

TOF または Q-TOF LC/MS とパーソナル法医 学/毒物学データベースを用いた 法医学および毒物学の分析対象物に対する スクリーニング用アプリケーションキット

アプリケーションノート

法医学および毒物学

# 著者

Peter Stone and Jerry Zweigenbaum Agilent Technologies, Inc. 5301 Stevens Creek Blvd. Santa Clara, CA 95051 USA

## 概要

Agilent TOF および Q-TOF 質量分析計とともに使用する、約 6700 件の分析対象物コン テンツを収録した精密質量データベースの法医学および毒物学用スクリーニングアプ リケーションキットを開発しました。この MassHunter パーソナル法医学および毒物 学データベースキットの目的は、分析対象物を大量に検出および同定する機能が欠か せない法医学や毒物学のサンプル分析の出発点となることです。統合されたシステム により、具体的な要件に従って分析対象物を絞り、分析対象化合物の保持時間を収録 したカスタムデータベースを作成できます。法医学の分析対象物を含む試験混合液を 使用して、MassHunter パーソナル法医学および毒物学データベースキットの機能とよ く知られた乱用薬物の一般的なスクリーニングメソッドの応用例を紹介します。



## はじめに

飛行時間型 (TOF) および四重極飛行時間型 (0-TOF) などの高精 度質量分析計は、どのような分析対象に対してもスペクトル データを十分に捉える能力を持つため、法医学および毒物学の 分野においてスクリーニング、探索、確認への応用価値が高 まっています。最新の TOF および 0-TOF 機器 (2 ppm 未満の質 量精度、pg のオンカラム感度、および高分解能) と強力なデー タ検索ツールを組み合わせた高精度で高感度の質量分析によ り、収集後のスクリーニングをより簡単かつ確実に実行でき、 1 回の分析メソッドで大量の分析対象物を処理できます。潜在 的な毒物の数は膨大で、職場の薬物検査、ドーピング検査、検 死時の薬物検査、爆発物の分析など分野によって分析対象とな る毒物は異なります。

シングルステージ精密質量分析法 (MS) により測定した質量で あれば、モノアイソトピック付加体を高い確度で同定でき、法 医学および毒物学におけるさまざまな分析対象物を登録した データベースを構築できます。これは、TOF および Q-TOF LC/MS 機器のどちらでも実現できます。対照的に、トリプル 四重極 MS を使用する LC/MS/MS の場合は、最も感度のよい マルチリアクションモニタリング (MRM) で、対象を限定した スクリーニングおよび確認のみが可能です。[1]

本アプリケーションノートでは、法医学および毒物学に関する スクリーニングと同定のための Agilent MassHunter パーソナル 法医学および毒物学データベースキットについて解説します。 このキットには、法医学および毒物学における約 6700 件の分 析対象物に関する精密質量 (AM) の詳細データが収録されてい ます。そのコンテンツは、世界中の多くの主要研究機関と知識 ベースから収集したもので、一般名称、モノアイソトピック質 量、化学式、CAS 番号、Chemspider ID、化学構造式、および多 くの場合、IUPAC 命名法による学名が含まれています。精密質 量に加えて、補助的な検索確認のために、分析対象物ごとにク ロマトグラムの保持時間を追加する機能が、MassHunter パー ソナル化合物ライブラリ (PCDL) プログラムインタフェースに 内蔵されています。これにより、精密質量保持時間 (AMRT) データ検索ルーチンを実現しています。さらに、分析者は、 データベースコンテンツを現状のまま使用して、対象を限定し ないスクリーニングが可能です。あるいは、読み取り専用の同 梱データベースから小規模のカスタムデータベースや対象を 絞ったデータベースを作成できます。カスタムデータベースで は、エントリの変更、追加、削除が可能で、さらに、特定の分 析対象物およびメソッドに対する保持時間を半自動的に更新で きます。[2] 分析者は、LC条件 ごとに異なる保持時間を登録し たカスタムデータベースを必要なだけ作成できます。

本アプリケーションノートでは、分析スクリーニングワークフ ローのいくつかの例を通して、MassHunter パーソナル法医学お よび毒物学データベースキットの典型的な使用例を紹介します。

# 実験

本アプリケーションノートで説明する分析結果は、Agilent 1200 SLシリーズLCシステムと組み合わせた Agilent 6230 飛行時間型 LC/MS を使用して得られたものです。このLCシステムは、バ イナリポンプ (G1312B)、真空デガッサ (G1379B)、オートサンプ ラ (G1367D)、カラム恒温槽 (G1316B)、および [G6855AA] MassHunter パーソナル法医学および毒物学データベースキット を搭載した MassHunter ワークステーションで構成しました。

#### サンプル調製

MassHunter パーソナル法医学および毒物学データベースキット [G6855AA] に同梱の LC/MS 毒性試験混合液 [部品番号 5190-0470] のアンプルを開け、990 μL の LC/MS グレードのメタノー ルを使用して、10 μL の 1 μg/mL (1 ppm) 溶液を濃度 100 ng/mL (100 ppb) に希釈し、メソッドチェックアウト用のクリーンな溶 媒標準液を作成しました。

