

CPL/SM à temps de vol Agilent 6210
**Transformez vos échantillons en
informations pertinentes**



Transformez vos échantillons en informations pertinentes

Que vous analysiez des métabolites potentiellement actifs ou des échantillons environnementaux, des protéines ou des peptides de synthèse, les performances analytiques hors du commun du CPL/SM à temps de vol 6210 d'Agilent associées à un logiciel applicatif spécifique et une grande facilité d'utilisation apportent toutes les réponses, pour tous les échantillons.

Des performances à la pointe de l'industrie...

Le CPL/SM à temps de vol Agilent 6210 fait preuve des exceptionnelles performances analytiques dont vous avez besoin. Il :

- Donne des réponses d'une plus grande fiabilité analytique avec une justesse de masse de 2 ppm
- Sépare les mélanges complexes en distinguant les composés recherchés des interférences
- Identifie simultanément les composés à faibles et fortes concentrations grâce à une dynamique très élevée
- Identifie les composés non résolus, même dans les pics chromatographiques les plus fins grâce à une acquisition ultrarapide des données
- Détecte les composés aux plus faibles concentrations grâce à sa sensibilité exceptionnelle
- Collecte plus d'informations sur les inconnus en alternant la polarité de l'acquisition après chaque spectre en particulier avec la source multimode

...obtenues plus facilement

Si la justesse de masse et l'ensemble des performances analytiques du TOF 6210 n'appellent que des superlatifs, son utilisation n'en demeure pas moins étonnamment simple. Les réglages et le système d'introduction du composé de référence de masse entièrement automatisés conduisent à des performances maximales pour un effort minimal.

Le logiciel applicatif spécifique optimise les résultats et maximise la productivité aussi efficacement pour les grandes que pour les petites molécules. L'exploitation est encore facilitée par un logiciel accessible à un personnel non-spécialisé et la révision à distance des données.

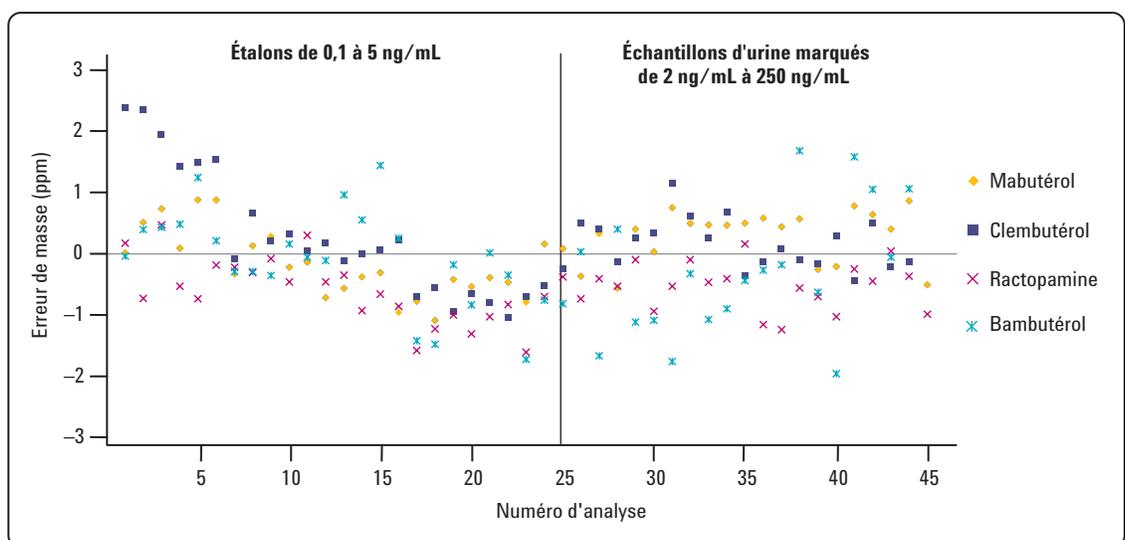
Sa justesse de masse et sa résolution supérieures sont un gage de confiance

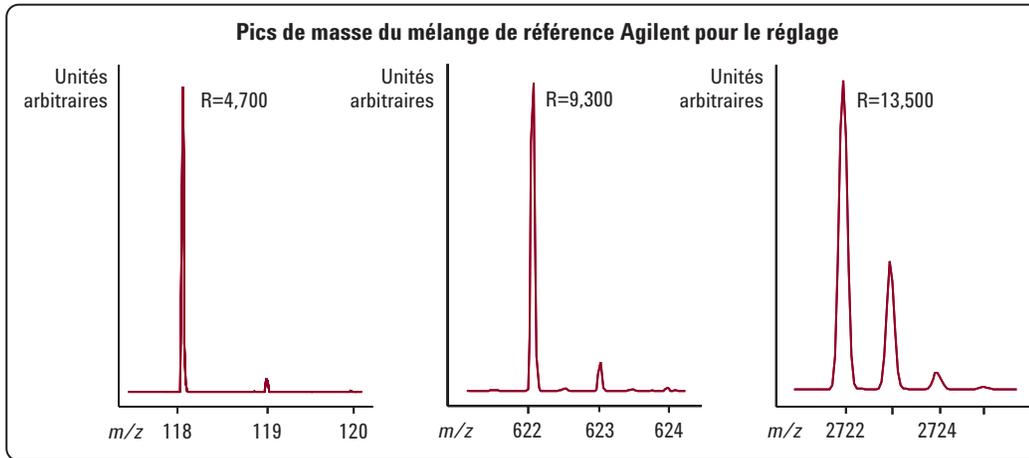
Le TOF 6210 a été conçu dès le départ pour obtenir des caractéristiques - justesse de masse, résolution, dynamique et vitesse d'acquisition spectrale - absolument excellentes simultanément.

Pour les composés de faible poids moléculaire, la justesse de masse de 2 ppm du 6210 peut positivement confirmer la composition élémentaire et identifier les inconnus. Pour les composés de haut poids moléculaire, il permet de réduire considérablement le nombre de possibilités théoriques de sorte que vous pouvez effectuer une identification positive sur la base de la mesure de masse exacte et d'informations complémentaires.

