

Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS
Von der Probe zur Antwort



Agilent Technologies

Von der Probe zur Antwort

Ob Sie nun Arzneimittel oder Umweltproben, Proteine oder synthetische Peptide analysieren, das Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS verfügt über hervorragende analytische Leistungsfähigkeit, umfangreiche Applikations-Software und ist leicht zu handhaben - Kriterien, mit denen Sie für jede Probe das richtige Ergebnis - die richtige Antwort - bekommen.

Höchste Leistungsfähigkeit ...

Das Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS verfügt über eine hervorragende analytische Leistungsfähigkeit. Dazu zählen:

- Hohe Zuverlässigkeit dank einer Massengenauigkeit von 2 ppm
- Auflösung komplexer Proben bei gleichzeitiger Unterscheidung zwischen analytisch relevanten Substanzen und Interferenzen
- Durch großen dynamischen Bereich gleichzeitige Identifizierung von Substanzen mit sowohl hoher als auch geringer Konzentration
- Identifizierung nicht aufgelöster Substanzen auch in schmalen Peaks dank ultraschneller Datenakquisition
- Detektion niedrig konzentrierter Substanzen durch hervorragende Empfindlichkeit
- Erfassung weiterer Informationen zu unbekanntem Substanzen durch den Polaritätswechsel von Spektrum zu Spektrum, insbesondere in Verbindung mit der Multimode Quelle

... ganz einfach

Die Massengenauigkeit und die hohe analytische Leistungsfähigkeit des 6210 TOF sind überragend. Gleichzeitig ist die Bedienung erstaunlich einfach. Das automatische Tuning und die vollautomatische Dosierung eines internen Massen-Referenzstandards gewährleisten maximale Leistung bei minimalem Arbeitsaufwand. Die applikations-spezifische Software optimiert die Ergebnisse und verbessert die Produktivität bei Applikationen sowohl mit großen als auch mit kleinen Molekülen. Die Software zur Erleichterung des Walk-up-Betriebs und zur Datenüberprüfung durch Fernzugriff vereinfacht die Bedienung noch weiter.

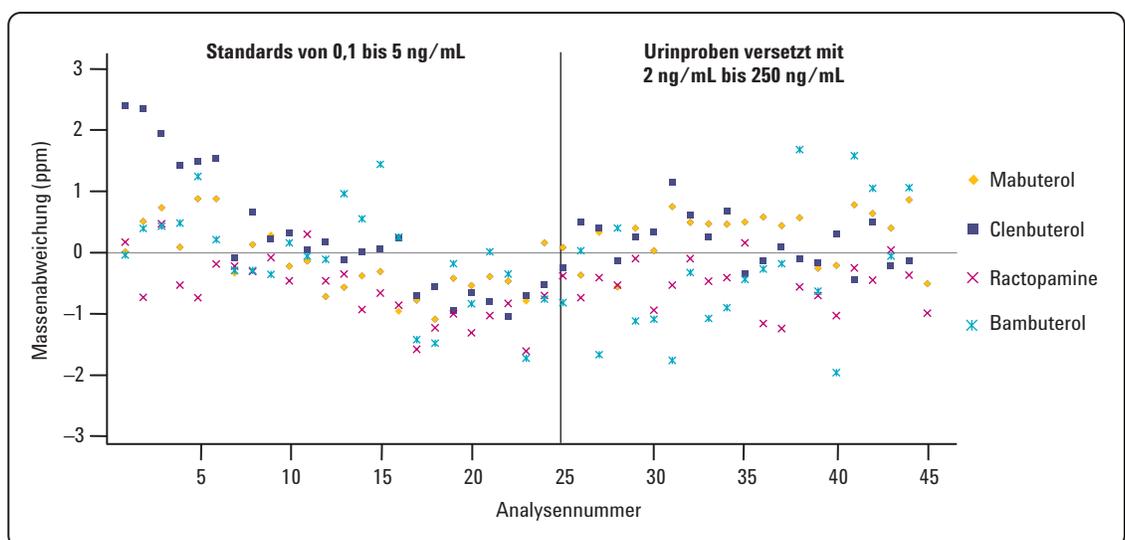
Hohe Massengenauigkeit und Massenauflösung fördert das Vertrauen

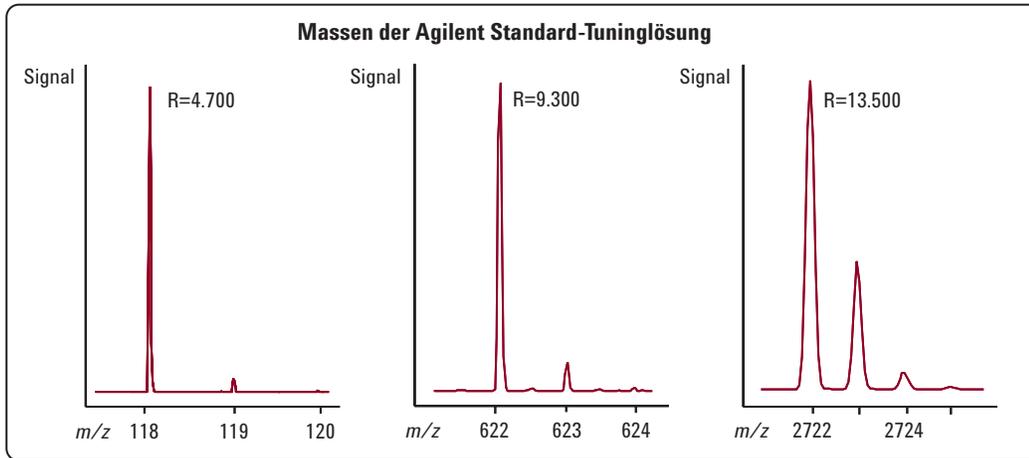
Das 6210 TOF bietet gleichzeitig erstklassige Massengenauigkeit, Massenauflösung, dynamischen Bereich und Spektreneffizienzraten.

Bei niedermolekularen Verbindungen kann die Massengenauigkeit des 6210 Time-of-Flight LC/MS von 2 ppm zur Bestätigung der elementaren Zusammensetzung und zur Identifizierung unbekannter Substanzen dienen. Bei höhermolekularen Verbindungen kann die Anzahl möglicher Substanzen sehr stark eingeschränkt werden, wodurch eine positive Identifizierung basierend auf der Kombination der genauen Massenbestimmung sowie ergänzenden Informationen ermöglicht wird.

