



Sistemi LC/MS Agilent Accurate-Mass
Serie 6500 QTOF serie 6200 TOF

La
scelta migliore
in assoluto
per LC/MS TOF e Q-TOF

Our measure is your success.



La sicurezza senza confronti della tecnologia Ultra High Definition Q-TOF e la velocità di Agilent 1290 Infinity LC

Scopri la potenza e la precisione della tecnologia Ultra High Definition Q-TOF. Queste caratteristiche sono riunite nei sistemi LC/MS Agilent Accurate-Mass Serie 6500 Q-TOF e Agilent Accurate-Mass Serie 6200 TOF. Ora la famiglia si arricchisce con la straordinaria velocità, sensibilità e risoluzione cromatografica del nuovo sistema LC 1290 Infinity. Potrai separare e identificare un maggior numero di composti a basse concentrazioni in modo più rapido, semplice e affidabile. Indipendentemente dall'ambito delle analisi, ad es. PTM, profiling dei biomarker, identificazione di metaboliti, screening dei pesticidi o caratterizzazione di proteine integre, le soluzioni Agilent TOF e Q-TOF garantiscono una qualità dei dati conforme o superiore a quella richiesta nei settori più critici. Puoi ottenere:

Le prestazioni analitiche necessarie per identificare i componenti nei campioni complessi reali

La velocità richiesta per godere dei vantaggi delle separazioni UHPLC più rapide oggi disponibili

La sicurezza indispensabile per decidere meglio, in meno tempo

Gli strumenti per la ricerca dei dati che consentono

di aumentare la produttività del tuo laboratorio e trarre il massimo vantaggio da misure di massa accurata in MS e MS/MS

Le capacità avanzate di screening, profiling e identificazione del software MassHunter di Agilent



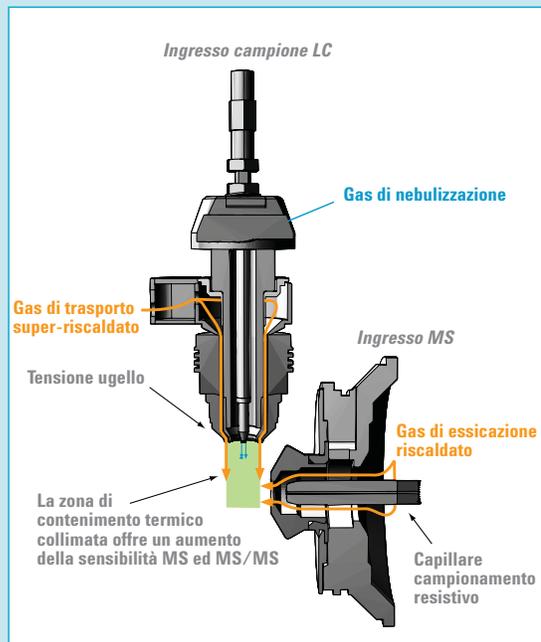
I sistemi LC/MS Accurate-Mass time-of-flight (TOF) e quadrupolo time-of-flight (Q-TOF) di Agilent uniscono la tecnologia Ultra High Definition Q-TOF con il software avanzato MassHunter Workstation alle prestazioni e alla flessibilità senza confronti per HPLC e UHPLC del nuovo sistema 1290 Infinity LC.

Prestazioni nettamente superiori in qualsiasi misura

Grazie all'utilizzo della tecnologia Ultra High Definition Q-TOF, i sistemi 6200 e 6500 raggiungono accuratezza di massa, intervallo dinamico e sensibilità leader del settore, senza i compromessi in termini di velocità di acquisizione dati, intervallo o risoluzione di massa tipici dei sistemi Q-TOF della concorrenza e persino degli analizzatori di massa di fascia superiore Orbitrap.

Si tratta di un'offerta quanto mai conveniente: ottenere la velocità che serve per mantenersi al passo delle separazioni ultraveloci UHPLC unita alle prestazioni MS e MS/MS necessarie per ricavare la maggior quantità di informazioni possibile dai campioni più difficili.

- **Un'accuratezza di massa** a livelli inferiori al ppm migliora l'affidabilità e riduce i falsi positivi.
- **Risoluzione fino a 40.000 consente di separare i composti** di interesse dalle interferenze.
- **Velocità di acquisizione dati fino a 20 spettri al secondo** garantiscono la massima qualità dei dati e la compatibilità con flussi cromatografici maggiori e elevata produttività.
- **Cinque ordini di intervallo dinamico all'interno dello spettro** consentono di rivelare target in tracce anche in presenza di composti notevolmente più abbondanti.
- **L'elevata sensibilità, a livello di femtogrammi**, permette di individuare impurità, metaboliti o biomarker a concentrazioni estremamente basse.
- **La rapida commutazione della polarità da scansione a scansione** consente di analizzare ioni positivi e negativi in un solo esperimento.
- **La calibrazione automatica e l'introduzione affidabile di una massa di riferimento in continuo garantiscono un'accuratezza di massa coerente e** una determinazione affidabile della composizione elementare in un ampio intervallo di concentrazioni e di m/z .



