



Système 7200 Q-TOF Agilent pour la GC/MS

Minimisez les faux positifs et analysez en toute confiance à la fois les composés cibles et inconnus

Haute résolution. Masse exacte. Sensibilité du spectre Full Scan. Vitesse d'acquisition rapide.

Le système 7200 Q-TOF Agilent repousse les limites de la technologie GC/TOF en combinant la puissance de séparation du système 7890A GC Agilent avec les performances spectrales en haute résolution d'un analyseur TOF. Avec son concept innovant de source ionique, un filtre de masse à quartz haute température, une cellule de collision ultra efficace, une fréquence d'échantillonnage des données de 32 Gbit/s et des composants électroniques ADC TOF thermostabilisés, le système 7200 Q-TOF Agilent fournit une sélectivité de détection supérieure et une formulation moléculaire précise pour une confirmation structurale vous permettant de relever tous vos défis analytiques avec confiance.

- Métabolomique et métabonomique
- Résidus de pesticides et contrôle qualité en agroalimentaire
- Recherche alimentaire, arômes et parfums
- Recherche en produits naturels
- Dopage, humain et animal
- Contaminants environnementaux
- Pétrochimie et recherche énergétique
- Médecine légale, toxicologie
- Recherche et surveillance de matériaux
- Confirmation et contrôle qualité des produits de synthèse
- Sécurité nationale



The Measure of Confidence



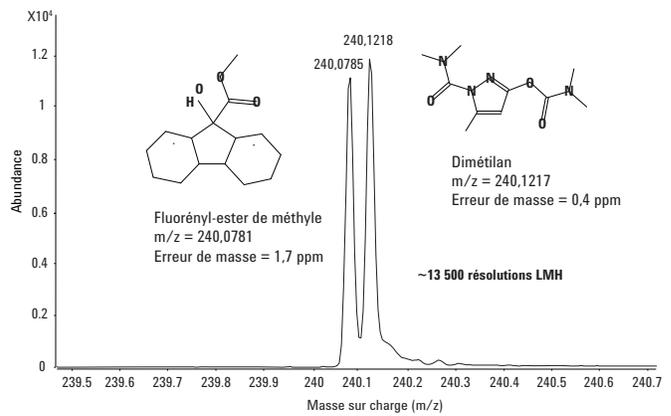
Agilent Technologies

Vos meilleures réponses qualitatives et quantitatives commencent avec la puissance des technologies TOF et Q-TOF

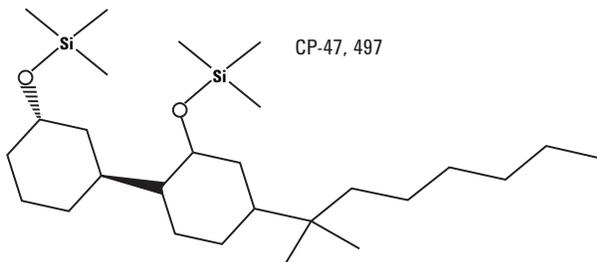
La résolution chromatographique et spectrale de la GC/TOF MS capillaire, combinée avec la déconvolution spectrale MassHunter, vous permettent d'analyser la plupart des composés cibles et de nombreux inconnus en mode TOF.

Il arrive parfois que les matrices complexes défient le pouvoir de résolution de la technologie TOF, ou que l'identité d'un composant ne puisse pas être déchiffrée grâce aux données TOF de masse exacte. La solution : passer le spectre du produit en mode Q-TOF haute résolution, celui-ci supprime l'interférence de la matrice et clarifie les schémas de fragmentation pour guider l'élucidation structurale des inconnus, et ce même au niveau traces.

Il en résulte une puissante association dont les capacités dépassent toute autre technologie GC/TOF existante.