Das erstklassige Auflösungsvermögen des 6210 Time-of-Flight LC/MS dezimiert die Wahrscheinlichkeit, dass ein relevanter Massenpeak mit einem störenden Ion aus der Probe oder dem Untergrund überlagert wird. Das 6210 TOF kann viele Substanzen mit gleicher nomineller Masse unterscheiden und identifiziert Proteinvarianten aus posttranslationalen Modifikationen bzw. punktuellen Mutationen.

Das 6210 TOF misst routinemäßig Massen in der Genauigkeit von 1-2 ppm, wie es die Ergebnisse dieser 18-Stunden Sequenz von β_2 -Agonist Standards und damit versetzte Urinproben zeigen.

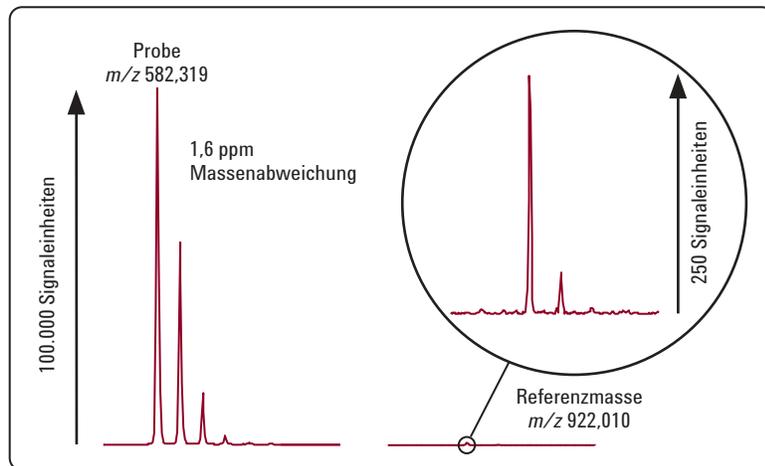




Das hohe Auflösungsvermögen des 6210 TOF garantiert eine gute Unterscheidungsmöglichkeit aller Probenbestandteile.

Der große dynamische Bereich ist bei der Identifizierung von Spurenkomponenten hilfreich und vereinfacht die Bedienung

Das Agilent 6210 TOF weist einen dynamischen Bereich in der Größenordnung 3+ auf, wobei keine Strahlabschwächung erfolgt, die bei einigen anderen TOF-Geräten zu einer Verringerung der Empfindlichkeit führt. Dieser dynamische Bereich ermöglicht die Identifizierung von Substanzen geringerer Konzentration in Gegenwart höher konzentrierter Substanzen sogar innerhalb eines Spektrums. Es erleichtert ferner den unbeaufsichtigten Walk-up-Zugang, da es nicht nötig ist, die Probenkonzentration genau dem Nachweisbereich des Gerätes anzupassen.



Der große dynamische Bereich ermöglicht die Identifizierung von Haupt- und Nebenkomponenten und erleichtert die Verwendung interner Standards.

Schnelle Spektrenerfassung für schnelle Chromatographie

Bei 40 Spektren pro Sekunde liefert das 6210 auch bei schnellster Chromatographie mehr Daten, als sie für eine qualitativ und quantitativ verlässliche Analyse erforderlich sind. Nicht aufgelöste oder schlecht getrennte Substanzen können auch in schmalen, ein oder zwei Sekunden breiten Peaks identifiziert werden. Die schnelle Spektrenerfassung garantiert genaue Peakflächenmessungen für exakte Quantifizierungen.

Kompatibel mit einer Vielzahl an Applikationen

Mit der entsprechenden Agilent LC, Ionenquelle und Software liefert das Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS Antworten auf viele analytische Fragestellungen - von der Identitätsbestätigung für Syntheseprodukte der chemischen Industrie bis zum schnellen Expression Profiling komplexer Proteinproben.

Eine Quelle für alle Analysen

Das 6210 TOF bietet eine größtmögliche Auswahl an Ionenquellen, einschließlich der Dualzerstäuber-Quellen.

Dualzerstäuber-Quellen erhöhen die Massengenauigkeit und die leichte Handhabung durch das Einbringen des internen Referenz-Massenstandards durch einen zweiten Zerstäuber für diese Funktion. Dies vereinfacht auch das automatische Tuning, was bei TOF-Systemen eher eine Seltenheit darstellt.

- Dualzerstäuber-Elektrospray (ESI) für allgemeine Anforderung
- Dualzerstäuber-Nanospray für besondere Empfindlichkeit
- APCI für weniger polare Proben, die mittels Elektrospray nicht ausreichend ionisiert werden
- APPI für Substanzen, die weniger gut mit ESI und APCI reagieren
- CE-TOF Interface, um den Vorteil des Auflösungsvermögens der CE zu nutzen
- PDF-MALDI* für Proteomics mit hohem Durchsatz
- Multimode steigert die Produktivität durch gleichzeitiges Erfassen der ESI- und APCI-Daten
- HPLC-Chips und HPLC-Chip Cube MS-Interface für ultimative Trennungen und Empfindlichkeit



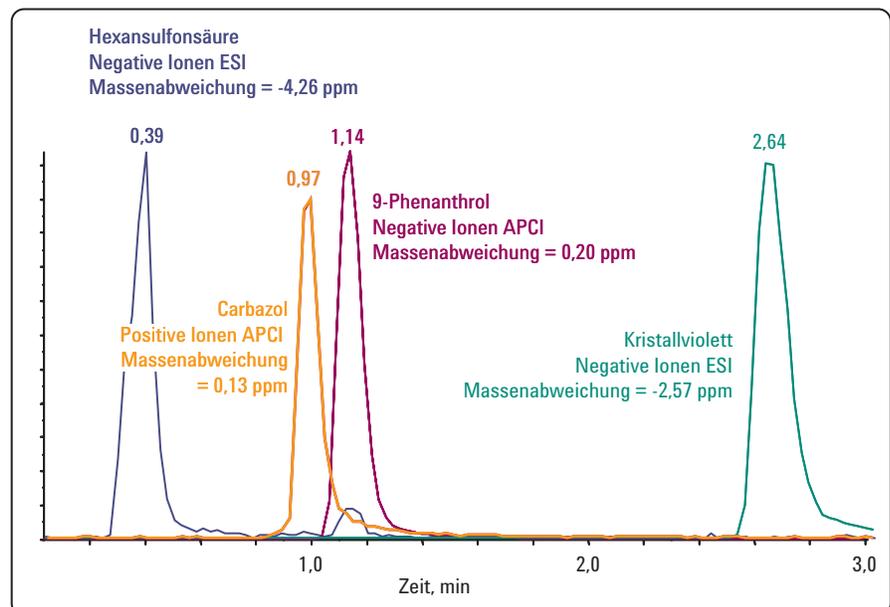
Die Dualzerstäuber ESI-Ionenquelle sichert maximale Massengenauigkeit bei minimalem Aufwand.