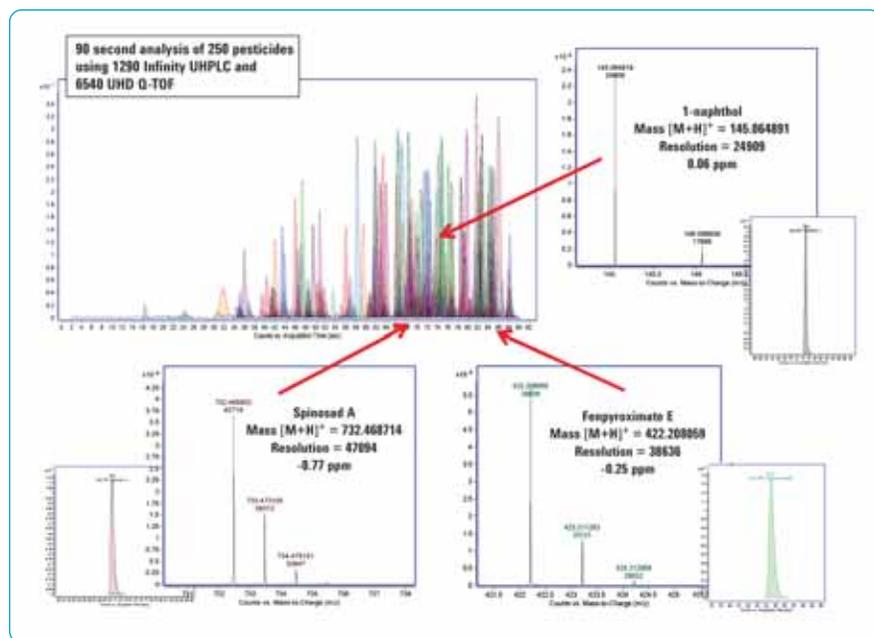
La tecnologia Jet Stream di Agilent aumenta di cinque volte la sensibilità di LC/MS ed LC/MS/MS

La tecnologia di focusing termico Jet Stream di Agilent aumenta significativamente la sensibilità MS ed MS/MS migliorando il focusing spaziale delle goccioline in electrospray. Questa tecnologia innovativa utilizza azoto super-riscaldato per migliorare la ionizzazione e la desolvatazione aumentando il segnale e riducendo il rumore. In questo modo si potenzia la sensibilità fino a 5 volte o più per numerose applicazioni, fra le quali l'analisi delle molecole candidate a farmaco e delle tracce di contaminanti in alimenti, di metaboliti o di biomarker.

Prestazioni MS ed MS/MS eccellenti perfettamente compatibili con UHPLC

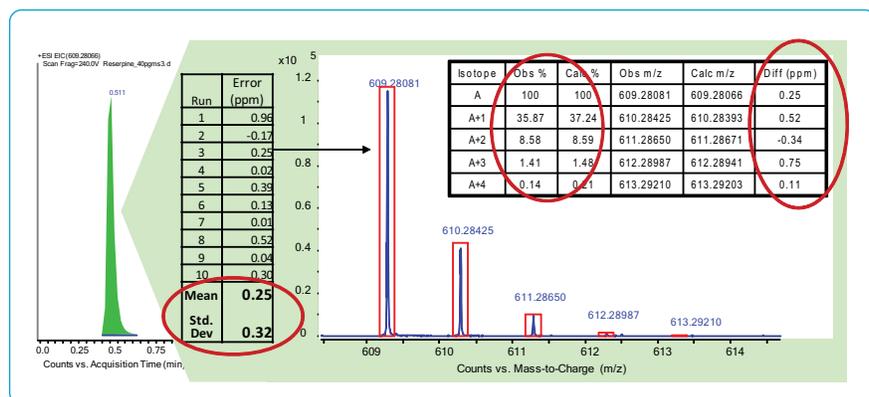
Indipendentemente dal fatto che si analizzino piccole molecole o proteine ad alto peso molecolare, le misure in massa accurate dei sistemi Agilent Serie 6500 e Serie 6200 ti offrono la massima precisione per studi di screening, identificazione e quantitativi. Le innovazioni hardware, come la tecnologia Jet Stream Agilent, l'acquisizione da analogico a digitale (ADC) ultraveloce e l'introduzione di una massa di riferimento in continuo (ora disponibile per tutte le interfacce LC-MS Agilent) contribuiscono allo straordinario miglioramento delle prestazioni rispetto alle generazioni precedenti di strumenti TOF e Q-TOF.

Il risultato: prestazioni analitiche eccezionali su più dimensioni. Sensibilità, accuratezza di massa, intervallo dinamico e risoluzione perfettamente compatibili con le separazioni ultraveloci UHPLC.



La straordinaria risoluzione di massa ti consente di individuare un numero superiore di composti

In questo esempio si utilizza un sistema 1290 Infinity LC con una colonna ZORBAX Rapid Resolution High Definition (RRHD) e un Q-TOF 6540 Accurate-Mass. Un'analisi di 90 secondi di una miscela di 250 pesticidi fornisce una risoluzione cromatografica e spettrale eccellente nell'intervallo di massa dei pesticidi. Vengono illustrati nel dettaglio tre esempi di pesticidi che rappresentano un valore m/z basso, medio ed elevato.



