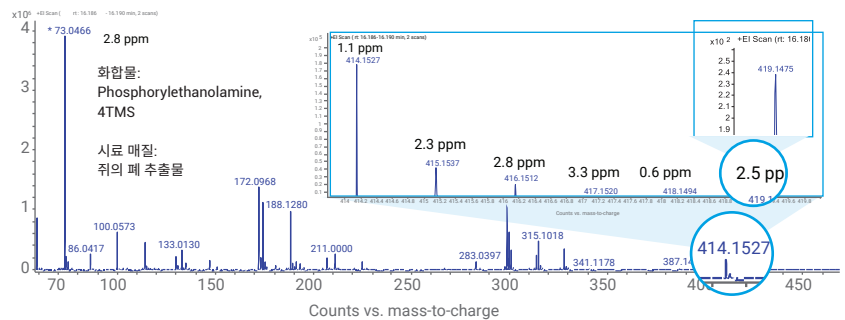
또한, 이 수준의 스펙트럼 성능을 수집 속도 또는 질량 범위와 관계없이 달성하였습니다.



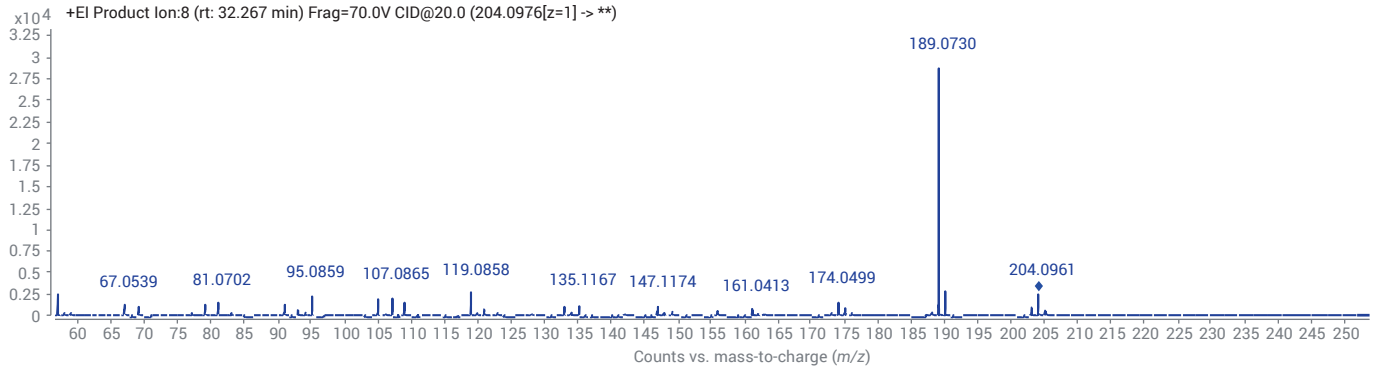
광범위한 측정 범위: phosphorylethanolamine 분석

넓은 스펙트럼 내 측정 범위로 높은 백그라운드 또는 기타 동시 용리물질이 존재하는 경우에서도 극미량 분석물질을 확실하게 검출할 수 있습니다.

7250은 일반적으로 매우 무거운 매트릭스에서도 10⁴의 스펙트럼 내 측정 범위를 제공합니다. 이 사례는 복잡한 생물학적 시료인 쥐의 폐 추출물에서 Phosphorylethanolamine(4TMS)에 대한 16,000+:1의 범위를 나타냅니다.



화학 구조 해석과 보다 자세한 정보 확인



추정 분자 이온으로 생성한 MS/MS 생성 이온 스펙트럼을 이용하는, 강력한 Molecular Structure Correlator 소프트웨어로 조각 데이터에 기초하여 가능한 화합물 구조를 제안할 수 있습니다.

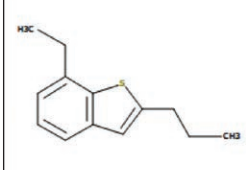
C13H16S: 521985

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	2	96.5
119.0859	2749.10	6.7	4	89.0
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

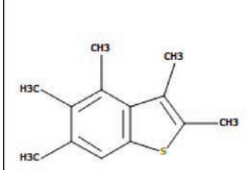
C13H16S: 163486

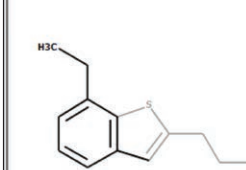
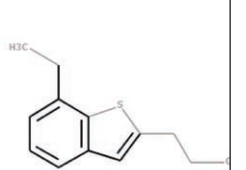
Scores: 2
MFG=100.0 MSC=85.0 Overall=85.0

ChemSpider: [163486](#)

More Info...

Fragment Choose




C13H16S: 9184236

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

ChemSpider: [9184236](#)

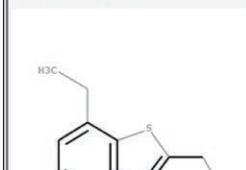
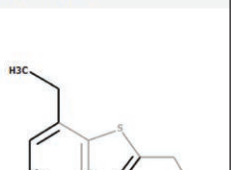
More Info...

Fragment Choose



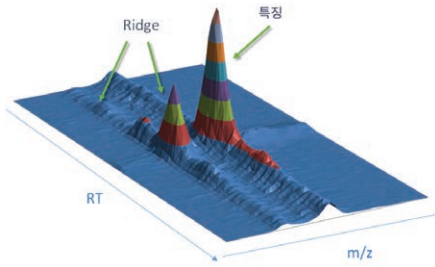
Penalty=14.0 dM=2.7ppm F.D.S.=99.6 C9H12-H Score=83.0

Penalty=14.5 dM=2.7ppm F.D.S.=99.6 C9H14-3H Score=45.6

미지의 조성 또는 구조를 가진 화합물의 추정 범위를 좁히기 위한 정보를 얻을 수 있습니다.

더 우수한 정량 결과를 찾으십니까?