表1に、法医学上の代表的な分析対象物を広く網羅するLC/MS 毒性試験混合液[部品番号 5190-0470]の組成をまとめます。

#### 表 1. LC/MS 毒性試験混合液のコンポーネント (1 µg/ml)

化合物名	化学式	質量
3,4-メチレンジオキシアンフェタミン (MD/ 179.09463	4)	C <sub>10</sub> H <sub>13</sub> NO <sub>2</sub>
3,4-メチレンジオキシエタンフェタミン (M 207.12593	DEA)	$C_{12}H_{17}NO_2$
アルプラゾラム	C <sub>17</sub> H <sub>13</sub> CIN <sub>4</sub>	308.08287
クロナゼパム	$C_{15}H_{10}CIN_{3}O_{3}$	315.04107
コカイン	C <sub>17</sub> H <sub>21</sub> NO <sub>4</sub>	303.14706
コデイン	C <sub>18</sub> H <sub>21</sub> NO <sub>3</sub>	299.15214
Δ9-テトラヒドロカンナビノール (THC)	C <sub>21</sub> H <sub>30</sub> O <sub>2</sub>	314.22458
ジアゼパム	$C_{16}H_{13}CIN_2O$	284.07164
ヘロイン	C <sub>21</sub> H <sub>23</sub> NO <sub>5</sub>	369.15762
ヒドロコドン	C <sub>18</sub> H <sub>21</sub> NO <sub>3</sub>	299.15214
ロラゼパム	$C_{15}H_{10}CI_2N_2O_2$	320.01193
メペリジン (ペチジン)	C <sub>15</sub> H <sub>21</sub> NO <sub>2</sub>	247.15723
メタドン	C <sub>21</sub> H <sub>27</sub> NO	309.20926
メタアンフェタミン	C <sub>10</sub> H <sub>15</sub> N	149.12045
メチレンジオキシメタンフェタミン (MDM 193.11028	A)	C <sub>11</sub> H <sub>15</sub> NO <sub>2</sub>
ニトラゼパム	C <sub>15</sub> H <sub>11</sub> N <sub>3</sub> O <sub>3</sub>	281.08004
オキサゼパム	$C_{15}H_{11}CIN_2O_2$	286.05091
オキシコドン	C <sub>18</sub> H <sub>21</sub> NO <sub>4</sub>	315.14706
フェンシクリジン (PCP)	C <sub>17</sub> H <sub>25</sub> N	243.1987
フェンテルミン	C <sub>10</sub> H <sub>15</sub> N	149.12045
プロアジフェン	C <sub>23</sub> H <sub>31</sub> NO <sub>2</sub>	353.23548
ストリキニン	$C_{21}H_{22}N_2O_2$	334.16813
テマゼパム	$C_{16}H_{13}CIN_2O_2$	300.06656
トラゾドン	$C_{19}H_{22}CIN_5O$	371.15129
ベラパミル	C <sub>27</sub> H <sub>38</sub> N <sub>2</sub> O <sub>4</sub>	454.28316

### 試薬および化学薬品類

Burdick and Jackson 社製の LC/MS グレードのアセトニトリル を脱イオン水 (実験室で作成した 18.1 MΩのもの) と共に移動相 に使用しました。緩衝液は、高純度のギ酸とギ酸アンモニウム を使用して新たに準備しました。

### 機器設定および MS 取り込みメソッドパラメータ

#### LC 条件

カラム:	ZORBAX Eclipse Plus C18、2.1 mm x 100 mm、 1.8 µm [部品番号 959764-902]		
カラム温度:	60 °C		
移動相	A:5 mM ギ酸アン	ノモニウム/0.01 %	。 ギ酸水溶液
	B: 0.01 % ギ酸を	含むアセトニトリ	ル溶液
流量:	0.5 mL/min		
グラジエントプログ	ラム:		
時間	А	В	流量
初期	90%	10%	0.5 mL/min
0.5 分	85%	15%	0.5 mL/min
3.0 分	50%	50%	0.5 mL/min
4.0 分	5%	95%	0.5 mL/min
6.0 分	5%	95%	0.5 mL/min
注入量:	1μL(フラッシュ	ポートで 5 秒間ニ	ニードル洗浄)
分析時間:	6.0 分		
ポストタイム:	2.0 分		
合計サイクル時間:	8.0 分		

#### 6230 TOF MS 条件 イオン源条件:

Electrospray AP-ESI (Agilent Jet Stream Technology を使用):

ポジティブイオン化極性	
シースガス温度および流量:	380 °C、12 L/min
ノズル電圧:	500 V
乾燥ガス温度および流量:	320 °C、8 L/min
ネブライザガス圧力:	27 psi
キャピラリ電圧:	3750 V
フラグメンター電圧:	150 V

#### Electrospray AP-ESI:

ポジティブイオン化極性	
乾燥ガス温度および流量:	350 °C、12 L/min
ネブライザガス圧力:	30 psi
キャピラリ電圧:	2000 V
フラグメンター電圧:	150 V

#### MS 取り込みメソッドパラメータ

リファレンスイオン質量:	121.050873, 922.009798
取り込みモード:	MS1
最小質量值:	50 m/z
最大質量值:	1050 m/z
スキャン速度:	3 Hz

この他の機器操作パラメータは、Agilent オートチューン機能とそれに 続く質量キャリブレーションの標準設定ですべて設定処理しました。

## 結果と検討

## Agilent LC/MS 毒性試験混合液を用いた素早く簡単な 作業開始

LC/MS 毒性試験混合液 [部品番号 5190-0470] は、MassHunter パーソナル法医学および毒物学データベースキット [G6855AA] に同梱されていて、メソッドを素早く実装し、取り込みとデー タ解析のメソッドが正しく設定されているかを確認できます。 LC/MS 毒性試験混合液には、25 種類の法医学の分析対象物のう ち代表的なコンポーネントが含まれています。(表1を参照)。MS スクリーニングは、TOF または 0-TOF の精密質量の結果に左右 されます。そのため、実験条件のセクションに記載したよう に、適切なリファレンスイオンを使用すると、最も正確な結果 が得られます。