Le pouvoir de résolution hors du commun du 6210 réduit la probabilité d'interpénétration d'un pic de masse d'un analyte avec un ion d'un composé de la matrice de l'échantillon. Le TOF 6210 peut distinguer de nombreux composés de masse nominale identique et identifier directement des variants protéiniques imputables à des modifications post-translationnelles ou des mutations ponctuelles.

Le TOF 6210 mesure en routine avec une justesse de masse de 1 à 2 ppm comme le montrent les résultats de cette séquence de 18 heures d'échantillons d'étalons de β_2 -agonistes et d'urine marquées.

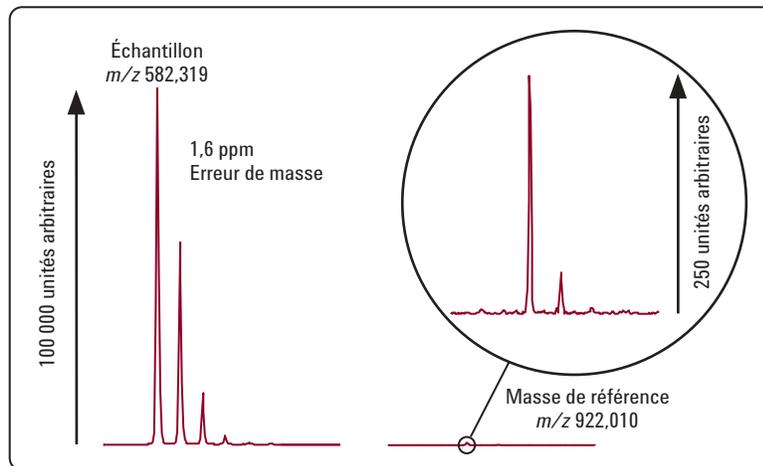




Avec le pouvoir résolutif élevé du TOF 6210, vous mettez de votre côté toutes les chances de distinguer tous les composés de votre échantillon

La grande dynamique permet d'identifier des composés mineurs et simplifie l'utilisation

Le TOF 6210 d'Agilent possède une stupéfiante dynamique couvrant plus de 3 décades — sans recourir à l'atténuation de faisceau que certains TOF concurrents utilisent au détriment de la sensibilité. Cette dynamique vous permet d'identifier les composés les moins abondants, même avec un seul spectre. Cela facilite aussi une exploitation en libre accès sans surveillance car il n'est plus nécessaire d'adapter la concentration des échantillons à la dynamique de l'instrument.



L'étendue de sa dynamique vous garantit d'identifier aussi bien les composés principaux que les composés mineurs et facilite l'emploi d'un étalon interne

L'acquisition rapide des spectres est en phase avec la chromatographie rapide

À une vitesse de 40 spectres/s, le 6210 fournit plus de données que nécessaire pour obtenir des résultats qualitatifs et quantitatifs fiables — même avec la chromatographie la plus rapide. Vous pouvez identifier des composés peu ou très peu résolus, même dans des pics fins d'une à deux secondes de large. L'acquisition spectrale rapide permet également une mesure plus précise de la surface des pics conduisant à une meilleure quantification.

Compatible avec la plus vaste gamme d'applications

Utilisé avec la source, le CPL et le logiciel Agilent approprié, le CPL/SM à temps de vol Agilent 6210 apporte une réponse à de nombreux défis analytiques : de la confirmation de l'identité de produits de synthèse organique jusqu'au profilage rapide de l'expression génique de protéines complexes.

Une source pour chaque analyse

Le TOF 6210 offre l'un des plus grands choix de sources d'ionisation - dont des sources à double nébuliseur. En permettant l'introduction simultanée d'un composé interne de référence de masse au moyen d'un second nébuliseur dévolu à cette tâche, les sources à double nébuliseur conjuguent précision de masse maximale et facilité d'utilisation. Cela permet également un réglage automatisé — rarement rencontré sur les instruments à temps de vol.

- Double électronébuliseur (ESI) : performance et polyvalence
- Double nanonébuliseur : sensibilité accrue
- APCI pour les échantillons les moins polaires ne fonctionnant pas avec l'électronébulisation
- APPI pour les composés qui ne répondent pas suffisamment en ESI et APCI
- Interface CE-TOF pour tirer parti de la résolution élevée de la CE
- PDF-MALDI* pour les applications de protéomique à haute cadence
- Le fonctionnement multimode augmente la productivité par l'acquisition simultanée de données ESI et APCI
- Interface SM pour les puces-CLHP et puce-CLHP Cube pour le nec plus ultra en termes de séparation et de sensibilité



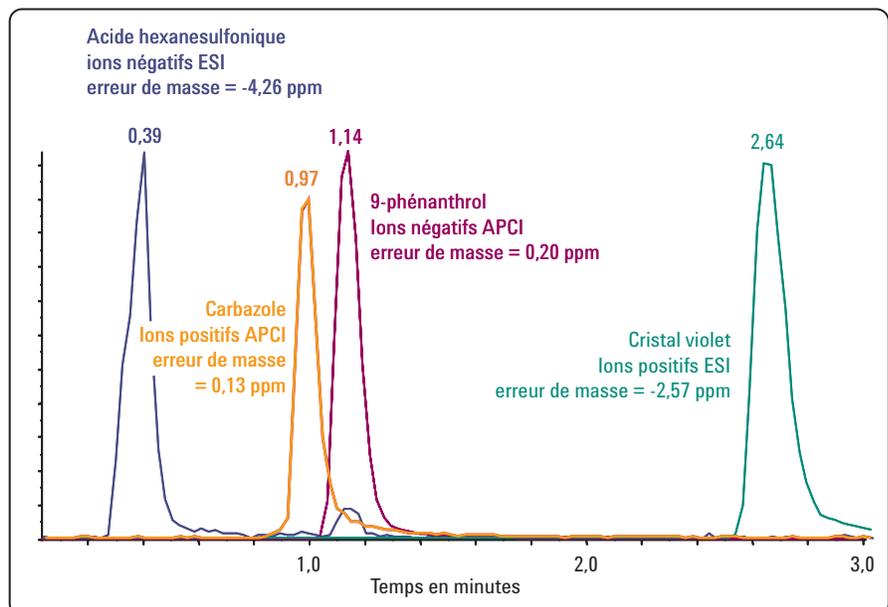
La source ESI à double nébuliseur permet une précision de masse maximale pour un minimum d'efforts