HPLC-Chip Cube MS Interface steigert Empfindlichkeit und Komfort.



Die Multimode-Ionenquelle kann den Durchsatz und die Produktivität verdoppeln.



Ein 6210 TOF mit Spektrum-zu-Spektrum-Polaritätsumschaltung und einer Multimode-Ionenquelle identifiziert in einem Analysenlauf vier Substanzen, die jeweils auf unterschiedliche Kombinationen aus Ionisationsmethode und Ionisationspolarität reagieren.

*Die PDF-MALDI Quelle ist ein Laserprodukt der Klasse I

Vereinfachte Analyse kleiner Moleküle

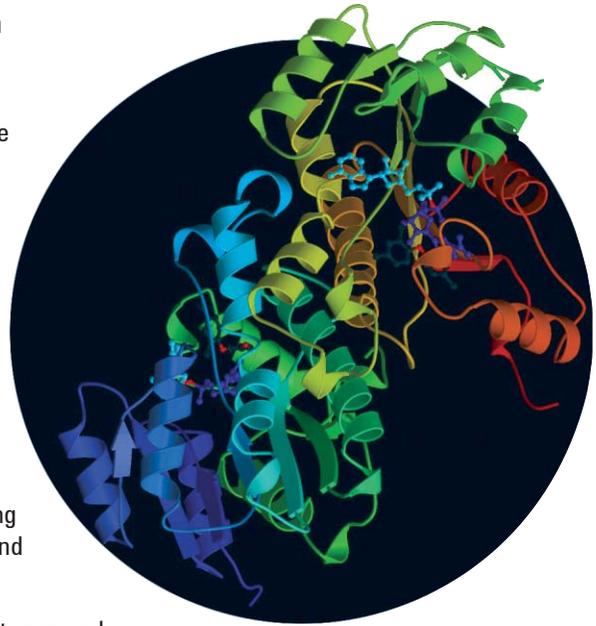
Für Screening bei High-Throughput Analysen und Analysen von Verunreinigungen, Umweltproben oder forensischen Proben bietet das 6210 TOF

- Bestätigungssoftware für empirische Formeln, und damit eine schnelle, positive Bestätigung der erwarteten Substanzen,
- Software zur empirischen Formelgenerierung, die zusammen mit der genauen Massenmessung die Identifizierung von Verunreinigungen und unbekannt Substanzen ermöglicht, sowie
- Merkmalerkennungs- und Korrelationsalgorithmus, der die Genauigkeit der empirischen Formelbestimmung und der Datenbanksuche verbessert.

Verbesserte Analyse von Biomolekülen

Falls Ihre Untersuchungen natürliche oder synthetische Proteine und Peptide beinhalten, kann das 6210 auch damit betrieben werden:

- MassHunter Bioconfirmation Software, sowohl zur sicheren Bestätigung der Identität von Proteinen und Peptiden als auch zur Identifizierung unerwarteter Varianten und unbekannter Substanzen
- MassHunter Profiling Software und damit optimierte Werkzeuge zur Substanzlokalisierung und optischen Datendarstellung differentieller Expressionsstudien und Biomarker-Auffindung



Verbesserte Produktivität und leichtere Handhabung

Weitere Software steht zur Verfügung, damit noch mehr Wissenschaftler das Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS einsetzen können und die Datenüberprüfung für jeden vereinfacht wird.

- MassHunter Easy Access ermöglicht eine einfache Walk-up-Bedienung und ist ideal für die gemeinsame Gerätenutzung in Umgebungen mit mehreren Nutzern.
- Data Browser erleichtert die Datenüberprüfung auf "Remote-PCs" ohne TOF-Software.

Diese Softwarepakete sind kompatibel mit Applikationen für kleine Moleküle und Biomoleküle und Software.

Einfache Bestätigung der Identität kleiner Moleküle und Identifizierung unbekannter Substanzen

Die 2-ppm-Massengenauigkeit des 6210 TOF ist sowohl für die Bestätigung der Identität bestimmter Substanzen als auch bei der Identifizierung unbekannter Substanzen sehr hilfreich. In vielen Fällen ist die exakte Massenbestimmung alleine bereits ausreichend. In anderen Fällen engt sie die möglichen Kandidaten soweit ein, dass die Bestätigung oder Identifizierung erleichtert wird.

Schnelle Bestätigung der Substanzidentität

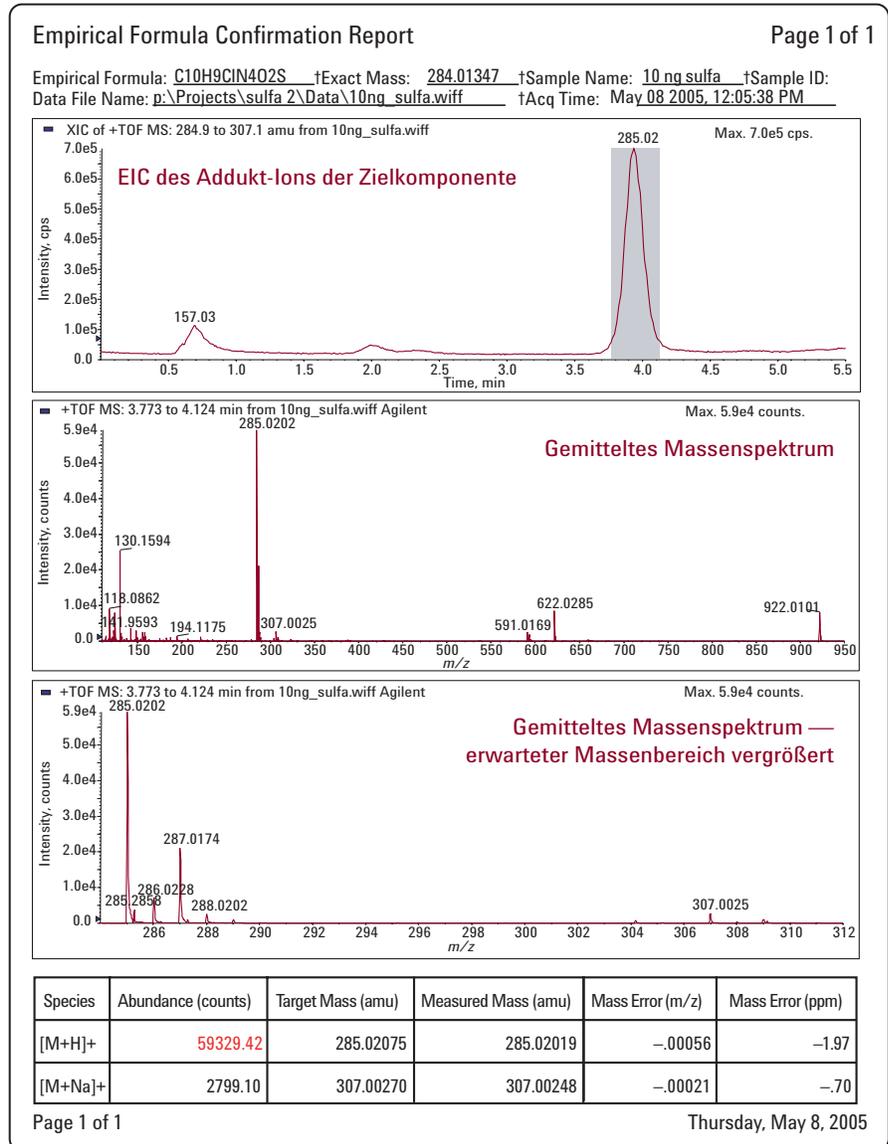
Die Software zur Bestätigung der empirischen Formel ermöglicht eine schnelle und einfache Überprüfung und Bestätigung der erwarteten Substanzen. Ausgehend von der empirischen Formel überprüft sie die erhaltenen Spektren auf die erwarteten Massen. Sie berechnet neutrale Verluste, Addukte und andere gängige Modifikationen. Das Programm erzeugt einen 1-seitigen Bestätigungsbericht für jede Zielsubstanz.