図 1. LC/MS 毒性試験混合液の抽出化合物のマスクロマトグラム

実験のセクションで説明した方法に従い、100 ng/ml の LC/MS 毒性試験混合液を 1-ul 注入すると、100 pg のオンカラム注入と なります。図 1 に、LC/MS 毒性試験混合液について期待される 抽出化合物のマスクロマトグラムの重ね描きを示します。 MassHunter パーソナル法医学および毒物学データベースキッ トの一部として、TOF および Q-TOF 用の標準的なメソッドが含 まれています。これらをロードすると、条件をすべて正しく設 定し、分析を再現できます。

これらのメソッドは取込みに関するメソッドのみで、本アプリ ケーションノートの実験のセクションで説明した機器設定に対 応します。別の機器設定を使用する場合には、適切な設定を手 動で行う必要があります。同じような結果が得られれば、シス テムが正常に機能していることが分かります。

# パーソナル化合物データベースおよびライブラリ (PCDL) ソフトウェアのインタフェース

### 概要

デスクトップ上のアイコンから PCDL インタフェースを起動す ると、「open database」ダイアログが表示されます。ここで、 インストール済みの Forensic.cdb を MassHunter¥database ディ レクトリから選択します。図 2 に、単一検索ビューのインタ フェースを示します。この画面では、「amphetamine」を検索 した結果の一覧が表示されています。ビューは 7 つあります が、本アプリケーションノートでは、AMRT 機能で直接利用で きる最初の 4 つのビュー (左側の 4 つのタブ) についてのみ説明 します。これらのビューは、ユーザーインタフェース内で、 Single Search、Batch Search、Batch Summary、または Edit Compounds のタブをクリックして切り替えます。



図 2. PCDL ソフトウェアインタフェースの手動の Single Search ビュー

読み込んだデータベースを手動で検索するには、Single Search ビュー (図 2) の上側にあるフィールドを使用します。表 2 に、 PCDL の Single Search ビューで利用できる検索フィールドをま とめます。強力な検索アルゴリズムにより、名前の一部でも処 理できます (たとえば、「amph」と入力すると、この文字列を含 むすべてのデータベースエントリを返します)。

注意:読み込み済みデータベースの全コンテンツを表示するに は、検索フィールドをすべて空にした状態で Single Search を実 行します。

#### 表 2. PCDL の Single Search で利用できるすべての検索フィールド

#### 利用可能な検索フィールド (Single Search ビュー) 値

(	-
Mass	測定した質量 (m/z)
Retention time	(分)
Formula	化学式
Name	化合物の一般名称 (またはその一部)
Notes	化合物の分類または説明
IUPAC	IUPAC または一般に認められている化合物名
CAS	一意の CAS 番号
ChemSpider	一意の ChemSpider ID

# ワークフロー A. 手動による検索 (単一の質量検索)

### PCDL プログラムの使用

単一検索を手動で実行するには、MassHunter 定性分析プログ ラムで測定または観測されたスペクトルの測定質量を質量検索 フィールドに入力します。図3 に、MassHunter 定性分析プロ グラムと測定質量を検索する PCDL の機能を手動で実行する例 を示します。

この例では、ポジティブモードの TOF データから MassHunter 定性分析プログラムで化合物ピークを特定し、スペクトルを抽 出します。そして質量の許容誤差を 10 ppm とした [M+H]+ 付 加体 (陽イオンを含む) として、PCDL データベースで測定質量 244.205770 m/z を検索します。

検索を実行すると、フェンシクリジン (PCP) と一致する精密質 量および測定値とデータベース上の理論値のずれ (またはデル 夕質量) として 0.85 ppm を返します。

単一検索機能の詳細は、Agilent G6855AA MassHunter パーソナ ル法医学および毒物学データベースキットのクイックスタート ガイドにあります。[3、4]



図 3. 測定された質量の手動検索



図 4a. MassHunter 定性分析プログラムを使用した測定質量の手動検索

## MassHunter 定性分析プログラムを使用したデータベースの 単一手動検索

MassHunter 定性分析プログラムによりシームレスなスペクト ルピークデータベースの単一検索を行うには、定性分析メソッ ドエディタでデータベースを指定する必要があります。互換性 のあるソフトウェアバージョンは、B.03.01 以降です。図 4a ~ 4d に、この例で使用した設定を示します。

図 4a に、対象のクロマトグラムピークと手動で抽出したスペ クトルを含む MassHunter 定性分析プログラムの典型的な表示 例を示します。スクリーンショットの左側で「Identify Compounds」メソッドエクスプローラオプションを展開し、 「Search Database」メソッドエディタを選択しています。メ ソッドエディタで、使用する AMRT データベースとして 「forensic.cdb」を指定しています。

図 4b に、質量の許容誤差ウィンドウおよび「mass only」また は「mass with retention time」などの選択可能な検索条件を示 します。

11-1-1-1-		metriou items * 1	
A Positive Io	ns	Negative lons	Search Results
🛕 Search Cri	iteria	🛕 Database	Peak Limits
alues to match			
Molecular for	mula		
Mass 🛕			
Mass and re	tention time	e (retention time optio	nal)
Mass and re	tention time	e (retention time requi	red)
atch tolerance			
lass	5.00	ppm	~
letention time		minutes	

図 4b. 手動検索条件の設定

図 4c に、データベース検索に必要な付加体および価数のオプ ションを示します。

スペクトルウィンドウを右クリックすると、指定した AMRT データベースのショートカットメニューが表示されます (図 4a)。このメニューには「Search database for spectrum peaks」な どのさまざまなオプションが含まれています。このオプション を選択すると、自動的にデータベース検索が呼び出されます。 図 4d では、スペクトルピークは PCP と特定され、質量のずれ が 0.87 ppm 、最高 100 のスペクトル複合スコアが 99.36 である ことからも、一致していることが確認できます。