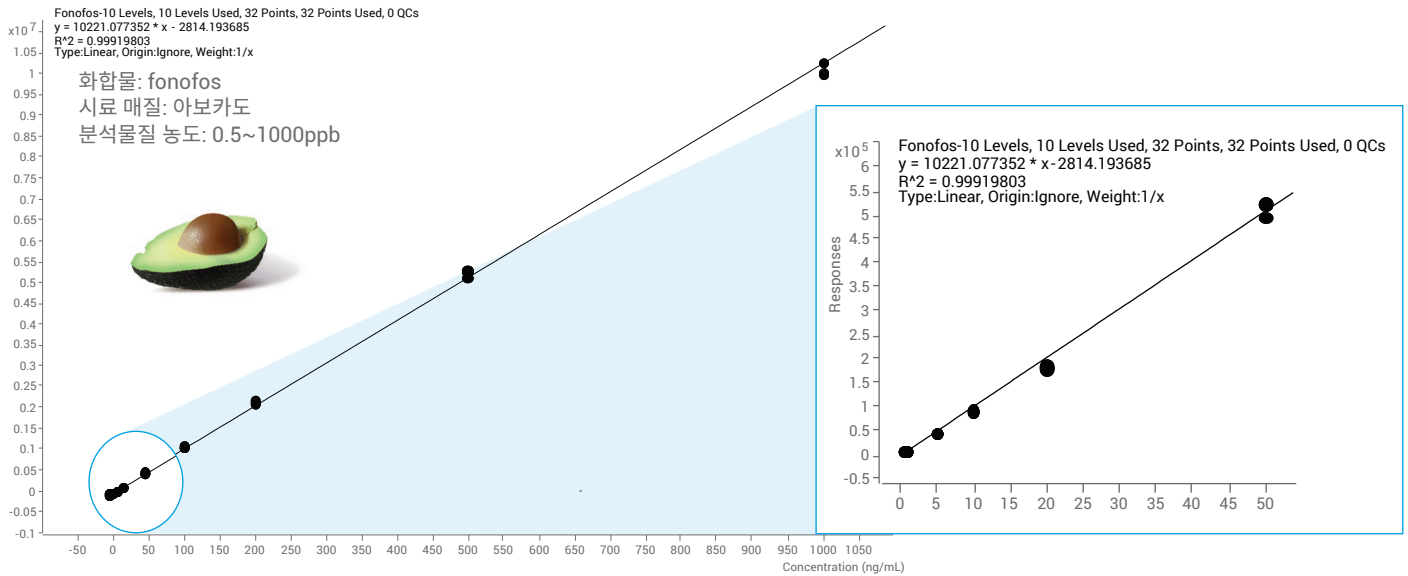
화학적 특성 검출을 위한 Agilent MassHunter SureMass 알고리즘은 고분해능 MS 프로파일 데이터를 위해 특별히 고안되었습니다.

표적 정량과 비표적 수집의 결합은 강력합니다. Agilent 7250 GC/Q-TOF 시스템은 우수한 크로마토그래피 성능, 높은 질량 분해능 및 광범위한 측정 범위로 탁월한 정량 정확도를 제공합니다.

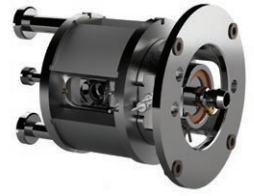
- **고분해능으로 선형 측정 범위 확장.** 질량 분리 및 검출을 위한 첨단 전자 장치를 사용함으로써 정량 측정의 광범위한 직선성을 지원합니다.
- **실제 시료의 정밀한 분석.** 다량의 매트릭스에서의 극미량 분석물질에도 일관된 반응 계수 달성.
- **빠른 정량.** 고분해능 스펙트럼과 빠른 수집 속도는 좁은 동시 용리 GC 피크에 대한 정확한 deconvolution을 용이하게 합니다.
- **성분 특성 검출 및 추출.** 고유한 신호 처리 알고리즘인 MassHunter SureMass는 질량 정확도와 신호 강도를 최적화합니다.

정확한 정량: fonofos 분석

광범위한 선형 측정 범위는 다양한 농도에서 정량 정확도를 제공합니다. 반응 계수는 아보카도 매트릭스에서 fonofos 0.5~1,000ng/mL의 분리로 볼 수 있듯이, 복잡한 시료의 저농도에서도 유지됩니다.



분석 간소화를 원하십니까?



세계 유일의 고분해능 GC/Q-TOF인 7250은 이전에는 불가능하거나 비효율적이었던 워크플로를 가능하게 합니다. 이 시스템은 전자 이온화의 범용성을 유지하면서, 특별한 기술에 의존하지 않고 단순한 스펙트럼을 생성할 수 있습니다.

7250의 전자 이온화원은 Agilent 5977B GC/MSD 및 7010B GC/TQ 시스템에서 검증된 고효율 이온화원(HES)을 기반으로 합니다. 그것은 저 에너지 운용에 최적화되었으나, 여전히 기존 70eV이온화를 수행합니다. 또한, GC/MS 소프트 이온화 패러다임의 전환을 위한 HES 설계 변경은 저 에너지 전자 이온화의 분석 감도를 증폭시킵니다.

7250의 변경 가능한 화학 이온화원과 소프트 이온화원 옵션의 결합은 가장 까다로운 분석을 간소화합니다.

- **확실한 식별.** 고감도 MS/MS 시험을 위한 분자 이온의 보존 또는 강화(응용에 따름)
- **분석 역량 확장.** 기타 소프트 이온화 기법의 일반적인 분석 감도 손실을 방지하면서 다양한 분석물질의 이온화
- **효율성 향상.** 세계적인 GC/MS 리더의 검증된 이온화원 기술 성능 활용

저 에너지 전자 이온화는 범용 이온화와 확실한 검출을 위해 적용 가능한 분석 감도를 제공합니다.

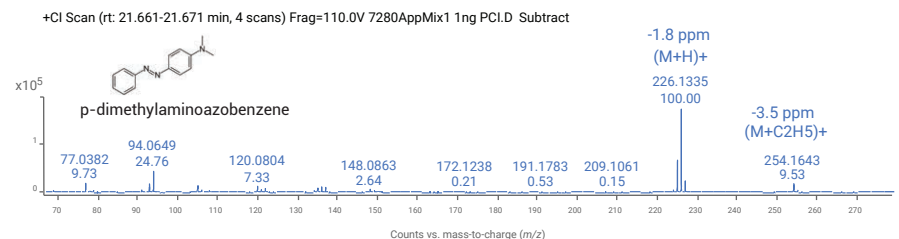
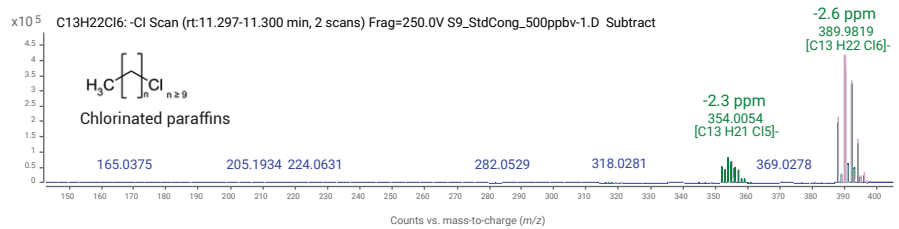
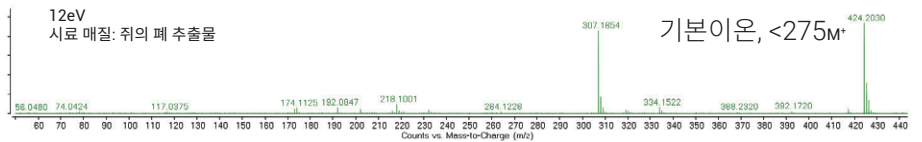
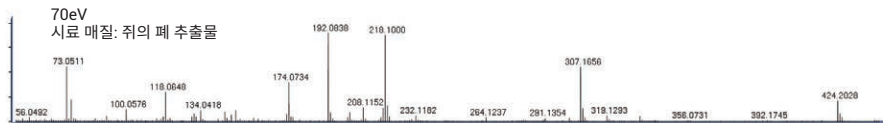
변경 가능한 화학 이온화원으로 기존 GC/MS 소프트 이온화에 쉽게 액세스할 수 있습니다.