Identifizierung unbekannter Substanzen mit Software zur Erzeugung empirischer Formeln

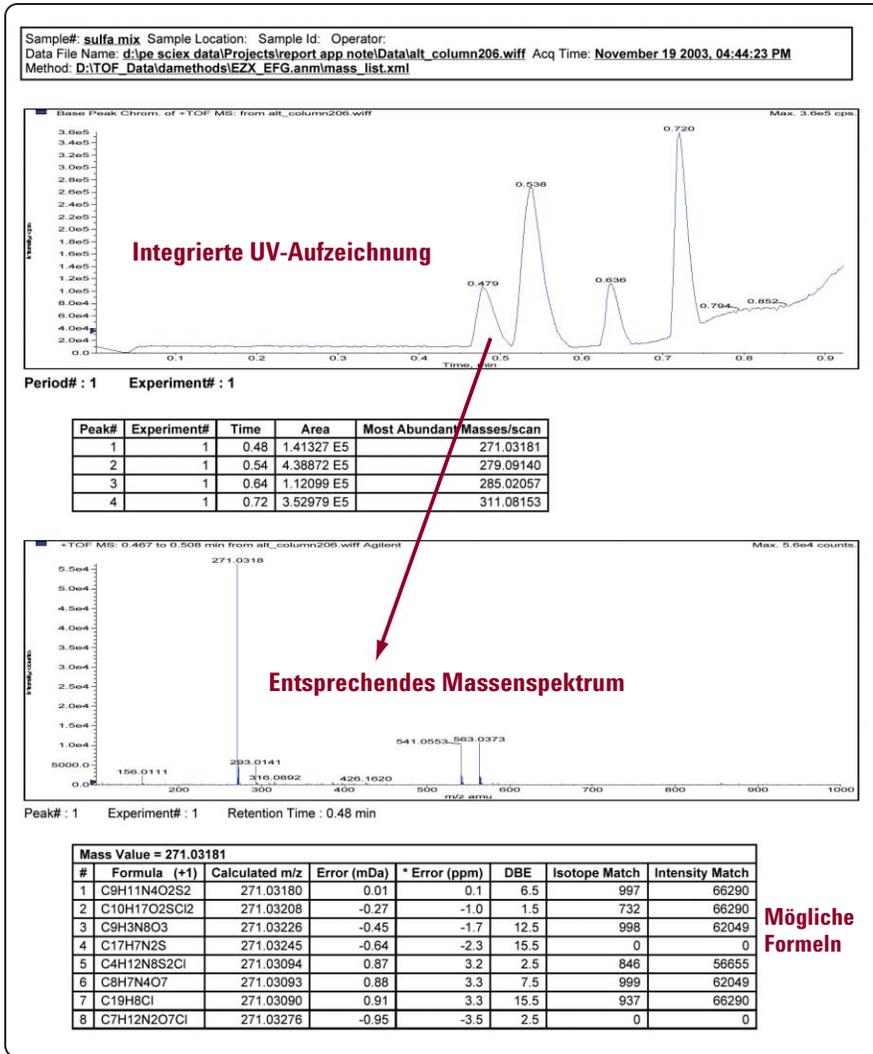
Aus den Ergebnissen in der Massenliste kann eine Liste mit den wahrscheinlichen empirischen Formeln für jede unbekannte Substanz erstellt werden. Die Formelerstellung kann mit einer Vielzahl an Parametern den eigenen Bedürfnissen angepasst werden:

- Massentoleranz
- Liste der möglichen Elemente
- Minimal- und Maximalwert für jedes Element
- Elektronenstatus (gerade oder ungerade)
- Ladungsstatus
- Maximaler Fehlerbereich
- Maximale Trefferanzahl

Die Ergebnisse können nach Isotopenverhältnis oder Massenfehler sortiert werden.



Der Report zur Bestätigung der empirischen Formel zeigt für jede Zielsubstanz wichtige Informationen.