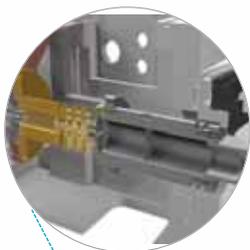
La superiore accuratezza di massa migliora la sicurezza analitica

Il design innovativo della cella di collisione e dell'ottica ionica di 6500 Q-TOF permette di utilizzare la stessa calibrazione della massa di riferimento per MS e per MS/MS. L'accuratezza di massa risultante per MS in questo esempio, ovvero 0,32 ppm, e i precisi rapporti isotopici aumentano significativamente la sicurezza nella generazione della formula molecolare. L'eccellente fedeltà del rapporto isotopico è illustrata per 10 iniezioni replicate di reserpina a 40 pg on-column.

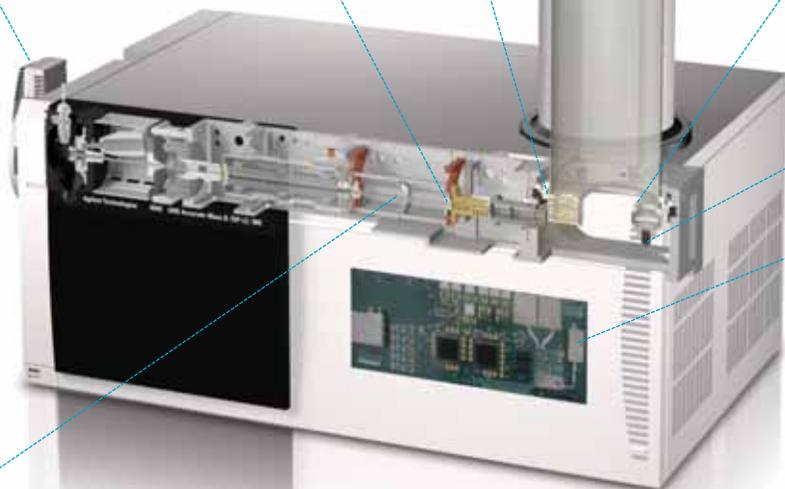
Lo specchio ionico a doppia fase migliora il tempo di focusing di second'ordine per una **risoluzione di massa superiore**.



La tecnologia Ion Beam Compression (IBC), in attesa di brevetto, comprime e raffredda il fascio ionico fino a 10 volte, garantendo minori perdite ioniche e assegnazioni di massa più precise. **La risoluzione e l'accuratezza di massa risultano migliorate fino al 200%**.



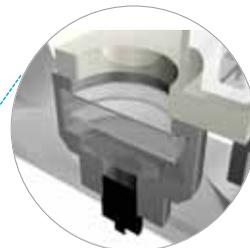
Le innovazioni per la sorgente ionica quali lo spray ortogonale proprietario **aumentano al massimo la generazione degli ioni e riducono il rumore, pur mantenendo un'eccellente accuratezza di massa** grazie all'introduzione automatizzata di una massa di riferimento interna.



Gli ioni vengono accelerati nella cella di collisione esapolare per una **generazione più rapida di spettri MS/MS di alta qualità**.

Il tubo di volo proprietario INVAR, sigillato in una struttura isolata sotto vuoto, elimina la deriva di massa termica dovuta alle variazioni di temperatura per **mantenere un'accuratezza di massa di livello sempre eccellente**. Una lunghezza maggiore **migliora la risoluzione di massa**.

A differenza dei rivelatori TDC che registrano un singolo evento ionico, i rivelatori ADC registrano più eventi ionici per **assegnazioni di massa estremamente accurate su un ampio range di massa e in un ampio intervallo dinamico di concentrazioni**.



L'elettronica ADC a 4 GHz consente una elevata velocità di campionamento (32 Gbit/s) che migliora la risoluzione, l'accuratezza di massa e la sensibilità per i gli analiti a bassa concentrazione. Gli amplificatori a doppio guadagno elaborano contemporaneamente i segnali del rivelatore sui canali a basso e alto guadagno, **ampliando l'intervallo dinamico a 10⁵**.

Produttività senza confronti per qualsiasi applicazione

A volte la produttività è solo una questione di velocità. In altri casi l'aspetto più importante è la qualità dei dati. Spesso sono entrambi essenziali. Le soluzioni TOF e Q-TOF di Agilent offrono una combinazione di velocità di separazione e risoluzione senza confronti, capacità MS ed MS/MS qualitativamente superiori e il potente software di ricerca dati MassHunter per poter affrontare e superare qualsiasi sfida di produttività del tuo laboratorio.