L'interface puce-CLHP Cube / SM procure une sensibilité maximale sans difficulté



La source multimode peut doubler la cadence d'analyse et la productivité



Un TOF 6210 fonctionnant en polarité spectrale alternée avec une source multimode peut identifier en une seule analyse quatre composés répondant chacun à une seule des quatre combinaisons possibles de méthode d'ionisation et de polarité

*La source PDF-MALDI contient un laser de classe I

Analyse simplifiée des petites molécules

Si vous effectuez des criblages à cadence élevée, pour des analyses d'impuretés, environnementales ou médico-légales, le TOF 6210 vous propose :

- Un logiciel de confirmation de formule empirique pour une confirmation positive accélérée des composés attendus.
- Un logiciel de génération des formules empiriques qui s'appuie sur la puissance de la mesure de masse exacte pour identifier les impuretés et d'autres inconnus.
- Un algorithme d'extraction des massifs fonctionnels et de corrélation qui améliore la précision de la détermination de formule empirique et la recherche en base de données.

Analyse améliorée des biomolécules

Si vos recherches comportent des protéines et des peptides, qu'elles soient naturelles ou synthétiques, le 6210 peut être associé au :

- Logiciel de bioconfirmation MassHunter pour confirmer de façon fiable la présence de protéines et de peptides et identifier les variants non attendus ainsi que les vrais inconnus.
- Logiciel MassHunter de profilage qui exploite des outils optimisés pour la localisation des composés et la visualisation des données pour les études d'expression différentielle et la mise en évidence des biomarqueurs.



Productivité et facilité d'utilisation améliorées

Un logiciel complémentaire est disponible pour permettre à un plus grand nombre de chercheurs d'accéder aux puissantes données TOF et de simplifier leur révision.

- Le logiciel MassHunter Easy Access - Permet une exploitation facile de l'instrument, à la portée des non-spécialistes et s'avère idéal en self-service en environnement multiutilisateur.
- Le logiciel d'exploration de données facilite la révision de données depuis des PC distants non équipés du logiciel TOF.

Ces logiciels sont compatibles avec les applications et les logiciels pour les petites molécules et les biomolécules.



Confirmez facilement l'identité de petites molécules et identifiez les inconnus

La justesse de masse de 2 ppm du TOF 6210 s'avère très précieuse, aussi bien pour la confirmation de l'identité de composés connus que pour l'identification d'inconnus. Très souvent, la mesure de masse exacte s'avère suffisante. Il arrive aussi fréquemment qu'elle réduise le nombre des candidats possibles suffisamment pour faciliter considérablement la confirmation ou l'identification.

Confirmez rapidement l'identité des composés

Le logiciel de confirmation empirique de formule vous permet de vérifier rapidement et facilement la présence de composés attendus. En partant d'une formule empirique, il passe en revue les spectres extraits à la recherche des masses attendues. Il tient compte des pertes de neutres, des adduits ainsi que d'autres réactions courantes. Le programme élabore un rapport de confirmation d'une page pour chaque composé recherché.

Identifiez les inconnus avec le logiciel de génération de formule empirique

À partir des résultats de la liste de masse, vous pouvez générer une liste de formules empiriques par ordre de probabilité pour chaque inconnu. Vous disposez d'un grand nombre de paramètres pour personnaliser la génération de la formule :

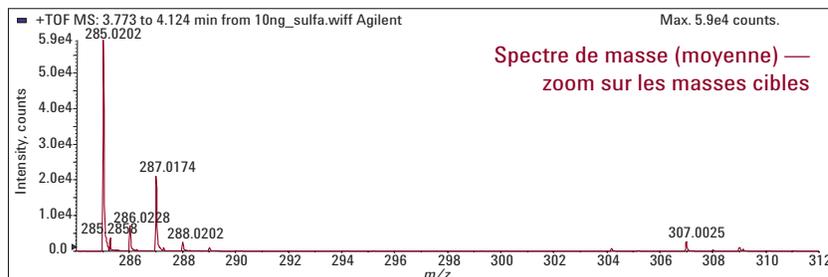
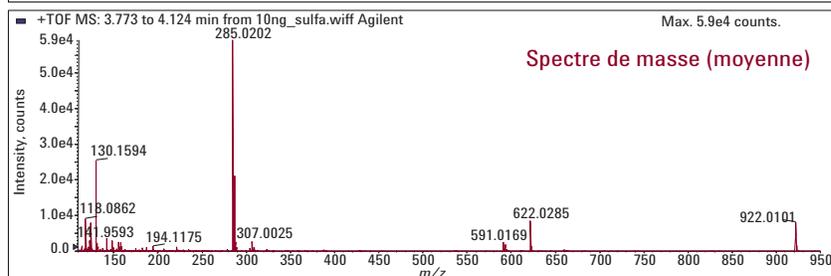
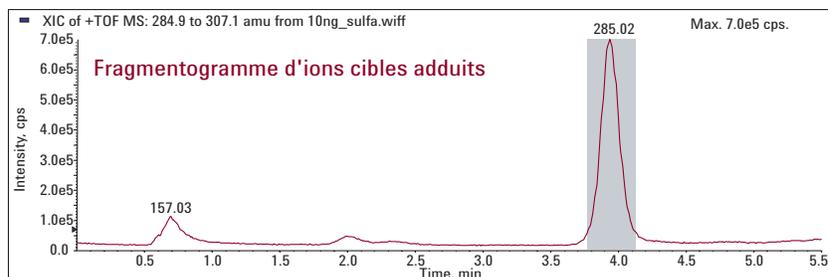
- tolérance de masse,
- liste des éléments possibles,
- valeurs minimales et maximales pour chaque élément,
- parité électronique,
- état de charge,
- plage d'erreur maximale,
- nombre maximal de résultats.

