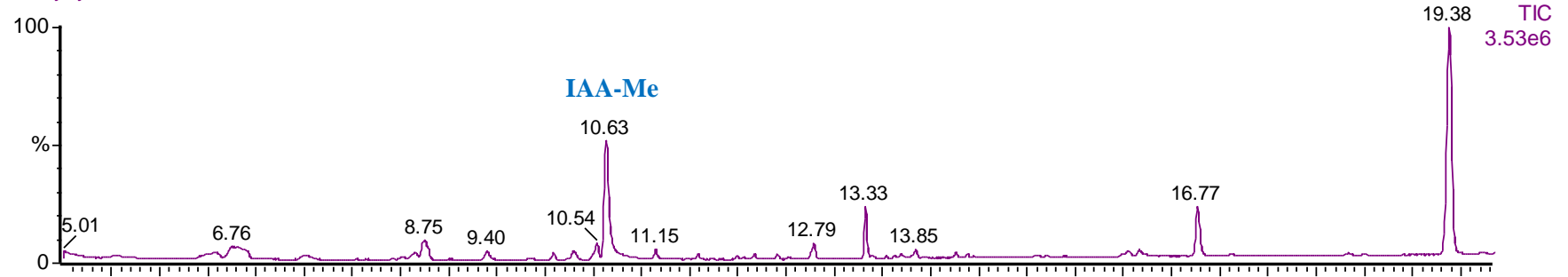


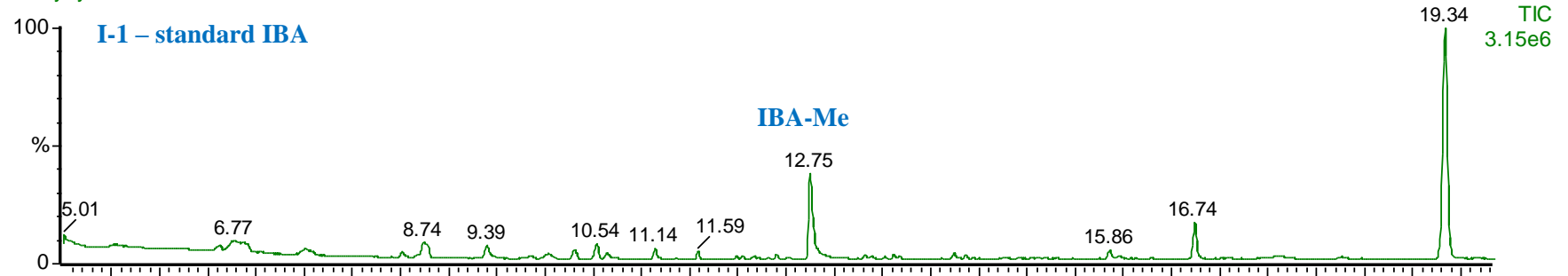
### I-1 - standard IAA

Auksyny75



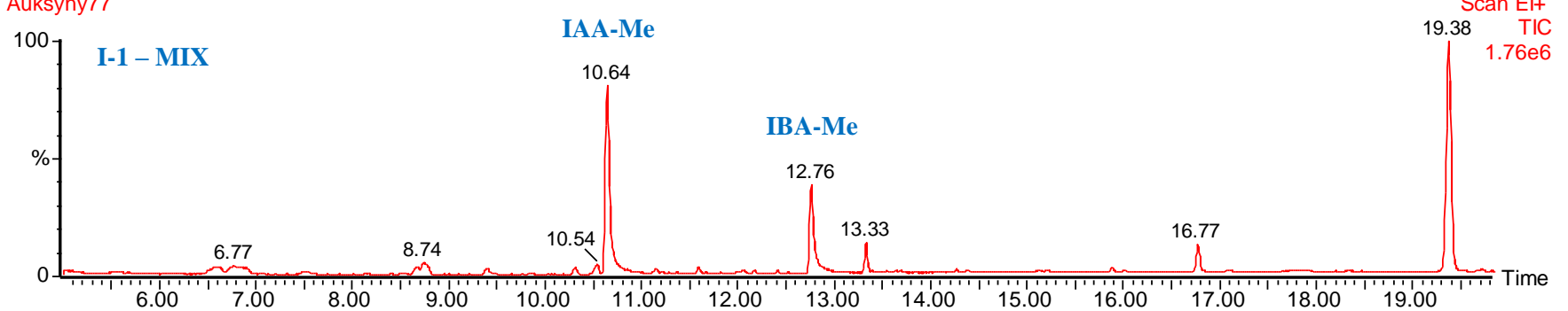
Auksyny76

### I-1 - standard IBA



Auksyny77