Sistema Agilent 1290 Infinity LC: una piattaforma di cromatografia liquida infinitamente superiore

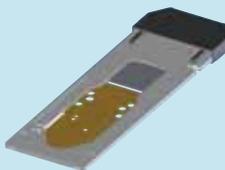
Il sistema 1290 Infinity LC completa le prestazioni della tecnologia Ultra High Definition Q-TOF e consente di ottimizzare le separazioni per la massima produttività. Le colonne ZORBAX Rapid Resolution High Definition (RRHD) garantiscono il potere separatore necessario per risultati UHPLC eccellenti. Sfrutta al meglio i vantaggi della cromatografia veloce per analisi a elevata produttività. Per campioni molto complessi sono disponibili la straordinaria peak capacity e l'eccellente risoluzione cromatografica del sistema 1290 Infinity LC per ridurre al minimo la coeluzione e gli effetti di soppressione ionica.



Il sistema 1290 Infinity LC di Agilent assicura risoluzione e sensibilità senza precedenti, ai massimi livelli nel settore per migliori prestazioni complessive HPLC e UHPLC.

La tecnologia HPLC-Chip/MS offre la sensibilità più elevata per piccoli volumi di campione

I sistemi Serie 6500 e Serie 6200 di Agilent sono inoltre perfettamente compatibili con l'innovativa tecnologia HPLC-Chip/MS della Serie 1200, un'alternativa plug-and-play alle complesse separazioni LC in nanoflussi. La tecnologia intuitiva combina le colonne di arricchimento e separazione del campione di un sistema LC Serie 1200 Nanoflow con una punta nanospray integrata, tutto in un singolo chip microfluidico, riutilizzabile, delle dimensioni di un vetrino per microscopio. In questo modo è possibile ottenere risultati affidabili, ad elevatissima sensibilità particolarmente adatti ad applicazioni con proteine e peptidi che utilizzano volumi di campione ridotti.



- L'alta sensibilità garantisce una fedeltà ottimale nei campioni a bassi livelli di concentrazione.
- I picchi cromatografici, più stretti e meglio definiti, riducono la complessità dello spettro MS per una maggiore sicurezza nell'identificazione dei composti.
- Il nuovo HPLC-Chip II è dotato di un filtro carbonio-ioni che consente una riproducibilità ottimale tra chip e tra un'analisi e l'altra, per la massima produttività.
- La maggiore affidabilità della MS nanospray agevola l'individuazione e la conferma dei biomarker, la caratterizzazione degli anticorpi monoclonali integri, l'analisi dei fosfopeptidi e di piccole molecole, come DMPK.

Il software MassHunter aumenta notevolmente la tua produttività

Dall'impostazione dello strumento al report finale, il software MassHunter Workstation di Agilent è concepito per rendere tutte le tue analisi MS più rapide, semplici e produttive. Gli strumenti di analisi dei dati consentono di individuare, confrontare e identificare rapidamente i composti nelle matrici complesse. Le capacità di ricerca dati e navigazione, focalizzate sui composti, razionalizzano e semplificano l'analisi dei dati MS.

Un'interfaccia intuitiva consente di gestire tutte le attività di base associate alle analisi qualitative e quantitative, integrandosi in modo ottimale con il potente software del flusso di lavoro specifico per applicazione di Agilent.

Se la molecola è presente nel campione, MassHunter ti aiuta a individuarla, confrontarla e identificarla.

Algoritmi proprietari garantiscono una ricerca dati completa per il massimo livello di certezza nella conferma e nell'identificazione di composti non noti.

Ricerca in database e libreria integrata e guidata dall'applicazione.

Per aumentare la produttività e semplificare l'identificazione dei composti, il software MassHunter ti consente di eseguire accurate ricerche di massa automatizzate in METLIN e in altri database pubblici e privati. Pesticidi, molecole di interesse forense e tossicologico, e altri composti a basso peso molecolare possono essere ricercati mediante valori accurati di massa e tempo di ritenzione o generando formule molecolari dai dati MS o MS/MS a elevatissima accuratezza.

Semplice individuazione, confronto e identificazione dei composti nell'analisi qualitativa. MassHunter Workstation consente di creare, organizzare, sfogliare, memorizzare e refertare risultati agevolmente, composto per composto.

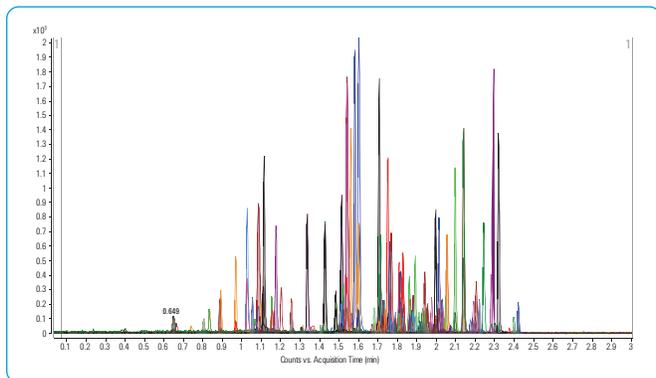


Trova, confronta, identifica e quantifica automaticamente i composti grazie all'esclusiva elaborazione dati composto per composto di MassHunter Workstation.

