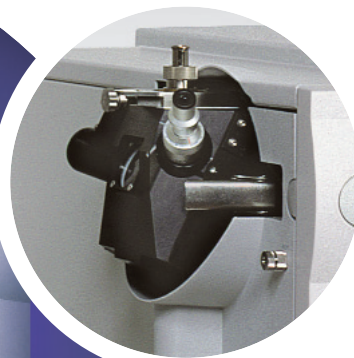




Agilent LC/MSD Trap ファミリー

高性能 LC/MSⁿ で
多様なアプリケーションを提供



Agilent Technologies

高性能 LC/MSⁿ に従来考えられなかった柔軟性をもたらします

Agilent 1100 シリーズ LC/MSD Trap ファミリーのイオントラップ質量分析計は従来考えられなかったタイプの機能と性能をお届けします。3 段階のパフォーマンスレベルと 5 種類から選択できるイオン源、アプリケーションに特化したソフトウェア、それに加えて多彩な LC 分析技術を備える LC/MSD Trap ソリューションならば広い範囲の分析上の困難な問題に対応したカスタム化が可能です。

アプリケーションにマッチした パフォーマンスレベル

LC/MSD Trap ファミリーのイオントラップ質量分析計は VL、SL、および XCT の 3 種類のモデルを提供しています。各モデルは実績と信頼性を誇る共通プラットフォーム上に構築され、モデルごとに細部設定と自動化の可能なデータ依存型 MS/MS または MSⁿ を提供します。

生産性と価値を高める LC/MSD Trap VL

LC/MSD Trap VL は優れた感度と卓越した信頼性を兼ね備えた製品です。サンプル量にある程度余裕があるアプリケーションでは高スループット分析に向けて優れた価値を発揮します。このタイプは特に ESI、APCI、および APPI イオン源に適しています。

妥協のない感度を発揮する LC/MSD Trap SL

LC/MSD Trap SL はさらに高感度で拡張性の高い装置です。SL はワンランク上のイオン光学系に変更することによりさらに高い感度を実現しました。高速の Pos/Neg スイッチングとマルチシグナルを取り込む能力を組み合わせることにより、1 回の測定で取得できるデータの量が大幅に増加しました。LC/MSD Trap SL はさらに 5 ステージの Auto MS/MS と 11 ステージのマニュアル MS/MS を提供します。

究極の性能をお求めならば LC/MSD Trap XCT

Agilent の最新式イオントラップである LC/MSD Trap XCT は正に最先端の性能をお届けします。新設計のハイキャパシティイオントラップが驚くべき感度向上をもたらしたばかりでなく、真の 3 次元イオントラップの本来の特長である分解能とスキャン速度はそのまま維持しています。LC/MSD Trap XCT はユニットレゾリューションをはるかに超える分解能で 26,000 u/s のスキャンを行う新しいウルトラスキャンモードを備え、分解能とスキャンスピードを巧みに調和させた製品です。存在量の少ないタンパク質を高感度分析するのに適した専用ペプチドスキャンモードも備えていることも特徴の 1 つです。



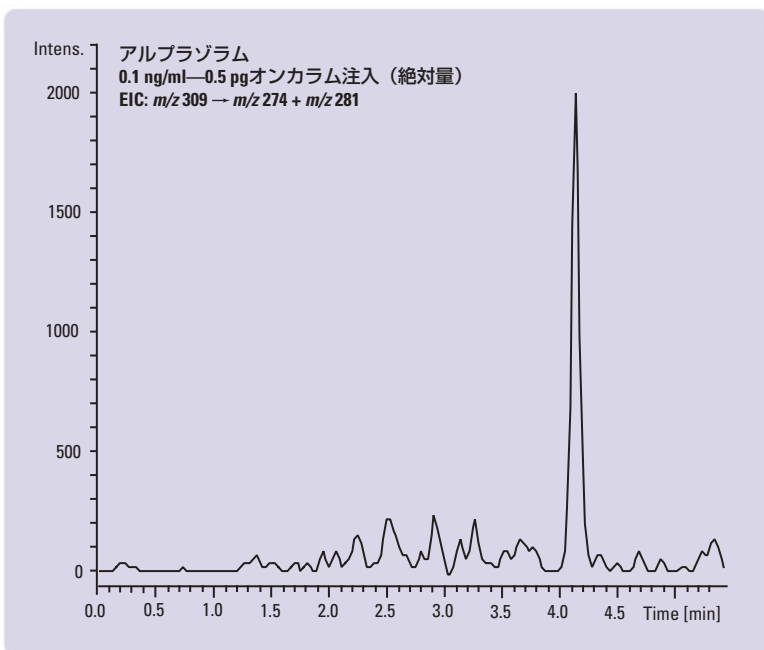
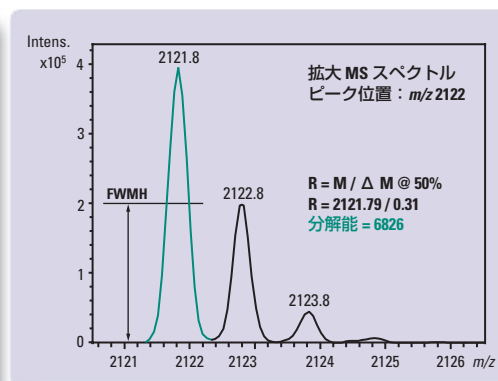
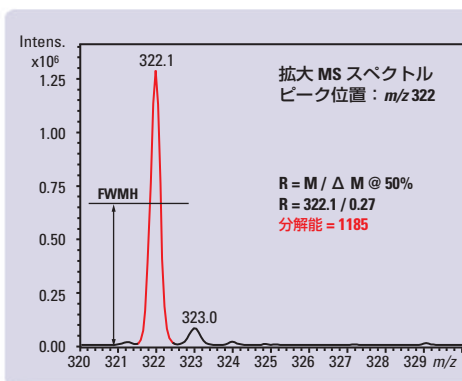
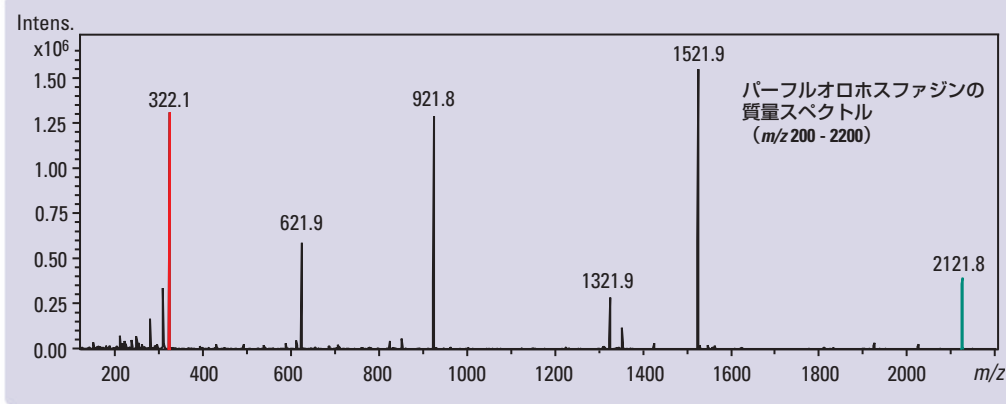
優れたイオントラップ技術が優れた性能を実現します