까다로운 매질의 소프트 이온화: kynurenine 분석

복잡한 매질의 대사체(및 비슷한 구조의 기타 화합물 종류) 식별은 매우 어려울 수 있습니다. 이 대사체학 시험에서는, 쥐의 폐 추출물에서 kynurenine을 검출하였습니다.

이온화원 이온화 에너지를 낮추면 분자 이온에 대한 스펙트럼 기울기가 발생합니다. 여기서, 분자 이온의 상대 및 절대량은 모두 17eV 증가하여 MS/MS 실험에 최적화되었습니다.

보다 더 낮은 이온화 에너지에서도, 제안된 분자 이온은 성분 스펙트럼의 기본 이온이 되어 식별에 대한 추가적인 확신을 제공합니다.



소비자 보호와 신용 유지

식품 생산자와 소비자는 불량 식품 및 허위 표시로 인한 위험에 직면해 있습니다.

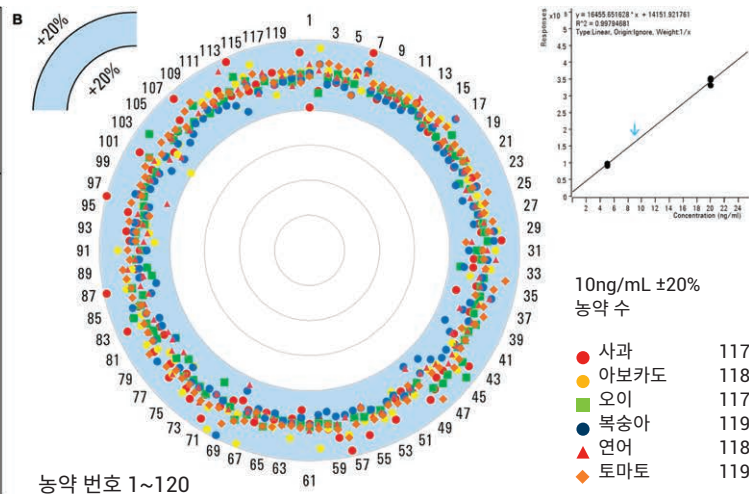
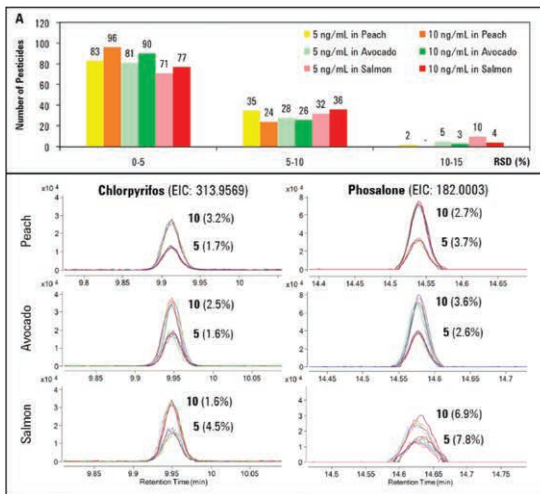
또한, 국제 무역, 엄격한 규제 및 대중 인식의 증가는 보다 자주, 더 상세한 식품 검사의 필요성을 촉진하고 있습니다.

7250은 표적, 추정 및 미지 화합물 스크리닝을 최적화하는 단일 플랫폼으로서 이러한 과제 해결에 도움이 됩니다.

- 애질런트의 맞춤형 고분해능 농약 및 환경 오염물질 스펙트럼 라이브러리는 관심 화합물 1,000종 이상에 대한 정성 스크리닝을 지원합니다.
- 애질런트의 포괄적인 스크리닝 워크플로는 표적 정량과 고분해능 라이브러리 매칭을 동시에 수행하여 추정 분석물질을 식별합니다.
- SureMass 신호 처리는 광범위한 선형 측정 범위에 걸쳐 표적물질을 정량하고 상용 라이브러리로 미지물질의 식별을 지원합니다.

매질에 의한 어려움

비표적 수집 및 고분해능 스펙트럼 라이브러리는 식품 매질의 농약에 대한 포괄적인 스크리닝을 지원합니다.



아보카도와 연어를 포함한 세 개의 서로 다른 식품 매질에 농약 120종을 스파이크하였습니다. 5ng/mL과 10ng/mL 스파이크 농도에 대한 재현성(RSD %) 값은 우수한 분석 성능을 나타냅니다. 검출한 특성 이온 반복 시험의 두가지 예시 또한 명시하였습니다.