Les résultats peuvent être classés par similarité de rapports isotopiques ou par écart de masse.

Empirical Formula Confirmation Report

Page 1 of 1

Empirical Formula: **C₁₀H₉ClN₄O₂S** Exact Mass: **284.01347** Sample Name: **10 ng sulfa** Sample ID:
Data File Name: **p:\Projects\sulfa 2\Data\10ng_sulfa.wiff** Acq Time: **May 08 2005, 12:05:38 PM**

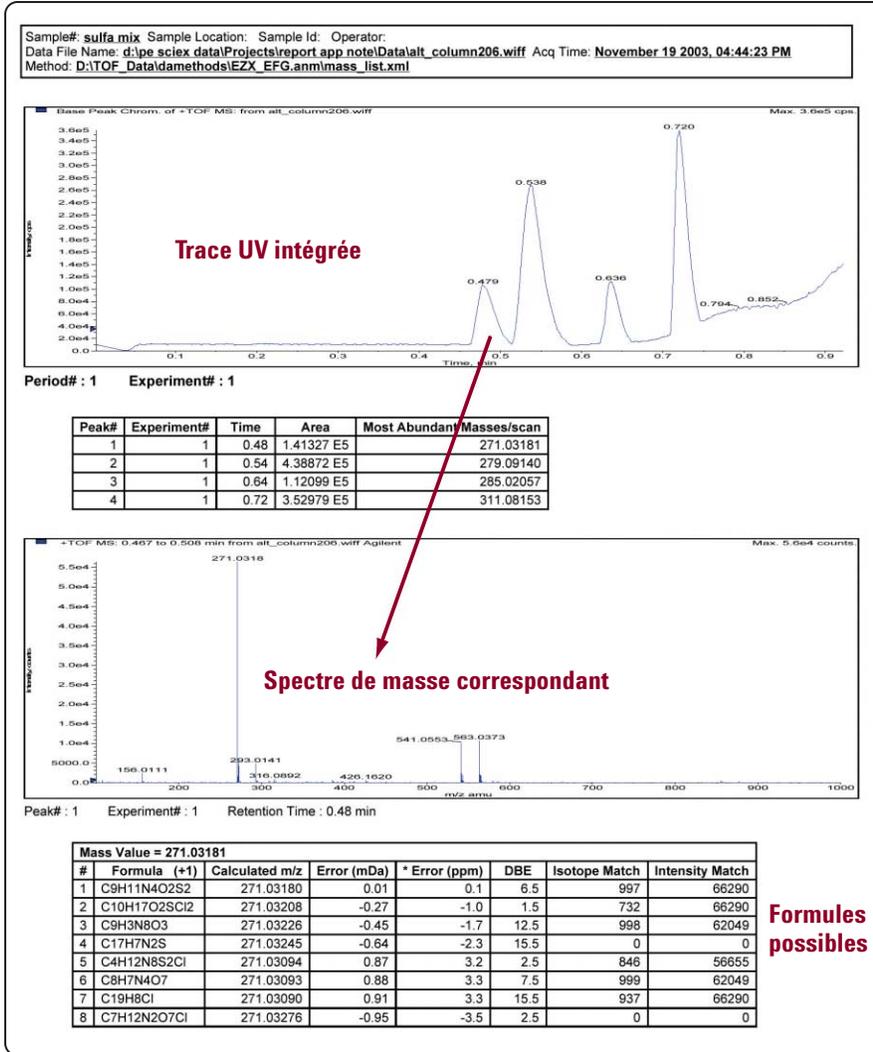


Species	Abundance (counts)	Target Mass (amu)	Measured Mass (amu)	Mass Error (m/z)	Mass Error (ppm)
[M+H] ⁺	59329.42	285.02075	285.02019	-0.00056	-1.97
[M+Na] ⁺	2799.10	307.00270	307.00248	-0.00021	-0.70

Page 1 of 1

Thursday, May 8, 2005

Le rapport de confirmation de formule empirique affiche l'essentiel des résultats pour chaque composé cible



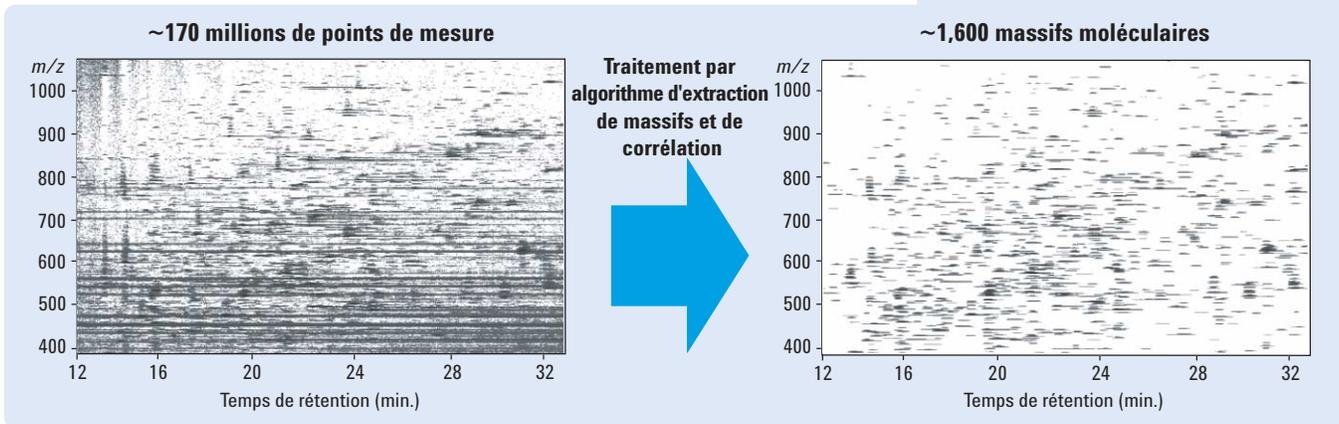
Le programme de calcul de formule empirique fournit la liste des identités les plus probables à partir des données de masse exacte, des informations que vous fournissez sur l'échantillon et des priorités que vous spécifiez

Transformation des données brutes en données utiles

Un nouvel algorithme puissant d'extraction et de corrélation des massifs fonctionnels améliore l'analyse qualitative des mélanges complexes de peptides ou de molécules plus petites. En identifiant dans les données brutes les informations concernées, il accroît la précision des déterminations ultérieures de formules empiriques ainsi que les recherches dans les bases de données.