このスコアを計算する際、Mass Match、Abundance Match、および Spacing Match の 3 つのスコアコンポーネントを考慮します。この例では、それぞれの値は、99.61、98.61、および 99.79です。これらはそれぞれ図 4d に表示されています。

信頼できる結果を得るために、同位体質量 (Mass Match)、同位 体比 (Abund Match)、同位体間隔 (Spacing Match)、およびオプ ションで保持時間 (RT Match) の類似度に基づいて、ソフトウェ アがデータベースの一致度のスコアを計算します。

🛕 Search Criteria	🛕 Dat	abase	Peak Limits
A Positive Ions	ons	Search Results	
Charge carriers		Neutral I	osses
-electron	A	H20	See.
✓ +H +Na			
+K			
+NH4			
		-	
•	X		•
Charge states, if not know	wn	Aggrega	tes
Charge state range 1	-2	Dimer	s e.g., [2M
			rs e.g., [3M

図 4c. 手動検索用の付加体の選択



図 4d. MassHunter 定性分析プログラムを使用した手動データベース検索の結果

同位体間隔は、スコアを決定するアルゴリズムのもう 1 つの重 要なコンポーネントです。M 同位体から M+1 および M+2 同位 体までの質量間隔は、数 ppm の精度で測定できます。質量のわ ずかなずれは、すべての同位体に同等に影響するので、この指 標は、質量軸がずれても影響を受けません。これを図 4d に示 します。

この例では、単一の AMRT データベースの結果としてフェンシ クリジン (PCP) が得られ、さらに、図 4d に示すように、オプ ションで構造式をピークスペクトルに重ね描きしています。ま た、レポート作成オプションの選択により、構造式をレポート に表示できます。

MassHunter 定性分析プログラムのデータベース検索の詳細 は、MassHunter 定性分析プログラムのヘルプファイルまたは ユーザーガイドにあります [5]。

# ワークフロー B. 「Molecular Feature Extractor」 (MFE) を使用したデータマイニング

バッチ PCDL 検索 (2 番目と3番目のタブ)は、Agilent Molecular Feature Extractor (MFE)などの自動化されたデータ検索アルゴリ ズムにより作成される精密質量一覧を使用したデータベース検 索および同定用に設計されています。このようなアルゴリズム は、特に血液抽出物などの厄介なサンプルマトリックスから得 られた複雑なデータに対して、優れた威力を発揮します。以下 では、MassHunter 定性分析プログラムインタフェースから呼 び出したバッチ検索についてのみ説明します。PCDL インタ フェース内でのバッチ検索の実行方法については、PCD のアプ リケーションノートを参照してください [2]。

MFE などのデータ探索アルゴリズムは、複雑なシングル MS データセットについて自動的に検索と探索を行い、連続的な バックグラウンドの干渉からもっとも確からしい「本物」の化 合物ピークを識別します。付加体の組み合わせを成分同定プロ トコルの一部として指定できるので、化合物の妥当性を補足し ます。

その他の「find by MS/MS」および「find by Targeted MS/MS」 などのデータ探索アルゴリズムは、MassHunter 定性分析プロ グラムソフトウェアの一部として組み込まれている重要なオプ ションです。これらのアルゴリズムは、測定モードと使用する 機器の特性に依存します。化合物検索ルーチン「Find by Formula」は、本アプリケーションノートの「ワークフロー C」 のセクションで説明します。

説明上の理由から、実験のセクションに示した条件で LC/MS 毒性試験混合液を分析しました。そのデータファイルを MassHunter 定性分析プログラムに読み込みます。メソッドエ クスプローラの「Find Compounds」セクションから「Find Compounds by Molecular Feature」のメソッドエディタを開きます (図 5a および 5b 参照)。



図 5a. MFE 抽出パラメータ

Mass Fillers	Mass Deter	ct Result	s Adv	anced
Extraction	ion opecies	Charge state	Compour	io riiteis
Positive ions	Negative	e ions	Neutral losses	
<b>√</b> +H	-H		H20	_
+Na +K	✓ +CI	Ş	H3P04	
+NH4	HI	00		
		13COO		
			-	-
	×	×		×
		•		•

図 5b. MFE 用のイオンの種類の設定

この例では、ピーク高さの絶対しきい値を非常に厳しく設定し (500 カウント超、図 5a 参照)、低分子用アルゴリズム(クロマ トグラム用)を用いて 3000 を超えるヒットを得ました。この しきい値を大きくすると、感度の低い分析対象物は検出されま せん。しきい値が大きいと、逆に言えば、潜在的な偽陽性検出 の件数が大きく減ります。この例では [M+H]+ 付加体のみを検 索しましたが、Na+ や NH4+ などの別の付加体も選ぶと、さら に信頼性が高まります (図 5b 参照)。



図 6. MFE 化合物データベースの検索設定

この検索では、化合物、質量フィルタ、マスディフェクトフィ ルタを指定せず、MFE メソッド設定で最大価数を1に指定しま した。MFE での検索に続いて、法医学 AMRT データベースを 「Identify Compound」/「Search Database」メソッドエディタ で指定し (図 6 参照)、MFE で見つかった化合物をすべてハイラ イトして、各化合物を検索します。あらかじめ各標準試料を分 析して RT を決定し、カスタムの化合物データベースにその RT 値を登録しておき、マッチ条件に質量と保持時間 (RT) を指定し ました。