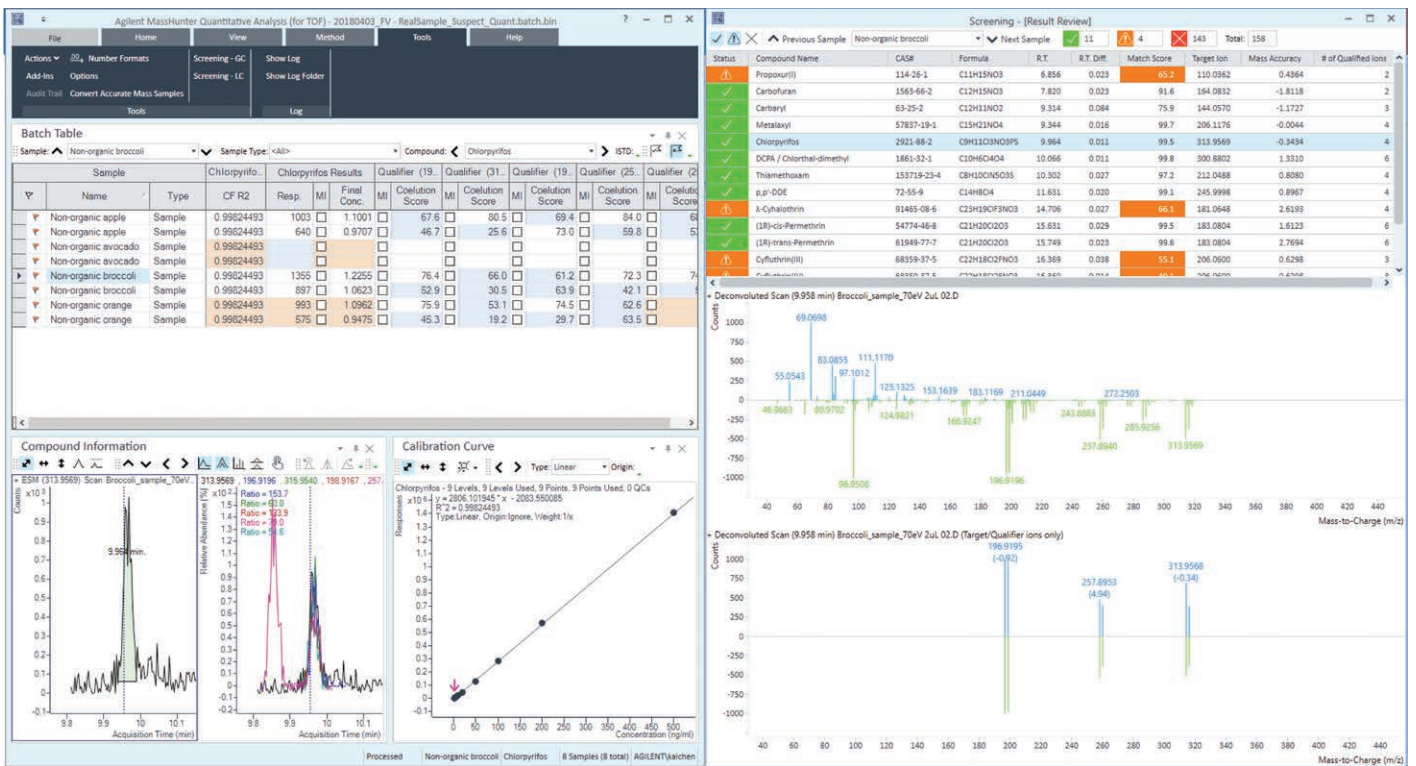
10ng/mL 정량 정확도. 다양한 복잡성의 6가지 식품 매질에 대한 잔류허용기준(MRL)과의 빠른 비교입니다. 아보카도, 연어와 같은 복잡한 매질에서도 정량 정확도는 시험한 농약/식품 쌍의 97% 이상에서 SANTE/11813/2017 가이드라인을 충족하였습니다.

"GC/MS Q-TOF 시스템으로 양성 결과를 확인할 수 있는 동시에, 위양성 결과를 피할 수 있었습니다."

- Peter Furst, PhD
Department of Central Analytical Services, Chemical and Veterinary Analytical Institute, Munsterland-Emscher-Lippe

적은 노력으로 높은 처리량 달성

단일 분석법으로 수백 종의 표적 및 추정 화합물에 대한 대규모 시료 배치를 쉽게 평가할 수 있습니다. MassHunter는 검량 화합물에 대한 동시 정량 측정을 제공합니다. 또한, 검량 표준 없이 추정 화합물에 대한 고분해능 스펙트럼 라이브러리를 스크리닝할 수 있습니다.



MassHunter는 워크플로에 대한 원하는 상세 내역만을 표시하는 Quant-My-Way 맞춤형 옵션을 포함합니다.

이제, 하나의 데이터 분석 도구로 표적 및 추정 화합물의 동시 스크리닝을 수행할 수 있습니다. 7250은 GC/Q-TOF 개인 화합물 데이터베이스 및 라이브러리(PCDL)와 결합하여 관심 화합물 1,000종 이상에 대한 정성 스크리닝을 지원합니다. 이 모든 작업에 화학 표준물질은 필요하지 않습니다. 간소화된 워크플로로 모든 PCDL을 맞춤화하여 스크리닝 범위를 확장할 수 있습니다.

다음 단계로 나아가기

매일, 인류가 환경에 미치는 영향 그리고 환경이 우리에게 미치는 영향에 대한 새로운 의문이 제기됩니다. 7250의 혁신적인 기술 향상은 쉽고 효율적으로 유의미한 답변을 제공할 수 있도록 고안되었습니다.

- 소급 처리로 한번에 측정할 수도 있고 미래의 신종 표적에 대한 정보를 얻을 수 있는 전체 스펙트럼 데이터로 반복 분석할 수도 있습니다.
- 전체 스펙트럼 고분해능은 동족체 검출 및 종 분리를 위해 광범위한 질량 범위(최대 3,000 m/z)에서 스펙트럼을 생성합니다.
- 저 에너지 전자 이온화와 화학적 이온화는 70eV E_i를 초월하는 동시에 고효율의 변경 가능한 이온화원 설계로 신호 강도를 유지합니다. 이 디자인은 양성 및 음성인 분석물질의 극성과 다양한 전기 에너지에서의 이온화를 지원하도록 최적화되었습니다.

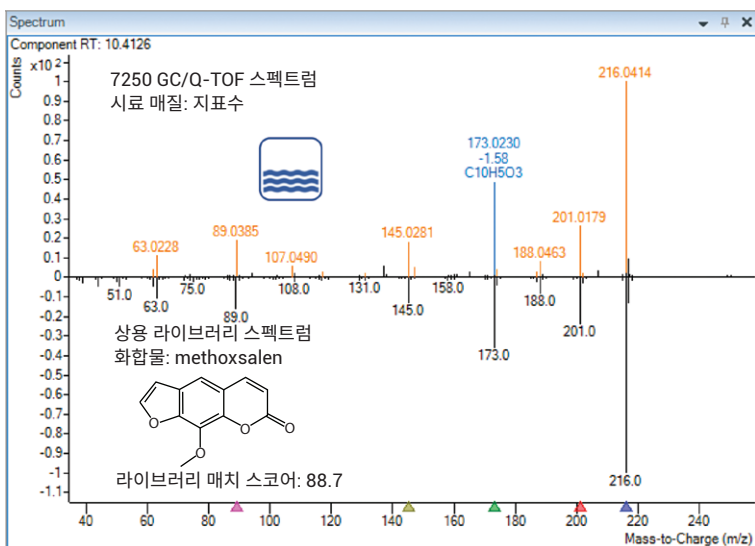
미지물질 식별의 확산

SureMass 신호 처리와 exact-mass 검색을 이용하는 MassHunter Unknowns Analysis 소프트웨어는 기존의 deconvolution 기법을 뛰어넘는 정보와 정확도를 제공합니다. 매우 큰 백그라운드 신호에서도 미량 성분을 확실하게 추출하고 식별합니다.