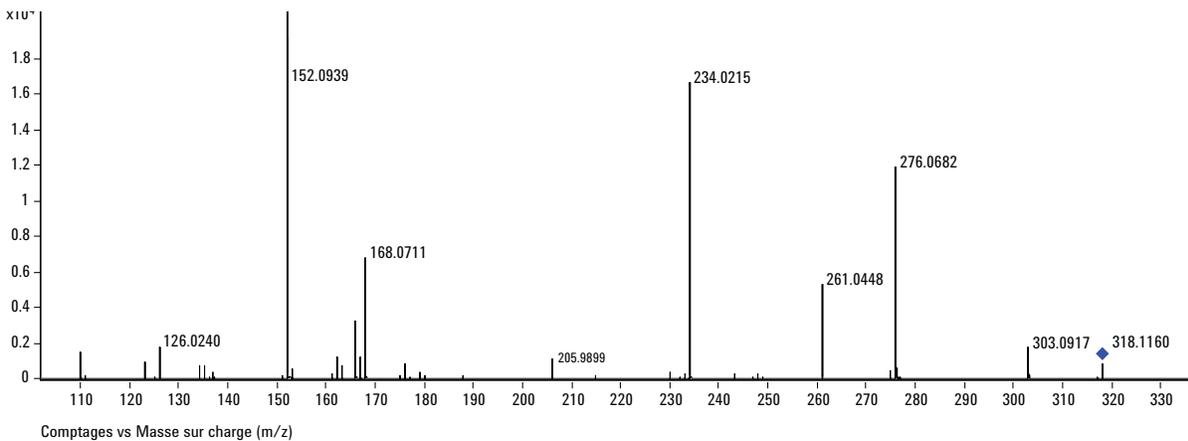


Puissance de résolution supérieure pour la détection des pics d'intérêt : le système 7200 Q-TOF résout aisément deux composés ayant des masses nominales de 240 u, dont les masses exactes diffèrent seulement de 0,0436 u



n (Analyses) = 10	Erreur (ppm)			
	Ion moléculaire : m/z 462,3344		Ion fragment : m/z 377,2326	
	100 pg	10 pg	100 pg	10 pg
Erreur moy., ppm	0,30281	0,82192	0,45065	0,47716
Écart type	0,18239	0,57498	0,45143	0,30095

Précision de masse exceptionnelle qui accroît votre confiance analytique : l'étalonnage de la masse selon une référence interne assure l'identification précise et exacte des valeurs m/z (10 replicats à 10 et 100 pg sur colonne).



Spectre produit en mode Q-TOF (Tebupirimphos) : la résolution du système 7200 Q-TOF améliore la sélectivité MS/MS tout en produisant des informations de masse exacte et une excellente sensibilité.

Un concept qui a fait ses preuves et qui offre des améliorations de pointe

Le double miroir d'ions améliore la focalisation de second ordre pour la résolution des masses élevées.

Les composants électroniques 4GHz ADC permettent une haute fréquence d'échantillonnage (32 Gbit/s) qui améliore la résolution, la précision de masse et la sensibilité pour les échantillons à faible abondance. Les amplificateurs double gain traitent simultanément les signaux du détecteur à travers des voies dotées à la fois d'un gain faible et d'un gain élevé, ce qui étend la plage dynamique jusqu'à 10^5 .

L'analyseur quadripôle monolithique à quartz HT et la cellule de collision sont identiques au système quadripôle 7000 MS/MS.

La nouvelle source ionique amovible inclut repousseur, volume d'ion, lentilles d'extraction et filament(s).

La turbopompe de séparation de flux produit un pompage différentiel des compartiments de la source ionique et de l'analyseur quadripolaire.

Le tube de vol INVAR exclusif, scellé dans une coquille sous vide, élimine la dérive thermique de la masse due aux changements de température, afin de maintenir une excellente précision, 24 heures sur 24 et 7 jours sur 7. Sa grande longueur améliore également la résolution de masse.

À l'inverse des détecteurs TDC (time-to-digital) qui enregistrent les événements à ion unique, **le détecteur ADC (analog-to-digital)** enregistre les événements à ions multiples, permettant une justesse de masse très précise dans une large gamme de masses et avec une gamme dynamique de concentrations très étendue.