### MFE メソッドエディタのタイトルバーに強調表示されている緑 色の「process」ボタン (図 6) をクリックすると、MFE が実行さ れ、図 7 に示す結果が得られます。



図 7. MassHunter 定性分析プログラムを使用した MFE 化合物データベースの検索結果

これらの結果を表 3 にまとめます。このサンプル注入に対し て、LC/MS 毒性試験混合液の 25 種類の化合物すべてを同定で きたことが分かります。これは、検索および同定の手順に対し て行ったデータ解析設定が、同定プロセスに適切であることを 意味します。MFE で同定可能な 3000 を超える化合物の多く は、予想通り PCDL の検索で見つからなかったので、誤検出を 排除するデータ解析オプションを使用して、データベースヒッ ト数だけをレポートするよう設定しました。 Agilent G6855AA MassHunter パーソナル法医学および毒物学 データベースキットのクイックスタートガイド [3] に記載され ているように、PCDL データベースの保持機能を使用し、この クロマトグラフメソッドに対して事前に決定した各分析対物の 保持時間を入力することで、コデインとヒドロコドン、メタア ンフェタミンとフェンテルミンなどの同重体化合物も正しく同 定され自動的に識別できました。

#### 表 3. MFE 化合物およびデータベース検索結果

名称	RT	RT (DB)	RT 差 (DB)	質量	質量 (DB)	差 (DB, ppm)	化学式 (DB)	スコア (DB)
ベラパミル	3.574	3.577	0.003	454.2833	454.2832	-0.31	$C_{27} H_{38} N_2 O_4$	98.43
トラゾドン	2.84	2.824	-0.016	371.1516	371.1513	-0.81	$C_{19} H_{22} CI N_5 O$	59.25
テマゼパム	3.94	3.946	0.006	300.067	300.0666	-1.62	$\rm C_{16}~H_{13}~CI~N_{2}~O_{2}$	97.01
ストリキニン	1.788	1.769	-0.019	334.1684	334.1681	-0.77	$C_{21} H_{22} N_2 O_2$	98.67
プロアジフェン	4.116	4.121	0.005	353.2355	353.2355	-0.18	$C_{23} H_{31} N O_2$	98.05
フェンテルミン	1.77	1.75	-0.02	149.1199	149.1205	3.78	C <sub>10</sub> H <sub>15</sub> N	89.91
フェンシクリジン (PCP)	2.931	2.901	-0.03	243.199	243.1987	-1.32	C <sub>17</sub> H <sub>25</sub> N	72.24
オキシコドン	1.434	1.423	-0.011	315.1475	315.1471	-1.44	C <sub>18</sub> H <sub>21</sub> N O <sub>4</sub>	91.16
オキサゼパム	3.524	3.528	0.004	286.0511	286.0509	-0.71	$\rm C_{15}~H_{11}~CI~N_{2}~O_{2}$	98.37
ニトラゼパム	3.535	3.544	0.009	281.0804	281.08	-1.34	$C_{15} H_{11} N_3 O_3$	99.2
メチレンジオキシメタンフェタミン (MDMA)	1.625	1.621	-0.004	193.1108	193.1103	-2.77	C <sub>11</sub> H <sub>15</sub> N O <sub>2</sub>	79.54
メタアンフェタミン	1.606	1.593	-0.013	149.1197	149.1205	4.82	C <sub>10</sub> H <sub>15</sub> N	81.88
メタドン	3.638	3.638	0	309.2094	309.2093	-0.61	C <sub>21</sub> H <sub>27</sub> N O	99.67
メペリジン (ペチジン)	2.477	2.456	-0.021	247.1577	247.1572	-1.7	$C_{15} H_{21} N O_2$	97.91
ロラゼパム	3.616	3.621	0.005	320.012	320.0119	-0.19	$\rm C_{15}~H_{10}~CI_2~N_2~O_2$	98.27
ヒドロコドン	1.575	1.56	-0.015	299.1525	299.1521	-1.2	C <sub>18</sub> H <sub>21</sub> N O <sub>3</sub>	85.2
ヘロイン	2.322	2.297	-0.025	369.1579	369.1576	-0.63	C <sub>21</sub> H <sub>23</sub> N O <sub>5</sub>	98.97
ジアゼパム	4.272	4.275	0.003	284.072	284.0716	-1.36	$\rm C_{16}~H_{13}~CI~N_{2}~O$	58.97
Δ9-テトラヒドロカンナビノール (THC)	5.275	5.292	0.017	314.2243	314.2246	0.94	$C_{21} H_3 0 O_2$	94.83
コデイン	1.169	1.16	-0.009	299.1524	299.1521	-0.72	C <sub>18</sub> H <sub>21</sub> N O <sub>3</sub>	72.49
コカイン	2.44	2.418	-0.022	303.1475	303.1471	-1.29	C <sub>17</sub> H <sub>21</sub> N O <sub>4</sub>	98.03
クロナゼパム	3.625	3.638	0.013	315.0412	315.0411	-0.42	$\rm C_{15}~H_{10}~CI~N_{3}~O_{3}$	98.72
アルプラゾラム	3.726	3.726	0	308.083	308.0829	-0.33	C <sub>17</sub> H <sub>13</sub> CI N <sub>4</sub>	96.77
3,4-メチレンジオキシエタンフェタミン (MDEA)	1.862	1.846	-0.016	207.1263	207.1259	-1.8	C <sub>12</sub> H <sub>17</sub> N O <sub>2</sub>	97.4
3,4-メチレンジオキシアンフェタミン (MDA)	1.474	1.473	-0.001	179.095	179.0946	-2.23	C <sub>10</sub> H <sub>13</sub> N O <sub>2</sub>	86.15