사중극자 MS 시스템의 공칭 질량 스펙트럼과 MS 라이브러리를 이용할 때에도 제안한 조각 화학식에 대한 Exact-mass 정확도로 화합물을 확실하게 식별할 수 있습니다.

본 데이터는 NIST 라이브러리 매치와 exact-mass 비교를 이용한 지표수의 극미량 의약품 화합물 측정을 보여줍니다.





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

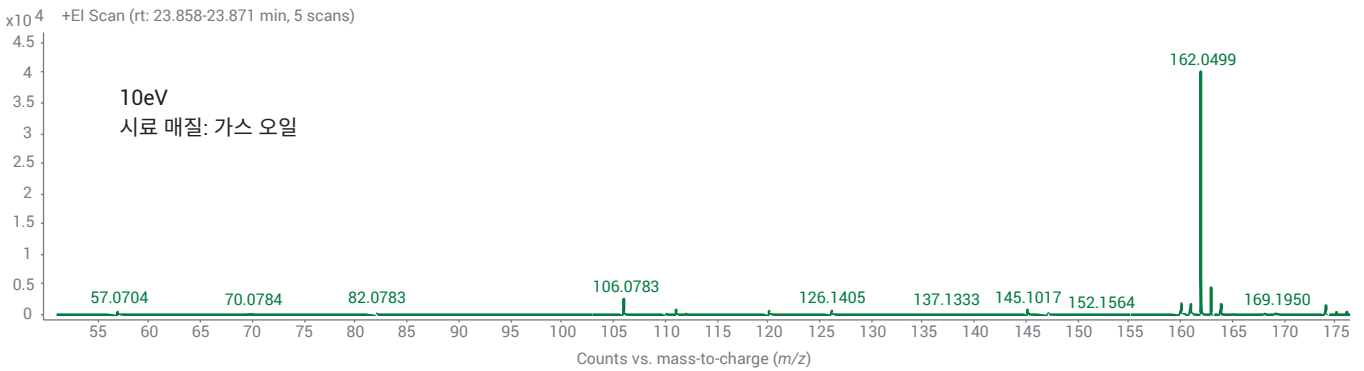
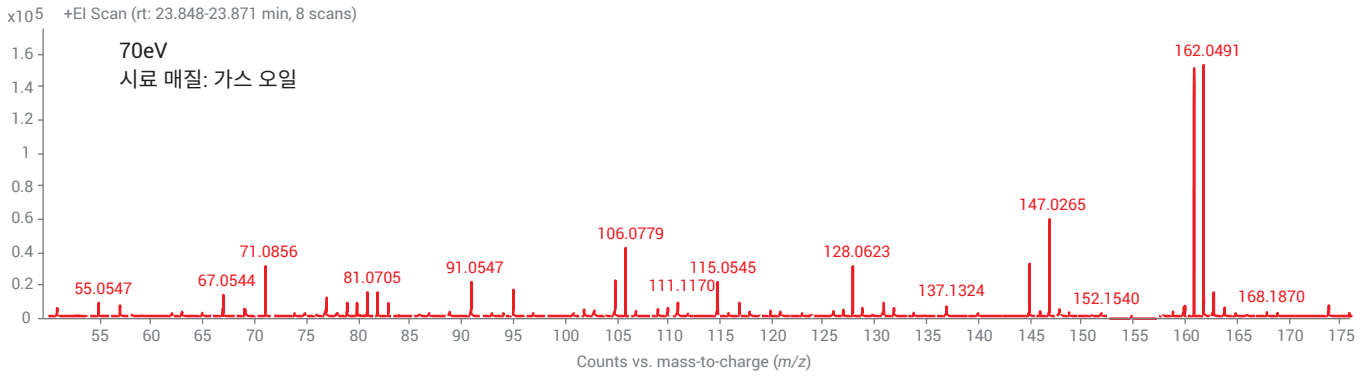
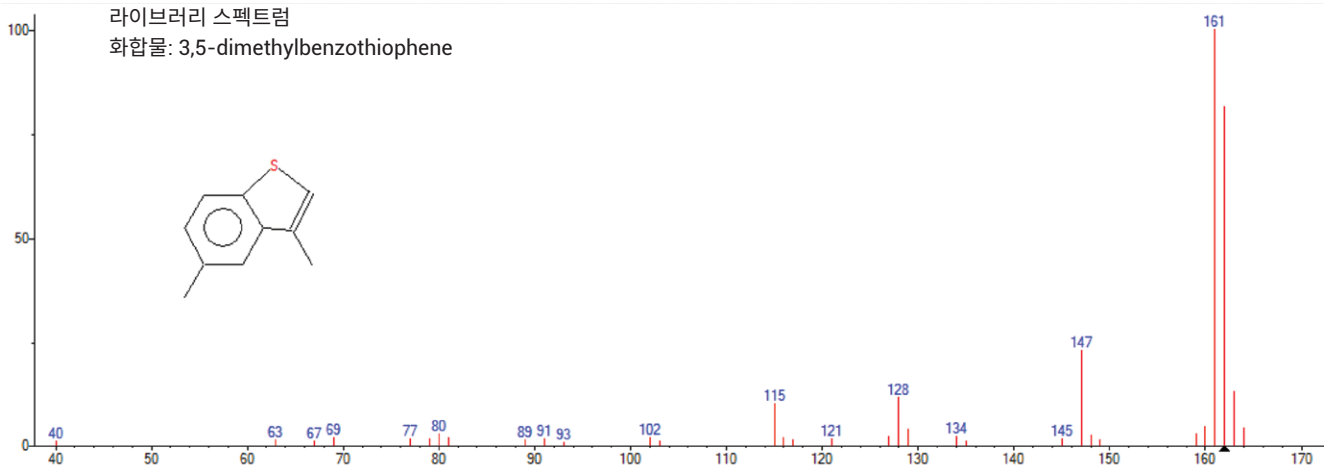
이 데이터는 복잡한 연소 부산물에서 매치 스코어가 95 이상인 dibromophenyl ether의 극미량 검출 결과입니다.