Soluzioni potenti e intuitive per l'analisi sulla sicurezza degli alimenti e ambientali

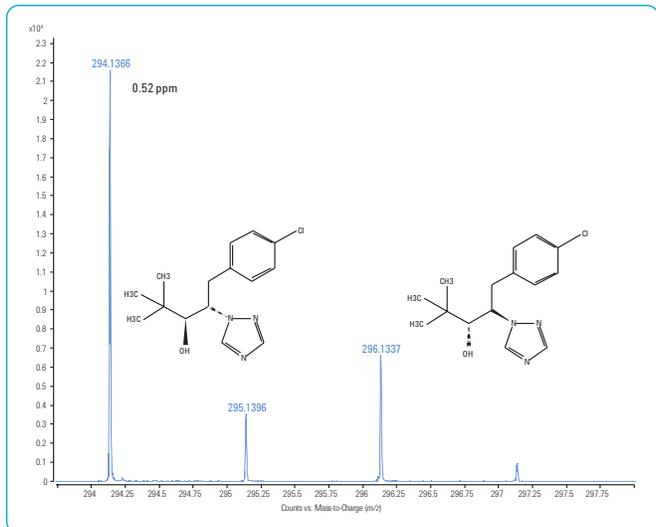
La combinazione di acquisizione spettrale ultrarapida, ampio intervallo dinamico e superiore accuratezza e risoluzione di massa offerte da Agilent ti consente di eseguire lo screening di centinaia di composti in una sola analisi anche nelle matrici più complesse. Il software MassHunter individua i componenti del campione ed esegue automaticamente la ricerca nei database pubblici e privati a disposizione del laboratorio, fornendo risposte rapide ed estremamente affidabili. I nuovi kit applicazione di Agilent includono metodi, reagenti, database di composti e molto altro per consentirti di dedicare più tempo a produrre risultati affidabili anziché occuparti dell'impostazione e della ottimizzazione del sistema.

Screening e identificazione ultrarapida dei pesticidi



Identificazione Q-TOF di 100 pesticidi in meno di tre minuti. La capacità di picco superiore e la rapida acquisizione MS ti consentono di risolvere un gran numero di pesticidi e garantiscono un'elevata sicurezza di identificazione dei composti. La capacità di acquisizione rapida di Q-TOF consente di ridurre significativamente i tempi di analisi acquisendo comunque tutti i dati spettrali. (1290 Infinity LC con colonna ZORBAX RRHD e Q-TOF 6540 Accurate-Mass)

MS ad alta risoluzione, accuratezza di massa inferiore a 1 ppm e fedeltà del picco isotopico a 10 scansioni al secondo



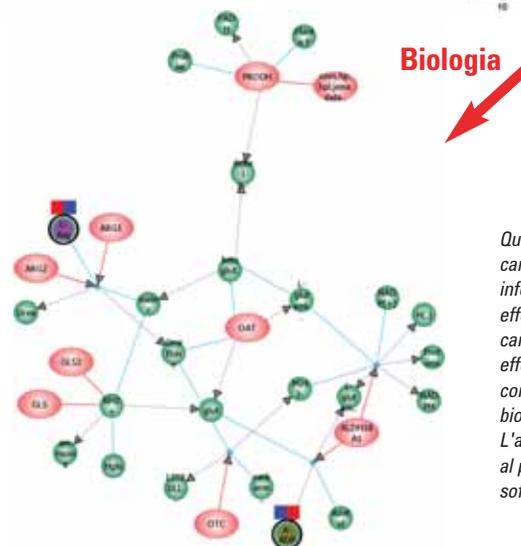
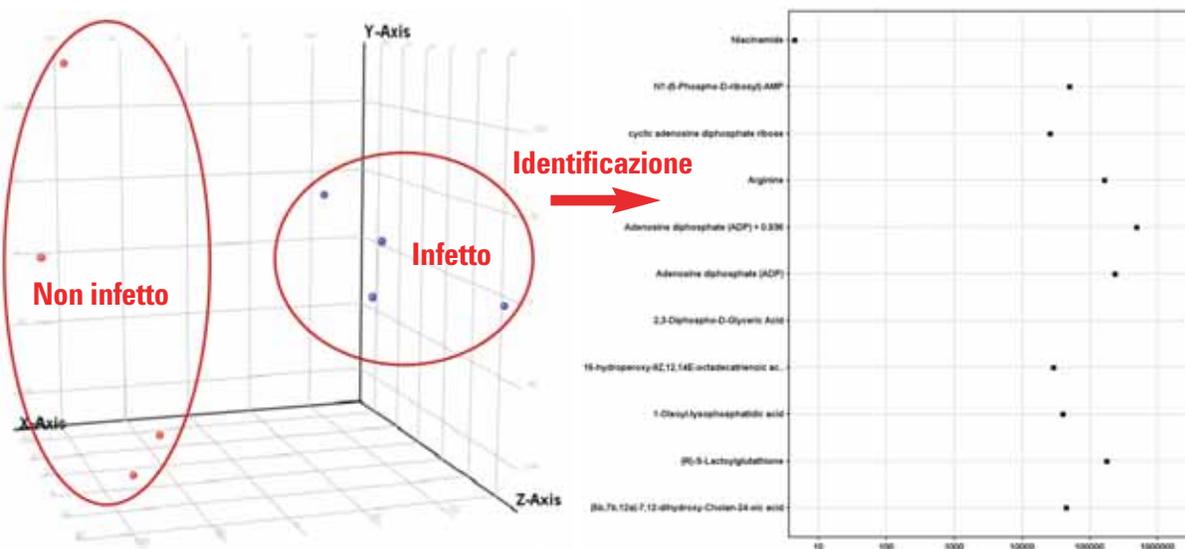
Screening di migliaia di pesticidi in tre minuti. In questo esempio sono stati raccolti 10 punti dati su ciascun picco LC da un secondo, per lo screening di migliaia di pesticidi in un intervallo di tre minuti.