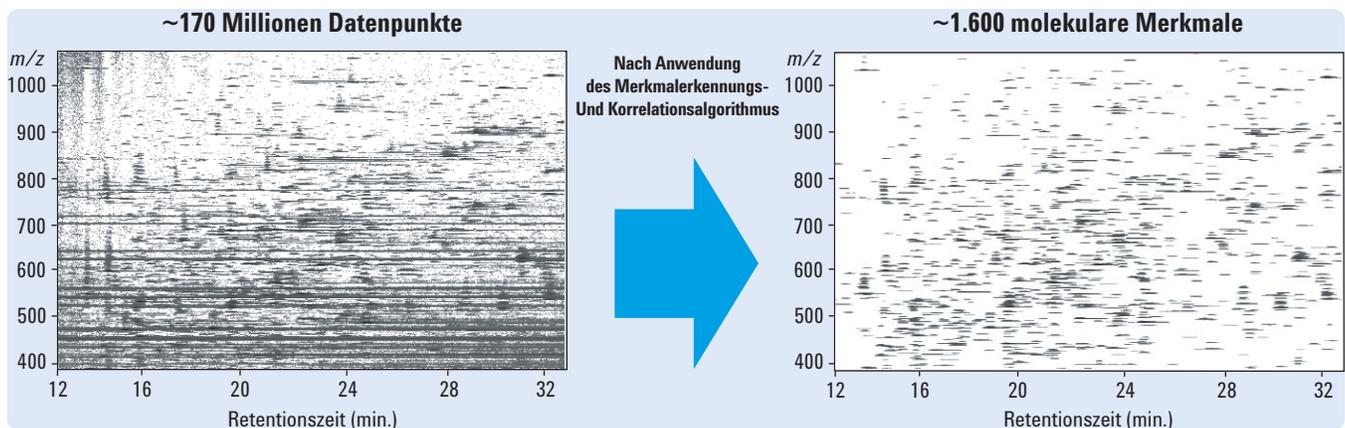
Das Programm zur Erzeugung der empirischen Formel erstellt eine Liste der ähnlichsten Identitäten basierend auf den genauen Massendaten, Ihren Probenangaben und deren Wichtigkeit.

Umwandlung von Rohdaten in aussagekräftige Daten

Ein leistungsstarker neuer Merkmalerkennungs- und Korrelationsalgorithmus verbessert die qualitative Analyse komplexer Mischungen von Peptiden oder kleinen Molekülen. Durch das Erkennen zusammengehörender Informationen in den Rohdaten wird die Genauigkeit der anschließenden empirischen Formelermittlung bzw. der Datenbanksuche verbessert.

Der Merkmalerkennungs- und Korrelationsalgorithmus bestimmt die Gruppe der kovarianten Ionen im Chromatogramm. Jede dieser Gruppen stellt eine eigene Substanz dar. Der Algorithmus identifiziert somit alle Substanzen in einem Chromatogramm, auch in chromatographischen Peaks, die mehrere Komponenten enthalten. Dies erleichtert sehr effektiv die Beseitigung der Daten des Untergrundes.

Nach der Substanzidentifizierung und der Beseitigung des Untergrundes ermittelt der Algorithmus den Ladungszustand. Er identifiziert auch Addukte, wodurch das Molekül-Ion und das Addukt-Ion als eine Substanz behandelt werden können. Weiterhin identifiziert der Algorithmus Isotope und gibt nur monoisotope Massen für eine genauere Berechnung der empirischen Formel und die Datenbanksuche weiter.



Die Verarbeitung der Rohdaten mit dem Merkmalerkennungs- und Korrelationsalgorithmus identifiziert annähernd 1.600 Substanzen aus 170 Millionen Rohdatenpunkten aus einer mit Myoglobin versetzten BSA-Probe. Dieses Beispiel zeigt die Vergrößerung eines kleinen Ausschnittes

Umsetzung proteomischer Daten in Antworten

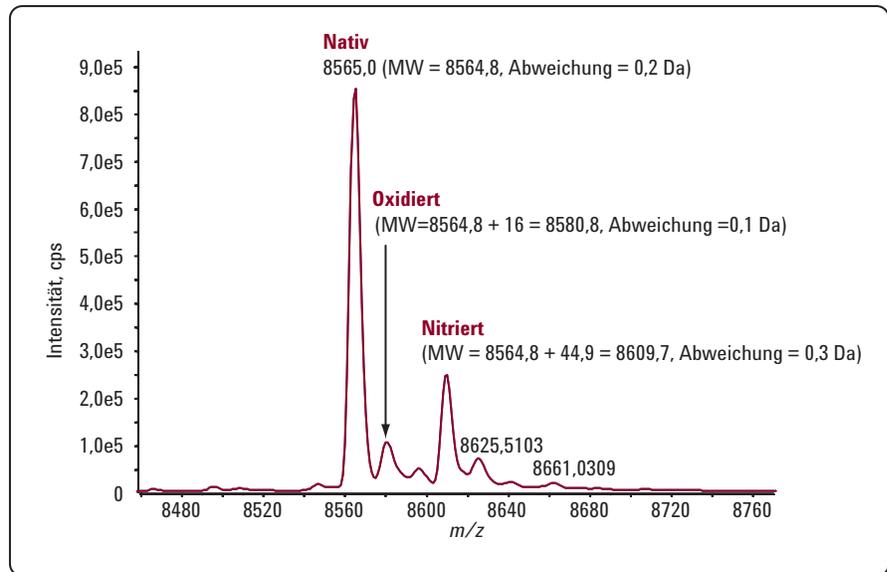
Die hervorragende Massengenauigkeit, Auflösung und Reproduzierbarkeit macht das 6210 TOF zu einer hervorragenden Plattform für die Proteinforschung. Verfeinerte Softwarepakete für Proteinbestätigung und Expression Profiling erleichtern die Umsetzung hervorragender Daten in nützliche Antworten.

Bestätigung der Identität und Identifizierung von Varianten mit der Bioconfirmation Software

Wenn Sie mit rekombinanten Proteinen oder Peptiden arbeiten, kann die Agilent Software MassHunter Bioconfirmation Ihnen bei der Bestätigung der Identität und der Identifizierung von Varianten helfen, bevor Sie kostspielige Tests beginnen.

Genauere Ergebnisse mit optimierter Dekonvolution

Die Analyse von Protein- und Peptid-Spektren beginnt mit der Dekonvolution. Anders als bei Software anderer Hersteller enthält die Bioconfirmation Software unterschiedliche Dekonvolutions-Algorithmen für Proteine und einen für Peptide.



Die MassHunter Bioconfirmation Software unterscheidet modifizierte Proteinformen, wie in diesem dekonvolvierten Spektrum dreier Hauptprodukte in einer Peroxynitrit-behandelten Ubiquitin Probe ersichtlich ist.