L'algorithme d'extraction de massifs fonctionnels permet de localiser les groupes d'ions covariants dans un chromatogramme. Chacun de ces groupes représente un composé unique. De ce fait, l'algorithme identifie tous les composants d'un chromatogramme au lieu de se contenter d'identifier les pics chromatographiques qui pourraient cacher plusieurs composés. Cela facilite efficacement la soustraction des données de bruit de fond chimique.

Après avoir identifié les composants et soustrait le bruit de fond, l'algorithme attribue les états de charge. Il identifie également les adduits de sorte que l'ion moléculaire et l'ion d'adduction peuvent être traités comme un seul composé. En outre, l'algorithme identifie les isotopes et mentionne seulement les masses monoisotopiques, pour améliorer la précision de calcul de la formule empirique et les recherches en base de données.



Le traitement des données brutes avec l'algorithme d'extraction et de corrélation de massifs fonctionnels identifie environ 1600 composés parmi les 170 millions de points de données brutes d'un échantillon de BSA marqué à la myoglobine. Nous voyons ici l'agrandissement d'une petite région de l'ensemble des données affichées.

La transformation des données protéomiques en réponses pertinentes

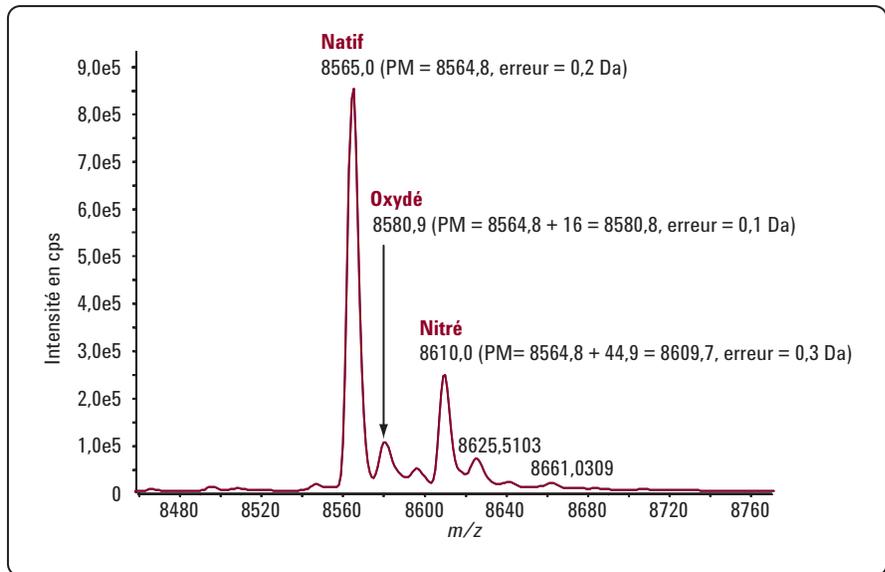
Les caractéristiques exceptionnelles de justesse de masse, résolution et reproductibilité du TOF 6210 en font l'outil idéal pour la recherche sur les protéines. Des logiciels sophistiqués pour la confirmation des protéines et le profilage de l'expression génique facilitent considérablement la transformation de données de qualité en réponses pertinentes.

Confirmez l'identité et identifiez les variants à l'aide du logiciel de bioconfirmation

Si votre recherche concerne la synthèse de protéines ou de peptides recombinants, le logiciel de bioconfirmation Agilent MassHunter vous aidera à confirmer l'identité et à identifier les variants avant que vous ne commenciez des tests onéreux.

Des résultats plus précis avec une déconvolution optimisée

L'analyse des spectres de protéines comme de peptides commence par une déconvolution. À la différence de certains logiciels concurrents, le logiciel de bioconfirmation exploite des algorithmes de déconvolution distincts, l'un optimisé pour les protéines, l'autre pour les peptides.



Le logiciel de bioconfirmation MassHunter est capable de distinguer des formes modifiées de protéines comme le prouve le spectre déconvolué de trois produits principaux dans un échantillon d'ubiquitine traité au peroxy-nitrite

Sample Name: *Beta-Lac-2pmol* Method Name: *F:\TOF\data\methods\protein_small_tol_25_anm*
Data File Name: *F:\TOF\data\BetaLac.wiff* Acq Time: *March 16 2004, 09:52:16 AM*

Target Proteins

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

Variants A et B

Other Proteins

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
18410.8222	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

Autres, protéines non-cible trouvées

Une meilleure extraction des massifs moléculaires améliore l'identification des peptides

Le logiciel MassHunter de bioconfirmation utilise un algorithme d'extraction et de corrélation des massifs fonctionnels pour localiser très précisément tous les composés —et non pas seulement tous les pics— Vous pouvez importer les listes de masses résultantes dans un programme de recherche en base de données comme le logiciel " Spectrum Mill for MassHunter " d'Agilent pour une identification rapide par l'empreinte massique de peptides.

Confirmation rapide et efficace des protéines recombinantes...

Le logiciel de bioconfirmation vous aide à confirmer rapidement et efficacement l'identité de protéines recombinantes intactes. Pour chaque échantillon, il élabore un rapport de confirmation de protéines qui vérifie les protéines attendues, donne la liste des poids moléculaires et d'autres données pour les variants et impuretés non prévus.