イオントラップシステムではイオン排出の速度とタイミングが質量精度、質量分解能、さらにはスキャン速度に大きな影響を与えます。LC/MSD Trap 独自の 3 次元・マルチポールイオントラップが高次

の非線形共鳴を作り出します。この非線形共鳴が非常に効率的にエネルギーをイオンに伝達してトラップからの迅速で正確な排出を可能にします。その結果、優れた質量範囲、質量分解能、およびスキャン速度の組合せが得られます。

LC/MSD Trap が特許を取得しているフェーズロックがイオン注入のタイミングを精密にコントロールしますからスキャン間での再現性が優れており、その結果として安定性に優れた質量測定と質量分解能が得られます。

LC/MSD Trap XCT のハイキャパシティ 3 次元イオントラップを使用すれば分解能のためにスキャン速度を犠牲にする必要がありません。m/z 200~2200 の広い質量範囲を 8,100 u/s の速度でパーフルオロホスファジンを分析した結果はこのような高速スキャンでも卓越した分解能が得られることを示しています。



あらゆるレベルで比類ない感度を実現

LC/MSD Trap ファミリーは頑健で信頼のおける VL から驚くべき感度を発揮するハイキャパシティ XCT まで用途に応じたパフォーマンスレベルを選択することができます。ナノスプレーまたは AP-MALDI を使用することにより、LC/MSD Trap XCT は微量レベルのタンパク質を含む困難な試料をアトモレベルで同定することができます。ほとんどあらゆるアプリケーションと予算レベルに合った LC/MSD Trap とイオン源の組合せが必ず見つかります。

LC/MSD Trap SL に標準的なエレクトロスプレーイオン源を取り付けて実行したフルスキャン LC/MS/MS 分析

分析上の様々な困難にソリューションを提供

微量タンパク質 – 複雑なマトリックス中の薬物代謝生成物 – 従来技術ではイオン化できない汚染物質 – mL/min から nL/min に至る移動相量等々。多様な対応の可能な LC/MSD Trap ならば分析上の様々な困難にソリューションを提供します。

様々な種類の豊富なイオン化法

あらゆるサンプルを 1 種類のイオン化技術だけでカバーすることはできません。その多機能性を最大限に引き出すために LC/MSⁿ システムは複数のイオン化技術が必要とします。Agilent は前例がないほど多様なインターフェイスを用意しています：

- エレクトロスプレーイオン化 (ESI)、標準または $\mu\text{L}/\text{min}$ レベルの流量に対応
- 大気圧化学イオン化 (APCI)
- 大気圧光イオン化 (APPI)
- ナノスプレー
- 大気圧マトリックス支援レーザー脱離/イオン化 (AP-MALDI)

優れたイオン源設計

ESI、APCI、APPI、およびナノスプレーイオン源はすべて Agilent が特許を取得した直交スプレー技術を使用しており、これにより殆ど無調整で使用が可能になったばかりでなくキャピラリーやイオン光学系がクリーンに保たれます。すべてのイオン源が高流量乾燥ガスシステムを内蔵していますから溶媒クラスターや移動相付加体が減少してスペクトル品質と感度、再現性が向上しています。直交スプレーと高流量乾燥ガスの採用により、Agilent のイオン源はサンプルや移動相に含まれる不揮発性化合物への耐性も大幅に向上しています。

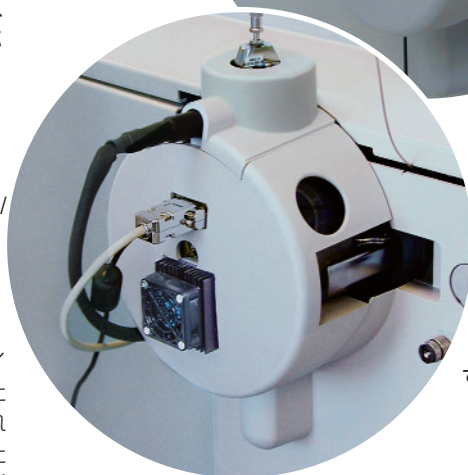


インターフェイス
温度が低く
多価チャージを

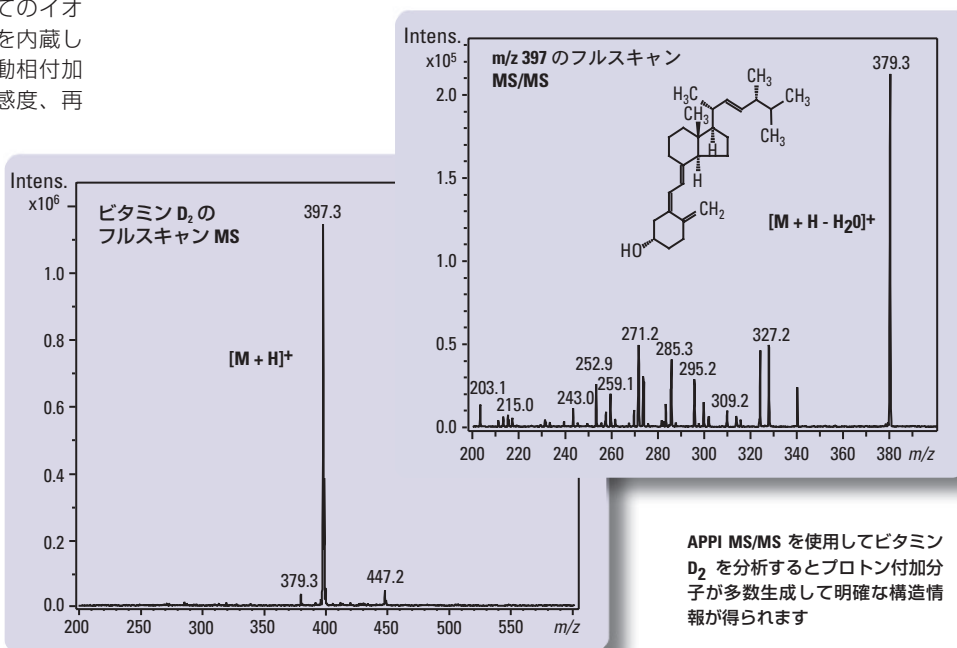
生成する ESI は高分子生体化合物分子に適していますが、それだけでなく低分子極性分子にも使用することができます。