Sample Name: *Beta-Lac-2pmol* Method Name: *F1TOFdamethods\protein_small_tol_25_nm*
Data File Name: *F1TOFdata\BetaLac.wiff* Acq Time: *March 16 2004, 09:52:16 AM*

TargetProteins

| Protein | Target Mass Average (Da) | Measured Mass Average (Da) | Measured Mass Apex (Da) | Area | +/- (Da) |
|---------|--------------------------|----------------------------|-------------------------|--------------|----------|
| | 18277.1700 | 18277.1391 | 18277.0266 | 1238472.6971 | -0.0309 |
| | 18363.2600 | 18363.2551 | 18363.0266 | 1298021.2043 | -0.0049 |

Varianten A und B

OtherProteins

| Measured Mass Average (Da) | Measured Mass Apex (Da) | Area | Time (min) |
|----------------------------|-------------------------|--------------|------------|
| 18363.2551 | 18363.0266 | 1298021.2043 | 3.76 |
| 18277.1391 | 18277.0266 | 1238472.6971 | 3.76 |
| 18362.9925 | 18376.0266 | 922081.2178 | 3.76 |
| 18410.6222 | 18410.0266 | 265030.2922 | 3.76 |
| 18297.0366 | 18297.0266 | 258021.0757 | 3.76 |
| 18461.2824 | 18461.0266 | 187922.8999 | 3.76 |
| 18324.1605 | 18324.0266 | 163183.0441 | 3.76 |
| 18396.7208 | 18396.0266 | 118587.3214 | 3.76 |

Andere gefundene, nicht der Zielsubstanz entsprechende Proteine

Bessere Peptididentifizierung durch höhere molekulare Merkmalerkennung

Die MassHunter Bioconfirmation Software verwendet den Merkmalerkennungs- und Korrelationsalgorithmus zur genauen Erkennung aller Substanzen (und nicht nur einfach der Peaks) in einer komplexen Peptidmischung. Die so erhaltenen Massenlisten können für eine schnelle Identifizierung mittels Massen-Fingerprint in ein Datenbank-Suchprogramm wie Agilent Spectrum Mill for MassHunter Software importiert werden.

Schnelle und effiziente Bestätigung rekombinanter Proteine

Die Bioconfirmation Software ermöglicht eine schnelle und effiziente Bestätigung der Identitäten intakter, rekombinanter Proteine. Für jede Probe erstellt sie einen Protein-Bestätigungsreport, welcher das erwartete Protein bestätigt und das Molekulargewicht und andere Daten nicht vorhergesehener Varianten und Verunreinigungen auflistet.

Der Auszug aus einem Protein Confirmation Report der Analyse von β -Lactoglobulin zeigt die Zielproteine (Varianten A und B), bestätigt durch niedrige-ppm Massenfehler

Identifizierung unerwarteter Varianten

Wenn bei der Identitätsbestätigung unerwartete Varianten gefunden werden, können durch einen proteolytischen Aufschluss und eine erneute Analyse mit der Peptidmassen-Mappingfunktion der Bioconfirmation Software die Teile der aktuellen Sequenz identifiziert werden, welche der erwarteten Sequenz entsprechen bzw. nicht entsprechen. Dies liefert wertvolle Informationen über die Lage und Art der Variation.

Expression Profiler Software für effiziente Biomarker-Auffindung sowie weitere Funktionen

Mit der entsprechenden Agilent LC- und der Ionenquellenauswahl ist das 6210 TOF ein hervorragendes Werkzeug für eine schnelle und effiziente Profilerstellung der Expression. Die Agilent MassHunter Profiler Software erleichtert dies mit optimierten Werkzeugen zur Substanzlokalisierung und visuellen Datendarstellung. Eine weitere Applikation ist die QA/QC von Glykoproteinen mittels Expression Profilerstellung der freien Glykane.

Hervorragende Lokalisierung von Substanzen

Die MassHunter Profiling Software verwendet den Merkmalerkennungs- und Korrelationsalgorithmus, der alle Substanzen auch in komplexen Peptidmischungen sicher lokalisiert.

Herausragende statistische Auswertung und grafische Darstellung

Die MassHunter Profiling Software vergleicht die Ergebnisse zweier Proben statistisch und stellt mehrere Variablen wie Masse, Retentionszeit und Häufigkeit in Tabellen oder Grafiken dar.

The screenshot shows the 'Sequence Editor-Matcher' interface. At the top, it displays 'Sample Name: Serotransferrin', 'Monoisotopic MW: 79869.555', and 'Average MW: 79921.9518'. Below this is a table titled 'Proteine aus einem In-Silico Aufschluss' with columns for Index, Location, Target Mass, Links, Sequence, Modifications, Reagent, and Missed Cleavage. A 'Match Results' table is also visible, with columns for Index, RT, Abundance, Measured Mass, Theoretical Mass, Delta ppm, Location, Sequence, Modification, Links, Reagent, and Description. Two red circles highlight the measured and theoretical masses (1345.6052 and 1345.6085) for match index 2. A red arrow points from this match to a specific location in the protein sequence: '16 L C L A D P E R I T V R W C T I S T H E A 35', where the 'C' is highlighted in red.

Gemessene gegen theoretische Massen

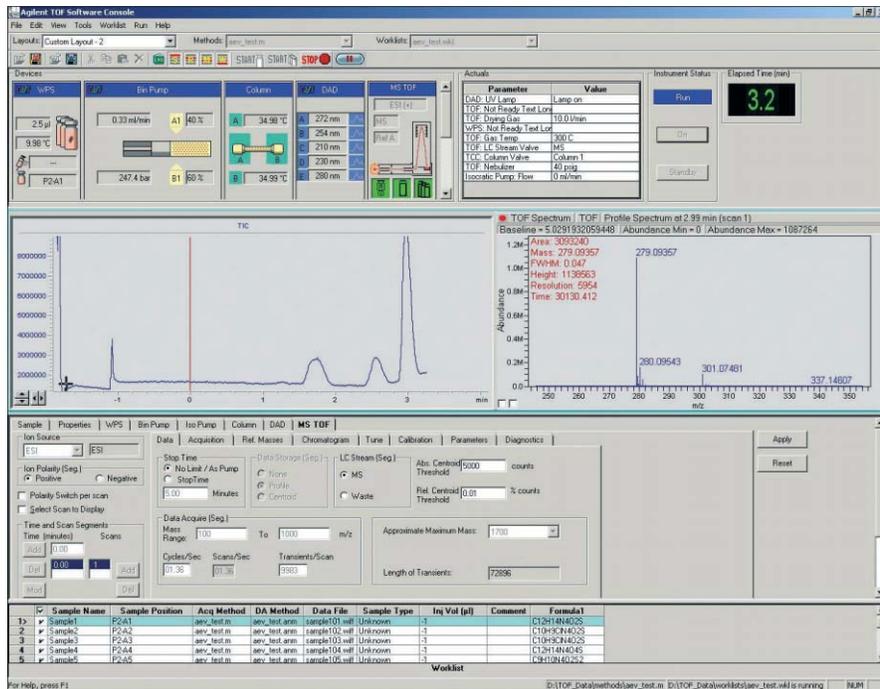
Wenn die Analyse rekombinanter Proteine zeigt, dass das falsche Protein erzeugt wurde, kann der interaktive Sequence Editor/Matcher helfen, die Lage der Abweichung zu finden

The screenshot shows the 'Mass Hunter Profiler' interface. The top part displays a scatter plot titled '120fmol-Myo-60fmol-BSA vs. 30fmol-Myo-60fmol-BSA'. The y-axis is 'Log2 Abundance - 120fmol-Myo-60fmol-BSA' and the x-axis is 'Log2 Abundance - 30fmol-Myo-60fmol-BSA'. A red oval highlights a cluster of points, and a red arrow points from this cluster to a specific entry in the 'Export 1033 Features' table below. The table has columns for ID, RT, Feature Name, Abundance, and Comparison. The highlighted entry (ID 410) shows a significant difference in abundance between the two conditions.