Partie du rapport de confirmation des protéines d'une analyse de β -lactoglobuline montrant les protéines cibles (les variants A et B) confirmées avec une marge d'erreur de l'ordre de la ppm

...et l'identification de variants fortuits

Lorsque le logiciel de confirmation trouve des variants non prévus, une digestion protéolytique et une nouvelle analyse avec la fonction de cartographie massique du logiciel de bioconfirmation permettent d'identifier les parties de la séquence réelle qui correspondent à la séquence attendue et les parties qui ne correspondent pas et fournissent par conséquent des informations importantes sur le site et la nature de la variation.

Logiciel de profilage des expressions pour découvrir efficacement les biomarqueurs — et plus encore

Par un choix d'un CPL et d'une source Agilent appropriés, le TOF 6210 devient un outil extraordinaire pour profilage rapide et efficace des expressions géniques. Le logiciel de profilage MassHunter d'Agilent facilite cette opération avec ses outils optimisés à la fois pour la localisation des composés et la visualisation des données. Le profilage de l'expression génique des glycanes libres débouche sur des applications d'AQ/CQ des glycoprotéines.

Localisation des composés d'efficacité supérieure.

Le logiciel de profilage MassHunter utilise un algorithme d'extraction et de corrélation des massifs fonctionnels qui localise tous les composés avec une précision accrue, même dans les mélanges très complexes de peptides.

Des outils statistiques puissants de comparaison et de visualisation

Le logiciel de profilage MassHunter fait des comparaisons statistiques des résultats de deux échantillons et affiche de nombreuses variables comme la masse, le temps de rétention ou l'abondance sous forme de tableaux ou de graphiques.

Peptides produits par digestion simulée

Index	Location	Target Mass	Links	Sequence	Modifications	Reagent	Missed Cleavage
1	A(1-6)	728.4116		MRPAVR		Trypsin	0
2	A(7-23)	1840.9539		ALLCAVLGLCLADPER	Alkylation (iodoacetamide)(...)	Trypsin	0
3	A(24-26)	374.2278		TVR		Trypsin	0
4	A(27-37)	1345.6085		WCTISTHFANK	Alkylation (iodoacetamide)(...)	Trypsin	0

Index	RT (min)	Abundance	Measured Mass	Theoretical Mass	Delta ppm	Location	Sequence	Modificati...	Links	Reagent	Descripti...
1	0.2658	5.8694	1345.6052	1345.6085	-2.4611	A(27-37)	WCTISTHFANK	Alkylation...		Trypsin	Complete
2	0.2300	2.7771	1345.6038	1345.6085	-3.4558	A(27-37)	WCTISTHFANK	Alkylation...		Trypsin	Complete
3	0.2981	22.5838	1345.6044	1345.6085	-2.5936	A(48-53)	ILESGLFVSCVK	Alkylation...		Trypsin	Complete
4	0.7089	157.2395	374.2278	374.2278	0.0000	A(69-106)	AISNNEADAV...			Trypsin	Complete
5	0.2808	21.2998	1603.7948	1603.7995	-2.9118	A(107-120)	DNPOTHYYA...			Trypsin	Complete

Colonnes masse mesurée & masse théorique

Si l'analyse de protéines recombinantes indique que la protéine correcte n'a pas été produite, l'éditeur /comparateur interactif de séquence aide à localiser le site de la variation

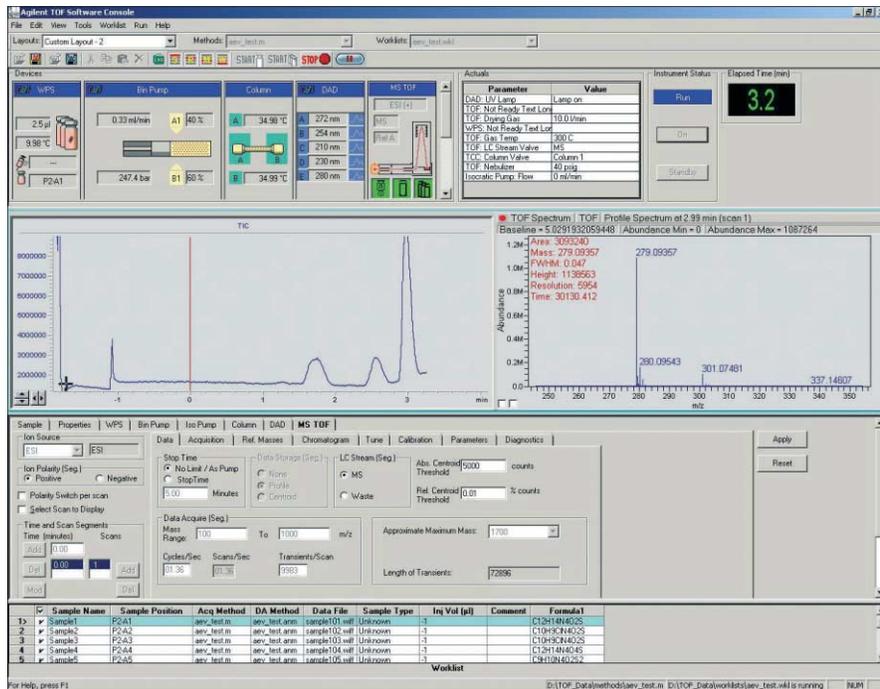
120fmol-Myo-60fmol-BSA vs. 30fmol-Myo-60fmol-BSA

ID	RT	Feature Name	120fmol-Myo-60fmol-BSA			30fmol-Myo-60fmol-BSA			Comparison												
			abundance	S.D.	mark	abundance	S.D.	mark	Difference	log2(A1/A2)	Diff. Score										
410	21.346	0.023	1379.6777	0.0040	0.86	6	30.190	1379.6771	1.42	0.57	4	30.190	1379.6796	0.35	1.42	-0.042	0.0077	2.01	2.01	96.3	
411	21.922	0.007	2384.8410	0.0055	-2.75	7	23.998	2384.8414	4.37	0.79	4	21.077	2384.8434	1.05	1.07	3	0.010	-0.0005	-2.00	-2.00	92.1
412	16.440	0.138	1545.6593	0.0021	2.46	11	16.576	1545.6577	0.96	1.64	3	16.338	1545.6587	3.95	0.80	4	-0.238	0.0010	-2.00	2.00	91.8
413	18.916	0.019	1432.6114	0.0045	0.64	10	18.528	1432.6109	0.26	2.24	1	18.911	1432.6115	1.63	0.99	4	-0.023	0.0006	-2.00	2.00	92.7

Du BSA marqué à la myoglobine en 2 concentrations différentes simule un échantillon biologique de protéines exprimées différemment. Le logiciel de profilage MassHunter identifie sans ambiguïté les ions des myoglobines présentes à "différents degrés" d'expression génique. Les informations spécifiques à chaque massif fonctionnel s'affichent dans la table des massifs et peuvent apparaître dans des bulles contextuelles individuelles.