APCI は極性、
非極性を問わず
広い範囲の低分子量
分子の分析に有用です。



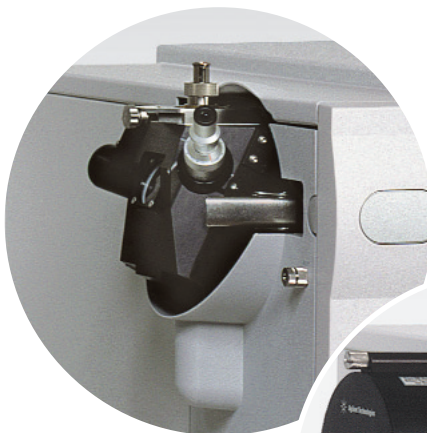
APPI イオン源は一般的な LC/MS
イオン化技術である ESI や APCI
ではわずしかし、あるいは全く
イオン化しないサンプルに適用
できる有用なインターフェイスです。



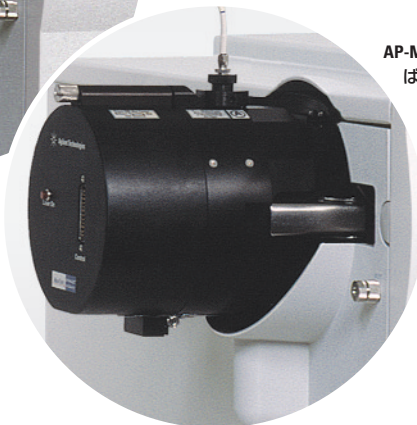
APPI MS/MS を使用してビタミン D₂ を分析するとプロトン付加分子が多数生成して明確な構造情報が得られます

究極のオンライン感度が得られる ナノスプレー

Agilent のナノスプレーイオン源はタンパク質分解酵素により消化されたタンパク質などをオンラインの Nano LC を用いることでアトモレベルの感度が得られます。ナノスプレーイオン源は殆ど調節の必要がなく、スプレーチップを完全に覆うことで、安全性を向上しました。イオン化によって有害になりうる生体試料イオンはインターフェイスの系外に出てゆきません。ナノスプレーイオン源を用いて生成した二価イオンを選択的に MS/MS にかけることで、より多くの b, y シリーズイオンを得ることができます。プロテオミクスアプリケーションに有効です。



ナノスプレーイオン源は位置調整が殆ど不要でありながら、アトモレベルの感度が得られます。また密閉構造により安全性を高めています。

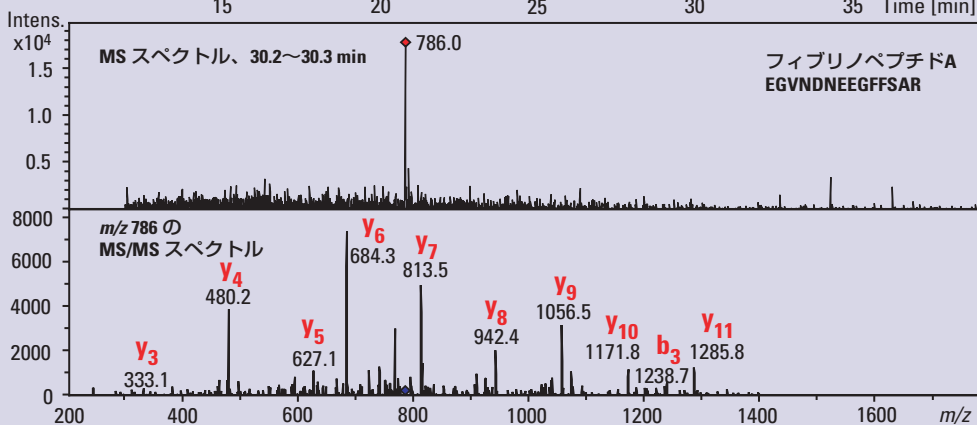
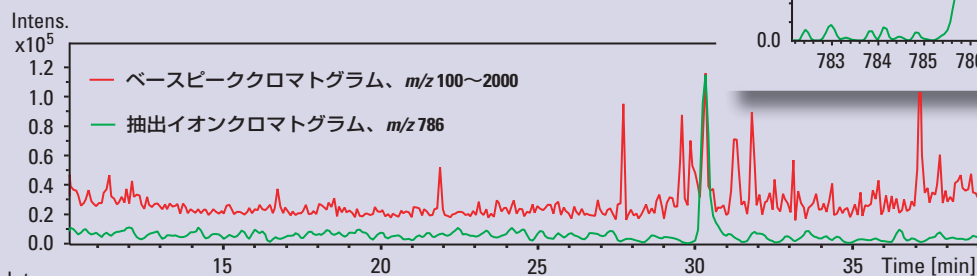
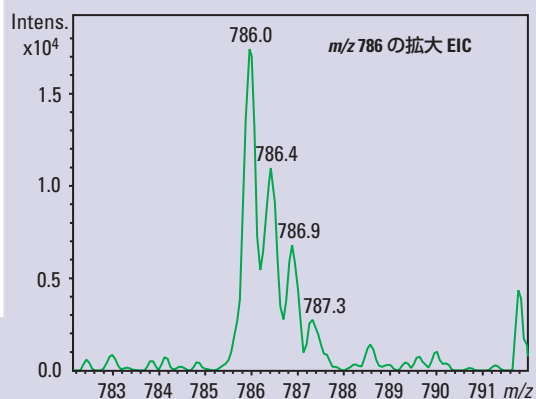