### I-1 - MIX

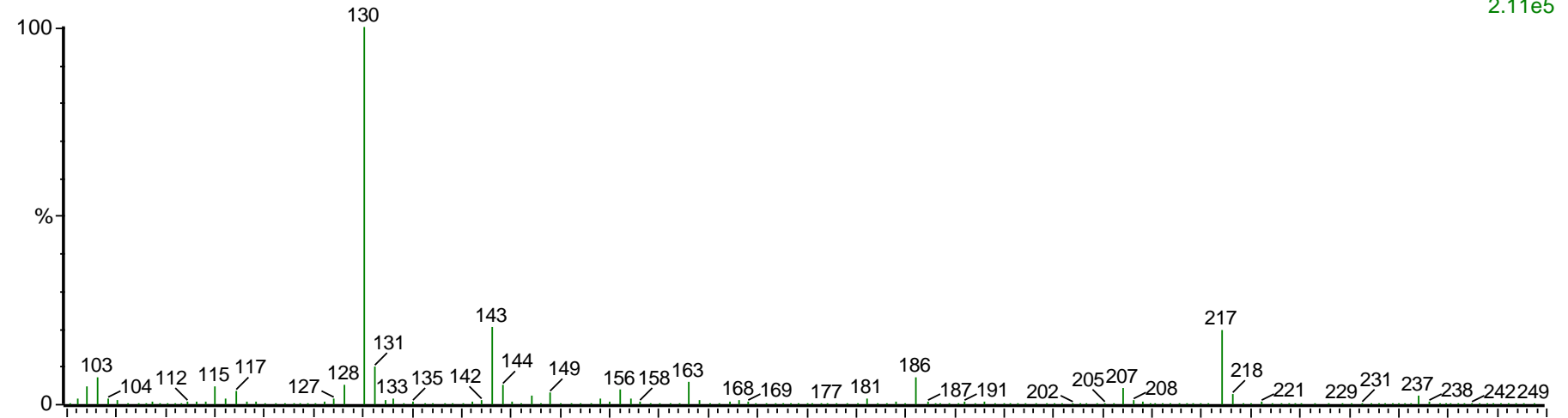


Chromatogram GC zespołu I-1: góra - IAA-Me, środek - IBA-Me i dół mieszanina IAA-Me i IBA-Me.

### I-3 - MIX

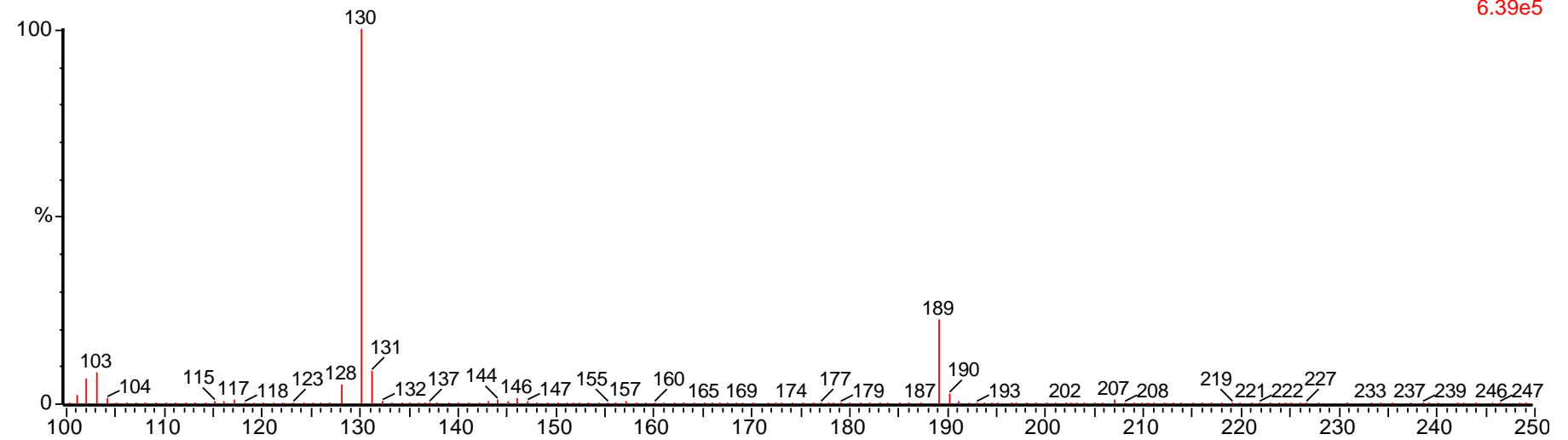
Auksyny77 1330 (12.760) Cm (1328:1336)