강력한 분석 성능

복잡한 시료의 성분 식별은 쉬운 일이 아닙니다. 여기에는 지식, 정보, 그리고 Agilent 7250 GC/Q-TOF 시스템의 강력한 분석 성능이 필요합니다. 고분해능 accurate mass 측정, 저 에너지 전자 및 화학 이온화 옵션, 포괄적인 GCxGC 호환을 위한 빠른 스펙트럼 수집 및 고감도 MS/MS 측정 기능.

- 빠른 수집 속도는 최대 50Hz의 데이터 속도 및 속도와 무관한 분해능으로 좁은 크로마토그래피 피크 또는 매우 좁은 2D GC 피크의 특성을 파악합니다.
- 스펙트럼 단순화는 소프트 GC/MS 이온화 옵션으로 유사한 화학 종에 대한 분자 이온 추정을 가능하게 합니다. 고감도 MS/MS 측정으로 이 이온을 확인할 수 있습니다.
- 고분해능 accurate mass 생성 이온 스펙트럼과 결합한 강력한 Molecular Structure Correlator 소프트웨어로 화학적 구조에 대한 정보를 얻을 수 있습니다.





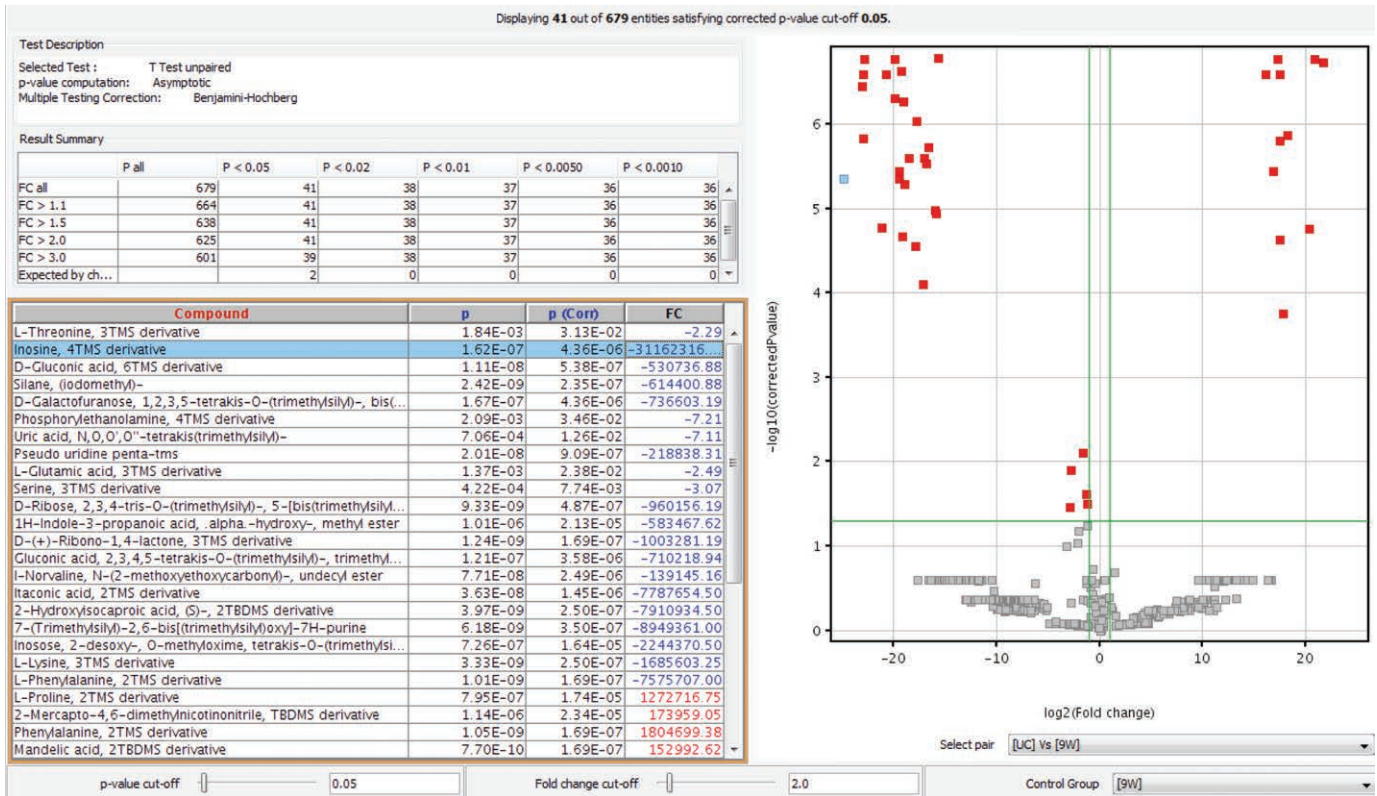
7250의 혁신적인 저 에너지 전자 이온화로 스펙트럼 불확실성이 감소하였습니다. Agilent 5977 HES GC/MSD 및 7010 GC/TQ 플랫폼의 고효율 이온화원에 기반한 저 에너지 전자 이온화원은 화합물 분석 감도를 유지하면서 분자 이온에 대한 스펙트럼 기울기를 지원합니다. 저 에너지 전자 이온화의 사용으로 식별 가능한 가스 오일의 3,5-dimethylbenzothiophene 검출 사례입니다.

주요 사항에 집중

매일, 인류 건강과 보호에 대한 새로운 진보가 이뤄지고 있습니다. 이러한 진보를 이끄는 연구에는 힘겨운 실험 설계와 실행이 필요합니다. 전체 스펙트럼, 고분해능 데이터와 강력한 소프트웨어를 갖춘 Agilent 7250 GC/Q-TOF 시스템으로 연구에 정진하십시오.

Mass Profiler Professional 소프트웨어는 복잡한 데이터를 명확한 결과로 변환합니다

시료 그룹 간의 차이 분석은 비교 연구 수행에서 통계적으로 중요한 것에 초점을 맞춥니다. 여기서는 결핵에 감염된 쥐의 폐조직과 감염되지 않은 조직 간의 대사체 차이를 9주 짜에 식별하였습니다. 진행은 쉬운 시각화를 위해 volcano plot의 Fold Change 분석으로 도식화하였습니다.