Potenti flussi di lavoro consentono di individuare un numero superiore di biomarker, più rapidamente

La tecnologia Ultra High Definition Q-TOF di Agilent ti consente di individuare rapidamente le differenze nei livelli di espressione fra i gruppi di campioni e identificare potenziali biomarker nei dati LC/MS in massa accurata. Unitamente alle soluzioni software integrate come METLIN Personal Metabolite Database e Mass Profiler Professional di Agilent, la piattaforma offre gli strumenti per comprendere i sistemi biologici complessi.

La sensibilità TOF superiore e cinque ordini di intervallo dinamico consentono di individuare metaboliti ad abbondanza molto bassa in presenza di composti ad abbondanza notevolmente più elevata. La tipica accuratezza di massa, inferiore al ppm, del sistema MS garantisce una maggiore sicurezza nell'identificazione dei composti e riduce i falsi positivi nella ricerca nel METLIN Personal Metabolite Database di Agilent fra oltre 23.000 metaboliti endogeni ed esogeni, lipidi, di e tripeptidi.

Una suite completa di strumenti di ricerca dati metabolomici per profiling, analisi multivariata, identificazione e migliore comprensione del percorso metabolico

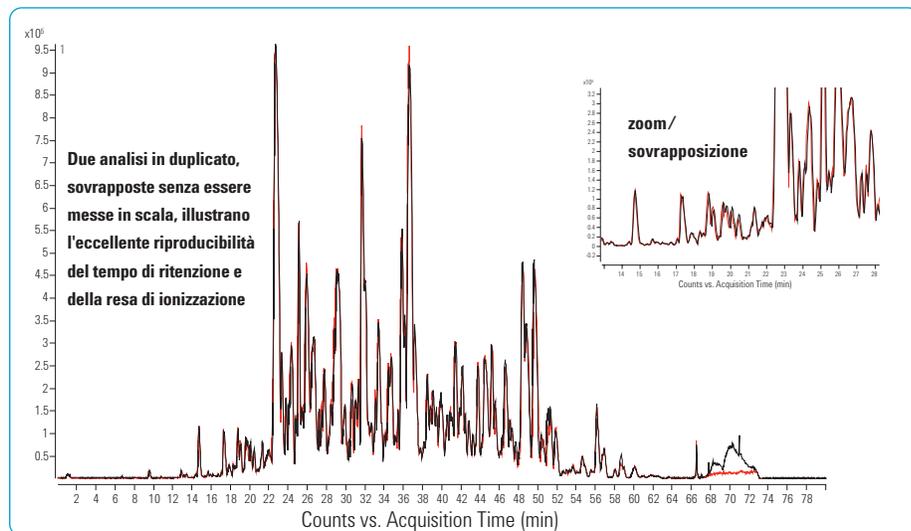


Questa analisi è stata effettuata su due set di campioni in duplicato di eritrociti infetti e non infetti dalla malaria. Un'analisi PCA è stata effettuata per raggruppare correttamente gli otto campioni sulla base di 750 entità. Quindi è stata effettuata un'analisi differenziale che ha consentito di identificare l'arginina come marker biologico significativo per questo studio. L'arginina è stata poi correttamente associata al percorso dell'arginina sintetasi mediante il software Pathway Architect di Agilent.

Identificazione, caratterizzazione e quantificazione di biomolecole nella massima sicurezza

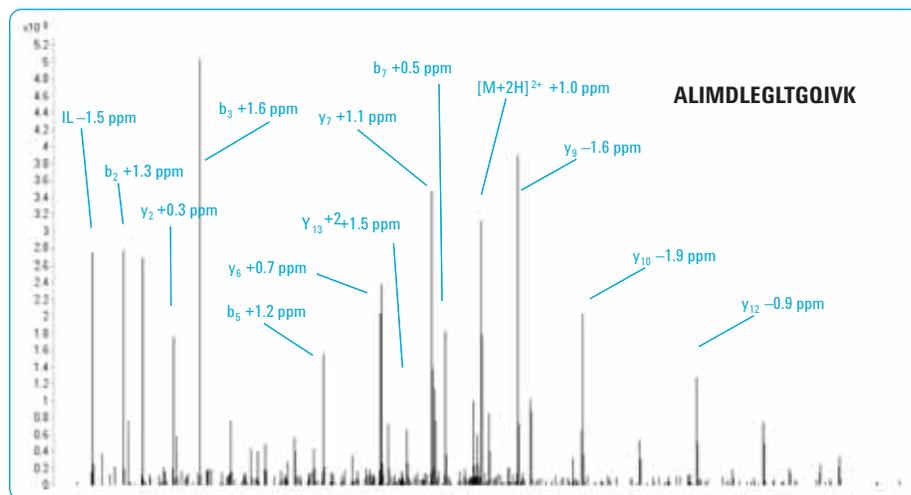
Il sistema HPLC-Chip/MS Serie 1200 di Agilent offre separazioni in nanoflusso rapide, altamente riproducibili, fondamentali per ottenere buoni risultati nell'analisi differenziale e complemento ideale per l'elevata qualità spettrale della piattaforma Q-TOF Accurate-Mass. L'ampio intervallo dinamico, insieme ad accuratezza e risoluzione di massa eccellenti, consentono di ottimizzare le prestazioni di profiling per scoprire un numero superiore di composti ad abbondanza ridotta nonché individuare peptidi e proteine ad alti e bassi livelli di concentrazione.