Scan EI+  
2.11e5



Auksyny77 967 (10.642) Cm (965:973)

Scan EI+  
6.39e5



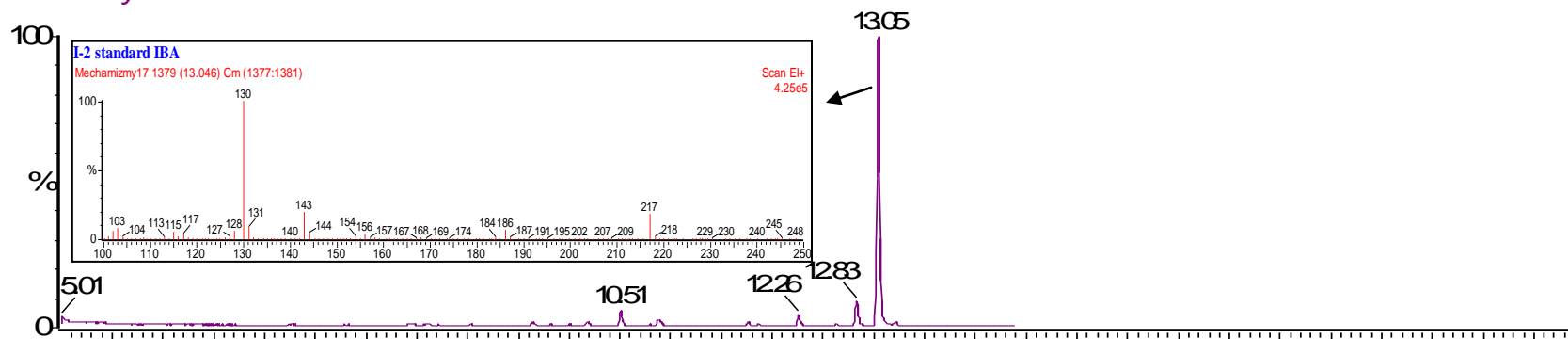
Widma masowe pików IBA-Me o czasie retencji 12.76 (widmo górne) i IAA-Me o czasie retencji 10.64 (widmo dolne) próbki I-3 MIX

Przykładowe chromatogramy i widma masowe pików odpowiednio IBA-Me, D<sub>2</sub>IAA-Me i IAA-Me (D<sub>2</sub>IAA-Me - deuterowany IAA, dodaje się go jako standard wewnętrzny w analizach ilościowych, jony fragmentacyjne większe o 2 j.m.a)

**I-2 standard IBA**

Mechanizmy17

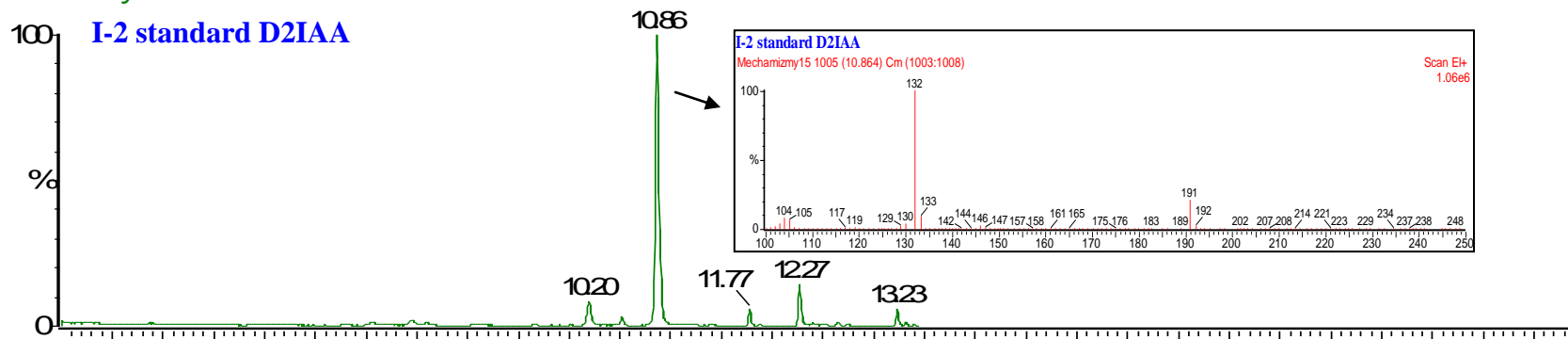
Scan E+  
TIC  
1.04e6



Mechanizmy15

**I-2 standard D2IAA**

Scan E+  
TIC  
2.08e6



Mechanizmy16

**I-2 standard IAA**

Scan E+  
TIC  
3.85e6