AP-MALDI イオン源を使用すれば迅速、簡単、かつ高感度でペプチド消化物を分析することができます。

アトモレベルの迅速分析に適した AP-MALDI

Agilent の AP-MALDI イオン源はオンラインによるクロマト分離を必要としないサンプルを迅速簡単に高感度で分析します。このイオン源を用いることでアトモレベルのペプチド消化物のクリーンで検索可能な MS/MS スペクトルが得られます。LC/MSD Trap XCT と Agilent の強力な Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチを AP-MALDI イオン源と組み合わせて使用することにより代謝物の 2D ゲルスポットの理想的な迅速分析が可能になります。AP-MALDI イオン源は例えば低分子量ポリマーを含む他のアプリケーションでも有用であることが実証されています。

m/z 786 の拡大 EIC から明らかに、二価イオンを明確に分離する能力があります。



ナノスプレーイオン源を装着した LC/MSD Trap XCT で 100 アトモルのフィブリノペプチド A を LC/MS/MS 分離した例

高品質のデータを約束するインテリジェントデータ取り込み

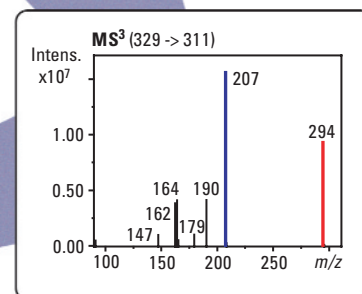
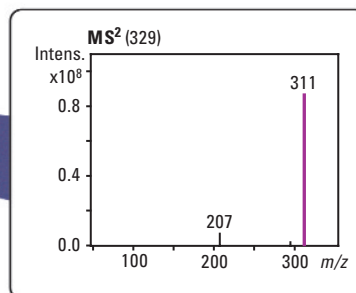
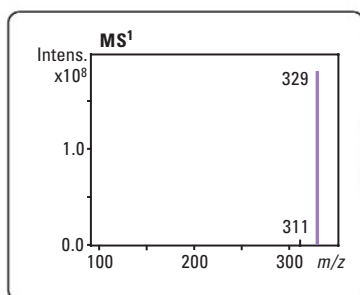
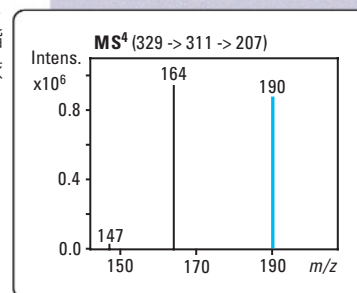
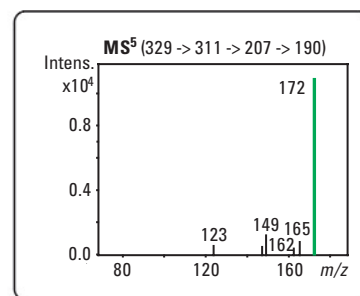
問題は単にデータを取り込むことではなく、最良かつ最も重要な情報を含むデータを各スキャンから如何に合理的に取り出すかということです。様々なサンプルからのデータ取り込みを最適化を行うため、多様なインテリジェントデータ取り込み機能を提供しています。

完全自動化されたデータ依存取り込み

1 回のランから複数の情報を含むデータを取得できることがイオントラップの持つ多くの利点の 1 つです。LC/MSD Trap の多機能なソフトウェアは静的またはアクティブにデータの性質を判断して取り込む様々な機能を提供して測定において有用なデータを最大限に取り出してくれます。

す。操作の単純さと簡便さを考慮して、取得したすべての MS/MS データは 1 つのファイルにまとめて保存されます。LC/MSD Trap SL と XCT は最高で 5 段階 (MS⁵) までの完全自動化されたデータ依存 MS/MS を実行できます。

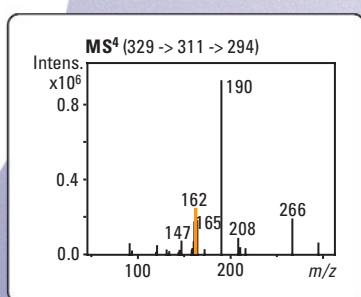
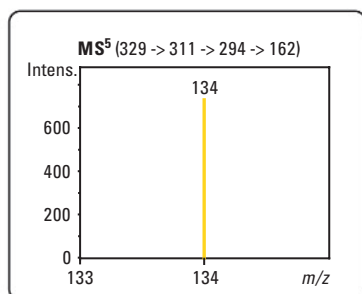
高血圧治療薬であるラベタロールの MS/MSⁿ 解析が自動化によるデータ依存取込の MSⁿ スペクトルによって示されています。MS³ より上のステージでより多くのプリカーサイオンを設定することで、より有効なデータを取得できます。



データ依存機能	利点
N most abundant precursors	データ取り込みの対象となる特定のプリカーサの数が増えます。共溶出ピークの分析に特に有効です。 ¹
Isotopic exclusion	異性体 (¹³ C など) からの不要な MS/MS データの取り込みを防ぎます。
Static include list	対象イオンからのデータ取り込みを、存在量が如何に低くても確実に実行します。
Static exclude list	溶媒イオンその他のバックグラウンド成分の MS/MS データを全く取り込まないようにします。
Static preferred list ²	目的とするイオンが存在する場合はそのデータを確実に取り込み、存在しない場合は他のイオンのデータ取り込みを許します。
Preferred charge – state selection	二価に荷電したペプチドイオンを選択してより高品質の MS/MS データを取り込みます。
Active exclusion – repeat count	ユーザーが指定する回数以上は同一イオンから MS/MS データを取り込まないようにすることによって、性質の異なるデータの取得量を増やします。
Active exclusion – exclude time	ユーザーが指定した時間経過後はイオンを排除リストから解除することによって、イオンが複数のクロマトグラムピークに現われる場合に確実にデータを取得します。
Threshold – absolute	ユーザーが指定した存在量を満たすイオンだけからデータを取り込みます。 ¹
Threshold – relative	MS スキャンに最も豊富に存在するイオンに対する相対的な存在比をユーザーが指定し、その条件を満たすイオンだけからデータを取り込みます。 ¹