BSA versetzt mit zwei unterschiedlichen Myoglobin-Stufen simuliert eine biologische Probe mit Proteinen unterschiedlicher Expression. Die MassHunter Profiler Software identifiziert Myoglobin-Ionen eindeutig an unterschiedlichen Expression Levels. Besondere Angaben zu jeder Eigenschaft werden in der Eigenschaftstabelle aufgeführt und können in separaten Pop-up-Feldern angezeigt werden.

Erhöhte Produktivität durch gut durchdachte Software

Das 6210 TOF verwendet zur Datenerfassung die Agilent MassHunter Workstation Software, was das Setup und den Betrieb vereinfacht und den Durchsatz unabhängig von der Applikation erhöht. Zusätzliche, die Produktivität verbessernde Software ermöglicht einen Walk-up-Zugang durch mehrere Benutzer und eine Datenüberprüfung durch Fernzugriff.



Setup und Datenerfassung jetzt noch schneller und einfacher

Unabhängig davon, ob Sie Spezialist oder Anfänger im Umgang mit LC/MS sind, die MassHunter Workstation Software vereinfacht die Bedienung Ihres LC/MS-Systems beträchtlich.

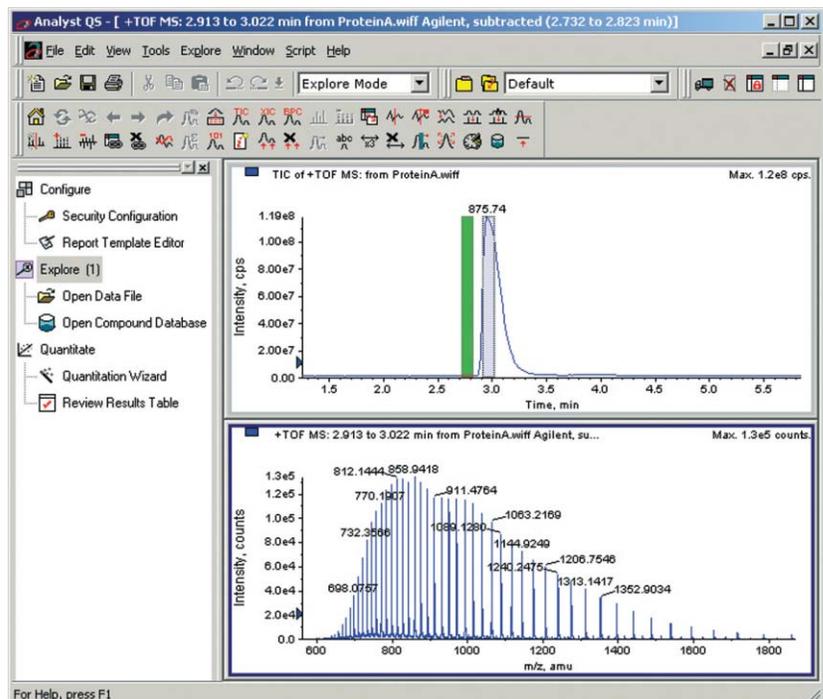
- Automatisches Tuning: Ein bewährtes, verlässliches Autotune-Programm erhöht die Leistungsfähigkeit und verringert den Aufwand.
- Zeitersparnis beim Einrichten der Analysen: Import der Arbeitslisten direkt aus einer Tabellenkalkulation wie Microsoft[®] Excel
- Arbeiten mit einer Benutzeroberfläche: Eine gemeinsame Benutzeroberfläche für LC und MS kann so konfiguriert werden, dass sie nur die von Ihnen gewünschten Informationen anzeigt.

Die einfach zu bedienende, dennoch vollständig ausgestattete Software zur Gerätesteuerung und Datenerfassung erlaubt eine Steuerung per Knopfdruck.

Die Software zur Datenanalyse enthält eine Vielzahl an Werkzeugen für effiziente qualitative und quantitative Analysen.

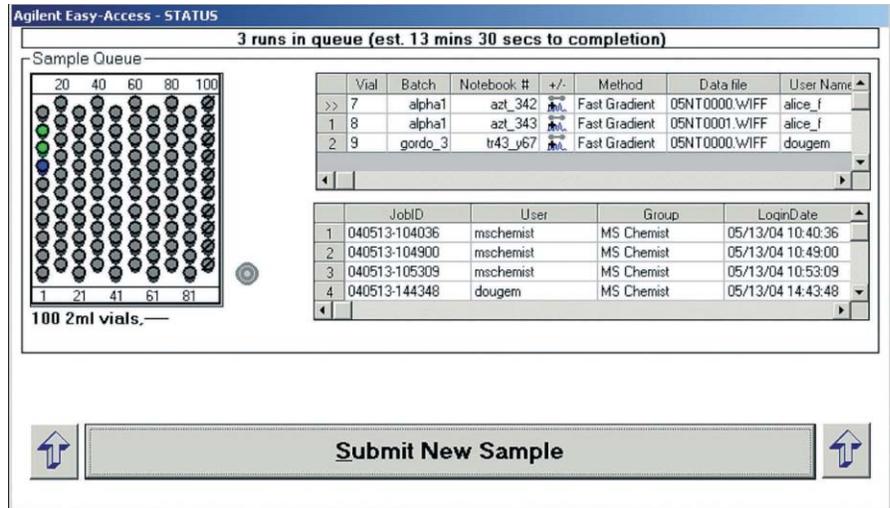
Hervorragende Datenanalyse

Die Software zur Datenanalyse liefert sowohl qualitativ als auch quantitativ hochwertige Ergebnisse. Sie kann noch mit applikationsspezifischer Software zur Bestätigung und Identifizierung kleiner Moleküle, zur Proteinbestätigung und zum Expression Profiling erweitert werden.