Un logiciel bien conçu, c'est l'assurance d'une productivité maximale

Le TOF 6210 exploite le logiciel d'acquisition de données MassHunter d'Agilent pour simplifier la configuration et les modes opératoires ainsi que pour maximiser les cadences d'analyse indépendamment de l'application.— Un logiciel complémentaire améliore la productivité en facilitant l'utilisation partagée en libre-service de plusieurs utilisateurs ainsi que la révision à distance des données.



Le logiciel d'acquisition de données et de commande de l'instrument est très complet et facile à utiliser. Votre instrument vous obéit au doigt et à l'œil

Configuration et acquisition sont plus rapides et plus faciles que jamais

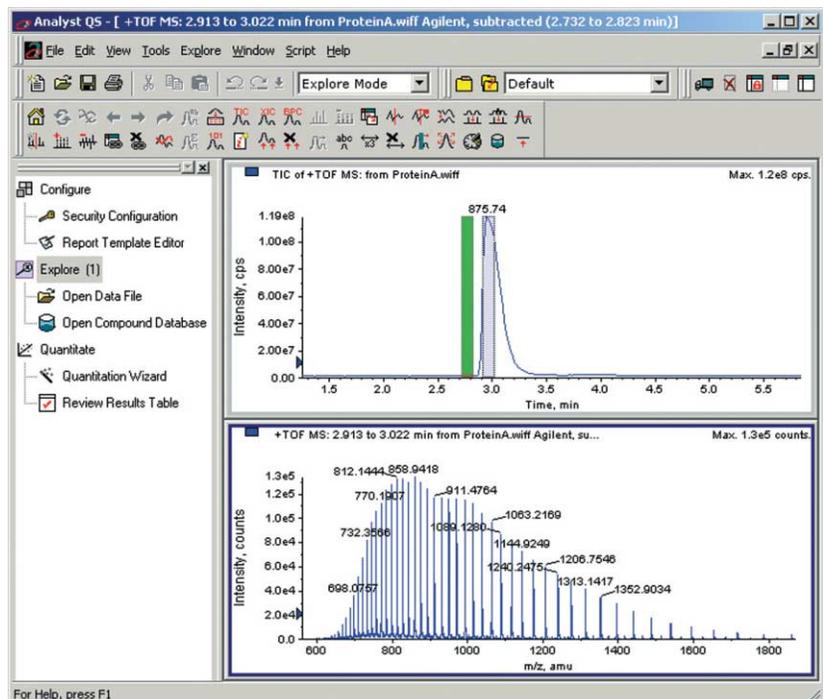
Que vous soyez un expert ou un nouveau venu, le logiciel CPL/SM MassHunter pour station de travail simplifie considérablement l'exploitation de votre système CPL/SM.

- Réglage automatique - Un programme d'autoréglage fiable et éprouvé aboutit aux performances maximales avec un minimum d'efforts.
- Gagnez du temps en configurant les analyses - Importez directement les listes de travail d'une feuille de calcul comme Excel de Microsoft® Excel.
- Opérez à partir d'une interface utilisateur unique - Il est possible de configurer l'interface commune pour le CPL et la SM afin qu'elle affiche uniquement les informations dont vous avez besoin.

Le logiciel de traitement des données comprend toute une série d'outils très efficaces pour l'analyse qualitative et quantitative

Un puissant traitement de données

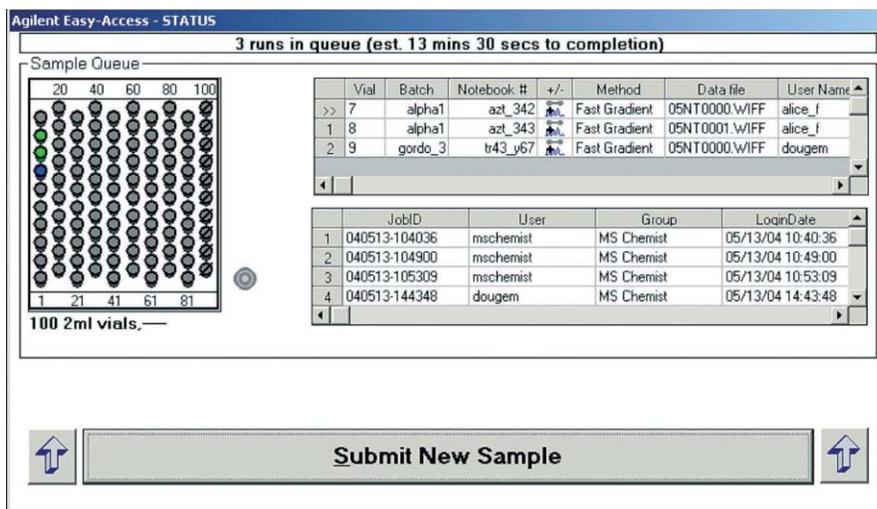
Le logiciel de traitement des données fournit à la fois des réponses quantitatives et qualitatives. Sa puissance s'exprime davantage encore avec les progiciels applicatifs spécifiques pour la confirmation et l'identification des petites molécules, la confirmation des protéines ou le profilage de l'expression génique.