1. SL および XCT モデルでは MS>2 のそれぞれに個別に設定が可能です

2. SL および XCT モデルのみ



より良い MS/MS データ取得に寄与する コリジョンエネルギーランピング

LC/MSD Trap のユニークな SmartFrag CID エネルギーランピングと調節可能なフラグメンテーション幅 (AFW) 機能により、あらゆるプレカーサイオンは最適フラグメンテーションに必要なだけのエネルギーを受け取ります。この結果、プロダクトイオンの発生が増加して段数の少ない MS でも明瞭な構造情報が得られます。

SmartFrag による CID 電圧ランピングとアジャスタブルフラグメンテーションウィズス (AFW) がより豊富なプロダクトイオンを含む MS/MS スペクトルを生成して煩雑で時間のかかる手動による CID 電圧最適化を不要にしてくれます。

他にない高品質データを最大分解能で取得

データ依存取り込みの基準を利用することにより、選択したイオンを囲む狭いウィンドウ幅に限定して LC/MSD Trap を最高分解能でスキャンさせることが可能になります。この方法により、より多くの個別イオンについて高品位データの取得が可能になります。最高分解能スキャンモードは MS と MS/MS 分析のどちらにも適用できます。

タンパク質の同定を容易にする ペプチドスキャンモード

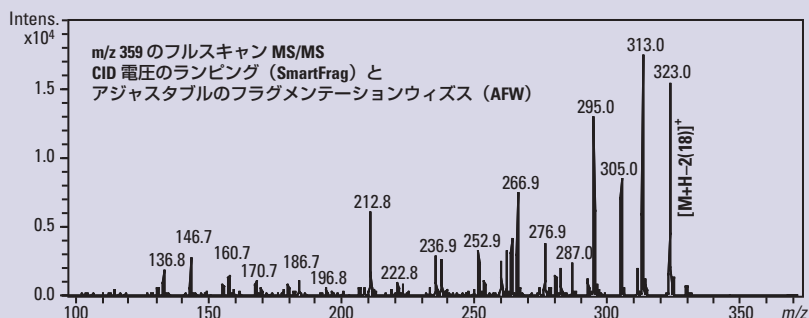
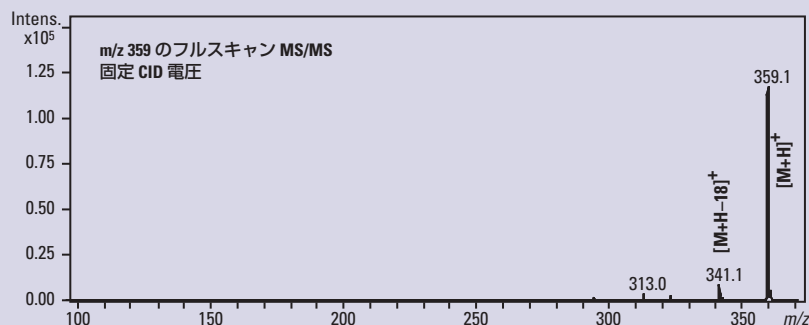
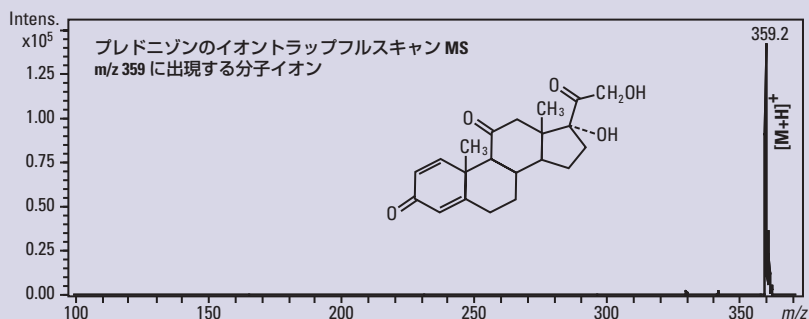
LC/MSD Trap XCT のペプチドスキャンモードはより分解能を高めたスキャンモードを使用して MS¹ では荷電状態が +1、+2、+3 のペプチドイオンをより正確に決定し、MS² 以上では高速ウルトラスキャンモードを使用してサイクル時間を短縮します。このモードを使用することにより複雑なペプチド代謝物からより多くのタンパク質を同定することが可能になります。

スループット向上につながる高速ポラリティスイッチング

相互補完的な意味を持つ正と負のイオン化データを 1 回の測定から両方取得できれば貴重な時間とサンプルを節約できることになります。LC/MSD Trap SL と XCT の特徴である高速ポラリティスイッチングを利用して 1 つのピークに対してより多くのスキャンの実行が可能となり、データの質と感度が向上しました。

初心者でもエキスパートと同じ結果が 得られる Smart パラメータ設定

操作を簡単にするために LC/MSD Trap ソフトウェアは Smart モードを備えています。目的質量や化合物の安定性、予想されるイオン分布など最小限の情報をもとに、ソフトウェアが最適イオントラップ設定を自動的に決定してくれます。このモードを使用しても、イオン源については全項目を独立してコントロールが可能ですから使用する LC メソッドと完全にマッチングさせることができます。



取得したデータを最大限に生かせるソフトウェアツール

高品質データが必要なのは勿論ですが、それだけで十分とはいえません。良いデータを有用な情報に変化させるには目的に合ったソフトウェアツールが必要です。Agilent は MSⁿ データから求める解答を導く強力かつ多彩なソフトウェアツールを提供しています。

解析手順がシンプルに

自動化された MSⁿ 解析は複数の MSⁿ データを作り出します。LC/MSD Trap ソフトウェアは 1 つのランのあらゆるデータを 1 つのファイルに保存してデータを単純化してくれます。お馴染みの階層化されたツリー構造を辿ることにより必要なデータの位置を簡単に見つけ出すことができます。さらにデータの特定のサブセットを素早く検索するフィルタも用意されています。