Eccellente riproducibilità MS



Sono riportati i cromatogrammi sovrapposti per due analisi in duplicato del prodotto di digestione triptica di una frazione SEC di un campione di *Schizosaccharomyces pombe*. I risultati mostrano l'alto livello di riproducibilità sia del tempo di ritenzione che della resa di ionizzazione. (Agilent HPLC-Chip/MS e 6540 Accurate-Mass Q-TOF)

Superiore accuratezza di massa per MS/MS



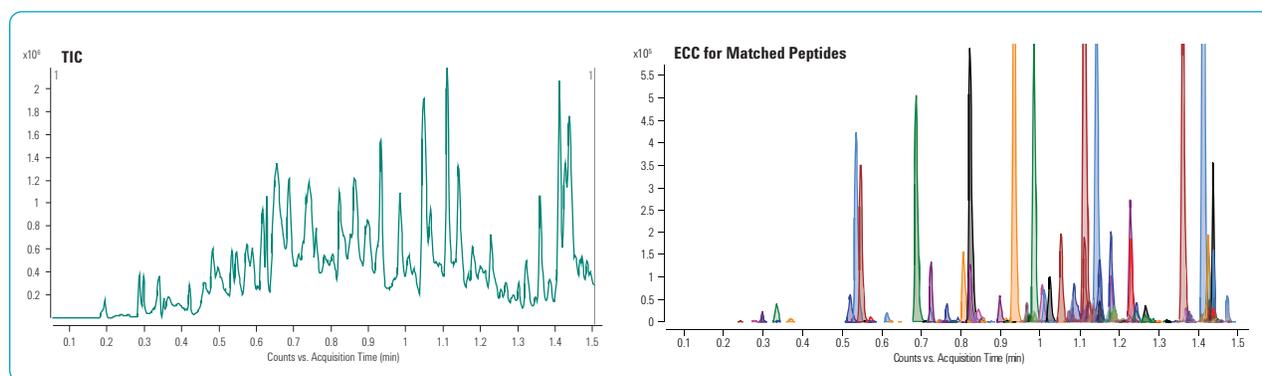
Viene illustrato uno spettro MS/MS per un peptide ALIMDLEGLTGQIVK, da *Schizosaccharomyces pombe*. L'accuratezza di massa media del prodotto è 2,3 ppm. Tutti gli ioni b e y derivati dal peptide vengono visualizzati con i valori corrispondenti di accuratezza di massa. (Agilent HPLC-Chip/MS e 6538 Accurate-Mass Q-TOF)

Conferma affidabile di proteine integre

La caratterizzazione completa delle proteine di interesse, inclusi i dettagli sulla composizione molecolare e le variazioni strutturali, richiede un'analisi accurata e approfondita delle forme integra e digerita. Le misurazioni MS ed MS/MS a elevatissima accuratezza della piattaforma Q-TOF di Agilent garantiscono la massima sicurezza per l'identificazione delle proteine integre. L'elevata risoluzione del sistema consente di risolvere gli stati di carica e fornisce la possibilità di individuare piccole variazioni della struttura, dalle modifiche post-traduzione, alla degradazione e modificazione chimica.

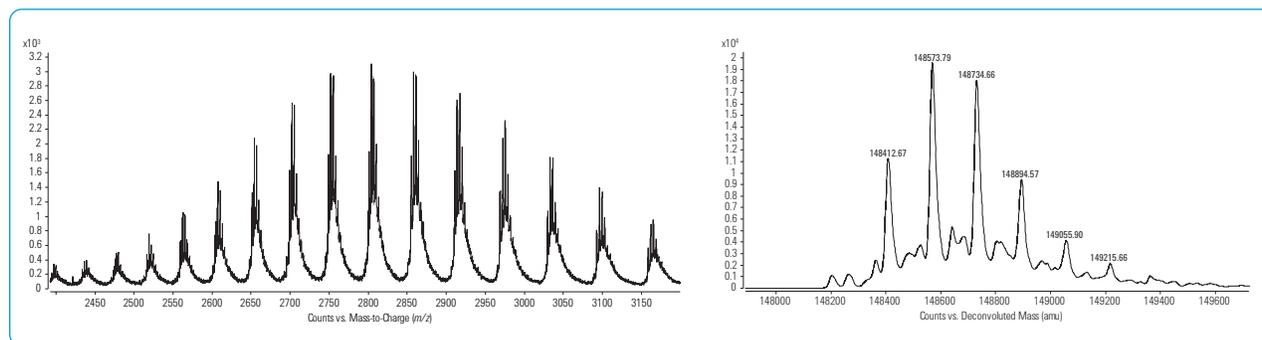
Il software MassHunter BioConfirm offre una deconvoluzione ottimizzata dello spettro di massa e un editor/agente di corrispondenza di sequenze per la mappatura dei peptidi, nonché per prevedere e confermare le modifiche delle proteine, accelerando quindi la caratterizzazione delle proteine ricombinanti e dei peptidi sintetici.