ユーザーの追加した保持時間を登録したカスタムデータベース Agilent パーソナル法医学および毒物学データベースのメリット の1つは、ユーザーのカスタム形式でデータベースを保存でき ることです。読み取り、書き込み、カスタマイズが可能なデー タベースを作成するには、PCDLのファイルメニューから「New Database」を選択します。PCDLプログラム上で、既存のデータ ベースを選択し、新しいデータベースの名前を付けることがで きます。説明を記載することも可能です。「Create」を選択す ると、選択したデータベースの全エントリが新しい名前のデー タベースに格納されます。このようにして、分析対象に合わせ て、複数のカスタムデータベースまたはもっと小さい、対象を 絞ったデータベースを作成できます。農薬のPCDに関するテク ニカルノート[2]では、特殊なクロマトグラフ条件で標準試料を 分析する方法およびそれらのカスタムデータベースの保持時間 を簡単に更新または登録する方法を説明しています。 PCDL AMRT 化合物データをカスタマイズおよび更新するに は、PCDL プログラムインタフェースの (左から) 4 番目のタブを 使用します。図 8 に示すように、「Add New」、「Save as New」、「Update Selected」、「Delete Selected」の各オプ ションが存在します。「Database/Library」プルダウンメ ニューで「Allow Editing」を有効にすると、ユーザーのカスタ ムデータベースに表示されている情報フィールドを変更、追 加、または削除できます。さらに、「Edit Compounds」タブで は「\*.mol」形式の分子構造図を新規データベースエントリに挿 入する機能を使用できます。



図 8. PCDL インタフェースの Edit Compounds タブ

## ワークフロー C. 「Find by Formula」 (FBF) を使用し たデータ検索

MassHunter 定性分析プログラムの「Find by Formula」データ検 索アルゴリズムでは、事前に定義された実験式(または実験式 リスト)を使用して、TOF および 0-TOF (MS) データファイルを 検索して、ピークが存在する証拠を検索します。実験式リスト として PCDL フォーマットのデータベースも指定できます。 データベースのサイズとコンテンツに応じて、FBF では MFE の 方法よりも多少時間がかかる場合があります。しかし、特に低 濃度の分析対象物に対して、FBF は高精度で高感度です。

図 9 に、LC/MS 毒性試験混合液のデータファイルを使用して 「Find by Formula」の検索を実行した後に表示される結果画面 を示します。25 種類の化合物すべてで、保持時間を含めた総合 スコアで示した精密質量、アバンダンス、および同位体間隔が マッチしました。この FBF 分析で使用した DA メソッドエディ タの設定を図 10 に示します。ここで、「Tox\_std\_01.cdb」はカ スタム PCDL フォーマットのデータベースです。

結果をレポートする際、同じ質量を持つ抽出化合物のクロマト グラムに複数のピークが表示されている場合でも、FBF はクロ マトグラムのピーク形状および同位体のマッチスコアを評価 し、最良のマッチ結果を返します。

この FBF データ画面では、更に付加体として [M+Na]+、[M+NH4]+、および[2M+H]+を使用しました。この 付加情報はスペクトルビューと結果表に表示され、一致する証 拠の裏付けをします。図9に、[M+H]+および[M+Na]+の2つ の付加体を表示するテマゼパムのスペクトルを示します。



図 9. MassHunter 定性分析プログラムによる Find By Formula データベース検索の結果



図 10. Find By Formula データベース検索 - メソッドエディタの設定

より詳しい情報は、MassHunter 定性分析プログラムのヘルプ ファイルまたは Agilent MassHunter Workstation Software Qualitative Analysis Familiarization Guide にあります [5]。

# レポート作成

手動、MFE、FBF のいずれのデータベース検索でも、 MassHunter 定性分析プログラムインタフェースの化合物レ ポート作成オプションで設定する同一のメソッドを使用しま す。図 11 は、標準の化合物レポートテンプレート 「CompoundReportWithIdentificationHits.xlsx」に基づくレポー ト作成オプションの詳細です。メソッドエクスプローラの 「General」セクションの下にある「Common reporting options」 のリンクを開くと、図 11 の左側に示すような対応するメソッ ドエクスプローラ領域が開きます。MassHunter 定性分析プロ グラムは、検索アルゴリズムデータおよびデータベース検索を 化合物中心のデータとして処理します。そのため、結果レポー トを作成するには、適切な化合物レポートテンプレートを選ぶ 必要があります。この例では、正しいレポートテンブレートが 表示されています。

Method Editor: Common Reporting Options     X	Method Editor: Compound Report X
🕼 🧐 • 👘 🕟 • Method Ikens • 🕞 🙀	🖄 🦛 • 👘 🕟 • Method Ibers • 🌝 🙀
Terestere Options) Proper transition faile  Proper transition faile  Proper transition  P	Compounds Soft by Retension ton W Soft by Retension ton W Soft by Retension ton W Soft observed and the soft of the soft o
Daditation selectational secolat Gualitation Harden and Artic Acquarities Method Report of Acquarities Method Report of	Longood central (Mit) Show K5 spectrum Product to the post table Show K5 spectrum (concern is no special posts) Zoon padding - 100 + 100 m/z C) Overse predder incorps distribution
	Compressed spectrum (MS-MS) Show MS-MS spectrum Show MS-MS peak table Ubray: seach instals Show Msray: spectrum Show difference spectrum

図 11. 手動、MFE、FBF による PCDL 検索に共通の化合物レポート作成 オプション

メソッドエディタの「Compound Report」オプションを使用して、毒物検査の画面レポートに必要な情報を選択すると、コンテンツをより具体的に指定できます (図 11 の右側参照)。

レポートのコンテンツをここで決定します。たとえば、「Exclude Details for Unidentified Compounds」のチェックボックスを選択すると、正常に検出された PCDL 同定結果のみがレポートされます。抽出化合物のクロマトグラム、各 MS スペクトル、サマリ結果、各化合物テーブルをレポートするオプションを化合物レポートのメソッドエディタから選択できます。