必要なデータは階層化されたツリー構造から簡単に見つけ出すことができます

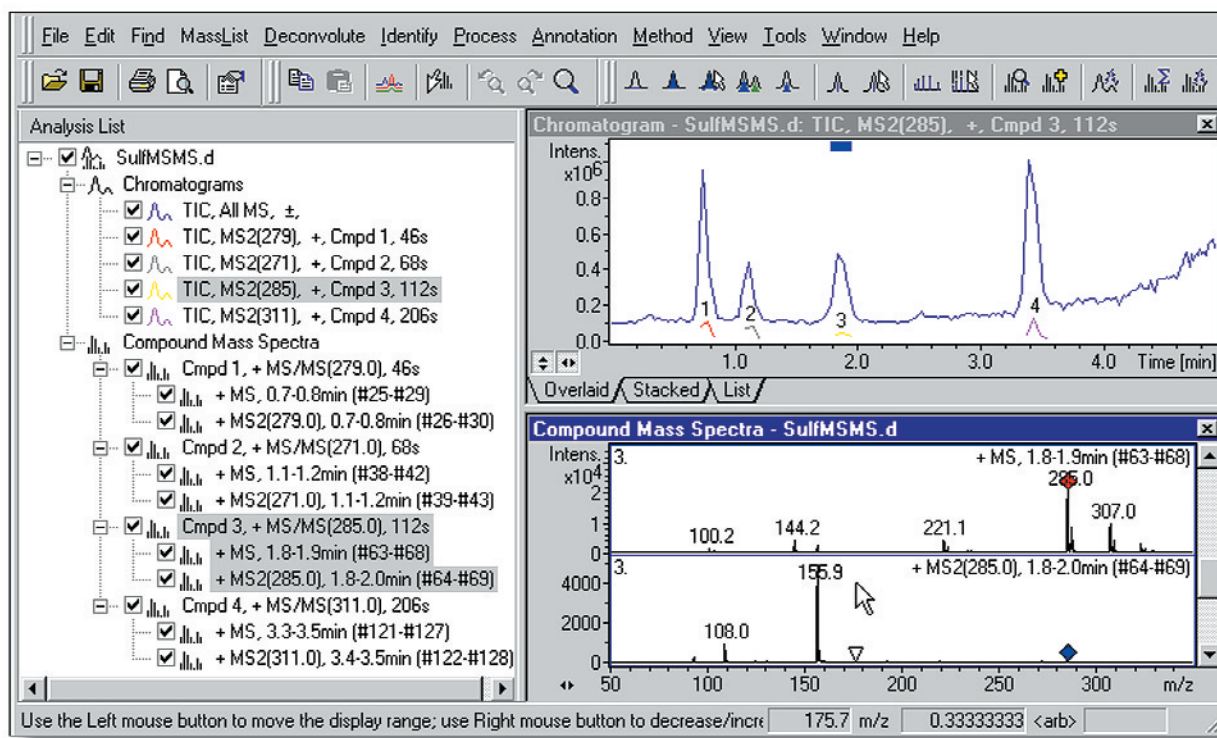
化合物を自動検出します

測定結果内に埋もれている化合物由来のデータを掘り起こし複雑な MSⁿ 測定結果をブラウジングしてゆきます。Find Compounds が提供する機能：

- 他とは異なるすべての MSⁿ 測定の位置を見つけ出します
- 化合物を項目として作り出し、それぞれのユニークな MS プリカーサイオンに対応する MS² 全イオンクロマトグラムを生成します
- 化合物項目名を指定することにより、それに関連するすべての MS、MSⁿ スペクトルを抽出、平均化、さらに階層構造に編集します。

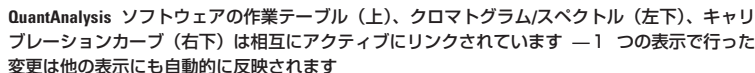
MS によるスキャンのみ、またはマニュアル MSⁿ 測定に現れるすべての積分されたクロマトグラフピークに対応する平均質量スペクトルを自動生成する機能も用意されています。

得られた結果は自由に表示、印刷、またはアーカイブ作成や後処理のために保存することができます。



自動化化合物識別機能が分析のスピードアップと生産性向上に寄与します

強力な **QuantAnalysis**（定量分析）ソフトウェアが迅速かつ簡単に定量を行ってくれます。このソフトウェアは **3種類**のシンプルな表示（作業テーブル、クロマトグラム/スペクトル、キャリブレーションカーブ）から構成されており、1つのウィンドウにまとめて表示することもタブで切換えることも可能です。作業テーブルは定量計算のセットアップと結果の表示を1つのテーブルで実行するスプレッドシートです。必要なデータだけを表示するようにカスタマイズが可能であり、作成したカスタムレイアウトは保存して再利用することができます。**3種類**の表示はアクティブにリンクされていますから、その1つで行った変更は他の表示にも自動的に反映されます。例えば、キャリブレーションカーブに異なるタイプのカーブフィッティングを使用すると濃度がそれに合わせて再計算されます。

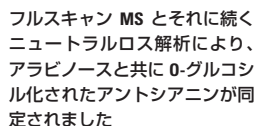


ニュートラルロス解析は複数の検体に共通する構造因子を同定するための強力なツールです。イオントラップ MS/MS が本質的に持つ長所は取得後にニュートラルロス解析を実行できるフルスキャンデータが得られることです。従ってニュートラルロスを実行

に予想する必要はありません。LC/MSD Trap ソフトウェアはニュートラルロス解析を簡単に実行できるツールを含んでいます。LC/MSD Trap が備える他の機能（衝突エネルギーランピングなど）が最適フラグメンテーションを保証しますから、解析の対象となるプロダクトイオンは豊富に発生します。

カスタムレポートエディタはユーザーが希望する書式で素早くレポートを作成してくれます。

Visual Basic スクリプトを作成することにより、ユーザーは殆ど無制限に自動化の設定を行うことができます。メソッドからカスタムスクリプトを呼び出してデータ解析やレポート作成を自動処理します。これらのスクリプトで使用できる **MS 専用コマンド** が多数用意されています。



すべてのサンプルから最大限の情報を

Advanced Chemistry Development 社が提供する ACD/SpecManager は MS データから最大限の情報を引き出すための有用なソフトウェアです。この MS Processor モジュールは次のような高度な機能を提供します：

- ランダムノイズと大きなバックグラウンドを削減してデータの解釈を単純化してくれる成分検出アルゴリズム (CODA: COmponent Detection Algorithm)
- 化学構造を描くための業界標準ツール
- スペクトルの加算、減算を簡単にするツール
- 処理済みクロマトグラムとスペクトルを保存してレポートを作成するツール
- MS スペクトルと構造を関連付けて MS の解釈を補助してくれるツール