Copertura del 100% della sequenza di un anticorpo monoclonale digerito



Copertura completa della sequenza mAb in meno di due minuti. Questo esempio illustra i cromatogrammi dei composti estratti (ECC) per i peptidi che corrispondevano alla sequenza IgG; sia per le catene leggere che per quelle pesanti è stata ottenuta una copertura del 100% della sequenza. Ad un flusso di 1,6 ml/min con pressione del sistema >1100 bar, il tempo di analisi è stato inferiore ai due minuti. (Agilent 1290 Infinity LC con colonna Poroshell 120 e Q-TOF 6530 Accurate-Mass)

Acquisizione MS e deconvoluzione di anticorpo integro



Spettro MS dell'anticorpo ANTI-FLAG deglicosilato dopo un'iniezione di 600 pg (4 fmol) on-column. Lo spettro deconvoluto sulla destra mostra sei principali glicoforme diverse. L'analisi è stata eseguita mediante HPLC-Chip/MS con chip ZORBAX SB 300-C18 da 43 mm. (Agilent HPLC-Chip/MS e 6530 Accurate-Mass Q-TOF)

Le applicazioni guidate dal flusso di lavoro aumentano potenza e produttività

Per la massima produttività del tuo laboratorio, è possibile integrare senza problemi soluzioni software specifiche in MassHunter Workstation. Fra queste applicazioni:

Mass Profiler Professional

Potente pacchetto software chemometrico che sfrutta al meglio l'elevato livello di informazioni contenuto nei dati MS in massa accurata

Spectrum Mill per MassHunter Workstation

Identificazione, quantificazione relativa e caratterizzazione delle proteine

Software MassHunter BioConfirm

Caratterizzazione delle proteine integre e analisi degli oligonucleotidi

Software MassHunter Metabolite ID

Identificazione dei metaboliti dei farmaci

Software Personal Compound Database & Library

- **MassHunter Personal Forensic and Toxicology Database**
Oltre 7.000 composti presenti
- **MassHunter Personal Pesticide Database**
Oltre 1.600 composti presenti
- **METLIN Personal Metabolite Database Agilent**
Il più completo database di metaboliti endogeni, include oltre 23.000 composti fra i quali 8.000 lipidi

L'assistenza Agilent mantiene l'attività del tuo laboratorio alla massima produttività

Con un livello di soddisfazione clienti del 98%, i tecnici dell'assistenza Agilent sono i più rispettati e competenti del settore. Dall'assistenza per il singolo strumento al gruppo di laboratori fino all'assistenza "multi-vendor", siamo in grado di risolvere i problemi rapidamente, aumentando il tempo di attività e ottimizzando le risorse del laboratorio. Grazie a una gamma di piani di assistenza su misura per le esigenze e il budget del tuo laboratorio, possiamo fornire:

- manutenzione preventiva on-site, che garantisce il funzionamento affidabile del sistema e riduce al minimo le interruzioni non pianificate
- capacità di diagnostica e monitoraggio in remoto, per un'ulteriore "assicurazione di attività"
- risoluzione dei problemi e riparazioni rapide e competenti di strumenti Agilent e di altri produttori
- installazione, prima messa in funzione e formazione avanzata gestite da esperti per consentirti di iniziare il prima possibile a utilizzare i sistemi e per garantirti di ottenere il meglio dalla nuova apparecchiatura Agilent

Ulteriori informazioni

Per saperne di più:

www.agilent.com/chem/qtof

Acquista online:

www.agilent.com/chem/store

Ricerca del centro clienti Agilent della tua zona:

www.agilent.com/chem/contactus

Stati Uniti e Canada

1-800-227-9770

agilent_inquiries@agilent.com

Europa

info_agilent@agilent.com

Asia Pacifico

inquiry_lsca@agilent.com

Unicamente per uso di ricerca. Informazioni, descrizioni e specifiche contenute nella presente pubblicazione sono soggette a variazioni senza preavviso. Agilent Technologies non può in alcun modo essere ritenuta responsabile per errori contenuti in questo documento né per danni incidentali o consequenziali derivanti dalla fornitura, dalle prestazioni o dall'utilizzo del presente materiale.

© Agilent Technologies, Inc. 2010
Stampato negli Stati Uniti, 10 febbraio 2010
5990-4052IT



Agilent Technologies