結果のレポート作成に関する設定をすべて正しく行った後で、 図 12 で丸く囲んだ緑色のボタンをクリックすると、「printing dialogue」ウィンドウが表示されます。そのウィンドウには、 結果データファイルの出力先を指定する各種オプションがあり ます。ユーザーは、指定したプリンタに結果を直接送信するこ ともできますし、Excel 形式または PDF 形式で結果を保存する こともできます。または、「File」メニューの「Print Compound Report」オプションを選んだ場合も、結果レポートを処理でき ます。



図 12. 手動、MFE、FBF による PCDL 検索に対する化合物レポートの作成

図 13 は、LC/MS 毒性試験混合液に関するレポートサマリの表 紙ページの典型例です。

		Qu	alitati	ve Com	pound	Report	t	
Data File	Tax_	Std_SeqA-r028	.d Sar	nple Name	Tax_Std_100p	9		
Sample Type	Samp	le	Pos	ition	Vial 2			
Instrument Name	SEIK	0-90500107	Use	r Name	Pete Stone			
Acq Method	PStor	ne_Tax_Std_01	.m Acq	uired Time	7/17/2009 9:4	1:03 PM		
IRM Calibration Status	Succe	195	DA	Method	Screening-Defa	ultPete_01.m		
Comment								
Compound Table								
Compound Label	RT	Mass	Na	ame	DB Fo	rmula	DB Diff (ppm)	Hits (DB)
Cpd 10: Codeine	1.169	299.1524	Codeine		C18 H	1 N O3	-0.72	2
Cpd 17: Oxycodone	1.434	315.1475	Oxycodone		C18 H	1 N O4	-1.44	1
Cpd 23: 3,4- Methylendioxyamphetamine			3,4- Methylendiow	amohetamine				
(MDA)	1.474	179.095	(MDA)		C10 H	3 N O2	-2.23	1
Cpd 29: Hydrocodone	1.575	299.1525	Hydrocodone		C18 H	1 N O3	-1.2	2
Cpd 34: Methamphetamine	1.606	149.1197	Methamobetamine		C10 H15 N		4.82	2
Cord 19:								
Methylendioxymethampheta			Methylendicov	methampheta				
mine (MDMA)	1.625	193.1108	mine (MDMA)		C11 H15 N O2		-2.77	1
Cpd 41: Phentermine	1.77	149.1199	Phentermine		C10 H15 N		3.78	2
Cpd 45: Strychnine	1.788	334.1694	Strychnine		C21 H2	2 N2 O2	-0.77	1
Cpd 50: 3,4- Methylenedioxyethamphetami			3,4- Methylenedico	yethamphetami				
ne (MDEA)	1.862	207.1263	ne (MDEA)		C12 H	7 N O2	-1.8	1
Cpd 57: Heroin	2.322	369.1579	Heroin		C21 H	3 N OS	-0.63	1
Cpd 60: Cocaine	2.44	303.1475	Cocaine		C17 H	1 N O4	-1.29	1
Cpd 62: Meperidine								
(Pethidine)	2.477	247.1577	Meperidine (P	ethidine)	C15 H	1 N O2	-1.7	1
Cpd 65: Trazodone	2.84	371.1516	Trazodone		C19 H22	CIN5 0	-0.81	1
Cpd 67: Phencyclidine (PCP)	2.931	243.199	Phencyclidine	(PCP)	C17	(25 N	-1.32	1
Cpd 73: Oxazepam	3.524	286.0511	Oxazepam		C15 H11	CI N2 O2	-0.71	1
Cpd 74: Nitrazepam	3.535	281.0804	Nitrazepam		C15 H1	1 N3 03	-1.34	1
Cpd 76: Verapami	3.574	454.2833	Verapamil		C27 H3	8 N2 O4	-0.31	1
Cpd 78: Lorazepam	3.616	320.012	Lorazepam		C15 H10	CIZ NZ C2	-0.19	1
Cpd 79: Clonazepam	3.625	315.0412	Cionazepam		C15 H10	0 10 03	-0.42	1
Cpd 82: Methadone	3.638	309.2094	Alexandre		(17)	3 (1 1 14	-0.61	1
Cryl 92: Temperatolam	3.726	300.063	Temacolam		(16,012)	(1)(2)(2)	-0.33	1
Cod 101: Providen	4 116	353 2355	Proadifen		(23.67	1 N 02	-1.62	1
Cod 110: Diazenam	4.272	294.072	Diazenam		C16 H17	CI N2 O	-1.36	- 1
opo ano, concidin		201.0/2	a careptin			212.0	-1.30	
Cpd 243: delta9 Tetrahydrocannabinol (THC)	5.275	314.2243	delta9-Tetrahy (THC)	drocannabinol	(21)	GO 02	0.94	1
Compound Label	Name		RT	Algorithm		Mass		
				- system				

図 13. MFE/データベース検索から出力したレポート

# ワークリストの自動化:

分析者またはオペレータは、データマイニングルーチンの属性 をすべて正しく設定した後、PCDLの検索オプションとレポー ト作成オプション (本アプリケーションノートに記載したもの) を適切なデータ解析メソッドとして保存できます。毎週繰り返 し行うデータ操作に、このメソッドを使用できます。この設定 を行うには、MassHunter 定性分析プログラムインタフェース の「Method」ドロップダウンメニューから「Save As」オプ ションを選択します。他の DA メソッドを保存または読み込ま ない限り、MassHunter 定性分析プログラムを開いたときに、 デフォルト DA メソッドとしてこのメソッドが開きます。