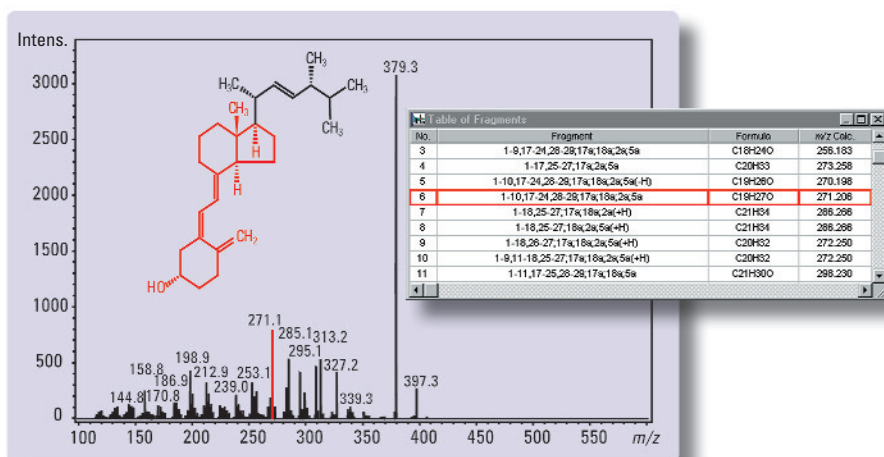
SpecManager ソフトウェアはこの他にも異なる分析技術 (NMR や MS、UV-Vis、IR など) や異なるメーカーのプラットフォームから取得した複数のスペクトルの統合処理をサポートしてくれます。

ハイスループット MS プロテオミクスデータ解析

Agilent の Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチは質量分析計を使用するハイスループットプロテオミクス測定の効率化に有効なソフトウェアツールを網羅したパッケージです。Spectrum Mill は次の機能を提供します：

- 合理的なスペクトル抽出と品質評価
- データベース検索とデノボシーケンシング
- 結果の自動、および対話操作によるバリデーション
- 定量、半定量分析
- クロス分析結果のサマリー

プラットフォーム依存性のないこのソフトウェアは異なるメーカーの質量スペクトルデータを同じように処理することができます。



取得した MS データを化学構造と関連付けてデータベースを構築します。未知スペクトルをこれらの相関テーブルと対照させて検索します。

インテリジェントなスペクトル抽出がタンパク質同定のスピードアップを実現

Spectrum Mill ワークベンチがタンパク質データベースを検索する驚くべき速度は質量スペクトルをインテリジェント抽出する結果得られるものです。あまり質の良くないスペクトルに含まれるノイズスペクトルを予め識別除去してから検索を実施することにより検索速度が大幅に向上するだけでなく、誤ったヒットの数を減らすことができます。

タンパク質同定のためのオプション

Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチはタンパク質の同定とキャラクタリゼーションに次のオプションを提供します：

- MS/MS スペクトルのための MS/MS イオン検索
- MS スペクトルのためのペプチドマスマフィンガープリンティング (PMF)

Spectrum Mill が使用する革新的 MS/MS データベース検索アルゴリズムはインテリジェントな並行処理を行うことによって、巨大なインデックスファイルを作り出すことなく迅速処理を実現しています。修飾されていないペプチド検索用としてアイデンティティモード、変性/修飾ペプチド検索用としてホモロジーモードが用意されています。

マッチングの自動/手動バリデーション

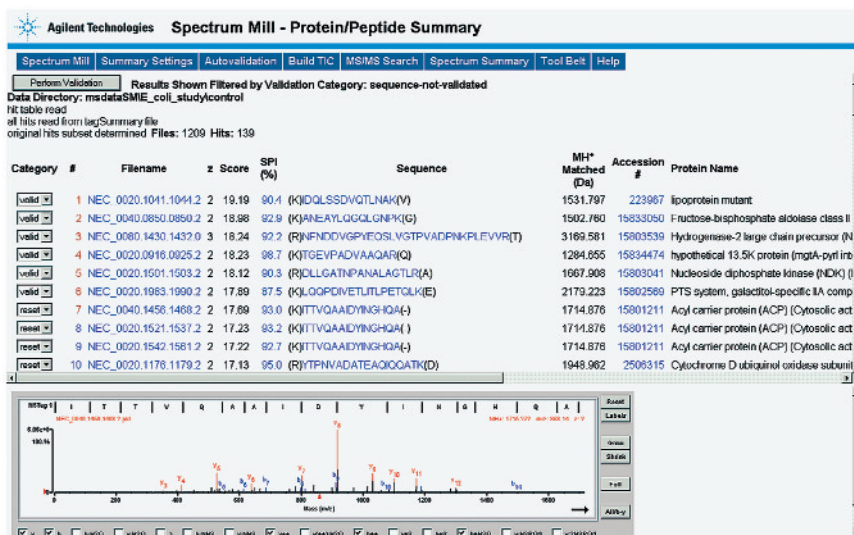
Spectrum Mill ワークベンチは全体スコアとパーセントスコアを割り付けたピーク強度をベースとして自動的にマッチングのバリデーションを行います。また、提案されたマッチングを実際の MS/MS スペクトルと比較しながら対話的に見直しを行うことも可能です。確証の得られなかった残りのスペクトルについては別なパラメータやデータベースを使用して再検索を行います。

データベースではヒットしないペプチドのスペクトルを新規に解釈

デノボシーケンシングアルゴリズムは高度なグラフ理論を用いて可能性のあるペプチド配列にランク付けを行い、その一覧表を作成します。その際、非現実的な解は廃棄して、ノイズや不完全フラグメンテーションなどの全部に共通する問題点の補正を行います。

定性ばかりでなく定量的な情報にも対応します

Spectrum Mill ワークベンチはあるタンパク質から得られるすべてのペプチド成分の平均ピーク強度を基準としてタンパク質存在量の相対比較を行えます。これは半定量法ですが、相対存在量の2倍から5倍程度の変化を明らかにするには十分有効な方法です。より精密な定量が必要とされるアプリケーションに備えて、Spectrum Mill ワークベンチは ICAT 解析も完全にサポートしています。