강력한 Mass Profiler Professional 소프트웨어는 복잡한 데이터를 단순한 결과로 보여줍니다. 시료 그룹 간의 차이 분석은 비교 연구 수행에서 통계적으로 중요한 것에 초점을 맞춥니다. 이 데이터는 결핵에 감염되지 않은 쥐의 폐조직 표본과 감염된 표본 간의 9주 짜의 대사체 차이를 보여줍니다. 진행은 쉬운 시각화를 위해 volcano plot의 Fold Change 분석으로 도식화하였습니다.

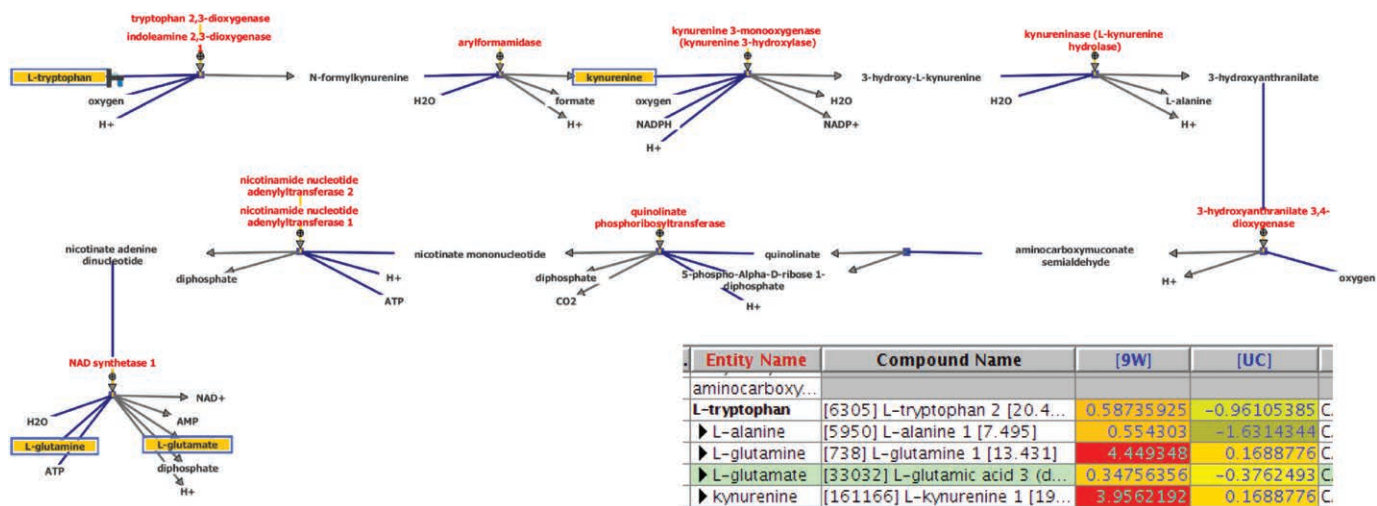
"고분해능 Q-TOF MS와 결합한 Mass Profiler 소프트웨어로 관심 농약과 함께 용리하는 다양한 매트릭스 성분을 연구할 수 있게 되었습니다."

- Carmen Ferrer, PhD
Analytical Department, University of Almeria

대사체학 워크플로: 시스템 생물학 연구의 진보

7250의 전체 스펙트럼 분석 감도 및 질량 정확도 뿐만 아니라, 미지 대사체의 구조 해석을 위한 MS/MS 기능으로 복잡한 대사체학 연구에 큰 이점을 얻게 되었습니다. 시스템의 확장된 측정 범위는 세포에 존재하는 대사체의 정확한 동시 정량을 가능하게 합니다.

Mass Profiler Professional의 Pathway Architect는 질량 스펙트럼 데이터에 생물학적 정보를 부여합니다. Pathway Architect는 단일 또는 다중 "omics" 시험 결과를 제공하며, 이는 일반적인 생물학적 경로에 매핑할 수 있습니다. 경로 정보를 동시에 분석, 시각화 및 해석할 수 있습니다. 이 경로 중심의 워크플로로 발견과 정보에서 검증에 이르는 경로를 가속화합니다. 또한, 다음 단계로의 일련의 시험을 효율적으로 계획하고 실행할 수 있도록 합니다.



원하는 답을 찾으십시오

MassHunter 제품군의 고급 데이터 마이닝 및 처리 도구로 시료의 분석물질에서 이용 가능한 정보를 신속하고 정확하게 추출할 수 있습니다. 시간을 절약하는 기능으로 전례 없는 생산성을 경험할 수 있습니다.

- MassHunter의 Find-by-Fragment 기능으로 한눈에 결과를 볼 수 있는 표적 정성 스크리닝을 할 수 있습니다.
- 간단한 정량 분석법 생성은 정성 표적 검출에 기초합니다.
- 강력한 다변량 분석으로 데이터 세트를 줄여 관련 분석물질을 구별합니다.

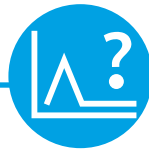
애질런트가 시료 전처리에서 보고에 이르기까지 전체 분석 워크플로를 지원하는 또 하나의 방법일 뿐입니다.