繰り返し利用できるオプションを保存するもう 1 つの利点は、 MassHunter 定性分析プログラムに内蔵された「ワークリスト 自動化」機能にあります。ワークリスト自動化の設定例を図 14 に示します。データファイルへの問い合わせを自動的に行い、 MFE および PCDL データベース検索を使用し、指定したプリン タまたはデータファイルの場所に結果レポートを出力するルー チンをここで具体的に設定します。 この例では、手動実行と同じ操作順に自動データ解析手順のリ ストを定義しています。

最初に、サンプルデータファイルを読み込み、前回の結果が 残っていればすべてクリアします。次に、保存した DA メソッ ドの設定に従って「Find by MFE」ルーチンを実行し、DA メ ソッドに指定されている PCDL データベースを検索して化合物 の結果を探します。最後に、結果を自動送信し、DA メソッド に保存されている定義済みのフォーマットで最終レポートを作 成します。

こうしたワークリスト自動化ルーチンをサンプルデータ取り込み中に自動的に実行するには、さらに2つの手順が必要です。

まず、DA 分析メソッドとワークリスト自動化ルーチンを取り 込みメソッドに保存しておく必要があります。そのためには、 「Method」メニューの「Save As」オプションを使用して、 MassHunter 取り込みメソッド名を選択します。「OK」を選択す ると、データ解析メソッドが取り込みメソッドの一部として統 合されます。

Method Editor: Heporting Uptions ×			Run Information	
Print report Print report Printer name:	(Default)		Run Type:     Standard Statt     Acquisition-DA:     Synchronous       Part of method to     Both Acquisition and DB      Stor worklist on DA error       run:     Method Paths	
Save report Save report as Excel file Save report as PDF file At specified directory Diversities directory Comparison Comparis		=	Method Editor: Assign Actions to Run from Worklist     X     Available actions     Extract Defined Chromatograms     Integrate Chromatograms     Integrate Editors Each Each Caseling	
			- Smooth Chromatograms	
			Generate Compound Heport	
			Find Compounds by Auto MS/MS Find Compounds by Targeted MS/MS	
	🐨 Find Compounds by Formula		Find Compounds by Molecular Feature Find Compounds by Formula	
	+ Identify Compounds + Compound Automation Steps	Δ	Correlate UV Chromatograms with Compounds	
Worklist Automation     Reporting Options			Delete All Previous Results Find Compounds by Molecular Feature Search Database for Compounds	
	Worklist Actions	A	Generate Compound Report	
	Selected Ranges			
	+ Export		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
			Select range	
			Operate on entire run	

図 14. ワークリスト自動化メソッドの設定

最後に、データ取り込み中にワークリストデータ解析を自動的 に実行するため、MassHunter 取り込みソフトウェアの 「Worklist」メニューから「Worklist Run Parameters」ウィンド ウを開く必要があります。図14 はこのウィンドウのスクリーン キャプチャであり、強調表示してあるとおり、DA ルーチンで 「Parts of method to Run」を「Both Acquisition and DA」と設定 しています。データ解析の実行オプションには、 「Synchronous」または「Asyncronous」を設定できます。

### 結論

分析対象を設定する方法と設定しない方法の両方で、サンプル を包括的にスクリーニングできる Agilent MassHunter パーソナ ル法医学および毒物学データベースキットを開発しました。そ のデータベースには、潜在的な分析対象である約 6700 種類の 化合物の精密質量データが含まれており、ユーザーは柔軟に活 用できます。

MassHunter パーソナル法医学および毒物学データベースキットには以下の特徴があります。

- 複雑な分析を素早く簡単に開始できます。
- 約 6700 種の化合物の包括的データベースに、次の項目と 機能が備わっています。
  - 化学構造式、化学式、および精密質量
  - ・ PUBCHEM および ChemSpider のサイトへの直接リンク
  - ・ IUPAC 名称
  - ・ MS/MS スペクトルライブラリ作成機能
  - ユーザーの開発したクロマトグラフ条件に対する保持
     時間の追加や削除が可能な完全なカスタマイズ
- PCDL ソフトウェアインタフェースから、または直接 MassHunter 定性分析プログラムから結果を検索できます。
- Molecular Feature Extractor や Find by Formula などの強力な 検索ツールを使用して結果のデータ検索をすることができ ます。
- MassHunter 定性分析プログラムおよび MassHunter 取り込みワークリストを使用してデータベースの検索を部分的または完全に自動化できます。

### 参考文献

- 1. "Multi-Residue Pesticide Analysis with Dynamic Multiple Reaction Monitoring and Triple Quadrupole LC/MS/MS" Agilent application note publication 5990-4253EN.
- "Pesticide Personal Compound Database for Screening and Identification" Agilent technical note publication 5990-3976EN.
- 3. "Agilent Personal Forensics and Toxicology Database Quick Start Guide." Agilent Technologies Publication G6855-90003.
- "Agilent G6855AA MassHunter Personal Forensics and Toxicology Database Kit Quick Start Guide" Agilent Technology Publication 5990-4264EN
- "Agilent MassHunter Workstation Software Qualitative Analysis Familiarization Guide" Agilent Technologies Publication G3335-90060.

### www.agilent.com/chem/jp

アジレントは、本文書に誤りが発見された場合、ま た、本文書の使用により付随的または間接的に生じ る損害について一切免責とさせていただきます。

本文書に記載の情報、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。著作権法で許されている 場合を除き、書面による事前の許可なく、本文書を複 製、翻案、翻訳することは禁じられています。

アジレント・テクノロジー株式会社 © Agilent Technologies, Inc., 2009 Published in Japan August 3, 2009 5990-4252JAJP