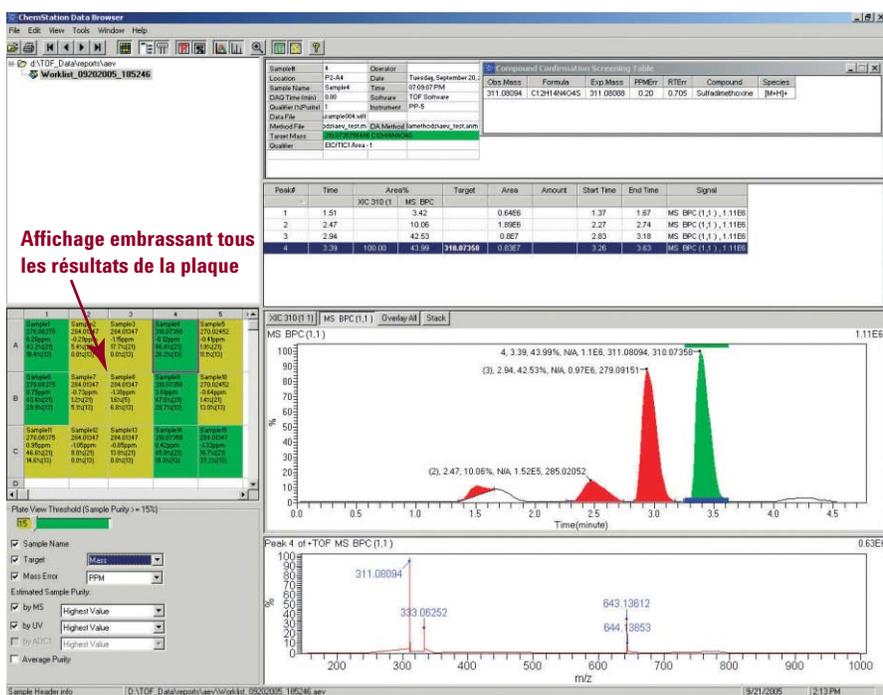
Microsoft est une marque de Microsoft Corporation déposée aux États-Unis.

Accès aisé, aux mesures de masse exacte à 2 ppm

Le logiciel MassHunter Easy Access Agilent facilite grandement l'accès avec une bien meilleure précision que les instruments de routine ne le permettaient jusqu'à présent. Le logiciel MassHunter Easy Access vous permet de vous contenter d'une approche basique de votre TOF : il vous suffit d'entrer quelques informations élémentaires et de choisir une méthode analytique sur une liste. Le logiciel va jusqu'à vous indiquer où placer le flacon d'échantillon. Vous pouvez sélectionner les éléments de résultat dont vous avez besoin, le logiciel les distribue par courriel.



Le logiciel Easy Access offre une interface utilisateur simplifiée compréhensible par tous, permettant au débutant comme à l'expert de confirmer les produits de synthèse et d'identifier les inconnus



L'explorateur de données facilite la révision à distance des données

Le logiciel d'exploration de données Agilent vous permet de réviser tous les résultats de votre TOF sans qu'il soit nécessaire d'installer le logiciel TOF sur votre PC. Il forme un complément idéal à l'accessibilité aux débutants du logiciel TOF. Ce dernier vous permet en effet d'envoyer des fichiers par courriel sur votre PC de bureau où l'explorateur autorise une révision rapide et aisée des données reçues.

Pour accélérer la cadence de confirmation, le logiciel d'exploration de données affiche les résultats d'une plaque à puits complète en un graphique commun. Le code de couleur met en évidence instantanément les synthèses réussies. Il peut également fournir les masses erronées et les données de pureté des échantillons.

La révision à distance des données TOF indépendante de l'application est facilitée par le logiciel d'exploitation de données

Pour l'analyse des inconnus, l'explorateur de données fournit les formules empiriques ou les résultats des recherches en base de données.

Pour plus d'informations

Pour en savoir plus :
www.agilent.com/chem/tof

Achetez en ligne :
www.agilent.com/chem/store

Trouvez un Centre d'assistance Agilent dans votre pays :
www.agilent.com/chem/contactus

Spécifications

Gamme de masse
 m/z 50 - 12 000

Justesse en masse
< 2 ppm (v. efficace), mesurée sur l'ion (M + H)⁺ de la réserpine (m/z 609.2807) avec le composé interne de référence

Résolution
supérieure à 13 000 mesurée à m/z 2722

Vitesse d'acquisition spectrale
20 spectres/s de m/z 100 à 3000

40 spectres/s de m/z 100 à 1000

Spécification de sensibilité rapport S/B (crête-à-crête) > 10:1
sur l'ion (M + H)⁺ à m/z 609,2807 pour l'injection en CPL/SM de 10 pg de réserpine sur la colonne

Conditions
Colonne - ZORBAX Rapid Resolution SB-C18 2,1-30 mm 3,5 µm

Phase mobile - eau/méthanol 25 %/75 %, acétate d'ammonium 5 mM

Débit - 400 µl/min

Commutation de polarité
commutation de polarité spectre à spectre au rythme d'1 cycle complet positif/négatif par seconde

Service après-vente et assistance d'envergure mondiale

Ce n'est pas par hasard si Agilent est réputé avoir l'un des services d'après-vente et d'assistance les plus efficaces qui soient dans le domaine des sciences de la vie. Nos outils sophistiqués de communication et nos infrastructures nous permettent de travailler en toute efficacité dans plus de 40 pays. Nous pouvons vous apporter notre assistance où que vous soyez. Notre approche globale du service ne nuit nullement à la finesse de notre écoute : nous restons attentifs au moindre détail, même local.

États-Unis et Canada

1-800-227-9770
agilent_inquiries@agilent.com

Europe

info_agilent@agilent.com

Asie pacifique

adinquiry_aplpsca@agilent.com

Utilisation uniquement en recherche. Les informations, les descriptions et les spécifications publiées ici peuvent être modifiées sans préavis.

Agilent Technologies décline toute responsabilité pour les erreurs du présent document ainsi que pour les dommages fortuits ou consécutifs à la fourniture, l'utilisation ou la performance de ce dernier.

© Agilent Technologies, Inc. 2006
Imprimé aux Pays-Bas le 15 avril 2006
5989-3600FR



Agilent Technologies