

SCREENING DE COMPOSTOS

The Measure of Confidence

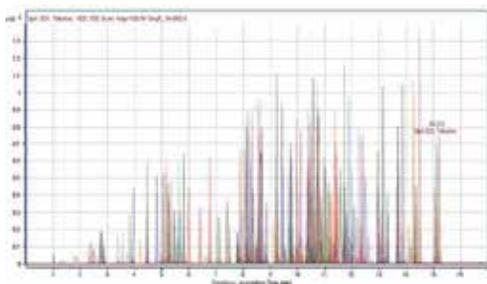


GC/Q-TOF Agilent 7200 Series

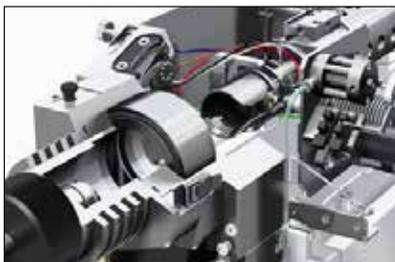
Um dos maiores desafios em análise de amostras é a detecção de um grande número de compostos-alvo em matrizes complexas, muitos deles em baixos níveis.

Para este tipo de aplicação, as seguintes características são essenciais:

- Aquisição espectral completa de massa exata de alta resolução
- Baixos níveis de detecção
- Desenvolvimento do método de aquisição simplificado
- Análise qualitativa facilmente automatizada
- Processamento em lote para compostos-alvo



A matriz tem um grande impacto sobre a análise



Fonte de íons removível

Uma forma poderosa de rastrear centenas de compostos em matrizes complexas

Software MassHunter de análise de dados

- Usa o algoritmo "encontrar por fórmula" para procurar compostos com ou sem tempo de retenção
- As bibliotecas espectrais de massa exata EI podem ser utilizadas para o screening de massa exata Dados de GC/Q-TOF EI
- Os dados completos de espectros oferecem informações que permitem a análise retrospectiva, sem precisar executar novamente suas amostras, de modo que você pode procurar uma biblioteca diferente ou compostos específicos de interesse
- Os dados completos de espectros de massa exata de alta resolução permitem a identificação de picos inesperados ou compostos desconhecidos
- Quantificação intuitiva usando a análise quantitativa MassHunter

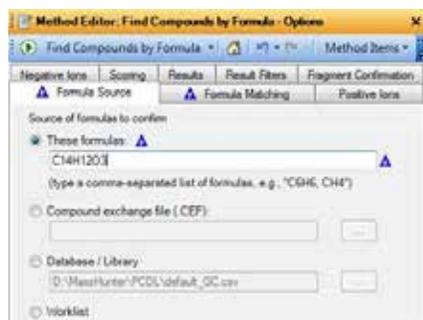
Para mais informações, acesse:
agilent.com/chem/gcms_qtof



Agilent Technologies

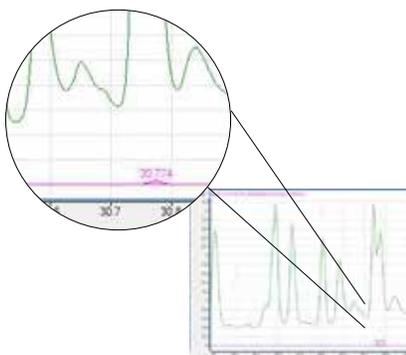
Fluxo de trabalho de screening

Em amostras complexas, é um desafio encontrar componentes em baixos níveis. O screening para centenas desses compostos pode ser facilmente conseguido com a capacidade de massa exata de alta resolução do GC/Q-TOF.



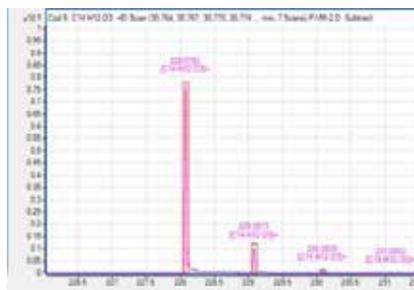
Encontra composto por fórmula

Use fórmula molecular ou massa para buscar no cromatograma por um único composto - ou use a biblioteca para pesquisar múltiplos compostos. O tempo de retenção pode ser usado para aumentar a confiança. O travamento do tempo de retenção é uma característica padrão do GC Agilent 7890.



Janela de extração de fragmento

Com o GC/Q-TOF de alta resolução, você pode gerar facilmente cromatogramas de íons extraídos (EIC) para isolar o composto de interesse. Os dados de alta resolução facilitam a identificação de alvos em níveis de traço em uma matriz complexa.



Padrão de isótopo compatível

O software de análise qualitativa MassHunter inclui a ferramenta gerador de fórmula molecular que atribuirá fórmulas empíricas para os picos de massa com uma sobreposição do padrão de isótopo teórico (abundância e espaçamento).

O screening de centenas de compostos pode ser alcançado usando o GC/Q-TOF Agilent 7200 Series juntamente com o GC Agilent 7890B e o pacote de software MassHunter

Informações adicionais:

GC/Q-TOF Agilent 7200 Series: resolve suas aplicações mais desafiadoras (material em inglês) (5991-4806EN)

Para mais informações, acesse:

www.agilent.com/chem/gcms_qtof

Os produtos Agilent são exclusivos para pesquisas. Não devem ser usados em procedimentos de diagnóstico. As informações, descrições e especificações nesta publicação estão sujeitas a mudanças sem aviso prévio.

© Agilent Technologies, Inc. 2014
Publicado no Reino Unido, 2 de dezembro de 2014
5991-5427PTBR