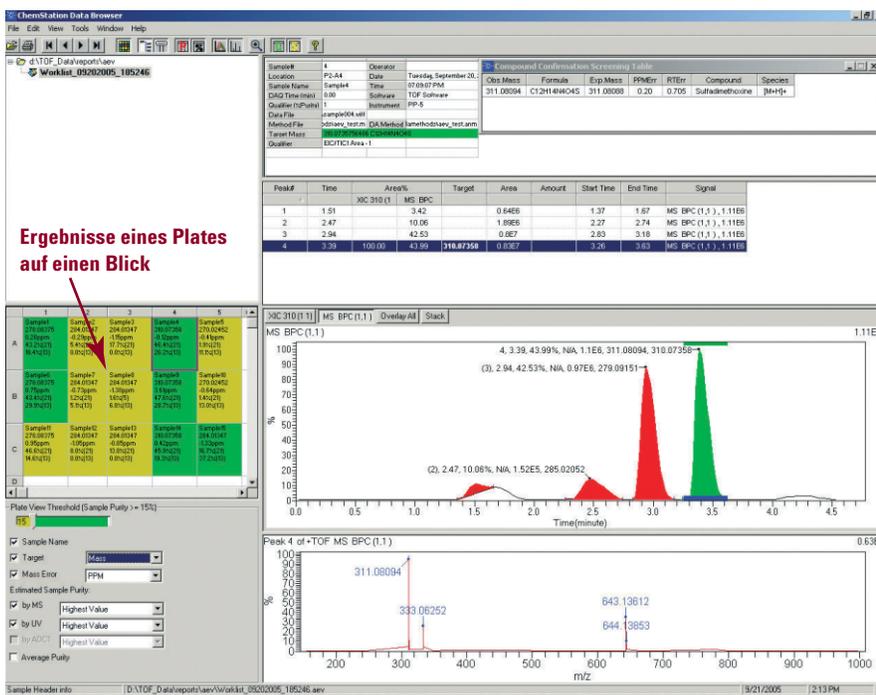


Einfacher Walk-up-Betrieb mit 2-ppm-genauen Massenbestimmungen

Die Agilent MassHunter Easy Access Software erleichtert den Zugang zu einer bedeutend besseren Massengenauigkeit, als sie bisher bei Walk-up-Betrieb möglich war. Die MassHunter Easy Access Software ermöglicht ein einfaches Walk up beim TOF - Eingabe der grundlegenden Probeninformationen und Auswahl einer analytischen Methode aus einer Liste. Die Software zeigt sogar den Stellplatz für die Probenflasche an. Die Ergebnisse werden mittels E-Mail verteilt, wobei deren Inhalt konfiguriert und eingegrenzt werden kann.



Die Easy Access Software bietet eine einfache Benutzeroberfläche, die es jedem - ob Spezialist oder Anfänger - einfach macht, Syntheseprodukte zu bestätigen oder unbekannte Substanzen zu identifizieren.



Ergebnisse eines Plates auf einen Blick

Die Data Browser Software erleichtert die Datenüberprüfung mittels Fernzugriff

Die Agilent Data Browser Software erlaubt die Überprüfung aller TOF-Ergebnisse, ohne TOF-Software auf dem PC geladen zu haben. Sie ist eine ideale Ergänzung zur Walk-up-Funktion der Easy Access Software. Die Easy Access Software versendet automatisch per E-Mail die Datendateien an Ihren Büro-PC, wo die Data Browser Software eine schnelle, einfache Überprüfung der Daten ermöglicht.

Bei Bestätigungen mit hohem Proben-durchsatz zeigt die Data Browser Software die Ergebnisse eines ganzen Wellplates in einer Grafik an. Eine hilfreiche Farbkodierung zeigt auf einen Blick, welche Synthesen erfolgreich waren. Weiterhin stehen Angaben zu Massenfehler und Probenreinheit zur Verfügung.

Die Fernüberprüfung der TOF-Daten wird durch die Data Browser Software erleichtert, und dies unabhängig von der Applikation.

Bei der Analyse unbekannter Substanzen liefert die Data Browser Software empirische Formeln oder die Ergebnisse der Datenbanksuche.

Weitere Informationen

Weitere Informationen erhalten Sie online unter

www.agilent.com/chem/tof

Kaufen Sie online:

www.agilent.com/chem/store

Agilent Kundendienstzentren in Ihrem Land:

www.agilent.com/chem/contactus

Spezifikationen

Massenbereich

m/z 50-12.000

Massengenauigkeit

< 2 ppm, RMS, gemessen beim (M + H)⁺ Ion von Reserpin (m/z 609,2807) mit interner Massenreferenz

Auflösung

> 13.000 gemessen bei m/z 2722

Spektren-Erfassungsrate

20 Spektren/Sekunde von m/z 100 bis 3.000

40 Spektren/Sekunde von m/z 100 bis 1.000

Empfindlichkeit

> 10:1 Signal-Rausch-Verhältnis (Peak-zu-Peak) beim (M + H)⁺ Ion bei m/z 609,2807 bei der LC/MS-Injektion von 10 pg Reserpin auf die Säule

Bedingungen

Säule - ZORBAX Rapid Resolution SB-C18 2,1-30 mm 3,5 μ

Mobile Phase - 25 % Wasser
75 % Methanol, 5 mM Ammoniumacetat

Flussrate - 400 μ l/min

Polarität

Spektrum-zu-Spektrum
Polaritätsumschaltung bei 1 vollständigen positiven/negativen Zyklus pro Sekunde

Weltweiter Service und Support

Agilent hat sich den Ruf als eine der besten Service- und Support-Organisationen im Bereich Life Science und Analysetechnik erworben. Unsere hochentwickelte Kommunikationstechnologie und Infrastruktur erlauben das reibungslose Arbeiten in mehr als 40 Ländern. Daher können wir Sie überall unterstützen. Unsere globale Perspektive hält uns jedoch nicht davon ab, auch den örtlichen Gegebenheiten gegenüber aufgeschlossen zu sein.

Europa

info_agilent@agilent.com

Nur für den Einsatz in der Forschung. Änderungen vorbehalten.

Agilent Technologies übernimmt keinerlei Gewähr für in dieser Broschüre enthaltene Fehler oder für zufällige Schäden oder Folgeschäden im Zusammenhang mit der Benutzung dieser Broschüre.

© Agilent Technologies, Inc. 2006
Gedruckt in Deutschland, September 2006
5989-3600DEE



Agilent Technologies