Un composé de masse de référence interne peut être fourni à la source, à des concentrations basses et élevées.

Les ions sont accélérés dans la **cellule de collision hexapolaire** pour permettre la génération plus rapide d'un spectre MS/MS de haute qualité.

Pour en savoir plus sur le système Q-TOF Agilent pour la GC/MS, rendez-vous sur www.agilent.com/chem/GCMS_QTOF

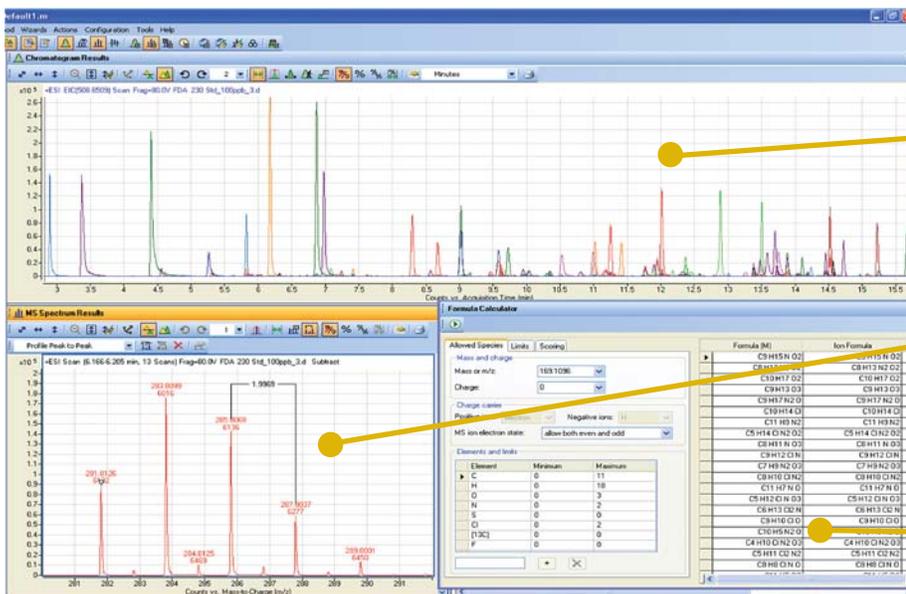
Le logiciel MassHunter vous permet de consacrer *moins* d'attention au logiciel et *plus* à l'analyse des données TOF

Depuis la configuration de l'instrument jusqu'au rapport final, le logiciel MassHunter Workstation Agilent rend vos analyses TOF et Q-TOF plus rapides, plus faciles et plus rentables grâce à ses fonctionnalités de pointe :

- les outils d'analyse des données vous permettent de trouver, comparer et identifier rapidement vos composés ;



- les outils **qualitatifs** mettent en valeur le spectre de masse exacte en mode TOF et le spectre produit en mode Q-TOF ;
- la **collecte et l'exploration des données centrées sur le composé** rationalisent et simplifient l'analyse des données de MS ;
- la **déconvolution de nouvelle génération** permet l'extraction des informations spectrales dans les séparations complexes ;
- la **fonction Mass Profiler Professional** identifie automatiquement les différences significatives entre les ensembles d'échantillons, et confirme l'identification par des recherches dans la bibliothèque consacrée aux masses exactes.



Chromatogrammes superposés pour chaque composé trouvé.

Spectre de masse du composé affichant la différence de valeur m/z entre deux fragments d'ion grâce à l'option Mass Caliper.

Proposition de formule brute pour l'ion moléculaire et les fragments basés sur la masse exacte des ions.

Accroît votre confiance analytique par ses capacités de haute résolution, masse exacte et sensibilité du spectre total.

Pour connaître les caractéristiques détaillées de l'instrument ou demander une cotation, rendez-vous sur www.agilent.com/chem/GCMS_QTOF

Ces informations sont susceptibles de changer sans notification préalable.

© Agilent Technologies, Inc. 2011
Imprimé aux États-Unis, le 23 mai 2011
5990-8194FR