프로파일



MassHunter Acquisition 소프트웨어

- 익숙하고 유연한 운용
- 모든 시료에서 최적의 성능을 위한 SWARM Autotune



MassHunter Unknowns Analysis 소프트웨어

- SureMass 신호 처리 기반, 고품질 화합물 검출 및 추출



Mass Profiler Professional 소프트웨어

- 계량분석화학을 위한 다변량 통계 분석
- 빠르고 명확한 결과 보고서를 위한 시각화 도구



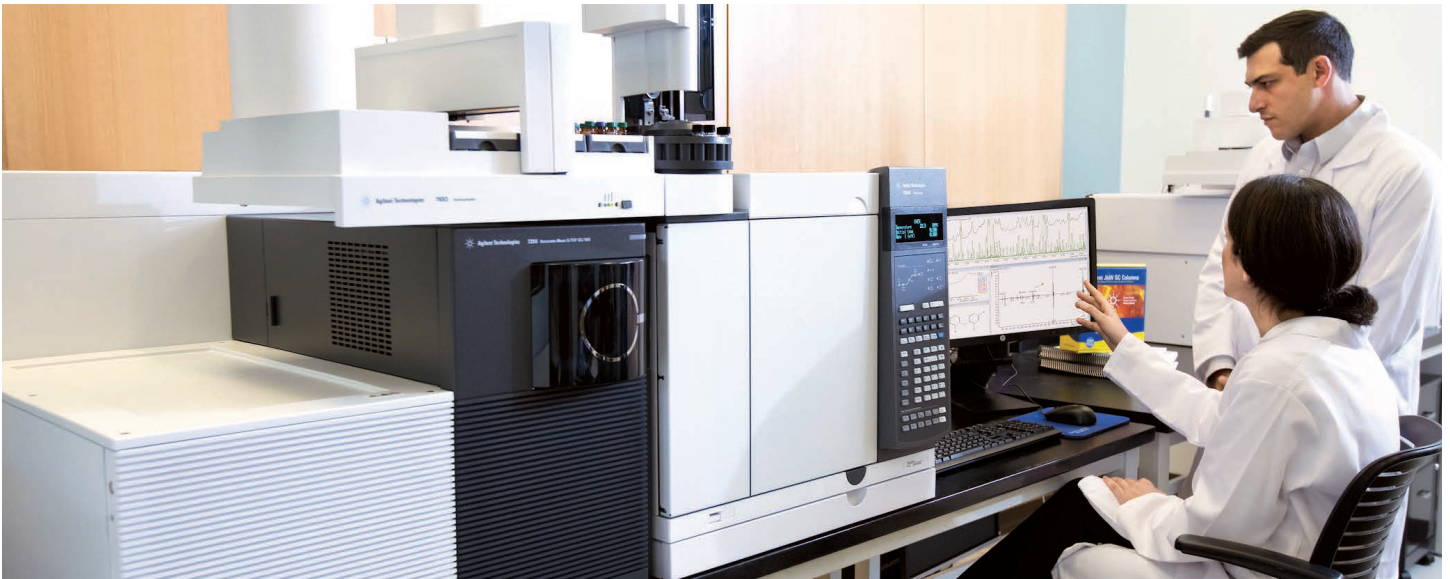
ID Browser 소프트웨어

- 관심 성분에 대한 통합적인 화합물 식별



Pathway Architect 소프트웨어

- 관련된 통계 데이터로 주요 소스의 생물학적 경로를 시각적으로 정보화



스크리닝



MassHunter Acquisition 소프트웨어

- 익숙하고 유연한 운용
- 모든 시료에서 최적의 성능을 위한 SWARM Autotune



MassHunter Qualitative Analysis 소프트웨어

- 쉬운 분석법 개발을 위한 Find-by-Fragment와 사용자 정의 스펙트럼 라이브러리로 표적 정성 스크리닝



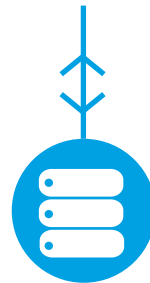
MassHunter Quantitative Analysis 소프트웨어

- MassHunter 정성 분석에서 클릭 한 번으로 화합물 가져오기
- 정확한 정량 및 SureMass 신호 처리
- 직관적인 통합 워크플로로 표적 및 추정 성분의 동시 스크리닝



MassHunter Reporting 소프트웨어

- 실험실 요구에 맞는 맞춤형 보고 솔루션



개인 화합물 데이터베이스 및 라이브러리(PCDL) 매니저

- 1000종 이상, 농약 및 환경 오염물질에 대한 선별된 HRAM 데이터베이스
- 간편한 주석 및 화합물 추가

발견



MassHunter Acquisition 소프트웨어

- 익숙하고 유연한 운용
- 모든 시료에서 최적의 성능을 위한 SWARM Autotune
- 분자 이온 강화를 위한 저 에너지 전자 및 화학 이온화
- 구조 정보를 위한 MS/MS 스펙트럼



MassHunter Qualitative Analysis 소프트웨어

- 고품질 화합물 검출 및 추출



MassHunter Molecular Structure Correlator 소프트웨어

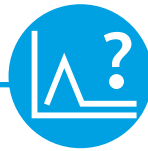
- 미지 물질 식별 및 구조 해석
- 더 자세한 내용은 풍부한 온라인 자료를 참조하십시오

예측



MassHunter Acquisition 소프트웨어

- 익숙하고 유연한 운용
- 모든 시료에서 최적의 성능을 위한 Swarm Autotune



MassHunter Unknowns Analysis 소프트웨어

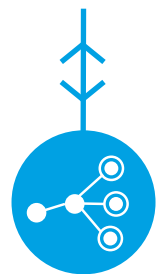
- SureMass 신호 처리 기반, 고품질 화합물 검출 및 추출



Mass Profiler Professional 소프트웨어

- 계량분석화학을 위한 다변량 통계 분석
- 빠르고 명확한 결과 보고를 위한 시각화 도구

애질런트는 일반 시험에서 최첨단 연구에 이르기까지, 분석 성공에 필요한 해답을 제공하는 강력한 소프트웨어 도구 제품군과 데이터 분석 워크플로를 지원합니다.



MassHunter Classifier

- 미래의 분류 간소화를 위한 클래스 예측 모델의 교육 및 검증



CrossLab은 실험실 효율 향상, 운용 최적화, 기기 가동 시간 증가, 사용자 기술 개발 등을 위한 서비스, 소모품 및 실험실 전체 자원 관리를 통합하는 애질런트의 기능입니다. 업계 최고의 애질런트 서비스는 최고 성능의 기기 작동을 유지하며, 기술 업데이트, 응용 컨설팅, 수리, 예방점검 서비스, 규제 준수 검증 및 교육을 포함합니다.

Agilent CrossLab은 애질런트 및 타사 기기를 지원하며 이전(relocation) 서비스를 포함한 워크플로 활성화, 실험실 분석, 규제 준수, 재고 관리 및 자산 관리에 대한 자문 지원을 제공합니다.

Agilent CrossLab에 대해 더 자세히 알아보고, 실제 우수한 성과를 거둔 사례를 살펴보세요.

www.agilent.com/crosslab

추가 정보:

www.agilent.com/chem/gcms-qtof

국가별 애질런트 고객센터 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

연구 용도로만 사용하십시오. 진단 용도로는 사용하지 않습니다.

이 정보는 사전 고지 없이 변경될 수 있습니다.

© Agilent Technologies, Inc. 2019
2019년 6월 20일, 한국에서 발행
5991-8109KO

서울시 용산구 한남대로 98, 일신빌딩 4층 우)04418
한국애질런트테크놀로지스(주) 생명과학/화학분석 사업부
고객지원센터 080-004-5090 www.agilent.co.kr