インタラクティブなバリデーションは提案されたマッチと実際の MS/MS スペクトルを効果的に比較します

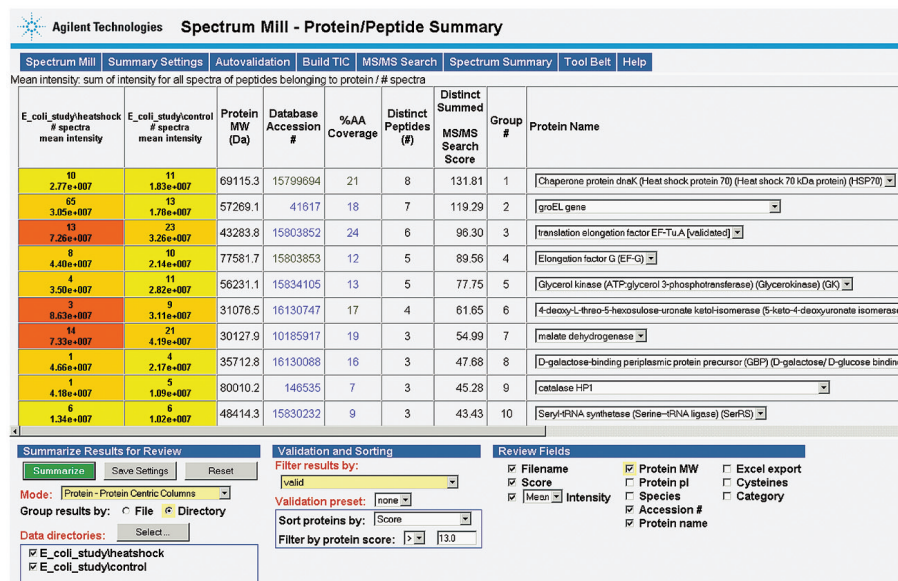
複合データにもアクセス可能

Spectrum Mill ワークベンチは、質量分析のエキスパートではなくても情報に簡単にアクセスできるような形態で結果の要約と関連付けを行います。表示データにはタンパク質の同定情報、パーセントカバレッジ、相対的な存在量を含めることができます。したがって、複数の実験にまたがる大規模なデータを比較してタンパク質レベルで結果を要約することができます。

マルチベンダーデータにも適合します

Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチで Agilent 以外のデータ形式を処理できるようにするアドオンソフトが用意されています。

- .RAW (Thermo Finnigan)
- .wiff (SCIEX LC/MS)
- .pkl (ピークリスト) とマルチスペクトラルアベンディッド
- .pkl (Waters/Micromass その他)



タンパク質-タンパク質モードはマルチサンプルからのデータ比較を容易にしてくれます (例えば相対存在量情報が色分けされて表示されます)

仕様

質量精度 (全タイプ共通)

適正に校正され通常分解能でフルスキャンを行った場合、校正用スタンダードの質量範囲において ± 0.2 u 以内。ICC ターゲットとイオンスタステックスが適正であり、エレクトロニクスとイオン源は熱平衡に達しているものとしたとき。

マス軸安定性 (全タイプ共通)

標準質量範囲で通常分解能のフルスキャンを行った場合に校正済みの実測値の ± 0.2 u 以内 (8 時間)。ICC ターゲットとイオンスタステックスが適正であり、エレクトロニクスとイオン源は熱平衡に達しており、周囲温度は $21^{\circ}\text{C} \pm 3^{\circ}\text{C}$ の範囲にあるとき。

モノアイソトピックプレカーサの選定 (全タイプ共通)

標準質量範囲全域 (m/z 50~2200) を通して、周囲温度 $21^{\circ}\text{C} \pm 3^{\circ}\text{C}$ の範囲でモノアイソトピックプレカーサを選択することができます。

システムの性能

	LC/MSD Trap VL&SL			LC/MSD Trap XCT	
	質量範囲 (m/z)	分解能 (FWHM)	スキャン速度 (u/s)	分解能 (FWHM)	スキャン速度 (u/s)
スタンダード	50-2200	≤ 0.60 u	13,000	≤ 0.60 u	26,000
エンハスト	50-2200	≤ 0.45 u	5,500	≤ 0.35 u	8,100
マキシム	50-2200	≤ 0.30 u	1,650	≤ 0.25 u	800
エクステンド	200-4000	$\approx 3-4$	27,000	≤ 3 u	27,000

ポラリティスイッチング

VL ≈ 2 秒 SL ≈ 0.5 秒 XCT ≈ 0.5 秒

感度

条件:

カラム – ZORBAX Rapid Resolution SB-C18, 2.1×30 mm, $3.5 \mu\text{m}$
移動相 – 水 25% とメタノール 75% 混合液, 5 mM 酢酸アンモニウム
流量 – $400 \mu\text{L}/\text{min}$
モード フルスキャン MS/MS
MS/MS – プロトン付加体分子イオン (m/z 609) から 2 種類の
最も多く存在するプロダクトイオンへの転移の総和
プロダクトイオンスキャン範囲 – m/z 175 ~ 650
質量範囲 – 標準 (m/z 50 ~ 2200)
分解能 – 標準 (0.6 u)

	濃度	S/N 比
VL	レセルピン 25 pg	$\geq 25:1$
SL	レセルピン 5 pg	$\geq 25:1$
XCT	レセルピン 1 pg	$\geq 50:1$

MS のステージ数

	自動	マニュアル
VL	2 (MS/MS)	3
SL	5	11
XCT	5	11

さらに詳しくは...

Agilent 1100 シリーズ LC/MSD Trap ファミリー質量分析計について更に詳しくは次のフリーダイヤルでお問い合わせください:

フリーダイヤル 0120-477-111 FAX 0120-565-154

お問い合わせ先:
横河アナリティカルシステムズ株式会社
〒192-0033 東京都八王子市高倉町 9-1

WWW の弊社サイトでも詳しい情報をご覧ください:

www.agilent.co.jp/chem/yan

Agilent 1100 シリーズ LC/MSD Trap 質量分析計は ISO 9001 に登録された品質管理システムの管理下で設計・製造されています。

本冊子に記載の価格、部品番号、情報、説明、製品仕様等は予告なしに変更されることがあります。本冊子に記載されている部品をご注文する際に、弊社カスタマーコンタクトセンター(0120-477-111)、若しくは弊社代理店へお問い合わせください。

© Agilent Technologies, Inc. 2003

Printed in the U.S.A. October 31, 2003
5988-3620JAJP



Agilent Technologies